



"El saber de mis hijos  
hará mi grandeza"

# UNIVERSIDAD DE SONORA

FACULTAD INTERDISCIPLINARIA DE CIENCIAS BIOLÓGICAS Y DE SALUD  
DEPARTAMENTO DE INVESTIGACIONES CIENTÍFICAS Y  
TECNOLÓGICAS

## POSGRADO EN BIOCENCIAS

---

### ANÁLISIS TRANSCRIPTÓMICO Y PROTEÓMICO DE LA DIATOMEA MARINA *Chaetoceros muelleri*, BAJO DIFERENTES CONCENTRACIONES DE NITRÓGENO.

#### TESIS

que para obtener el grado de:

#### DOCTORA EN BIOCENCIAS

presenta:

**DAMARISTELMA DE JESÚS CAMPOS**

Hermsillo, Sonora, México

agosto de 2024

# Universidad de Sonora

Repositorio Institucional UNISON



**"El saber de mis hijos  
hará mi grandeza"**



Excepto si se señala otra cosa, la licencia del ítem se describe como openAccess

Hermosillo, Sonora a 02 de agosto de 2024.

Asunto: Licencia de uso no exclusiva

**UNIVERSIDAD DE SONORA  
P R E S E N T E.**


Por este conducto hago constar que soy autora y titular de la obra denominada “**Análisis transcriptómico y proteómico de la diatomea marina *Chaetoceros muelleri*, bajo diferentes concentraciones de nitrógeno**” (LA OBRA), que realicé como trabajo terminal siendo estudiante de Doctorado, como requisito para obtener el Grado de **Doctora en Biociencias** en la Universidad de Sonora (UNISON), y en justa retribución autorizo a la UNISON, para que divulgue total o parcialmente LA OBRA mediante repositorios, bibliotecas, distribución electrónica y reproducción, así como la digitalización de la misma, con fines educativos, de investigación, de extensión y de difusión de la cultura, las veces que se requieren y en cualquiera otra forma en que a juicio de la UNISON sea necesario utilizarla, sin fines de lucro, en el entendido de que habrá de respetar en todo momento mi autoría y a otorgarme el crédito correspondiente en todas las actividades mencionadas anteriormente.

De la misma manera, manifiesto que el contenido académico, literario, la edición y en general cualquier parte de LA OBRA son de mi entera responsabilidad, por lo que deslindo a la UNISON por cualquier violación a los derechos de autor y/o propiedad intelectual y/o cualquier responsabilidad relacionada con la OBRA del que suscribe, frente a terceros.

Esta autorización es gratuita y la otorgo por un tiempo de cinco años, renovable automáticamente por el mismo periodo, reservándome el derecho de manifestar, en un plazo de cuando menos treinta días naturales previos a su vencimiento, su revocación por escrito dirigido a la Rectoría de la Universidad de Sonora.

Así mismo, esta autorización no es exclusiva y no implica la cesión de mis derechos patrimoniales.

**A T E N T A M E N T E**

Nombre completo y firma: Damaristelma De Jesús Campos   
Departamento Académico: Departamento de Investigaciones Científicas y Tecnológicas  
Dirección: Luis Donald Colosio s/n, entre Sahuaripa y Reforma. Col Centro, C.P. 83000.  
Hermosillo, Sonora, México.  
Correo electrónico y teléfono: [posgrado.biociencias@unison.mx](mailto:posgrado.biociencias@unison.mx) Tel. (662) 2592169.

ANÁLISIS TRANSCRIPTÓMICO Y PROTEÓMICO DE LA DIATOMEA MARINA  
*Chaetoceros muelleri*, BAJO DIFERENTES CONCENTRACIONES DE NITRÓGENO

TESIS

que para obtener el grado de

DOCTORA EN BIOCENCIAS

presenta

M.C. DAMARISTELMA DE JESÚS CAMPOS

Hermosillo, Sonora, México

Agosto, 2024

## APROBACIÓN

Los miembros del Comité designado para revisar la tesis intitulada “Análisis transcriptómico y proteómico de la diatomea marina *Chaetoceros muelleri*, bajo diferentes concentraciones de nitrógeno” presentada por la M.C. Damaristelma de Jesús Campos, la han encontrado satisfactoria y recomiendan que sea aceptada como requisito parcial para obtener el grado de Doctora en Biociencias con Especialidad en Biotecnología de Recursos Naturales.



---

**Dra. Ángela Corina Hayano Kanashiro**  
Directora y Presidenta



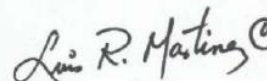
---

**Dra. Diana Fimbres Olivarría**  
Sinodal Interno y Codirectora



---

**Dr. Luis Ángel Medina Juárez**  
Sinodal Interno y Secretario



---

**Dr. Luis Rafael Martínez Córdova**  
Sinodal Interno



---

**Dr. Luis Fernando García Ortega**  
Sinodal Externo



---

**Dr. José Ángel Huerta Ocampo**  
Sinodal Externo

## **DEDICATORIA**

A **Miguel Ángel**, mi compañero de este viaje llamado vida.

A mis hijos, **Claudia Jael y Daniel**, mis maestros, que no se cansan de enseñarme.

A los que están a pesar de todo, **mi familia**.

## AGRADECIMIENTOS

“Nunca se está en paz con los que nos hacen un favor, porque, aunque se pague la deuda, se debe la gratitud”. Alejandro Dumas.

Al, ahora, **Consejo Nacional de Humanidades, Ciencia y Tecnología (CONAHCyT)** por el apoyo con el otorgamiento de la beca de doctorado No. 743768.

A mi comité de tesis: **Dra. Ángela Corina Hayano Kanashiro, Dra. Diana Fimbres Olivarría, Dr. Luis Ángel Medina Juárez, Dr. Luis Rafael Martínez Córdova, Dr. José Ángel Huerta Ocampo y Dr. Luis Fernando García Ortega**, por su asesoría, apoyo, disposición, tiempo y atinadas observaciones para el desarrollo de este proyecto de investigación.

A los **Dres. Marco Antonio López Torres, Ángela Corina Hayano Kanashiro y Enrique de la Re Vega** que, en su carácter de Coordinador del Posgrado en Biociencias y/o Jefe del Departamento de Investigaciones Científicas y Tecnológicas (DICTUS), facilitaron los recursos necesarios que contribuyeron a mi formación profesional y al desarrollo de este proyecto.

A los **Dres. Alejandro Varela Romero, José Manuel Grijalva Chon y Luis Ángel Medina Juárez** por las facilidades con uso del espacio y equipos del laboratorio de Ecología Molecular y el de Biotecnología de Recursos Naturales del DICTUS. Así como a los Técnicos Académicos **Álvaro Murguía López y M.C. José Luis Nieblas**, por su apoyo en el laboratorio de Acuicultura.

A **Lic. Ana Cecilia Piri Alcaraz y M.C. Dolores Alicia Vásquez del Castillo** por su atención, seguimiento y fluidez de todos los trámites burocráticos que necesité realizar.

A mis compañeros de laboratorio, por su compañía, a lo largo de esta travesía.

¡¡¡GRACIAS!!!

## RESUMEN

Las diatomeas son un recurso potencial para la obtención de diversos compuestos naturales y a menudo se las denomina "fábricas verdes" debido a su capacidad única para realizar la fotosíntesis, convirtiendo la luz solar en biomasa y metabolitos de alto valor. Las estrategias de privación de nitrógeno inducen una respuesta al estrés que desencadena la producción de compuestos valiosos, como lípidos y carbohidratos. El nitrógeno es un componente de moléculas esenciales como nucleótidos y coenzimas, que desempeñan funciones cruciales en los procesos celulares y es un factor crítico que influye en la biosíntesis de proteínas. Desafortunadamente, esta estrategia impacta negativamente la producción de biomasa. Comprender la relación entre la concentración de nitrógeno y la acumulación de proteínas es crucial para aprovechar el potencial de las microalgas en diversas industrias y abordar los desafíos ambientales. La diatomea marina *Chaetoceros muelleri* acumula lípidos y carbohidratos en condiciones bajas de nitrógeno sin afectar su biomasa. Los enfoques transcriptómicos y proteómicos permiten el estudio de la expresión génica y la acumulación de proteínas en organismos bajo una condición en particular. Para comprender los efectos moleculares de las concentraciones de nitrógeno en *C. muelleri*, secuenciamos el ARN de las microalgas y comparamos cuantitativamente los perfiles del proteoma de la diatomea, cultivada bajo diferentes concentraciones de nitrógeno (3.53 mM, 1.76 mM, 0.44 mM y 0.18 mM de NaNO<sub>3</sub>). El estudio reveló una expresión génica diferencial dependiendo de la concentración de nitrógeno, con una inducción significativa de genes involucrados en vías relacionadas con el metabolismo energético, el metabolismo de carbohidratos y el metabolismo de lípidos en condiciones de deficiencia de nitrógeno. También se identificaron vías alternativas de autoabastecimiento de nitrógeno. La limitación de nitrógeno disminuyó el contenido de clorofila y condujo a una mayor respuesta transcripcional, con más unigenes expresados diferencialmente, especialmente a la concentración más baja de nitrógeno (0.18 mM). Los genes clave (*Amt1*, *Nrt2*, *Fad2*, *Skn7*, *Wrky19* y *Dgat2*) fueron validados mediante RT-qPCR. El enfoque proteómico cuantitativo basado en Tandem Mass Tag (TMT) mostró mecanismos de respuesta específicos en los dos tratamientos limitantes. Las enzimas y proteínas involucradas en las vías de la fotosíntesis fueron más abundantes en la condición Lf4 (0.44 mM), mientras que, sus contrapartes en la señalización celular y los mecanismos de protección presentaron



mayor abundancia en el medio con mayor limitación de Nitrógeno, Lf10. La acumulación de enzimas involucradas en el metabolismo del nitrógeno, el metabolismo de carbohidratos y la biosíntesis de proteínas fue mayor en el tratamiento Lf10. Nuestros resultados indican que *C. muelleri* presentó estrategias específicas en respuesta a cada una de las concentraciones de nitrógeno probadas, sugiriendo que esta respuesta diferencial, podría ser un factor clave para inducir la acumulación de metabolitos sin afectar la producción de biomasa. La activación específica de las vías metabólicas de *C. muelleri*, puede ser un mecanismo para optimizar la utilización del nitrógeno y la eficiencia fotosintética, redirigir los flujos metabólicos, ajustar el metabolismo central del carbono, mejorar la biosíntesis de lípidos y activar mecanismos de protección y regulación para asegurar su supervivencia. Un análisis metabolómico complementará la información multi-ómica obtenida en este trabajo permitiendo comprender de manera más fina los cambios en el metabolismo de la microalga en respuesta las condiciones limitantes de nitrógeno. Sin embargo, el transcriptoma y el proteoma obtenidos proporcionan una base para mejorar las aplicaciones biotecnológicas de esta diatomea, mediante ingeniería metabólica.

## ABSTRACT

Diatoms are a potential resource for obtaining various natural compounds and are often referred to as "green factories" due to their unique ability to perform photosynthesis, converting sunlight into biomass and high-value metabolites. Nitrogen deprivation strategies induce a stress response that triggers the production of valuable compounds such as lipids and carbohydrates. Nitrogen is a component of essential molecules like nucleotides and coenzymes, which play crucial roles in cellular processes, and is a critical factor influencing protein biosynthesis. Unfortunately, this strategy negatively impacts biomass production. Understanding the relationship between nitrogen concentration and protein accumulation is crucial for harnessing the potential of microalgae in various industries and addressing environmental challenges. The marine diatom *Chaetoceros muelleri* accumulates lipids and carbohydrates under low nitrogen conditions without affecting its biomass. Transcriptomic and proteomic approaches allow the study of gene expression and protein accumulation in organisms under a particular condition. To understand the molecular effects of nitrogen concentrations in *C. muelleri*, we sequenced the RNA of the microalgae and quantitatively compared the proteome profiles of the diatom, cultured under different nitrogen concentrations (3.53 mM, 1.76 mM, 0.44 mM, and 0.18 mM of NaNO<sub>3</sub>). The study revealed differential gene expression depending on nitrogen concentration, with significant induction of genes involved in pathways related to energetic metabolism, carbohydrate metabolism, and lipid metabolism under nitrogen-deficient conditions. Alternative nitrogen self-supply pathways were also identified. Nitrogen limitation decreased chlorophyll content and led to a greater transcriptional response, with more unigenes differentially expressed, especially at the lowest nitrogen concentration (0.18 mM). Key genes (*Amt1*, *Nrt2*, *Fad2*, *Skn7*, *Wrky19*, and *Dgat2*) were validated using RT-qPCR. The Tandem Mass Tag (TMT)-based quantitative proteomic approach showed specific response mechanisms in the two limiting treatments. Enzymes and proteins involved in photosynthesis pathways were upregulated under the Lf4 (0.44 mM) condition, while cell signaling and protection mechanisms were upregulated in the more severely limited Lf10 (0.18 mM) condition. Enzyme accumulation involved in nitrogen metabolism, carbohydrate metabolism, and protein biosynthesis was increased in the Lf10 (0.18 mM) treatment. Our results indicated that *C. muelleri* initiated unique strategies in response to different nitrogen concentrations, and this differential response

may be a key factor for inducing metabolite accumulation without affecting biomass production. The specific activation of the metabolic pathways of *C. muelleri* may be a mechanism to optimize nitrogen utilization and minimize losses, optimize photosynthetic efficiency, redirect metabolic flows, adjust central carbon metabolism, enhance lipid biosynthesis, and activate protection and regulatory mechanisms to ensure survival. A metabolomic analysis will complement the multi-omic information obtained in this work, allowing for a finer understanding of the metabolic changes in the microalga in response to nitrogen-limiting conditions. However, the obtained transcriptome and proteome provide a foundation for improving the biotechnological applications of this diatom through metabolic engineering.

# ÍNDICE GENERAL

	Página
<b>APROBACIÓN</b> .....	<b>i</b>
<b>DEDICATORIA</b> .....	<b>ii</b>
<b>AGRADECIMIENTOS</b> .....	<b>iii</b>
<b>RESUMEN</b> .....	<b>iv</b>
<b>ABSTRACT</b> .....	<b>vi</b>
<b>ÍNDICE DE TABLAS</b> .....	<b>xii</b>
<b>INTRODUCCIÓN</b> .....	<b>1</b>
<b>I. ANTECEDENTES</b> .....	<b>4</b>
I.1 Características generales de las diatomeas .....	4
I.2 Diatomeas: una plataforma biotecnológica .....	7
I.2.1 Compuestos bioactivos de diatomeas .....	7
I.2.2 Aplicaciones industriales .....	14
I.3 Estrategias para mejorar la acumulación de compuestos bioactivos en diatomeas .....	22
I.3.1 Estrés abiótico.....	23
I.3.2 Estrategias moleculares .....	30
I.4 Efecto de la privación del nitrógeno en diatomeas .....	37
I.4.1 Mecanismos de señalización del nitrógeno .....	37
I.4.2 Absorción y asimilación del nitrógeno.....	39
I.4.3 Fotosíntesis y metabolismo del carbono .....	44
I.4.4 Interrelación del metabolismo del carbono y el nitrógeno .....	47
<b>II. JUSTIFICACIÓN</b> .....	<b>51</b>
<b>III. HIPÓTESIS</b> .....	<b>53</b>
<b>IV. OBJETIVOS</b> .....	<b>54</b>
IV.1 Objetivo general.....	54
IV.2 Objetivos específicos.....	54
<b>V. MATERIALES Y MÉTODOS</b> .....	<b>55</b>
V.1 Obtención de la cepa de <i>Chaetoceros muelleri</i> .....	55
V.2 Condiciones de cultivo y diseño experimental.....	55
V.3 Determinación de clorofila a .....	56
V.4 Análisis transcriptómico.....	57
V.4.1 Extracción y purificación de ARN total .....	57
V.4.2 Construcción de librerías y secuenciación .....	58
V.4.3 Ensamblado del transcriptoma e identificación de genes expresados diferencialmente (DEGs).....	59
V.4.4 Análisis cuantitativo de PCR en tiempo real (RT-qPCR).....	60
V.5 Análisis proteómico .....	62
V.5.1 Extracción y cuantificación de proteínas .....	62
V.5.2 Digestión de proteínas, etiquetado isobárico (TMT) y fraccionamiento .....	62

V.5.3 Identificación y cuantificación de proteínas basadas en Nano LC–MS/MS .....	63
V.5.4 Selección sincrónica de precursores (SPS)-MS3 .....	64
V.5.5 Análisis bioinformático .....	64
<b>VI. RESULTADOS Y DISCUSIÓN .....</b>	<b>66</b>
VI.1 Efecto de la concentración de nitrógeno en el contenido de Clorofila a.....	66
VI.2 Análisis transcriptómico .....	67
VI.2.1 Ensamblado del transcriptoma y anotación funcional .....	68
VI.2.2 Análisis de expresión diferencial y de enriquecimiento .....	69
VI.2.3 Análisis qPCR de <i>C. muelleri</i> bajo diferentes concentraciones de nitrógeno .....	76
VI.2.4 Señalización celular y metabolismo del nitrógeno.....	77
VI.2.5 Efecto de la concentración de nitrógeno en la fotosíntesis .....	80
VI.2.6 Efecto de la concentración de nitrógeno en el metabolismo de lípidos y carbohidratos ...	82
VI.3 Perfil proteómico de <i>Chaetoceros muelleri</i> bajo limitación por nitrógeno.....	86
VI.3.1 Efecto de las concentraciones de nitrógeno en la abundancia de proteínas relacionadas con la fotosíntesis. ....	95
VI.3.2 Metabolismo del nitrógeno y del carbono bajo diferentes concentraciones de nitrógeno. ....	98
VI.3.3 Mecanismos de protección y regulación influenciados por la concentración de nitrógeno .....	102
<b>VII. CONCLUSIONES.....</b>	<b>105</b>
<b>VIII. RECOMENDACIONES .....</b>	<b>106</b>
<b>IX. LITERATURA CITADA .....</b>	<b>107</b>
<b>XI. ANEXOS.....</b>	<b>132</b>

- Anexo 1. Genes expresados diferencialmente.
- Anexo 2. Análisis de enriquecimiento de ontología génica (GO).
- Anexo 3. Análisis de enriquecimiento KEGG.
- Anexo 4. Lista de genes involucrados en las rutas de glucólisis/gluconeogénesis, fotosíntesis, metabolismo de carbohidratos, proteínas y lípidos.
- Anexo 5. Proteínas identificadas en *C. muelleri* bajo los tratamientos de nitrógeno.
- Anexo 6. Proteínas acumuladas diferencialmente (DAP) en *C. muelleri* bajo los tratamientos de nitrógeno.

## ÍNDICE DE FIGURAS

	<b>Página</b>
<b>Figura 1.</b> Esquema del origen de las diatomeas y otras eucariotas fotosintéticas. ....	4
<b>Figura 2.</b> Estructura de la frústula de diatomeas. ....	5
<b>Figura 3.</b> Célula de <i>Chaetoceros muelleri</i> . Objetivo 100X.....	6
<b>Figura 4.</b> Mecanismos utilizados por las diatomeas para contrarrestar la toxicidad de los metales pesados presentes en aguas residuales. ....	19
<b>Figura 5.</b> Diagrama de la señalización dependiente de nitrógeno dependiente de calcio. CPKs: proteínas quinasa. ....	38
<b>Figura 6.</b> Vías involucradas en el metabolismo del nitrógeno. ....	42
<b>Figura 7.</b> Sistemas de aspartato y alanina para nitrógeno intracelular y transporte del esqueleto de carbono. ...	49
<b>Figura 8.</b> Electroforesis en gel de agarosa al 1 % de ARN total extraído con TRIzol (Thermo Fisher Scientific) y purificado con Rneasy MinElute Cleanup Kit (Qiagen). ...	67
<b>Figura 9.</b> Resumen del transcriptoma de <i>C. muelleri</i> bajo diferentes concentraciones de N-P... ..	69
<b>Figura 10.</b> Genes de <i>C. muelleri</i> expresados diferencialmente bajo diferentes concentraciones de nitrógeno.....	70
<b>Figura 11.</b> Análisis de expresión diferencial y enriquecimiento de <i>C. muelleri</i> . ....	72
<b>Figura 12.</b> Análisis de enriquecimiento de ontología génica (GO) de genes expresados diferencialmente (DEG) de la anotación del transcriptoma de <i>Chaetoceros muelleri</i> ... ..	73
<b>Figura 13.</b> Análisis de enriquecimiento funcional KEGG de genes expresados diferencialmente en <i>Chaetoceros muelleri</i> bajo diferentes concentraciones de nitrógeno.. ....	76
<b>Figura 14.</b> qPCR en tiempo real para genes expresados diferencialmente en el transcriptoma de <i>Chaetoceros muelleri</i> . ....	77
<b>Figura 15.</b> Cambios en la regulación de genes expresados diferencialmente (DEGs) en la vía de la fotosíntesis. ....	82
<b>Figura 16.</b> Resumen de cambios en la expresión de genes en las vías de glucólisis/gluconeogénesis, biosíntesis/degradación de aminoácidos; Metabolismo de lípidos y asimilación de nitrógeno. ....	85
<b>Figura 17.</b> Electroforesis SDS-PAGE al 13 %, teñido con azul de Coomassie, de proteínas de <i>Chaetoceros muelleri</i> bajo diferentes concentraciones de nitrógeno. ....	86
<b>Figura 18.</b> Control de calidad de las muestras de proteínas de <i>Chaetoceros muelleri</i> bajo diferentes concentraciones de nitrógeno. ....	88
<b>Figura 19.</b> Términos enriquecidos del proteoma de <i>C. muelleri</i> bajo diferentes concentraciones de nitrógeno.....	89
<b>Figura 20.</b> Distribución de las proteínas diferencialmente acumuladas (PDAs) de <i>C. muelleri</i> . ....	90

<b>Figura 21.</b>	Proteínas diferencialmente acumuladas (DAP) de <i>C. muelleri</i> ....	91
<b>Figura 22.</b>	Análisis de enriquecimiento de ontología génica (GO) de proteínas diferencialmente acumuladas de <i>Chaetoceros muelleri</i> bajo diferentes concentraciones de nitrógeno.....	92
<b>Figura 23.</b>	Análisis de enriquecimiento funcional KEGG de proteínas diferencialmente acumuladas en <i>Chaetoceros muelleri</i> bajo diferentes concentraciones de nitrógeno. ....	93
<b>Figura 24.</b>	Perfiles de proteínas diferencialmente acumuladas en <i>Chaetoceros muelleri</i> bajo diferentes concentraciones de nitrógeno. ....	94
<b>Figura 25.</b>	Diagrama integrado de proteínas en las vías de fotosíntesis de <i>C. muelleri</i> bajo diferentes concentraciones de nitrógeno. ....	98

## ÍNDICE DE TABLAS

	<b>Página</b>
<b>Tabla 1.</b> Ejemplos de pigmentos presentes en diatomeas.....	9
<b>Tabla 2.</b> Diatomeas con potencial de biorremediación .....	19
<b>Tabla 3.</b> Genes relacionados con el metabolismo del nitrógeno. . .....	40
<b>Tabla 4.</b> Secuencias de los oligos de los genes seleccionados para realizar el RT-qPCR.....	61
<b>Tabla 5.</b> Contenido de clorofila-a de <i>Chaetoceros muelleri</i> cultivado bajo diferentes concentraciones de nitrógeno. ....	66
<b>Tabla 6.</b> Concentración de ARN total de las muestras estudiadas. ....	67
<b>Tabla 7.</b> Concentración de proteínas de las muestras estudiadas .....	87
<b>Tabla 8.</b> Proteínas diferencialmente acumuladas involucradas en la vía de la fotosíntesis.....	96



## INTRODUCCIÓN

Las diatomeas son consideradas como uno de los grupos de algas más abundantes y diversos de la Tierra, se caracterizan por sus paredes celulares únicas, llamadas frústulas, que están hechas de sílice (dióxido de silicio); estas frústulas dan a las diatomeas sus formas geométricas distintivas y patrones intrincados (Rushforth y Johansen, 1986; Medlin, 2011; Sharma et al., 2021). Utilizan clorofila a y c, además de otros pigmentos para capturar la luz solar y convertirla en energía química a través de la fotosíntesis (Willows, 2020). Estas microalgas juegan un papel importante en la producción primaria de los océanos y contribuyen a la fijación global de carbono y la producción de oxígeno (Falciatore y Bowler, 2002; Rabiee et al., 2021; Mallimadugula y Hameed, 2023).

Las diatomeas se encuentran en una amplia gama de ambientes acuáticos, incluidos océanos, lagos, ríos y humedales; además, prosperan en diversos nichos ecológicos ya que pueden adaptarse a condiciones adversas de temperatura, salinidad y luz; por otro lado, los ambientes ricos en nutrientes, especialmente aquellos con altos niveles de fósforo (P), sílice (Si) y nitrógeno (N), a menudo favorecen su crecimiento y proliferación. Debido a que son recicladores eficientes de estos nutrientes, contribuyen a los procesos biogeoquímicos en el océano (Muhseen et al., 2015; Sajjadi et al., 2018; Enamala et al., 2018; Jain, 2020).

Aunado a su papel ecológico, las diatomeas se caracterizan por su potencial biotecnológico, debido a que presentan la facultad de acumular metabolitos de interés que pueden ser aplicados en diversos sectores de la industria (alimenticia, energética, cosmeceútica, farmacéutica, agronómica, acuícola, entre otras), por esta razón, han sido llamadas el oro verde del futuro (Bilal et al., 2017; Sharma et al., 2021). Entre las ventajas que aporta su explotación sobresalen su versatilidad, su capacidad de prosperar en diversos entornos, una rápida tasa de crecimiento y una alta productividad de la biomasa; además, los medios de cultivo para su producción son relativamente baratos, no compiten por tierras cultivables, su cultivo no está restringido a una época del año y pueden emplearse aguas residuales en el proceso (Khan et al., 2018).

Dado el interés en la aplicación biotecnológica de las microalgas, en las últimas décadas, las investigaciones sobre su cultivo han aumentado alrededor del mundo, sin embargo, al poseer una gran diversidad de linajes, aún persiste un gran número de especies por explorar, en comparación con las plantas terrestres (Longworth et al., 2016). La aplicación de las microalgas como una plataforma biotecnológica para la producción de compuestos valiosos, implica el empleo de estrategias que permitan la acumulación del metabolito objetivo; estos parámetros suelen ser las condiciones ecológicas del cultivo o la adición de sustancias que estimulan la sobreproducción del compuesto en cuestión (Bilal et al., 2017; Bhattacharya et al., 2020).

Entre las estrategias utilizadas, para la producción de biomasa rica en compuestos bioactivos, se destaca la limitación de nutrientes, siendo el nitrógeno uno de los más importantes, cuyo agotamiento en el medio de cultivo aumenta el contenido de lípidos y carbohidratos. Sin embargo, se ha documentado que esto afecta negativamente el contenido de biomasa (Remmers et al., 2018; Yaakob et al., 2021, Scarsini et al., 2022). Esto es porque el nitrógeno, al ser un nutriente esencial, es requerido por las microalgas para sus actividades metabólicas, como la síntesis de proteínas, la clorofila, la producción de ácidos nucleicos y la formación de fosfolípidos (Falciatore y Bowler, 2002; Andersen et al., 2020) y, su limitación, al provocar una disminución del contenido de clorofila, puede generar una reducción de la eficiencia fotosintética (Yaakob et al., 2021). Por lo tanto, es importante dilucidar los mecanismos moleculares involucrados en este fenómeno para identificar genes clave que participan en la acumulación de estos metabolitos, con el objetivo de optimizar este proceso para aplicaciones biotecnológicas.

El desarrollo de las herramientas genómicas ha permitido el estudio de las microalgas a diferentes niveles de profundidad: a nivel genómico, transcriptómico, proteómico, lipidómico y metabolómico, que han supuesto un gran avance en el conocimiento de las rutas biosintéticas que dan origen a estos metabolitos de alto valor; dichos estudios han llevado a dilucidar genes que regulan esta biosíntesis, conocer enzimas que llevan a cabo la catálisis de las reacciones involucradas en estas vías y, con ello, ha dado lugar al descubrimiento de moléculas novedosas con propiedades bioactivas (Lauritano et al., 2019). Por otro lado, este conocimiento ha permitido los primeros trabajos exitosos en ingeniería genética y biología

sintética con el fin de mejorar la productividad de las cepas microalgales y así aprovechar su potencial (Lauritano et al. 2019, Sproles et al., 2021).

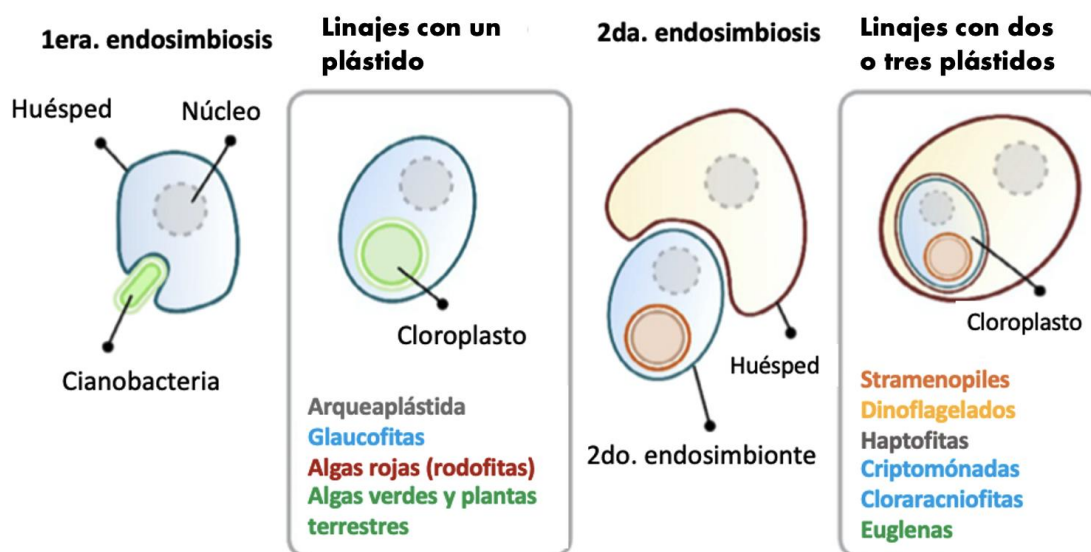
El enfoque transcriptómico es una de las herramientas ómicas que permite el perfilado de los cambios de expresión génica de un organismo en respuesta a diversos factores, incluyendo los ambientales. Proporciona información sobre la regulación de los genes, las vías de señalización y los factores de transcripción implicados en la respuesta del organismo en estudio. El transcriptoma consta del conjunto de todas las moléculas de ARNm en la célula; a partir de las secuencias de estas moléculas se reconstruye el transcriptoma. Se han seguido dos estrategias para reconstruir el transcriptoma a partir de secuencias de lecturas cortas de ARN: alineación de las lecturas hacia el genoma de referencia, y ensamblaje *de novo* sin genoma de referencia (Hrdlickova et al., 2017). Por otro lado, la proteómica, permite la identificación y cuantificación de proteínas; además, ofrece información sobre los cambios dinámicos en la abundancia de las proteínas, las modificaciones postraduccionales y las interacciones proteína-proteína; esto, puede revelar la remodelación de las vías metabólicas, los ajustes en los procesos celulares y la activación de proteínas o enzimas específicas involucradas en la respuesta del organismo de estudio ante cierto estímulo, complementando la información obtenida a través del análisis transcriptómico (Lauritano et al., 2019).

La combinación de los recursos ómicos y los datos fisiológicos mejorará nuestro entendimiento de las rutas involucradas en la producción de metabolitos de interés, por lo que el eje central de esta investigación fue analizar el transcriptoma y el proteoma de la diatomea marina *Chaetoceros muelleri*, nativa del Noroeste de México, cultivada en cuatro concentraciones de NaNO<sub>3</sub> (2f: 3,53 mM, f: 1,76 mM, f/4: 0,44 mM y f/10: 0,18 mM). Previamente se documentó que no se afecta la producción de biomasa de esta especie al ser cultivada en bajas concentraciones de nitrógeno y se induce la acumulación de lípidos y carbohidratos (de Jesús-Campos et al., 2019).

## I. ANTECEDENTES

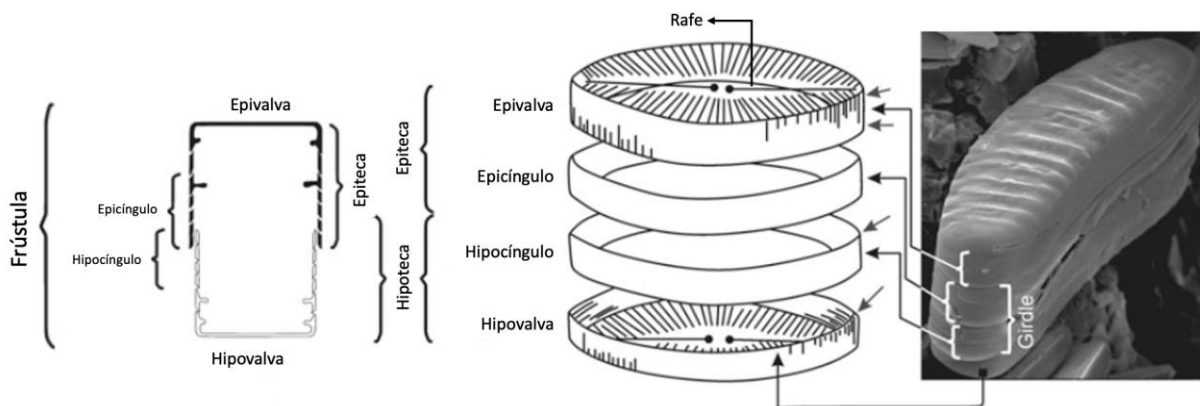
### I.1 Características generales de las diatomeas

Las diatomeas son un tipo de microalgas eucariotas fotosintéticas que aparecieron hace unos 250 millones de años, durante la era Mesozoica. Se cree que se originaron en ambientes marinos, aunque también se pueden encontrar en hábitats de agua dulce (Medlin, 2016). Son considerados uno de los grupos de algas unicelulares más exitosos de los océanos y contribuyen hasta en un 20% de la producción primaria de la Tierra además de contribuir significativamente al ciclo global del carbono (Malviya et al., 2010; Medlin, 2016). Al igual que otras microalgas eucariotas fotosintéticas, se cree que se originaron de, al menos, dos eventos endosimbióticos (Figura 1); el primero de ellos, de una célula hospedera heterótrofa y una cianobacteria, que dio lugar a la aparición de las microalgas verdes, rojas y glaucofitas; posteriormente, un segundo proceso endosimbiótico, de una microalga roja por una célula hospedera heterótrofa, dio lugar a la aparición de criptofitas, haptofitas, heterokontas o algas dinoflageladas (Helliwell, 2023).



**Figura 1.** Esquema del origen de las diatomeas y otras eucariotas fotosintéticas. Tomado de Helliwell (2022).

Las diatomeas (Bacillariophyceae) surgieron dentro del linaje heterokonta (Stramenopiles) Dentro del diverso clado Heterokonta, las diatomeas comprenden entre 30 000 y 100 000 especies (Mann y Vanormelingen, 2013). Se caracterizan por su clorofila *a* y *c*, además de una frústula silíceo. Esta frústula, consiste de dos tecas superpuestas (epiteca e hipoteca), el área donde se superponen se denomina cíngulo y la hendidura de la válvula longitudinal se llama rafe (Figura 2) (Medlin, 2016; Jain, 2020). Presentan una reproducción asexual (división mitótica), que conlleva la disminución de tamaño; cuando alcanza la tercera parte de su tamaño, se da la reproducción sexual (meiosis) por axuosporas. La auxospora es el cigoto especializado, cubierto de una membrana silíceo de las diatomeas que permite la recuperación del tamaño original (Medlin, 2016).



**Figura 2.** Estructura de la frústula de diatomeas. Tomado de Jain (2020)

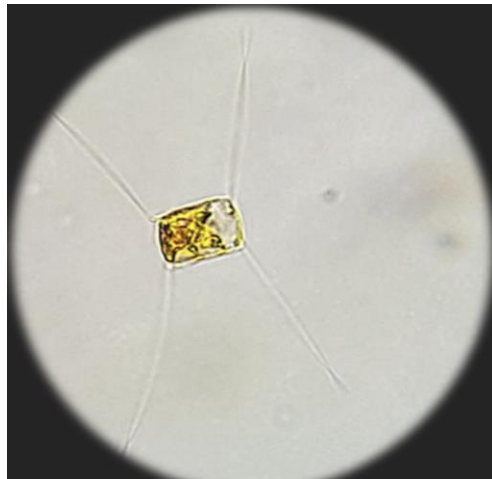
Se han establecido tres clados principales de diatomeas, que se han reconocido formalmente a nivel de clase: las céntricas radiales (Coscinodiscophyceae), las céntricas bipolares (Mediophyceae), que incluyen las Thalassiosirales radiales y las diatomeas pennadas (Bacillariophyceae). Estos grupos se han establecido gracias a la alineación de la estructura secundaria de la molécula de ARN, además de la auxospora, que sigue siendo la característica definitoria de los clados de las diatomeas (Medlin, 2016).

Dada la historia evolutiva de las diatomeas, la mezcla y combinación de genomas, además de genes adquiridos por transferencia horizontal, las diatomeas poseen una gama de atributos potencialmente útiles: respuestas rápidas a los cambios de luz ambiental, formación

de etapas de reposo, rodopsinas similares a bombas de protones, proteínas de adhesión al hielo (IBPs), un ciclo de la urea, pared celular rígida de sílice y presencia de vacuolas para el almacenamiento de nutrientes (Malviya et al., 2016). Indiscutiblemente, estas características han contribuido a su sobrevivencia en sitios poco favorables y a su diversidad.

En un análisis realizado por Malviya y colaboradores (2016), de muestras provenientes de la zona eufótica del océano global, se estimó la diversidad taxonómica de diatomeas en 4748 unidades taxonómicas operativas (OTU), donde el género más abundante y diverso fue *Chaetoceros*, seguido de *Fragilariopsis*, *Thalassiosira* y *Corethron*.

*Chaetoceros muelleri* (Figura 3), es una especie prominente del género *Chaetoceros*, se caracteriza por tener una forma redondeada o rectangular con lados convexos, presentando cuatro setas en sus extremos; llega a medir entre 3.5 y 8 micras y suele presentarse de forma individual y raramente formando cadenas de 2-3 células. Crece adecuadamente a temperaturas entre 15 y 30 °C y salinidades de 35 UPS (Unidades Prácticas de Salinidad) (©).



**Figura 3.** Célula de *Chaetoceros muelleri*. Objetivo 100X.

*C. muelleri* ha sido utilizada en la alimentación de varias especies acuícolas debido a su perfil nutricional, rico en ácidos grasos poliinsaturados (PUFAs) y un tamaño adecuado para la alimentación de larvas (Brown et al., 1997; Lora-Vilchis, et al., 2004; Piña et al., 2005). Aunado a estas características, la relativa facilidad de los cultivos, su estructura

silíceas, su contenido y perfil lipídico, además del potencial para producción de otros metabolitos, ha despertado interés por esta especie en varios sectores de la industria (Sharma et al., 2021, Rabiee et al., 2021).

## **I.2 Diatomeas: una plataforma biotecnológica**

Las diatomeas, algas unicelulares microscópicas con intrincadas paredes celulares de sílice, han fascinado durante mucho tiempo a científicos e investigadores debido a sus características únicas y su notable potencial. Más allá de su importancia ecológica, las diatomeas se han convertido en una plataforma biotecnológica prometedora. Dadas sus rutas metabólicas únicas pueden producir potencialmente metabolitos secundarios específicos con actividad biológica, como actividades antidepredatorias, alelopáticas, antiproliferativas, citotóxicas, anticancerígenas, fotoprotectoras, así como antiinfecciosas y antiincrustantes (Bilal et al., 2017; Lauritano et al., 2019).

Esta capacidad de sintetizar estructuras complejas, aunadas a una fotosíntesis eficiente, las convierten en activos valiosos en varios campos de la biotecnología, destacando sus aplicaciones en rubros como la producción de biocombustibles (Bilal et al., 2017, Lin et al., 2018), la nanotecnología (Rabiee et al., 2021), la biomedicina (Goh, et al., 2014), la cosmecéutica (Noviendri et al., 2021) y la nutracéutica (Foo, et al., 2015, Noviendri et al., 2021), entre otras. Entre los metabolitos que producen se destacan algunos que se describen a continuación.

### **I.2.1 Compuestos bioactivos de diatomeas**

#### *Pigmentos*

Un campo interesante en el estudio de las algas marinas es la producción de pigmentos (Tabla 1), que además de desempeñar un papel protagónico en la fotosíntesis, se ha demostrado que poseen actividad biológica (Pangestuti y Kim, 2011; Kuczynska et al., 2015; Bilal et al., 2017; Athanasakoglou y Kampranis, 2019). Las clorofilas (p. ej., clorofila-*a*, clorofila-*c*) son los pigmentos primarios involucrados en la captura de energía luminosa para la fotosíntesis

(Kuczynska et al., 2015; Bilal et al., 2017) . Un derivado de la clorofila, son las clorofilinas que se ha demostrado, al igual que la clorofila, exhiben una funcionalidad antimutagénica y anticancerígena (Bilal et al., 2017).

Los carotenoides son de naturaleza liposoluble, varían de marrón, rojo y naranja a amarillo; están formados por cadenas poliénicas conjugadas que contienen un anillo "ionona". Según su estructura, se pueden clasificar en carotenos y xantofilas. Los carotenos son carotenoides no oxigenados, siendo el  $\beta$ -caroteno el característico de las diatomeas. Las xantofilas son compuestos que contienen oxígeno en su estructura, dentro del grupo se encuentran la fucoxantina, la diadinoxantina, la diatoxantina, la violaxantina, la anteraxantina y la zeaxantina.

Los carotenoides son pigmentos accesorios cuya función principal es absorber la luz en la región UV-Visible, donde la clorofila no lo hace eficientemente durante la fotosíntesis. Además, protegen la maquinaria fotosintética de la fotooxidación al eliminar especies reactivas de oxígeno (Pangestuti y Kim, 2011; Kuczynska et al., 2015; Chakdar y Pabbi, 2017; Athanasakoglou y Kampranis, 2019). La fucoxantina es un pigmento que contiene un enlace alénico y 5,6-monoepóxido en su estructura y contribuye a la característica coloración marrón dorada de las diatomeas. Debido a la coloración de estos compuestos y sus propiedades tienen aplicaciones en el campo de la salud, la alimentación y la farmacología (Bilal *et al.*, 2017, Chakdar y Pabbi, 2017; Guerin et al., 2022).

Un pigmento inusual se identificó en las especies de diatomeas del género *Haslea*, denominado marenina. Este pigmento azul verdoso es secretado al medio de cultivo y, recientemente, se identificó su naturaleza polisacárida por espectroscopía de resonancia magnética nuclear (Zebiri et al., 2023). La marenina no interviene en el proceso fotosintético (Schubert et al., 1995), aunque se discute su posible efecto protector sobre la célula cuando se expone a la luz roja (Pouvreau et al., 2008). Por otro lado, se han determinado sus efectos alelopáticos y antimicrobianos (Gastineau et al., 2014; Prasetiva et al., 2016).



**Tabla 1.** Ejemplos de pigmentos presentes en diatomeas.

<b>Pigmentos</b>	<b>Actividad biológica</b>	<b>Referencia</b>
Fucoxantina	Antioxidante	Foo et al., 2015
	Antiproliferativa	Kotake-Nara et al., 2005
		Moreau et al., 2006
Astaxantina	Antioxidante	Catanzaro et al., 2020
		Catanzaro et al., 2020
Neoxantina	Apoptótica	Kotake-Nara et al., 2005
	Antiviral	Gastineau et al., 2012
Marenina	Antibacterial	Pouvreau et al., 2008
	Antifungico	Bouhleb et al., 2021
	Antioxidante	Prasetya et al., 2020
Derivado de clorofila (Feoforbida a)	Anti-inflamatoria	Lauritano et al., 2020

### *Derivados silíceos*

Las diatomeas sintetizan y secretan sílice en forma de sílice amorfa, que se autoensambla en patrones intrincados y altamente estructurados; las frústulas silíceas brindan soporte mecánico y protección a las células de diatomeas (Rabiee et al., 2021, Mayzel et al., 2021). La tierra de diatomeas, compuesta de frústulas de diatomeas fosilizadas, se ha utilizado para administración de fármacos, biodetección e ingeniería de tejidos, entre otros; esto es debido a las características que presentan las frústulas, como la alta área superficial, la resistencia mecánica, sus propiedades ópticas y la biocompatibilidad del sílice de diatomeas. Aunado a sus propiedades excepcionales, la ventaja de la obtención del biosílice de diatomeas (alta pureza, fácilmente disponible, natural, bajo costo y renovable) han generado un creciente interés en la investigación en la utilización de estas estructuras (Panwar y Dutta, 2019; Rabiee et al., 2021; Sardo et al., 2021).

### *Péptidos y proteínas*

Las diatomeas producen varias proteínas y enzimas involucradas en las funciones celulares, incluida la fotosíntesis, la fijación de carbono, la absorción de nutrientes y la síntesis de la pared celular. Las proteínas de diatomeas también pueden tener funciones especializadas, como enzimas involucradas en el metabolismo de los lípidos o proteínas relacionadas con la

defensa, que protegen contra patógenos o herbívoros. Si bien, las proteínas proveen de aminoácidos a los consumidores primarios, también son fuente de péptidos que exhiben efectos fisiológicos, por lo que son usados en medicamentos para la hipertensión, diabetes y cáncer (Barkia et al., 2019; Nieri et al., 2023; Tiwari et al., 2022). Ejemplo de ello son dos péptidos obtenidos de *Navícula incerta* que han demostrado efectos citoprotectores y actividad antioxidante (Kang et al., 2012; Tiwari et al., 2022).

Las silafinas y proteínas similares, son un grupo de proteínas que se encuentran en las diatomeas y que desempeñan un papel crucial en el proceso de biomineralización de la formación de frústulas de sílice (Sumper y Kröger, 2004). Se han investigado por sus aplicaciones potenciales en la síntesis e ingeniería de materiales a base de sílice con propiedades controladas (Sardo et al., 2021; Heintze et al., 2022).

#### *Aminoácidos similares a micosporinas (mycosporine-like amino acids, MAA)*

Algunas diatomeas producen MAA, que son moléculas solubles en agua, de bajo peso molecular y con bandas de absorción máximas en el espectro ultravioleta (UV), entre 310 y 360 nm. Estas moléculas protegen contra el daño por la radiación UVA y UVB, por lo que contribuyen a la supervivencia de las diatomeas en condiciones de alta intensidad lumínica (Hernando et al., 2002). Además de sus propiedades fotoprotectoras, exhiben actividades biológicas tales como actividades antioxidantes, anticancerígenas y antiinflamatorias (Pangestuti et al., 2018; Rosic, 2021).

#### *Poliaminas*

Las poliaminas son compuestos derivados de aminoácidos. Se caracterizan por ser moléculas alifáticas lineales o ramificadas que contienen múltiples grupos amino. Dentro de las poliaminas encontradas en diatomeas se encuentran el diaminopropano, putrescina, espermidina, norespermidina y cadaverina. Las poliaminas intervienen en varios procesos fisiológicos, incluido el crecimiento celular, el desarrollo y las respuestas al estrés (Lin y Lin, 2018). Se ha demostrado adicionalmente que bajo limitación de nutrientes la concentración

de poliamina se reduce al interior de la célula pero se mejora la liberación al medio, siendo diferentes las proporciones de poliaminas extra e intracelular, sugiriendo una absorción o liberación selectiva por parte de las microalgas (Liu et al., 2016). Por otro lado, las poliaminas también están implicadas en la formación de la pared celular de las diatomeas. Se ha demostrado que la longitud de las cadenas de las poliaminas influye en el aumento del tamaño de las partículas de sílice (Sumper y Kröger, 2004; Maddala et al., 2021). Dado el potencial de las poliaminas poco comunes en la destrucción de células cancerosas y su papel en la formación de nanomateriales, la investigación de microalgas para la producción de poliaminas es de gran importancia para la biotecnología y la industria (Liu et al., 2016).

#### *Aldehídos poliinsaturados (PUA)*

Los PUA son metabolitos secundarios producidos por las diatomeas. Se han identificado como compuestos de defensa química contra depredadores, como herbívoros y patógenos (Li et al., 2019). Se ha demostrado que las PUA tienen efectos citotóxicos en varios organismos, incluidos los invertebrados y el fitoplancton, y pueden influir en las interacciones ecológicas en los ecosistemas marinos (Galasso et al., 2020; Pezzolesi et al., 2021).

#### *Compuestos fenólicos*

Las diatomeas tienen la capacidad de producir fenoles, compuestos que se caracterizan por poseer grupos hidroxilo en su estructura química. Se incluyen ácidos benzoicos hidroxilados, ácidos cafeico, clorogénico, ferúlico, gálico; flavonoides, quercetina, rutina, y otros derivados (Del Mondo et al., 2021). Estos compuestos tienen propiedades antioxidantes y antimicrobianas, por lo que pueden contribuir a los mecanismos de defensa de las diatomeas frente al estrés oxidativo y los microorganismos patógenos (Tiwari et al., 2022). Dada su capacidad antioxidante, antihemolítica, antimicrobiana y antiinflamatoria, estos compuestos son atractivos para su uso en productos nutracéuticos, cosméticos y farmacológicos (Smerilli et al., 2019; Lakshmegowda et al., 2020). Algunas especies de diatomeas, particularmente las que pertenecen al orden Bacillariales, producen florotaninos, que son compuestos polifenólicos. Los florotaninos tienen propiedades antioxidantes y antibacterianas. Se

utilizan en las industrias farmacéutica, cosmética y alimentaria por sus propiedades bioactivas y sus posibles beneficios para la salud (Al-Mola, 2009).

### *Polisacáridos*

Entre los productos extraídos de las algas, los polisacáridos son de los más importantes. La principal fuente de polisacáridos son los almacenados como reserva, seguidos de los exopolisacáridos y los polisacáridos sulfatados. Se caracterizan por poseer diversas propiedades como antitumoral, antiviral, antioxidante, antibacteriana y antiinflamatoria (Tiwari et al., 2020). Muchos de los polisacáridos obtenidos de algas, incluidos agar, alginato y carragenina, se han empleado como ingredientes funcionales, estabilizadores en las industrias farmacéutica y nutracéutica, o como espesantes (alginato) en la industria textil. Además, muchos otros polisacáridos u oligosacáridos tienen características idóneas para la explotación prebiótica o estimulante de la respuesta de defensa de las plantas ante un patógeno (Bilal et al., 2017; Tang et al., 2020). Un ejemplo de ello es la crisolaminarina, un polisacárido de reserva de *C. muelleri* que ha demostrado tener actividad inmunoestimulante en peces en su etapa larvaria (Skjermo et al., 2006). Adicionalmente, los grupos funcionales de los polisacáridos de las algas marinas pueden unirse a iones de microelementos importantes en la nutrición de las plantas. Debido a esta propiedad quelante, se pueden utilizar en la producción de nuevas formulaciones portadoras de microelementos en fertilizantes (Tang et al., 2020). Por otro lado, los exopolisacáridos (EPS) son sustancias mucilaginosas que, además de carbohidratos, pueden incluir otras sustancias poliméricas que definirán la morfología de los EPS. Dada su capacidad de adhesión, tienen aplicación biomédica como adhesivo para sellar tejidos lesionados (Tiwari et al., 2021). Otro tipo de polisacáridos son los polisacáridos sulfatados, que presentan grupos sulfatos. La diversidad de monosacáridos, el grado de ramificación y el grado de sulfatación determinan sus propiedades biológicas y, por ende, sus aplicaciones, que incluyen: cosméticas, antivirales, promotoras de crecimiento en agricultura y alimentos funcionales (Guzmán-Murillo et al., 2007). Un ejemplo de este tipo de compuestos es el polisacárido naviculan, un polisacárido sulfatado aislado de *Navícula directa* que exhibe actividad antiviral (Lee et al., 2006; Sansone et al., 2020).

## *Lípidos*

Las diatomeas son conocidas por su alto contenido de lípidos, que sirven como reservas de energía y componentes estructurales de las membranas celulares. Los lípidos de las microalgas, según su polaridad, se clasifican en lípidos polares (fosfolípidos, glicolípidos y lípidos de betaína) y lípidos no polares o neutros (esteroles, ácidos grasos libres y triacilglicéridos, TAG). Según sus funciones, se clasifican en lípidos estructurales, de almacenamiento y de señalización. Los lípidos estructurales representan del 30 al 70% del peso seco total, los fosfoglicéridos y glicosilglicéridos son los principales lípidos en las diatomeas (Yi et al., 2017). Los lípidos neutros actúan como fuente de energía para las microalgas, mientras que los lípidos polares se utilizan para la síntesis de la membrana celular. Los ácidos grasos son ácidos carboxílicos con una longitud de cadena de 4 a 36 átomos de carbono. Por la saturación de sus cadenas hidrocarbonadas se denominan saturados (carecen de enlaces múltiples) e insaturados (presentan enlaces múltiples). La mayoría de los ácidos grasos de las microalgas son mono-insaturados (Bilal et al., 2017). Dentro de la variedad de ácidos grasos que producen las diatomeas, se incluyen los ácidos grasos poliinsaturados (PUFA) de cadena larga, incluidos los ácidos grasos omega-3 como el ácido eicosapentaenoico (EPA) y el ácido docosahexaenoico (DHA). Los PUFA tienen importantes beneficios para la salud, incluidas propiedades antiinflamatorias, cardioprotectoras y neuroprotectoras asociadas a su capacidad antioxidante. Estos ácidos grasos son valiosos para la nutrición humana y se utilizan ampliamente en suplementos dietéticos y alimentos funcionales que tienen importantes aplicaciones nutricionales y farmacéuticas. Entre las propiedades de los lípidos destacan las antibacterianas del ácido palmitoleico y ácido esteárico (Yi et al., 2017; Bilal et al., 2017). Por otro lado, se han demostrado actividades antivirales, antibacterianas y antiinflamatorias de glicolípidos (Plouguerné et al., 2014), así como propiedades antimitóticas, proapoptóticas, antiinflamatoria, anticancerígenas y antimicrobianas de las oxilipinas (Yi et al., 2017). Dentro de los esteroles comunes en las diatomeas se encuentran el brasicasterol, campesterol, fucosterol, isofucosterol, sitosterol y stigmasterol que juegan un papel importante como componentes estructurales de la membrana y moléculas de señalización; en estos compuestos, se han encontrado propiedades

antiinflamatorias, antimicrobianas, anticancerígenas, antidiabéticas, entre otras (de Jesús Raposo et al., 2013; Tiwari et al., 2021).

## I.2.2 Aplicaciones industriales

Dada la diversidad de compuestos valiosos que pueden producir las diatomeas, estas tienen múltiples aplicaciones industriales y comerciales. Pueden utilizarse como alimento para peces y animales, así como en aplicaciones farmacéuticas, cosmeceúticas, ambientales y otras aplicaciones biotecnológicas, que se detallan a continuación.

### *Uso como nutracéutico*

Se denomina nutracéutico a aquella sustancia que pueda considerarse un alimento o parte de él y que proporcione beneficios médicos o de salud (Nieri et al., 2023). Las microalgas son consideradas un alimento, ya que son una fuente abundante de carbohidratos, lípidos, proteínas, enzimas, fibra, vitaminas y minerales. Dentro de éstas últimas dos se encuentran la vitamina A, C, B1, B2, B6, niacina, yodo, potasio, hierro, calcio y magnesio. Los países asiáticos son los principales consumidores, sin embargo, el consumo se restringe a unas pocas especies. Ejemplo de ello son la *Spirulina (Arthrospira)*, *Chlorella*, *Dunaliella* y *Aphanizomenon*. Suele consumirse la biomasa o sus derivados, ya sea como complementos alimenticios o como colorantes de alimentos. Entre las propiedades que se les atribuyen son los efectos prebióticos y la fortificación mineral. Estas propiedades promotoras de la salud, suelen explicarse debido a su efecto inmunomodulador generalizado (Bilal et al., 2017).

Diversos estudios clínicos han sugerido a los lípidos de diatomeas como inhibidores alternativos de la enzima convertidora de angiotensina, por lo que se sugiere su uso como complemento alimenticio para la prevención de enfermedades cardiovasculares. Por otro lado, la diatomea *Odontella aurita*, rica en EPA, fue autorizada para su uso como ingrediente alimentario por la Autoridad Europea de Seguridad Alimentaria, EFSA (Nieri et al., 2023). Existen productos de EPA comerciales disponibles en el mercado global como Vegan TrueVR Non-Fish Omega-3s de Source NaturalsVR y EPA de iWiVR (Yang et al., 2020). Carotenoides como la Fucoxantina (Fx), son utilizados en productos comerciales para controlar el peso corporal; sin embargo, este compuesto es proveniente de algas pardas y

presenta los inconvenientes de ser estacionales, costosas y tienen un contenido de Fx muy bajo (<0.1% DW). Por lo tanto, las diatomeas, al tener un mayor contenido de fucoxantina (hasta 100 veces más que las algas pardas), un bajo contenido de yodo, no ser estacionales y tener una productividad mayor a las algas pardas, representan una mayor oportunidad para la obtención de fucoxantina de alta pureza a un menor costo. Un producto de Fx derivado de *Phaeodactylum tricornutum* está disponible comercialmente para la salud del hígado, FucoVital™ (Yang et al., 2020). La producción de alimentos funcionales es un campo en continuo crecimiento en donde las fuentes microalgales constituyen una parte importante del mercado mundial (Bilal et al., 2017).

#### *Microalgas como biofertilizantes*

Debido a la capacidad de fijación de nitrógeno atmosférico de algunas microalgas, estas se han empleado como acondicionadoras del suelo, mejorando las condiciones químicas y físicas. De esta manera, contribuyen en el mantenimiento y desarrollo de la fertilidad del suelo agrícola al estimular la actividad microbiana (Renuka et al., 2018, Barone et al., 2018). Además de aportar nitrógeno, son una fuente de macro y micronutrientes y generan diversas sustancias promotoras del crecimiento. En el caso de cianobacterias, producen vitamina B12, ácido indol-3-acético, ácido indol-3-propiónico y 3-metil indol, lo cual favorece el desarrollo y la tolerancia de las plantas a condiciones de estrés. Por otro lado, el biocarbón obtenido de microalgas a través de la pirólisis tiene aplicaciones agrícolas para el secuestro de carbono. La exploración de los bioactivos o extractos de microalgas que promueven el desarrollo y/o la protección contra enfermedades de las plantas se perfila como un área de investigación prometedora (Bilal et al., 2017).

#### *Uso como cosmético*

Los metabolitos de diatomeas, en particular aquellos con propiedades antioxidantes y antienvjecimiento, se utilizan en la industria cosmética y de cuidado personal. Estos compuestos encuentran aplicación en productos para el cuidado de la piel, como cremas antiarrugas, humectantes, protectores solares y formulaciones para el cuidado del cabello.

Los componentes de las algas se utilizan con frecuencia en cosméticos como agentes espesantes, aglutinantes y antioxidantes. Entre las especies utilizadas en la industria cosmética se encuentra *Arthrospira* y *Chlorella*, *Chondrus crispus*, *Mastocarpus stellatus*, *Ascophyllum nodosum*, *Alaria esculenta*, *Spirulina platensis*, *Nannochloropsis oculata*, *Chlorella vulgaris* y *Dunaliella salina*. Sus extractos se pueden encontrar en productos para el cuidado de la cara, cabello y piel. Entre las propiedades que se les atribuyen destacan, la reparación de los signos del envejecimiento cutáneo temprano, el efecto tensor y la prevención de la formación de estrías. Además, estimulan la síntesis de colágeno, regeneran tejidos, reducen arrugas, estimulan la proliferación celular y, por lo tanto, influyen positivamente en el metabolismo energético de la piel (Bilal et al., 2017, Rizwan et al., 2018).

#### *Microalgas para alimentación animal*

Dependiendo de la especie y sus condiciones de crecimiento, las microalgas pueden contener hasta 60% de proteínas, 60% de carbohidratos o 70% de lípidos. Además, pueden producir pigmentos valiosos como sustancias promotoras del crecimiento, hormonas y metabolitos secundarios con propiedades antioxidantes, antimicrobianas, antiinflamatorias e inmunoestimulantes que proporcionan beneficios para los animales acuáticos (Draaisma et al., 2013). Las especies más empleadas como fuente alimenticia en acuicultura pertenecen a los géneros *Chlorella*, *Tetraselmis*, *Isochrysis*, *Pavlova*, *Phaeodactylum*, *Chaetoceros*, *Nannochloropsis*, *Skeletonema* y *Thalassiosira*, ya que son especies fácilmente cultivables, no tóxicas, con un tamaño adecuado para la ingesta, con pared celular de alta digestibilidad y gran valor nutricional debido a su contenido en PUFAs y vitaminas (Dineshbabu et al., 2019). En términos generales, son fuente de nutrición esencial para mejorar el crecimiento, la función inmunológica y el rendimiento reproductivo (Shi et al., 2017; Ribeiro et al., 2017; Yang et al., 2020).

Dado el rico perfil de nutrientes de las microalgas, se ha encontrado que son adecuadas para su uso como complemento alimenticio del ganado. La biomasa utilizada como alimento, mejora la calidad de la carne ya que complementa la alimentación habitual proporcionando sus propiedades antioxidantes, PUFA's y pigmentos que mejoran la coloración y calidad de la carne. Algunas especies utilizadas son *Schizochytrium sp.*, *Chlorella sp.*, *Arthrospira sp.*,



*Isochrysis sp.*, *Porphyridium sp.*, *Pavlova sp.*, y *Nannochloropsis sp.* (Madeira et al., 2017; Dineshbabu et al., 2019).

En alimentación de gallinas, se ha observado que el uso de microalgas produce una reducción del colesterol en los huevos, una mayor pigmentación, y dependiendo de la concentración de microalgas, un aumento en el contenido de EPA y DHA (Dineshbabu et al., 2019).

#### *Uso como materia prima para biocombustibles*

Las diatomeas tienen un inmenso potencial para la producción de biocombustibles debido a su alto contenido de lípidos y su eficiente maquinaria fotosintética. Estas microalgas pueden acumular cantidades significativas de lípidos, particularmente triacilglicerol (TAG), lo que las convierte en candidatas atractivas para la producción de biodiesel. Una variedad diversa de biocombustibles como biodiesel, bioetanol, biometano, biohidrógeno, gas de síntesis y carbón vegetal, se pueden derivar de la biomasa de microalgas (Dhanker et al., 2022). Se han propuesto una gran variedad de candidatos a biocombustibles para sustituir a los combustibles fósiles. La tecnología de biocombustibles de tercera generación basada en algas o cianobacterias se considera ampliamente como uno de los métodos alternativos más eficientes a las materias primas convencionales basadas en cultivos tradicionales. Dado su contenido de lípidos y carbohidratos pueden ser empleadas para la producción de bioetanol y biodiesel. Por otro lado, tienen la ventaja de no competir, por área de cultivo y agua, con la producción de alimentos (Bilal et al., 2017, Sharma et al., 2021).

El perfil de ácidos grasos juega un papel crucial en la calidad del biodiesel. La presencia de una gran cantidad de ácidos grasos poliinsaturados tiene un impacto positivo en las propiedades de salida, especialmente en climas fríos, pero puede afectar negativamente la estabilidad oxidativa. Las grandes cantidades de ácidos grasos saturados poseen propiedades de combustión notables pero pueden causar problemas en climas fríos. Por lo anterior es necesario seleccionar la cepa adecuada y generar las condiciones del cultivo que favorezcan la acumulación de un perfil adecuado de lípidos para la obtención de biodiesel (Bilal et al., 2017).

### *Monitoreo y evaluación ambiental*

Las diatomeas son muy sensibles a los cambios en el entorno que las rodea, lo que las convierte en excelentes indicadores de la salud ecológica. Se utilizan en programas de monitoreo y evaluación ambiental debido a su composición de pigmentos. La identificación y cuantificación de estos compuestos, puede proporcionar información valiosa sobre la calidad del agua, la disponibilidad de nutrientes y la salud ecológica de los ecosistemas acuáticos. Los indicadores basados en diatomeas se emplean para evaluar los cambios en la biodiversidad, detectar la contaminación y monitorear las respuestas de los ecosistemas a los estresores ambientales. El uso de diatomeas en el monitoreo ambiental permite la evaluación rápida de la salud del ecosistema y facilita la detección temprana de perturbaciones ecológicas (Dixit et al., 1992, Kahlert et al., 202, Costa & Schneck, 2022).

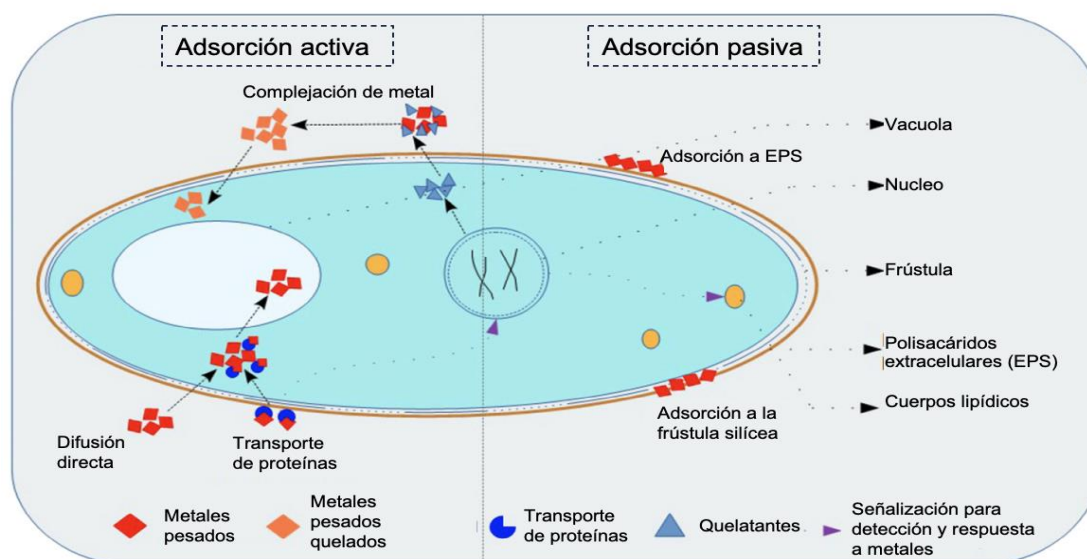
### *Microalgas para bioremediación*

Usualmente, las aguas residuales procedentes de industrias alimentarias, agrícolas o de uso humano, representan una carga al ambiente al contener altas cantidades de nitrógeno, fósforo, aminoácidos, enzimas, metales pesados, entre otros, en consecuencia, el cultivo de microalgas, utilizando aguas residuales como suministro de nutrientes, supone una depuración de estos contaminantes y con ello, prevenir la eutrofización de los ambientes acuáticos (Li et al., 2019). La biomasa obtenida de este proceso puede ser utilizada en la producción de biocombustibles (dado su contenido de lípidos y carbohidratos) lo que puede compensar el costo del proceso de tratamiento. En este proceso es de vital importancia la selección de la especie, en función de los componentes contaminantes del agua residual. Especies de microalgas como *Chlorella* sp., *Scenedesmus* sp., *Spirulina* sp., *Nannochloris*, *Botryococcus braunii* y *Phormidium bohneri* han sido ampliamente reportadas para la eliminación de contaminantes de aguas residuales (Bilal et al., 2017). Por otro lado, la nanoarquitectura de las diatomeas, debido a su pared celular de sílice compuesta de nanoporos, les permite actuar como nanocontenedores inteligentes para adsorber metales traza, tintes, polímeros y medicamentos que pueden estar presentes en las aguas residuales (Khan et al., 2021) (Tabla 2).

Entre los mecanismos utilizados por las diatomeas para contrarrestar la toxicidad de los metales pesados se encuentran la biotransformación, biomineralización, bioacumulación y bioadsorción (Figura 4). Estos mecanismos se fundamentan en la presencia de grupos funcionales de alta afinidad y de unión a metales en su pared celular de sílice (Tiwari y Marella, 2019; Marrella et al., 2020).

**Tabla 2.** Diatomeas con potencial de biorremediación

Diatomea	Acción	Referencia
<i>Haslea ostrearia</i> , <i>Phaeodactylum tricornutum</i> y <i>Skeletonema costatum</i>	Remoción de cobre y cadmio	Gagneux-Moreaux, 2006, Khan et al., 2021
<i>Phaeodactylum tricornutum</i>	Remoción de compuestos orgánicos e inorgánicos de agua de yacimientos petroleros	Guillar et al., 2021
<i>Skeletonema costatum</i> y <i>Nitzschia</i> sp.	Biodegradación de hidrocarburos aromáticos policíclicos (fenantrona y fluoranteno)	Hong et al., 2008
<i>Cylindrotheca closterium</i>	Ésteres de ácido ftalato	Li et al., 2015
<i>Ánfora coffeaeformis</i>	Herbicida Mesotrione	Valiente Moro et al., 2012



**Figura 4.** Mecanismos utilizados por las diatomeas para contrarrestar la toxicidad de los metales pesados presentes en aguas residuales. Tomado de Marrella y colaboradores (2020).

## *Microalgas y proteínas recombinantes*

Otro campo novedoso y con gran potencial de aplicaciones es la utilización de microalgas como sistemas eucariotas para la expresión de proteínas heterólogas. La transformación de cloroplasto en *Chlamydomonas* es el primer sistema modelo y el mejor estudiado en algas verdes, ya que su genoma ha sido completamente secuenciado. Se ha demostrado que *Chlamydomonas reinhardtii* es una biofábrica robusta para la síntesis de muchas proteínas recombinantes importantes, incluidos anticuerpos, vacunas, proteínas terapéuticas, enzimas y aditivos, como la proteína viral 28 (VP28), eritropoyetina y fitasa (Bilal et al., 2017, Torres-Tiji et al., 2022). Entre las microalgas estudiadas, se ha reportado que *Dunaliella tertiolecta*, *Scenedesmus dimorphus*, *Phaeodactylum tricornutum*, *Porphyridium* spp., *Euglena gracilis* y *Haematococcus pluvialis*, han sido exitosamente transformadas (Bilal et al., 2017). Entre los reportes de proteínas recombinantes, destaca la producción de un péptido antimicrobiano, la hormona de crecimiento de pescado y un anticuerpo; además, se han desarrollado y establecido técnicas para la identificación eficiente de las diatomeas transformadas (de Grahl y Reumann 2021; Baiden et al., 2023).

Las ficobilinas son proteínas solubles en agua, se producen principalmente cuatro clases: aloficocianina, ficocianina, ficoeritrina y ficoeritrocianina. Debido a sus propiedades de absorción de luz, se utilizan ampliamente como marcadores fluorescentes en biología molecular y ensayos inmunológicos; así como en tintes fluorescentes para fines de microscopía. El uso de sondas fluorescentes como marcadores en inmunoensayos ha aumentado drásticamente y se vería beneficiado con la disponibilidad de sondas con mejores propiedades, entre ellas, una alta solubilidad (Bilal et al., 2017, Nieri et al., 2023).

## *Nanotecnología*

Las intrincadas paredes celulares de sílice de las diatomeas han cautivado a los investigadores en el campo de la nanotecnología. Las frústulas de diatomeas, las paredes celulares, poseen nanoestructuras intrincadas con diversas formas y patrones. Estas propiedades hacen que las frústulas de diatomeas sean atractivas para diversas aplicaciones en nanotecnología y ciencia de materiales (Grasso et al., 2019; Rogato y De Tommasi, 2020). Las estructuras de sílice a

base de diatomeas se utilizan en el desarrollo de nanomateriales, dispositivos fotónicos, revestimientos y biomateriales. La biocompatibilidad y la naturaleza personalizable de la sílice de diatomeas los convierten en candidatos ideales para fabricar nanomateriales avanzados (Rogato y De Tommasi, 2020; Rabiee et al., 2021; Rea y Stefano 2022).

### *Industrias farmacéutica y biomédica*

Los metabolitos de diatomeas ofrecen potencial como fuente de nuevos fármacos y agentes terapéuticos. Estos compuestos bioactivos han exhibido diversas actividades farmacológicas, incluidas propiedades antimicrobianas, anticancerígenas, antioxidantes, antiinflamatorias y antivirales (Stonik y Stonik, 2015, Nieri et al., 2023). Los metabolitos de diatomeas se están explorando para el desarrollo de nuevos productos farmacéuticos, nutracéuticos y alimentos funcionales; además, se está explorando su uso como vehículos para sistemas de administración de fármacos dirigidos; sus cubiertas de sílice porosa se pueden usar para encapsular compuestos terapéuticos y dirigirse a células o tejidos específicos (Narkhedkar y Bramhanwade, 2023). La capacidad de modificar las propiedades superficiales de las diatomeas permite una liberación controlada y una mayor eficacia del fármaco. Las diatomeas ofrecen una alternativa biocompatible y biodegradable a los sistemas tradicionales de administración de fármacos, con potencial para aplicaciones en medicina personalizada y terapias dirigidas (Terracciano et al., 2018; Hussein y Abdullah 2020, Narkhedkar y Bramhanwade, 2023).

PharmaSea, es un proyecto de investigación europeo, que tiene como objetivo encontrar nuevos productos para la salud, cuidado personal y nutrición, a partir de microalgas y bacterias; han identificado tres especies de diatomeas, *Cylindrotheca closterium*, *Odontella mobiliensis* y *Pseudo-nitzschia pseudodelicatissima*, que poseen actividad antiinflamatoria específica, la diatomea *Skeletonema marinoi* con actividad anticancerígena (bloqueando la proliferación de células de melanoma humano), mientras que las diatomeas *Leptocylindrus aporus* y *Leptocylindrus danicus* exhiben actividad antibiopelícula contra la bacteria *Staphylococcus epidermidis* (Lauritano et al., 2019)

Las diatomeas son células microscópicas con un inmenso potencial como plataforma biotecnológica. Sus características únicas, que incluyen fotosíntesis eficiente, estructuras de

sílice intrincadas y capacidades metabólicas versátiles, han abierto nuevas vías para sus aplicaciones en diversos campos. Al aprovechar las capacidades de las diatomeas, se puede avanzar en la producción sostenible de biocombustibles, desarrollar nanomateriales innovadores, revolucionar los sistemas de administración de medicamentos y mejorar las prácticas de monitoreo ambiental. A medida que avanza la investigación en biotecnología de diatomeas, el notable potencial de estos organismos microscópicos contribuirá significativamente a un futuro más verde y tecnológicamente más avanzado.

### **I.3 Estrategias para mejorar la acumulación de compuestos bioactivos en diatomeas**

Muchos factores bióticos y abióticos juegan papeles vitales en el crecimiento celular y la biosíntesis de compuestos de alto valor. Las diatomeas tienen una gran diversidad química, su composición se ve afectada por las condiciones del cultivo como la luz, la temperatura y la disponibilidad de los nutrientes, que, a menudo, suelen ser foco de investigación para promover la producción de biomasa (Huseby et al., 2013; Ingebrigtsen et al., 2016; Li et al., 2018; Torstensson et al., 2019; Yang., 2020).

Las fases de crecimiento celular influyen en la acumulación de metabolitos, siendo la fase de declive más favorable que la fase exponencial. La diversidad y cantidad de pigmentos producidos están íntimamente relacionados con las fluctuaciones lumínicas, ya que estos pigmentos participan en la captación de luz necesaria para la fotosíntesis y la fotoprotección. Debido a esta característica, en investigaciones sobre la estimulación de la producción de pigmentos, comúnmente se ha elegido la luz como factor estresante (Kuczynska et al., 2015). Además, se ha demostrado que la limitación de nutrientes afecta el contenido de pigmentos (Roopnarain et al., 2014; Lovio et al., 2019).

La mejora en la producción de metabolitos en las diatomeas puede lograrse mediante varias estrategias. A continuación, se presentan algunos enfoques comúnmente empleados.

### I.3.1 Estrés abiótico

La composición bioquímica de las microalgas depende de las condiciones de cultivo, tales como la intensidad de luz, la temperatura, la salinidad y la limitación de nutrientes (Darvehei et al., 2018, Torstensson et al., 2019; Yang et al., 2020). Los nutrientes juegan un papel crucial en el crecimiento y la fisiología de los cultivos de diatomeas. La disponibilidad adecuada de nutrientes es esencial para que mantengan un crecimiento, fotosíntesis y productividad general óptimos (Iasimone et al., 2018, Hao et al., 2020). Es importante tener en cuenta que los requisitos de nutrientes, en particular nitrógeno, fósforo y silicio, pueden variar entre las diferentes especies de diatomeas. Las concentraciones óptimas de nutrientes dependen de factores como las condiciones de cultivo y la fase de crecimiento. Por lo tanto, mantener concentraciones y proporciones adecuadas de nutrientes es crucial para optimizar el crecimiento del cultivo de diatomeas, la producción de biomasa y la calidad del producto en aplicaciones como la acuicultura, la biotecnología y el control ambiental (da Silva y Sant'Anna, 2017; Coêlho et al., 2019; Zhu et al., 2023).

El ajuste de las concentraciones y proporciones de nutrientes es una de las técnicas empleadas para estimular la biosíntesis de metabolitos específicos. Por ejemplo, la limitación de nutrientes o las condiciones de estrés pueden promover la producción de lípidos y otros metabolitos secundarios en las diatomeas (Paliwal et al., 2017; Zhao et al., 2019; Bibi et al., 2022). En un entorno de crecimiento favorable, las microalgas crecen rápidamente con contenidos de lípidos relativamente bajos. Sin embargo, bajo condiciones de estrés, la tasa de crecimiento generalmente se reduce, induciendo la acumulación de compuestos de almacenamiento, como los lípidos en forma de triacilglicéridos (Paliwal et al., 2017; Yi et al., 2017; Khan et al., 2018; Shi et al., 2020).

El mecanismo de biosíntesis de lípidos en las microalgas puede desencadenarse bajo privación de nutrientes o estrés ambiental. La mayoría de las estrategias basadas en estrés generan especies reactivas de oxígeno (ROS) como subproductos (Zhao et al., 2019; Bayramova et al., 2023; Li et al., 2023; Zhu et al., 2023). Las enzimas antioxidantes actúan como la primera línea de defensa celular contra el daño oxidativo, por lo que mejorar la actividad de estas enzimas o añadir mitigadores exógenos puede ser beneficioso para la producción de lípidos (Zhao et al., 2019, Ugya et al., 2020, Zhu et al., 2023). Aunque las

condiciones estresantes son desfavorables para la acumulación de biomasa y pueden inducir daño oxidativo, las estrategias basadas en el estrés se utilizan ampliamente en este campo debido a su efectividad y economía (Shi et al., 2020).

### *Limitación de nitrógeno*

La limitación de nitrógeno puede tener varios efectos en los cultivos de diatomeas. El nitrógeno es un macronutriente esencial para las diatomeas y se requiere para la síntesis de proteínas, clorofila y otros componentes celulares. Se ha reportado que el nitrato de sodio, la urea y la triptona pueden promover el crecimiento celular y la producción de compuestos de alto valor en *P. tricornutum* y *N. laevis* (Cointet et al., 2019). La limitación de estos nutrientes puede provocar una reducción en la tasa de división celular y el crecimiento general de las diatomeas, disminución del contenido de clorofila y de la eficiencia fotosintética, cambios en el tamaño y la forma de las células, y afectación del equilibrio carbono-nitrógeno. Estos efectos influyen en los procesos metabólicos, como la acumulación de lípidos y la fijación de carbono (Alipanah et al., 2015, Yu et al., 2016, Remmers et al., 2018, Yaakob *et al.*, 2021). Se ha observado, además, una relación lineal entre la concentración de la fuente de nitrógeno y el contenido de lípidos en muchas especies de microalgas (Yaakob *et al.*, 2021).

Las condiciones de deficiencia de nitrógeno mejoran la biosíntesis de lípidos al afectar otras vías bioquímicas (Srinuanpan et al., 2018), también se mejora la producción de carotenoides, incluidos  $\beta$ -caroteno, astaxantina y luteína en las en microalgas (Chen *et al.*, 2015; Liu *et al.*, 2016). Esta acumulación puede atribuirse a que los niveles bajos de nitrógeno reducen la competencia por el carbono, que es necesario para la síntesis tanto de carotenoides como de proteínas, ya que solo estas últimas requieren nitrógeno. Por otro lado, la escasez de nitrógeno provoca que la microalga degrade macromoléculas que contienen este elemento, liberando compuestos carbonados que son canalizados hacia la biosíntesis de compuestos de reserva. A bajos niveles de nitrógeno se han observado elevados porcentajes de lípidos totales, a niveles altos de nitrógeno el porcentaje de lípidos es menor pero predominan los lípidos polares (Liu et al., 2016, Scarsini et al., 2022). Mientras que los lípidos sirven como reservas de energía, la astaxantina parece desempeñar un papel en la protección contra ROS (Cray et al., 2022, Li et al., 2023).



### *Limitación de fosfato*

El fósforo es otro macronutriente crucial para las diatomeas, involucrado en la transferencia de energía, la síntesis de ácidos nucleicos y la estructura de la membrana celular. Los efectos de la limitación de fósforo en los cultivos de diatomeas incluyen inhibición de la división celular y el crecimiento general, lo que lleva a una acumulación de biomasa más lenta, disminución del tamaño y la forma de las células y la formación de paredes celulares silíceas, además de un metabolismo de lípidos alterado. La limitación de fosfato también tiene un efecto positivo sobre la acumulación de lípidos o carotenoides (Dyhrman, 2016, Brembu *et al.*, 2017, Lovio-Fragoso *et al.*, 2021), ya que el fosfato puede influir en el flujo de carbono entre las vías de síntesis de almidón y lípidos al regular la actividad de ADP-glucosa pirofosforilasa conduciendo a una mayor acumulación de lípidos (Yao *et al.*, 2018). Por otro lado, la microalga reduce los fosfolípidos de la membrana y los reemplaza por glucolípidos y sulfolípidos; además, se ha observado que aumenta la concentración de TAG y la cantidad de fosfolípidos disminuye. Debido a que el fosfato inorgánico es importante para la transducción de energía celular, suficiente fósforo puede mejorar la productividad de la biomasa en la etapa de carencia de nitrógeno (Brembu *et al.*, 2017, Lovio-Fragoso *et al.*, 2021). Por lo tanto, regular la producción de lípidos mediante una combinación de fósforo en cantidades suficientes y la falta de nitrógeno, parece ser un enfoque económico y respetuoso con el medio ambiente (Shi *et al.*, 2020).

### *Limitación de azufre*

La limitación de azufre también es benéfica para la producción de lípidos en microalgas. En algunas especies, la privación de azufre es más eficaz para aumentar la producción de TAG que la limitación de nitrógeno y fósforo (Sakarika y Kornaros, 2017). El mecanismo que subyace a esta respuesta radica en que el azufre es necesario para la síntesis de la molécula antioxidante clave glutatión, GSH (Carfagna *et al.*, 2016), que participa en la respuesta al estrés, eliminando ROS. Por lo que una disminución de la concentración intracelular de GSH puede mejorar la producción de carotenoides como eliminadores alternativos de ROS (Ruiz-Dominguez *et al.*, 2015; Carfagna *et al.*, 2016).

### *Suplementación de dióxido de carbono (CO<sub>2</sub>).*

Se cree que la presencia de mecanismos de concentración de CO<sub>2</sub> (CCM) es una de las características que permite que las diatomeas prosperen en muchos entornos y que sean los principales contribuyentes a la productividad global; sin embargo, existen diferencias específicas que son más significativas que las diferencias ambientales para determinar la naturaleza y la eficacia de la CCM en las diatomeas (Clement et al., 2017; Yang et al., 2020). Aumentar la disponibilidad de CO<sub>2</sub> en cultivos de diatomeas puede mejorar la producción de biomasa y metabolitos. Los niveles elevados de CO<sub>2</sub> pueden mejorar la eficiencia fotosintética y la fijación de carbono, lo que lleva a una mayor síntesis de metabolitos. Este enfoque es particularmente relevante para las diatomeas utilizadas en la producción de biocombustibles y aplicaciones de captura de carbono (Yang et al., 2020). Ejemplo de ello son las diatomeas *Thalassiosira weissflogii* y *Cyclotella cryptica* donde una mayor concentración de CO<sub>2</sub> podría promover la productividad de biomasa (Botte et al., 2018).

Se ha observado además que un aumento de CO<sub>2</sub> podría tener un efecto sinérgico en la coproducción de crisolaminarina y lípidos. La suplementación de CO<sub>2</sub> mejora el crecimiento celular y la producción de biomasa y lípidos durante el cultivo, pero la acumulación de compuestos de alto valor depende de la especie de diatomea o las características de la cepa y las condiciones de cultivo (Yang et al., 2020).

### *Estrés por luz*

Los cambios en los niveles de luz afectan muchos procesos, incluida la división celular. Las diatomeas pueden aclimatarse de manera eficiente a la variación de la luz al alterar la expresión de diferentes genes del ciclo celular, como las ciclinas y los genes de quinasas dependientes de ciclinas (Huysman et al., 2014, Launay et al., 2020). La manipulación de las condiciones de luz, incluidas la intensidad y la calidad, puede modular la producción de metabolitos. La alta intensidad de luz promueve el crecimiento celular de microalgas al mejorar la fotosíntesis, sin embargo, esto resulta en un aumento de superóxido y peróxido de hidrógeno, lo que induce daño oxidativo a los PUFA, y esto, en un mayor contenido de lípidos neutros y un menor contenido de lípidos polares (He et al., 2015). Por el contrario,

las condiciones de poca luz son un factor para aumentar el contenido de PUFA, lo que podría deberse a un aumento de la cantidad de membranas de tilacoides para contrarrestar la menor disponibilidad de luz (Remmers et al., 2017). Por otro lado, bajo condiciones concomitantes de alta intensidad de luz y limitación de nitrógeno, la maquinaria fotosintética se ve afectada negativamente, lo que hace que las células reduzcan su crecimiento y acumulen lípidos y/o carbohidratos (Coincet et al., 2019).

#### *Estrés por temperatura*

La mayoría de las microalgas muestran un mayor crecimiento y producción total de lípidos a temperaturas más altas. Estas temperaturas dan como resultado un mayor estrés fotooxidativo, que se correlaciona con una mayor producción de carotenoides, además tienen un efecto mayor en la composición de lípidos especialmente para la biosíntesis de PUFA (Van Wageningen et al., 2012). Se ha observado que en algunas especies, las altas temperaturas son benéficas para la acumulación de luteína. A temperaturas ligeramente bajas, durante el período nocturno, se ha visto que estimula el crecimiento y la acumulación de astaxantina (Wan et al., 2014), se sintetizan más PUFA's y se incorporan a la membrana para mantener su fluidez. La presencia de un mayor contenido de PUFA's puede deberse a la mayor concentración de oxígeno disuelto en estas condiciones, que estimula directamente la función de las desaturasas dependientes de oxígeno (Shi et al., 2020).

#### *Estrés por salinidad*

El efecto estimulante del aumento de la salinidad sobre la acumulación de lípidos se puede atribuir al estrés osmótico en términos de respuestas celulares (Pugkaew et al., 2019); se ha considerado un regulador para modificar la distribución de carbono del almidón a los lípidos en las microalgas (Ho et al., 2017). También puede tener un efecto positivo en la producción de astaxantina y  $\beta$ -caroteno. El estrés osmótico provocado por la salinidad en el medio de cultivo puede provocar un aumento de los lípidos neutros al interior de la célula microalgal como una estrategia de resistencia fisiológica (Sajjadi et al., 2018). Los ácidos grasos poliinsaturados disminuyen conforme la salinidad se aleja del valor óptimo. En el caso de los

ácidos grasos saturados, el contenido aumenta a medida que aumenta la salinidad a diferencia de los ácidos grasos monoinsaturados que disminuyen su contenido (Paliwal et al., 2017).

### *Químicos exógenos*

En los últimos años se han utilizado cada vez más, pequeñas moléculas químicas para promover o interrumpir los procesos metabólicos intracelulares y, de este modo, desencadenar un fenotipo específico (Yu et al., 2015). Los moduladores químicos pueden cambiar la función de las proteínas diana y las vías metabólicas y, con base en sus efectos, se pueden clasificar como activadores o inhibidores. Estos pueden producir resultados similares a los enfoques de sobreexpresión e interferencia de genes. Algunas sustancias químicas mejoran la acumulación de lípidos en el cultivo de microalgas al aumentar el crecimiento celular o mediante la regulación indirecta de la vía de biosíntesis lipídica. Esto se logra a través del aumento de la permeabilidad celular, la regulación del estrés oxidativo o inhibiendo la degradación de los lípidos (Sun et al., 2019, Song et al., 2022). A continuación, se mencionan algunos de los aditivos utilizados.

- a) **Ácido malónico.** Es un inhibidor competitivo de la succinato deshidrogenasa. Provoca la acumulación de citrato que, mediante la ATP-citrato liasa, en el citoplasma, sintetiza la Acetil-CoA, el cual es el principal precursor de la biosíntesis lipídica (Zhao et al. 2018; Sun et al., 2019).
- b) **Vorasidenib y Enasidenib.** Se ha observado que el uso de inhibidores de la enzima isocitrato deshidrogenasa es beneficioso para la acumulación de lípidos. Estas moléculas pueden aplicarse económicamente en el cultivo de microalgas en el futuro (Fathi *et al.*, 2018; Sun *et al.*, 2019).
- c) **Etanolamina.** Participa indirectamente en la síntesis de ácidos grasos regulando la producción de acetil-CoA a través del fortalecimiento de la vía de glucólisis y el ciclo de citrato-piruvato (Cui et al., 2018). Por otro lado, se han encontrado inhibidores como el herbicida sethoxydim y sesamol, que inhiben el crecimiento celular y la biosíntesis de lípidos en microalgas, el primero de ellos inhibe la enzima acetil-CoA carboxilasa que convierte la acetil-CoA en malonil-CoA, primer paso limitante en la biosíntesis de lípidos. El segundo de ellos inhibe la enzima málica que produce

NADPH, equivalentes reductores requeridos para la biosíntesis lipídica. Estos inhibidores se pueden utilizar como agentes selectivos en el cribado de cepas (Diao et al., 2019; Sun et al., 2019, Song et al., 2022).

- d) Catequinas y quinoxalinas. Inhibidores potenciales de fosfoenolpiruvato carboxilasa PEPC, que cataliza la conversión de fosfoenolpiruvato en oxalacetato, disminuyendo de esta forma el flujo de carbono hacia la biosíntesis lipídica (Paulus *et al.*, 2014), por lo que, la inhibición de PEPC puede ser beneficiosa para el mejoramiento de la producción de lípidos en microalgas (Sun et al., 2019).
- e) Conazol. Inhibidor fungicida de la biosíntesis de esteroides (Baird y DeLorenzo, 2010). La biosíntesis de esteroides comparte acetil-CoA como un precursor común con la vía de biosíntesis de ácidos grasos, por lo que el bloqueo de esta ruta se traduce en una disminución del contenido de esteroides y un aumento en la producción de lípidos en las microalgas. Otros inhibidores que tienen esta acción son triadimefón, triadimenol, propiconazol, hexaconazol y morfolina que han mostrado efectos positivos sobre la tasa de crecimiento y la producción de lípidos en microalgas (Baird y DeLorenzo, 2010, Sun et al., 2019).
- f) Compuestos de imida/diacilamina no cíclicos, murrayamina-I. Inhibidores de la expresión de UDP-glucosa pirofosforilasa, enzima esencial en la vía de biosíntesis de la crisolaminarina cuya inhibición disminuye la competencia por precursores de carbono y, por lo tanto, se puede incrementar el flujo metabólico hacia la producción de lípidos (Decker et al., 2017, Cramer et al., 2018, Sun et al., 2019).
- g) Trimetazidina y Amiodarona. Son inhibidores de la vía de la  $\beta$ -oxidación. Evitan la degradación de los ácidos grasos aumentando, con ello, el rendimiento de lípidos en algas. (Sun et al., 2019).
- h) Orlistat, JZL184 (compuesto de carbamato de piperidina) y Atglistina. Inhibidores de lipasas que hidrolizan los TAG en glicerol y ácidos grasos; por lo tanto, mejoran la acumulación de lípidos (Franz et al., 2013, Mayer et al., 2013, Sun et al., 2019).
- i) Ácido etilendiaminotetraacético (EDTA). Compuesto que aumenta la solubilidad de iones metálicos y la permeabilidad celular al inducir la porosidad de la membrana celular, lo que facilita la absorción de nutrientes en las células de microalgas mejorando su crecimiento. Por otro lado, el EDTA disminuye la oxidación de lípidos

contribuyendo a su acumulación (Viipsi et al., 2013, Ren et al., 2014, Sun et al., 2019).

- j) Azida, y Brefeldina A. Compuestos inductores de estrés oxidativo. El efecto de la azida parece estar mediado por la inhibición de la asimilación de nitrógeno y la inducción de niveles elevados de ROS. La brefeldina A inhibe la degradación de ácidos grasos y suprime la movilización de TAG al inhibir el intercambio de GDP por GTP en el factor de ribosilación de ADP. Otros inductores de estrés oxidativo, utilizados para estimular el crecimiento de microalgas y la producción de lípidos, son la aminarcilla de magnesio, las nanopartículas de TiO<sub>2</sub> y el peróxido de hidrógeno. En general, las estrategias basadas en el estrés pueden inducir niveles elevados de ROS en las microalgas, por lo que una combinación de antioxidantes y estrés puede ser un enfoque práctico para mejorar la acumulación de lípidos. (Kim et al., 2013, Zalagin y Pick, 2014, Sun et al., 2019).

### I.3.2 Estrategias moleculares

La posibilidad de manipular las vías metabólicas en las microalgas, identificadas como productoras potenciales de compuestos valiosos, es una oportunidad atractiva. Al introducir o modificar genes específicos involucrados en la síntesis de metabolitos, es posible mejorar la producción de los compuestos deseados y reducir costos. Además, el cribado y la selección de cepas de diatomeas de alto rendimiento, a través de la reproducción o la modificación genética, pueden conducir al desarrollo de cepas con mejores capacidades de producción de metabolitos. Estas estrategias se pueden combinar o adaptar en función de los metabolitos específicos de interés y las características de las especies de diatomeas utilizadas (Lauritano et al., 2019).

Con el auge de la biología sintética, la edición del genoma de las microalgas para mejorar la producción de lípidos es también una estrategia cada vez más viable (Ng et al., 2020). La transformación de *C. reinhardtii* está bien establecida y ha sido ampliamente descrita, siendo la primera microalga modificada genéticamente de forma estable (Sproles et al., 2021). Dentro de las especies marinas, las especies más utilizadas son dos stramenopiles, *Nannochloropsis* y *P. tricornutum* (Lauritano et al., 2019).

Las microalgas pueden modificarse para mejorar sus propiedades de crecimiento, eficiencia fotosintética o producción de determinadas moléculas. Pueden usarse como sistemas de expresión, ofreciendo una alternativa a los sistemas bacterianos o de levadura, y para producir compuestos de interés con mayor eficiencia (Huang y Daboussi, 2017, Kroth et al., 2018; Lauritano et al., 2019).

La base de los métodos tradicionales utilizados para la transformación genética de microalgas consiste en inducir, mediante diferentes técnicas, una permeabilidad temporal de las membranas celulares, permitiendo que las moléculas de ADN entren en las células sin alterar su viabilidad. Los principales métodos utilizados actualmente son: Agitación con perlas de vidrio en presencia de polietilenglicol (PEG), agitación con fibras de carburo de silicio, electroporación, bombardeo de partículas, transformación mediada por *Agrobacterium tumefaciens*, uso de virus recombinantes como medio de transporte del ADN exógeno, la utilización de transposones, o la microinyección (Sproles *et al.*, 2021).

Dado que las microalgas han sido consideradas como sistemas prometedores para producir biocombustibles desde la década de 1980, la investigación en este campo ha proliferado y la mayoría de los esfuerzos se han enfocado en el rediseño de la vía de síntesis de lípidos. Además del interés en los biocombustibles, esta vía también es un blanco de elección por el alto contenido en PUFAs, de gran valor para el consumo humano y animal (Lauritano et al., 2019).

Se han reportado varias modificaciones genéticas que inciden en la acumulación lipídica en microalgas (Yi et al., 2017), tal es el caso de *Thalassiosira pseudonana*, que exhibió un mayor rendimiento de lípidos debido a la eliminación de una lipasa multifuncional sin afectar el crecimiento de la diatomea (Trentacoste et al., 2013); en *P. tricornutum* se eliminaron los genes que codifican la enzima de descarboxilación fosfoenolpiruvato carboxiquinasa (PEPCK) y la pirofosforilasa de UDP-glucosa (UGPasa) dando como resultado una inhibición de la descarboxilación y un aumento en la síntesis de lípidos (Yang et al., 2016). Daboussi y colaboradores (2014) utilizaron meganucleasas (MN) y nucleasas efectoras de tipo activador de la transcripción (TALEN) para inducir mutagénesis dirigida de genes metabólicos de lípidos y se generó una cepa con un aumento en la acumulación de TAG.

En caso del mejoramiento del contenido de carotenoides, en un intento de sobreexpresar la fitoeno sintasa (PSY) en *P. tricornutum*, se observó un aumento en el contenido de fucoxantina en un transformante, en aproximadamente 1.45 veces con respecto a los niveles de la cepa silvestre (Kadono et al, 2015; Lauritano et al., 2019). En otro estudio, realizado por Eiler y colaboradores (2016), la sobreexpresión de los genes 1-desoxi-d-xilulosa 5-fosfato sintasa (DXS) y PSY, en la misma especie de diatomeas, condujo a un contenido de fucoxantina 2.4 veces y 1.8 veces mayor, respectivamente.

Una de las herramientas que se ha establecido con éxito para la edición genética es la CRISPR (clustered regularly interspaced short palindromic repeats) / Cas9. En términos generales, esta herramienta actúa como unas “tijeras moleculares” capaces de cortar una secuencia específica de ADN e introducir, posteriormente alguna modificación de interés (Capella, 2016). Ejemplos de su uso son la modificación de las microalgas *Synechococcus elongatus* (Li et al., 2016), *C. reinhardtii* (Kao y Ng, 2017), *P. tricornutum* (Serif et al., 2018) y *Nannochloropsis oceanica* (Poliner et al., 2018).

#### *Identificación de genes implicados en la vías biosintéticas de interés.*

Las microalgas fotosintéticas pueden acumular una amplia gama de componentes valiosos. Sin embargo, una concentración más alta del producto deseado generalmente compromete la cantidad de biomasa celular, lo que obstaculiza sus aplicaciones comerciales. La ingeniería metabólica convencional se ha empleado mediante la perturbación dirigida de genes seleccionados en la vía metabólica sin comprometer el crecimiento celular. La ingeniería transcripcional representa una estrategia prometedora para manipular múltiples vías metabólicas mediante la regulación de factores de transcripción críticos, controlando así la expresión de genes diana (Balamurugan et al., 2019).

Debido a que el metabolismo de los lípidos es controlado por varias capas de regulación, como la disponibilidad de precursores metabólicos de carbono (Wang et al. 2018), la reducción de equivalentes (Xue et al. 2018), y la sobreexpresión de genes que codifican para las enzimas identificadas como limitantes de la velocidad de la lipogénesis, entre otros, la identificación de un objetivo metabólico clave se considera un factor crucial para la mejora exitosa de los rasgos mediante ingeniería genética (Bajhaiya et al., 2017).



Estudios previos han dilucidado los genes metabólicos clave y los mecanismos moleculares que sustentan la acumulación de lípidos en microalgas oleaginosas (Yang et al., 2013). La identificación de los genes lipogénicos clave ha permitido su manipulación genética para mejorar la capacidad de acumulación de lípidos, en particular, los genes implicados en la vía biosintética de TAG. Un ejemplo de ello es la expresión heteróloga de GPAT de la microalga *Lobosphaera*, que resultó en un incremento del 50% en los lípidos de las células transgénicas de *C. reinhardtii* (Iskandarov et al., 2016).

La ingeniería transcripcional ha ganado un enfoque de investigación significativo para iniciar simultáneamente la activación transcripcional de varios genes clave en microalgas. Este enfoque se refiere a la expresión controlada de factores transcripcionales (FT) para inducir la expresión de múltiples objetivos metabólicos. Se han identificado factores de transcripción y sus sitios de unión que están involucrados en la biosíntesis de lípidos, esbozando así la red transcripcional de la lipogénesis en *Nanocloropsis oleaginososa* (Hu et al., 2014).

#### *Expresión de genes que codifican para enzimas involucradas en la vías biosintéticas de interés*

La aplicación de la ingeniería genética de microalgas guiada por tecnologías ómicas va en constante aumento. Mediante el análisis del transcriptoma en situaciones de estrés se han identificado los genes que codifican para las enzimas limitantes en la acumulación de TAG. Una de las enzimas identificadas en *C. reinhardtii*, bajo estrés por calor, fue la diacilglicerol aciltransferasa (DGAT), que cataliza la síntesis final y comprometida de TAG. El gen que codifica para esta enzima se ha sobreexpresado en *C. reinhardtii*, *P. tricornutum*, *N. oceanica*, *Scenedesmus obliquus* y *Chlorella minutissima*, observándose un aumento significativo del contenido de lípidos en todas las especies (Ahmad et al., 2015; Li et al., 2016; Wei et al., 2017). Cabe señalar que con la sobreexpresión del gen *DGAT* de *C. reinhardtii* en *S. obliquus*, se logró un aumento del 115.1% en comparación con la cepa silvestre (Chen et al., 2016).

Diversos genes que codifican para enzimas diana se han expresado y/o sobreexpresado en microalgas y han resultado en un aumento significativo de lípidos u otros metabolitos en las cepas manipuladas, entre estas enzimas se encuentran:

- a) Proteína 3 que contiene el dominio fosfolipasa similar a la patatina (PNPLA 3). El gen fué sobreexpresado en *P. tricornutum*, donde se observó un aumento del nivel de transcripción de PtPNPLA3 en un 70% (Wang et al., 2015).
- b)  $\Delta$ 12-desaturasa endógena en *N. oceanica*, donde la sobreexpresión del gen, aumentó el porcentaje de ácido linoleico (Kaye et al., 2015).
- c) Gen PSR1, está relacionado con el estrés debido a la limitación de fósforo. Su sobreexpresión en *C. reinhardtii*, aumentó la acumulación de TAG (Ngan et al., 2015).
- d) Glicerol-sn-3-fosfato aciltransferasa (GPAT), el gen fue sobreexpresado en *P. tricornutum* donde el contenido de lípidos neutros aumentó al doble (Niu et al. 2016).
- e) Enzima málica (ME), que cataliza la descarboxilación del malato a piruvato y produce equivalentes reductores (NAPH) necesarios para la biosíntesis lipídica, el gen *PtME* obtenido de *P. tricornutum* que codifica para esta enzima fue expresado en *Chorella pyrenoidosa* (Xue et al., 2016).
- f) 1-acil-sn-glicerol-3-fosfato aciltransferasa (AGPAT / LPAAT) en varias especies de diatomeas (Balamurugan et al., 2017).
- g) Malonyl-CoA: proteína transportadora de acilo transacilasa (MCAT), donde el gen ha sido sobreexpresado en *N. oceanica* (Chen et al., 2017).
- h) Seipina, que regula la homeostasis energética, catabolismo, almacenamiento y mantenimiento de las gotas de lípidos, el gen fue sobreexpresado en *P. tricornutum* (Lu et al., 2017).
- i) Glucosa-6-fosfato deshidrogenasa (G6PD), la sobreexpresión del gen aumentó el contenido de NADPH y el contenido de lípidos en *Phaeodactylum tricornutum* (Xue et al., 2017; Xue et al., 2018).
- j) *GPAT1* y *AGPAT1*. La sobreexpresión dual de estos genes en *P. tricornutum* estimuló una mayor biosíntesis lipídica comparada con la sobreexpresión individual de los genes (Wang et al., 2018).

- k) ACCase plastidial, enzima clave en la vía de síntesis y alargamiento de FA, el gen *PtACC2* fue sobreexpresado en *P. tricornutum* (Li et al., 2018).
- l) Enzimas de la vía del poliéster poli-3-hidroxi-butirato (PHB). Los genes que codifican para esta vía biosintética procedentes de la bacteria *Ralstonia eutropha* H16 fueron introducidos en la diatomea *P. tricornutum* que produjo de manera exitosa el PHB (Hempel et al., 2011a).
- m) Anticuerpos. Se logró producir el anticuerpo IgG humano contra la proteína de superficie de la hepatitis B en *P. tricornutum* (Hempel et al., 2011b).
- n) Enzimas vegetales como la ciclasa de oxidoescualeno de *Lotus japonicus* y un citocromo P450 de *Medicago truncatula*, junto con su reductasa nativa. Los genes que codifican para las enzimas mencionadas fueron expresados en *P. tricornutum*, demostrando el potencial de las microalgas para la producción de terpenoides vegetales de alto valor (D'Adamo et al., 2019).

#### *Expresión de Factores de Transcripción (FT)*

Los FT son proteínas que se unen a secuencias específicas de ADN, controlando de esta manera, la transcripción de la información genética de ADN a ARN mensajero (ARNm). Recientemente, el factor de transcripción regulador de remodelación lipídica 1 (LRL1) se encontró en *C. reinhardtii* mediante análisis transcriptómico; funciona como regulador tanto de la remodelación de la membrana como de la biosíntesis de TAG bajo limitación de fósforo (Hidayati et al., 2019). En el futuro, LRL1 podría ser un objetivo potencial de ingeniería para mejorar la acumulación de lípidos en microalgas. Entre los FT sobreexpresados se encuentran los siguientes:

- a) La sobreexpresión de los FT tipo Dof, en *C. reinhardtii* resultó en una mejora significativa del contenido de ácidos grasos sin alterar los mecanismos de reasignación de carbono en las células. Además, aumentó la expresión de genes como la lecitina colesterol aciltransferasa, la glicerol-3-fosfatasa aciltransferasa y la fosfatidilcolina-esterol O-aciltransferasa, modificando así el perfil de ácidos grasos de los lípidos (Salas-Montantes et al., 2018).

- b) La expresión heteróloga de los TF GmDof4 de la soja mejoró el contenido de lípidos de *Chlorella ellipsoidea* sin alterar los parámetros fisiológicos celulares en condiciones mixotróficas y también aumentó la expresión de acetilcoenzima A carboxilasa (Zhang et al., 2014).
- c) La expresión heteróloga de *AtWR11* (WRI TF) de *A. thaliana* dio como resultado un incremento de lípidos en *Nannochloropsis salina* y también reguló diferencialmente la expresión de varios genes clave (Kang et al., 2017).
- d) La sobreexpresión del *bHLH* (FT hélice-bucle-hélice básica) dio como resultado un aumento de la biomasa y acumulación de lípidos, además aumentó significativamente la expresión de varios genes clave involucrados en el alargamiento y el metabolismo de los lípidos en *N. salina* (Kang et al., 2018).
- e) La sobreexpresión del gen que codifica para el factor de transcripción bZIP en *N. salina*, aumentó la expresión de genes lipogénicos clave; además, se encontró que las células transgénicas tienen tolerancia a la limitación de nitrógeno y las condiciones de estrés salino (Kwon et al., 2018).
- f) La sobreexpresión de *NobZIP1*, resultó en una sobreproducción y secreción de lípidos concurrentes en *N. oceanica* (Li et al., 2019).

Se ha dilucidado con precisión el papel mecanicista de los TF y sus sitios de unión en plantas empleando varias herramientas moleculares como el análisis de transcriptomas, secuenciación de ARN, análisis de ChIP-seq y ChIP-qPCR; sin embargo, estos análisis sobre TF no se tienen hasta ahora en microalgas, lo que dificulta la aplicación extensiva de TF a pesar de sus consecuencias funcionales (Balamurugan et al., 2017).

La combinación de los recursos ómicos y datos fisiológicos permitirá la identificación de especies potenciales, así como establecer las condiciones ambientales y de cultivo en las que se producen mayores cantidades del metabolito de interés. Por lo tanto, la multidisciplinariedad finalmente acelerará el descubrimiento de estos compuestos a partir de especies marinas (Lauritano et al., 2019).

## **I.4 Efecto de la privación del nitrógeno en diatomeas**

La privación de nitrógeno puede alterar la composición y abundancia de proteínas en las microalgas. Al escasear el nitrógeno, las células sintetizan proteínas clave para la respuesta al estrés, la absorción de nutrientes y el uso del nitrógeno. Esto modifica el perfil proteico, favoreciendo las proteínas esenciales para la supervivencia en condiciones de estrés nutricional. Se han observado fuertes respuestas transcripcionales para genes que codifican proteínas involucradas en procesos como la fotosíntesis, el metabolismo central del carbono, el metabolismo de los lípidos, el metabolismo y transporte de nitrógeno, y el metabolismo de los aminoácidos (Alipanah et al., 2015), como se describe a continuación.

### **I.4.1 Mecanismos de señalización del nitrógeno**

El crecimiento de algas en su medio natural es influenciado directamente por la fluctuación de nutrientes, principalmente el fósforo (P) y el nitrógeno (N). Investigaciones recientes han sugerido una conservación en la señalización de limitación de P entre modelos polifiléticos, no así en la señalización relacionada con la limitación de N (Helliwell, 2023).

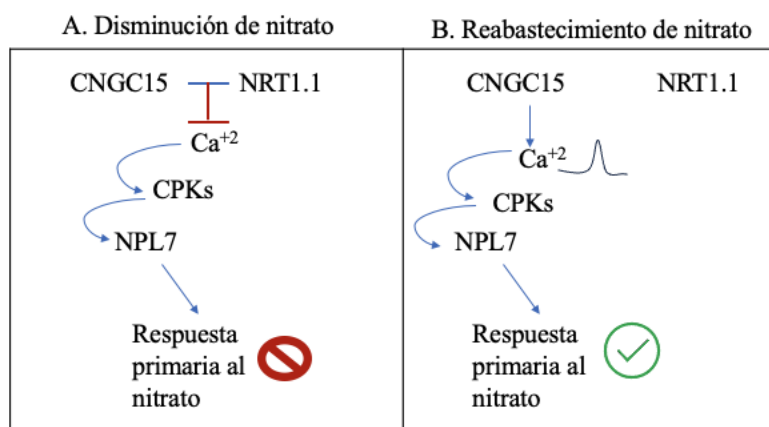
Las respuestas moleculares de las algas al estrés por N están reguladas por vías de señalización que se dividen en dos clases (Helliwell, 2023).

- a) Respuestas primarias de nitrógeno (PNR) que se desencadenan a los pocos minutos de la reposición de nitrato en plantas/algas privadas de este nutriente.
- b) Respuestas de inanición por Nitrógeno (NSR). Estas se activan cuando la disponibilidad de N es limitante y provocan una expresión mayor de genes marcadores de inanición de N, como la activación de la absorción y asimilación de N, y la utilización de fuentes orgánicas de N.

Estudios en *Arabidopsis* sometidas a privación de N y posterior suministro de nitrato, revelaron un aumento transitorio de las concentraciones citoplasmáticas de  $Ca^{+2}$  (Riveras et al., 2015; Helliwell, 2023). Este incremento de concentración dirige la PNR a través de una cascada de transducción de señales mediada por proteínas quinasa (CPK), que activa la fosforilación del factor de transcripción NIN-LIKE PROTEIN7 (NLP7) y su transporte del

citoplasma al núcleo para controlar la expresión génica de respuesta al nitrato (Helliwell, 2023).

Bajo condiciones de disminución de nitrato se forma un complejo entre el canal permeable al  $\text{Ca}^{+2}$  CNGC15 (cyclic nucleotide-gated  $\text{Ca}^{+2}$ -permeable channel) y el transportador de nitrato (NRT1.1) que bloquea los canales de calcio. Este complejo se disocia al aumentar los niveles de N permitiendo la apertura de los canales y, por lo tanto, el aumento transitorio de la concentración de  $\text{Ca}^{+2}$ , desencadenando la señalización por calcio y, consecuentemente de la PNR (Figura 5). El NRT1.1 tiene dos funciones, la percepción y el transporte de doble afinidad. El cambio de baja a alta afinidad ocurre mediante la fosforilación del transportador en condiciones bajas de nitrato (Liu et al., 2003; Wuang et al., 2021; Helliwell, 2023). Cabe señalar que hay vías de respuesta a nitrato que son independientes del calcio (Riveras et al., 2015).



**Figura 5.** Diagrama de la señalización dependiente de nitrógeno dependiente de calcio. CPKs: proteínas quinásas. Modificado de Helliwell, (2022).

En diatomeas no se ha mostrado señalización por calcio inducida por nitrato, ni la presencia de NLP; esto sugiere que los mecanismos alternativos para la detección de nitrato pueden haber surgido en eucariotas fotosintéticos fuera de Arqueoplastida. Por otro lado, los genes que codifican para los transportadores de alta afinidad (*NRT2*) exceden el número de genes *NRT1* en los genomas de algas, y son parecidos a los de los oomicetos (Smith et al., 2019; Helliwell, 2023). Adicionalmente, Smith y colaboradores (2019) encontraron que los genes de asimilación de nitrato (incluyendo *NRT2*) se expresan conjuntamente y concluyen

que estos genes se han colocado bajo un mecanismo de control transcripcional compartido en las diatomeas modernas.

En el caso de la NRS, se han realizado avances en la comprensión de los elementos que modulan la NSR de plantas y algas; en plantas se han detectado sensores de calcio CBL7 (CALCINEURINA B-LIKE PROTEIN 7), micro RNA, factores de transcripción NFYA (factor Y nuclear, subunidad A) que regulan la expresión génica de los transportadores de nitrato. En algas se han identificado factores de transcripción tipo MYB, bZIP, dominio-RING que están implicados en la regulación de las respuestas al estrés por nitrógeno. Estos factores de transcripción modulan la expresión de genes implicados en las vías de metabolismo, captación y asimilación del nitrógeno (Helliwell, 2023).

Estos reguladores y vías de señalización interactúan para coordinar las respuestas moleculares de las algas al estrés por nitrógeno, modulan la expresión de genes implicados en la absorción, asimilación, reciclaje y almacenamiento de nitrógeno para optimizar la utilización de nitrógeno y mantener la homeostasis celular. La comprensión de estos mecanismos reguladores es importante para mejorar la eficiencia del uso de nitrógeno en los sistemas basados en algas, como la producción de biocombustibles, el tratamiento de aguas residuales y la biorremediación.

#### I.4.2 Absorción y asimilación del nitrógeno

Las diatomeas pueden asimilar nitrógeno de diversas fuentes tales como la urea, amoníaco, aminoácidos, y la principal fuente, el nitrato. Estas fuentes pueden ser absorbidas a través de transportadores específicos y utilizadas para sus necesidades de nitrógeno cuando están disponibles en el medio (Bender et al., 2012).

Un análisis filogenético realizado por Smith y colaboradores (2019) reveló que los genes de la ruta de asimilación de nitrato se encuentran dentro de los clados fototróficos, lo que sugiere que las diatomeas adquirieron la capacidad de asimilar el nitrato durante su proceso de endosimbiosis. Además, se observó que estos genes se expresan de manera conjunta. En la diatomea *P. tricornutum* se identificaron 172 genes específicos de la respuesta al nitrato, algunos de los cuales se muestran en la Tabla 3.

**Tabla 3.** Genes relacionados con el metabolismo del nitrógeno. (Modificado de Smith y colaboradores, 2019).

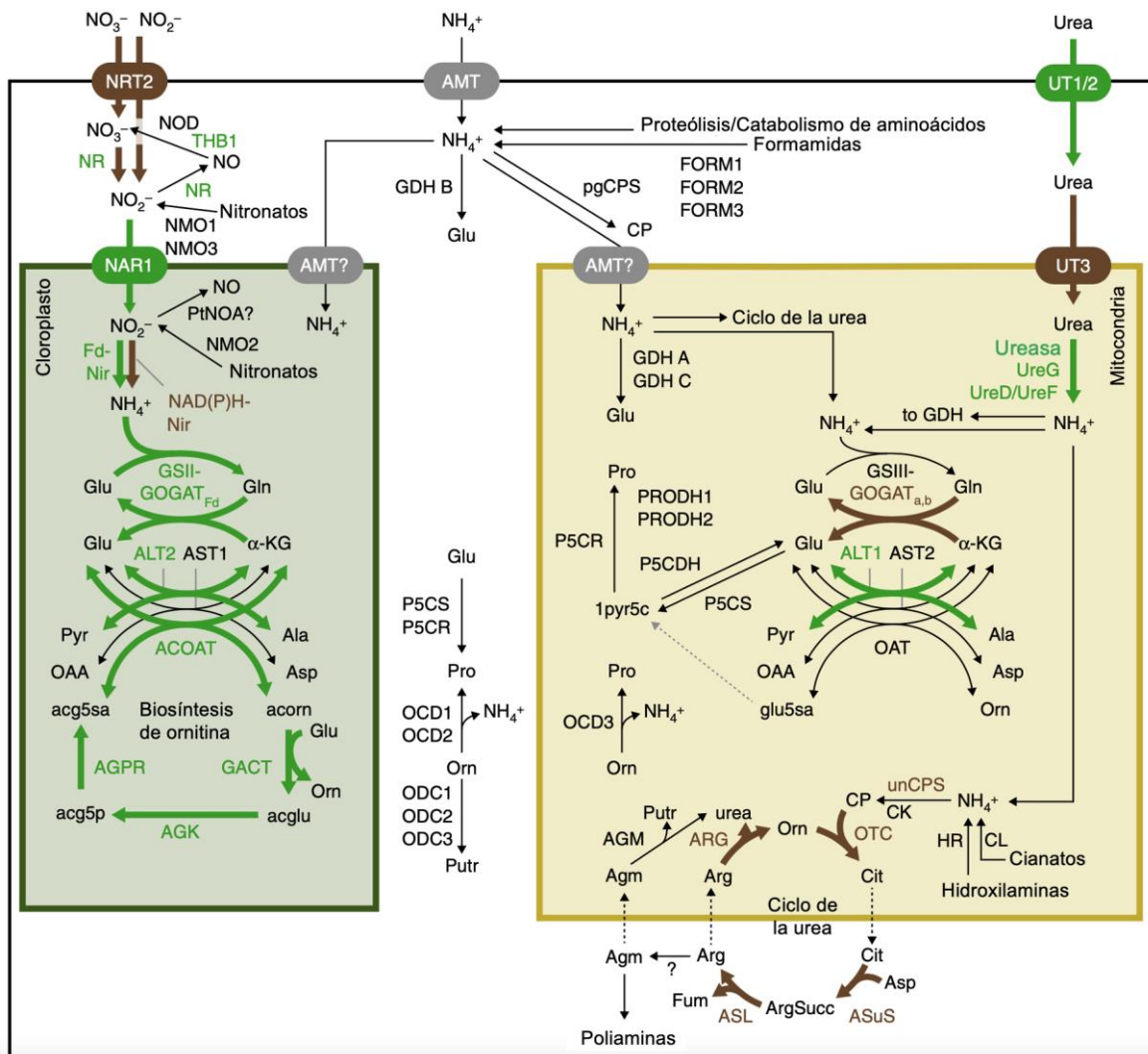
<b>Ruta</b>	<b>Gen</b>	<b>Descripción</b>
Asimilación de Nitrato	NRT2	Transportador de Nitrato
	NR	Nitrato reductasa (NADH)
	NAR1	Transportador de Nitrito, cloroplasto
	NAD(P)H-Nir	Nitrito reductasa (NADPH), cloroplasto
	Fd-Nir	Ferredoxina-Nitrito Reductasa
Transporte de Amonio	AMT_CROWN	Ammonia exchange
Asimilación de Amonio	GSII	Glutamina sintetasa, cloroplasto
	GOGAT(Large)	Glutamato sintasa (ferredoxina), cloroplasto
	GSIII	Glutamina sintasa, mitocondria
	GOGATa	Glutamato sintasa (NADH), mitocondria
	GOGATb	Glutamato sintasa (NADH), mitocondria
	GDH A	Glutamina deshidrogenasa (NADP+), mitocondria
	GDH B	Glutamine deshidrogenasa (NADP+)
	GDH C	Glutamine deshidrogenasa (NAD), mitocondria
	pgCPS	Carbamoil fosfato sintasa (glutamina)
	CK	Carbamato quinasa
Asimilación de Urea	UT1	Transportador de Urea, extracelular
	UT2	Transportador de Urea, extracelular
	UT3	Transportador activo de Urea, mitocondrial
	Urease	Ureasa, mitocondria
	UreG	Ureasa, mitocondria
	UreD/F	Ureasa, mitocondria
Metabolismo de Asp/Ala	AST1	Aspartato aminotransferasa
	AST2	Aspartate aminotransferasa
	ALT2	L-alanina transaminasa
	ALT1	L-alanina transaminasa, mitocondria
Biosíntesis de Ornitina (cloroplasto)	AGK	Acetilglutamato quinasa
	AGPR	N-acetil-gamma-glutamil-fosfato reductasa
	ACOAT	Acetilornitina transaminasa
	GACT	Glutamato N-acetyltransferasa



**Continuación de la Tabla 3.** Genes relacionados con el metabolismo del nitrógeno. (Modificado de Smith y colaboradores, 2019).

<b>Ruta</b>	<b>Gen</b>	<b>Descripción</b>
Ciclo de la Ornitina-Urea	unCPS	Carbamoil fosfato sintasa (amonio)
	OTC	Ornitina carbamoiltransferasa, mitocondrial
	ASuS	Argininosuccinato sintasa
	ASL	Argininosuccinato liasa
	ARG	Arginasa
Biosíntesis de Poliamina	ODC	Ornitina decarboxilasa
	ODC2	Arginina decarboxilasa
	ODC3	Ornitina decarboxilasa
	AGM	Agmatinasa
Síntesis de Prolina (Vía Glutamato)	P5CS1	Glutamato quinasa/glutamato-5-semialdehido deshidrogenasa
	P5CS2	Glutamato-5-semialdehido dehidrogenasa
	P5CR1	Pirrolina-5-carboxilato reductasa
	P5CR	Pirrolina-5-carboxilato reductasa
Síntesis de Prolina (Vía Ornitina)	OAT	Ornitina aminotransferasa
Síntesis de Prolina (Un solo paso)	OCD1	Ornitina ciclodeaminasa
	OCD2	Ornitina ciclodeaminasa
	OCD3	Ornitina ciclodeaminasa
Catabolismo de Prolina	PRODH1	prolina deshidrogenasa
	PRODH2	prolina deshidrogenasa
	P5CDH	1-pirrolina-5-carboxilato dehidrogenasa
Metabolismo de Nitrógeno (Metabolismo de NO)	NOD	Óxido Nítrico dioxigenasa
	PtNOA	Pt Óxido Nítrico Asociado
	THB1	Hemoglobina Truncada
Metabolismo de Nitrogeno (Producción de Nitrito)	NMO1	Nitronato monooxigenasa
	NMO2	Nitronato monooxigenasa
	NMO3	Nitronato monooxigenasa
Metabolismo de Nitrogeno (Producción de Ammonio)	FORM1	Formamidasa
	FORM2	Formamidasa
	FORM3	Formamidasa
	CL	Cianato liasa
	HR	Hidroxilamina reductasa

El nitrato ( $\text{NO}_3^-$ ) es la fuente de nitrógeno preferida por las diatomeas, y poseen transportadores específicos en la superficie de sus células para absorber activamente el  $\text{NO}_3^-$  circundante, los NRT2. Una vez dentro de las células, el  $\text{NO}_3^-$  se reduce a nitrito ( $\text{NO}_2^-$ ) por la enzima nitrato reductasa (NR), posteriormente el  $\text{NO}_2^-$  se reduce aún más a amonio ( $\text{NH}_4^+$ ) por la enzima nitrito reductasa (NAD(P)H-Nir), el  $\text{NH}_4^+$  puede incorporarse a aminoácidos, nucleótidos y otros compuestos orgánicos que contienen nitrógeno y que son esenciales para las funciones celulares (Hockin et al., 2012) (Figura 6).



**Figura 6.** Vías involucradas en el metabolismo del nitrógeno. Tomado de Smith *et al* (2019).

El amoníaco, una fuente alternativa de nitrógeno, puede ser importado por uno o más de los nueve transportadores de amonio (AMT). La asimilación ocurre principalmente dentro del cloroplasto (Bowler et al., 2010; Alipanah et al., 2015). Bajo condiciones de nitrógeno suficiente, los transportadores de amonio se inducen. Sin embargo, se ha observado que AMT1\_1 y el transportador de nitrato NRT2, se inducen bajo privación por nitrógeno (Smith et al., 2019). Lo mismo ocurre con la expresión génica relacionada con la asimilación (NR, NAD(P)H-Nir, Fd-Nir) y la utilización de nitrógeno inorgánico, lo que conlleva un mayor reciclaje de compuestos nitrogenados. Un ejemplo de esto es el aumento de los niveles de transcripción de dos isoformas diferentes de NADPH-GOGAT (GltD y GltX) en *P. tricornutum*, encontrado por Alipanah y colaboradores (2015). Este hallazgo los llevó a sugerir que un mecanismo para captación de nitrógeno proviene de la degradación de proteínas y aminoácidos, y no solo de la asimilación de amonio.

Se han encontrado dos transportadores localizados en la membrana externa (UT1, UT2) y uno mitocondrial (UT3), para la asimilación de urea en *P. tricornutum*; el transportador mitocondrial se ha encontrado solo en unos pocos linajes fototróficos marinos. Una vez asimilada, la urea es hidrolizada por la ureasa en las mitocondrias. Bajo condiciones de disponibilidad de nitrógeno, los primeros pasos del ciclo de la urea se inducen, sugiriendo que se lleva a cabo la síntesis de arginina o sus derivados. En condiciones de privación de nitrógeno, el metabolismo de arginina se induce. La degradación de urea por la ureasa produce amonio que puede ser reincorporado para la redistribución celular mediante la GSIII-GOGAT<sub>a,b</sub> y/o glutamina deshidrogenasa (GDH) A (Smith et al., 2019). La GDH actúa como una enzima con dos funciones: una catabólica, catalizando la desaminación oxidativa del glutamato a  $\alpha$ -cetoglutarato ( $\alpha$ -KG) y contribuyendo a la asimilación del  $\text{NH}_4^+$ ; y otra anabólica, eliminando  $\text{NH}_4^+$  bajo privación de nitrógeno (Alipanah et al., 2015). Filogenéticamente la ureasa y las proteínas accesorias son más similares a las encontradas en diversos endosimbiontes secundarios, lo que indica que la capacidad de hidrolizar la urea probablemente se adquirió durante el proceso endosimbiótico. Todos los genes de asimilación de urea (incluidos los transportadores) mostraron una expresión elevada en condiciones limitadas de nitrógeno, lo que indica que el transporte y la hidrólisis de urea son importantes durante los estados celulares limitados de N (Smith et al., 2019).

Adicionalmente, la ornitina producida por la arginasa también puede catabolizarse a glutamato y/o amonio. El segundo ciclo GS-GOGAT (GSIII-GOGAT<sub>a,b</sub>) que se encuentra en las mitocondrias de diatomeas parece estar especializado en recuperar nitrógeno reciclado y/o asimilar urea. La vía de biosíntesis de la ornitina, como el ciclo de la urea, se regula mayormente durante las condiciones de depleción de nitrógeno (Figura 6). Este ciclo, ornitina-urea, facilita la recuperación rápida de la microalga ante una limitación prolongada de nitrógeno (Remmers et al., 2018).

Adicional al aumento de la expresión de los genes involucrados en los mecanismos de asimilación de nitrógeno, las diatomeas inducen la expresión de genes relacionados con la degradación de fuentes orgánicas de nitrógeno, ya sea intra o extracelulares, a través de amidasas y acetamidasa/formamidadasas como se encontró en *P. tricornutum*, donde, bajo privación de nitrógeno, se indujo una formamidasa (Alipanah et al., 2015).

Respecto a otros genes involucrados en el metabolismo del nitrógeno se encontró que los genes de biosíntesis de prolina citosólica y mitocondrial, así como pgCPS se inducen en condiciones de abundancia de N. Esto sugiere que, bajo estas condiciones se produce una síntesis mejorada de prolina y pirimidina. En privación de nitrógeno se encontraron fuertemente inducidos genes involucrados en el catabolismo de compuestos como nitronatos (NMO1), formamidas (FORM1, FORM2, FORM3) y cianatos en reacciones que podrían eliminar nitrógeno de fuentes no caracterizadas. Se desconocen los sustratos exactos de las enzimas codificadas por estos genes, pero generalmente actúan sobre moléculas orgánicas para liberar amonio o nitrito. Estos procesos catabólicos podrían ser una parte importante del balance total de nitrógeno en estos organismos (Smith et al., 2019).

#### I.4.3 Fotosíntesis y metabolismo del carbono

La fotosíntesis, el proceso por el cual la energía de la luz se convierte en energía química, es un mecanismo fundamental que sustenta la vida en la Tierra. Las diatomeas se encuentran entre los principales contribuyentes a la fotosíntesis, desempeñando un papel crucial en el aprovechamiento de la energía de la luz y su conversión en biomasa (Mallimadugula y Hameed, 2023). Estas utilizan clorofila y pigmentos accesorios para absorber la energía de la luz, lo que impulsa la síntesis de compuestos orgánicos a partir de dióxido de carbono y

agua. A través de este proceso las diatomeas no solo crean su propio sustento, sino que también actúan como sumideros de carbono y generan oxígeno como subproducto, vital para sustentar la vida aeróbica (Willows, 2020; Yaakob et al., 2021).

La diatomea *C. muelleri* es un organismo autótrofo fotosintético que presenta clorofila (Ch-*a*, y Ch-*c*), y otros pigmentos. Ch-*a* (C<sub>55</sub>H<sub>72</sub>MgN<sub>4</sub>O<sub>5</sub>) es la estructura más abundante, contiene un anillo de porfirina (anillo tetrapirrólico) y una cadena de fitol hidrofóbico. La clorofila-*a* se encuentra en los centros de reacción y los complejos de captación de luz (LHC) del fotosistema I (PSI) y el fotosistema II (PSII) (Willows, 2020).

Cuando hay nitrógeno disponible los genes que intervienen en la fotosíntesis y el crecimiento se inducen, incluidos los componentes del complejo captador de luz, las proteínas ribosómicas y los genes de biosíntesis de aminoácidos clave. Bajo condiciones de privación de nitrógeno, se observa una disminución de la capacidad fotosintética y el contenido de clorofila, acompañada de una represión de la mayoría de los genes asociados con la fotosíntesis, biosíntesis de clorofila y carotenoides (Alipanah et al., 2015). Esta represión preserva la disponibilidad de aminoácidos, especialmente en el caso del glutamato, que se usa ampliamente para la biosíntesis de clorofila. A nivel metabólico, se ha observado una disminución del glutamato y de la fucoxantina, uno de los pigmentos accesorios captadores de luz (Remmers et al., 2018; Alipanah et al., 2015).

En el caso de los genes que codifican proteínas del complejo captador de luz (LHC), se ha observado una represión general; sin embargo, Remmers y colaboradores (2018) encontraron una inducción de LHCR10 y LHCX4, asociandola a un papel fotoprotector durante la aclimatación a niveles bajos de nitrógeno. Además, reportaron la represión de los genes que codifican la ferredoxina-NADP reductasa cloroplástica, sugiriendo que la producción de NAD(P)H a través de la fotosíntesis se reduce. También observaron la represión de algunos genes conectados con la elevación de carbono dentro del cloroplasto con la finalidad de aumentar la tasa de carboxilación de la enzima Rubisco. carbono en la proximidades de la Rubisco, como la anhidrasa carbónica (CA), CA-III, dos β-CA (PtCa1 y PtCa2) y un transportador de bicarbonato plastidial (SLC4A\_1). La mayoría de los genes que codifican las enzimas del ciclo de Calvin, vía principal para la fijación del carbono, también se reprimieron. Por lo tanto, los autores proponen que la microalga podría utilizar el

mecanismo de la piruvato ortofosfato diquinasa para disipar el exceso de energía alrededor de los fotosistemas y reducir la producción de especies reactivas de oxígeno (ROS) resultantes de la privación de nitrógeno.

Por otro lado, se ha observado que, bajo privación de nitrógeno, los genes que codifican para las enzimas involucradas en la descarboxilación mitocondrial y el ciclo de los ácidos tricarboxílicos (TCA) se inducen (Alipanah et al., 2015; Remmers et al., 2018). Esto sugiere que la producción de oxaloacetato y piruvato, abastecen al ciclo TCA. El piruvato también puede incorporarse a la biosíntesis de ácidos grasos. Esta inducción del ciclo TCA podría estar asociada a los altos niveles de degradación de proteínas y aminoácidos, que generan intermediarios y proporcionan precursores para la resíntesis de ciertos aminoácidos (Hockin et al., 2012). Además, la inducción de los genes que codifican para la aconitato hidratasa y la isocitrato deshidrogenasa, conduce a la producción de 2-OG, que actúa como precursor en la asimilación de amonio. El malato del ciclo TCA también podría dirigirse a la vía biosintética de ácidos grasos a través de la enzima málica dependiente de NADP. Por lo tanto, la inducción coordinada del ciclo TCA y la descarboxilación mitocondrial podría cambiar el flujo de esqueletos de carbono hacia la biosíntesis de ácidos grasos (Alipanah et al., 2015)

Las diatomeas asignan el carbono orgánico a dos metabolitos de almacenamiento primarios: los triacilglicéridos de lípidos neutros (TAG) y el polisacárido de almacenamiento crisolaminarina. Bajo condiciones de privación de nitrógeno, los genes que codifican enzimas de la gluconeogénesis y la biosíntesis de crisolaminarina se reprimen (Kroth et al., 2008; Chauton et al., 2013; Alipanah et al., 2015). En contraste, los genes que codifican para las enzimas responsables de la degradación de la crisolaminarina y glucosa (exo-1,3- $\beta$ -glucosidasas, glucoquinasa) son inducidos. Esto se refleja a nivel metabólico con un aumento de los niveles de glucosa. A pesar de la inducción de las enzimas glucolíticas, los niveles de metabolitos como la glucosa-6-fosfato, fructosa-6-fosfato y piruvato disminuyeron, lo que se atribuye a una rápida conversión a otros metabolitos. La glucosa-6-fosfato puede ser dirigida a dos vías, la glucolítica o al ciclo de las pentosas fosfato. La inducción de las enzimas glucolíticas sugiere que estas vías son abastecidas y proporcionan los equivalentes reductores necesarios para compensar la producción reducida de la vía de la fotosíntesis, al mismo

tiempo que abastecen de esqueletos carbonados (piruvato, acetyl-CoA) para el ciclo TCA y la biosíntesis de ácidos grasos (Alipanah et al., 2015).

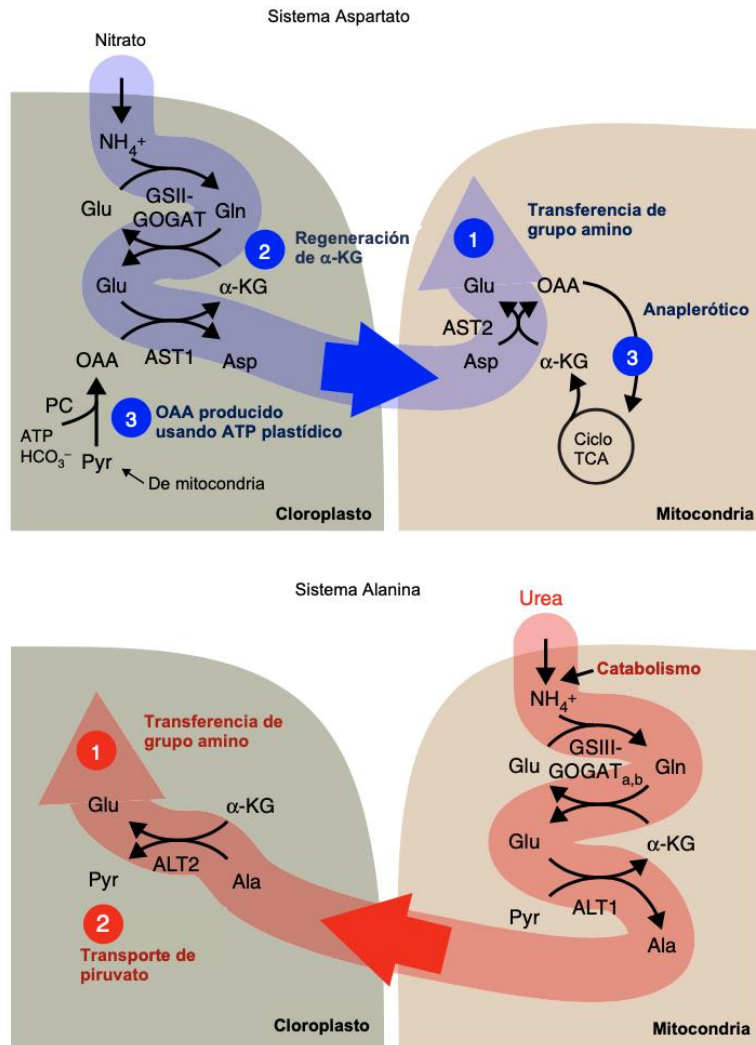
#### I.4.4 Interrelación del metabolismo del carbono y el nitrógeno

El metabolismo del nitrógeno y del carbono en las diatomeas está más estrechamente relacionado entre sí en comparación con el de las microalgas verdes. La asimilación de N y la biosíntesis de aminoácidos requieren la reducción de equivalentes de la fotosíntesis y esqueletos de carbono del ciclo TCA (Hockin et al., 2012; Alipanah et al., 2015).

La asimilación de nitrato por el GSII-GOGAT<sub>Fd</sub> plastidial y la asimilación de urea por el GSIII-GOGAT<sub>a,b</sub> mitocondrial produce glutamina y glutamato, que deben exportarse desde los orgánulos para satisfacer las demandas de nitrógeno en otras partes de la célula. Por otro lado, el cloroplasto exporta el aspartato producido por la aspartato transaminasa (AST1) a partir del glutamato. Una vez en la mitocondria, el glutamato se puede producir a partir del aspartato mediante la transaminasa AST2. Este sistema transporta nitrógeno entre el cloroplasto y la mitocondria en un esqueleto de carbono de oxaloacetato (OAA). Por el contrario, el nitrógeno asimilado de la urea se convierte en alanina en la mitocondria mediante la alanina transaminasa 1 (ALT1) y se transporta al cloroplasto, donde el glutamato es regenerado por la alanina transaminasa del cloroplasto (ALT2). Este sistema mueve nitrógeno entre orgánulos en un esqueleto de carbono del piruvato. La importancia del transporte de grupos amino entre orgánulos en aspartato y alanina radica en que forma parte de la red metabólica que funciona para suministrar el esqueleto de carbono y equilibrar la energía celular a través de los orgánulos. Para mantener la asimilación de nitrato en el cloroplasto, debe haber un suministro continuo de  $\alpha$ -KG. Las proteínas localizadas en plástidos son capaces de producir directamente  $\alpha$ -KG a partir de carbono fijado fotosintéticamente (Smith et al., 2019). El  $\alpha$ -KG es un intermediario importante del TCA, y bajo limitación de nitrógeno se ha observado un aumento en el nivel de este metabolito. Esto refuerza la sugerencia de que existe un acoplamiento entre la asimilación de nitrógeno, ciclo ornitina-urea y el metabolismo del carbono a través del TCA bajo deprivación de nitrógeno (Remmers et al., 2018).

La producción de  $\alpha$ -KG, requiere la exportación previa del carbono fijado por fotosíntesis (gliceraldehído-fosfato, GAP) a la mitocondria, que a través de la glucólisis se devuelve al plástido como piruvato. Posteriormente, el piruvato se convierte en OAA que a su vez se convierte en aspartato, estas reacciones están catalizadas por la piruvato carboxilasa plastidial y una transaminasa (AST1). El aspartato se exporta a la mitocondria para producir el glutamato. Este sistema de aspartato cumple tres tareas esenciales. Primero, se transfiere un resto amino del cloroplasto a la mitocondria. En segundo lugar, el  $\alpha$ -KG se regenera a través de la síntesis de aspartato y, finalmente, se devuelve un esqueleto de carbono tetracarbonado (oxaloacetato, OAA) a la mitocondria a cambio del esqueleto tricarbonado (piruvato) que recibió el cloroplasto. Al devolver OAA por piruvato, la célula utiliza la energía del cloroplasto (de las reacciones de la luz) para impulsar la producción apleurótica de OAA necesaria para sostener el TCA. (Figura 7) (Smith et al., 2019).





**Figura 7.** Sistemas de aspartato y alanina para nitrógeno intracelular y transporte del esqueleto de carbono. Tomado de Smith *et al.* (2019).

En *P. tricornutum*, se ha observado que, bajo condiciones deficientes de nitrógeno, se inducen dos isoformas de GDH y disminuyen los niveles de glutamato. Esto sugiere una reducción en la cantidad de varios aminoácidos que dependen del glutamato así como una represión de las rutas biosintéticas. Además, se observó que el catabolismo de aminoácidos se induce, produciendo intermediarios carbonados que abastecen el ciclo TCA y la biosíntesis de triacilglicéridos (Alipanah et al., 2015).

Smith y colaboradores (2019) encontraron que cuando se utiliza la urea como fuente de nitrógeno en el medio de cultivo, el ciclo TCA proporciona suficientes esqueletos de

carbono. La carga energética que implica la asimilación de urea a través de GSIII-GOGAT<sub>a,b</sub>, se compensa por la importación de GAP, incrementando la glucólisis/respiración en las mitocondrias. De esta manera, la mitocondria también abastece la demanda de piruvato del cloroplasto. Bajo condiciones de suficiencia de nitrógeno, se inducen los genes del sistema de aspartato, incluida la piruvato carboxilasa plastidial, mientras que los genes del sistema de alanina se inducen durante el agotamiento de nitrógeno

La estrecha integración metabólica entre el metabolismo del nitrógeno y el carbono permite que las diatomeas respondan de manera eficiente y asimilen pulsos episódicos de nitrógeno en el ambiente marino, contribuyendo a su dominio ecológico en estas condiciones. Además, la acumulación de metabolitos lipídicos subraya la importancia de estudiar las rutas metabólicas para optimizar su productividad sin afectar severamente su tasa de crecimiento.

## II. JUSTIFICACIÓN

Las diatomeas son uno de los grupos más abundantes del fitoplancton. Comprender su respuesta a las variaciones de nitrógeno es esencial para entender su éxito ecológico. Una característica de las diatomeas que ha generado interés desde hace décadas es su capacidad de almacenar lípidos en forma de gotas y otros compuestos de reserva. La caracterización de sus lípidos ha demostrado que producen altas concentraciones de ácidos grasos poliinsaturados de cadena larga, como el EPA y el DHA, que son cruciales para la salud animal y humana. El perfil lipídico de estas microalgas las convierte en candidatas potenciales para la producción de alimento vivo de alto valor nutricional, así como para la producción de triacilglicéridos (TAG), precursores del biodiesel. El estrés por nitrógeno se utiliza frecuentemente para desencadenar el remodelamiento del metabolismo del carbono hacia la síntesis de estos compuestos. Sin embargo, este estrés afecta severamente la tasa de crecimiento de las diatomeas. La mayoría de los enfoques que buscan incrementar la productividad de TAG mediante la sobreexpresión o silenciamiento de genes específicos han reportado pocos casos de éxito. Esto pone de manifiesto la falta de conocimiento crítico de los genes reguladores y estructurales involucrados en las vías biosintéticas, así como, de las interacciones potenciales entre estas vías. Por lo tanto, es primordial profundizar en el estudio de la respuesta de *C. muelleri* a la limitación de nitrógeno desde un enfoque transcriptómico y proteómico. Generar datos en este ámbito permitirá ampliar el conocimiento sobre las rutas metabólicas y procesos moleculares asociados a la acumulación de metabolitos bajo limitación de nitrógeno y contribuirá a establecer las bases moleculares para el mejoramiento genético de las microalgas.

## **PLANTEAMIENTO DE LAS PREGUNTAS DE INVESTIGACIÓN:**

- ¿Cuáles son las rutas metabólicas que se ven afectadas en las diferentes concentraciones de nitrógeno en la microalga *C. muelleri*?
- ¿Cuáles son los genes y proteínas que participan en estas rutas metabólicas que se regulan por la concentración de nitrógeno en la microalga *C. muelleri*?

### **III. HIPÓTESIS**

El incremento de sustancias de reserva en la diatomea *C. muelleri*, cultivada en baja concentración de nitrógeno, implica un reajuste metabólico y fisiológico derivado de cambios en los niveles de expresión génica y la acumulación de proteínas. Estos cambios afectan el metabolismo del nitrógeno, así como la biosíntesis y el transporte de lípidos y carbohidratos.

## **IV. OBJETIVOS**

### **IV.1 Objetivo general**

Analizar el transcriptoma y el proteoma de la microalga *Chaetoceros muelleri* cultivada en cuatro concentraciones de nitrógeno (NaNO<sub>3</sub>).

### **IV.2 Objetivos específicos**

- Ensamblar el transcriptoma de *Chaetoceros muelleri* cultivada en diferentes concentraciones de nitrógeno, NaNO<sub>3</sub> (1.76 mM, 0.44 mM, 0.18 mM y 3.53 mM) e identificar los transcritos expresados diferencialmente.
- Evaluar los cambios en el proteoma de *Chaetoceros muelleri* cultivada en diferentes concentraciones de nitrógeno, NaNO<sub>3</sub> (1.76 mM, 0.44 mM, 0.18 mM y 3.53 mM) e identificar las proteínas diferencialmente acumuladas bajo los diferentes tratamientos.
- Determinar los procesos biológicos modulados por la concentración de nitrógeno.

## V. MATERIALES Y MÉTODOS

### V.1 Obtención de la cepa de *Chaetoceros muelleri*

La diatomea *C. muelleri* fue obtenida de la colección de cepas del Laboratorio de Análisis Químico y Microbiología, perteneciente al Departamento de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de la Universidad de Sonora (DICTUS)

### V.2 Condiciones de cultivo y diseño experimental

El cultivo se llevó a cabo bajo condiciones controladas de iluminación ( $260 \pm 20 \mu\text{mol photon m}^2 \text{ seg}^{-1}$ ) y temperatura ( $20 \pm 1 \text{ }^\circ\text{C}$ ). Se probaron cuatro concentraciones diferentes de nitrógeno, utilizando  $\text{NaNO}_3$  como fuente de nitrógeno. Cada tratamiento incluyó tres réplicas técnicas y tres réplicas biológicas. Se utilizó una concentración celular inicial de  $150,000 \text{ células mL}^{-1}$ . Los ensayos se llevaron a cabo utilizando el medio f de Guillard y Rhyter (1962) como control (ver en anexos). Para los tratamientos, se modificó la concentración de  $\text{NaNO}_3$  como se describe a continuación: 2 tratamientos con menor concentración limitantes de nitrógeno (Lf4: 0.44 mM y Lf10: 0.18 mM) y un tratamiento con exceso de nitrógeno (E2f: 3.53 mM). El resto de los nutrientes en el medio (fosfatos, silicatos, metales y vitaminas) se mantuvieron constantes para todos los tratamientos. Se realizaron conteos diarios para establecer la cinética de crecimiento. Para ello se fijó 1 mL de cultivo de cada tratamiento utilizando lugol (solución de  $\text{I}_2$  al 1% y KI al 2% en agua destilada) (Andersen, 2005). Para llevar a cabo los conteos se utilizó una cámara de Neubauer de 0.1mm de profundidad y un microscopio compuesto, Carl Zeiss Axiostar Plus. Para obtener el número de células por mililitro, se aplicó la siguiente ecuación:

$$\text{No.} \frac{\text{Células}}{\text{ml}} = \frac{\text{Número total de células}}{\text{Total cuadrantes contados}} \times 10^4$$

### V.3 Determinación de clorofila *a*

Las muestras para los análisis de clorofila fueron tomadas al cuarto día del inóculo inicial (que corresponde al segundo día de que inicia la fase estacionaria). Para cada determinación se realizaron tres réplicas técnicas por tratamiento y 3 réplicas biológicas.

Se tomaron 50 mL de medios de cultivo y se filtraron a través de filtros Whatman GFC (0,45  $\mu\text{m}$  de tamaño de poro y 47 mm de diámetro). Los pigmentos fotosintéticos se extrajeron con 15 mL de acetona al 90 % aplicando ultrasonido durante 5 min (Sonic 1510 R- DTH Branson Ultrasonics Corporation, CT, EE. UU.); el extracto se almacenó a 4 °C durante 24 h, en oscuridad. El contenido de clorofila-*a* se determinó espectrofotométricamente siguiendo la ecuación de Jeffrey y Humphrey de Arredondo y Voltolina (2007):

$$\text{Clorofila } a = 11.47 E_{664} - 0.40 E_{630}$$

donde:

$E_{664}$ =absorbancia a 664 nm

$E_{630}$ =absorbancia a 630 nm

Los datos fueron tratados con estadística descriptiva (media  $\pm$  desviación estándar de tres valores). Se realizó una prueba de normalidad y homocedasticidad usando Shapiro y Levene test; además de un análisis de varianza de una vía para determinar las diferencias entre los tratamientos. En los casos en donde se encontraron diferencias se aplicó la prueba “*a posteriori*” de Tukey ( $p \leq 0.05$ ). Los análisis se realizaron utilizando el Software R (Versión 4.1.2).



## V.4 Análisis transcriptómico

### V.4.1 Extracción y purificación de ARN total

La biomasa de la microalga se obtuvo por centrifugación de las microalgas provenientes de los diferentes medios de cultivo a 3000 rpm/10 min, utilizando tubos Falcon<sup>TM</sup> estériles. Para cada tratamiento se realizaron dos réplicas biológicas constituidas cada una por tres réplicas técnicas. Las muestras fueron almacenadas a -80°C hasta su posterior análisis.

Se extrajo ARN total de la biomasa obtenida utilizando TRIzol<sup>®</sup> Reagent (Invitrogen) siguiendo las instrucciones del fabricante. En 1 mL de TRIzol<sup>®</sup> Reagent (Invitrogen) frío contenido en un microtubo de 1.5 mL, se suspendieron aproximadamente 200 mg de muestra. Se incubó por 5 min a temperatura ambiente para permitir la disociación completa del complejo de nucleoproteína. La muestra se centrifugó a 12,000 rpm por 10 min a 4 °C. Se descartó la fase orgánica y, el sobrenadante (fase acuosa), se colocó en un tubo nuevo para dar continuidad al proceso de extracción. Se añadieron 200 µL de cloroformo. Se dejó reposar a temperatura ambiente por 3 min y se centrifugó a 12,000 rpm por 15 min a 4 °C. El sobrenadante se colocó en un tubo nuevo al cual se le adicionaron 500 µL de isopropanol al 100 % y se dejó incubar por 10 min a temperatura ambiente. Finalmente, se centrifugó a 12,000 rpm por 10 min y se decantó el sobrenadante dejando el pellet precipitado (ARN). Se lavó el pellet con 1 mL de etanol al 75 % y se centrifugó a 7,500 rpm por 5 min. Posteriormente, se eliminó el etanol dejando secar el pellet durante 10 min y se resuspendió en 30 µL de agua libre de ARNasas estéril. El ARN total obtenido de los diferentes tratamientos fue cuantificado utilizando el espectrofotómetro NanoDrop 1000 (Thermo Scientific) utilizando 2 µL de muestra. Para el análisis se consideraron las muestras en las que se obtuvo una relación de absorbancia 260/280 nm y 260/230 en el rango de 1.8 a 2. La integridad del ARN total se analizó por medio de electroforesis en gel de agarosa al 1 % utilizando como tinte fluorescente 1 µL de GelRed<sup>TM</sup> (Biotium). Las condiciones de electroforesis fueron 85 volts por 40 min. La visualización del gel de agarosa se realizó en el fotodocumentador Bio-Imaging System MiniBis pro (Bio America Inc).

Se purificaron las muestras de ARN total utilizando el kit RNeasy® MinElute® Cleanup (Qiagen) siguiendo las instrucciones del fabricante. Se ajustó el volumen de la muestra a 200 µL con agua libre de ARNasas para posteriormente añadir 700 µL del buffer RLT hasta homogenizar. Se añadieron 500 µL de etanol al 96-100 %, homogenizando la mezcla. Posteriormente, se transfirió la muestra ( $\approx$  700 µL) a una columna RNeasy MinElute spin column (proporcionada por el fabricante) y se centrifugó a 10,000 rpm por 15 segundos. Se desechó el filtrado. El resto de la muestra sin tratar se colocó en la columna, se centrifugó nuevamente y se desechó el filtrado nuevamente. Posteriormente se colocó la columna en un tubo de colección nuevo. Se adicionaron 500 µL del buffer RPE y se centrifugó a 10,000 rpm por 15 seg y se desechó el filtrado. Se añadieron 500 µL de etanol al 80% y se centrifugó por 2 min a 10,000 rpm. Se eliminó el filtrado y el tubo de colección. La columna se transfirió a un nuevo tubo para secarse por centrifugación a máxima velocidad (12,000 rpm) por 5 min y eliminar el remanente de etanol presente. Se eliminó el tubo colector y se colocó la columna en un nuevo microtubo estéril de 1.5 ml. Se añadieron 30 µL de agua libre de ARNasas a la columna y se centrifugó por 1 minuto a máxima velocidad. Las muestras de ARN se analizaron de nuevo por NanoDrop 1000 (Thermo Scientific), se verificó su integridad en gel de agarosa al 1 % para después visualizarse en el fotodocumentador Bio-Imaging System MiniBis pro (Bio America Inc) y, finalmente, almacenarse a -80 °C hasta su posterior uso.

#### V.4.2 Construcción de librerías y secuenciación

El ARN purificado por cada tratamiento (2 réplicas biológicas por tratamiento) fue enviado al Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad (LANGEBIO, CINVESTAV, Irapuato, Gto., México) para su secuenciación. Se corroboró la calidad del ARN en un bioanalizador Agilent 2100 (Agilent Technologies, Santa Clara, CA, EE. UU). Para la secuenciación, se crearon ocho bibliotecas genotecas de ADNc. Se llevó a cabo la secuenciación en la plataforma Illumina NextSeq 500, modo paired-end (2 x 150 pb), utilizando la preparación Illumina TruSeq RNA sample v2 Guide, de acuerdo con las instrucciones del fabricante.

#### V.4.3 Ensamblado del transcriptoma e identificación de genes expresados diferencialmente (DEGs)

La calidad de las lecturas crudas de la secuenciación (raw-reads) se analizaron con el programa FastQC 0.11.5 (<https://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/>). La secuencia de los adaptadores, las lecturas con una longitud < 50 pb y las lecturas de baja calidad (puntuación Phred < 20), se eliminaron con el software Trimmomatic 0.36 (Bolger et al., 2014). El ARN ribosómico (ARNr) se eliminó utilizando SortMeRNA 2.1 (Kopylova et al., 2012). El ensamblaje de novo del transcriptoma se realizó con la herramienta Trinity 2.13.2 (Grabherr et al., 2011) utilizando las lecturas de alta calidad y se examinaron las estadísticas del ensamblado. La integridad del ensamblado se obtuvo con BUSCO v3.0.2 (Benchmarking Universal Single-Copy Orthologs) (Manni et al., 2021); se utilizó la base de datos de stramenopiles Odb10 y el modo de transcriptoma. Para la anotación funcional, el conjunto final de genes se comparó, utilizando BLAST 2.6.0+, contra secuencias depositadas en base de datos de proteínas y nucleótidos no redundantes del Centro Nacional de Información Biotecnológica (NCBI), las bases de datos Swiss-Prot (UniProt Consortium, 2019) y Pfam (El- Gebali et al., 2019) para identificar secuencias homólogas. El límite del valor-E se estableció en  $1 \times 10^{-5}$  para un análisis posterior. La anotación funcional se asignó de acuerdo con los aciertos de BLAST. Finalmente, la categorización funcional se designó con base en la comparación con las bases de datos de Ontología Génica (GO) y la Enciclopedia de Genes y Genomas de Kyoto (KEGG) utilizando el software Blast2GO 5.2 (Conesa et al., 2005) con una tasa de falsos descubrimientos (false discovery rate, FDR)  $\leq 0.05$  y parámetros predeterminados. Las vías metabólicas basadas en la base de datos de KEGG se asignaron utilizando el servidor de anotación automática KAAS (<https://www.genome.jp/kegg/kaas>) (Kanehisa and Goto, 2000). Para determinar la abundancia de transcritos y la expresión diferencial, las lecturas de alta calidad de cada condición experimental se asignaron individualmente al transcriptoma ensamblado utilizando el software Bowtie 1.2.2 (Langmead et al., 2009). Las lecturas filtradas de alta calidad se mapearon utilizando el software RSEM, y los valores de expresión se normalizaron a lecturas por kilobase del modelo de exón por millón de lecturas mapeadas (RPKM). La expresión diferencial se estimó con el paquete de software edgeR (Robinson et al., 2010), en R 4.1.2 (R Core Team, 2021), utilizando un método estadístico basado en las

pruebas exactas. Para estimar la varianza entre muestras se calculó la dispersión común. Genes con  $FDR \leq 0.05$  y cambios de pliegue o  $Log_2\text{fold} > 1$  se consideraron expresados diferencialmente. Se generaron diagramas de Venn agrupando genes inducidos y reprimidos para cada tratamiento. Los mapas de calor y el agrupamiento jerárquico se realizaron utilizando el comando `hclust` y `gplots` en R. El análisis de enriquecimiento de ontología génica (GO) se realizó utilizando BLAST2GO (Conesa et al., 2005). Se determinaron términos GO significativamente enriquecidos ( $FDR < 0,05$ ) para DEG inducidos y reprimidos por cada tratamiento probado contra el transcriptoma. El análisis de enriquecimiento de categorías KEGG se realizó utilizando KOBAS (Bu et al., 2021).

#### V.4.4 Análisis cuantitativo de PCR en tiempo real (RT-qPCR)

Se sintetizó cDNA partir de ARN total utilizando el kit Quantitec<sup>®</sup> Reverse Transcription (Qiagen), de acuerdo con las instrucciones del fabricante. Para la eliminación del DNA genómico (gDNA), se preparó una reacción en un tubo libre de nucleasas mezclando 1  $\mu\text{L}$  gDNA Wipeout Buffer 7x, 500 ng de ARN y agua libre de ARNasa en cantidad suficiente para alcanzar un volumen de reacción de 14  $\mu\text{L}$ . Se dejó incubar por 5 min a 42 °C y en seguida se colocó en hielo. Paralelamente a la incubación, se preparó la mezcla de reacción para la transcripción reversa: en un microtubo estéril se mezclaron 1  $\mu\text{L}$  de Quantiscript Reverse Transcriptasa, 4  $\mu\text{L}$  Quantiscript RT Buffer 5x y 1  $\mu\text{L}$  de RT Primer Mix. La mezcla de transcripción reversa (6  $\mu\text{L}$ ) fue añadida a la mezcla inicial (reacción de eliminación de gDNA), se mezcló y se mantuvo en hielo, posteriormente se incubó a 42 °C por 20 min seguidos de una incubación a 95 °C por 3 min. El cDNA se almacenó a -20 °C hasta su posterior análisis.

Los niveles de expresión de ARNm se determinaron mediante qPCR utilizando pares de cebadores específicos para cada gen (Tabla 4). Cada reacción se llevó a cabo en un volumen total de 20  $\mu\text{L}$  que contenía una cantidad de ADNc equivalente a 50 ng de ARN total, 10  $\mu\text{L}$  de supermix 2X IQ<sup>™</sup> SYBR<sup>®</sup> Green (BIO-RAD) y cada par de cebadores a 0,5  $\mu\text{M}$ . Se utilizó un Rotor-Gene<sup>®</sup> Q (QIAGEN). Las condiciones de las reacciones fueron las siguientes: activación enzimática inicial con 5 min a 95 °C, luego 35 ciclos de 95 °C por 1 min y 30 s a 60 °C, y se completó con un análisis de la curva de fusión para acceder a la

especificidad de la reacción elevando la temperatura de 60 a 95 °C, con un aumento de temperatura de 1 °C cada 5 s. Se usaron tres réplicas biológicas para cada tratamiento y las reacciones se realizaron por duplicado. Los datos se analizaron utilizando el método  $-2^{\Delta\Delta CT}$  (Livak y Shmittgen, 2001). El nivel de expresión relativo del gen de interés (GOI) se normalizó con la proteína de unión a la caja TATA (TBP) como gen constitutivo, asumiendo una eficiencia de PCR de 1,0 para todos los genes. Los valores  $-2^{\Delta\Delta CT}$  obtenidos, de cada tratamiento y su respectivo control, fueron convertidos a logaritmo natural y analizados utilizando la prueba t de Student ( $p < 0.05$ ). Para comparar los resultados de los genes seleccionados se realizó una regresión lineal entre los valores de  $\text{Log}_2\text{FC}$  obtenidos de RT-qPCR y RNAseq. Se utilizó el software R (version 4.1.2) para llevar a cabo los análisis estadísticos.

**Tabla 4.** Secuencias de los oligos de los genes seleccionados para realizar el RT-qPCR.

Gen		Secuencia nucleotídica (5'-3')	Referencia
<i>Nrt2</i>	Forward	TGGGGAAATCTTGGAGGAGGAG	Song y Ward, 2007
	Reverso	CGATAGATACGGTGCGCCA	
<i>Amt1</i>	Forward	ATTTGCTGCTCCGAGACATAC	Lovio <i>et al.</i> , datos no publicados
	Reverso	TACACGGAACATACCAAGC	
<i>Ptd12</i>	Forward	AACACCAACCAAGCATTGAC	Lovio <i>et al.</i> , datos no publicados
	Reverso	ATCCGAATCCATTGACGGAA	
<i>Dgat2</i>	Forward	CAATGCGCCTCCTGAATTAC	Lovio <i>et al.</i> , datos no publicados
	Reverso	CACCACACAACCATTCCTC	
<i>Wrky19</i>	Forward	GAGTCGGCACTTTGACTTCC	Lovio <i>et al.</i> , datos no publicados
	Reverso	CACTGCTGCCATGTCTCCTA	
<i>Skn7</i>	Forward	CCCACAAGCAACCTCTCAAC	Lovio <i>et al.</i> , datos no publicados
	Reverso	TGCACACTCTGGCCGTATAG	
<i>Tbp</i>	Forward	CGGCATTGATTTTTGCATCG	Lovio <i>et al.</i> , datos no publicados
	Reverso	CCCAACATCAATCGTCCCTA	

*Nrt2*: transportador de nitrato; *Amt1*: transportador de amonio 1; *Ptd12*: delta-12-desaturasa; *Dgat2*: diacilglicerol O-aciltransferasa; *Wrky19*: Factor de transcripción 19; *Skn7*: Factor de transcripción; *Tbp*: proteína de unión a la caja TATA;

## V.5 Análisis proteómico

### V.5.1 Extracción y cuantificación de proteínas

A 1 g de biomasa liofilizada se le adicionaron 10 mL de buffer de extracción (Tris-HCl 1,5 M pH 8,8, 2% SDS, 30% Sacarosa), 200  $\mu$ L del agente reductor,  $\beta$ -mercaptoetanol, y 100  $\mu$ L de el inhibidor de proteasas de serina, fluoruro de fenilmetilsulfonilo 100 mM (PMSF); la mezcla se homogeneizó en vórtex (3 ciclos, 3 min), se dejó reposar 5 min en hielo, posteriormente se sonicó (2 min, 30 amp, 3 ciclos) manteniendo las muestras en frío; en seguida, se adicionaron 10 mL de fenol saturado (Sigma-P4557), se homogeneizó y se dejó en agitación por 10 min (en frío); la mezcla fue centrifugada a 4 000 g (20 min, 4 °C). Se recuperó la fase fenólica y se le realizó una nueva extracción con 10 mL de buffer, seguida de homogenizado en vórtex (3 min) y centrifugación (4 000 g, 20 min, 4 °C). Las proteínas presentes en el sobrenadante se precipitaron con 4 volúmenes de una solución de acetato amonio 100 mM a -20 °C durante 12 h, seguido de centrifugación (13000 rpm, 4 °C, 25 min). El precipitado de proteína se lavó con acetato amonio 100 mM, seguido de un lavado adicional con 5 mL de acetona absoluta fría. Se recuperó el sedimento y se transfirió a un microtubo de 2 mL utilizando 1 mL de acetona al 80%; se recuperó el sedimento por centrifugación (13 000 rpm, 15 min, 4 °C), el cual fue secado al vacío (2 min, 30 °C), se resuspendió en 350  $\mu$ L de buffer RH (Urea 8 M, CHAPS 2%, Azul de bromofenol 0.02%) para su posterior cuantificación por el método de Bradford, utilizando seroalbúmina bovina (BSA) como estándar. Las proteínas obtenidas (3 réplicas biológicas por tratamiento) fueron enviadas al Instituto de Ecología, A.C. (INECOL, Xalapa, Veracruz, México) para el etiquetado TMT, fraccionamiento y análisis mediante nano-LC-MS/MS utilizando el enfoque SPS-MS<sup>3</sup>, siguiendo los protocolos que se describen a continuación.

### V.5.2 Digestion de proteínas, etiquetado isobárico (TMT) y fraccionamiento

Cien microgramos de proteína de cada réplica fueron reducidas con Tris-(2-carboxietil)-fosfina 10 mM (TCEP) durante 45 min a 60 °C, alquiladas con yodoacetamida 30 mM (IA) durante 1 h, en la oscuridad y a temperatura ambiente y, posteriormente, precipitadas con diez volúmenes de acetona absoluta durante 12 h a -20 °C. Los sedimentos de proteína se

recuperaron por centrifugación (15 000g, 4 °C, 15 min) y se resuspendieron (0,1 % SDS, 10 mM TEAB) para hidrólisis con 5 µg de tripsina (Thermo-90058) grado espectrometría de masas (proporción 1:20, tripsina:proteína) durante 16 h a 37 °C. El etiquetado isobárico de los péptidos, se realizó utilizando el set de etiquetado masivo en tándem Tandem Mass Tag 10 plex (TMT10plex™) de acuerdo a lo siguiente: tratamiento Lf4 (0.44 mM), etiquetas 127N, 127C y 128N; Tratamiento Lf10 (0.18 mM), etiquetas 128C, 129N y 129C; Tratamiento Cf, etiquetas 130N, 130C y 131. Posteriormente, cantidades iguales de las muestras etiquetadas se mezclaron y secaron al vacío en un CentriVap (Labconco™, Kansas, Missouri) a 4 °C, para proceder al fraccionamiento por cromatografía de fase reversa a pH alcalino con el Pierce™ High pH Reversed-Phase Peptide Fractionation Kit (Thermo-84868). Una vez secos, los péptidos marcados se solubilizaron en ácido fórmico al 1 % y acetonitrilo al 5 % para limpieza (desalado) con puntas de pipeta ZipTip™ resina C18, (Merck Millipore).

### V.5.3 Identificación y cuantificación de proteínas basadas en Nano LC–MS/MS

Los péptidos marcados y desalados se suspendieron en ácido fórmico al 0,1 % preparado con agua (solvente A) grado LC-MS y se inyectaron 20 µL de la solución en una columna trampa nanoviper C18 (3 µm, 75 µm × 2 cm, Dionex ® ) a un caudal de 3 µL min<sup>-1</sup> en un sistema UltiMate™ 3000 RSLC (Dionex ®), y luego separado en una columna EASY-Spray™ C18 RSLC (2 µm, 75 µm × 25 cm), utilizando un gradiente de 100 min con un caudal de 300 nL min<sup>-1</sup>. Usando el solvente A y el solvente B (0.1 % de ácido fórmico en 90 % de acetonitrilo) se estableció un gradiente de la siguiente manera: 10 min solvente A, 7 – 20 % solvente B en un lapso de 25 min, 20 % disolvente B durante 15 min, 20–25 % de disolvente B durante 15 min, 25–95 % de disolvente B durante 20 min y, 8 min solvente A. El nanoLC se acopló a un espectrómetro de masas Orbitrap Fusion Tribrid (Thermo Fisher Scientific™) equipado con una fuente de iones EASY-Spray™ Nano (Thermo Fisher Scientific™) y operado en modo de iones positivos. El voltaje del nanospray se fijó en 3.5 kV y la temperatura de la fuente en 280 °C. Los calibradores externos incluyeron cafeína, Met-Arg-Phe-Ala (MRFA) y Ultramark® 1621 (Thermo Fisher Scientific™).

#### V.5.4 Selección sincrónica de precursores (SPS)-MS<sup>3</sup>

Se realizaron escaneos completos de MS en el analizador Orbitrap a 120 000 (FWHM), con un rango de escaneo de 350–1500 m/z, AGC de  $2.0 \times 10^5$ , tiempo máximo de inyección de 50 ms, umbral de intensidad de  $5.0 \times 10^3$ , exclusión dinámica de 1 a 70 s, y tolerancia de masa de 10 ppm. Parámetros de fragmentación incluidos: CID con 35 % de energía de colisión y activación Q de 0.25, AGC de  $1.0 \times 10^4$  en un tiempo máximo de inyección de 50 ms, rango de masa de selección de precursores 400–1200 m/z, ancho de exclusión de iones precursores bajo 18 m/z, y alto 5 m/z; se llevó a cabo la detección y pérdida de etiquetas TMT en la trampa de iones. Los espectros MS<sup>3</sup> se adquirieron como se describió anteriormente utilizando la selección precursora sincrónica (SPS) de 10 muescas de aislamiento (McAlister et al. 2014). Los precursores de MS<sup>3</sup> fueron fragmentados por HCD con 65% de la energía de colisión y analizada usando el Orbitrap a un poder de resolución de 60,000 con un rango de escaneo de 120–500 m/z, ventana de aislamiento de 2 m/z,  $1.0 \times 10^5$  AGC y tiempo máximo de inyección de 120 ms con un microscan.

#### V.5.5 Análisis bioinformático

Los espectros generados con SPS-MS<sup>3</sup> fueron procesados con Proteome Discoverer 2.4 (PD, Thermo Fisher Scientific) utilizando los motores de búsqueda Mascot v2.4.1 (Matrix Science), SEQUEST HT (Eng et al., 1994) y AMANDA (Dorfer et al., 2014) contra una base de datos de creación propia de *C. muelleri* (79122 secuencias de proteínas) obtenidas de análisis transcriptómicos previos (de Jesús-Campos et al., 2024). Los parámetros de búsqueda incluyeron: especificidad proteolítica con tripsina, dos escisiones perdidas permitidas; carbamidometilación de cisteína (+57.021 Da) y TMT 10-plex péptido N-terminal (+229.163 Da) se establecieron como modificaciones fijas. Las modificaciones variables incluyeron oxidación de metionina (+15.995 Da) y desaminación de asparagina/glutamina (+0,984 Da). Para el método SPS-MS<sup>3</sup> (en el que la la determinación de las masas moleculares de los iones fragmento se realizó a una resolución aproximada de 17000 en la trampa iónica lineal) se aplicaron tolerancias de  $\pm 10$  ppm y  $\pm 0.5$  Da para iones moleculares y iones fragmento, respectivamente. Para la puntuación de péptidos se utilizó el algoritmo Percolator con un umbral de identificación del 1 % de FDR y un péptido único con



una confianza del 95 % o superior. La cuantificación de iones reporteros para etiquetas TMT se obtuvo con una plantilla de software PD al nivel MS<sup>3</sup> aplicando tolerancias de masa de  $\pm 10$  ppm, el centroide de mayor confianza se estableció como método de integración y, un filtro del 75% para precursores coaislados. Todos los péptidos cuantificados en una proteína se combinaron para calcular el valor de  $p$  ( $p < 0.05$ , ANOVA). La abundancia de proteínas se analizó utilizando el software R versión 4.1.2. Las proteínas significativamente acumuladas diferencialmente fueron aquellas que mostraron un cambio de 1.5 veces. Los datos sin procesar están disponibles a través de ProteomeXchange con identificador PXD052600.

Los datos proteómicos cuantitativos normalizados se sometieron a análisis estadístico ANOVA, análisis de componentes principales y agrupamiento jerárquico utilizando el software R versión 4.1.2. Los gráficos de volcanes se generaron trazando el valor  $p$  de  $\log_{10}$  frente al cambio de  $\log_2$  usando ggplot2 (3.4.0). Sólo aquellas proteínas para las cuales los valores de  $p \leq 0,05$  y el cambio de pliegue ( $\text{Log}_2 \text{ fold change}$ )  $> |0,57|$  se consideraron estadísticamente significativos. El análisis de enriquecimiento de categoría KEGG de PAD se llevó a cabo utilizando KOBAS (Bu et al., 2021). El método de prueba estadístico utilizado fue la prueba hipergeométrica/prueba exacta de Fisher y valor de  $p < 0.05$ .

## VI. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### VI.1 Efecto de la concentración de nitrógeno en el contenido de Clorofila a

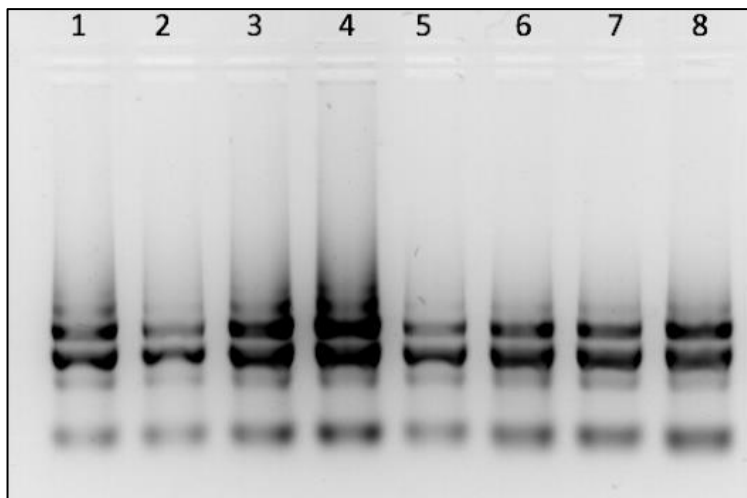
La limitación de nitrógeno redujo la síntesis de pigmentos. El mayor contenido de Chl-*a* se encontró en la biomasa obtenida de los tratamientos Cf y E2f. Por otro lado, la biomasa obtenida del tratamiento más limitado (Lf10: 0.18 mM) presentó la menor cantidad de Chl-*a*. El bajo contenido de Chl-*a* se puede atribuir directamente a la deficiencia de N ya que el anillo pirrólico incorpora átomos de nitrógeno en su estructura (C<sub>4</sub>H<sub>5</sub>N). Sin embargo, se ha informado que también a concentraciones más altas de nutrientes, el contenido de Chl-*a* tiende a disminuir (Fábregas et al., 1985), pero este comportamiento no se observó en las microalgas cultivadas en el tratamiento con mayor concentración de N (E2f: 3.53 mM), donde no mostró una disminución significativa en comparación con el tratamiento control f (1.76 mM). El mayor contenido de Chl-*a* se presentó en las concentraciones superiores: 1.76 mM y 3.53 mM de NaNO<sub>3</sub> mientras que por debajo de 0.44 mM comienza a aparecer clorosis. Tabla 5.

**Tabla 5.** Contenido de clorofila-a de *Chaetoceros muelleri* cultivado bajo diferentes concentraciones de nitrógeno. Los datos se presentan como la media  $\pm$  desviación estándar de tres réplicas biológicas. Letras diferentes indican diferencias significativas ( $p \leq 0.05$ ).

Tratamiento de NaNO <sub>3</sub>	Clorofila <i>a</i> (mg/ml)
Control Cf (1.76 mM)	0.778 $\pm$ 0.059 <sup>a</sup>
Lf10 (0.18 mM)	0.403 $\pm$ 0.002 <sup>b</sup>
Lf4 (0.44 mM)	0.641 $\pm$ 0.002 <sup>c</sup>
E2f (3.53 mM)	0.708 $\pm$ 0.016 <sup>ac</sup>

## VI.2 Análisis transcriptómico

Se obtuvo ARN de buena calidad de cada uno de los tratamientos para la síntesis de cDNA. En la Figura 8 se muestra su integridad en gel de agarosa al 1 % y las concentraciones obtenidas se muestran en la Tabla 6.



**Figura 8.** Electroforesis en gel de agarosa al 1 % de ARN total extraído con TRIzol (Thermo Fisher Scientific) y purificado con Rneasy MinElute Cleanup Kit (Qiagen). Carril 1-4, réplica biológica 1 (RB1). Carril 5-8, réplica biológica 2 (RB2). Carril 1) 0.18 mM\_RB1, Carril 2) 0.44 mM\_RB1, Carril 3) 1.76 mM\_RB1, Carril 4) 3.53 mM\_RB1, Carril 5) 0.18 mM\_RB2, Carril 6) 0.44 mM\_RB2, Carril 7) 1.76 mM\_RB2, Carril 8) 3.53 mM\_RB2.

**Tabla 6.** Concentración de ARN total de las muestras estudiadas.

Concentración	Concentración (ng/ $\mu$ l)	Relación A260/A280	Relación A260/A230
0.18mM_RB1_1	545.5	2.15	2.48
0.18mM_RB1_2	736.9	2.17	2.27
0.18mM_RB1_3	355.0	2.15	2.23
0.18mM_RB2_1	323.0	2.16	2.22
0.18mM_RB2_2	214.4	2.17	1.97
0.18mM_RB2_3	674.9	2.21	2.11
0.44 mM_RB1_1	234.1	2.18	1.61
0.44 mM_RB1_2	989.7	2.13	2.25

0.44 mM_RB1_3	251.5	2.17	2.10
0.44 mM_RB2_1	302.2	2.15	1.80
0.44 mM_RB2_2	489.0	2.21	2.45
0.44 mM_RB2_3	727.5	2.19	2.37
1.76mM_RB2_1	461.2	2.09	2.05
1.76mM_RB2_2	508.8	2.19	2.11
1.76mM_RB2_3	558.0	2.10	2.135
1.76mM_RB1_1	406.3	2.11	2.20
1.76mM_RB1_2	1013.0	2.18	2.50
1.76mM_RB1_3	897.0	2.10	2.18
3.53mM_RB1_1	636.8	2.17	2.10
3.53mM_RB1_2	781.6	2.14	2.51
3.53mM_RB_3	819.9	2.11	2.10
3.53mM_RB2_1	389.4	2.12	1.99
3.53mM_RB2_2	860.4	2.19	2.50
3.53mM_RB2_3	1026.0	2.17	2.45

---

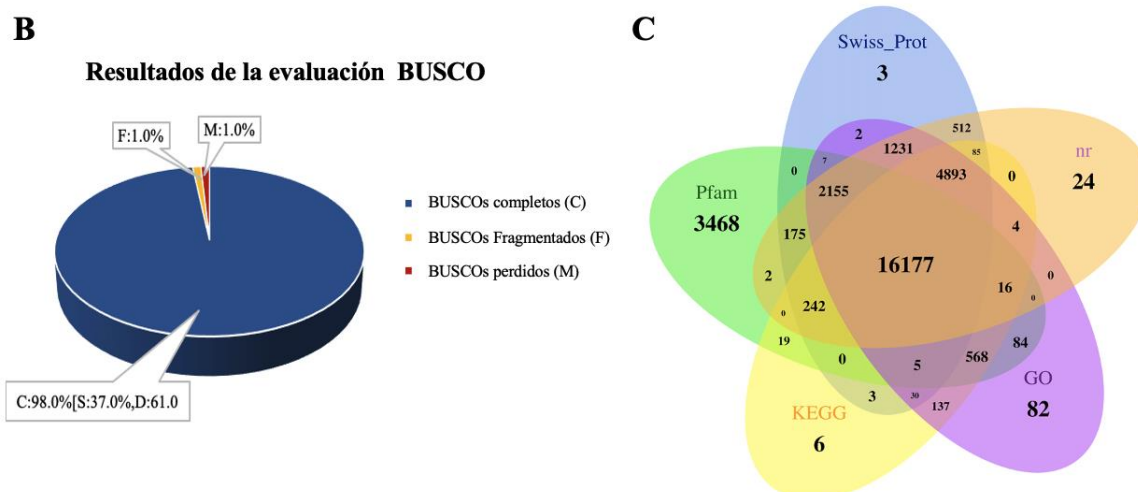
\*RB: Réplica biológica

### VI.2.1 Ensamblado del transcriptoma y anotación funcional

RNA-seq produjo ~ 495 millones de pares de reads de 8 genotecas de *C. muelleri* (dos genotecas por tratamiento), después del proceso de filtrado, quedaron ~ 447 millones de lecturas. Se utilizaron lecturas filtradas de alta calidad de *C. muelleri*, bajo tratamiento con N y P para el ensamblaje del transcriptoma de *novο*. El transcriptoma final ensamblado agrupó 33426 genes, una mediana de la longitud de contig de 674 pb y un valor N50 de 3062 pb (Figura 9A). El contenido medio de GC fue del 41,79 %. El contenido de GC es característico del genoma de cada organismo, por lo que en ocasiones se utiliza para clasificarlos. El valor obtenido se encontró en el rango de otras especies de diatomeas reportadas, entre ellas: *Phaeodactylum tricornutum* GC %: 48.84, *Thalassiosira oceanica* GC %: 53.26 y *Fragilariopsis cylindrus* GC %: 38.80 (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>). El análisis de la integridad del transcriptoma utilizando la herramienta BUSCO contra el conjunto de datos Odb10 de Stramenopiles mostró que el porcentaje de genes completos y fragmentados fue del 98 % y el 1 % respectivamente (Figura 9B). Las secuencias de genes

se compararon con diferentes bases de datos de proteínas (Swiss-Prot, Pfam, KEGG, GO, NCBI-nr) utilizando el algoritmo BLASTX. Un total de 29896 genes obtuvieron resultados significativos en al menos una base de datos (Figura 9C).

A	Todos los contigs de	Solo la isoforma mas
Estadísticas del ensamblado	los transcritos	larga por gen
Total trinity 'genes'	33426	33426
Total trinity transcripts:	57163	57163
Porcentaje GC	41.79	41.79
Contig N50:	3062	2,121
Mediana de la longitud del contig:	674	375
Average contig:	1512.21	939.76
Total de bases ensambladas:	86442686	31412401

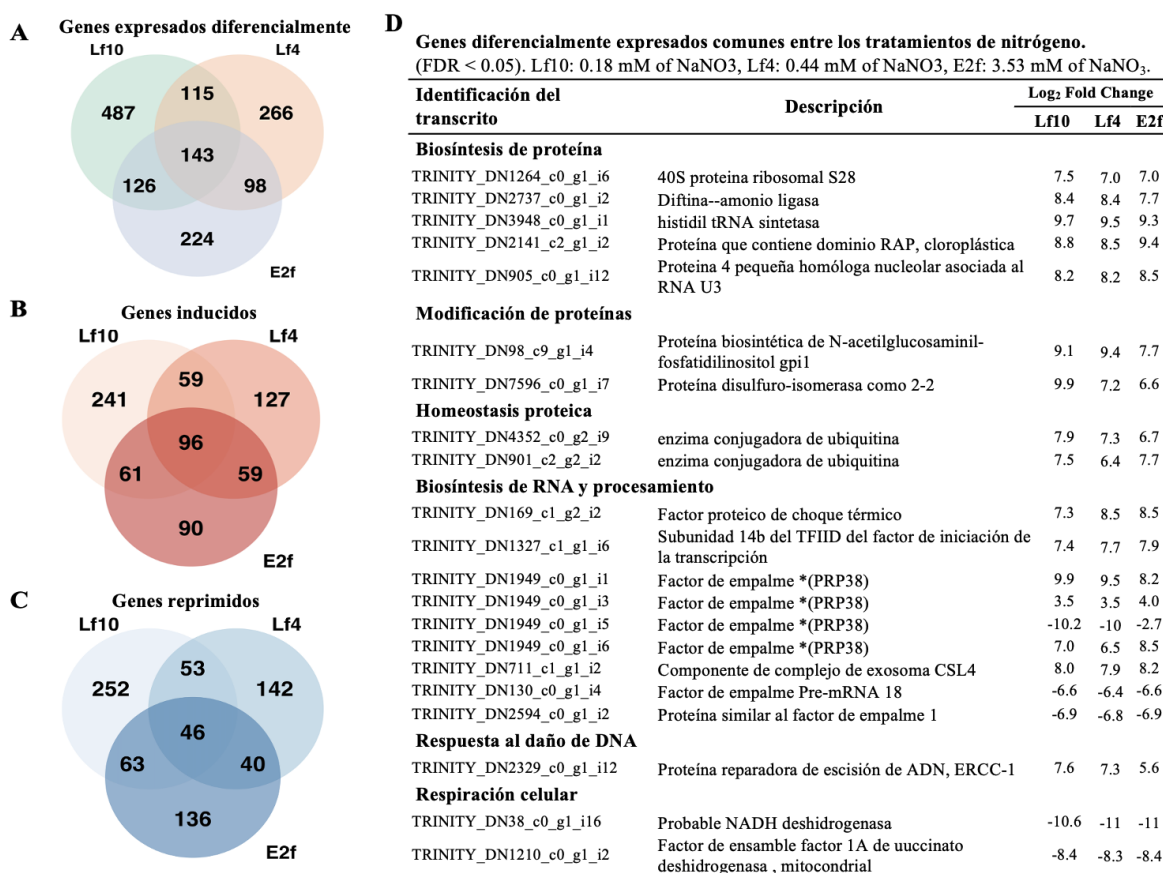


**Figura 9.** Resumen del transcriptoma de *C. muelleri* bajo diferentes concentraciones de N-P. A) Estadísticas del ensamblado. B) Resultados de la evaluación BUSCO. S:BUSCO completos y de copia única, D: BUSCOs completos y duplicados, C) Diagrama de Venn de la distribución de las anotaciones utilizando SwissProt, base de datos no redundante, nr; Ontología Génica GO; Enciclopedia de genes y genomas de Kyoto, KEGG; y bases de datos Pfam.

## VI.2.2 Análisis de expresión diferencial y de enriquecimiento

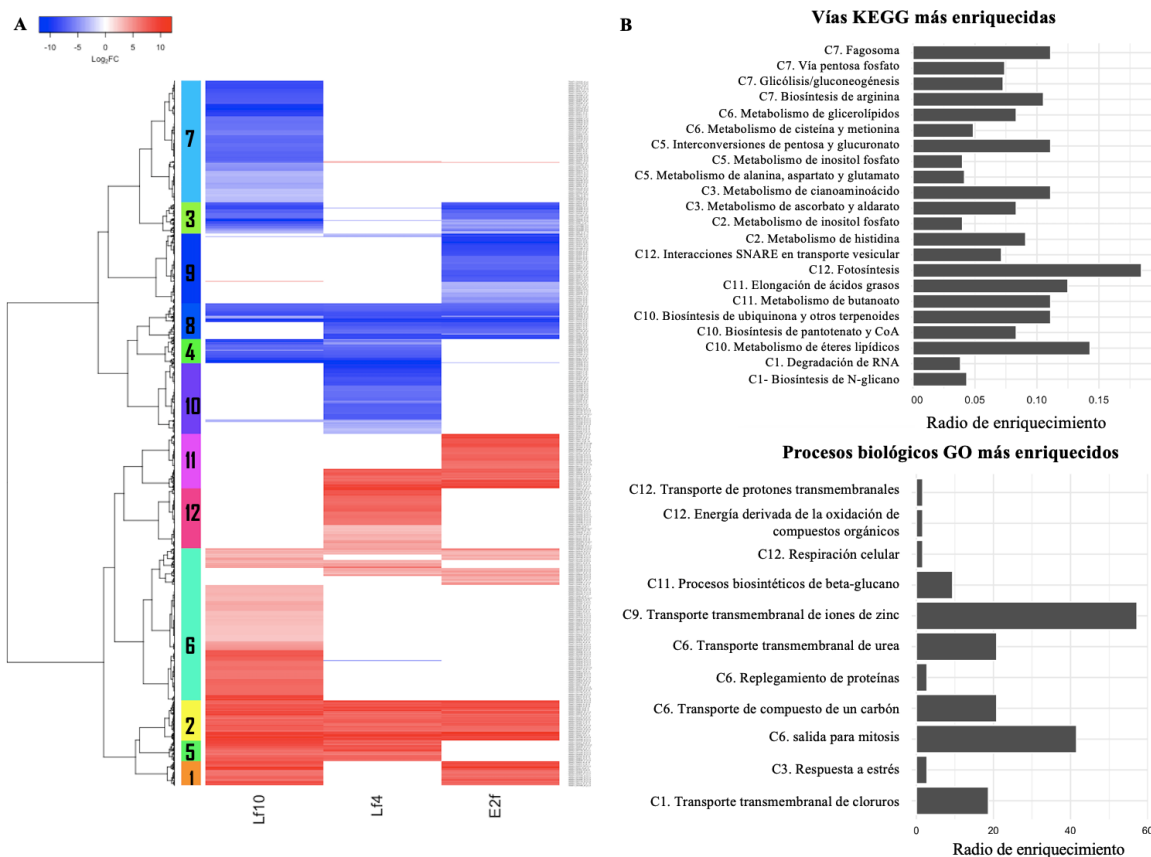
Se identificaron genes expresados diferencialmente, DEGs, ( $\log_2FC > |1|$  y  $FDR < 0.05$ ) mediante un análisis comparativo de los tratamiento (Lf10: 0.18 mM, Lf4: 0.44 mM y E2f:

3.53 mM) frente al control (Cf:1.76 mM) El tratamiento más limitado (Lf10: 0.18 mM) fue el que mostró el mayor número de DEGs, tanto inducidos como reprimidos, con respecto a los tratamientos con concentraciones de nitrógeno más altas (Figura 10A), 871 genes (457 inducidos y 414 reprimidos). Mientras tanto, el tratamiento E2f (3.53 mM) registró el número más bajo de DEGs, 591 (306 inducidos y 285 reprimidos). Solo 143 DEGs fueron comunes entre los diferentes tratamientos. Por otro lado, la mayoría de los genes expresados diferencialmente fueron específicos a cada tratamiento (Figuras 10B y 10C). Este patrón de expresión muestra una respuesta transcripcional exacerbada atribuible a las condiciones limitantes de N.



**Figura 10.** Genes de *C. muelleri* expresados diferencialmente bajo diferentes concentraciones de nitrógeno. A) Diagrama de Venn de genes expresados diferencialmente (DEG), B) Genes inducidos y C) Genes reprimidos. Lf10: 0.18 mM de NaNO<sub>3</sub>. Lf4: 0.44 mM de NaNO<sub>3</sub>. E2f: 3.53 mM de NaNO<sub>3</sub>.

Adicionalmente, se identificaron 12 grupos a través de un análisis de agrupamiento por niveles de expresión de los 1459 DEGs (Figura 11A). El grupo 1 aglutinó genes inducidos en el tratamiento Lf10 (0.18 mM) y E2f (3.53 mM), e incluyó genes asociados con la degradación del ARN, con las vías de biosíntesis de N-glicanos, y con el transporte transmembranal de cloruros. Genes que se indujeron en todos los tratamientos, se incluyeron en el grupo 2, mismos que están asociados con el metabolismo de inositol-fosfato y la histidina. Los grupos 3 y 7 comprendieron la mayoría de los genes reprimidos en el tratamiento Lf10, genes relacionados con el metabolismo de los cianoaminoácidos y la glucólisis/ gluconeogénesis. El grupo 4 comprendió genes reprimidos comunes en el tratamiento Lf10 (0.18 mM) y Lf4 (0.44 mM), entre ellos, se encuentran genes asociados con la actividad de la pirrolina-5-carboxilato reductasa y la monogalactosildiacilglicerol sintasa, lipasa, entre otros. Por otro lado, los genes inducidos comunes en estos tratamientos se incluyeron en el grupo 5, comprendieron genes relacionados con el metabolismo de alanina, aspartato y glutamato. La mayoría de los genes inducidos en el tratamiento con Lf10 (0.18 mM) se ubicaron en el grupo 6 e, interesantemente, para el objetivo de este estudio se incluyeron genes asociados con el metabolismo del nitrógeno: transportador de formiato/nitrito, transportador de amonio, transportador de nitrato, actividad de formamidasa y acetamidasa; además genes asociados con el metabolismo de los lípidos: Delta(12)-ácido graso desaturasa, Diacilglicerol O-aciltransferasa 2D, Delta(7)-esterol-C5(6)-desaturasa. Los grupos 8 y 9 incluyeron genes reprimidos en el tratamiento Lf4 (0.44 mM) y E2f (3.53 mM); estos genes están asociados con la degradación de aminoácidos (ureasa prolinea deshidrogenasa y L-treonina aldolasa) y metabolismo de los lípidos (elongasa, ciclopropano ácido graso sintasa y transportador de fosfolípidos). El grupo 10 aglutinó a los genes reprimidos en el tratamiento Lf4 (0.44 mM) e incluyó genes asociados con la elongasa de ácidos grasos y la actividad de la ureasa, la biosíntesis de clorofila (quelatasa de mg-protoporfirina IX quelatasa) y señalización (modulador de la percepción del ácido abscísico, MAP-quinasa e histona metilasa). Finalmente, los grupos 11 y 12 agruparon genes inducidos en Lf4 (0.44 mM) y E2f (3.53 mM) y englobaron genes asociados con el alargamiento de ácidos grasos, la fotosíntesis, la biosíntesis de N-glucanos y la respiración celular. La lista de los grupos conformados se muestra en el archivo Anexo 1.

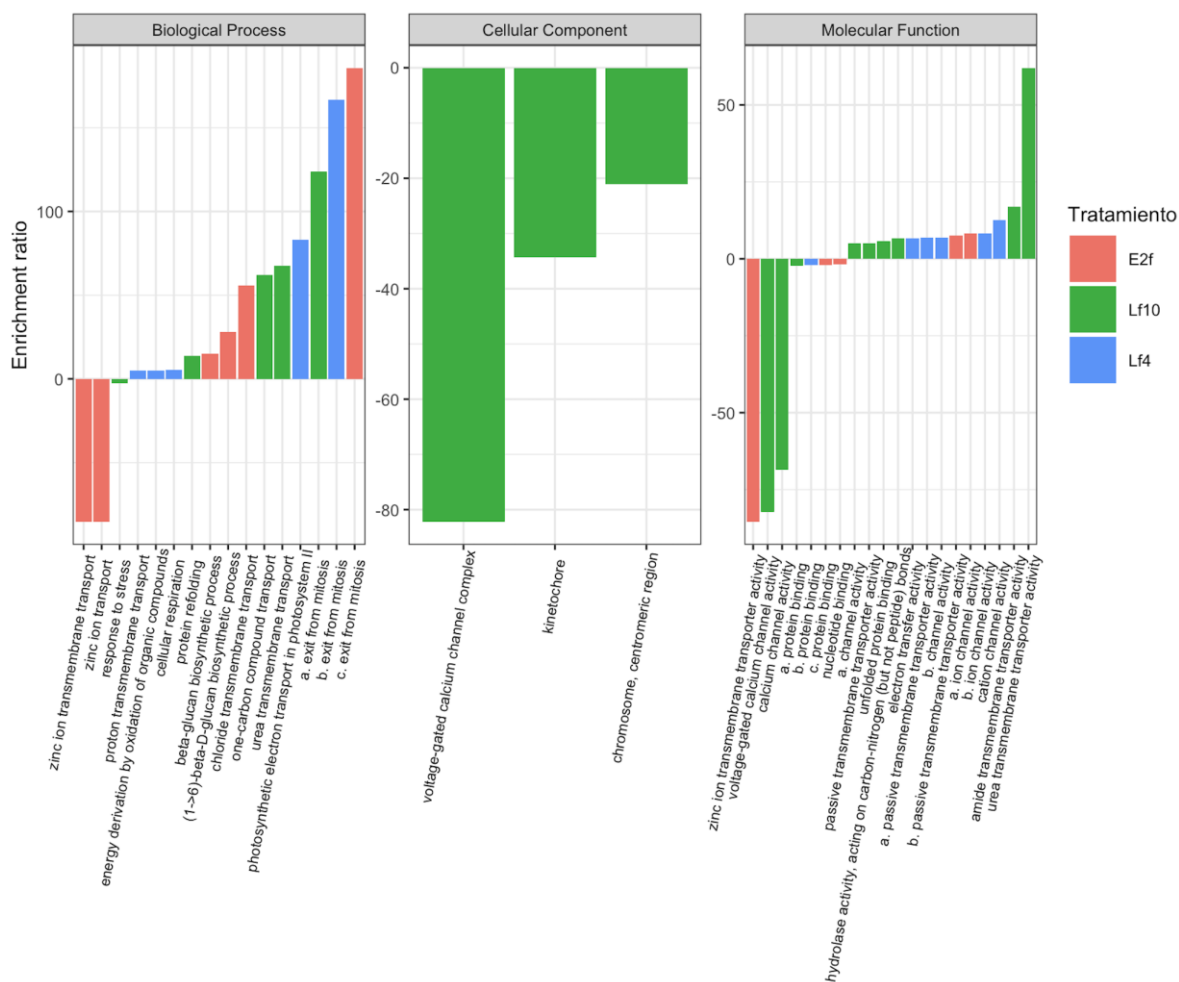


**Figura 11.** Análisis de expresión diferencial y enriquecimiento de *C. muelleri*. **A.** El mapa de calor muestra la agrupación jerárquica de 1459 genes expresados diferencialmente modulados para cada tratamiento. El eje y (columna de colores de la izquierda) muestra los 12 grupos generados y el eje x muestra los tratamientos. La clave de color representa el valor de Log<sub>2</sub> fold change. Lf10: 0.18 mM de NaNO<sub>3</sub>. Lf4: 0.44 mM de NaNO<sub>3</sub>. E2f: 3.53 mM de NaNO<sub>3</sub>. **B.** Vías KEGG y procesos biológicos GO más enriquecidos en los grupos generados.

El análisis de ontología génica (GO) realizado mostró los procesos afectados por el tratamiento con N. Los términos GO más enriquecidos fueron, para el tratamiento más limitado (Lf10), el transporte de urea, el transporte de compuestos de un carbono y el plegamiento de proteínas. Para el tratamiento Lf4 (0.44 mM), cadena de transporte de electrones y cadena de transporte de electrones respiratorios en el tratamiento y para el E2f (3.53 mM), proceso biosintético de polisacáridos fue el más enriquecido. Para los genes reprimidos, los procesos biológicos significativamente enriquecidos incluyen respuesta al



estrés en el tratamiento con Lf10 (0.18 mM) y transporte de iones de zinc en el tratamiento E2f (3.53 mM) (Figura 12).



**Figura 12.** Análisis de enriquecimiento de ontología génica (GO) de genes expresados diferencialmente (DEG) de la anotación del transcriptoma de *Chaetoceros muelleri*. El eje y indica el valor del índice de enriquecimiento para cada categoría. Los valores positivos y negativos indican categorías con genes inducidos y reprimidos respectivamente. Los colores de las s barras indican los diferentes tratamientos. El eje x indica el término GO.

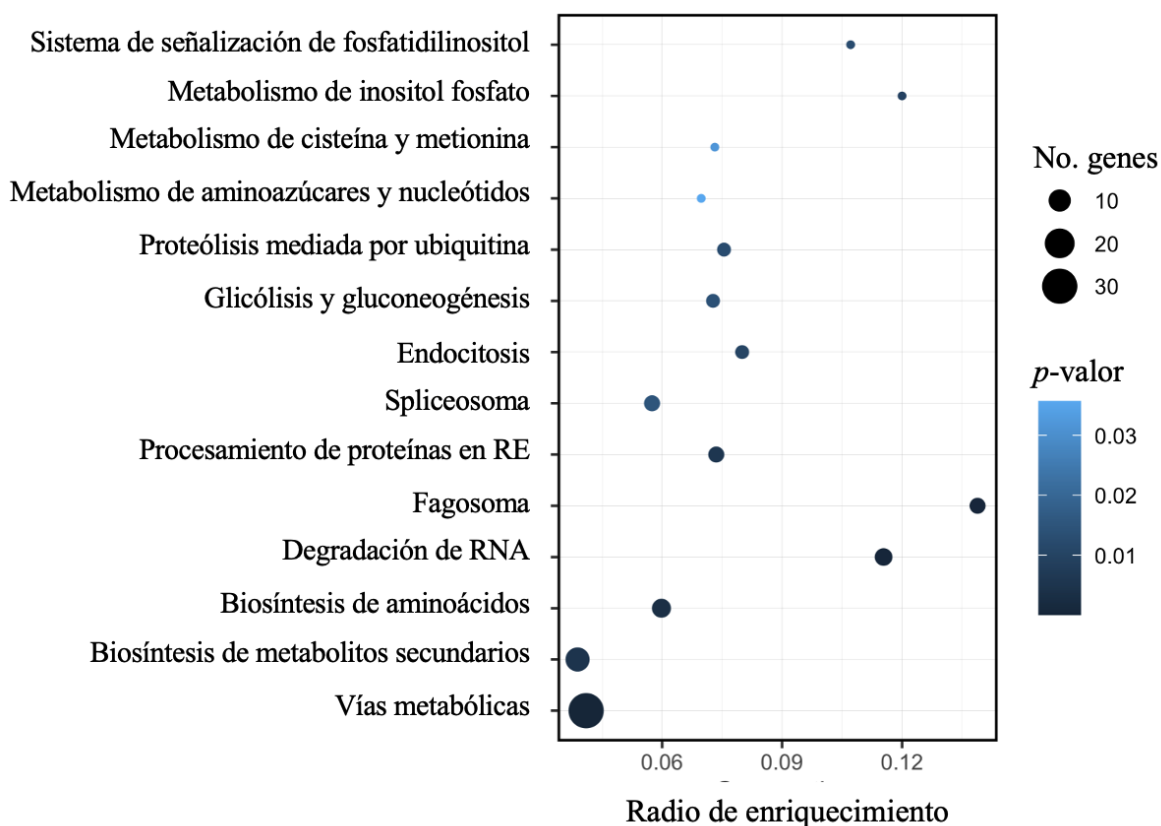
Estos datos sugieren que bajo concentraciones de 3.53 mM de  $\text{NaNO}_3$  (E2f) se favorece la acumulación de compuestos de reserva como los polisacáridos, mientras que, ante una disminución de la concentración de N (Lf4: 0.44 mM de  $\text{NaNO}_3$ ) se favorecen los procesos fotosintéticos. Por otro lado, en la limitación más acentuada (Lf10: 0.18 mM de  $\text{NaNO}_3$ ), los

procesos metabólicos de nitrógeno se inducen, lo que indica la activación de respuestas de inanición en *C. muelleri* desencadenadas por la disminución de la concentración de este nutriente.

Se analizaron las vías metabólicas, y las vías significativamente enriquecidas (valor  $p < 0.05$ ) se muestran en la Figura 13. En los tratamientos limitantes (Fig 13A y B) se enriquecieron vías comunes como las implicadas en la biosíntesis de metabolitos secundarios y el procesamiento de proteínas en el retículo endoplásmico. Por otro lado, en el tratamiento E2f (3.53 mM), entre las vías únicas, se enriquecieron aquellas implicadas en la endocitosis, transporte de RNA y ribosoma (Figura 13C).

**A**

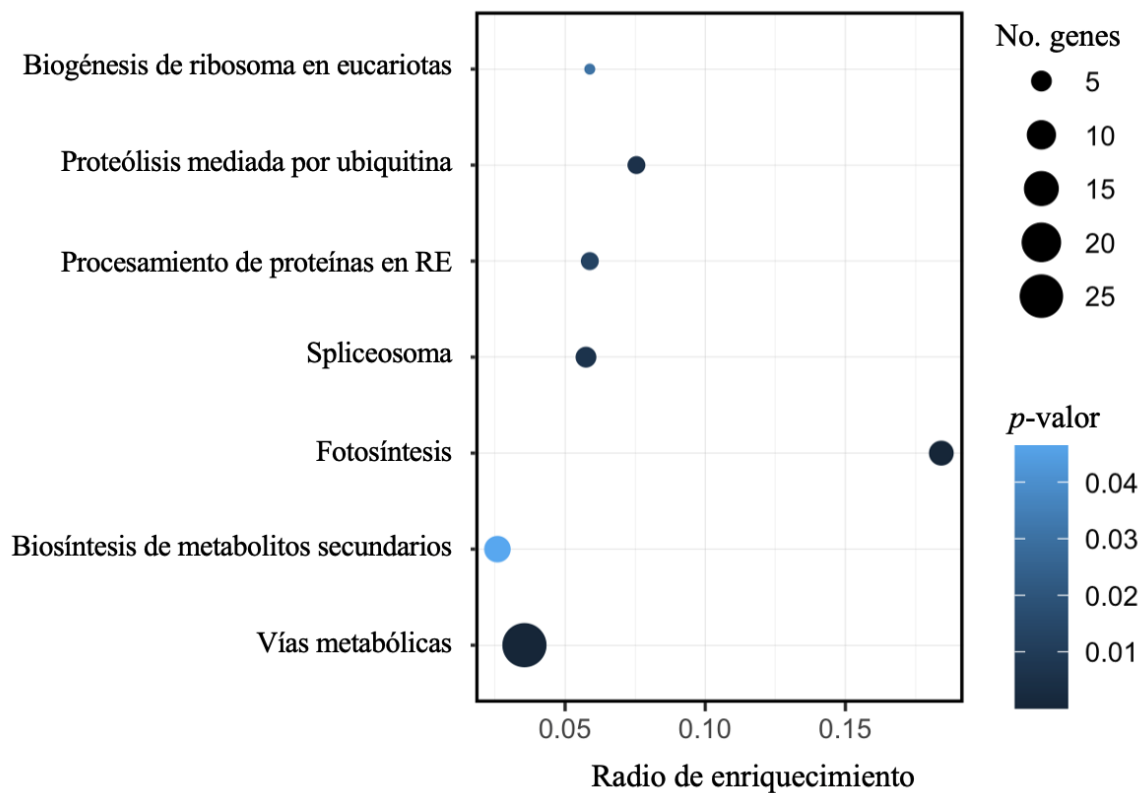
### Vías metabólicas enriquecidas Comparación Lf10 (0.18 mM) vs Cf (1.76 mM)

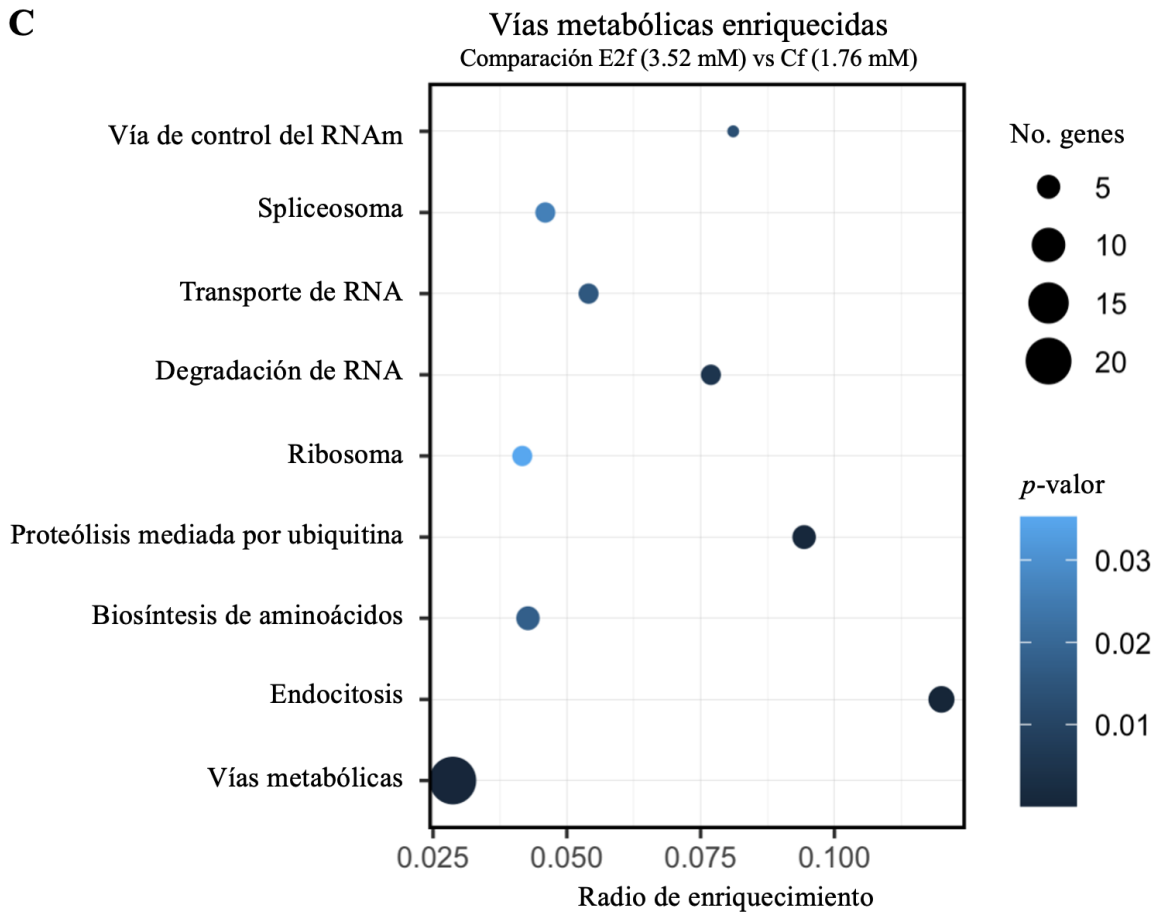


**B**

### Vías metabólicas enriquecidas

Comparación Lf4 (0.44 mM) vs Cf (1.76 mM)

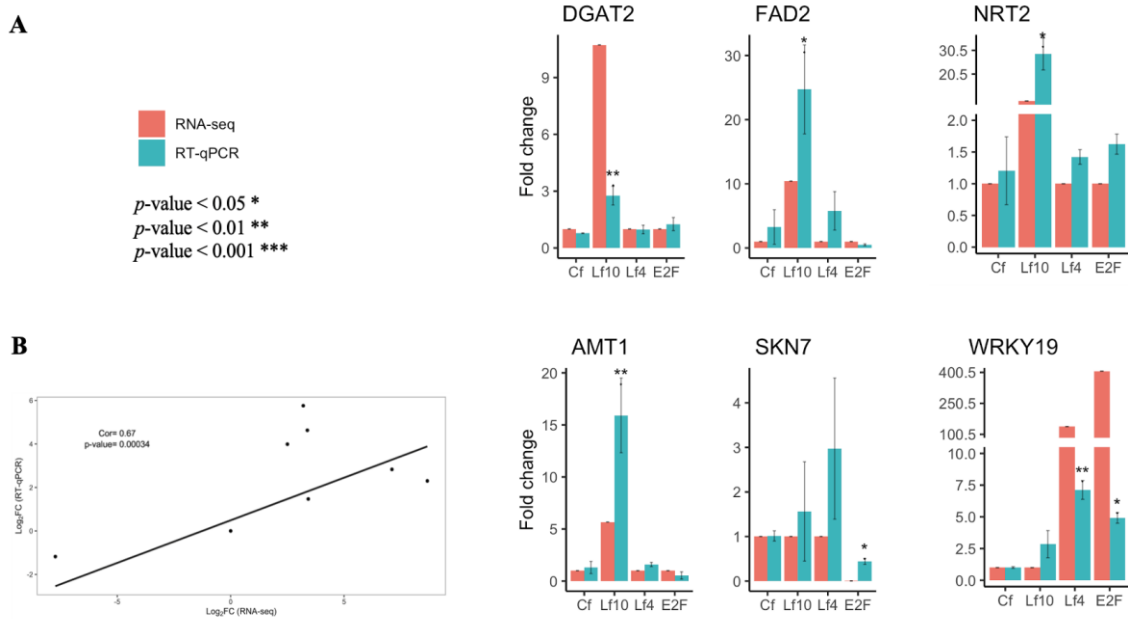




**Figura 13.** Análisis de enriquecimiento funcional KEGG de genes expresados diferencialmente en *Chaetoceros muelleri* bajo diferentes concentraciones de nitrógeno. A) Tratamiento Lf10 (0.18 mM) *versus* control Cf (1.76 mM). B) tratamiento con Lf4 (0.44 mM) *versus* control Cf (1.76 mM). C) tratamiento con E2f (3.53 mM) *versus* control Cf (1.76 mM).

### VI.2.3 Análisis qPCR de *C. muelleri* bajo diferentes concentraciones de nitrógeno

El análisis RT-qPCR se realizó utilizando seis DEGs relevantes seleccionados para corroborar los niveles de expresión de los genes ensamblados por análisis RNAseq. Comparamos el log<sub>2</sub>fold change (tratamiento *versus* control) obtenido de RNA seq y el análisis por RT-qPCR (Figura 14A). El análisis de regresión lineal mostró un coeficiente de correlación de Pearson de 0.67 (valor  $p = 0.00034$ ) que indica una correlación positiva entre los valores obtenidos por RNAseq y los valores de RT-qPCR (Figura 14B).



**Figura 14.** qPCR en tiempo real para genes expresados diferencialmente en el transcriptoma de *Chaetoceros muelleri*. A. Expresión relativa normalizada con el gen TBP (proteína de unión a TATA). B. El gráfico muestra el valor del coeficiente de correlación de Pearson entre las relaciones de expresión génica obtenidas del análisis RNA-Seq y RT-qPCR de *Chaetoceros muelleri*. AMT1: transportador de amonio 1, NRT2: transportador de nitrato, PTD12: delta(12)-ácido graso desaturasa, SKN7: factor de transcripción SKN7, WRKY19: factor de transcripción WRKY 19, DGAT2: diacilglicerol O-aciltransferasa 2.

#### VI.2.4 Señalización celular y metabolismo del nitrógeno

Las diatomeas son reconocidas por su habilidad para asimilar y utilizar eficientemente los nutrientes, particularmente el nitrógeno (N), que es un elemento esencial para su crecimiento y supervivencia (Andersen et al., 2020, Yakoob, 2021). Estos organismos poseen mecanismos para detectar y percibir cambios en la disponibilidad de N en su entorno. Tras la limitación de nitrógeno, las vías de señalización se activan para transmitir el estado de nitrógeno a la maquinaria celular. Se ha documentado que la vía del monofosfato de adenosina cíclico (cAMP) y las vías de señalización del calcio ( $Ca^{+2}$ ) (Helliwell, et al., 2021, Helliwell, 2023) están involucradas en la detección y señalización del nitrógeno en las algas. Las quinasas desempeñan un papel crucial en la transmisión de señales de nitrógeno a los efectores río abajo. Genes que codifican proteínas quinasas dependientes de cAMP se indujeron en Lf10 (0.18 mM) y E2f (3.53 mM) (Anexo 1). Además, se observó una inducción

en dos transcritos que codifican la proteína quinasa dependiente de  $\text{Ca}^{+2}$  en todos los tratamientos con N, cinco transcritos se reprimieron moderadamente en el tratamiento con Lf10 (0.18 mM) y E2f (3.53 mM). Esto sugiere que tanto la baja concentración de nitrato utilizada en este estudio (Lf10: 0.18 mM), como la más alta utilizada (E2f: 3.53 mM), activan las vías de detección de nitrógeno para iniciar el proceso de absorción de este nutriente.

Las diatomeas regulan la expresión y actividad de los transportadores responsables de la captación de nitrato ( $\text{NO}_3^-$ ) y amonio ( $\text{NH}_4^+$ ) del entorno circundante. El  $\text{NH}_4^+$  se puede incorporar rápidamente en aminoácidos y proteínas, lo que respalda el crecimiento de las diatomeas y las funciones celulares (Andersen et al., 2020). Las respuestas transcripcionales al tratamiento con N de *C. muelleri* mostraron la activación de respuestas de inanición de N: activación de la absorción, asimilación de N, eliminación y uso de fuentes de N orgánico. Las diatomeas poseen transportadores de nitrato (NRT) y transportadores de amonio (AMT) específicos, lo que permite una absorción eficiente de fuentes de nitrógeno en condiciones limitadas de nitrógeno (Glibert et al., 2015, Rogato et al., 2015, Kang y Rynearson, 2019, Helliwell, 2023). En este estudio, los genes relacionados con los transportadores de  $\text{NO}_3^-$  y  $\text{NH}_4^+$  se indujeron solo en el tratamiento más limitado (Anexo 2, Figura 16). La inducción de estos transportadores fue confirmada por RT-qPCR (Figura 14).

Las microalgas modulan la actividad y la expresión de enzimas involucradas en las vías de asimilación de nitrógeno, como la nitrato reductasa (NR), la nitrito reductasa (NIR) y la glutamina sintetasa (GLN1). Estas enzimas facilitan la conversión de nitrógeno inorgánico en formas orgánicas y la síntesis de aminoácidos para la producción de proteínas, sin embargo, ninguno de estos genes fue regulado ( $\text{FDR} < 0.05$ ) solo el gen que codifica para GLN1 fue reprimido en el tratamiento Lf10. A pesar de que el gen que codifica AMT está inducido, la represión de GLN1 sugiere una disminución en la asimilación de  $\text{NH}_4^+$  y, por lo tanto, en la biosíntesis de aminoácidos (Figura 14). En contraste con nuestros resultados, la NR se indujo en *Phaeodactylum tricornutum* (Alipanah et al., 2015), esta diferencia se puede atribuir a una privación completa de N en el medio, a diferencia de la concentración utilizada en este estudio (0.18 mM). Además de las fuentes de nitrógeno inorgánico, las diatomeas también pueden utilizar compuestos de nitrógeno orgánico (Alipanah et al., 2015, Andersen et al., 2020, Yaakob et al., 2021), en la condición más limitada de nitrógeno (Lf10) se observó una inducción de los genes que codifican las enzimas acetamidasa y formamidasa. Uno de

los siete transcritos relacionados con la actividad de la acetamidasa se indujo en Lf4 (0.44 mM) y se reprimió en E2f (3.53 mM) (Conjunto de datos complementario S2). Estas enzimas han sido reportadas previamente como inducidas en diatomeas que se encuentran en privación de nitrógeno (Wurch et al., 2011, Alipanah et al., 2015, Kolody et al., 2022, Luppette et al., 2022); estas enzimas pertenecen a la familia de las hidrolasas, que actúan sobre los enlaces carbono-nitrógeno, concretamente en las amidas lineales facilitando la descomposición de los compuestos orgánicos nitrogenados en  $\text{NH}_4^+$ , que posteriormente se asimila como biomasa de la diatomea (Worch et al., 2011, Kolody et al., 2022). Esta capacidad de utilizar nitrógeno orgánico amplía su potencial de absorción de nitrógeno, especialmente en entornos con nutrientes limitados.

Por otro lado, el ciclo de la urea es crucial para que las diatomeas fijen carbono y nitrógeno inorgánicos, lo que les permite responder rápidamente a un aumento en el suministro de nutrientes precedido por una limitación (Allen et al., 2011, Bender et al., 2012). Se observó la regulación de tres transcritos relacionados con la actividad de la ureasa, uno de ellos estaba inducido en el tratamiento Lf4 (0.44 mM) (Figura 16). Esto sugiere un aumento en el  $\text{NH}_4^+$  producido por la degradación de la arginina que puede redirigirse hacia la biosíntesis de aminoácidos (Allen et al., 2011, Alipanah et al., 2015).

El nitrógeno es un elemento fundamental para la síntesis de aminoácidos, los constituyentes principales de las proteínas (Hockin et al., 2012, Pan et al., 2020). Los aminoácidos contienen nitrógeno en forma de grupos amino ( $-\text{NH}_2$ ), que son cruciales para la formación de enlaces peptídicos y el ensamblaje posterior de cadenas polipeptídicas que se pliegan en proteínas funcionales. La disponibilidad de nitrógeno influye directamente en el conjunto de aminoácidos y, en consecuencia, en la síntesis de proteínas (Miller et al., 2008, Alipanah et al., 2015, Pan et al., 2020). La represión de transcritos relacionados con la biosíntesis de aminoácidos (ornitina, prolina y metionina) y la maquinaria de ensamblaje de proteínas (aminoacil-tRNA sintetisas, biogénesis de subunidades ribosómicas, iniciación de la traducción y factores de elongación), en tratamientos limitados en nitrógeno, sugieren una eficiencia reducida de la síntesis de proteínas. Esto se refleja en el bajo contenido de proteínas encontrados en los medios limitados, reportados anteriormente (de Jesús-Campos, et al., 2020). A pesar de que los genes asociados con la síntesis de proteínas y los procesos metabólicos están reprimidos, las células microalgales pueden priorizar la síntesis de

proteínas específicas. Esto puede resultar en cambios en el perfil general de proteínas, con un cambio hacia aquellas que son esenciales para la supervivencia en condiciones de estrés por nutrientes, como las involucradas en el metabolismo del nitrógeno y el transporte de nutrientes (Yang et al., 2013, Alipanah et al., 2015, Remmers et al., 2018, Leyland et al., 2020).

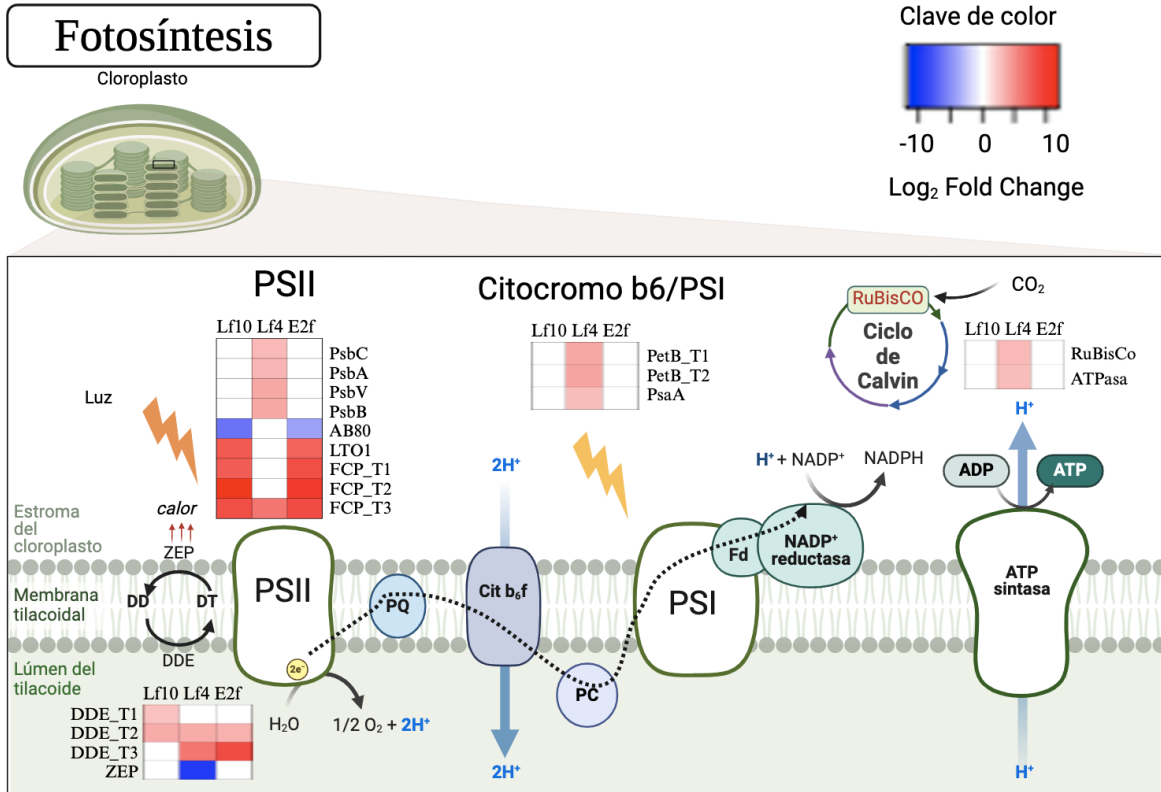
#### VI.2.5 Efecto de la concentración de nitrógeno en la fotosíntesis

Las diatomeas son el componente principal del fitoplancton, ya que realizan la fotosíntesis (fijan el dióxido de carbono), representan una gran proporción de la producción de oxígeno en la atmósfera terrestre y contribuyen sustancialmente a la producción primaria mundial (Mallimadugula y Hameed, 2023). El nitrógeno es un elemento esencial para la estructura y función de los organismos fotosintéticos, ya que es un componente fundamental de la clorofila, enzimas y proteínas involucradas en la fotosíntesis. La fotosíntesis es un proceso vital en plantas y algas que convierte la luz solar en energía química, facilitando la síntesis de compuestos orgánicos. La limitación de nitrógeno conduce a una disminución del contenido de clorofila en la microalga *C. muelleri* (Alipanah et al., 2015, Yaakob et al., 2021). A pesar de la reducción de la clorofila *a* (Tabla 5), los niveles de expresión de los genes que codifican los componentes de PSII, PSI y el complejo citocromo b6/f en el tratamiento Lf4 (0.44 mM) se indujeron; además, se indujo una ferredoxina dirigida a la reducción de NADP, lo que indica que se incrementó la producción de NADPH a través de la fotosíntesis (Figura 15).

Por otro lado, en el tratamiento Lf10, los genes que codifican las proteínas de unión a la clorofila *a/b* captadoras de luz (LHCb1) y la cochaperona auxiliar involucrada en el ensamblaje de RuBisCo (CPN20) fueron reprimidos (Anexo 4). Adicionalmente, se observó la inducción de genes relacionados con la proteólisis en el cloroplasto (Clp y la proteasa tipo DEG) lo que sugiere una degradación de las proteínas fotosintéticas dañadas (Schuhmann y Adamska., 2012, Nishimura, 2016). Esta represión de los genes, junto con proteólisis activa en el cloroplasto, indica una reducción de la capacidad de captación de luz, la eficiencia de los fotosistemas y la fijación de dióxido de carbono (Wei., 2014, Alipanah et al., 2015, Cointet et al., 2019, Rochaix , 2020).



Uno de los mecanismos de protección que utilizan los organismos fotosintéticos es la extinción de la fluorescencia de la clorofila no fotoquímica (NPQ); el NPQ es el principal mecanismo de fotoprotección a corto plazo para evitar el daño oxidativo mediante la disipación térmica de la energía de excitación absorbida en exceso (Lavaud y Lepetit, 2013, Liefer et al., 2019, Girolomoni et al., 2019). La inducción de transcritos codificantes de dos proteínas de extinción no fotoquímicas (LhcSR, FLAP1) en el tratamiento Lf10 (0.18 mM) y E2f (3.53 mM), sugiere una respuesta para mitigar el daño oxidativo en condiciones de exceso y deficiencia de nitrógeno (Lavaud y Lepetit, 2013, Liefer et al., 2019, Girolomoni et al., 2019, Qiao et al., 2021). El ciclo de la xantofila (XC) es otro proceso fotoprotector importante. El NPQ depende de la conversión de diadinoxantina (DD) en diatoxantina (DT) por la DD de-epoxidasa (DDE), que se encuentra en la luz de los tilacoides (Jakob et al., 2001, Lavaud et al., 2012, Kuczynska et al. al., 2015, Larkum, 2020, Blommaert et al., 2021). Tres transcritos que codifican DDE fueron inducidos por el tratamiento con N. Uno de ellos estaba moderadamente inducido en todos los tratamientos, otro estaba fuertemente inducido en Lf4 (0.44 mM) y E2f (3.53 mM), y el último solo estaba inducido en Lf10 (0.18 mM) (Figura 15). Esto indica una mayor acumulación de DT en los tratamientos Lf4 (0.44 mM) y E2f (3.53 mM) que en el tratamiento Lf10 (0.18 mM). Además, sugiere un aumento en la saturación de la fotosíntesis y la acidificación de la luz de los tilacoides que se necesita para la activación de DDE (Cruz y Serôdio, 2007, Blommaert et al., 2021)



#### Fotosistema II (PSII)

PsbC: proteína del centro de reacción del fotosistema II de 44 kDa,  
PsbA: proteína D1 del fotosistema II  
PsbV: Citocromo c550  
PsbB: proteína del centro de reacción CP47 del fotosistema II  
AB80: proteína de unión a clorofila ab80  
LTO1: tiol-disulfuro oxidoreductasa LTO1  
FCP: proteína de unión a fucoxantina-clorofila *a-c*

#### Ciclo de las xantinas

DDE: diadinoxantina deepoxidasa  
ZEP: Zeaxantina epoxidasa

#### Citocromo 6 / Fotosistema I (PSI)

PetB: Citocromo B6  
PsaA: Fotosistema I P700 clorofila *a* apoproteína A1

RuBisCo: ribulosa-bisfosfato carboxilasa, subunidad grande  
ATPase: subunidad beta de la ATP sintasa.

#### Tratamientos

Lf10: 0.18 mM de NaNO<sub>3</sub>  
Lf4: 0.44 mM de NaNO<sub>3</sub>  
E2f: 3.53 mM de NaNO<sub>3</sub>

**Figura 15.** Cambios en la regulación de genes expresados diferencialmente (DEGs) en la vía de la fotosíntesis. El color en los recuadros indica inducción o represión de los transcritos modulada para cada tratamiento, Lf10 (0.18mM), Lf4 (0.44 mM) y E2f (3.53 mM) en comparación con la muestra control ( $\log_2FC > |1|$ , FDR < 0.05). La barra de escala (arriba a la derecha) indica la medición de cambios en el nivel de expresión de los genes, siendo el azul y el rojo los más reprimidos e inducidos, respectivamente. Creado con Biorender (<https://biorender.com/>)

## VI.2.6 Efecto de la concentración de nitrógeno en el metabolismo de lípidos y carbohidratos

La energía luminosa capturada por la clorofila durante las reacciones luminosas de la fotosíntesis es esencial para la síntesis de enzimas involucradas en el ciclo de Calvin, donde el dióxido de carbono se convierte en carbohidratos (Alipanah et al., 2015, Cointent et al.,

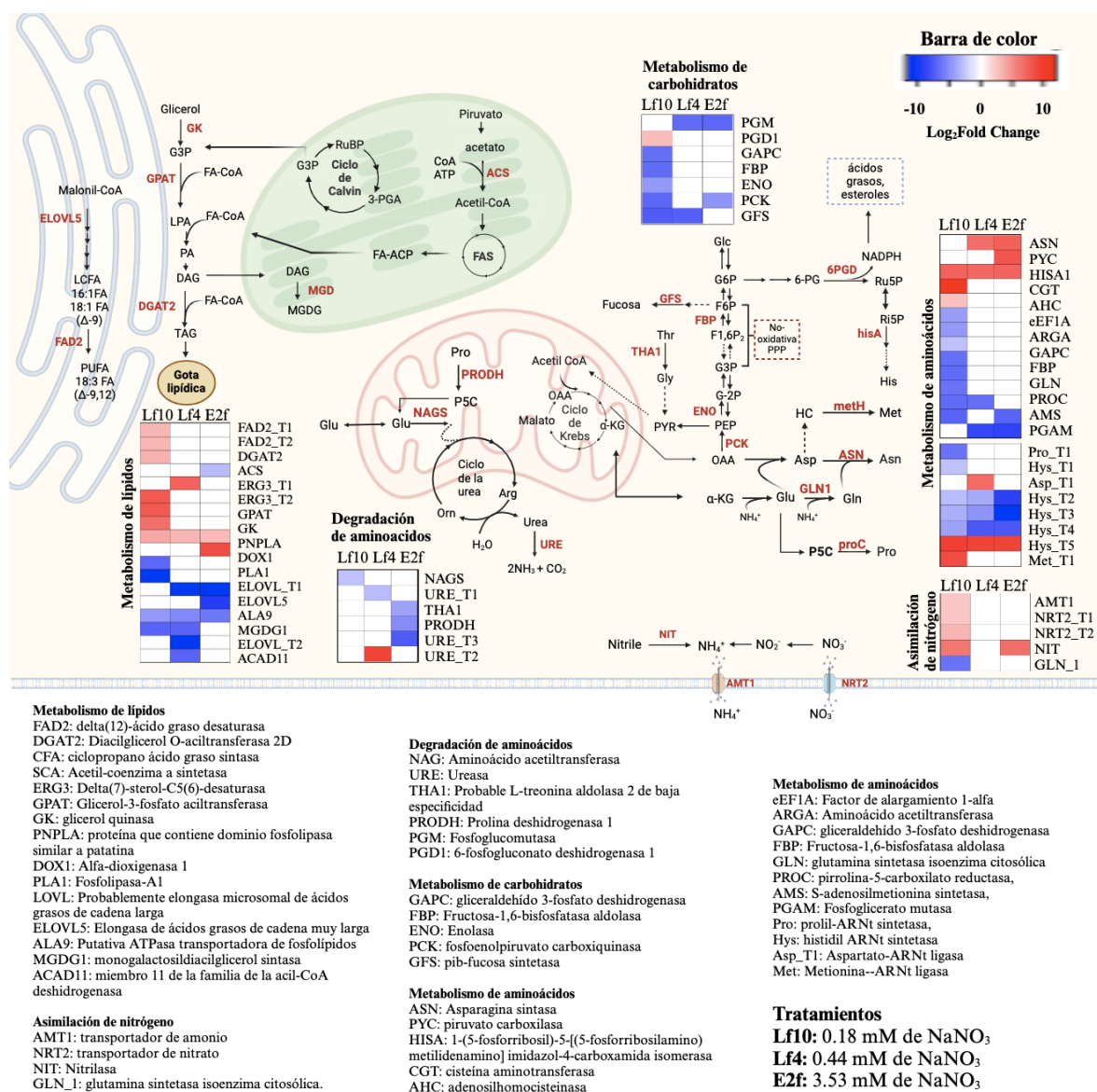
2019). La privación de nitrógeno también conduce a una represión de la fijación de carbono. Se observó que los genes que codifican enzimas involucradas en la gluconeogénesis, como la fosfoenolpiruvato carboxicinas (PCK) y la fructosa-1,6-bisfosfatasa aldolasa (FBP), estaban fuertemente reprimidos en el tratamiento Lf10; PCK se reprimió moderadamente en el tratamiento con E2f (3.53 mM). Además, siete transcritos relacionados con la síntesis de beta-glucano (KRE6, SKN1) se indujeron, la mayoría de ellos en el tratamiento E2f (3.53 mM) (Anexo 4, Figura 16). Por otro lado, en los procesos de asimilación de carbono, como el ciclo de Calvin, bajo la concentración de nitrógeno utilizada en este estudio, solo la succinato deshidrogenasa se reprimió en todos los tratamientos, lo que indica una disminución del metabolito fumarato y, por ende, en la forma reducida de flavina adenina dinucleótido (FADH<sub>2</sub>). Por el contrario, estudios previos han reportado la represión de la mayoría de los genes que codifican enzimas del ciclo de Calvin en *P. tricornutum*; esta represión se puede atribuir a una privación significativa de N (Alipanah et al., 2015). Nuestros hallazgos sugieren una respuesta más matizada a la disponibilidad de nitrógeno en *C. muelleri*. Por otro lado, las diatomeas ajustan su asignación de carbono para equilibrar los recursos energéticos y de carbono con una disponibilidad limitada de nitrógeno; el carbono se asigna a las vías de adquisición y asimilación de nitrógeno para apoyar la síntesis de compuestos nitrogenados. Genes relacionados con el transporte de azúcar, SWEET (Sugar Will Event Be Exported Transporter) fueron fuertemente inducidos en el tratamiento Lf10, la familia SWEET desempeña un papel crucial en la partición del azúcar y el metabolismo de los carbohidratos (Julius et al., 2017, Fleet et al., 2022).

Bajo estrés por nitrógeno, las algas pueden sufrir cambios en el metabolismo de los lípidos para conservar energía y redirigir los recursos hacia las funciones celulares esenciales. Los lípidos juegan un papel crucial en la fisiología y el metabolismo de los organismos, sirviendo como reservas de energía, componentes estructurales y moléculas de señalización. La remodelación y el recambio de lípidos contribuyen a la redistribución de los recursos de carbono y la conservación de energía. Este cambio metabólico promueve la acumulación de lípidos de almacenamiento, particularmente TAG, que pueden utilizarse como fuente de energía y carbono durante condiciones de limitación de nitrógeno (Yaakob, 2021). Las condiciones limitantes de nitrógeno conducen a la remodelación de los lípidos de la membrana para proporcionar precursores de TAG: se regula la transcripción que codifica las

fosfolipasas, que llevan a cabo la hidrólisis de los fosfolípidos, lo que da como resultado un mayor contenido intracelular de precursores de TAG como acil-CoA graso y ácido fosfatídico y diacilglicerol (Alipanah et al., 2015, Yakoob et al., 2021). En este estudio, el transcrito que codifica la fosfolipasa A1 (PA-PLA1) se reprimió fuertemente en el tratamiento Lf10; sin embargo, los transcritos que codifican la fosfolipasa D y la lipasa de tipo Patatina se indujeron en Lf10 (0.18 mM) y E2f (3.53 mM) respectivamente (Anexo 1 y 4, Figura 16). Además, La inducción de transcritos que codifican enzimas clave involucradas en la biosíntesis de lípidos y TAG, como la acetil-CoA sintetasa (ACS), la glicerol quinasa (GK), la glicerol-3-fosfato aciltransferasas (GPAT), la diacilglicerol aciltransferasa (DGAT2), conducen a un flujo mejorado de carbono hacia la biosíntesis de lípidos y la posterior acumulación de éstos bajo condiciones limitantes de N (Anexo 1 y 4, Figura 16) (de Jesús-Campos et al., 2020). La privación de nitrógeno a menudo conduce a cambios en el perfil de ácidos grasos; la represión del gen que codifica para la elongasa 5 de ácido graso ELOVL5, esencial para la síntesis de ácidos grasos de cadena muy larga, C>20 (VLCFA), sugiere un cambio hacia una disminución de la producción de VLCFA y, por lo tanto, a un aumento de ácidos grasos con cadenas de carbono <20. Estos resultados son consistentes con el contenido de VLCFA reportado anteriormente donde se observó una disminución del 20,71 % en el tratamiento Lf10 (0.18 mM) en comparación con el control Cf (de Jesús-Campos et al., 2020). Por el contrario, el contenido de ácidos grasos de cadena larga C16-C18 (AGCL) fue mayor en Lf10 (0.18 mM) hasta un 7.31 % más que el control (de Jesús-Campos et al., 2020). Curiosamente, a pesar de la inducción de dos transcritos que codifican para la desaturasa de ácidos grasos 2 (FAD2), los niveles de ácidos grasos poliinsaturados (PUFA) disminuyeron en un 12.1 % en el tratamiento Lf10 (0.18 mM) (de Jesús-Campos et al., 2020), lo que indica una posible regulación postranscripcional. Además, se reportó que la cantidad de ácidos grasos saturados (AGS) aumentó en Lf10 (0.18 mM) ( $40.72 \pm 1.71$  %) frente al control Cf ( $38.50 \pm 0.78$  %). Esto sugiere que el tratamiento limitante de nitrógeno Lf10 (0.18 mM) es una mejor opción entre las concentraciones probadas para la obtención de ácidos grasos saturados con cadenas de carbono que oscilan entre 16 y 18 átomos de C.

La privación de nitrógeno tiene un efecto profundo en la producción de lípidos, lo que resulta en un aumento en la proporción de lípidos de almacenamiento con longitudes de cadena de carbono largas y acumulación de ácidos grasos saturados (López-Elías et al, 2014,

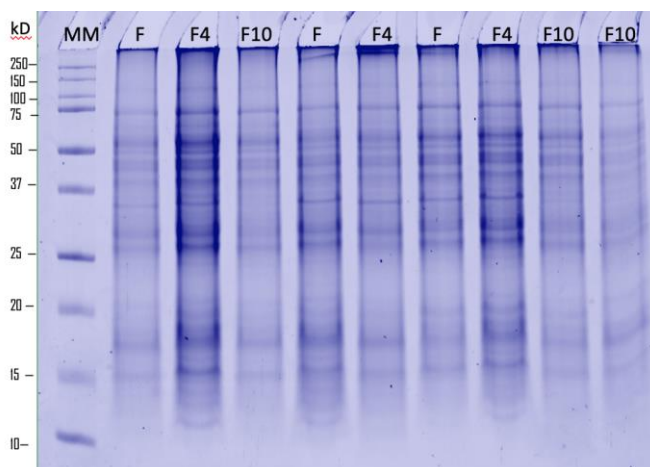
Lin et al., 2018, de Jesús-Campos et al., 2020). La acumulación de lípidos es una respuesta adaptativa al estrés nutricional. Este cambio metabólico representa una oportunidad para la producción sostenible de lípidos con aplicaciones potenciales en la producción de biocombustibles y otros sectores biotecnológicos (Zienkiewicz et al., 2020) (Figura, 16).



**Figura 16.** Resumen de cambios en la expresión de genes en las vías de glucólisis/gluconeogénesis, biosíntesis/degradación de aminoácidos; Metabolismo de lípidos y asimilación de nitrógeno. El color en los recuadros indica inducción o represión de los transcritos modulada para cada tratamiento, Lf10, Lf4 (0.44 mM) y E2f (3.53 mM) en comparación con la muestra control ( $\log_2FC > |1|$ , FDR < 0.05). La barra de color (arriba a la derecha) indica la medición de cambios en el nivel de expresión de los genes, siendo el azul y el rojo los más reprimidos e inducidos, respectivamente. Creado con Biorender (<https://biorender.com/>).

### VI.3 Perfil proteómico de *Chaetoceros muelleri* bajo limitación por nitrógeno

Las células microalgales contienen una amplia gama de proteínas que desempeñan funciones cruciales en diversos procesos celulares, desde la fotosíntesis hasta la reparación celular. Se examinaron los cambios en el proteoma de la microalga *C. muelleri* en respuesta a la exposición a tres concentraciones diferentes de nitrógeno. Se obtuvieron proteínas de buena calidad de cada uno de los tratamientos para su posterior digestión y etiquetado TMT10 plex. En la Figura 17 se muestra su calidad, mediante electroforesis SDS-PAGE al 13 % y las concentraciones obtenidas se muestran en la Tabla 7.



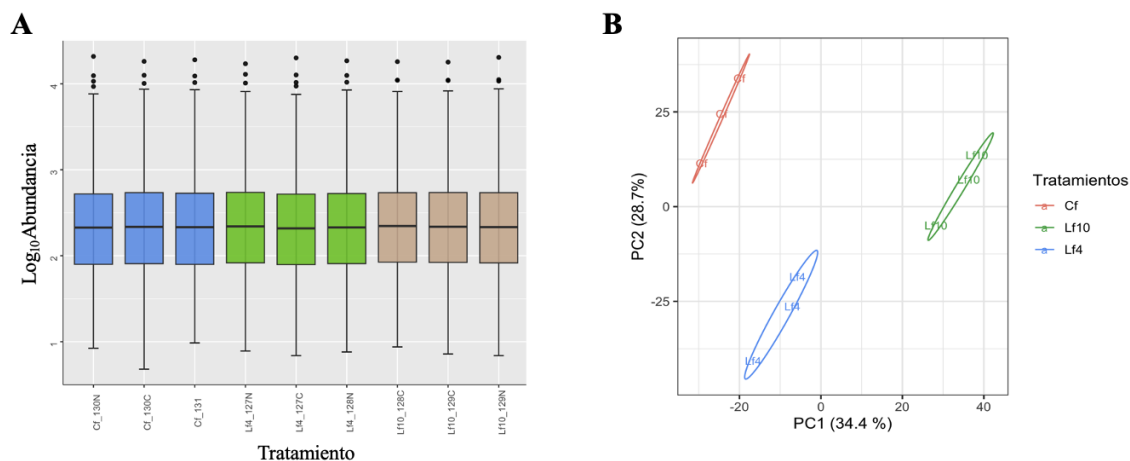
**Figura 17.** Electroforesis SDS-PAGE al 13 %, teñido con azul de Coomassie, de proteínas de *Chaetoceros muelleri* bajo diferentes concentraciones de nitrógeno. Carril 2-4, réplica biológica 1 (RB1). Carril 5-8, réplica biológica 2 (RB2). Carril 1) Marcador molecular 0.18 mM\_RB1, Carril 2) 0.44 mM\_RB1, Carril 3) 1.76 mM\_RB1, Carril 4) 3.53 mM\_RB1, Carril 5) 0.18 mM\_RB2, Carril 6) 0.44 mM\_RB2, Carril 7) 1.76 mM\_RB2, Carril 8) 3.53 mM\_R

**Tabla 7.** Concentración de proteínas de las muestras estudiadas

<b>Concentración</b>	<b>Concentración (<math>\mu\text{g}/\mu\text{l}</math>)</b>
0.18mM_RB1	3.28
0.18mM_RB2	4.32
0.18mM_RB3	2.67
0.18mM_RB1	3.28
0.18mM_RB2	4.32
0.18mM_RB3	2.67
0.44 mM_RB1	9.50
0.44 mM_RB2	6.29
0.44 mM_RB3	5.50
1.76mM_RB1	4.95
1.76mM_RB2	9.58
1.76mM_RB3	3.52

\*RB: Réplica biológica

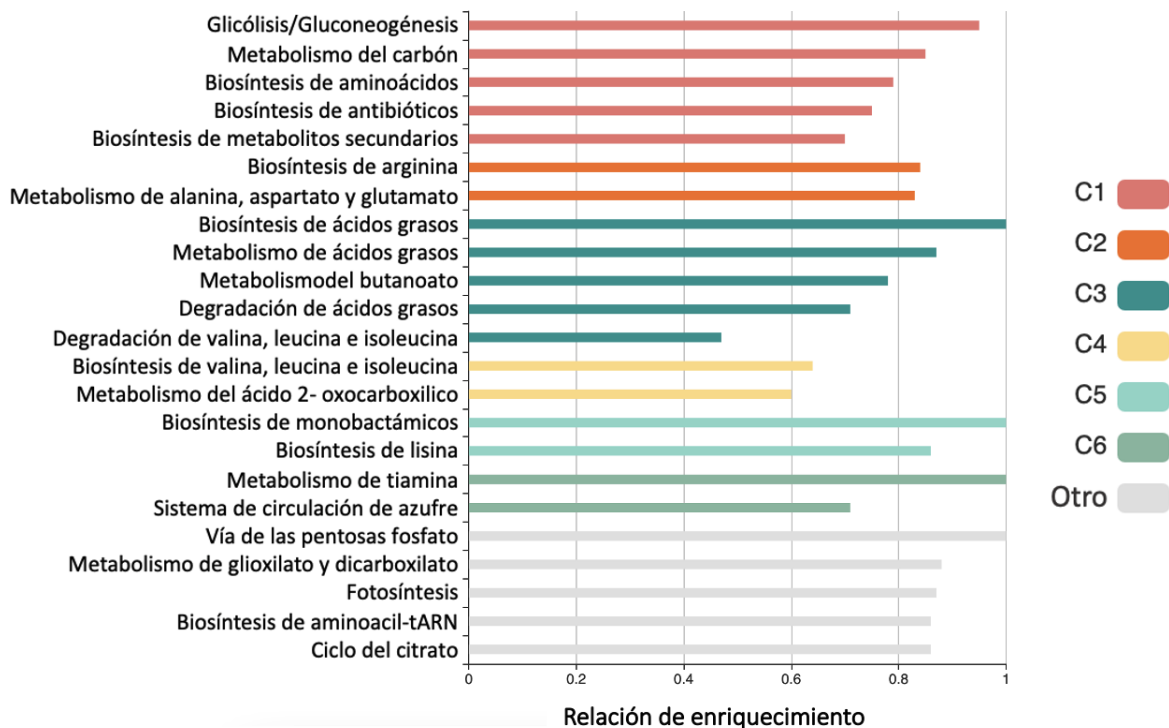
Para evaluar la variabilidad de los datos entre muestras y grupos se empleó la herramienta de análisis multivariado, Análisis de Componentes Principales (PCA) (Figura 18A). Los dos primeros ejes (PC1 y PC2) representaron el 63.1 % de la variabilidad (Figura 18B). El coeficiente de correlación entre los tres tratamientos y sus triplicados dentro de cada grupo indicó una buena repetibilidad de los datos.



**Figura 18.** Control de calidad de las muestras de proteínas de *Chaetoceros muelleri* bajo diferentes concentraciones de nitrógeno. **A.** Abundancia de las muestras **B.** Análisis de componentes principales (PCA). Lf10: 0.18 mM de NaNO<sub>3</sub>. Lf4: 0.44 mM de NaNO<sub>3</sub>. Cf: 1.78 mM de NaNO<sub>3</sub>.

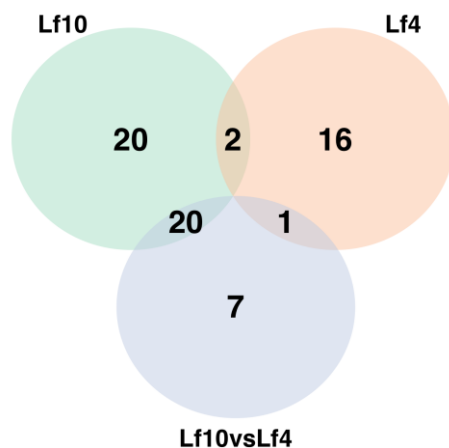
Se identificaron un total de 2814 proteínas en los tres tratamientos de *C. muelleri*. Las proteínas identificadas en todas las réplicas se incluyen en el archivo Anexo 5. Estas proteínas incluyen enzimas involucradas en la fotosíntesis y el metabolismo de los nutrientes (que son esenciales para la producción de energía), proteínas estructurales (que contribuyen a la arquitectura de la célula y brindan soporte) y, proteínas reguladoras (que controlan diversas actividades celulares, asegurando una coordinación y respuesta adecuadas a las señales ambientales). Además, se encontraron proteínas asociadas con respuestas al estrés, lo que les permite adaptarse a las concentraciones de nitrógeno. La Figura 19 muestra los términos enriquecidos en el proteoma de *C. muelleri*.





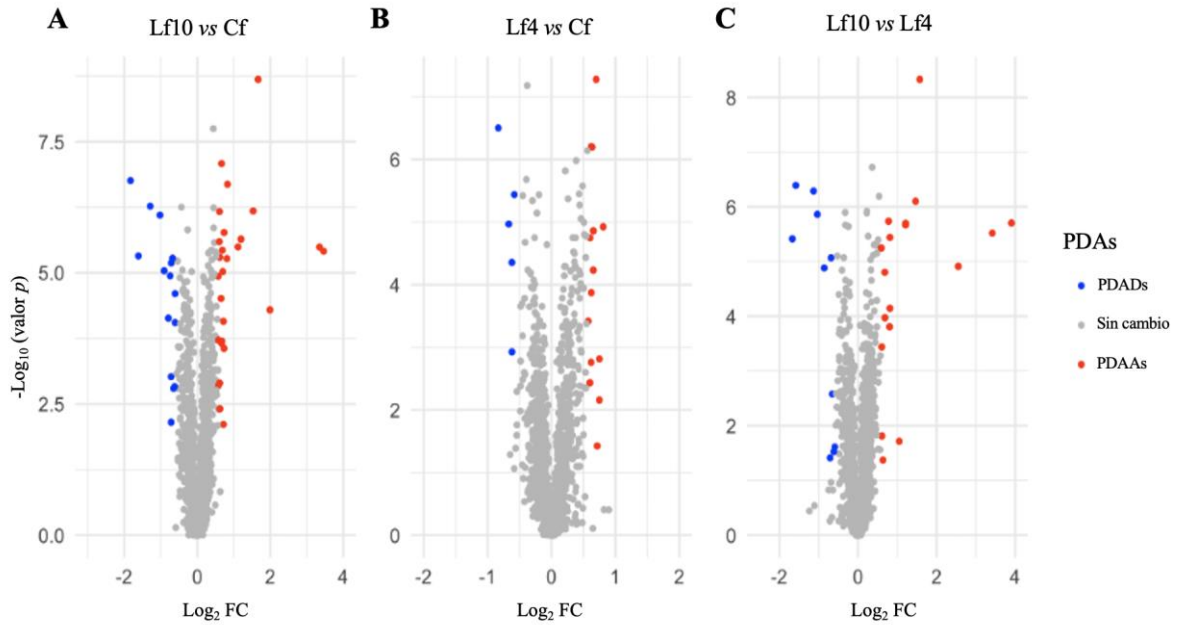
**Figura 19.** Términos enriquecidos del proteoma de *C. muelleri* bajo diferentes concentraciones de nitrógeno. Cada fila representa una función enriquecida y la longitud de la barra representa la proporción de enriquecimiento. El color de la barra representa diferentes grupos. Para cada grupo, si hay más de cinco términos, se mostrarán los cinco primeros con el índice de enriquecimiento más alto (valor- $p \geq 0.05$ ).

Un análisis comparativo de la condición del tratamiento (Lf10: 0.18 mM, Lf4: 0.44 mM) *versus* el control (Cf: 1.76 mM) y entre tratamientos (Lf10 vs Lf4) identificó proteínas con cambios de abundancia significativos ( $\log_2FC > |0,57|$  y valor de significancia  $p < 0.05$ ). De las 2814 proteínas que se identificaron consistentemente, 66 proteínas fueron diferencialmente abundantes (PDAs) entre las condiciones de crecimiento. El medio más limitado tuvo el número de PDAs más alto y solo se compartieron unas pocas proteínas entre los dos tratamientos limitantes (Figura 20). Por tanto, el proteoma de *C. muelleri* se ve significativamente influenciado por la concentración de nitrógeno.



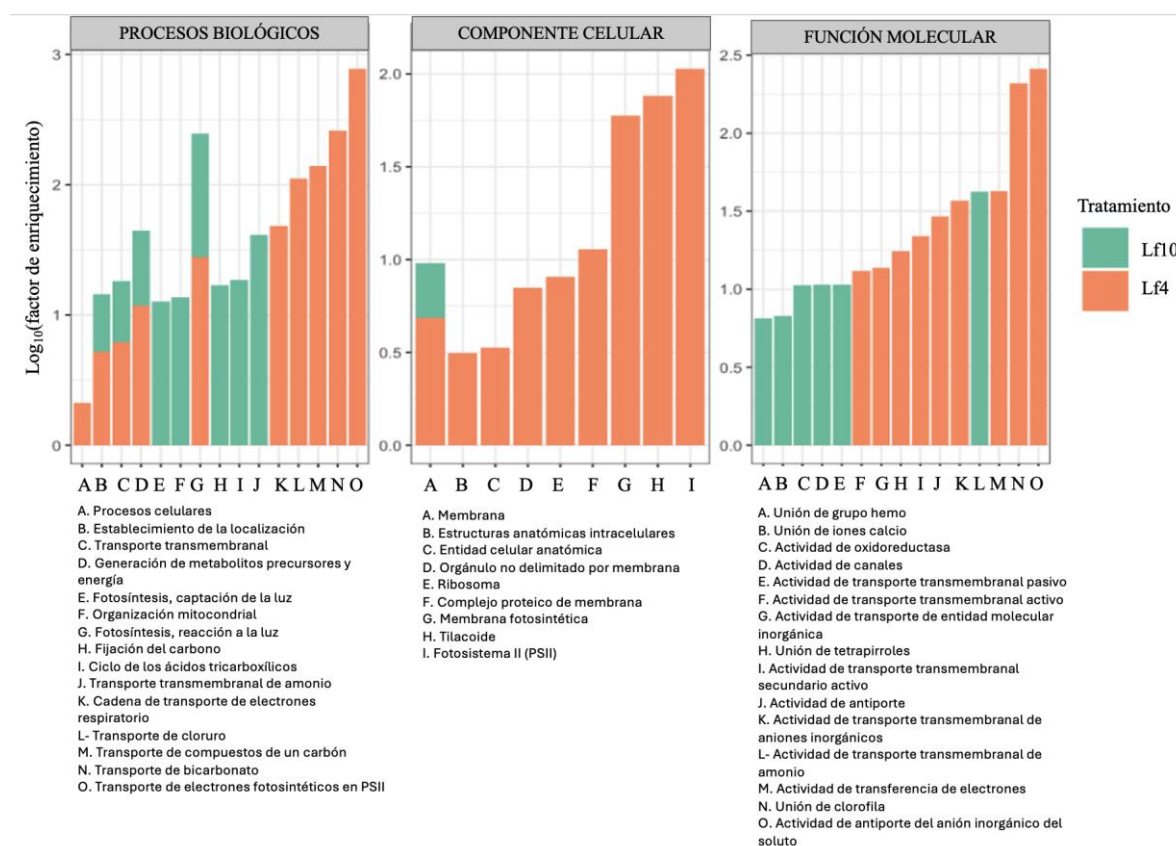
**Figura 20.** Distribución de las proteínas diferencialmente acumuladas (PDAs) de *C. muelleri*. Diagrama de Venn mostrando la distribución de 66 PDAs identificadas en la comparación de los tratamientos. Lf10: 0.18 mM de NaNO<sub>3</sub>, Lf4: 0.44 mM de NaNO<sub>3</sub>.

Al examinar el cambio en la abundancia de proteínas en el medio Lf10 (0.18 mM) en comparación con el control (Cf: 1.76 mM), se observaron 27 proteínas que aumentaron en abundancia (PDAAs) y 15 proteínas disminuyeron en abundancia (PDADs) (Figura 21A). Para el tratamiento Lf4 (0.44 mM), se encontraron 14 PDAAs y 5 PDADs (Figura 21B). En la comparación entre ambos tratamientos, 18 fueron PDAAs y 10 PDADs (Figura 21C).

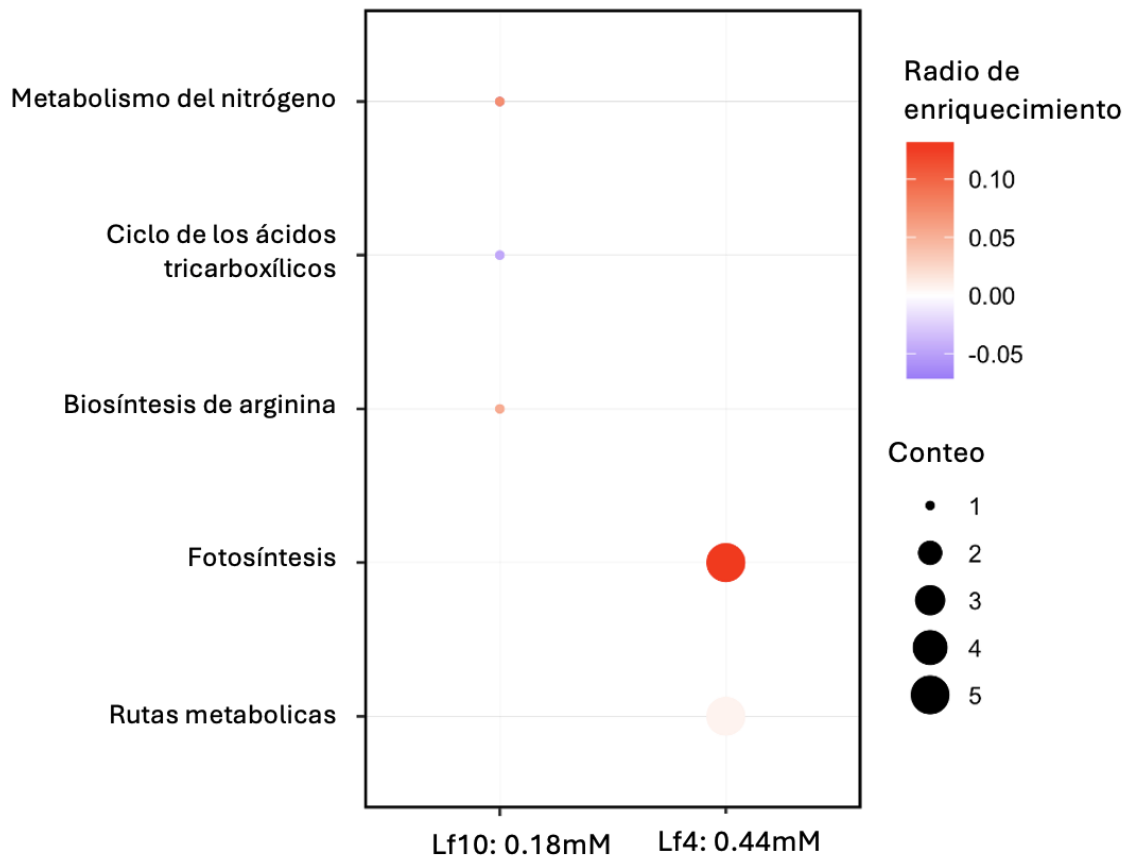


**Figura 21.** Proteínas diferencialmente acumuladas (DAP) de *C. muelleri*. Gráfico de volcán que muestra en el eje de las x el log<sub>2</sub> fold-change y en el eje y el valor de -Log<sub>10</sub> valor p de todas las proteínas identificadas. Las proteínas con un log<sub>2</sub> fold change > 0.57 y valor-p < 0.05 (-log<sub>10</sub> p > 1.3) son mostradas en rojo (PDAAs). Las proteínas con un log<sub>2</sub> fold change < -0.57 y p-value < 0.05 (-log<sub>10</sub> p > 1.3) son mostradas en azul (PDADs). Proteínas no significativas son mostradas en gris (sin cambio). Lf10: 0.18 mM de NaNO<sub>3</sub>, Lf4: 0.44 mM de NaNO<sub>3</sub>.

El análisis GO de las PDAs mostró, para el tratamiento Lf10, procesos biológicos enriquecidos interesantes y únicos como la fijación de carbono, el ciclo de los ácidos tricarbónicos y transporte de amonio (Figura 22A); por el contrario, en el tratamiento Lf4 (0.44 mM), se enriquecieron las categorías GO relacionadas con la fotosíntesis y los componentes fotosintéticos (Figura 22B).

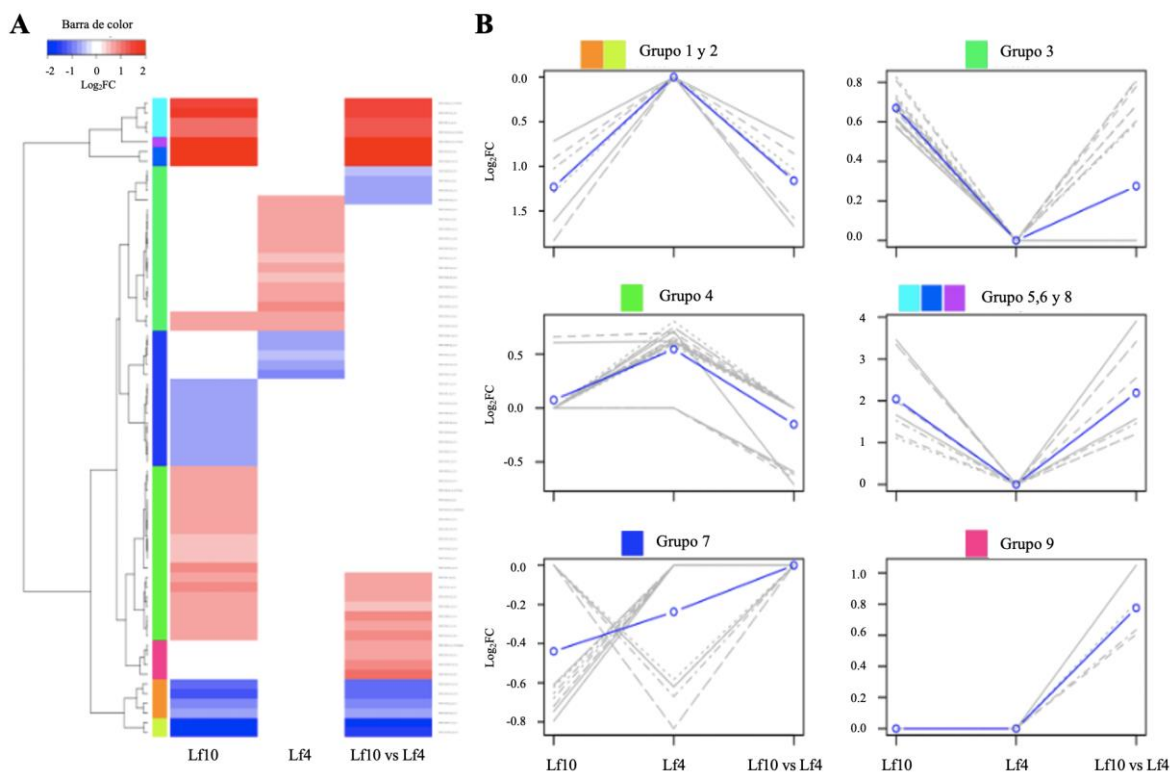


**Figura 22.** Análisis de enriquecimiento de ontología génica (GO) de proteínas diferencialmente acumuladas de *Chaetoceros muelleri* bajo diferentes concentraciones de nitrógeno. El eje “y” indica  $\text{Log}_{10}$  del factor de enriquecimiento para cada categoría. El color de la barra indica los tratamientos. El eje “x” indica los términos GO.



**Figura 23.** Análisis de enriquecimiento funcional KEGG de proteínas diferencialmente acumuladas en *Chaetoceros muelleri* bajo diferentes concentraciones de nitrógeno. El eje “y” indica las categorías KEGG. El círculo de color indica la relación de enriquecimiento (los valores positivos y negativos indican PDAAs y PDADs, respectivamente). El tamaño de los círculos indica el recuento de proteínas presentes en la vía. El eje “x” indica el tratamiento con nitrógeno.

En un análisis de agrupamiento de las 66 proteínas diferencialmente acumuladas (PDAs) se identificaron 9 grupos por niveles de abundancia (Figura 24, Anexo 6). Los grupos 1 y 2, comprendieron PDADs en el tratamiento Lf10, estas proteínas están involucradas en la utilización de carbohidratos (proteína de unión a D-treitol), asimilación de nitrógeno (ferredoxina-nitrito reductasa, cloroplástica), biosíntesis de compuestos nitrogenados que no forman parte de proteínas, como la beta-alanina (putativa aldehído deshidrogenasa) y la coenzima de varias enzimas oxidorreductasas, la flavodoxina.



**Figura 24.** Perfiles de proteínas diferencialmente acumuladas en *Chaetoceros muelleri* bajo diferentes concentraciones de nitrógeno. **A.** Visualización de mapa de calor de 66 proteínas diferencialmente acumuladas (PDAs) moduladas en cada tratamiento. La agrupación jerárquica por columnas representa cada tratamiento y cada fila representa una proteína. Los colores de la primera columna indican los grupos generados. La barra de color representa el valor de  $\text{Log}_2\text{Fold change}$  (rojo: PDAAs y azul: PDADs). **B.** Agrupación k-medias de PAD. Las líneas azules indican el centroide de las k-medias en cada grupo. Las líneas grises indican el nivel de patrones dinámicos de las proteínas en cada grupo. En el eje “x” los tratamientos con nitrógeno. Lf10: 0.18 mM de  $\text{NaNO}_3$ . Lf4: 0.44 mM de  $\text{NaNO}_3$ .

El grupo 3 incluyó la mayoría de las PDAs en el tratamiento Lf10 (0.18 mM) y están relacionadas con mecanismos de protección/regulación (zeaxantina epoxidasa cloroplástica, componente de protección de horquilla Swi3, proteína 1 de respuesta inducida por hipersensibilidad, proteína CREG1, poliamina aminopropiltransferasa 1, enzima E2 de conjugación de ubiquitina 27 y una probable proteína fijadora de calcio CML23) así como en la adquisición de grupos amonio (Peroxiureidoacrilato/ureidoacrilato amidohidrolasa y 5-hidroxiisourato hidrolasa). El grupo 4 incluyó PDAs en el tratamiento Lf4 (0.44 mM), estas proteínas son componentes de los fotosistemas I y II (clorofila *a* apoproteína A1 del fotosistema I P700, complejo citocromo b6/f, subunidad IV del citocromo c oxidasa, proteína del centro de reacción CP43 y CP47 del fotosistema II), proteínas implicadas en la protección

de las células del daño oxidativo (péptido metionina sulfóxido reductasa A3), el transporte de solutos a través de las membranas celulares como el intercambiador de bicarbonato de cloruro impulsado por sodio (SLC4) que desempeña un papel importante en la regulación del pH intracelular, el transporte de  $H^+/HCO_3^-$  y el transporte de  $CO_2$ . Entre otros de los transportadores incluidos, se encontró el miembro de la familia C2, que contiene el dominio EF-hand, una proteína que, entre sus funciones, media y modula la señalización intracelular por el calcio. La enzima primaria asimiladora de amonio y la glutamina sintetasa (GS), se incluyeron en el grupo 5 (PDAs en el tratamiento Lf0), y las proteínas inducibles por  $CO_2$ , B/C beta anhidrasas carbónicas, también se agruparon en este grupo. El grupo 6 incluyó 2 proteínas con los valores de abundancia más altos en el tratamiento Lf10, y solo se identificó una de ellas (componente del complejo del factor de iniciación de la traducción 2B). Las PDAs en el tratamiento Lf10 (0.18 mM) se aglutinaron en el grupo 7, como la proteína similar a quitinasa, la fosfoenolpiruvato sintasa y la O-acetil-L-homoserina sulfhidrilasa. Por otro lado, PDADs en el tratamiento Lf4 (0.44 mM) también se aglutinaron en este grupo, como la proteína ribosomal 50S L7/L12 y la N-alfa-acetiltransferasa 11. Finalmente, los grupos 8 y 9 incluyeron la proteína fasina y el factor de alargamiento Tu (EF-Tu) que participan en la biosíntesis de polihidroxialcanoato (PHA) y proteínas, respectivamente. Ambas proteínas acumuladas diferencialmente en el tratamiento Lf10.

#### VI.3.1 Efecto de las concentraciones de nitrógeno en la abundancia de proteínas relacionadas con la fotosíntesis.

La actividad fotosintética de las diatomeas es responsable de alrededor del 20 % de la productividad primaria mundial (Rosenwasser et al., 2014, Musheen et al., 2015). El análisis de cambios significativos en la abundancia de proteínas en las vías KEGG, así como en las proteínas agrupadas, reveló que en condiciones de limitación de nitrógeno (tratamiento con Lf4), *C. muelleri* reorganiza su proteoma para mejorar la eficiencia de la fotosíntesis (Figura 25, Tabla 8). Estos resultados difieren de los reportados para otras diatomeas como *Thalassiosira pseudonana* (Hockin et al., 2012; Chen et al., 2018) y *Phaeodactylum tricornutum* (Yang et al., 2014; Huang et al., 2018; Remmers et al., 2018), donde se reportó que las proteínas involucradas en la fotosíntesis, la biosíntesis de la clorofila y la biosíntesis de proteínas estaban disminuidas por el agotamiento del nitrógeno y, como consecuencia, la

eficiencia general de la fotosíntesis se compromete, afectando el crecimiento y la productividad de la diatomea.

**Tabla 8.** Proteínas diferencialmente acumuladas involucradas en la vía de la fotosíntesis.

Descripción	No Péptidos	Coertura [%]	Sum puntuación PEP	Lf10* treatment		Lf4* treatment		Lf10 vs LF4	
				Log2 FC	p-value adj.	Log2 FC	p-value adj.	Log2 FC	p-value adj.
Zeaxantina epoxidasa, cloroplástica	4	14	28.84	0.73	2.13E-04	0.00	0.00	0.59	5.54E-04
Proteína 6 de unión a clorofila ab, cloroplástico	6	28	39.79	0.70	4.24E-04	0.00	0.00	0.80	4.19E-04
Proteína de unión a clorofila ab 6A, cloroplástico	6	22	60.91	0.60	1.83E-04	0.60	3.17E-04	0.00	0.00
Fotosistema I P700 clorofila a apoproteína A1 (PsaA)	2	6	10.74	0.00	0.00	0.81	1.30E-03	0.00	0.00
Complejo citocromo b6/f (PetB)	2	16	16.47	0.00	0.00	0.72	1.94E-02	0.00	0.00
Proteína del centro de reacción CP43 del fotosistema II (D2/PsbD)	6	21	40.70	0.00	0.00	0.70	3.13E-03	0.00	0.00
Proteína del centro de reacción CP47 del fotosistema II (CP47/PsbB)	12	23	73.35	0.00	0.00	0.64	3.17E-04	0.00	0.00
Proteína del centro de reacción CP43 del fotosistema II (CP43/PsbC)	7	25	68.26	0.00	0.00	0.58	1.54E-03	0.00	0.00

\* Lf10: 0.18 mM de NaNO<sub>3</sub>, Lf4: 0.44 mM de NaNO<sub>3</sub>

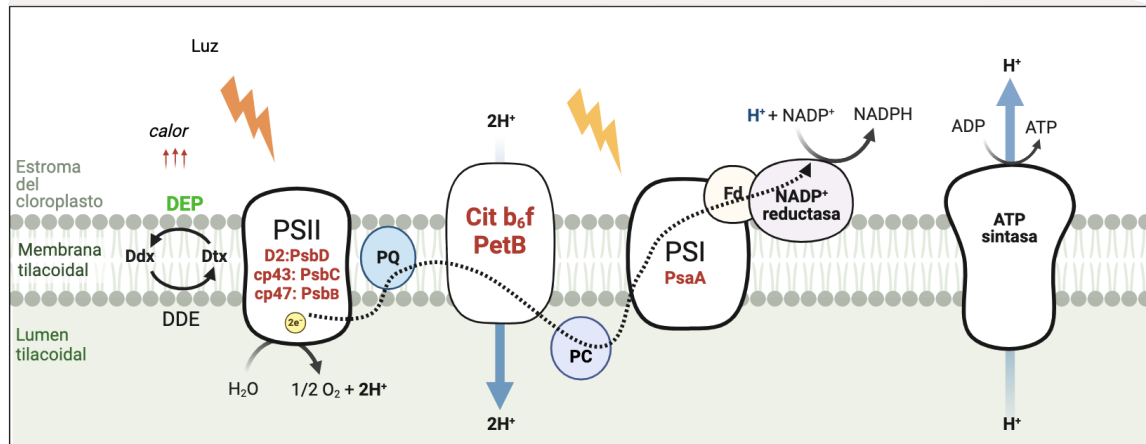
Bajo las condiciones limitantes probadas en esta investigación, el contenido de clorofila-*a* disminuyó en un 17 % y un 48 % en los tratamientos Lf4 (0.44 mM) y Lf10 (0.18 mM) respectivamente. En consecuencia, esta reducción en los niveles de clorofila disminuye la eficacia fotosintética debido a que la clorofila es responsable de absorber la energía luminosa durante la fotosíntesis (Alipanah et al., 2015; Yaakov et al., 2021; Scarsini et al., 2022), observándose un impacto más significativo en el tratamiento más limitado. Sin embargo, a pesar de las condiciones indicadas en este estudio (0.44 mM de NaNO<sub>3</sub>), se mantiene la producción de biomasa (de Jesús-Campos et al., 2020), por lo que un estudio a profundidad de la capacidad de fijación de carbono en estas condiciones podría ser clave para hacer más eficiente la producción de microalgas mediante herramientas biotecnológicas.

Por otro lado, entre los sistemas captadores de luz de los organismos fotosintéticos se encuentran miembros de la familia del complejo captador de luz (Lhc), que son proteínas de membrana que se unen de forma no covalente a clorofilas (Chl) y carotenoides (Büchel, 2020, Willows, 2020). En ambos tratamientos limitantes, la proteína de unión a clorofila *a/b* (LHCb1), que capta luz, aumentó significativamente respecto del control (Tabla 8); sin embargo, solo en el tratamiento Lf4 (0.44 mM), los componentes de PSII, PSI, la subunidad



IV de la citocromo c oxidasa y el complejo citocromo b6/ f fueron regulados positivamente para mantener la actividad fotosintética, que es crucial para su supervivencia y crecimiento. En condiciones limitantes severas, como el tratamiento Lf10, la reacción fotosintética alterada conduce a la sobreproducción de ROS, lo que potencialmente puede provocar fotodaño del aparato fotosintético (Rossenwasser et al., 2014). Una respuesta característica de las microalgas para mitigar este riesgo potencial es la disipación de la energía capturada en forma de calor, siendo el ciclo de las xantofilas uno de los mecanismos utilizados (Goss y Jakob, 2010) (Figura 25). En las diatomeas, este ciclo implica la producción del carotenoide diatoxantina (Dtx) a partir de la desepoxidación de diadinoxantina (Ddx) catalizada por la diadinoxantina desepoxidasa (DDE), y la reacción inversa es catalizada por la diatoxantina epoxidasa (DE) (Jakob et Blommaert et al., 2021). Este mecanismo puede disipar el 85 % de la energía capturada en forma de calor y minimizar la producción de ROS. Dado que la tasa de desepoxidación del pigmento es comparable a la tasa de epoxidación, esta reversibilidad permite una respuesta rápida y flexible a los cambios ambientales (Blommaert et al., 2021). En el tratamiento Lf10, la acumulación de la enzima epoxidasa (zeaxantina epoxidasa) sugiere la reacción de epoxidación de la diatoxantina, aliviando el aumento de la saturación fotosintética y la acidificación de la luz del tilacoide (Cruz y Serôdio, 2008; Blommaert et al., 2021).

# Fotosíntesis



**Figura 25.** Diagrama integrado de proteínas en las vías de fotosíntesis de *C. muelleri* bajo diferentes concentraciones de nitrógeno. Las PDA identificadas en el tratamiento Lf4 (0.44 mM de NaNO<sub>3</sub>) están en rojo y en verde en el tratamiento Lf10 (0.18 mM de NaNO<sub>3</sub>). Creado con Biorender (<https://biorender.com/>).

El nitrógeno es un elemento clave en la estructura de las proteínas implicadas en la fotosíntesis, como las enzimas y los componentes de la cadena de transporte de electrones. Bajo limitación de nitrógeno, *C. muelleri* puede aumentar la producción de proteínas relacionadas con la fotosíntesis para optimizar la eficiencia de los procesos fotosintéticos y maximizar el uso de los recursos disponibles, una respuesta estratégica para garantizar la continuación de la actividad fotosintética, que es vital para su producción de energía y crecimiento general.

## VI.3.2 Metabolismo del nitrógeno y del carbono bajo diferentes concentraciones de nitrógeno

Una característica predominante de las células sometidas a estrés ambiental es la generación de ROS. Los niveles de ROS pueden detectarse con precisión y desencadenar vías biológicas específicas. Se ha sugerido que las enzimas implicadas en el metabolismo del nitrógeno están reguladas por redox. (Rosenwasser et al., 2014). Las enzimas involucradas en las vías de asimilación de nitrógeno, como la nitrato reductasa (NR), la nitrito reductasa (NIR) y la

glutamina sintetasa (GLN1) facilitan la conversión de nitrógeno inorgánico en formas orgánicas y la síntesis de aminoácidos para la producción de proteínas (Alipanah et al., 2015); sin embargo, se ha demostrado que la asimilación de nitrógeno reduce su actividad en condiciones de estrés oxidativo (Rosenwasser et al., 2014). En las enzimas mencionadas, la ferredoxina-nitrito reductasa cloroplástica disminuyó en el tratamiento Lf10, lo que sugiere una disminución de la asimilación del nitrógeno extracelular atribuible a una mayor severidad de las condiciones de estrés oxidativo en el tratamiento más limitado.

La disminución de la asimilación de nitrógeno afecta la biosíntesis de aminoácidos; se encontró que enzimas como la estuvieron disminuidas en el tratamiento Lf10. Estos factores influyen en el conjunto de aminoácidos y, por tanto, en la síntesis de proteínas (Miller et al., 2008, Alipanah et al., 2015, Pan et al., 2020). Esto se refleja en el bajo contenido de proteínas en *C. muelleri*, donde se observó una disminución de un 28 % en el tratamiento Lf10 (0.18 mM) respecto del control (de Jesús-Campos et al., 2020). Las proteínas están involucradas en una amplia gama de procesos celulares, por lo que, la inhibición de su biosíntesis exacerba el estrés celular y las células de microalgas se someten a una reprogramación metabólica para adaptarse a condiciones limitadas de nitrógeno, esto incluye vías de reciclaje de nitrógeno para maximizar la eficiencia de utilización del nutriente. Se ha demostrado que las diatomeas pueden utilizar compuestos nitrogenados orgánicos (Alipanah et al., 2015, Andersen et al., 2020, Yaakob et al., 2021, Wurch et al., 2011, Kolody et al., 2022) uno de ellos es el catabolismo de purinas y pirimidinas como una fuente secundaria de nitrógeno (Alipanah et al., 2015). En el tratamiento con Lf10, las enzimas 5-hidroxiisourato hidrolasa y peroxiureidoacrilato/ ureidoacrilato amidohidrolasa RutB, implicadas en la degradación de purinas y pirimidinas aumentaron significativamente respecto del control (Anexo 6); además, la acumulación de la enzima glutamina sintetasa (GS), enzima con actividad específica en la asimilación primaria de amonio, implica un aumento de  $\text{NH}_4^+$  derivado de la degradación de compuestos nitrogenados orgánicos. Esto, a su vez, contribuye a la biosíntesis de aminoácidos y, en consecuencia, a la síntesis de proteínas esenciales. Por otro lado, la disminución, en el tratamiento Lf4 (0.44 mM), de la proteína ribosómica L7/L12, asociada con el inicio, elongación y terminación de la traducción (Carlson et al., 2017) y la N-alfa-acetiltransferasa 11, una proteína crítica para el desarrollo y la respuesta al estrés, la estabilidad y la translocación de proteínas (Giglionne y Meinnel, 2020) sugieren una

disminución en la eficiencia de la biosíntesis proteica. En la comparación entre los dos medios limitados, los valores de abundancia más altos, en el tratamiento con Lf10, del componente del complejo factor de iniciación de la traducción 2B y el factor de alargamiento Tu, con un papel fundamental en la biosíntesis de proteínas, podrían sugerir una mayor síntesis de proteínas en Lf10 (0.18 mM) que en Lf4 (0.44 mM), aunque esto no se refleja en el contenido de proteína reportado previamente, donde el tratamiento más limitado mostró un contenido de proteína menor que el tratamiento Lf4 (Lf10:  $10.82 \pm 1.48$  % vs Lf4:  $14.25 \pm 0.99$  %) (de Jesús-Campos et al., 2020). Este comportamiento sugiere un aumento en el recambio de proteínas en el medio más limitado, posiblemente para generar proteínas que promueven la supervivencia celular en condiciones limitantes de nitrógeno.

Las enzimas dentro del ciclo de Calvin facilitan la conversión de dióxido de carbono en carbohidratos, utilizando la energía producida durante las reacciones lumínicas de la fotosíntesis (Alipanah et al., 2015, Cointent et al., 2019). Si bien no se observaron cambios en la enzima RUBISCO o en las enzimas del ciclo de Calvin, la acumulación del transportador 3 de glicerol-3-fosfato en los tratamientos Lf4 (0.44 mM) y Lf10 (0.18 mM) sugiere una mayor importación y exportación de glicerol-3-fosfato, un precursor clave en el metabolismo de los lípidos, producción de energía y síntesis de membranas. Por otro lado, la fosfoenolpiruvato (PEP) sintasa disminuyó significativamente en el tratamiento Lf10. La PEP sintetasa convierte el piruvato en PEP, un paso esencial en la gluconeogénesis, una vía metabólica esencial para la regulación del nivel de glucosa. El PEP es un intermediario crucial en numerosas vías metabólicas que actúa como precursor de la biosíntesis de carbohidratos, aminoácidos y otros compuestos orgánicos (Smith et al., 2012). La disminución de esta enzima sugiere una disminución de la gluconeogénesis y, por ende, de los niveles de glucosa. Sin embargo, ambos tratamientos probados mostraron un aumento de proteínas involucradas en la optimización de la asimilación de carbono y la eficiencia fotosintética.

Las diatomeas, como muchos organismos acuáticos, han desarrollado mecanismos de concentración de carbono (CCM) para impulsar la fotosíntesis (Clement et al., 2017; Yang et al., 2020). En el tratamiento con Lf4 (0.44 mM), la acumulación de una proteína perteneciente a la familia SLC4, sugiere la facilitación de la absorción y el transporte de bicarbonato a través de las membranas celulares para la fijación de carbono; la función SLC4

podría afectar la aptitud y la supervivencia de las diatomeas en condiciones estresantes (Matsuda et al., 2017 Nawaly et al., 2023). Por otro lado, en el tratamiento más limitado Lf10, se observó la acumulación de la proteína beta anhidrasa carbónica ( $\beta$ -CA); en plantas, los  $\beta$ -CA son necesarias para el transporte y mantenimiento de las concentraciones de  $\text{CO}_2$  y  $\text{HCO}_3^-$  para la fotosíntesis. Esta proteína juega un papel importante en el mecanismo de la CCM y su acumulación sugiere que, bajo esta concentración, *C. muelleri* activa la CCM para mejorar la entrega de  $\text{CO}_2$  a RUBISCO dentro del cloroplasto, lo que indica la fijación activa de carbono. A diferencia de este estudio, otros autores han observado que, en condiciones de privación de N, la fijación de carbono se interrumpe, lo que lleva a una disminución de la biomasa y la productividad de las microalgas (Alipanah et al., 2015, Giri et al., 2022, Scarsini et al., 2022). Sin embargo, bajo las condiciones y la concentración de nitrógeno probadas (0.18 mM de  $\text{NaNO}_3$ ), es posible mantener el contenido de biomasa sin afectar la productividad de *C. muelleri* (de Jesus-Campos et al., 2020).

La privación de nitrógeno induce importantes adaptaciones metabólicas en las diatomeas, incluida la removilización de recursos internos que contienen nitrógeno y la remodelación de las estructuras de carbono y lípidos (Alipanah et al., 2015). Esto implica el aumento de la proteólisis con la finalidad de reciclar el nitrógeno y el carbono de las proteínas preformadas (Lu et al., 2020). Además, las diatomeas redirigen el nitrógeno intracelular para mejorar su capacidad de asimilación de nitrógeno a expensas de la asimilación fotosintética de carbono bajo privación de este nutriente. (Levitan et al., 2014). Este cambio enfatiza la priorización de la asimilación de nitrógeno sobre la fijación de carbono en las diatomeas cuando se enfrenta a la escasez de nitrógeno. Además, la respuesta proteómica de las diatomeas a diferentes concentraciones de nitrato indica una optimización general en la fijación de carbono, el metabolismo de los carbohidratos y los ácidos grasos, junto con un aumento en el reciclaje de nitrógeno (Bender et al., 2014). Este ajuste metabólico coordinado optimiza la utilización de nutrientes en condiciones de estrés por nitrógeno en las diatomeas.

### VI.3.3 Mecanismos de protección y regulación influenciados por la concentración de nitrógeno

La prosperidad ecológica de las diatomeas indica que han desarrollado varias tácticas para manejar el estrés por nutrientes para controlar y mantener la homeostasis celular. Se han identificado varias vías de señalización, incluidas las basadas en óxido nítrico (NO) y calcio ( $\text{Ca}_2^+$ ), y la vía de ubiquitina-proteosoma (UPP) (Liu et al., 2020, Helliwell et al., 2021, Graff van Creveld et al., 2022). El NO se puede producir a través de procesos enzimáticos, mediante la enzima NIR o procesos no enzimáticos como la reacción química entre el nitrito y las especies reactivas de oxígeno (ROS). Se ha demostrado que la producción intracelular de NO conduce a la degradación del complejo citocromo b6f bajo privación de nitrógeno. (Wei et al., 2014), sin embargo, en el tratamiento limitante de Lf4 (0.44 mM) probado, el citocromo b6 aumentó con respecto al control. El citocromo b6 es un componente del complejo citocromo b6f, que participa en la transferencia de electrones durante la fotosíntesis, por lo que una acumulación de citocromo b6 puede indicar una mayor actividad fotosintética. Por otro lado, la acumulación de posibles sensores de calcio, como la probable proteína fijadora de calcio CML23, puede regular los niveles de óxido nítrico en respuesta a la disminución de la concentración de nitrógeno (Tsai et al., 2007, Helliwell et al., 2021). Además, el aumento observado en el tratamiento Lf10 (0.18 mM) de proteínas asociadas con mecanismos de protección y regulación como la proteína 30 asociada al intermedio del Complejo I (CIA30), el componente de protección de la horquilla Swi3, la proteína CREG1 y la proteína 1 de respuesta inducida por hipersensibilidad sugiere su participación en el tratamiento celular, la señalización y la adaptación fisiológica, de *C. muelleri*, al estrés inducido por condiciones limitantes de nitrógeno. Estas adaptaciones pueden provocar alteraciones en la composición de las proteínas sintetizadas por la célula. Además, las proteínas implicadas en procesos no esenciales pueden disminuir o degradarse dentro de la célula para conservar recursos. La vía ubiquitina-proteosoma (UPP) representa el sistema de señales celulares más versátil responsable de eliminar péptidos y proteínas anormales y de vida corta. Estudios anteriores han demostrado que dicho sistema regula diversas funciones biológicas, incluidas las respuestas al estrés abiótico (Liu et al., 2020; Vasilopoulou et al., 2021). La enzima conjugadora de ubiquitina (E2) desempeña un papel fundamental en el transporte de ubiquitina desde la enzima activadora de ubiquitina (E1) a la enzima ubiquitina-

ligasa (E3) y al sustrato. Las enzimas E2 están presentes en todos los eucariotas y determinan la ubiquitinación de proteínas diana específicas etiquetándolas con diferentes tipos de enzimas E3 (van Wijk et al., 2010; Liu et al., 2020; Vasilopoulou et al., 2021). En las diatomeas, la UPP probablemente desempeña un papel crucial en la regulación de diversos procesos celulares, incluido el recambio de proteínas y el control de calidad, por lo que, se pueden degradar proteínas específicas en respuesta a cambios en las condiciones celulares, siendo una de ellas, las condiciones de estrés oxidativo (Muhseen et al., 2015; Vasilopoulou et al., 2021). La enzima conjugadora de ubiquitina E2 27 aumentó en el tratamiento más limitado, lo que sugiere un recambio proteico significativo, eliminando selectivamente proteínas no deseadas o dañadas, asegurando su funcionamiento adecuado y contribuyendo al mantenimiento de la homeostasis celular en condiciones limitantes de nitrógeno en las células de diatomeas.

Las condiciones de estrés oxidativo resultantes de la limitación de nitrógeno afectan a un gran número de reacciones metabólicas. Se ha observado que las flavodoxinas, pequeñas proteínas solubles de transferencia de electrones, en el fitoplancton reemplazan a las ferredoxinas, otra proteína redox, en condiciones de estrés oxidativo, aunque de manera menos eficiente (Graff van Creveld et al., 2023). La disminución de la flavodoxina en el tratamiento Lf10 (0.18 mM) sugiere que las concentraciones de nitrógeno pueden no ser lo suficientemente drásticas como para estimular la acumulación de esta proteína. Por otro lado, las condiciones de estrés oxidativo, en el tratamiento Lf4: 0.44 mM, son suficientes para oxidar el aminoácido metionina en las proteínas. La acumulación del péptido metionina sulfóxido reductasa A3 en este tratamiento permite restaurar la actividad proteica que ha sido inactivada por la oxidación de la metionina, desempeñando un papel protector contra el estrés oxidativo y previniendo el daño oxidativo celular (Sadanandom et al., 2000). Durante situaciones estresantes, las diatomeas, al igual que otros organismos, pueden producir diversas poliaminas. Las poliaminas, derivadas de aminoácidos, son moléculas que contienen múltiples residuos de amina y cumplen funciones cruciales en la preservación de diversos procesos biológicos, incluida la protección de los ácidos nucleicos, la regulación de la expresión genética y la traducción de proteínas, la modulación de la transducción de señales y la estabilización de la membrana celular (Lin y Lin, 2018). La acumulación de la poliamina

aminopropiltransferasa en el tratamiento Lf10 (0.18 mM) indica un aumento en la producción de poliaminas en *C. muelleri* como respuesta adaptativa al estrés.

El éxito ecológico de las diatomeas refleja su adaptación evolutiva para gestionar diversos factores estresantes. La acumulación de las proteínas que responden al estrés en el tratamiento Lf10 (0.18 mM) sugiere la movilización de mecanismos, por parte de la microalga, que le permitan adaptarse a un mayor nivel de estrés, dadas las condiciones más limitadas de nitrógeno. Las vías de señalización que involucran calcio y óxido nítrico pueden estar involucradas en la regulación de las respuestas celulares, con implicaciones potenciales para el crecimiento, la diferenciación e incluso la muerte celular. El estrés oxidativo resultante de la limitación de nitrógeno afecta numerosas reacciones metabólicas, observándose respuestas diferenciales en la expresión de flavodoxina y péptido metionina sulfóxido reductasa A3. Además, la producción de poliaminas en condiciones de estrés contribuye a la preservación de funciones celulares cruciales. En general, estos hallazgos arrojan luz sobre los intrincados mecanismos empleados por las diatomeas para hacer frente a los desafíos ambientales y garantizar su supervivencia.



## VII. CONCLUSIONES

La limitación de nitrógeno influye en el metabolismo de las diatomeas. El análisis transcripcional revela una respuesta de estrés exacerbada en *C. muelleri* bajo las condiciones más limitada de nitrógeno (0.18 mM), en comparación con las concentraciones más altas analizadas (0.44 mM, 1.78 mM y 3.53 mM).

Los cambios en la síntesis y composición de proteínas indican estrategias adaptativas de las diatomeas para optimizar la utilización de nitrógeno y minimizar las pérdidas, y de esta manera, sobrevivir en condiciones de escasez de este nutriente. Esto incluye optimizar la eficiencia fotosintética, redirigir los flujos metabólicos, ajustar el metabolismo central del carbono, mejorar la biosíntesis de lípidos y activar los mecanismos de protección y regulación, como el ciclo de las xantofilas para mitigar el fotodaño y la producción de ROS. Esto sugiere una respuesta dinámica al estrés, que potencialmente influye en la supervivencia celular. Estas adaptaciones afectan las propiedades fisicoquímicas de las biomoléculas y sus posibles aplicaciones en diversas industrias.

Comprender los efectos de la limitación de nitrógeno es crucial para optimizar la acumulación de lípidos y carotenoides, los perfiles de proteínas y aminoácidos, y la productividad y viabilidad económica general de las microalgas. Se recomiendan análisis metabolómicos para investigar más a fondo la expresión génica, el contenido de proteínas y la acumulación de metabolitos en condiciones de limitación de nitrógeno.

## VIII. RECOMENDACIONES

La optimización de los parámetros de cultivo, la comprensión profunda de las rutas metabólicas y los avances en las herramientas genéticas y las técnicas de ingeniería están avanzando continuamente en el campo de la mejora de la producción de metabolitos en las diatomeas, por lo que se recomienda:

- Realizar análisis metabolómicos completos para investigar los cambios en los perfiles de metabolitos. Esto proporcionará información sobre los ajustes metabólicos que realizan las diatomeas en respuesta a la privación de nitrógeno.
- Explorar más posibles aplicaciones de las diatomeas y sus biomoléculas en diversas industrias, como la de biocombustibles, nutracéuticos y farmacéutica.
- Realizar análisis de viabilidad económica para determinar la rentabilidad del uso de diatomeas para aplicaciones industriales, especialmente en condiciones de limitación de nitrógeno.
- Desarrollar enfoques integrales para optimizar el cultivo y la utilización de diatomeas.

Al abordar estos aspectos para obtener una comprensión más profunda de las respuestas fisiológicas y bioquímicas de las diatomeas a la privación de nitrógeno, conducirá a prácticas de cultivo optimizadas y posibles aplicaciones industriales.

## IX. LITERATURA CITADA

- Ahmad, I., Sharma, A. K., Daniell, H., & Kumar, S. (2015). Altered lipid composition and enhanced lipid production in green microalga by introduction of brassica diacylglycerol acyltransferase 2. *Plant biotechnology journal*, 13(4), 540-550.
- Al-Meshhdany, W. Y., & Hassan, F. M. (2020). Five diatom species identified by using potential application of next generation DNA sequencing. *Bulletin of the Iraq Natural History Museum (P-ISSN: 1017-8678, E-ISSN: 2311-9799)*, 16(1), 39-61.
- Al-Mola, H. F. (2009). Antibacterial activity of crude extracts and phlorotannin isolated from the diatom *Cymbella* spp. *J. Pharm. Res*, 2(3), 304-308.
- Alipanah, L., Rohloff, J., Winge, P., Bones, A. M., & Brembu, T. (2015). Whole-cell response to nitrogen deprivation in the diatom *Phaeodactylum tricornutum*. *Journal of experimental botany*, 66(20), 6281-6296.
- Allen, A. E., Dupont, C. L., Oborník, M., Horák, A., Nunes-Nesi, A., McCrow, J. P., Zheng, H., Johnson, D.A., Hu, H., Fernie, A.R. & Bowler, C. (2011). Evolution and metabolic significance of the urea cycle in photosynthetic diatoms. *Nature*, 473(7346), 203-207.
- Andersen, I. M., Williamson, T. J., González, M. J., & Vanni, M. J. (2020). Nitrate, ammonium, and phosphorus drive seasonal nutrient limitation of chlorophytes, cyanobacteria, and diatoms in a hyper-eutrophic reservoir. *Limnology and Oceanography*, 65(5), 962-978.
- Andersen, R.A. (2005). *Algal Culturing Techniques*. Elsevier Academic Press, USA.
- Arredondo, V.B.O. and Voltolina, D. (2007) Determinacion de pigmentos por espectrometría en Arredondo, V.B.O. and Voltolina, D. (Ed.), *Métodos y herramientas analíticas en la evaluación de la biomasa microalgal* (pp. 60-61). Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste.
- Athanasakoglou, A., & Kampranis, S. C. (2019). Diatom isoprenoids: Advances and biotechnological potential. *Biotechnology advances*, 107417.
- Babiak, W., & Krzemińska, I. (2021). Extracellular polymeric substances (EPS) as microalgal bioproducts: A review of factors affecting EPS synthesis and application in flocculation processes. *Energies*, 14(13), 4007.
- Baiden, N., Gandini, C., Goddard, P., & Sayanova, O. (2023). Heterologous expression of antimicrobial peptides S-thanatin and bovine lactoferricin in the marine diatom *Phaeodactylum tricornutum* enhances native antimicrobial activity against Gram-negative bacteria. *Algal Research*, 69, 102927.
- Baird, T. D., & DeLorenzo, M. E. (2010). Descriptive and mechanistic toxicity of conazole fungicides using the model test alga *Dunaliella tertiolecta* (*Chlorophyceae*). *Environmental toxicology*, 25(3), 213-220.
- Bajhaiya, A.K., Ziehe, Moreira J.Z. & Pittman J.K. (2017) Transcriptional engineering of microalgae: prospects for high-value chemicals. *Trends in Biotechnology*. 35:95–99.

- Balamurugan, S., Li, D. W., Wang, X., Yang, W. D., Liu, J. S., & Li, H. Y. (2019). Transcriptional Engineering for Enhancing Valuable Components in Photosynthetic Microalgae. In *Advances in Plant Transgenics: Methods and Applications* (pp. 353-366). Springer, Singapore.
- Barkia, I., Al-Haj, L., Abdul Hamid, A., Zakaria, M., Saari, N., & Zadjali, F. (2019). Indigenous marine diatoms as novel sources of bioactive peptides with antihypertensive and antioxidant properties. *International Journal of Food Science & Technology*, *54*(5), 1514-1522.
- Barone, V., Baglieri, A., Stevanato, P., Broccanello, C., Bertoldo, G., Bertaggia, M., Cagnin, M., Pizzeghello, D., Moliterni, V.M.C., Mandolino, G., Fornasier, F., Squartini, A., Nardi, S. & Concheri, G. (2018). Root morphological and molecular responses induced by microalgae extracts in sugar beet (*Beta vulgaris* L.). *Journal of Applied Phycology*, *30*, 1061-1071.
- Bayramova, E. M., Bedoshvili, Y. D., & Likhoshway, Y. V. (2023). Molecular and cellular mechanisms of diatom response to environmental changes. *Limnology and Freshwater Biology*, 20-30.
- Bender, S. J., Parker, M. S., & Armbrust, E. V. (2012). Coupled effects of light and nitrogen source on the urea cycle and nitrogen metabolism over a diel cycle in the marine diatom *Thalassiosira pseudonana*. *Protist*, *163*(2), 232-251.
- Bhattacharya, M., & Goswami, S. (2020). Microalgae—A green multi-product biorefinery for future industrial prospects. *Biocatalysis and Agricultural Biotechnology*, *25*, 101580.
- Bibi, F., Jamal, A., Huang, Z., Urynowicz, M., & Ali, M. I. (2022). Advancement and role of abiotic stresses in microalgae biorefinery with a focus on lipid production. *Fuel*, *316*, 123192.
- Bilal, M., Rasheed, T., Ahmed, I., & Iqbal, H. M. (2017). High-value compounds from microalgae with industrial exploitability—A review. *Front Biosci*, *9*(3), 319-342.
- Blommaert, L., Chafai, L., & Bailleul, B. (2021). The fine-tuning of NPQ in diatoms relies on the regulation of both xanthophyll cycle enzymes. *Scientific Reports*, *11*(1), 12750.
- Bolger, A. M., Lohse, M., & Usadel, B. (2014). Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data. *Bioinformatics*, *30*(15), 2114-2120.
- Botte, P., d'Ippolito, G., Gallo, C., Sardo, A., & Fontana, A. (2018). Combined exploitation of CO<sub>2</sub> and nutrient replenishment for increasing biomass and lipid productivity of the marine diatoms *Thalassiosira weissflogii* and *Cyclotella cryptica*. *Journal of applied phycology*, *30*(1), 243-251.
- Bouhleb, Z., Arnold, A. A., Deschênes, J. S., Mouget, J. L., Warschawski, D. E., Tremblay, R., & Marcotte, I. (2021). Investigating the action of the microalgal pigment marennine on *Vibrio splendidus* by in vivo 2H and 31P solid-state NMR. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Biomembranes*, *1863*(9), 183642.
- Brembu, T., Mühlroth, A., Alipanah, L., & Bones, A. M. (2017). The effects of phosphorus limitation on carbon metabolism in diatoms. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, *372*(1728), 20160406.

- Brown, M. R., Jeffrey, S. W., Volkman, J. K., & Dunstan, G. A. (1997). Nutritional properties of microalgae for mariculture. *Aquaculture*, 151(1-4), 315-331.
- Bu, D., Luo, H., Huo, P., Wang, Z., Zhang, S., He, Z., Wu, Y., Zhao, L., Liu, J., Guo, J., Fang, S., Cao, W., Yi, L., Zhao, Y. & Kong, L. (2021). KOBAS-i: intelligent prioritization and exploratory visualization of biological functions for gene enrichment analysis. *Nucleic acids research*, 49(W1), W317-W325.
- Büchel, C. (2020). Light harvesting complexes in chlorophyll c-containing algae. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Bioenergetics*, 1861(4), 148027.
- Capella, V. B. (2016). La revolución de la edición genética mediante CRISPR-Cas 9 y los desafíos éticos y regulatorios que comporta. *Cuadernos de bioética*, 27(2), 223-239.
- Carfagna, S., Bottone, C., Cataletto, P. R., Petriccione, M., Pinto, G., Salbitani, G., Vona, V., Pollio, A. & Ciniglia, C. (2016). Impact of sulfur starvation in autotrophic and heterotrophic cultures of the extremophilic microalga *Galdieria phlegrea* (Cyanidiophyceae). *Plant and Cell Physiology*, 57(9), 1890-1898.
- Carlson, M. A., Haddad, B. G., Weis, A. J., Blackwood, C. S., Shelton, C. D., Wuerth, M. E., Walter, J.D. & Spiegel Jr, P. C. (2017). Ribosomal protein L7/L12 is required for GTPase translation factors EF-G, RF 3, and IF 2 to bind in their GTP state to 70S ribosomes. *The FEBS journal*, 284(11), 1631-1643.
- Chakdar, H., & Pabbi, S. (2017). Algal pigments for human health and cosmeceuticals. In *Algal green chemistry* (pp. 171-188). Elsevier.
- Chauton, M. S., Olsen, Y., & Vadstein, O. (2013). Biomass production from the microalga *Phaeodactylum tricornutum*: nutrient stress and chemical composition in exponential fed-batch cultures. *Biomass and bioenergy*, 58, 87-94.
- Chen, C. Y., Kao, A. L., Tsai, Z. C., Chow, T. J., Chang, H. Y., Zhao, X. Q., Chen, P.T., Su, H.Y. & Chang, J. S. (2016). Expression of type 2 diacylglycerol acyltransferase gene DGTT1 from *Chlamydomonas reinhardtii* enhances lipid production in *Scenedesmus obliquus*. *Biotechnology journal*, 11(3), 336-344.
- Chen, G., Wang, B., Han, D., Sommerfeld, M., Lu, Y., Chen, F., & Hu, Q. (2015). Molecular mechanisms of the coordination between astaxanthin and fatty acid biosynthesis in *Haematococcus pluvialis* (Chlorophyceae). *The Plant Journal*, 81(1), 95-107.
- Chen, J. W., Liu, W. J., Hu, D. X., Wang, X., Balamurugan, S., Alimujiang, A., Yang, W.D., Liu, J.S. & Li, H. Y. (2017). Identification of a malonyl CoA-acyl carrier protein transacylase and its regulatory role in fatty acid biosynthesis in oleaginous microalga *Nannochloropsis oceanica*. *Biotechnology and applied biochemistry*, 64(5), 620-626.
- Chen, X. H., Li, Y. Y., Zhang, H., Xie, Z. X., & Wang, D. Z. (2018). Quantitative proteomics reveals common and specific responses of a marine diatom *Thalassiosira pseudonana* to different macronutrient deficiencies. *Frontiers in Microbiology*, 9, 407582.
- Cheng, H., Shao, Z., Lu, C., & Duan, D. (2021). Genome-wide identification of chitinase genes in *Thalassiosira pseudonana* and analysis of their expression under abiotic stresses. *BMC Plant Biology*, 21(1), 1-14.

- Clement, R., Jensen, E., Prioretti, L., Maberly, S. C., & Gontero, B. (2017). Diversity of CO<sub>2</sub>-concentrating mechanisms and responses to CO<sub>2</sub> concentration in marine and freshwater diatoms. *Journal of Experimental Botany*, 68(14), 3925-3935.
- Coêlho, D. D. F., Tundisi, L. L., Cerqueira, K. S., Rodrigues, J. R. D. S., Mazzola, P. G., Tambourgi, E. B., & Souza, R. R. D. (2019). Microalgae: cultivation aspects and bioactive compounds. *Brazilian Archives of Biology and Technology*, 62, e19180343.
- Cointet, E., Wielgosz-Collin, G., Bougaran, G., Rabesaotra, V., Gonçalves, O., & Méléder, V. (2019). Effects of light and nitrogen availability on photosynthetic efficiency and fatty acid content of three original benthic diatom strains. *Plos one*, 14(11), e0224701.
- Conesa, A., Götz, S., García-Gómez, J. M., Terol, J., Talón, M., & Robles, M. (2005). Blast2GO: a universal tool for annotation, visualization and analysis in functional genomics research. *Bioinformatics*, 21(18), 3674-3676.
- Costa, A. P. T., & Schneck, F. (2022). Diatoms as indicators in running waters: trends of studies on biological assessment and monitoring. *Environmental Monitoring and Assessment*, 194(10), 695.
- Cramer, J. T., Führung, J. I., Baruch, P., Brütting, C., Knölker, H. J., Gerardy-Schahn, R., & Fedorov, R. (2018). Decoding allosteric networks in biocatalysts: rational approach to therapies and biotechnologies. *ACS catalysis*, 8(4), 2683-2692.
- Cray, R., & Levine, I. (2022). Oxidative stress modulates astaxanthin synthesis in *Haematococcus pluvialis*. *Journal of Applied Phycology*, 34(5), 2327-2338.
- Cruz, S., & Serôdio, J. (2008). Relationship of rapid light curves of variable fluorescence to photoacclimation and non-photochemical quenching in a benthic diatom. *Aquatic Botany*, 88(3), 256-264.
- Cui, J., Diao, J., Sun, T., Shi, M., Liu, L., Wang, F., Chen, L., & Zhang, W. (2018). <sup>13</sup>C metabolic flux analysis of enhanced lipid accumulation modulated by ethanolamine in *Cryptocodinium cohnii*. *Frontiers in microbiology*, 9, 956.
- D'Adamo, S., Schiano di Visconte, G., Lowe, G., Szaub-Newton, J., Beacham, T., Landels, A., Allen, A.J. & Matthijs, M. (2019). Engineering the unicellular alga *Phaeodactylum tricorutum* for high-value plant triterpenoid production. *Plant biotechnology journal*, 17(1), 75-87.
- da Silva Ferreira, V., & Sant'Anna, C. (2017). Impact of culture conditions on the chlorophyll content of microalgae for biotechnological applications. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 33(1), 20.
- Daboussi, F., Leduc, S., Maréchal, A., Dubois, G., Guyot, V., Perez-Michaut, C., ... & Duchateau, P. (2014). Genome engineering empowers the diatom *Phaeodactylum tricorutum* for biotechnology. *Nature communications*, 5(1), 1-7.
- Darvehei, P., Bahri, P. A., & Moheimani, N. R. (2018). Model development for the growth of microalgae: A review. *Renewable and Sustainable Energy Reviews*, 97, 233-258.
- de Grahl, I., & Reumann, S. (2021). Stramenopile microalgae as “green biofactories” for recombinant protein production. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 37(9), 163.

- de Jesus Raposo, M. F., De Morais, R. M. S. C., & de Morais, A. M. M. B. (2013). Bioactivity and applications of sulphated polysaccharides from marine microalgae. *Marine drugs*, *11*(1), 233-252.
- de Jesús-Campos, D., López-Elías, J. A., Medina-Juarez, L. Á., Carvallo-Ruiz, G., Fimbres-Olivarria, D., & Hayano-Kanashiro, C. (2020). Chemical composition, fatty acid profile and molecular changes derived from nitrogen stress in the diatom *Chaetoceros muelleri*. *Aquaculture Reports*, *16*, 100281.
- de Jesus-Campos, D., Ortega, L. F. G., Fimbres-Olivarria, D., Herrera-Estrella, L., Lopez-Elias, J. A., & Hayano-Kanashiro, C. (2024). Transcriptomic analysis of *Chaetoceros muelleri* in response to different nitrogen concentrations reveals the activation of pathways to enable efficient nitrogen uptake. *Gene*, 148589.
- Decker, D., Öberg, C., & Kleczkowski, L. A. (2017). Identification and characterization of inhibitors of UDP-glucose and UDP-sugar pyrophosphorylases for *in vivo* studies. *The Plant Journal*, *90*(6), 1093-1107.
- Del Mondo, A., Smerilli, A., Ambrosino, L., Albini, A., Noonan, D. M., Sansone, C., & Brunet, C. (2021). Insights into phenolic compounds from microalgae: Structural variety and complex beneficial activities from health to nutraceuticals. *Critical Reviews in Biotechnology*, *41*(2), 155-171.
- Dhanker, R., Kumar, R., Tiwari, A., & Kumar, V. (2022). Diatoms as a biotechnological resource for the sustainable biofuel production: a state-of-the-art review. *Biotechnology and Genetic Engineering Reviews*, *38*(1), 111-131.
- Diao, J., Song, X., Cui, J., Liu, L., Shi, M., Wang, F., & Zhang, W. (2019). Rewiring metabolic network by chemical modulator based laboratory evolution doubles lipid production in *Cryptocodinium cohnii*. *Metabolic engineering*, *51*, 88-98.
- Dineshbabu, G., Goswami, G., Kumar, R., Sinha, A., & Das, D. (2019). Microalgae–nutritious, sustainable aqua-and animal feed source. *Journal of Functional Foods*, *62*, 103545.
- Dixit, A. S., Dixit, S. S., & Smol, J. P. (1992). Long-term trends in lake water pH and metal concentrations inferred from diatoms and chrysophytes in three lakes near Sudbury, Ontario. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, *49*(S1), 17-24.
- Dolch, L. J., & Maréchal, E. (2015). Inventory of fatty acid desaturases in the pennate diatom *Phaeodactylum tricorutum*. *Marine drugs*, *13*(3), 1317-1339.
- Draaisma, R. B., Wijffels, R. H., Slegers, P. E., Brentner, L. B., Roy, A., & Barbosa, M. J. (2013). Food commodities from microalgae. *Current opinion in biotechnology*, *24*(2), 169-177.
- Dyrman, S. T. (2016). Nutrients and their acquisition: phosphorus physiology in microalgae. *The physiology of microalgae*, 155-183.
- Eilers, U., Bikoulis, A., Breitenbach, J., Büchel, C., & Sandmann, G. (2016). Limitations in the biosynthesis of fucoxanthin as targets for genetic engineering in *Phaeodactylum tricorutum*. *Journal of applied phycology*, *28*, 123-129.

- El-Gebali, S., Mistry, J., Bateman, A., Eddy, S. R., Luciani, A., Potter, S. C., Qureshi, M., Richardson, L.J., Salazar, G.A., Smart, A., Sonnhammer, E.L.L., Hirsh, L., Paladin, L., Piovesan, D., Tosatto, S.C.E. & Finn, R. D. (2019). The Pfam protein families database in 2019. *Nucleic acids research*, 47(D1), D427-D432.
- Enamala, M. K., Enamala, S., Chavali, M., Donepudi, J., Yadavalli, R., Kolapalli, B., Vasu, A.T., Velpuri, J., & Kuppam, C. (2018). Production of biofuels from microalgae-A review on cultivation, harvesting, lipid extraction, and numerous applications of microalgae. *Renewable and Sustainable Energy Reviews*, 94, 49-68.
- Fabregas, J., Herrero, C., Abalde, J., & Cabezas, B. (1985). Growth, chlorophyll a and protein of the marine microalga *Isochrysis galbana* in batch cultures with different salinities and high nutrient concentrations. *Aquaculture*, 50(1-2), 1-11.
- Falciatore, A., & Bowler, C. (2002). Revealing the molecular secrets of marine diatoms. *Annual review of plant biology*, 53(1), 109-130.
- Fathi, A. T., DiNardo, C. D., Kline, I., Kenvin, L., Gupta, I., Attar, E. C., Stein, E.M., de Botton S. (2018). Differentiation syndrome associated with enasidenib, a selective inhibitor of mutant isocitrate dehydrogenase 2: analysis of a phase 1/2 study. *JAMA oncology*, 4(8), 1106-1110.
- Fleet, J., Ansari, M., & Pittman, J. K. (2022). Phylogenetic analysis and structural prediction reveal the potential functional diversity between green algae SWEET transporters. *Frontiers in Plant Science*, 13, 960133.
- Foo, S. C., Yusoff, F. M., Ismail, M., Basri, M., Chan, K. W., Khong, N. M., & Yau, S. K. (2015). Production of fucoxanthin-rich fraction (FxRF) from a diatom, *Chaetoceros calcitrans* (Paulsen) Takano 1968. *Algal research*, 12, 26-32.
- Franzè, G., Pierson, J. J., Stoecker, D. K., & Lavrentyev, P. J. (2018). Diatom-produced allelochemicals trigger trophic cascades in the planktonic food web. *Limnology and Oceanography*, 63(3), 1093-1108.
- Gagneux-Moreaux, S., Cosson, R. P., Bustamante, P., & Moreau, C. (2006). Growth and metal uptake of microalgae produced using salt groundwaters from the Bay of Bourgneuf. *Aquatic Living Resources*, 19(3), 247-255.
- Galasso, C., Celentano, S., Costantini, M., D'Aniello, S., Ianora, A., Sansone, C., & Romano, G. (2020). Diatom-derived polyunsaturated aldehydes activate similar cell death genes in two different systems: sea urchin embryos and human cells. *International Journal of Molecular Sciences*, 21(15), 5201.
- Gastineau, R., Hardivillier, Y., Leignel, V., Tekaya, N., Morançais, M., Fleurence, J., ... & Bourgougnon, N. (2012). Greening effect on oysters and biological activities of the blue pigments produced by the diatom *Haslea karadagensis* (Naviculaceae). *Aquaculture*, 368, 61-67.
- Gastineau, R.; Turcotte, F.; Pouvreau, J.-B.; Morançais, M.; Fleurence, J.; Windarto, E.; Prasetya, F.; Arsad, S.; Jaouen, P.; Babin, M.; et al. Marennine, Promising Blue Pigments from a Widespread *Haslea* Diatom Species Complex. *Mar. Drugs* **2014**, *12*, 3161–3189



- Giglione, C., & Meinel, T. (2021). Evolution-driven versatility of N terminal acetylation in photoautotrophs. *Trends in plant science*, 26(4), 375-391.
- Gillard, J. T., Hernandez, A. L., Contreras, J. A., Francis, I. M., & Cabrales, L. (2021). Potential for biomass production and remediation by cultivation of the marine model diatom *Phaeodactylum tricornutum* in oil field produced wastewater media. *Water*, 13(19), 2700.
- Giri, T., Goutam, U., Arya, A., & Gautam, S. (2022). Effect of nutrients on diatom growth: a review. *Trends in Sciences*, 19(2), 1752-1752.
- Girolomoni, L., Cazzaniga, S., Pinnola, A., Perozeni, F., Ballottari, M., & Bassi, R. (2019). LHCSR3 is a nonphotochemical quencher of both photosystems in *Chlamydomonas reinhardtii*. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 116(10), 4212-4217.
- Glibert, P. M., Wilkerson, F. P., Dugdale, R. C., Raven, J. A., Dupont, C. L., Leavitt, P. R., Parker, A. E., Burkholder, J.M. & Kana, T. M. (2016). Pluses and minuses of ammonium and nitrate uptake and assimilation by phytoplankton and implications for productivity and community composition, with emphasis on nitrogen-enriched conditions. *Limnology and Oceanography*, 61(1), 165-197.
- Goh, S. H., Alitheen, N. B. M., Yusoff, F. M., Yap, S. K., & Loh, S. P. (2014). Crude ethyl acetate extract of marine microalga, *Chaetoceros calcitrans*, induces Apoptosis in MDA-MB-231 breast cancer cells. *Pharmacognosy Magazine*, 10(37), 1.
- Goss, R., & Jakob, T. (2010). Regulation and function of xanthophyll cycle-dependent photoprotection in algae. *Photosynthesis research*, 106, 103-122.
- Goyal, P., Devi, R., Verma, B., Hussain, S., Arora, P., Tabassum, R., & Gupta, S. (2023). WRKY transcription factors: Evolution, regulation, and functional diversity in plants. *Protoplasma*, 260(2), 331-348.
- Grabherr, M. G., Haas, B. J., Yassour, M., Levin, J. Z., Thompson, D. A., Amit, I., Adiconis, X., Fan, L., Raychowdhury, R., Zeng, Q., Chen, Z., Mauceli, E., Hacohen, N., Gnirke, A., Rhind, N., di Palma, F., Birren, B.W., Nusbaum, C., Lindblad-Tho, K., Friedman, N., & Regev, A. (2011). Trinity: reconstructing a full-length transcriptome without a genome from RNA-Seq data. *Nature biotechnology*, 29(7), 644.
- Graff van Creveld, S., Mizrachi, A., & Vardi, A. (2022). An ocean of signals: intracellular and extracellular signaling in diatoms. In *The Molecular Life of Diatoms* (pp. 641-678). Cham: Springer International Publishing.
- Grasso, G., Zane, D., & Dragone, R. (2019). Microbial nanotechnology: challenges and prospects for green biocatalytic synthesis of nanoscale materials for sensoristic and biomedical applications. *Nanomaterials*, 10(1), 11.
- Guérin, S., Raguénès, L., Croteau, D., Babin, M., & Lavaud, J. (2022). Potential for the Production of Carotenoids of Interest in the Polar Diatom *Fragilariopsis cylindrus*. *Marine drugs*, 20(8), 491.
- Guillard, R. R., & Ryther, J. H. (1962). Studies of marine planktonic diatoms: I. *Cyclotella nana* Hustedt, and *Detonula confervacea* (Cleve) Gran. *Canadian journal of microbiology*, 8(2), 229-239.

- Guzmán-Murillo, M. A., López-Bolaños, C. C., Ledesma-Verdejo, T., Roldan-Libenson, G., Cadena-Roa, M. A., & Ascencio, F. (2007). Effects of fertilizer-based culture media on the production of exocellular polysaccharides and cellular superoxide dismutase by *Phaeodactylum tricornutum* (Bohlin). *Journal of Applied Phycology*, *19*, 33-41.
- Hao, T. B., Yang, Y. F., Balamurugan, S., Li, D. W., Yang, W. D., & Li, H. Y. (2020). Enrichment of f/2 medium hyperaccumulates biomass and bioactive compounds in the diatom *Phaeodactylum tricornutum*. *Algal Research*, *47*, 101872.
- Haslam, R. P., Hamilton, M. L., Economou, C. K., Smith, R., Hassall, K. L., Napier, J. A., & Sayanova, O. (2020). Overexpression of an endogenous type 2 diacylglycerol acyltransferase in the marine diatom *Phaeodactylum tricornutum* enhances lipid production and omega-3 long-chain polyunsaturated fatty acid content. *Biotechnology for biofuels*, *13*, 1-17.
- Heintze, C., Babenko, I., Zackova Suchanova, J., Skeffington, A., Friedrich, B. M., & Kröger, N. (2022). The molecular basis for pore pattern morphogenesis in diatom silica. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *119*(49), e2211549119.
- Helliwell, K. E. (2023). Emerging trends in nitrogen and phosphorus signalling in photosynthetic eukaryotes. *Trends in Plant Science*, *28*(3), 344-358.
- Helliwell, K. E., Harrison, E. L., Christie-Oleza, J. A., Rees, A. P., Kleiner, F. H., Gaikwad, T., Downe, J., Aguilo-Ferretjans, M.M., Al-Moosawi, L., Brownlee, C. & Wheeler, G. L. (2021). A novel Ca<sup>2+</sup> signaling pathway coordinates environmental phosphorus sensing and nitrogen metabolism in marine diatoms. *Current Biology*, *31*(5), 978-989.
- Hempel, F., Bozarth, A. S., Lindenkamp, N., Klingl, A., Zauner, S., Linne, U., Steinbüchel, A. & Maier, U. G. (2011a). Microalgae as bioreactors for bioplastic production. *Microbial cell factories*, *10*, 1-6.
- Hempel, F., Lau, J., Klingl, A., & Maier, U. G. (2011b). Algae as protein factories: expression of a human antibody and the respective antigen in the diatom *Phaeodactylum tricornutum*. *PloS one*, *6*(12), e28424.
- Hernando, M., Carreto, J. I., Carignan, M. O., Ferreyra, G. A., & Gross, C. (2002). Effects of solar radiation on growth and mycosporine-like amino acids content in *Thalassiosira* sp, an Antarctic diatom. In *Ecological Studies in the Antarctic Sea Ice Zone: Results of EASIZ Midterm Symposium* (pp. 237-245). Springer Berlin Heidelberg.
- Hidayati, N. A., Yamada-Oshima, Y., Iwai, M., Yamano, T., Kajikawa, M., Sakurai, N., Suda, K., Sesoko, K., Hori, K., Shimojima, M., Fukuzawa, H. & Ohta, H. (2019). Lipid remodeling regulator 1 (LRL 1) is differently involved in the phosphorus-depletion response from PSR 1 in *Chlamydomonas reinhardtii*. *The Plant Journal*, *100*(3), 610-626.
- Ho, S. H., Nakanishi, A., Kato, Y., Yamasaki, H., Chang, J. S., Misawa, N., Hirose, Y., Minagawa, J., Hasunuma, T. & Kondo, A. (2017). Dynamic metabolic profiling together with transcription analysis reveals salinity-induced starch-to-lipid biosynthesis in alga *Chlamydomonas* sp. JSC4. *Scientific reports*, *7*(1), 45471.

- Hockin, N. L., Mock, T., Mulholland, F., Kopriva, S., & Malin, G. (2012). The response of diatom central carbon metabolism to nitrogen starvation is different from that of green algae and higher plants. *Plant physiology*, *158*(1), 299-312.
- Hrdlickova, R., Toloue, M., & Tian, B. (2017). RNA-Seq methods for transcriptome analysis. *Wiley Interdisciplinary Reviews: RNA*, *8*(1), e1364.
- Hu, J., Wang, D., Li, J., Jing, G., Ning, K., & Xu, J. (2014). Genome-wide identification of transcription factors and transcription-factor binding sites in oleaginous microalgae *Nannochloropsis*. *Scientific reports*, *4*(1), 1-11.
- Huang, W., & Daboussi, F. (2017). Genetic and metabolic engineering in diatoms. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, *372*(1728), 20160411.
- Huseby, S., Degerlund, M., Eriksen, G. K., Ingebrigtsen, R. A., Eilertsen, H. C., & Hansen, E. (2013). Chemical diversity as a function of temperature in six northern diatom species. *Marine drugs*, *11*(11), 4232-4245.
- Huysman, M. J., Vyverman, W., & De Veylder, L. (2014). Molecular regulation of the diatom cell cycle. *Journal of experimental botany*, *65*(10), 2573-2584.
- Iasimone, F., Panico, A., De Felice, V., Fantasma, F., Iorizzi, M., & Pirozzi, F. (2018). Effect of light intensity and nutrients supply on microalgae cultivated in urban wastewater: Biomass production, lipids accumulation and settleability characteristics. *Journal of environmental management*, *223*, 1078-1085.
- Ingebrigtsen, R. A., Hansen, E., Andersen, J. H., & Eilertsen, H. C. (2016). Light and temperature effects on bioactivity in diatoms. *Journal of applied phycology*, *28*(2), 939-950.
- Iskandarov, U., Sitnik, S., Shtaida, N., Didi-Cohen, S., Leu, S., Khozin-Goldberg, I., Cohen, Z., & Boussiba, S. (2016). Cloning and characterization of a GPAT-like gene from the microalga *Lobosphaera incisa* (Trebouxiophyceae): overexpression in *Chlamydomonas reinhardtii* enhances TAG production. *Journal of applied phycology*, *28*(2), 907-919.
- Jain, S. 2020. Marine Diatoms. En: Jain, S (Ed), *Fundamentals of Invertebrate Palaeontology* (pp.131-142). Springer, New Delhi, India.
- Jakob, T., Goss, R., & Wilhelm, C. (2001). Unusual pH-dependence of diadinoxanthin de-epoxidase activation causes chlororespiratory induced accumulation of diatoxanthin in the diatom *Phaeodactylum tricornutum*. *Journal of Plant Physiology*, *158*(3), 383-390.
- Jerez-Martel, I., García-Poza, S., Rodríguez-Martel, G., Rico, M., Afonso-Olivares, C., & Gómez-Pinchetti, J. L. (2017). Phenolic profile and antioxidant activity of crude extracts from microalgae and cyanobacteria strains. *Journal of Food Quality*, 2017.
- Julius, B. T., Leach, K. A., Tran, T. M., Mertz, R. A., & Braun, D. M. (2017). Sugar transporters in plants: new insights and discoveries. *Plant and Cell Physiology*, *58*(9), 1442-1460.

- Kadono, T., Kira, N., Suzuki, K., Iwata, O., Ohama, T., Okada, S., Nishimira, T., Akakabe, M., Tsuda, M. & Adachi, M. (2015). Effect of an introduced phytoene synthase gene expression on carotenoid biosynthesis in the marine diatom *Phaeodactylum tricornutum*. *Marine drugs*, 13(8), 5334-5357.
- Kahlert, M., Bailet, B., Chonova, T., Karjalainen, S. M., Schneider, S. C., & Tapolczai, K. (2021). Same same, but different: The response of diatoms to environmental gradients in Fennoscandian streams and lakes—barcodes, traits and microscope data compared. *Ecological Indicators*, 130, 108088.
- Kanehisa, M., & Goto, S. (2000). KEGG: kyoto encyclopedia of genes and genomes. *Nucleic acids research*, 28(1), 27-30.
- Kang, K. H., Qian, Z. J., Ryu, B., Karadeniz, F., Kim, D., & Kim, S. K. (2012). Antioxidant peptides from protein hydrolysate of microalgae *Navicula incerta* and their protective effects in HepG2/CYP2E1 cells induced by ethanol. *Phytotherapy Research*, 26(10), 1555-1563.
- Kang, L. K., & Rynearson, T. A. (2019). Identification and expression analyses of the nitrate transporter gene (NRT 2) family among *Skeletonema* species (Bacillariophyceae). *Journal of phycology*, 55(5), 1115-1125.
- Kang, N. K., Kim, E. K., Kim, Y. U., Lee, B., Jeong, W. J., Jeong, B. R., & Chang, Y. K. (2017). Increased lipid production by heterologous expression of AtWRI1 transcription factor in *Nannochloropsis salina*. *Biotechnology for biofuels*, 10(1), 1-14.
- Kang, N. K., Kim, E. K., Sung, M. G., Kim, Y. U., Jeong, B. R., & Chang, Y. K. (2019). Increased biomass and lipid production by continuous cultivation of *Nannochloropsis salina* transformant overexpressing a bHLH transcription factor. *Biotechnology and bioengineering*, 116(3), 555-568.
- Kao, P. H., & Ng, I. S. (2017). CRISPRi mediated phosphoenolpyruvate carboxylase regulation to enhance the production of lipid in *Chlamydomonas reinhardtii*. *Bioresource technology*, 245, 1527-1537.
- Kaye, Y., Grundman, O., Leu, S., Zarka, A., Zorin, B., Didi-Cohen, S., ... & Boussiba, S. (2015). Metabolic engineering toward enhanced LC-PUFA biosynthesis in *Nannochloropsis oceanica*: Overexpression of endogenous  $\Delta 12$  desaturase driven by stress-inducible promoter leads to enhanced deposition of polyunsaturated fatty acids in TAG. *Algal Research*, 11, 387-398.
- Khan, M. I., Shin, J. H., & Kim, J. D. (2018). The promising future of microalgae: current status, challenges, and optimization of a sustainable and renewable industry for biofuels, feed, and other products. *Microbial cell factories*, 17(1), 1-21.
- Khan, M. J., Rai, A., Ahirwar, A., Sirotiya, V., Mourya, M., Mishra, S., Schoefs, B., Marchand, J., Kant B. S., Varjani, S. & Vinayak, V. (2021). Diatom microalgae as smart nanocontainers for biosensing wastewater pollutants: recent trends and innovations. *Bioengineered*, 12(2), 9531-9549.

- Kim, J., Yoo, G., Lee, H., Lim, J., Kim, K., Kim, C. W., ... & Yang, J. W. (2013). Methods of downstream processing for the production of biodiesel from microalgae. *Biotechnology advances*, 31(6), 862-876.
- Kolody, B. C., Smith, S. R., Zeigler Allen, L., McCrow, J. P., Moustafa, A., Shi, D., Hopkinson, F.M., Morel, M., Ward, B.B., & Allen, A. E. (2022). Nitrogen and iron availability drive metabolic remodeling and natural selection of diverse phytoplankton during experimental upwelling. *Msystems*, 7(5), e00729-22.
- Kopylova, E., Noé, L., & Touzet, H. (2012). SortMeRNA: fast and accurate filtering of ribosomal RNAs in metatranscriptomic data. *Bioinformatics*, 28(24), 3211-3217.
- Kotake-Nara, E., Asai, A., & Nagao, A. (2005). Neoxanthin and fucoxanthin induce apoptosis in PC-3 human prostate cancer cells. *Cancer letters*, 220(1), 75-84.
- Kroth, P. G., Bones, A. M., Daboussi, F., Ferrante, M. I., Jaubert, M., Kolot, M., Nymark, M., Río, B. C., Ritter, A., Russo, M.T. Serif, M., Winge, P. & Falciatore, A. (2018). Genome editing in diatoms: achievements and goals. *Plant cell reports*, 37, 1401-1408.
- Kuczynska, P., Jemiola-Rzeminska, M., & Strzalka, K. (2015). Photosynthetic pigments in diatoms. *Marine drugs*, 13(9), 5847-5881.
- Kwon, S., Kang, N. K., Koh, H. G., Shin, S. E., Lee, B., Jeong, B. R., & Chang, Y. K. (2018). Enhancement of biomass and lipid productivity by overexpression of a bZIP transcription factor in *Nannochloropsis salina*. *Biotechnology and bioengineering*, 115(2), 331-340.
- Lakshmegowda, S. B., Rajesh, S. K., Kandikattu, H. K., Nallamuthu, I., & Khanum, F. (2020). In vitro and in vivo studies on hexane fraction of *Nitzschia palea*, a freshwater diatom for oxidative damage protective and anti-inflammatory response. *Revista Brasileira de Farmacognosia*, 30, 189-201.
- Langmead, B., Trapnell, C., Pop, M., & Salzberg, S. L. (2009). Ultrafast and memory-efficient alignment of short DNA sequences to the human genome. *Genome biology*, 10(3), 1-10.
- Larkum, A. W. (2020). Light-harvesting in cyanobacteria and eukaryotic algae: an overview. *Photosynthesis in Algae: Biochemical and Physiological Mechanisms*, 207-260.
- Launay, H., Huang, W., Maberly, S. C., & Gontero, B. (2020). Regulation of carbon metabolism by environmental conditions: a perspective from diatoms and other chromalveolates. *Frontiers in Plant Science*, 11, 557059.
- Lauritano, C., Ferrante, M. I., & Rogato, A. (2019). Marine natural products from microalgae: An-omics overview. *Marine Drugs*, 17(5), 269.
- Lauritano, C., Helland, K., Riccio, G., Andersen, J. H., Ianora, A., & Hansen, E. H. (2020). Lysophosphatidylcholines and Chlorophyll-Derived Molecules from the Diatom *Cylindrotheca closterium* with Anti-Inflammatory Activity. *Marine drugs*, 18(3), 166.

- Lavaud, J., & Lepetit, B. (2013). An explanation for the inter-species variability of the photoprotective non-photochemical chlorophyll fluorescence quenching in diatoms. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Bioenergetics*, 1827(3), 294-302.
- Lavaud, J., Materna, A. C., Sturm, S., Vugrinec, S., & Kroth, P. G. (2012). Silencing of the violaxanthin de-epoxidase gene in the diatom *Phaeodactylum tricoratum* reduces diatoxanthin synthesis and non-photochemical quenching. *PLoS One*, 7(5), e36806.
- Lee, J. B., Hayashi, K., Hirata, M., Kuroda, E., Suzuki, E., Kubo, Y., & Hayashi, T. (2006). Antiviral sulfated polysaccharide from *Navicula directa*, a diatom collected from deep-sea water in Toyama Bay. *Biological and Pharmaceutical Bulletin*, 29(10), 2135-2139.
- Levitán, O., Dinamarca, J., Hochman, G., & Falkowski, P. G. (2014). Diatoms: a fossil fuel of the future. *Trends in biotechnology*, 32(3), 117-124.
- Leyland, B., Zarka, A., Didi-Cohen, S., Boussiba, S., & Khozin-Goldberg, I. (2020). High resolution proteome of lipid droplets isolated from the pennate diatom *Phaeodactylum tricoratum* (Bacillariophyceae) strain pt4 provides mechanistic insights into complex intracellular coordination during nitrogen deprivation. *Journal of Phycology*, 56(6), 1642-1663.
- Li, D. W., Balamurugan, S., Yang, Y. F., Zheng, J. W., Huang, D., Zou, L. G., Yang, W.D., Liu, J.S., Guan, Y. & Li, H. Y. (2019). Transcriptional regulation of microalgae for concurrent lipid overproduction and secretion. *Science advances*, 5(1).
- Li, D. W., Cen, S. Y., Liu, Y. H., Balamurugan, S., Zheng, X. Y., Alimujiang, A., Yang, W.D., Liu, J.S. & Li, H. Y. (2016). A type 2 diacylglycerol acyltransferase accelerates the triacylglycerol biosynthesis in heterokont oleaginous microalga *Nannochloropsis oceanica*. *Journal of biotechnology*, 229, 65-71.
- Li, D. W., Xie, W. H., Hao, T. B., Cai, J. X., Zhou, T. B., Balamurugan, S., Yang, W.D., Liu, J.S. & Li, H. Y. (2018). Constitutive and chloroplast targeted expression of acetyl-CoA carboxylase in oleaginous microalgae elevates fatty acid biosynthesis. *Marine Biotechnology*, 20(5), 566-572.
- Li, J., Niu, X., Pei, G., Sui, X., Zhang, X., Chen, L., & Zhang, W. (2015). Identification and metabolomic analysis of chemical modulators for lipid accumulation in *Cryptocodinium cohnii*. *Bioresource technology*, 191, 362-368.
- Li, J., Wang, Y., Liang, Y., Huang, J., Liu, Y., & Lu, J. (2019). Production of aldehydes in diatoms and dinoflagellates and the detrimental effect on copepod grazers. *International Journal of Agriculture and Biology*, 22(4), 763-768.
- Li, K., Liu, Q., Fang, F., Luo, R., Lu, Q., Zhou, W., Huo, S., Cheng, P., Liue, J., Addy, M., Chen, P., Chen, D. & Ruan, R. (2019). Microalgae-based wastewater treatment for nutrients recovery: a review. *Bioresource technology*, 291, 121934.
- Li, Q., Li, L., Zhang, Y., Gao, H., Zhao, Y., & Yu, X. (2023). Chemical inducers regulate ROS signalling to stimulate astaxanthin production in *Haematococcus pluvialis* under environmental stresses: A review. *Trends in Food Science & Technology*.

- Li, S., Sun, T., Xu, C., Chen, L., & Zhang, W. (2018). Development and optimization of genetic toolboxes for a fast-growing cyanobacterium *Synechococcus elongatus* UTEX 2973. *Metabolic engineering*, 48, 163-174.
- Li, Z., Zhang, Y., Li, W., Irwin, A. J., & Finkel, Z. V. (2023). Common environmental stress responses in a model marine diatom. *New Phytologist*, 240(1), 272-284.
- Liefer, J. D., Garg, A., Campbell, D. A., Irwin, A. J., & Finkel, Z. V. (2019). Nitrogen starvation induces distinct photosynthetic responses and recovery dynamics in diatoms and prasinophytes. *Plos one*, 14(10), e0224489.
- Lin, H. Y., & Lin, H. J. (2018). Polyamines in microalgae: something borrowed, something new. *Marine drugs*, 17(1), 1.
- Lin, Q., Zhuo, W. H., Wang, X. W., Chen, C. P., Gao, Y. H., & Liang, J. R. (2018). Effects of fundamental nutrient stresses on the lipid accumulation profiles in two diatom species *Thalassiosira weissflogii* and *Chaetoceros muelleri*. *Bioprocess and Biosystems Engineering*, 41, 1213-1224.
- Liu, J., Mao, X., Zhou, W., & Guarnieri, M. T. (2016). Simultaneous production of triacylglycerol and high-value carotenoids by the astaxanthin-producing oleaginous green microalga *Chlorella zofingiensis*. *Bioresource Technology*, 214, 319-327.
- Liu, K. H., & Tsay, Y. F. (2003). Switching between the two action modes of the dual-affinity nitrate transporter CHL1 by phosphorylation. *The EMBO journal*.
- Liu, Q., Nishibori, N., Imai, I., & Hollibaugh, J. T. (2016). Response of polyamine pools in marine phytoplankton to nutrient limitation and variation in temperature and salinity. *Marine Ecology Progress Series*, 544, 93-105.
- Liu, W., Tang, X., Qi, X., Fu, X., Ghimire, S., Ma, R., Li, S., Zhang, N. & Si, H. (2020). The ubiquitin conjugating enzyme: an important ubiquitin transfer platform in ubiquitin-proteasome system. *International journal of molecular sciences*, 21(8), 2894.
- Livak, K. J., & Schmittgen, T. D. (2001). Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative PCR and the 2<sup>-</sup>ΔΔCT method. *methods*, 25(4), 402-408.
- Longworth, J., Wu, D., Huete-Ortega, M., Wright, P. C., & Vaidyanathan, S. (2016). Proteome response of *Phaeodactylum tricornutum*, during lipid accumulation induced by nitrogen depletion. *Algal research*, 18, 213-224.
- López-Elías, J.A., Carvallo-Ruiz, M.G., Estrada-Raygoza, L. A., Martínez-Córdova, L.R., Martínez-Porchas, M., Miranda-Baeza, & Ramírez-Suarez, J.C. (2014). Evaluation of culture media limited in nitrogen and silicates on the production response and lipid content of the diatom *Chaetoceros muelleri*. *Current Research Journal of Biological Sciences*, 6(4), 145-149.
- Lora-Vilchis, M. C., Cordero-Esquivel, B., & Voltolina, D. (2004). Growth of *Artemia franciscana* fed *Isochrysis* sp. and *Chaetoceros muelleri* during its early life stages. *Aquaculture Research*, 35(11), 1086-1091.
- Lovio-Fragoso, J. P., de Jesús-Campos, D., López-Elías, J. A., Medina-Juárez, L. Á., Fimbres-Olivarría, D., & Hayano-Kanashiro, C. (2021). Biochemical and molecular

- aspects of phosphorus limitation in diatoms and their relationship with biomolecule accumulation. *Biology*, 10(7), 565.
- Lovio-Fragoso, J. P., Hayano-Kanashiro, C., & López-Elías, J. A. (2019). Effect of different phosphorus concentrations on growth and biochemical composition of *Chaetoceros muelleri*. *Latin american journal of aquatic research*, 47(2), 361-366.
- Lu, Y., Wang, X., Balamurugan, S., Yang, W. D., Liu, J. S., Dong, H. P., & Li, H. Y. (2017). Identification of a putative seipin ortholog involved in lipid accumulation in marine microalga *Phaeodactylum tricorutum*. *Journal of applied phycology*, 29(6), 2821-2829.
- Lupette, J., Tardif, M., Brugière, S., Couté, Y., Salvaing, J., & Maréchal, E. (2022). Quantitative proteomic analyses reveal the impact of nitrogen starvation on the proteome of the model diatom *Phaeodactylum tricorutum*. *Proteomics*, 2200155.
- Maddala, S. P., Liao, W. C., Joosten, R. R., Soleimani, M., Tuinier, R., Friedrich, H., & van Benthem, R. A. (2021). Chain length of bioinspired polyamines affects size and condensation of monodisperse silica particles. *Communications Chemistry*, 4(1), 160.
- Madeira, M. S., Cardoso, C., Lopes, P. A., Coelho, D., Afonso, C., Bandarra, N. M., & Prates, J. A. (2017). Microalgae as feed ingredients for livestock production and meat quality: A review. *Livestock science*, 205, 111-121.
- Mallimadugula, B. V., & Hameed, A. (2023). Diatom Algae for Carbon Sequestration in Oceans. In *Insights into the World of Diatoms: From Essentials to Applications*, 113-119.
- Malviya, S., Scalco, E., Audic, S., Vincent, F., Veluchamy, A., Poulain, J., Wincker, P., Ludicone, D., Colombari, V. L. B., Zingone, A. & Bowler, C. (2016). Insights into global diatom distribution and diversity in the world's ocean. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 113(11), E1516-E1525.
- Manandhar-Shrestha, K., & Hildebrand, M. (2015). Characterization and manipulation of a DGAT2 from the diatom *Thalassiosira pseudonana*: improved TAG accumulation without detriment to growth, and implications for chloroplast TAG accumulation. *Algal research*, 12, 239-248.
- Manni, M., Berkeley, M. R., Seppey, M., Simão, F. A., & Zdobnov, E. M. (2021). BUSCO update: novel and streamlined workflows along with broader and deeper phylogenetic coverage for scoring of eukaryotic, prokaryotic, and viral genomes. *Molecular biology and evolution*, 38(10), 4647-4654.
- Marella, T. K., Saxena, A., & Tiwari, A. (2020). Diatom mediated heavy metal remediation: A review. *Bioresource Technology*, 305, 123068.
- Matsuda, Y., Hopkinson, B. M., Nakajima, K., Dupont, C. L., & Tsuji, Y. (2017). Mechanisms of carbon dioxide acquisition and CO<sub>2</sub> sensing in marine diatoms: a gateway to carbon metabolism. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 372(1728), 20160403.
- Mayzel, B., Aram, L., Varsano, N., Wolf, S. G., & Gal, A. (2021). Structural evidence for extracellular silica formation by diatoms. *Nature communications*, 12(1), 4639.



- McAlister, G. C., Nusinow, D. P., Jedrychowski, M. P., Wühr, M., Huttlin, E. L., Erickson, B. K., Rad, R., Hass W. & Gygi, S. P. (2014). MultiNotch MS3 enables accurate, sensitive, and multiplexed detection of differential expression across cancer cell line proteomes. *Analytical chemistry*, 86(14), 7150-7158.
- McCarthy, J. K., Smith, S. R., McCrow, J. P., Tan, M., Zheng, H., Beeri, K., Roth, Robyn, Lichtle, C., Goodenough, Bowler, C.P., Dupon, C. L. & Allen, A. E. (2017). Nitrate reductase knockout uncouples nitrate transport from nitrate assimilation and drives repartitioning of carbon flux in a model pennate diatom. *The Plant Cell*, 29(8), 2047-2070.
- Medlin, L. K. (2011). A review of the evolution of the diatoms from the origin of the lineage to their populations. *The diatom world*, 93-118.
- Medlin, L. K. (2016). Evolution of the diatoms: major steps in their evolution and a review of the supporting molecular and morphological evidence. *Phycologia*, 55(1), 79-103.
- Miller, A. J., Fan, X., Shen, Q., & Smith, S. J. (2008). Amino acids and nitrate as signals for the regulation of nitrogen acquisition. *Journal of experimental botany*, 59(1), 111-119.
- Moreau, D., Tomasoni, C., Jacquot, C., Kaas, R., Le Guedes, R., Cadoret, J. P., Muller-Feuga, A., Kontiza, I., Vagias, C., Roussis, V., & Roussakis, C. (2006). Cultivated microalgae and the carotenoid fucoxanthin from *Odontella aurita* as potent anti-proliferative agents in bronchopulmonary and epithelial cell lines. *Environmental Toxicology and Pharmacology*, 22(1), 97-103.
- Muhseen, Z. T., Xiong, Q., Chen, Z., & Ge, F. (2015). Proteomics studies on stress responses in diatoms. *Proteomics*, 15(23-24), 3943-3953.
- Narkhedkar, V., & Bramhanwade, K. (2023). Recent Advances in Biomedicine: Diatomaceous Applications. In *Insights into the World of Diatoms: From Essentials to Applications*, 211-224.
- Nawaly, H., Matsui, H., Tsuji, Y., Iwayama, K., Ohashi, H., Nakajima, K., & Matsuda, Y. (2023). Multiple plasma membrane SLC4s contribute to external HCO<sub>3</sub><sup>-</sup> acquisition during CO<sub>2</sub> starvation in the marine diatom *Phaeodactylum tricornutum*. *Journal of Experimental Botany*, 74(1), 296-307.
- Ng, I. S., Keskin, B. B., & Tan, S. I. (2020). A critical review of genome editing and synthetic biology applications in metabolic engineering of microalgae and cyanobacteria. *Biotechnology Journal*, 15(8), 1900228.
- Ngan, C. Y., Wong, C. H., Choi, C., Yoshinaga, Y., Louie, K., Jia, J., Chen, C., Bowen, B., Cheng, H., Leonelli, L., Kuo, R., Baran, R., García-Cerdán, J.G., Pratap, A., Wang, M., Lim, J., Tice, H., Daum, C., Xu, J., Northern, T., Visel, A., Bristow, J., Niyogi, K.K. & Wei, C. L. (2015). Lineage-specific chromatin signatures reveal a regulator of lipid metabolism in microalgae. *Nature Plants*, 1(8), 1-12.
- Nieri, P., Carpi, S., Esposito, R., Costantini, M., & Zupo, V. (2023). Bioactive molecules from marine diatoms and their value for the nutraceutical industry. *Nutrients*, 15(2), 464.

- Nishimura, K., Kato, Y., & Sakamoto, W. (2016). Chloroplast proteases: updates on proteolysis within and across suborganellar compartments. *Plant physiology*, *171*(4), 2280-2293.
- Niu, Y. F., Wang, X., Hu, D. X., Balamurugan, S., Li, D. W., Yang, W. D., Li, D.W., Yang, W.D., Liu, J.S. & Li, H. Y. (2016). Molecular characterization of a glycerol-3-phosphate acyltransferase reveals key features essential for triacylglycerol production in *Phaeodactylum tricornutum*. *Biotechnology for biofuels*, *9*(1), 1-11.
- Noviendri, D., Fithriani, D., & Hasrini, R. F. (2021). Fucoxanthin, A Xanthophyll from Macro-and Microalgae: Extraction Techniques, Bioactivities and Their Potential Application in Nutra-and Cosmeceutical Industries. In *E3S Web of Conferences* (Vol. 232, p. 03010). EDP Sciences.
- Paliwal, C., Mitra, M., Bhayani, K., Bharadwaj, S. V., Ghosh, T., Dubey, S., & Mishra, S. (2017). Abiotic stresses as tools for metabolites in microalgae. *Bioresource technology*, *244*, 1216-1226.
- Pan, Y., Hu, F., Yu, C., Li, C., Huang, T., & Hu, H. (2020). Amino acid catabolism during nitrogen limitation in *Phaeodactylum tricornutum*. *Frontiers in Plant Science*, *11*, 589026.
- Pangestuti, R., & Kim, S. K. (2011). Biological activities and health benefit effects of natural pigments derived from marine algae. *Journal of functional foods*, *3*(4), 255-266.
- Pangestuti, R., Siahaan, E. A., & Kim, S. K. (2018). Photoprotective substances derived from marine algae. *Marine drugs*, *16*(11), 399.
- Panwar, V., & Dutta, T. (2019). Diatom biogenic silica as a felicitous platform for biochemical engineering: Expanding frontiers. *ACS Applied Bio Materials*, *2*(6), 2295-2316.
- Paulus, J. K., Förster, K., & Groth, G. (2014). Direct and selective small-molecule inhibition of photosynthetic PEP carboxylase: New approach to combat C4 weeds in arable crops. *FEBS letters*, *588*(12), 2101-2106.
- Pezzolesi, L., Accoroni, S., Rindi, F., Samorì, C., Totti, C., & Pistocchi, R. (2021). Survey of the allelopathic potential of Mediterranean macroalgae: production of long-chain polyunsaturated aldehydes (PUAs). *Phytochemistry*, *189*, 112826.
- Pfaffl, M. W. (2001). A new mathematical model for relative quantification in real-time RT-PCR. *Nucleic acids research*, *29*(9), e45-e45.
- Piña, P., M. Nieves, L. Ramos-Brito, C. O. Chavira-Ortega y D. Voltolina. 2005. Survival, growth and feeding efficiency of *Litopenaeus vannamei* protozoa larvae fed different rations of the diatom *Chaetoceros muelleri*. *Aquaculture* *249*(1-4): 431-437.
- Plouguerné, E., da Gama, B. A., Pereira, R. C., & Barreto-Bergter, E. (2014). Glycolipids from seaweeds and their potential biotechnological applications. *Frontiers in cellular and infection microbiology*, *4*, 174.
- Poliner, E., Takeuchi, T., Du, Z. Y., Benning, C., & Farré, E. M. (2018). Nontransgenic marker-free gene disruption by an episomal CRISPR system in the oleaginous

- microalga, *Nannochloropsis oceanica* CCMP1779. *ACS synthetic biology*, 7(4), 962-968.
- Pouvreau, J. B., Taran, F., Rosa, P., Pin, S., Fleurence, J., & Pondaven, P. (2008). Antioxidant and free radical scavenging properties of marennine, a blue-green polyphenolic pigment from the diatom *Haslea ostrearia* (Gaillon/Bory) Simonsen responsible for the natural greening of cultured oysters. *Journal of agricultural and food chemistry*, 56(15), 6278-6286.
- Prasetya, F. S., Sunarto, S., Bachtiar, E., Agung, M. U., Nathanael, B., Pambudi, A. C., Lestari, a.D., Astuty, S., & Mouget, J. L. (2020). Effect of the blue pigment produced by the tropical diatom *Haslea nusantara* on marine organisms from different trophic levels and its bioactivity. *Aquaculture Reports*, 17, 100389.
- Prasetya, F.S.; Safitri, I.; Widowati, I.; Cognie, B.; Decottignies, P.; Gastineau, R.; Morançais, M.; Windarto, E.; Tremblay, R.; Mouget, J.-L. (2016) Does Allelopathy Affect Co-Culturing *Haslea Ostrearia* with Other Microalgae Relevant to Aquaculture? *J. Appl. Phycol.* , 28, 2241–2254.
- Pugkaew, W., Meetam, M., Yokthongwattana, K., Leeratsuwan, N., & Pokethitiyook, P. (2019). Effects of salinity changes on growth, photosynthetic activity, biochemical composition, and lipid productivity of marine microalga *Tetraselmis suecica*. *Journal of applied phycology*, 31, 969-979.
- Qiao, H., Zang, S., Yan, F., Xu, Z., Wang, L., & Wu, H. (2021). Physiological responses of the diatoms *Thalassiosira weissflogii* and *Thalassiosira pseudonana* to nitrogen starvation and high light. *Marine Environmental Research*, 166, 105276.
- R Core Team (2021). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.
- Rabiee, N., Khatami, M., Jamalipour Soufi, G., Fatahi, Y., Irvani, S., & Varma, R. S. (2021). Diatoms with invaluable applications in nanotechnology, biotechnology, and biomedicine: recent advances. *ACS biomaterials science & engineering*, 7(7), 3053-3068.
- Raitt, D. C., Johnson, A. L., Erkin, A. M., Makino, K., Morgan, B., Gross, D. S., & Johnston, L. H. (2000). The Skn7 response regulator of *Saccharomyces cerevisiae* interacts with Hsf1 in vivo and is required for the induction of heat shock genes by oxidative stress. *Molecular biology of the cell*, 11(7), 2335-2347.
- Raven, J.A. & Giordano, M. (2016). *Combined Nitrogen* (pp. 143-154). Springer International Publishing. In: Borowitzka, M., Beardall, J., Raven, J. (eds) *The Physiology of Microalgae. Developments in Applied Phycology*, vol 6. Springer, Cham.
- Rea, I., & De Stefano, L. (2022). Special Issue on New Frontiers in Diatom Nanotechnology. *Applied Sciences*, 12(20), 10332.
- Remmers, I. M., D'Adamo, S., Martens, D. E., de Vos, R. C., Mumm, R., America, A. H., Cordewener J.H.G., Bakker, L.V., Peters, S.A., Wijffels, R.H. & Lamers, P. P. (2018). Orchestration of transcriptome, proteome and metabolome in the diatom *Phaeodactylum tricorutum* during nitrogen limitation. *Algal research*, 35, 33-49.

- Remmers, I. M., Martens, D. E., Wijffels, R. H., & Lamers, P. P. (2017). Dynamics of triacylglycerol and EPA production in *Phaeodactylum tricornerutum* under nitrogen starvation at different light intensities. *PLoS one*, *12*(4), e0175630.
- Ren, H. Y., Liu, B. F., Kong, F., Zhao, L., Xie, G. J., & Ren, N. Q. (2014). Enhanced lipid accumulation of green microalga *Scenedesmus* sp. by metal ions and EDTA addition. *Bioresource Technology*, *169*, 763-767.
- Renuka, N., Guldhe, A., Prasanna, R., Singh, P., & Bux, F. (2018). Microalgae as multi-functional options in modern agriculture: current trends, prospects and challenges. *Biotechnology advances*, *36*(4), 1255-1273.
- Ribeiro, A. R., Gonçalves, A., Barbeiro, M., Bandarra, N., Nunes, M. L., Carvalho, M. L., Silva, J., Navalho, J., Dinis, M.T., Silva, T. & Dias, J. (2017). *Phaeodactylum tricornerutum* in finishing diets for gilthead seabream: effects on skin pigmentation, sensory properties and nutritional value. *Journal of applied phycology*, *29*, 1945-1956.
- Riveras, E., Alvarez, J. M., Vidal, E. A., Oses, C., Vega, A., & Gutiérrez, R. A. (2015). The calcium ion is a second messenger in the nitrate signaling pathway of *Arabidopsis*. *Plant physiology*, *169*(2), 1397-1404.
- Rizwan, M., Mujtaba, G., Memon, S. A., Lee, K., & Rashid, N. (2018). Exploring the potential of microalgae for new biotechnology applications and beyond: A review. *Renewable and Sustainable Energy Reviews*, *92*, 394-404.
- Robinson, M. D., McCarthy, D. J., & Smyth, G. K. (2010). edgeR: a Bioconductor package for differential expression analysis of digital gene expression data. *bioinformatics*, *26*(1), 139-140.
- Rochaix, J. D. (2020). The dynamics of the photosynthetic apparatus in algae. In *Photosynthesis in Algae: Biochemical and Physiological Mechanisms* (pp. 57-82). Cham: Springer International Publishing.
- Rodolfi, L., Chini Zittelli, G., Bassi, N., Padovani, G., Biondi, N., Bonini, G., & Tredici, M. R. (2009). Microalgae for oil: Strain selection, induction of lipid synthesis and outdoor mass cultivation in a low-cost photobioreactor. *Biotechnology and bioengineering*, *102*(1), 100-112.
- Rogato, A., & De Tommasi, E. (2020). Physical, chemical, and genetic techniques for diatom frustule modification: Applications in nanotechnology. *Applied Sciences*, *10*(23), 8738.
- Rogato, A., Amato, A., Iudicone, D., Chiurazzi, M., Ferrante, M. I., & d'Alcalà, M. R. (2015). The diatom molecular toolkit to handle nitrogen uptake. *Marine genomics*, *24*, 95-108.
- Roopnarain, A., Gray, V. M., & Sym, S. D. (2014). Phosphorus limitation and starvation effects on cell growth and lipid accumulation in *Isochrysis galbana* U4 for biodiesel production. *Bioresource technology*, *156*, 408-411.
- Rosenwasser, S., Graff van Creveld, S., Schatz, D., Malitsky, S., Tzfadia, O., Aharoni, A., Levin, Y., Gabashvili, Feldmesser, E. & Vardi, A. (2014). Mapping the diatom redox-

- sensitive proteome provides insight into response to nitrogen stress in the marine environment. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 111(7), 2740-2745.
- Rosic, N. N. (2021). Recent advances in the discovery of novel marine natural products and mycosporine-like amino acid UV-absorbing compounds. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 105, 7053-7067.
- Ruiz-Domínguez, M. C., Vaquero, I., Obregón, V., de la Morena, B., Vílchez, C., & Vega, J. M. (2015). Lipid accumulation and antioxidant activity in the eukaryotic acidophilic microalga *Coccomyxa* sp.(strain onubensis) under nutrient starvation. *Journal of applied phycology*, 27, 1099-1108.
- Rumin, J., Nicolau, E., Gonçalves de Oliveira Junior, R., Fuentes-Grünewald, C., & Picot, L. (2020). Analysis of scientific research driving microalgae market opportunities in Europe. *Marine drugs*, 18(5), 264.
- Rushforth, S. R. & Johansen, J. R. (1986). The inland *Chaetoceros* (Bacillariophyceae) species of North America 1. *Journal of Phycology*, 22(4), 441-448.
- Sadanandom, A., Poghosyan, Z., Fairbairn, D. J., & Murphy, D. J. (2000). Differential regulation of plastidial and cytosolic isoforms of peptide methionine sulfoxide reductase in *Arabidopsis*. *Plant Physiology*, 123(1), 255-264.
- Sajjadi, B., Chen, W. Y., Raman, A. A. A., & Ibrahim, S. (2018). Microalgae lipid and biomass for biofuel production: A comprehensive review on lipid enhancement strategies and their effects on fatty acid composition. *Renewable and Sustainable Energy Reviews*, 97, 200-232.
- Sakarika, M., & Kornaros, M. (2017). Kinetics of growth and lipids accumulation in *Chlorella vulgaris* during batch heterotrophic cultivation: Effect of different nutrient limitation strategies. *Bioresource Technology*, 243, 356-365.
- Salas-Montantes, C. J., González-Ortega, O., Ochoa-Alfaro, A. E., Camarena-Rangel, R., Paz-Maldonado, L. M. T., Rosales-Mendoza, S., Rocha-Uribe, A. & Soria-Guerra, R. E. (2018). Lipid accumulation during nitrogen and sulfur starvation in *Chlamydomonas reinhardtii* overexpressing a transcription factor. *Journal of applied phycology*, 30, 1721-1733.
- Sansone, C., Brunet, C., Noonan, D. M., & Albin, A. (2020). Marine algal antioxidants as potential vectors for controlling viral diseases. *Antioxidants*, 9(5), 392.
- Sardo, A., Orefice, I., Balzano, S., Barra, L., & Romano, G. (2021). Mini-review: Potential of diatom-derived silica for biomedical applications. *Applied Sciences*, 11(10), 4533.
- Scarsini, M., Thiriet-Rupert, S., Veidl, B., Mondeguer, F., Hu, H., Marchand, J., & Schoefs, B. (2022). The transition toward nitrogen deprivation in diatoms requires chloroplast stand-by and deep metabolic reshuffling. *Frontiers in Plant Science*, 12, 760516.
- Schubert, H., Tremblin, G., Robert, J. M., Sagert, S., & Rincé, Y. (1995). In-vivo fluorescence measurement of photosynthesis of *Haslea ostrearia* Simonsen in relation to marennine content. *Diatom Research*, 10(2), 341-349.

- Schuhmann, H., & Adamska, I. (2012). Deg proteases and their role in protein quality control and processing in different subcellular compartments of the plant cell. *Physiologia Plantarum*, 145(1), 224-234.
- Serif, M., Dubois, G., Finoux, A. L., Teste, M. A., Jallet, D., & Daboussi, F. (2018). One-step generation of multiple gene knock-outs in the diatom *Phaeodactylum tricorutum* by DNA-free genome editing. *Nature communications*, 9(1), 1-10.
- Shannon, E., & Abu-Ghannam, N. (2016). Antibacterial derivatives of marine algae: An overview of pharmacological mechanisms and applications. *Marine drugs*, 14(4), 81.
- Sharma, A., Singh, P., & Srivastava, P. (2023). Photosynthetic Pigments in Diatoms. *Insights into the World of Diatoms: From Essentials to Applications*, 1-20.
- Sharma, N., Simon, D. P., Diaz-Garza, A. M., Fantino, E., Messaabi, A., Meddeb-Mouelhi, F., Germain, H., & Desgagné-Penix, I. (2021). Diatoms biotechnology: various industrial applications for a greener tomorrow. *Frontiers in Marine Science*, 8, 636613.
- Shi, C., Dong, S., Li, J., Wang, F., Gao, Q., & Tian, X. (2017). The concentrating method of benthic diatom affects the growth of juvenile sea cucumber (*Apostichopus japonicus*) and water quality. *Aquaculture research*, 48(8), 4503-4511.
- Shi, T. Q., Wang, L. R., Zhang, Z. X., Sun, X. M., & Huang, H. (2020). Stresses as first-line tools for enhancing lipid and carotenoid production in microalgae. *Frontiers in bioengineering and biotechnology*, 8, 610.
- Siddharth, T., Sridhar, P., Vinila, V., & Tyagi, R. D. (2021). Environmental applications of microbial extracellular polymeric substance (EPS): A review. *Journal of Environmental Management*, 287, 112307.
- Sims, P. A., Mann, D. G., & Medlin, L. K. (2006). Evolution of the diatoms: insights from fossil, biological and molecular data. *Phycologia*, 45(4), 361-402.
- Skjermo, J., Størseth, T. R., Hansen, K., Handå, A., & Øie, G. (2006). Evaluation of  $\beta$ -(1 $\rightarrow$ 3, 1 $\rightarrow$ 6)-glucans and High-M alginate used as immunostimulatory dietary supplement during first feeding and weaning of Atlantic cod (*Gadus morhua* L.). *Aquaculture*, 261(3), 1088-1101.
- Smerilli, A., Balzano, S., Maselli, M., Blasio, M., Orefice, I., Galasso, C., Sansone, C. & Brunet, C. (2019). Antioxidant and photoprotection networking in the coastal diatom *Skeletonema marinoi*. *Antioxidants*, 8(6), 154.
- Smith, S. R., Abbriano, R. M., & Hildebrand, M. (2012). Comparative analysis of diatom genomes reveals substantial differences in the organization of carbon partitioning pathways. *Algal Research*, 1(1), 2-16.
- Smith, S. R., Dupont, C. L., McCarthy, J. K., Brodrick, J. T., Oborník, M., Horák, A., Füssy, Z., Cihlář, J., Kleessen, S., Zheng, H., McCrow, J.P., Hixson, K.K., Araújo, W.L., Nunes-Nesi, A., Fernie, A., Nikoloski, Z., Palsson, B.O. & Allen, A. E. (2019). Evolution and regulation of nitrogen flux through compartmentalized metabolic networks in a marine diatom. *Nature communications*, 10(1), 4552.

- Song, X., Liu, B. F., Kong, F., Ren, N. Q., & Ren, H. Y. (2022). Overview on stress-induced strategies for enhanced microalgae lipid production: Application, mechanisms and challenges. *Resources, Conservation and Recycling*, *183*, 106355.
- Sproles, A. E., Fields, F. J., Smalley, T. N., Le, C. H., Badary, A., & Mayfield, S. P. (2021). Recent advancements in the genetic engineering of microalgae. *Algal Research*, *53*, 102158.
- Srinuanpan, S., Cheirsilp, B., Prasertsan, P., Kato, Y., & Asano, Y. (2018). Strategies to increase the potential use of oleaginous microalgae as biodiesel feedstocks: nutrient starvations and cost-effective harvesting process. *Renewable Energy*, *122*, 507-516.
- Stonik, V., & Stonik, I. (2015). Low-molecular-weight metabolites from diatoms: structures, biological roles and biosynthesis. *Marine Drugs*, *13*(6), 3672-3709.
- Sumper, M., & Kröger, N. (2004). Silica formation in diatoms: the function of long-chain polyamines and silaffins. *Journal of Materials Chemistry*, *14*(14), 2059-2065.
- Sun, X. M., Ren, L. J., Zhao, Q. Y., Zhang, L. H., & Huang, H. (2019). Application of chemicals for enhancing lipid production in microalgae—a short review. *Bioresource technology*, *293*, 122135.
- Tiwari, A., & Marella, T. K. (2019). Potential and application of diatoms for industry-specific wastewater treatment. *Application of Microalgae in Wastewater Treatment: Volume 1: Domestic and Industrial Wastewater Treatment*, 321-339.
- Tiwari, A., Melchor-Martínez, E. M., Saxena, A., Kapoor, N., Singh, K. J., Saldarriaga-Hernández, S., Parra-Saldívar, R. & Iqbal, H. M. (2021). Therapeutic attributes and applied aspects of biological macromolecules (polypeptides, fucoxanthin, sterols, fatty acids, polysaccharides, and polyphenols) from diatoms—A review. *International Journal of Biological Macromolecules*, *171*, 398-413.
- Torres-Tiji, Y., Fields, F. J., Yang, Y., Heredia, V., Horn, S. J., Keremane, S. R., Jin, M.M. & Mayfield, S. P. (2022). Optimized production of a bioactive human recombinant protein from the microalgae *Chlamydomonas reinhardtii* grown at high density in a fed-batch bioreactor. *Algal Research*, *66*, 102786.
- Torstensson, A., Jiménez, C., Nilsson, A. K., & Wulff, A. (2019). Elevated temperature and decreased salinity both affect the biochemical composition of the Antarctic sea-ice diatom *Nitzschia lecontei*, but not increased pCO<sub>2</sub>. *Polar Biology*, *42*(11), 2149-2164.
- Trentacoste, E. M., Shrestha, R. P., Smith, S. R., Glé, C., Hartmann, A. C., Hildebrand, M., & Gerwick, W. H. (2013). Metabolic engineering of lipid catabolism increases microalgal lipid accumulation without compromising growth. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *110*(49), 19748-19753.
- Tsai, Y. C., Delk, N. A., Chowdhury, N. I., & Braam, J. (2007). Arabidopsis potential calcium sensors regulate nitric oxide levels and the transition to flowering. *Plant signaling & behavior*, *2*(6), 446-454.

- Ugya, A. Y., Imam, T. S., Li, A., Ma, J., & Hua, X. (2020). Antioxidant response mechanism of freshwater microalgae species to reactive oxygen species production: a mini review. *Chemistry and Ecology*, 36(2), 174-193.
- UniProt Consortium. (2019). UniProt: a worldwide hub of protein knowledge. *Nucleic acids research*, 47(D1), D506-D515.
- Untergasser, A., Nijveen, H., Rao, X., Bisseling, T., Geurts, R., & Leunissen, J. A. (2007). Primer3Plus, an enhanced web interface to Primer3. *Nucleic acids research*, 35(suppl\_2), W71-W74. Available from <https://www.primer3plus.com/index.html>. Last accessed: 2022 January 15
- van Creveld, S. G., Coesel, S. N., Blaskowski, S., Groussman, R. D., Schatz, M. J., & Armbrust, E. V. (2023). Divergent functions of two clades of flavodoxin in diatoms mitigate oxidative stress and iron limitation. *Elife*, 12, e84392.
- Van Wageningen, J., Miller, T. W., Hobbs, S., Hook, P., Crowe, B., & Huesemann, M. (2012). Effects of light and temperature on fatty acid production in *Nannochloropsis salina*. *Energies*, 5(3), 731-740.
- van Wijk, S. J., & Timmers, H. M. (2010). The family of ubiquitin-conjugating enzymes (E2s): deciding between life and death of proteins. *The FASEB Journal*, 24(4), 981-993.
- Vasilopoulou, M. A., Ioannou, E., Roussis, V., & Chondrogianni, N. (2021). Modulation of the ubiquitin-proteasome system by marine natural products. *Redox Biology*, 41, 101897.
- Verma, J., Akriti, Pant, H., & Khan, A. S. (2023). Biofuels from Diatoms: Potential and Challenges. In *Insights into the World of Diatoms: From Essentials to Applications*, 237-254.
- Viiptsi, K., Sjöberg, S., Tönsuaadu, K., & Shchukarev, A. (2013). Hydroxy- and fluorapatite as sorbents in Cd (II)–Zn (II) multi-component solutions in the absence/presence of EDTA. *Journal of hazardous materials*, 252, 91-98
- Wan, M., Zhang, J., Hou, D., Fan, J., Li, Y., Huang, J., & Wang, J. (2014). The effect of temperature on cell growth and astaxanthin accumulation of *Haematococcus pluvialis* during a light–dark cyclic cultivation. *Bioresource technology*, 167, 276-283.
- Wang, X., Dong, H. P., Wei, W., Balamurugan, S., Yang, W. D., Liu, J. S., & Li, H. Y. (2018). Dual expression of plastidial GPAT1 and LPAT1 regulates triacylglycerol production and the fatty acid profile in *Phaeodactylum tricorutum*. *Biotechnology for biofuels*, 11(1), 1-14.
- Wang, X., Feng, C., Tian, L., Hou, C., Tian, W., Hu, B., Zhang, Q., Ren, Z., Niu, Q., Song, J., Kong, D., Liu, L., He, Y., Ma, L., Chu, C., Luan, S., & Li, L. (2021). A transceptor–channel complex couples nitrate sensing to calcium signaling in *Arabidopsis*. *Molecular Plant*, 14(5), 774-786.
- Wang, X., Liu, Y. H., Hu, D. X., Balamurugan, S., Lu, Y., Yang, W. D., Liu, J. S., & Li, H. Y. (2015). Identification of a putative patatin-like phospholipase domain-containing



- protein 3 (PNPLA3) ortholog involved in lipid metabolism in microalga *Phaeodactylum tricorutum*. *Algal research*, 12, 274-279.
- Wani, S. H., Anand, S., Singh, B., Bohra, A., & Joshi, R. (2021). WRKY transcription factors and plant defense responses: latest discoveries and future prospects. *Plant Cell Reports*, 40, 1071-1085.
- Wei, H., Shi, Y., Ma, X., Pan, Y., Hu, H., Li, Y., ... & Liu, J. (2017). A type-I diacylglycerol acyltransferase modulates triacylglycerol biosynthesis and fatty acid composition in the oleaginous microalga, *Nannochloropsis oceanica*. *Biotechnology for Biofuels*, 10, 1-18.
- Wei, L., Derrien, B., Gautier, A., Houille-Vernes, L., Boulouis, A., Saint-Marcoux, D., Malnoë, A., Rappaport, F., de Vitry, C., Vallon Y. C. & Wollman, F. A. (2014). Nitric oxide-triggered remodeling of chloroplast bioenergetics and thylakoid proteins upon nitrogen starvation in *Chlamydomonas reinhardtii*. *The Plant Cell*, 26(1), 353-372.
- Willows, R. D. (2020). Biosynthesis of chlorophyll and bilins in algae. *Photosynthesis in algae: biochemical and physiological mechanisms*, 83-103.
- Wu, T., Yu, L., Zhang, Y., & Liu, J. (2021). Characterization of fatty acid desaturases reveals stress-induced synthesis of C18 unsaturated fatty acids enriched in triacylglycerol in the oleaginous alga *Chromochloris zofingiensis*. *Biotechnology for Biofuels*, 14, 1-23.
- Wurch, L. L., Haley, S. T., Orchard, E. D., Gobler, C. J., & Dyhrman, S. T. (2011). Nutrient-regulated transcriptional responses in the brown tide-forming alga *Aureococcus anophagefferens*. *Environmental Microbiology*, 13(2), 468-481.
- Xia, S., Wang, K., Wan, L., Li, A., Hu, Q., & Zhang, C. (2013). Production, characterization, and antioxidant activity of fucoxanthin from the marine diatom *Odontella aurita*. *Marine drugs*, 11(7), 2667-2681.
- Xie, F., Xiao, P., Chen, D., Xu, L., & Zhang, B. (2012). miRDeepFinder: a miRNA analysis tool for deep sequencing of plant small RNAs. *Plant molecular biology*, 80, 75-84. Website: <https://www.ciidirsinaloa.com.mx/RefFinder-master/?type=reference>. Last accessed 2024 April 20
- Xue, J., Balamurugan, S., Li, D. W., Liu, Y. H., Zeng, H., Wang, L., Yang, W.D., Liu, J.S & Li, H. Y. (2017). Glucose-6-phosphate dehydrogenase as a target for highly efficient fatty acid biosynthesis in microalgae by enhancing NADPH supply. *Metabolic engineering*, 41, 212-221.
- Xue, J., Chen, T.T., Zheng, J.W., Balamurugan, S., Cai J.X., Liu, Y.H., Yang, W.D., Liu, J.S., & Li, H.Y. (2018) The role of diatom glucose-6-phosphate dehydrogenase on lipogenic NADPH supply in green microalgae through plastidial oxidative pentose phosphate pathway. *Applied Microbiology Biotechnology*. 102:10803–10815
- Xue, J., Wang, L., Zhang, L., Balamurugan, S., Li, D. W., Zeng, H., Yang, W.D., Liu, J.S. & Li, H.Y. (2016). The pivotal role of malic enzyme in enhancing oil accumulation in green microalga *Chlorella pyrenoidosa*. *Microbial cell factories*, 15(1), 1-9.

- Xue, Q., Wang, R., Xu, W., Wang, J., & Tan, L. (2018). The stresses of allelochemicals isolated from culture solution of diatom *Phaeodactylum tricornutum* Bohlin on growth and physiology of two marine algae. *Aquatic toxicology*, *205*, 51-57.
- Yaakob, M. A., Mohamed, R. M. S. R., Al-Gheethi, A., Aswathnarayana Gokare, R., & Ambati, R. R. (2021). Influence of nitrogen and phosphorus on microalgal growth, biomass, lipid, and fatty acid production: an overview. *Cells*, *10*(2), 393.
- Yang, J., Pan, Y., Bowler, C., Zhang, L., & Hu, H. (2016). Knockdown of phosphoenolpyruvate carboxykinase increases carbon flux to lipid synthesis in *Phaeodactylum tricornutum*. *Algal research*, *15*, 50-58.
- Yang, R., Wei, D., & Xie, J. (2020). Diatoms as cell factories for high-value products: chrysolaminarin, eicosapentaenoic acid, and fucoxanthin. *Critical reviews in biotechnology*, *40*(7), 993-1009.
- Yang, Z. K., Ma, Y. H., Zheng, J. W., Yang, W. D., Liu, J. S., & Li, H. Y. (2014). Proteomics to reveal metabolic network shifts towards lipid accumulation following nitrogen deprivation in the diatom *Phaeodactylum tricornutum*. *Journal of applied phycology*, *26*, 73-82.
- Yang, Z. K., Niu, Y. F., Ma, Y. H., Xue, J., Zhang, M. H., Yang, W. D., Liu, J. S., Lu, S. H. & Li, H. Y. (2013). Molecular and cellular mechanisms of neutral lipid accumulation in diatom following nitrogen deprivation. *Biotechnology for biofuels*, *6*, 1-14.
- Ye, J., Coulouris, G., Zaretskaya, I., Cutcutache, I., Rozen, S., & Madden, T. L. (2012). Primer-BLAST: a tool to design target-specific primers for polymerase chain reaction. *BMC bioinformatics*, *13*, 1-11. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast/>. Last accessed 2022 February 01
- Yi, Z., Xu, M., Di, X., Brynjolfsson, S., & Fu, W. (2017). Exploring valuable lipids in diatoms. *Frontiers in Marine Science*, *4*, 17.
- Yodsuwan, N., Sawayama, S., & Sirisansaneeyakul, S. (2017). Effect of nitrogen concentration on growth, lipid production and fatty acid profiles of the marine diatom *Phaeodactylum tricornutum*. *Agriculture and Natural Resources*, *51*(3), 190-197.
- Yu, S. J., Shen, X. F., Ge, H. Q., Zheng, H., Chu, F. F., Hu, H., & Zeng, R. J. (2016). Role of sufficient phosphorus in biodiesel production from diatom *Phaeodactylum tricornutum*. *Applied microbiology and biotechnology*, *100*, 6927-6934.
- Yu, X., Chen, L., & Zhang, W. (2015). Chemicals to enhance microalgal growth and accumulation of high-value bioproducts. *Frontiers in microbiology*, *6*, 126682.
- Zachleder, V., & Brányiková, I. (2014). Starch overproduction by means of algae. *Algal Biorefineries: Volume 1: cultivation of cells and products*, 217-240.
- Zalogin, T. R., & Pick, U. (2014). Azide improves triglyceride yield in microalgae. *Algal Research*, *3*, 8-16.
- Zebiri, I., Jacquette, B., Francezon, N., Herbaut, M., Latigui, A., Bricaud, S., Tremblay, R., Passeto, P., Mouget, J.L., & Dittmer, J. (2023). The Polysaccharidic Nature of the Skeleton of Marennine as Determined by NMR Spectroscopy. *Marine Drugs*, *21*(1), 42.

- Zhang, J., Hao, Q., Bai, L., Xu, J., Yin, W., Song, L., Xu, L., Guo, X., Fan, C., Chen, Y., Ruan, J., Hao, S., Li, Y., Wang, R.R.C., Hu, Z. & Hu, Z. (2014). Overexpression of the soybean transcription factor GmDof4 significantly enhances the lipid content of *Chlorella ellipsoidea*. *Biotechnology for biofuels*, 7(1), 1-16.
- Zhao, B., Li, Y., Li, C., Yang, H., & Wang, W. (2018). Enhancement of *Schizochytrium* DHA synthesis by plasma mutagenesis aided with malonic acid and zeocin screening. *Applied microbiology and biotechnology*, 102(5), 2351-2361.
- Zhao, Y., Wang, H. P., Han, B., & Yu, X. (2019). Coupling of abiotic stresses and phytohormones for the production of lipids and high-value by-products by microalgae: A review. *Bioresource technology*, 274, 549-556.
- Zhu, J., Cai, Y., Wakisaka, M., Yang, Z., Yin, Y., Fang, W., Xu, Y., Omura, T., Yu R. & Zheng, A. L. T. (2023). Mitigation of oxidative stress damage caused by abiotic stress to improve biomass yield of microalgae: A review. *Science of The Total Environment*, 165200.
- Zhu, Y., Sun, J., Zhu, Y., Wang, L., & Qi, B. (2015). Endogenic oxidative stress response contributes to glutathione over-accumulation in mutant *Saccharomyces cerevisiae* Y518. *Applied microbiology and biotechnology*, 99, 7069-7078.
- Zienkiewicz, A., Zienkiewicz, K., Poliner, E., Pulman, J. A., Du, Z. Y., Stefano, G., Tsai, C.H., Horn, P., Feussner, I., Farre, E.M., Childs, K.L., Brandizzi, F. & Benning, C. (2020). The microalga *Nannochloropsis* during transition from quiescence to autotrophy in response to nitrogen availability. *Plant physiology*, 182(2), 819-839.

## **XI. ANEXOS**

Anexo 1. Genes expresados diferencialmente.

Anexo 2. Análisis de enriquecimiento de ontología génica (GO).

Anexo 3. Análisis de enriquecimiento KEGG.

Anexo 4. Lista de genes involucrados en las rutas de glucólisis/gluconeogénesis, fotosíntesis, metabolismo de carbohidratos, proteínas y lípidos.

Anexo 5. Proteínas identificadas en *C. muelleri* bajo los tratamientos de nitrógeno.

Anexo 6. Proteínas acumuladas diferencialmente (DAP) en *C. muelleri* bajo los tratamientos de nitrógeno.

Anexo 1. Genes expresados diferencialmente (log2FC>|1|, FDR < 0.05).

UnigeneID	Description	Lf10/Cf		Lf4/Cf		E2/Cf		cluster
		log2FC	FDR	log2FC	FDR	log2FC	FDR	
TRINITY_DN1122_c1_g1_i3	phospholipase-A1 *(PA-PLA1)	-10.53	4.39E-10	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1949_c0_g1_i5	splicing factor *(PRP38)	-10.22	2.14E-09	-10.07	6.16E-09	-2.65	5.00E-02	4
TRINITY_DN637_c3_g1_i1	1-(5-phosphoribosyl)-5-[(5-phosphoribosylamino)methylideneamino] imidazole-4-carboxamide isomerase, chloroplastic	7.29	1.22E-03	7.14	2.46E-03	7.29	1.22E-03	2
TRINITY_DN1750_c0_g1_i2	1-phosphatidylinositol-3-phosphate 5-kinase FAB1A	6.85	6.05E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN124_c1_g1_i5	15-cis-phytoene desaturase,	0.00	0.00	0.00	0.00	10.18	2.47E-09	11
TRINITY_DN2006_c0_g1_i1	2-(3-amino-3-carboxypropyl)histidine synthase subunit 1	6.34	2.99E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2608_c0_g1_i11	2-aminoethylphosphonate dioxxygenase	0.00	0.00	-7.82	1.61E-04	0.00	0.00	10
TRINITY_DN2608_c0_g1_i2	2-aminoethylphosphonate dioxxygenase	6.34	3.80E-02	0.00	0.00	6.98	4.49E-03	1
TRINITY_DN2608_c0_g1_i5	2-aminoethylphosphonate dioxxygenase	9.47	7.30E-08	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2608_c0_g1_i7	2-aminoethylphosphonate dioxxygenase	7.94	8.32E-05	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1795_c1_g1_i1	2-dehydropantoate 2-reductase	0.00	0.00	6.39	3.09E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN1725_c0_g1_i8	2-oxoglutarate-dependent dioxxygenase citB	0.00	0.00	6.92	5.47E-03	7.39	7.87E-04	11
TRINITY_DN1694_c1_g1_i10	2-succinyl-5-enolpyruvyl-6-hydroxy-3-cyclohexene-1-carboxylate synthase	0.00	0.00	0.00	0.00	9.22	2.59E-07	11
TRINITY_DN1694_c1_g1_i3	2-succinyl-5-enolpyruvyl-6-hydroxy-3-cyclohexene-1-carboxylate synthase	-4.62	2.59E-05	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN529_c3_g1_i2	2,3-dimethylmalate lyase	3.15	3.44E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2781_c1_g1_i2	20S proteasome subunit PAC1	0.00	0.00	-7.32	1.36E-03	-7.43	7.87E-04	8
TRINITY_DN1597_c0_g1_i1	23S rRNA (guanosine-2'-O-)-methyltransferase RImB	0.00	0.00	0.00	0.00	6.49	2.00E-02	11
TRINITY_DN2852_c4_g1_i2	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 4 homolog	7.12	2.21E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2852_c4_g1_i5	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 4 homolog	0.00	0.00	8.01	7.05E-05	0.00	0.00	12
TRINITY_DN2852_c4_g1_i7	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 4 homolog	2.85	4.06E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN867_c1_g1_i4	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 5	0.00	0.00	-8.40	1.30E-05	0.00	0.00	10
TRINITY_DN2265_c0_g1_i5	3-hydroxyacyl CoA dehydrogenase	0.00	0.00	0.00	0.00	6.88	6.54E-03	11
TRINITY_DN242_c2_g1_i2	3-methyl-2-oxobutanoate hydroxymethyltransferase 2, mitochondrial	-8.37	1.28E-05	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN242_c2_g1_i5	3-methyl-2-oxobutanoate hydroxymethyltransferase 2, mitochondrial	0.00	0.00	-3.23	2.45E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN544_c4_g1_i1	33 kDa chaperonin	6.53	1.94E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN544_c4_g1_i4	33 kDa chaperonin	7.92	9.17E-05	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN544_c4_g1_i7	33 kDa chaperonin	7.71	2.21E-04	8.02	7.05E-05	0.00	0.00	5
TRINITY_DN2063_c0_g1_i7	4-hydroxyphenylalkanoate adenyltransferase	6.01	3.11E-06	5.60	4.68E-05	0.00	0.00	5
TRINITY_DN1264_c0_g1_i6	40S ribosomal protein S28	7.50	5.16E-04	6.99	4.57E-03	6.98	3.80E-03	2
TRINITY_DN517_c0_g2_i3	5-amino-6-(5-phospho-D-ribitylamino)uracil phosphatase, chloroplastic	-8.20	2.84E-05	-8.05	5.81E-05	-8.16	3.30E-05	8
TRINITY_DN517_c0_g2_i6	5-amino-6-(5-phospho-D-ribitylamino)uracil phosphatase, chloroplastic	-6.37	2.99E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN17899_c0_g1_i1	5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltransferase 1	-5.42	7.60E-05	0.00	0.00	-4.04	4.21E-03	3
TRINITY_DN684_c1_g1_i4	5'-3' exoribonuclease 2 homolog	-6.59	1.58E-02	-6.44	3.09E-02	-6.55	2.00E-02	8
TRINITY_DN1082_c2_g1_i7	50S ribosomal protein L33	0.00	0.00	5.14	3.56E-03	0.00	0.00	12
TRINITY_DN1396_c0_g1_i2	6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating 1	2.99	2.67E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1429_c0_g1_i2	60 kDa chaperonin 2	7.83	1.25E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN29057_c0_g1_i1	A' protein	-3.94	7.83E-04	0.00	0.00	-6.15	5.45E-06	3
TRINITY_DN2583_c0_g1_i2	AAA family cell division control-like protein, partial	10.33	1.17E-09	9.49	8.07E-08	10.49	6.18E-10	2
TRINITY_DN9673_c0_g4_i1	ABA-responsive protein ABR17	-7.44	6.77E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN535_c2_g1_i1	ABC transporter	0.00	0.00	-2.95	3.63E-02	-9.07	5.58E-07	9
TRINITY_DN535_c2_g1_i8	ABC transporter	0.00	0.00	0.00	0.00	-9.47	9.49E-08	9
TRINITY_DN739_c0_g1_i13	ABC transporter	0.00	0.00	6.91	5.47E-03	0.00	0.00	12
TRINITY_DN739_c0_g1_i14	ABC transporter	0.00	0.00	0.00	0.00	-7.66	2.77E-04	9
TRINITY_DN739_c0_g1_i21	ABC transporter	0.00	0.00	0.00	0.00	-8.34	1.38E-05	9
TRINITY_DN739_c0_g1_i6	ABC transporter	0.00	0.00	6.95	4.57E-03	0.00	0.00	12
TRINITY_DN400_c0_g1_i9	ABC transporter protein family, partial	0.00	0.00	-7.97	8.60E-05	0.00	0.00	10
TRINITY_DN1340_c0_g1_i4	ABC transporter B family member 1	-9.35	1.23E-07	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1340_c0_g1_i5	ABC transporter B family member 1	0.00	0.00	0.00	0.00	-8.70	3.16E-06	9
TRINITY_DN1340_c0_g1_i6	ABC transporter B family member 1	2.66	4.06E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1340_c0_g1_i8	ABC transporter B family member 1	0.00	0.00	0.00	0.00	8.39	1.04E-05	11
TRINITY_DN723_c0_g1_i7	ABC transporter B family member 25, mitochondrial	7.09	2.58E-03	7.16	2.13E-03	0.00	0.00	5
TRINITY_DN851_c0_g1_i4	ABC transporter B family member 26, chloroplastic	-4.98	1.23E-06	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1933_c0_g1_i8	ABC transporter D family member 2, chloroplastic	6.96	3.59E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6

TRINITY_DN876_c2_g1_i2	Abscisic acid perception modulator (ABAR)	0.00	0.00	-3.37	3.82E-03	0.00	0.00	10
TRINITY_DN876_c2_g1_i3	Abscisic acid perception modulator (ABAR)	0.00	0.00	-3.37	2.78E-03	0.00	0.00	10
TRINITY_DN219_c0_g1_i1	Acetamidase	2.62	3.14E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN219_c0_g1_i2	Acetamidase	2.76	2.22E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN219_c0_g1_i3	Acetamidase	0.00	0.00	6.52	2.06E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN219_c0_g1_i4	Acetamidase	2.83	1.50E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN219_c0_g1_i5	Acetamidase	2.99	8.75E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN219_c0_g1_i6	Acetamidase	3.58	8.48E-04	0.00	0.00	-7.78	1.74E-04	9
TRINITY_DN219_c0_g1_i9	Acetamidase	2.90	1.03E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN129_c5_g1_i5	acetyl-coenzyme a synthetase	0.00	0.00	7.32	1.36E-03	0.00	0.00	12
TRINITY_DN1296_c1_g1_i3	actin, actin related protein, partial	-9.24	2.11E-07	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1477_c1_g1_i4	Acyl-CoA dehydrogenase family member 11	0.00	0.00	-7.04	3.32E-03	0.00	0.00	10
TRINITY_DN2005_c1_g1_i2	Acyl-CoA-binding domain-containing protein 6 homolog	4.00	1.64E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN5941_c0_g1_i1	Acyl-coenzyme A dehydrogenase	-9.06	4.88E-07	-8.91	1.30E-06	-9.02	7.31E-07	8
TRINITY_DN1789_c0_g1_i2	Acyl-coenzyme A thioesterase THEM4	7.13	2.21E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN10581_c0_g1_i2	adenine nucleotide translocator; ATP/ADP translocase	-6.59	1.58E-02	0.00	0.00	-6.55	2.00E-02	3
TRINITY_DN13374_c0_g1_i4	Adenosylhomocysteinase	2.63	4.90E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN9976_c0_g1_i1	Adenosylhomocysteinase	0.00	0.00	0.00	0.00	-6.62	1.65E-02	9
TRINITY_DN9976_c0_g2_i2	Adenosylhomocysteinase	-6.45	2.42E-02	0.00	0.00	-6.41	3.11E-02	3
TRINITY_DN969_c1_g1_i6	Adenylate cyclase	7.69	2.51E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN969_c1_g1_i7	Adenylate cyclase	-2.53	4.74E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN74_c0_g1_i2	Adenylate cyclase type 10	0.00	0.00	-8.38	1.41E-05	0.00	0.00	10
TRINITY_DN1689_c1_g1_i2	adenylylsulfate kinase	0.00	0.00	6.28	4.92E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN1689_c1_g1_i7	adenylylsulfate kinase	-6.65	1.28E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN126_c8_g1_i2	ADP-ribosylation factor GTPase-activating protein 3	0.00	0.00	0.00	0.00	-4.32	1.38E-03	9
TRINITY_DN126_c8_g1_i3	ADP-ribosylation factor GTPase-activating protein 3	7.34	1.04E-03	7.28	1.36E-03	0.00	0.00	5
TRINITY_DN832_c0_g1_i2	ADP-ribosylation factor-related protein 1	0.00	0.00	0.00	0.00	9.34	1.66E-07	11
TRINITY_DN12150_c0_g1_i9	ADP/ATP translocase 4	-6.44	2.42E-02	-6.30	4.92E-02	-6.40	3.11E-02	8
TRINITY_DN805_c2_g1_i1	alkaline phosphatase	6.17	4.70E-02	6.76	9.47E-03	0.00	0.00	5
TRINITY_DN7011_c0_g1_i1	Aldehyde-alcohol dehydrogenase	2.83	4.31E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1212_c0_g1_i4	Aliphatic amidase	-7.77	1.72E-04	-7.63	3.60E-04	-7.73	2.17E-04	8
TRINITY_DN2555_c0_g1_i1	Alkyldihydroxyacetonephosphate synthase	-6.95	5.12E-03	-6.80	9.47E-03	-6.91	6.54E-03	8
TRINITY_DN1188_c0_g1_i20	alpha subunit of tetrameric clathrin adaptor complex AP1, partial	0.00	0.00	0.00	0.00	8.10	3.90E-05	11
TRINITY_DN1419_c2_g1_i4	Alpha-1,3/1,6-mannosyltransferase ALG2	0.00	0.00	-7.09	2.88E-03	-7.20	1.95E-03	8
TRINITY_DN25536_c0_g1_i1	Alpha-dioxygenase 1	-6.95	5.12E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN544_c0_g1_i3	Alpha-galactosidase AgaA	0.00	0.00	7.44	7.87E-04	7.90	8.99E-05	11
TRINITY_DN1769_c0_g1_i4	Alpha-protein kinase vwKA	0.00	0.00	0.00	0.00	-4.72	2.59E-02	9
TRINITY_DN1769_c0_g1_i5	Alpha-protein kinase vwKA	-7.19	1.94E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN4219_c1_g1_i1	Amino-acid acetyltransferase	-2.77	2.69E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2153_c0_g1_i8	aminotransferase	11.24	1.65E-11	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN13376_c0_g1_i1	ammonium transporter	2.58	3.99E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2044_c0_g1_i4	Ammonium transporter 1 member 2	3.93	1.90E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN593_c12_g1_i4	Annexin A13	3.11	1.89E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1611_c0_g1_i16	Anoctamin-10	0.00	0.00	8.01	7.05E-05	6.72	1.14E-02	11
TRINITY_DN1611_c0_g1_i19	Anoctamin-10	0.00	0.00	0.00	0.00	6.56	1.65E-02	11
TRINITY_DN1611_c0_g1_i22	Anoctamin-10	7.92	9.17E-05	0.00	0.00	6.78	9.38E-03	1
TRINITY_DN1611_c0_g1_i23	Anoctamin-10	-7.65	3.14E-04	0.00	0.00	-7.61	3.57E-04	3
TRINITY_DN1611_c0_g1_i24	Anoctamin-10	-3.14	1.10E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1611_c0_g1_i9	Anoctamin-10	9.21	2.31E-07	7.41	9.00E-04	8.34	1.27E-05	2
TRINITY_DN1188_c0_g1_i17	AP-2 complex subunit alpha-2	8.77	1.78E-06	0.00	0.00	9.31	1.83E-07	1
TRINITY_DN2548_c0_g1_i7	Apoptosis-enhancing nuclease	-3.44	7.76E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2548_c0_g1_i8	Apoptosis-enhancing nuclease	3.05	4.90E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2519_c0_g1_i12	Apoptosis-inducing factor 2	-6.78	8.75E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN13054_c0_g1_i1	Aquaporin PIP2-7	-5.19	5.36E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN123_c1_g1_i3	ArfGEF, partial	0.00	0.00	7.58	4.08E-04	8.70	2.88E-06	11
TRINITY_DN600_c0_g1_i2	Arginine-hydroxylase NDUF5F5, mitochondrial	0.00	0.00	7.03	3.90E-03	0.00	0.00	12
TRINITY_DN1341_c1_g1_i6	arylsulfatase, partial	3.20	1.28E-02	3.28	1.06E-02	3.85	7.87E-04	6
TRINITY_DN1689_c5_g1_i3	arylsulfatase, partial	-8.27	2.02E-05	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN24032_c0_g1_i1	ascorbate peroxidase	-4.61	4.01E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7

TRINITY_DN29643_c0_g1_i1	ascorbate peroxidase	0.00	0.00	0.00	0.00	-4.73	2.59E-02	9
TRINITY_DN29364_c0_g1_i1	ascorbate peroxidase, partial	-5.45	1.96E-03	0.00	0.00	-3.96	1.98E-02	3
TRINITY_DN1417_c0_g1_i5	asparagine synthase	0.00	0.00	6.70	1.13E-02	7.42	6.98E-04	11
TRINITY_DN27514_c0_g1_i1	asparagine synthase	-7.62	3.57E-04	0.00	0.00	-4.50	7.85E-03	3
TRINITY_DN516_c1_g1_i5	aspartate-tRNA ligase or aspartyl tRNA synthetase	0.00	0.00	6.92	5.47E-03	0.00	0.00	12
TRINITY_DN161_c1_g1_i1	Atlastin	0.00	0.00	0.00	0.00	-6.80	9.38E-03	9
TRINITY_DN11487_c0_g1_i1	ATP synthase subunit 9, mitochondrial	0.00	0.00	3.87	2.22E-03	0.00	0.00	12
TRINITY_DN1957_c0_g2_i1	ATP synthase subunit beta, chloroplastic	0.00	0.00	3.09	1.10E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN10133_c0_g2_i1	ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit ClpA homolog	3.13	2.06E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN7324_c0_g1_i4	ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit 2	0.00	0.00	9.60	4.93E-08	0.00	0.00	12
TRINITY_DN544_c3_g1_i1	ATP-dependent DNA helicase Q-like 3	7.80	1.55E-04	6.78	9.47E-03	7.44	6.98E-04	2
TRINITY_DN544_c3_g1_i3	ATP-dependent DNA helicase Q-like 3	-6.52	1.94E-02	0.00	0.00	-6.48	2.51E-02	3
TRINITY_DN2062_c1_g1_i4	ATP-dependent DNA helicase Q4	7.64	2.82E-04	6.41	3.09E-02	0.00	0.00	5
TRINITY_DN1266_c0_g1_i2	ATP-dependent helicase rhp16	6.96	3.59E-03	6.34	3.89E-02	0.00	0.00	5
TRINITY_DN1266_c0_g1_i7	ATP-dependent helicase rhp16	5.06	2.45E-03	4.58	2.60E-02	5.27	1.26E-03	6
TRINITY_DN2181_c0_g1_i16	ATP-dependent helicase, partial	0.00	0.00	-3.53	3.35E-03	0.00	0.00	10
TRINITY_DN1626_c2_g1_i3	ATP-dependent RNA helicase DDX24	7.97	7.60E-05	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1626_c2_g1_i5	ATP-dependent RNA helicase DDX24	-5.47	4.60E-07	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1626_c2_g1_i7	ATP-dependent RNA helicase DDX24	0.00	0.00	-2.66	4.71E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN2405_c0_g1_i3	ATP-dependent RNA helicase dhx29	7.54	4.03E-04	7.69	2.80E-04	0.00	0.00	5
TRINITY_DN2405_c0_g1_i5	ATP-dependent RNA helicase dhx29	0.00	0.00	-7.40	9.00E-04	0.00	0.00	10
TRINITY_DN2405_c0_g1_i9	ATP-dependent RNA helicase dhx29	8.82	1.38E-06	7.07	3.32E-03	0.00	0.00	5
TRINITY_DN1137_c0_g1_i7	ATP-dependent RNA helicase ROK1	9.59	4.12E-08	0.00	0.00	7.88	9.88E-05	1
TRINITY_DN18_c3_g1_i1	atp-dependent RNA helicase, partial	6.27	3.80E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN6635_c0_g1_i2	ATPase family protein 2 homolog	8.68	2.81E-06	7.44	7.87E-04	8.70	2.95E-06	2
TRINITY_DN91_c3_g1_i16	atpase-like protein, partial	0.00	0.00	0.00	0.00	8.02	5.30E-05	11
TRINITY_DN91_c3_g1_i3	atpase-like protein, partial	0.00	0.00	0.00	0.00	7.85	1.22E-04	11
TRINITY_DN91_c3_g1_i7	atpase-like protein, partial	0.00	0.00	8.08	5.33E-05	7.02	3.80E-03	11
TRINITY_DN91_c3_g1_i8	atpase-like protein, partial	7.09	2.58E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN63_c4_g1_i4	Autophagy-related protein 2	0.00	0.00	7.09	2.88E-03	8.76	2.27E-06	11
TRINITY_DN2329_c0_g1_i4	Auxiliary co-chaperone involved in RuBisCo assembly (CPN20)	-7.89	1.13E-04	-7.74	2.27E-04	-7.85	1.22E-04	8
TRINITY_DN1175_c0_g1_i6	B9 domain-containing protein 2	-8.39	1.18E-05	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2316_c1_g1_i1	Band 3 anion transport protein	-8.79	1.66E-06	0.00	0.00	-8.75	2.42E-06	3
TRINITY_DN1231_c0_g1_i16	Beta-1,3-xylanase XYL4	0.00	0.00	-6.57	2.06E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN1231_c0_g1_i9	Beta-1,3-xylanase XYL4	0.00	0.00	0.00	0.00	6.83	7.71E-03	11
TRINITY_DN293_c0_g1_i5	Beta-galactosidase	9.55	4.89E-08	8.13	4.15E-05	0.00	0.00	5
TRINITY_DN988_c0_g1_i5	Beta-glucan synthesis-associated protein KRE6	8.25	2.19E-05	7.60	4.08E-04	8.39	1.11E-05	2
TRINITY_DN988_c0_g2_i12	Beta-glucan synthesis-associated protein KRE6	0.00	0.00	0.00	0.00	-8.74	2.55E-06	9
TRINITY_DN988_c0_g2_i13	Beta-glucan synthesis-associated protein KRE6	0.00	0.00	0.00	0.00	6.85	6.54E-03	11
TRINITY_DN988_c0_g2_i15	Beta-glucan synthesis-associated protein KRE6	0.00	0.00	0.00	0.00	7.68	2.45E-04	11
TRINITY_DN988_c0_g2_i5	Beta-glucan synthesis-associated protein KRE6	0.00	0.00	0.00	0.00	8.84	1.58E-06	11
TRINITY_DN988_c0_g2_i8	Beta-glucan synthesis-associated protein KRE6	7.84	1.25E-04	8.21	2.97E-05	8.34	1.27E-05	2
TRINITY_DN1043_c1_g1_i25	Beta-glucan synthesis-associated protein SKN1	0.00	0.00	4.97	7.87E-04	4.69	1.40E-03	6
TRINITY_DN1709_c1_g1_i4	Beta-mannosidase	0.00	0.00	-3.21	5.06E-03	0.00	0.00	10
TRINITY_DN844_c0_g1_i3	Bifunctional D-cysteine desulfhydrase/1-aminocyclopropane-1-carboxylate deaminase, mitochondrial	8.40	1.08E-05	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1147_c0_g1_i9	Brefeldin A-inhibited guanine nucleotide-exchange protein 1	0.00	0.00	0.00	0.00	-7.31	1.22E-03	9
TRINITY_DN43_c0_g1_i5	C-myc promoter-binding protein	0.00	0.00	9.91	1.23E-08	0.00	0.00	12
TRINITY_DN2747_c1_g1_i2	calcium transporting ATPase	0.00	0.00	0.00	0.00	-3.05	3.72E-02	9
TRINITY_DN440_c1_g1_i2	Calcium-binding protein 1	7.47	5.90E-04	8.30	2.12E-05	0.00	0.00	5
TRINITY_DN440_c1_g1_i3	Calcium-binding protein 1	7.16	1.94E-03	8.67	3.82E-06	8.79	2.00E-06	2
TRINITY_DN1332_c0_g1_i5	Calcium-dependent protein kinase 1	0.00	0.00	0.00	0.00	-6.90	6.54E-03	9
TRINITY_DN220_c2_g1_i10	Calcium-dependent protein kinase 1	0.00	0.00	0.00	0.00	-8.59	4.96E-06	9
TRINITY_DN220_c2_g1_i6	Calcium-dependent protein kinase 1	3.82	1.63E-03	0.00	0.00	3.27	1.84E-02	6
TRINITY_DN220_c2_g1_i8	Calcium-dependent protein kinase 1	-4.38	5.36E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN220_c2_g1_i9	Calcium-dependent protein kinase 1	-3.73	4.70E-02	0.00	0.00	-6.67	1.38E-02	3
TRINITY_DN747_c0_g1_i8	Calcium-dependent protein kinase 2	-6.88	6.05E-03	0.00	0.00	-6.84	7.71E-03	3
TRINITY_DN2018_c1_g1_i5	calcium-dependent protein kinase, partial	9.47	7.30E-08	8.76	2.40E-06	10.45	7.18E-10	2
TRINITY_DN305_c1_g1_i1	Calcyclin-binding protein	-6.65	1.28E-02	-6.50	2.52E-02	-6.61	1.65E-02	8

TRINITY_DN305_c1_g1_i5	Calceylin-binding protein	-7.15	2.21E-03	-4.71	1.95E-02	0.00	0.00	4
TRINITY_DN623_c0_g1_i2	Callose synthase 10	-2.80	1.58E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN9957_c0_g1_i1	calreticulin-like protein, partial	3.33	3.03E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2950_c1_g1_i4	cAMP dependent protein kinase, partial	6.17	4.70E-02	0.00	0.00	6.77	9.38E-03	1
TRINITY_DN2368_c0_g1_i1	cAMP-dependent protein kinase type II regulatory subunit	0.00	0.00	0.00	0.00	7.21	1.66E-03	11
TRINITY_DN915_c1_g1_i2	cAMP-dependent protein kinase, catalytic subunit-like	7.44	6.77E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN714_c1_g1_i1	Carbohydrate sulfotransferase 10	8.11	4.17E-05	6.89	6.63E-03	6.98	4.49E-03	2
TRINITY_DN4592_c0_g1_i7	Casein kinase II subunit beta	0.00	0.00	-10.04	6.75E-09	0.00	0.00	10
TRINITY_DN4592_c0_g1_i8	Casein kinase II subunit beta	0.00	0.00	2.99	1.59E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN4592_c0_g1_i9	Casein kinase II subunit beta	0.00	0.00	-7.77	2.01E-04	0.00	0.00	10
TRINITY_DN3346_c0_g1_i1	Cation/calcium exchanger 1	0.00	0.00	0.00	0.00	8.84	1.58E-06	11
TRINITY_DN331_c1_g1_i3	Cell division cycle protein 27 homolog	0.00	0.00	-6.74	1.13E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN368_c0_g1_i6	Cell division protein FtsZ	0.00	0.00	-12.35	7.23E-14	0.00	0.00	10
TRINITY_DN231_c0_g1_i3	cGMP-gated cation channel alpha-1	8.83	1.31E-06	0.00	0.00	7.13	2.26E-03	1
TRINITY_DN847_c0_g1_i1	Chaperone protein ClpB	0.00	0.00	-7.39	9.00E-04	0.00	0.00	10
TRINITY_DN847_c0_g1_i6	Chaperone protein ClpB	0.00	0.00	0.00	0.00	-3.66	2.51E-03	9
TRINITY_DN593_c4_g1_i5	Chaperone protein DnaJ	4.17	7.60E-05	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN26178_c0_g1_i1	Chlorophyll a-b binding protein AB80, chloroplastic	-6.35	2.99E-07	0.00	0.00	-4.02	6.23E-04	3
TRINITY_DN1369_c2_g1_i5	Chlorophyll a-b binding protein CP29.2, chloroplastic	0.00	0.00	0.00	0.00	6.41	3.11E-02	11
TRINITY_DN594_c0_g1_i1	Chromodomain-helicase-DNA-binding protein 4	-10.37	1.01E-09	-3.39	3.12E-03	0.00	0.00	4
TRINITY_DN594_c0_g1_i2	Chromodomain-helicase-DNA-binding protein 4	3.18	4.34E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN497_c1_g1_i9	Chromosome transmission fidelity protein 18 homolog	7.90	9.17E-05	9.41	1.06E-07	8.93	1.02E-06	2
TRINITY_DN1045_c0_g1_i17	Chromosome-associated kinesin KIF4	-3.58	2.62E-02	-7.84	1.46E-04	-3.95	1.08E-02	8
TRINITY_DN1832_c0_g1_i7	Cilia- and flagella-associated protein 58	-6.84	7.25E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN9673_c0_g1_i3	Class-10 pathogenesis-related protein 1	-5.63	8.62E-04	0.00	0.00	-3.45	4.41E-02	3
TRINITY_DN1593_c2_g1_i2	coatamer protein subunit beta 1	7.75	1.72E-04	7.36	1.03E-03	7.47	1.62E-04	2
TRINITY_DN1397_c2_g1_i5	COP9 signalosome complex subunit 2	-8.93	9.21E-07	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1397_c2_g1_i9	COP9 signalosome complex subunit 2	0.00	0.00	6.87	6.63E-03	0.00	0.00	12
TRINITY_DN1244_c3_g1_i2	Copia protein	7.61	3.14E-04	6.76	9.47E-03	0.00	0.00	5
TRINITY_DN77_c0_g1_i11	Copine-3	3.74	6.95E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN77_c0_g1_i18	Copine-3	3.33	4.34E-03	0.00	0.00	-6.48	2.51E-02	9
TRINITY_DN455_c1_g1_i13	CRAL-TRIO domain-containing protein C23B6.04c	0.00	0.00	0.00	0.00	4.92	1.40E-04	6
TRINITY_DN1833_c0_g1_i4	Cryptochrome-like protein cry2	4.65	1.08E-02	7.07	7.07E-07	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2076_c0_g1_i8	CSC1-like protein At4g02900	-7.89	1.13E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2110_c0_g1_i4	CTD nuclear envelope phosphatase 1A	0.00	0.00	7.44	7.87E-04	0.00	0.00	12
TRINITY_DN1653_c1_g1_i3	CTP synthase	0.00	0.00	6.77	9.47E-03	7.04	3.15E-03	11
TRINITY_DN2124_c0_g1_i3	ctp-synthetase	-3.67	5.63E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN996_c2_g1_i10	Cyclin-U4-1	0.00	0.00	0.00	0.00	7.14	2.26E-03	11
TRINITY_DN1582_c2_g1_i3	Cyclopropane fatty acid synthase	0.00	0.00	0.00	0.00	-2.94	1.63E-02	9
TRINITY_DN17286_c0_g1_i1	Cysteine proteinase 15A	-6.29	4.70E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN29139_c0_g1_i1	Cysteine proteinase RD21A	-6.45	2.42E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN328_c2_g1_i2	Cysteine synthase	0.00	0.00	0.00	0.00	-8.85	1.58E-06	9
TRINITY_DN592_c0_g1_i3	Cystinosin homolog	6.84	6.05E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1416_c0_g1_i1	Cytochrome b5	3.90	2.65E-04	2.98	1.66E-02	0.00	0.00	6
TRINITY_DN21782_c0_g1_i1	cytochrome B6	0.00	0.00	4.06	8.79E-03	0.00	0.00	12
TRINITY_DN4346_c0_g2_i1	cytochrome B6	0.00	0.00	3.93	4.34E-03	0.00	0.00	12
TRINITY_DN23621_c0_g1_i1	Cytochrome c oxidase subunit 1	0.00	0.00	4.11	2.13E-03	0.00	0.00	12
TRINITY_DN29132_c0_g1_i1	Cytochrome c oxidase subunit 2	0.00	0.00	3.85	2.34E-03	0.00	0.00	12
TRINITY_DN1957_c0_g1_i1	cytochrome c550, PsbV	0.00	0.00	4.00	1.16E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN692_c0_g1_i6	Cytochrome P450 3A2	4.90	4.73E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2488_c0_g1_i1	Cytoplasmic 60S subunit biogenesis factor REI1	0.00	0.00	0.00	0.00	-10.99	6.58E-11	9
TRINITY_DN1921_c2_g1_i1	D-amino acid dehydrogenase, partial	0.00	0.00	7.76	2.01E-04	7.86	1.10E-04	11
TRINITY_DN42_c2_g1_i1	Dapdiamide synthesis protein DdaC	0.00	0.00	0.00	0.00	8.47	7.10E-06	11
TRINITY_DN1498_c1_g1_i7	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 58, chloroplastic	6.84	6.05E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1498_c1_g1_i8	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 58, chloroplastic	7.22	1.65E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1806_c2_g1_i4	DEAD/DEAH box RNA helicase	6.95	4.34E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN48_c4_g1_i3	Dehydrogenase/reductase SDR family member 7	0.00	0.00	0.00	0.00	4.95	4.49E-03	6
TRINITY_DN1159_c1_g1_i1	Dehydrogenase/reductase SDR family protein 7-like	0.00	0.00	8.89	1.32E-06	10.08	4.05E-09	11
TRINITY_DN1173_c0_g1_i5	Delta-aminolevulinic acid dehydratase, chloroplastic	5.39	6.24E-04	0.00	0.00	5.13	2.28E-03	6



TRINITY_DN821_c1_g1_i1	Delta(12)-fatty-acid desaturase	3.38	7.50E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN821_c1_g1_i2	Delta(12)-fatty-acid desaturase	2.88	1.17E-02	0.00	0.00	2.82	1.90E-02	6
TRINITY_DN1154_c0_g1_i1	Delta(7)-sterol-C5(6)-desaturase	6.96	4.34E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1154_c0_g1_i15	Delta(7)-sterol-C5(6)-desaturase	7.92	9.17E-05	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1605_c0_g1_i5	DENN domain-containing protein 4C	0.00	0.00	9.63	4.46E-08	8.50	6.61E-06	11
TRINITY_DN419_c2_g1_i8	DENN domain-containing protein 5B	0.00	0.00	6.76	9.47E-03	0.00	0.00	12
TRINITY_DN1706_c1_g1_i1	Deoxynucleoside triphosphate triphosphohydrolase SAMHD1	-6.89	6.05E-03	-6.74	1.13E-02	0.00	0.00	4
TRINITY_DN1936_c0_g1_i3	DExH-box ATP-dependent RNA helicase DExH15 chloroplastic	6.96	4.34E-03	6.28	4.92E-02	6.83	7.71E-03	2
TRINITY_DN2405_c0_g1_i7	DExH-box ATP-dependent RNA helicase DExH4, chloroplastic	0.00	0.00	6.50	2.06E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN691_c1_g1_i4	Diacylglycerol O-acyltransferase 2D	3.42	4.49E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1519_c0_g1_i1	diadinoxanthin de-epoxidase	3.70	9.48E-03	3.65	1.25E-02	3.59	1.92E-02	6
TRINITY_DN1519_c0_g1_i3	diadinoxanthin de-epoxidase	2.67	3.68E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1519_c0_g1_i4	diadinoxanthin de-epoxidase	0.00	0.00	6.34	3.89E-02	8.80	1.91E-06	11
TRINITY_DN998_c0_g1_i6	Dihydrolipoyl dehydrogenase	0.00	0.00	0.00	0.00	-3.45	2.89E-02	9
TRINITY_DN2699_c1_g1_i12	dimeric dihydrodiol dehydrogenase, partial	9.11	3.70E-07	7.87	1.31E-04	0.00	0.00	5
TRINITY_DN2699_c1_g1_i3	dimeric dihydrodiol dehydrogenase, partial	6.71	8.75E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1004_c0_g1_i2	Diphosphoinositol polyphosphate phosphohydrolase apsl	0.00	0.00	-3.46	9.90E-03	0.00	0.00	10
TRINITY_DN2737_c0_g1_i2	Diphthine--ammonia ligase	8.41	1.00E-05	8.40	1.30E-05	7.73	1.94E-04	2
TRINITY_DN3733_c0_g1_i1	DIS3-like exonuclease 1	0.00	0.00	-7.47	6.93E-04	0.00	0.00	10
TRINITY_DN2329_c0_g1_i11	DNA excision repair protein ERCC-1	-8.54	5.94E-06	0.00	0.00	-6.27	3.90E-05	3
TRINITY_DN2329_c0_g1_i12	DNA excision repair protein ERCC-1	7.57	3.03E-08	7.25	2.92E-07	5.57	3.57E-04	2
TRINITY_DN2329_c0_g1_i13	DNA excision repair protein ERCC-1	-11.66	2.67E-12	-6.41	2.54E-08	0.00	0.00	4
TRINITY_DN2329_c0_g1_i14	DNA excision repair protein ERCC-1	2.80	1.73E-02	0.00	0.00	2.66	3.76E-02	6
TRINITY_DN480_c3_g1_i1	DNA mismatch repair protein PMS1	-9.82	1.35E-08	-9.67	3.57E-08	0.00	0.00	4
TRINITY_DN507_c0_g1_i14	DNA polymerase, partial	-9.82	1.32E-08	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN507_c0_g1_i16	DNA polymerase, partial	-9.25	2.02E-07	-9.10	4.95E-07	0.00	0.00	4
TRINITY_DN507_c0_g1_i7	DNA polymerase, partial	0.00	0.00	0.00	0.00	-6.73	4.47E-08	9
TRINITY_DN696_c2_g1_i6	DNA repair protein RAD5	6.28	4.92E-07	4.93	2.52E-04	0.00	0.00	5
TRINITY_DN260_c1_g1_i9	DNA repair protein RAD51 homolog 1	-6.36	2.99E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1061_c0_g1_i4	DNA repair protein RAD51 homolog 3	6.41	2.42E-02	0.00	0.00	6.32	3.96E-02	1
TRINITY_DN1256_c0_g1_i3	DNA replication complex GINS protein PSF2	8.87	1.18E-06	7.43	7.87E-04	8.52	5.78E-06	2
TRINITY_DN2041_c0_g1_i2	DNA replication licensing factor mcm10	0.00	0.00	9.05	6.39E-07	8.99	7.97E-07	11
TRINITY_DN2041_c0_g1_i6	DNA replication licensing factor mcm10	-8.52	6.40E-06	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN512_c2_g1_i2	DNA-binding protein SMUBP-2	0.00	0.00	-5.53	7.05E-05	0.00	0.00	10
TRINITY_DN1809_c0_g1_i3	DNA-directed primase/polymerase protein	6.17	4.70E-02	0.00	0.00	8.21	2.30E-05	1
TRINITY_DN1809_c0_g1_i6	DNA-directed primase/polymerase protein	0.00	0.00	6.78	9.47E-03	0.00	0.00	12
TRINITY_DN74_c3_g1_i4	dna-directed RNA polymerase 1 40kDa polypeptide, rpo1-1-like protein, partial	0.00	0.00	6.38	3.09E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN1264_c0_g3_i1	DnaJ homolog subfamily A member 2	3.19	3.05E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2745_c0_g1_i8	DnaJ homolog subfamily B member 3	6.39	2.99E-02	7.16	2.46E-03	7.51	5.34E-04	2
TRINITY_DN1604_c1_g1_i12	DnaJ homolog subfamily B member 4	0.00	0.00	8.86	1.44E-06	0.00	0.00	12
TRINITY_DN465_c1_g1_i1	DnaJ homolog subfamily C member 13	3.69	1.12E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN653_c1_g1_i1	DnaJ protein homolog	-7.35	1.04E-03	-7.20	2.13E-03	0.00	0.00	4
TRINITY_DN653_c1_g1_i4	DnaJ protein homolog	0.00	0.00	0.00	0.00	-6.96	5.41E-03	9
TRINITY_DN1117_c0_g1_i2	dolichyl pyrophosphate Glc1Man9GlcNAc2; Dolichyl-P-Glc:Man9GlcNAc2-PP-dolichyl glucosyltransferase, partial	-10.15	3.14E-09	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN6_c0_g2_i1	dolichyl pyrophosphate Glc1Man9GlcNAc2; Dolichyl-P-Glc:Man9GlcNAc2-PP-dolichyl glucosyltransferase, partial	-2.64	4.52E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN6_c0_g2_i4	dolichyl pyrophosphate Glc1Man9GlcNAc2; Dolichyl-P-Glc:Man9GlcNAc2-PP-dolichyl glucosyltransferase, partial	7.16	1.94E-03	0.00	0.00	6.83	7.71E-03	1
TRINITY_DN22260_c0_g1_i1	Dormancy-associated protein 1	-6.52	1.94E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN23981_c0_g1_i1	Dormancy-associated protein homolog 3	-8.36	1.40E-05	0.00	0.00	-3.53	1.60E-02	3
TRINITY_DN657_c0_g1_i1	dTDP-4-amino-4,6-dideoxygalactose transaminase	6.93	5.12E-03	7.60	4.08E-04	8.26	1.78E-05	2
TRINITY_DN657_c0_g1_i2	dTDP-4-amino-4,6-dideoxygalactose transaminase	6.65	1.06E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1949_c0_g1_i1	splicing factor *(PRP38)	9.91	8.67E-09	9.54	6.43E-08	8.22	2.30E-05	2
TRINITY_DN1949_c0_g1_i3	splicing factor *(PRP38)	3.46	1.93E-03	3.47	2.31E-03	4.00	1.97E-04	6
TRINITY_DN1949_c0_g1_i6	splicing factor *(PRP38)	6.99	3.59E-03	6.54	2.06E-02	8.49	6.61E-06	2
TRINITY_DN581_c1_g1_i2	Dynein assembly factor 1, axonemal	-9.19	2.65E-07	-9.04	6.69E-07	-9.15	3.74E-07	8
TRINITY_DN870_c0_g1_i1	Dynein assembly factor 4, axonemal	0.00	0.00	7.93	9.37E-05	7.14	2.26E-03	11
TRINITY_DN870_c0_g1_i7	Dynein assembly factor 4, axonemal	0.00	0.00	6.95	4.57E-03	0.00	0.00	12

TRINITY_DN2285_c0_g1_i4	Dynein beta chain, flagellar outer arm	0.00	0.00	3.32	3.97E-03	0.00	0.00	12
TRINITY_DN2776_c0_g1_i1	Dynein gamma chain, flagellar outer arm	-10.46	6.21E-10	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2776_c0_g1_i15	Dynein gamma chain, flagellar outer arm	7.36	9.02E-04	0.00	0.00	6.35	3.96E-02	1
TRINITY_DN852_c0_g1_i5	Dynein light chain roadblock-type 2	7.30	1.04E-03	8.38	1.41E-05	0.00	0.00	5
TRINITY_DN2278_c0_g1_i6	E3 SUMO-protein ligase MMS21	-7.54	4.57E-04	0.00	0.00	-7.50	5.34E-04	3
TRINITY_DN369_c6_g1_i2	E3 ubiquitin-protein ligase HEL2	0.00	0.00	7.28	1.36E-03	0.00	0.00	12
TRINITY_DN541_c0_g1_i3	E3 ubiquitin-protein ligase NRDP1	0.00	0.00	0.00	0.00	-8.16	3.30E-05	9
TRINITY_DN541_c0_g1_i6	E3 ubiquitin-protein ligase NRDP1	0.00	0.00	0.00	0.00	-7.10	3.15E-03	9
TRINITY_DN1191_c0_g1_i3	E3 ubiquitin-protein ligase PRT6	-6.89	6.05E-03	-6.75	1.13E-02	-6.85	7.71E-03	8
TRINITY_DN21_c14_g1_i1	E3 ubiquitin-protein ligase RNF149	0.00	0.00	-7.04	3.32E-03	0.00	0.00	10
TRINITY_DN370_c0_g1_i3	E3 ubiquitin-protein ligase SHPRH	0.00	0.00	8.49	8.86E-06	0.00	0.00	12
TRINITY_DN326_c2_g1_i8	E3 ubiquitin-protein ligase UPL7	7.26	1.22E-03	0.00	0.00	7.36	9.09E-04	1
TRINITY_DN5826_c0_g1_i1	Elongation factor 1-alpha	-8.74	2.12E-06	-8.59	5.40E-06	-8.70	2.95E-06	8
TRINITY_DN5826_c0_g1_i2	Elongation factor 1-alpha	-4.21	9.28E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN9643_c0_g1_i2	Elongation factor 1-gamma	-6.45	2.42E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2679_c0_g2_i1	Elongation factor P	0.00	0.00	10.58	4.72E-10	0.00	0.00	12
TRINITY_DN350_c1_g1_i1	Elongation of very long chain fatty acids protein 5	0.00	0.00	0.00	0.00	-9.31	1.83E-07	9
TRINITY_DN7717_c0_g2_i1	Embryonic abundant protein VF30.1	-6.59	1.58E-02	0.00	0.00	-6.55	2.00E-02	3
TRINITY_DN444_c2_g1_i12	Endo-1,4-beta-xylanase B	-7.62	3.57E-04	0.00	0.00	-7.58	4.09E-04	3
TRINITY_DN177_c0_g1_i2	Endonuclease 4	9.67	2.76E-08	8.88	1.38E-06	0.00	0.00	5
TRINITY_DN2514_c0_g1_i12	Endoribonuclease Dicer homolog 1	-6.72	1.06E-02	-6.57	2.06E-02	-6.68	1.38E-02	8
TRINITY_DN20161_c0_g1_i1	enolase	-4.55	4.70E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN12504_c0_g1_i3	ER membrane protein complex subunit 4	8.36	1.28E-05	8.89	1.32E-06	0.00	0.00	5
TRINITY_DN1403_c0_g1_i1	Eukaryotic translation initiation factor 2A	6.96	3.59E-03	8.74	2.72E-06	0.00	0.00	5
TRINITY_DN512_c3_g1_i5	Exocyst complex component SEC6	0.00	0.00	0.00	0.00	10.27	1.68E-09	11
TRINITY_DN711_c1_g1_i2	Exosome complex component CSL4	7.95	8.32E-05	7.93	9.37E-05	8.22	2.30E-05	2
TRINITY_DN711_c1_g1_i6	Exosome complex component CSL4	0.00	0.00	-3.85	2.80E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN2669_c0_g1_i4	Exosome complex component RRP43	6.26	3.80E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2626_c0_g1_i1	Exportin-2	-10.82	1.05E-10	-10.67	3.05E-10	0.00	0.00	4
TRINITY_DN644_c2_g1_i3	Extracellular ribonuclease	0.00	0.00	0.00	0.00	-2.98	1.99E-02	9
TRINITY_DN644_c2_g1_i5	Extracellular ribonuclease	-8.09	4.59E-05	0.00	0.00	-8.05	5.30E-05	3
TRINITY_DN644_c2_g1_i6	Extracellular ribonuclease	0.00	0.00	0.00	0.00	-3.93	4.72E-04	9
TRINITY_DN644_c2_g1_i7	Extracellular ribonuclease	-8.51	6.89E-06	0.00	0.00	-8.47	8.17E-06	3
TRINITY_DN2853_c0_g1_i2	F-actin-capping protein subunit beta	3.75	3.64E-03	3.52	1.13E-02	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2853_c0_g1_i4	F-actin-capping protein subunit beta	-8.84	1.38E-06	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2853_c0_g1_i7	F-actin-capping protein subunit beta	-6.77	8.75E-03	0.00	0.00	-6.73	1.14E-02	3
TRINITY_DN2973_c0_g1_i5	FAD synthase	7.46	5.90E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN193_c1_g1_i10	Fanconi anemia group D2 protein homolog	-3.44	1.26E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2887_c1_g1_i1	FK506-binding protein 2	-4.84	4.03E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2887_c1_g1_i8	FK506-binding protein 2	6.36	9.13E-06	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN4413_c0_g1_i3	Flowering time control protein FY	-10.05	4.34E-09	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN3294_c3_g1_i5	Folate-biopterin transporter	-7.23	1.65E-03	0.00	0.00	-7.19	1.95E-03	3
TRINITY_DN402_c1_g1_i3	Folate-biopterin transporter 1, chloroplastic	6.45	2.42E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2945_c1_g1_i12	Formamidase	9.90	9.10E-09	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2945_c1_g1_i6	Formamidase	8.84	1.31E-06	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1931_c1_g1_i1	formate/nitrite transporter family member	3.90	1.55E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN893_c4_g1_i2	Formin-A	2.93	1.55E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN457_c0_g1_i2	Formyltetrahydrofolate deformylase	0.00	0.00	0.00	0.00	6.79	9.38E-03	11
TRINITY_DN457_c0_g1_i9	Formyltetrahydrofolate deformylase	6.38	2.99E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2480_c1_g1_i4	fructokinase, partial	3.24	1.94E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN21716_c0_g1_i1	Fructose-1,6-bisphosphatase aldolase	-6.66	1.28E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN44_c0_g1_i3	fucoxanthin chlorophyll a/c protein	12.09	7.53E-13	0.00	0.00	10.29	1.61E-09	1
TRINITY_DN1257_c0_g1_i3	Fucoxanthin-chlorophyll a-c binding protein, chloroplastic	8.54	5.49E-06	6.28	4.92E-02	8.79	2.00E-06	2
TRINITY_DN1257_c0_g1_i8	Fucoxanthin-chlorophyll a-c binding protein, chloroplastic	7.66	2.82E-04	0.00	0.00	8.56	5.21E-06	1
TRINITY_DN522_c0_g1_i9	G8 domain-containing protein DDB_G0286897	0.00	0.00	6.58	2.06E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN250_c0_g1_i8	GATOR complex protein WDR24	0.00	0.00	3.42	2.09E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN460_c3_g1_i1	gdp-fucose synthetase	-7.48	5.90E-04	-7.33	1.19E-03	0.00	0.00	4
TRINITY_DN55_c0_g1_i4	Glucose-repressible alcohol dehydrogenase transcriptional effector	7.96	7.60E-05	9.02	7.25E-07	8.26	1.93E-05	2
TRINITY_DN20257_c0_g1_i1	Glutamine synthetase cytosolic isozyme	-6.37	2.99E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7

TRINITY_DN281_c3_g1_i1	glutamine-fructose-6-phosphate transaminase	8.11	4.17E-05	7.99	7.69E-05	0.00	0.00	5
TRINITY_DN1817_c1_g1_i6	Glutathione S-transferase domain-containing protein DDB_G0280881	0.00	0.00	-2.90	2.27E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN7544_c0_g2_i1	glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase	-6.59	1.58E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN218_c1_g1_i8	Glycerol kinase	3.89	4.81E-04	3.29	7.67E-03	3.09	1.79E-02	6
TRINITY_DN2682_c0_g1_i1	Glycerol uptake facilitator protein	6.47	1.94E-02	0.00	0.00	6.69	1.14E-02	1
TRINITY_DN527_c1_g1_i1	Glycerol-3-phosphate acyltransferase, chloroplast	6.78	7.25E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN7298_c1_g1_i2	Glycine-tRNA ligase	-6.52	1.94E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN7298_c1_g1_i8	Glycine-tRNA ligase	7.50	5.16E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN328_c1_g1_i3	Glycoprotein-N-acetylgalactosamine 3-beta-galactosyltransferase 1	0.00	0.00	-3.02	1.70E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN13731_c0_g1_i1	glycosyl hydrolase	-8.44	9.33E-06	0.00	0.00	-4.78	7.26E-04	3
TRINITY_DN3112_c0_g1_i1	Glycosyltransferase-like protein gnt14	2.76	2.45E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN3174_c0_g1_i1	Glycosyltransferase-like protein gnt14	0.00	0.00	-8.35	1.65E-05	0.00	0.00	10
TRINITY_DN146_c0_g1_i1	Glycyl-glycine endopeptidase ALE-1	0.00	0.00	3.50	3.28E-03	0.00	0.00	12
TRINITY_DN203_c3_g1_i1	GTP-binding protein TypA/BipA homolog	7.97	7.60E-05	0.00	0.00	8.49	7.10E-06	1
TRINITY_DN1371_c0_g1_i3	GTPase Era	-2.84	2.98E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN288_c2_g1_i4	GTPase-activating protein gyp10	2.67	2.61E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1473_c9_g1_i8	guanylate cyclase, partial	4.29	3.34E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2520_c0_g1_i3	Haloacid dehalogenase-like hydrolase domain-containing protein At4g39970	-9.97	6.47E-09	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2520_c0_g1_i7	Haloacid dehalogenase-like hydrolase domain-containing protein At4g39970	8.08	4.59E-05	8.18	3.53E-05	0.00	0.00	5
TRINITY_DN2520_c0_g1_i8	Haloacid dehalogenase-like hydrolase domain-containing protein At4g39970	9.00	6.01E-07	7.37	1.03E-03	7.53	4.65E-04	2
TRINITY_DN3331_c0_g1_i5	Heat shock 70 kDa protein	-7.51	5.16E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1027_c0_g1_i5	Heat shock factor protein	0.00	0.00	-7.84	1.46E-04	0.00	0.00	10
TRINITY_DN169_c1_g2_i2	Heat shock factor protein	7.26	1.42E-03	8.50	8.20E-06	8.54	5.44E-06	2
TRINITY_DN824_c1_g1_i2	Heat shock factor protein	-7.68	2.82E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2257_c0_g1_i9	Heat shock factor protein 2	3.73	1.40E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN42_c2_g1_i2	Heat shock factor protein 4	-9.25	2.02E-07	-9.10	4.95E-07	0.00	0.00	4
TRINITY_DN15237_c0_g1_i1	heat shock protein 70	-7.19	1.94E-03	0.00	0.00	-4.07	3.70E-02	3
TRINITY_DN346_c0_g2_i2	heat shock protein 70	2.54	4.19E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN346_c1_g1_i2	heat shock protein 70	3.41	2.21E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN58_c0_g1_i4	heat shock protein, partial	0.00	0.00	0.00	0.00	-6.40	3.11E-02	9
TRINITY_DN1059_c0_g1_i6	helicase, partial	0.00	0.00	-4.26	6.33E-05	0.00	0.00	10
TRINITY_DN132_c3_g1_i15	Hemagglutinin/amebocyte aggregation factor	0.00	0.00	-7.82	1.61E-04	-7.93	8.99E-05	8
TRINITY_DN132_c3_g1_i2	Hemagglutinin/amebocyte aggregation factor	7.44	6.77E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1079_c0_g1_i8	High mobility group protein B3	7.70	2.21E-04	9.06	6.19E-07	8.82	1.67E-06	2
TRINITY_DN3948_c0_g1_i1	histidyl tRNA synthetase	9.73	2.07E-08	9.51	7.02E-08	9.29	1.89E-07	2
TRINITY_DN3948_c0_g1_i13	histidyl tRNA synthetase	-4.16	6.65E-03	-7.69	2.80E-04	-7.79	1.74E-04	8
TRINITY_DN3948_c0_g1_i15	histidyl tRNA synthetase	-2.75	1.91E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN3948_c0_g1_i17	histidyl tRNA synthetase	-2.90	4.02E-02	-3.63	3.90E-03	-9.12	4.32E-07	9
TRINITY_DN3948_c0_g1_i5	histidyl tRNA synthetase	-3.57	1.45E-03	-4.68	1.94E-05	-10.69	2.57E-10	9
TRINITY_DN471_c0_g1_i6	histone acetyltransferase gcn5-type hat	-7.54	4.57E-04	-7.40	9.00E-04	0.00	0.00	4
TRINITY_DN1166_c1_g1_i1	Histone acetyltransferase KAT8	-6.01	1.29E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1166_c1_g1_i10	Histone acetyltransferase KAT8	0.00	0.00	0.00	0.00	6.56	2.00E-02	11
TRINITY_DN181_c0_g2_i5	Histone acetyltransferase type B catalytic subunit	0.00	0.00	0.00	0.00	-11.00	6.58E-11	9
TRINITY_DN359_c14_g1_i5	Histone H1-II	-7.83	1.39E-04	-7.69	2.80E-04	0.00	0.00	4
TRINITY_DN1789_c7_g1_i1	histone H2B	0.00	0.00	6.43	3.09E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN6076_c0_g1_i11	Histone H3	6.68	1.06E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1730_c0_g1_i8	histone H3	0.00	0.00	-7.04	3.90E-03	0.00	0.00	10
TRINITY_DN1336_c0_g1_i6	Histone methylase *(CAU1/PRMT5)	0.00	0.00	-8.16	3.86E-05	0.00	0.00	10
TRINITY_DN1796_c0_g1_i5	Histone-lysine N-methyltransferase ASHR1	0.00	0.00	0.00	0.00	4.68	1.40E-02	6
TRINITY_DN9311_c0_g1_i1	HSP90 family member	-7.15	2.21E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN486_c5_g1_i7	IKI3,-like protein to yeast IKI3, partial	-3.51	2.58E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN447_c1_g1_i13	Importin subunit alpha	-4.00	4.04E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN447_c1_g1_i3	Importin subunit alpha	-5.65	8.55E-06	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN5610_c0_g1_i2	Importin subunit alpha-2	0.00	0.00	0.00	0.00	6.81	7.71E-03	11
TRINITY_DN5610_c0_g1_i4	Importin subunit alpha-2	0.00	0.00	0.00	0.00	-8.07	4.85E-05	9
TRINITY_DN5610_c0_g1_i5	Importin subunit alpha-2	3.15	1.58E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1420_c0_g1_i8	inorganic polyphosphate/ATP-NAD kinase, partial	0.00	0.00	0.00	0.00	7.06	3.15E-03	11
TRINITY_DN1215_c2_g1_i2	Inosine triphosphate pyrophosphatase	-2.70	3.57E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN850_c0_g1_i1	Inositol monophosphatase 3	-5.83	1.69E-07	0.00	0.00	0.00	0.00	7

TRINITY_DN897_c0_g1_i2	Inositol transporter 4	0.00	0.00	-8.44	1.14E-05	-8.55	5.78E-06	8
TRINITY_DN713_c0_g1_i1	intraflagellar transport protein	0.00	0.00	-6.30	4.92E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN713_c0_g1_i10	intraflagellar transport protein	7.40	7.83E-04	7.38	1.03E-03	0.00	0.00	5
TRINITY_DN713_c0_g1_i11	intraflagellar transport protein	0.00	0.00	0.00	0.00	-7.82	1.37E-04	9
TRINITY_DN713_c0_g1_i2	intraflagellar transport protein	0.00	0.00	-7.52	6.01E-04	0.00	0.00	10
TRINITY_DN713_c0_g1_i3	intraflagellar transport protein	-7.39	9.02E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN713_c0_g1_i7	intraflagellar transport protein	0.00	0.00	-6.30	4.92E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN5913_c0_g1_i4	Intraflagellar transport protein 140 homolog	0.00	0.00	0.00	0.00	6.60	1.65E-02	11
TRINITY_DN3385_c0_g1_i4	Intraflagellar transport protein 81 homolog	-8.85	1.31E-06	0.00	0.00	-6.57	1.01E-05	3
TRINITY_DN25767_c0_g1_i1	Isocitrate dehydrogenase [NADP], chloroplastic	-6.72	1.06E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN650_c0_g1_i3	K(+)-efflux antiporter 3, chloroplastic	-3.00	1.18E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2495_c1_g1_i6	KE4-like protein to histidine-rich membrane protein, partial	0.00	0.00	0.00	0.00	2.67	3.47E-02	6
TRINITY_DN446_c0_g1_i6	Kinesin heavy chain	-8.40	1.08E-05	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN795_c0_g1_i6	Kinesin light chain 1	8.02	5.61E-05	7.84	1.46E-04	0.00	0.00	5
TRINITY_DN3082_c0_g2_i2	Kinesin-associated protein 3	-7.24	1.65E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN3082_c0_g2_i4	Kinesin-associated protein 3	-7.47	6.77E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN4230_c0_g1_i10	Kinesin-II 95 kDa subunit	6.71	8.75E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN4230_c0_g1_i5	Kinesin-II 95 kDa subunit	0.00	0.00	-7.13	2.46E-03	0.00	0.00	10
TRINITY_DN4230_c0_g1_i6	Kinesin-II 95 kDa subunit	0.00	0.00	0.00	0.00	8.29	1.63E-05	11
TRINITY_DN4230_c0_g1_i7	Kinesin-II 95 kDa subunit	3.89	2.00E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN432_c0_g1_i7	Kinesin-like protein KIF2C	0.00	0.00	-6.56	2.06E-02	-6.67	1.38E-02	8
TRINITY_DN1185_c0_g2_i4	Kinesin-like protein KIF3B	-2.90	5.00E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1865_c1_g1_i4	Kinesin-like protein KIN-14M	-7.10	2.58E-03	-6.95	4.57E-03	-7.06	3.15E-03	8
TRINITY_DN47_c3_g1_i17	Kinetochore protein nuF2	-2.93	2.91E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN9433_c0_g1_i2	La-related protein 1	6.86	6.05E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN129_c1_g2_i2	LanC-like protein 2	-8.62	3.77E-06	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN320_c0_g1_i1	LARGE xylosyl- and glucuronyltransferase 2	0.00	0.00	-8.55	6.72E-06	-8.65	3.68E-06	8
TRINITY_DN320_c0_g1_i4	LARGE xylosyl- and glucuronyltransferase 2	0.00	0.00	-9.26	2.38E-07	-9.36	1.60E-07	8
TRINITY_DN1942_c0_g1_i5	Leishmanolysin-like peptidase	-6.37	9.06E-08	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN695_c4_g1_i5	Leishmanolysin-like peptidase	6.20	4.70E-02	0.00	0.00	6.80	7.71E-03	1
TRINITY_DN3666_c1_g1_i4	Leucine-rich repeat receptor protein kinase EMS1	-6.89	6.05E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1923_c0_g1_i3	Lid2 complex component lid2	0.00	0.00	0.00	0.00	-3.93	2.18E-02	9
TRINITY_DN13170_c0_g1_i4	LINE-1 retrotransposable element ORF2 protein	0.00	0.00	0.00	0.00	-3.58	3.70E-02	9
TRINITY_DN14585_c0_g3_i1	Linoleate 9S-lipoxygenase	-3.74	4.70E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN726_c3_g1_i2	Lipase	7.11	2.21E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN726_c3_g1_i7	Lipase	-7.05	3.05E-03	-4.59	2.60E-02	0.00	0.00	4
TRINITY_DN1809_c2_g1_i6	Lipase maturation factor 2	-3.38	1.76E-02	0.00	0.00	-3.92	1.17E-02	3
TRINITY_DN1809_c2_g1_i9	Lipase maturation factor 2	7.68	2.51E-04	6.42	3.09E-02	8.18	2.79E-05	2
TRINITY_DN2400_c0_g1_i7	lipoate protein ligase	0.00	0.00	-4.18	1.68E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN1633_c0_g1_i6	Long-chain-fatty-acid--CoA ligase	0.00	0.00	-9.80	1.85E-08	0.00	0.00	10
TRINITY_DN92_c0_g1_i2	LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase GSO1	-6.77	8.75E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN92_c0_g1_i3	LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase GSO1	-9.42	9.24E-08	-5.55	1.59E-05	0.00	0.00	4
TRINITY_DN92_c0_g1_i4	LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase GSO1	-9.12	3.70E-07	-4.54	3.32E-04	0.00	0.00	4
TRINITY_DN3331_c0_g1_i3	Luminal-binding protein	9.02	5.38E-07	7.58	4.65E-04	0.00	0.00	5
TRINITY_DN2074_c1_g1_i4	Lysine-specific demethylase JMJ30	-3.31	3.07E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN938_c0_g1_i17	Lysyl oxidase homolog 2	6.62	1.28E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN9130_c0_g3_i1	Lysylphosphatidylglycerol biosynthesis bifunctional protein LysX	-6.44	2.42E-02	-6.29	4.92E-02	0.00	0.00	4
TRINITY_DN3497_c0_g1_i2	Major facilitator superfamily domain-containing protein 6-A	0.00	0.00	0.00	0.00	7.34	1.05E-03	11
TRINITY_DN3497_c0_g1_i4	Major facilitator superfamily domain-containing protein 6-A	6.43	2.42E-02	0.00	0.00	8.09	3.90E-05	1
TRINITY_DN1111_c0_g1_i2	mannosyl-oligosaccharide alpha-mannosidase, partial	0.00	0.00	-6.56	2.06E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN279_c2_g1_i4	MAP-kinase protein kinase	0.00	0.00	-3.93	8.18E-04	0.00	0.00	10
TRINITY_DN101_c0_g1_i1	MAP3K-RAF protein kinase	0.00	0.00	-6.44	3.09E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN972_c2_g1_i3	Meiosis-specific nuclear structural protein 1	8.64	3.52E-06	6.47	2.52E-02	0.00	0.00	5
TRINITY_DN3278_c0_g1_i1	member of the HSP104/clp superfamily	2.55	3.69E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN171_c1_g1_i6	Membralin-like protein At1g60995	0.00	0.00	0.00	0.00	-7.14	2.68E-03	9
TRINITY_DN1628_c0_g1_i1	Mercuric reductase	6.91	5.12E-03	8.00	7.69E-05	7.37	9.09E-04	2
TRINITY_DN1551_c1_g1_i1	Mesencephalic astrocyte-derived neurotrophic factor homolog	2.89	3.68E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1560_c0_g1_i10	Metacaspase-1B	0.00	0.00	7.00	3.90E-03	0.00	0.00	12
TRINITY_DN1153_c0_g1_i2	Metal tolerance protein 10	0.00	0.00	-9.91	1.23E-08	0.00	0.00	10

TRINITY_DN3311_c1_g1_i1	Metal tolerance protein A1	0.00	0.00	0.00	0.00	-6.48	2.51E-02	9
TRINITY_DN3311_c1_g1_i10	Metal tolerance protein A1	0.00	0.00	0.00	0.00	-6.74	1.14E-02	9
TRINITY_DN3311_c1_g1_i6	Metal tolerance protein A1	0.00	0.00	0.00	0.00	-7.32	1.22E-03	9
TRINITY_DN408_c5_g1_i1	Metalloreductase STEAP3	0.00	0.00	-6.44	3.09E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN408_c5_g1_i3	Metalloreductase STEAP3	2.66	4.74E-02	3.30	4.90E-03	3.38	3.93E-03	6
TRINITY_DN598_c3_g1_i8	Methionine--tRNA ligase	8.69	2.62E-06	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1329_c4_g1_i3	methionyl-tRNA formyltransferase, partial	0.00	0.00	0.00	0.00	9.35	1.65E-07	11
TRINITY_DN1897_c0_g1_i8	Methyl-CpG-binding domain-containing protein 9	7.37	9.02E-04	0.00	0.00	7.03	3.80E-03	1
TRINITY_DN1972_c1_g1_i1	Methyltransferase	-7.43	7.83E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1214_c1_g1_i3	Methyltransferase-like 26	-6.37	2.99E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN408_c8_g1_i5	Mini-chromosome maintenance complex-binding protein	0.00	0.00	0.00	0.00	4.65	1.40E-02	6
TRINITY_DN662_c1_g1_i8	Mite allergen Der p 3	0.00	0.00	-3.67	1.91E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN2248_c3_g1_i2	mitochondrial carnitine/acylcarnitine carrier protein	-8.94	8.68E-07	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN12092_c0_g1_i2	mitochondrial chaperonin	8.73	2.12E-06	0.00	0.00	8.26	1.93E-05	1
TRINITY_DN610_c0_g1_i9	Mitochondrial inner membrane protease subunit 1	0.00	0.00	-9.38	1.22E-07	0.00	0.00	10
TRINITY_DN1450_c3_g1_i2	Mitochondrial inner membrane protein OXA1	-10.14	3.23E-09	0.00	0.00	-10.10	3.82E-09	3
TRINITY_DN3209_c0_g1_i4	Mitochondrial substrate carrier family protein B	-3.09	6.26E-03	-10.36	1.34E-09	0.00	0.00	10
TRINITY_DN3209_c0_g1_i8	Mitochondrial substrate carrier family protein B	9.06	4.68E-07	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2946_c2_g1_i2	Mitochondrial substrate carrier family protein N	0.00	0.00	0.00	0.00	6.55	2.00E-02	11
TRINITY_DN2606_c2_g1_i4	Mitochondrial substrate carrier family protein S	-6.77	8.75E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1550_c0_g1_i6	Molybdopterin biosynthesis protein CNX1	0.00	0.00	0.00	0.00	3.03	1.84E-02	6
TRINITY_DN3008_c0_g1_i3	Monogalactosyldiacylglycerol synthase 1, chloroplastic	-7.19	1.94E-03	-7.05	3.32E-03	0.00	0.00	4
TRINITY_DN633_c0_g1_i8	MORN repeat-containing protein 1	8.74	2.12E-06	0.00	0.00	8.57	5.21E-06	1
TRINITY_DN1242_c0_g1_i2	mu subunit of clathrin adaptor complex AP3	-8.47	1.71E-09	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1242_c0_g1_i5	mu subunit of clathrin adaptor complex AP3	-7.74	5.90E-08	-2.65	4.98E-02	0.00	0.00	4
TRINITY_DN317_c1_g1_i1	MutS protein homolog 5	7.56	4.03E-04	6.50	2.06E-02	0.00	0.00	5
TRINITY_DN317_c1_g1_i3	MutS protein homolog 5	0.00	0.00	8.27	2.50E-05	9.09	4.79E-07	11
TRINITY_DN317_c1_g1_i4	MutS protein homolog 5	7.88	1.13E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN98_c9_g1_i4	N-acetylglucosaminyl-phosphatidylinositol biosynthetic protein gpi1	9.05	4.68E-07	9.42	1.06E-07	7.65	2.77E-04	2
TRINITY_DN82_c2_g1_i4	N-acetylhexosamine 1-kinase	0.00	0.00	-7.86	1.31E-04	0.00	0.00	10
TRINITY_DN1202_c0_g1_i1	N-acyl-phosphatidylethanolamine-hydrolyzing phospholipase D	6.34	3.80E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1285_c0_g1_i4	Na(+), Li(+), K(+)/H(+) antiporter subunit B	0.00	0.00	0.00	0.00	-5.34	2.28E-03	9
TRINITY_DN4088_c1_g1_i4	NADH-cytochrome b5 reductase 2	-7.58	4.03E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN10757_c0_g1_i1	NADH-quinone oxidoreductase subunit N	0.00	0.00	6.28	4.92E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN11618_c0_g2_i1	NADH-ubiquinone oxidoreductase 75 kDa subunit	0.00	0.00	3.71	5.28E-03	0.00	0.00	12
TRINITY_DN14334_c0_g2_i1	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain 1	0.00	0.00	4.36	8.09E-03	0.00	0.00	12
TRINITY_DN26155_c0_g1_i1	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain 5	0.00	0.00	4.14	1.91E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN44_c1_g1_i2	NEP1-interacting protein-like 1	-4.26	8.09E-03	-7.09	2.88E-03	0.00	0.00	4
TRINITY_DN755_c0_g1_i2	Nephrocystin-3	4.45	8.62E-04	0.00	0.00	3.61	3.23E-02	6
TRINITY_DN755_c0_g1_i7	Nephrocystin-3	0.00	0.00	3.85	6.29E-03	0.00	0.00	12
TRINITY_DN4035_c0_g1_i5	Nicotinate phosphoribosyltransferase	-3.64	6.52E-03	-8.07	5.33E-05	-8.18	3.03E-05	8
TRINITY_DN4035_c0_g1_i6	Nicotinate phosphoribosyltransferase	0.00	0.00	0.00	0.00	-6.95	5.41E-03	9
TRINITY_DN4035_c0_g1_i7	Nicotinate phosphoribosyltransferase	-8.26	2.19E-05	-8.12	4.56E-05	-8.22	2.30E-05	8
TRINITY_DN230_c1_g1_i4	niemann-pick C type protein-like protein	3.00	7.97E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN230_c1_g1_i5	niemann-pick C type protein-like protein	0.00	0.00	3.49	9.47E-03	0.00	0.00	12
TRINITY_DN2533_c0_g1_i2	nitrate transporter	2.60	3.44E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2533_c0_g1_i4	nitrate transporter	3.24	2.32E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN614_c5_g1_i11	nitrilase	6.23	4.70E-02	0.00	0.00	6.62	1.65E-02	1
TRINITY_DN492_c2_g1_i7	NKAP family protein	-6.66	1.28E-02	0.00	0.00	-6.62	1.65E-02	3
TRINITY_DN1_c0_g1_i4	No hit	7.73	1.95E-04	6.95	4.57E-03	6.97	4.49E-03	2
TRINITY_DN1003_c0_g1_i1	No hit	-8.07	5.07E-05	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1003_c0_g1_i7	No hit	-3.20	3.99E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1014_c8_g2_i5	No hit	-7.15	2.21E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN102_c0_g1_i1	No hit	0.00	0.00	-6.36	3.89E-02	-6.47	3.11E-02	8
TRINITY_DN105_c2_g1_i1	No hit	7.77	1.72E-04	0.00	0.00	8.55	5.44E-06	1
TRINITY_DN105_c2_g1_i3	No hit	-3.24	5.08E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1050_c0_g1_i13	No hit	6.34	2.99E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1056_c0_g1_i4	No hit	4.34	5.07E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1060_c0_g1_i2	No hit	-6.37	2.99E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7

TRINITY_DN1062_c3_g1_i2	No hit	0.00	0.00	6.36	3.89E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN10856_c0_g1_i5	No hit	0.00	0.00	-6.44	3.09E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN109_c0_g1_i2	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-8.37	1.19E-05	9
TRINITY_DN1092_c0_g1_i1	No hit	-3.55	8.89E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1095_c0_g1_i6	No hit	-6.99	4.34E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1102_c0_g1_i6	No hit	2.53	4.09E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1104_c1_g1_i2	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-7.47	6.98E-04	9
TRINITY_DN1109_c0_g1_i4	No hit	0.00	0.00	8.81	1.95E-06	9.52	7.74E-08	11
TRINITY_DN1109_c1_g1_i1	No hit	7.63	3.14E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN111_c0_g1_i4	No hit	-2.60	3.14E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1110_c0_g1_i4	No hit	2.79	2.26E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1123_c0_g1_i1	No hit	6.82	7.25E-03	6.82	7.97E-03	0.00	0.00	5
TRINITY_DN1126_c1_g1_i4	No hit	0.00	0.00	7.64	4.96E-08	6.02	4.95E-05	11
TRINITY_DN1126_c1_g1_i5	No hit	0.00	0.00	7.34	1.40E-08	5.77	1.14E-05	11
TRINITY_DN1134_c1_g1_i1	No hit	0.00	0.00	2.81	3.62E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN116_c0_g2_i2	No hit	0.00	0.00	-7.43	7.87E-04	0.00	0.00	10
TRINITY_DN1166_c8_g1_i1	No hit	0.00	0.00	-6.44	3.09E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN1172_c0_g1_i5	No hit	-8.04	5.61E-05	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1176_c0_g1_i1	No hit	7.99	6.99E-05	0.00	0.00	6.67	1.38E-02	1
TRINITY_DN1176_c0_g1_i2	No hit	8.32	1.53E-05	6.52	2.06E-02	7.82	1.37E-04	2
TRINITY_DN1182_c0_g1_i4	No hit	-6.89	6.05E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1187_c1_g1_i9	No hit	-7.00	3.59E-03	0.00	0.00	-0.00	0.00	7
TRINITY_DN1189_c0_g1_i1	No hit	0.00	0.00	6.76	9.47E-03	6.72	1.14E-02	11
TRINITY_DN1189_c0_g1_i4	No hit	6.89	5.12E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1193_c0_g1_i3	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-3.23	1.50E-02	9
TRINITY_DN1194_c2_g1_i3	No hit	-8.00	6.99E-05	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1195_c1_g1_i6	No hit	9.71	2.38E-08	0.00	0.00	8.43	8.81E-06	1
TRINITY_DN11954_c0_g1_i1	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-7.24	1.66E-03	9
TRINITY_DN1205_c0_g1_i3	No hit	-7.57	4.03E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1217_c1_g1_i5	No hit	-3.15	6.18E-03	-4.75	9.07E-05	0.00	0.00	10
TRINITY_DN1224_c0_g1_i1	No hit	4.87	7.24E-05	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1224_c0_g1_i2	No hit	4.80	7.03E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1230_c1_g1_i1	No hit	-7.36	1.04E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1258_c0_g1_i3	No hit	10.07	4.05E-09	8.97	8.97E-07	10.75	2.09E-10	2
TRINITY_DN1258_c0_g1_i4	No hit	3.19	5.53E-03	0.00	0.00	3.68	8.28E-04	6
TRINITY_DN126_c5_g1_i1	No hit	-9.28	1.76E-07	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1263_c1_g1_i5	No hit	7.00	3.59E-03	6.78	9.47E-03	7.14	2.26E-03	2
TRINITY_DN1264_c0_g1_i17	No hit	-6.28	4.70E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1265_c0_g1_i3	No hit	0.00	0.00	-6.68	1.39E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN1269_c0_g1_i5	No hit	0.00	0.00	6.58	1.69E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN1272_c0_g1_i3	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-6.85	7.71E-03	9
TRINITY_DN1280_c0_g1_i7	No hit	-6.28	4.70E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1290_c1_g1_i4	No hit	9.58	4.15E-08	10.46	8.17E-10	9.30	1.83E-07	2
TRINITY_DN1293_c3_g1_i7	No hit	-7.61	3.57E-04	-7.46	6.93E-04	0.00	0.00	4
TRINITY_DN13_c0_g2_i1	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	7.39	7.87E-04	11
TRINITY_DN1304_c0_g1_i1	No hit	0.00	0.00	6.45	3.09E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN1317_c0_g1_i5	No hit	0.00	0.00	7.82	1.61E-04	7.02	3.80E-03	11
TRINITY_DN1318_c2_g1_i6	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	7.61	3.13E-04	11
TRINITY_DN1318_c2_g1_i7	No hit	-5.06	3.14E-04	-7.89	1.18E-04	-8.00	6.58E-05	8
TRINITY_DN1321_c1_g1_i6	No hit	-7.36	1.04E-03	-7.21	1.83E-03	0.00	0.00	4
TRINITY_DN1321_c2_g1_i7	No hit	0.00	0.00	-3.52	1.56E-02	-7.95	8.11E-05	9
TRINITY_DN1329_c3_g1_i6	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	7.39	7.87E-04	11
TRINITY_DN1333_c3_g1_i9	No hit	-7.94	9.17E-05	-7.80	1.81E-04	0.00	0.00	4
TRINITY_DN1363_c0_g1_i6	No hit	0.00	0.00	8.20	3.23E-05	0.00	0.00	12
TRINITY_DN13691_c0_g1_i1	No hit	-6.29	4.70E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN139_c1_g1_i9	No hit	0.00	0.00	-6.63	1.69E-02	-6.74	1.14E-02	8
TRINITY_DN1400_c4_g1_i1	No hit	3.75	3.24E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1412_c1_g1_i2	No hit	7.01	3.05E-03	7.88	1.31E-04	7.94	8.11E-05	2
TRINITY_DN1418_c0_g1_i1	No hit	0.00	0.00	9.96	9.81E-09	9.94	8.34E-09	11

TRINITY_DN1434_c0_g1_i8	No hit	4.58	1.48E-02	4.59	2.60E-02	0.00	0.00	6
TRINITY_DN144_c1_g1_i4	No hit	7.16	1.94E-03	7.77	2.01E-04	7.66	2.77E-04	2
TRINITY_DN1442_c0_g1_i4	No hit	0.00	0.00	-8.55	6.72E-06	-8.65	3.68E-06	8
TRINITY_DN1445_c0_g1_i11	No hit	0.00	0.00	-8.87	1.44E-06	0.00	0.00	10
TRINITY_DN1457_c0_g1_i4	No hit	6.86	6.05E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1473_c12_g1_i1	No hit	0.00	0.00	-7.65	3.19E-04	0.00	0.00	10
TRINITY_DN1497_c0_g2_i1	No hit	4.57	1.96E-03	0.00	0.00	4.53	2.86E-03	6
TRINITY_DN1497_c0_g2_i5	No hit	0.00	0.00	-3.35	3.09E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN1499_c0_g1_i3	No hit	-6.78	8.75E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN150_c5_g1_i2	No hit	-8.14	3.79E-05	0.00	0.00	-4.16	2.43E-03	3
TRINITY_DN150_c5_g1_i5	No hit	0.00	0.00	-7.86	1.31E-04	0.00	0.00	10
TRINITY_DN1500_c0_g1_i1	No hit	6.92	4.34E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1506_c2_g1_i2	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	7.26	1.42E-03	11
TRINITY_DN1507_c0_g1_i1	No hit	3.87	1.65E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1507_c0_g1_i2	No hit	3.73	3.02E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN151_c1_g1_i1	No hit	5.37	3.64E-06	3.59	1.14E-02	5.68	1.19E-06	6
TRINITY_DN1520_c0_g1_i6	No hit	-6.83	7.25E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN154_c1_g1_i7	No hit	0.00	0.00	3.72	3.32E-03	4.09	6.14E-04	6
TRINITY_DN1562_c2_g1_i7	No hit	-4.64	2.83E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1562_c2_g1_i8	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-7.36	1.05E-03	9
TRINITY_DN15624_c0_g1_i2	No hit	0.00	0.00	-7.29	1.36E-03	0.00	0.00	10
TRINITY_DN1568_c0_g1_i11	No hit	0.00	0.00	-6.43	3.09E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN157_c0_g1_i4	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-8.20	2.79E-05	9
TRINITY_DN157_c0_g1_i8	No hit	0.00	0.00	-8.64	4.33E-06	-8.75	2.55E-06	8
TRINITY_DN1581_c0_g1_i4	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	6.57	1.65E-02	11
TRINITY_DN1592_c1_g1_i7	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-4.93	1.21E-02	9
TRINITY_DN1592_c1_g1_i9	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	7.94	8.11E-05	11
TRINITY_DN160_c0_g2_i6	No hit	10.07	4.04E-09	0.00	0.00	8.69	2.95E-06	1
TRINITY_DN1622_c1_g1_i1	No hit	0.00	0.00	-4.92	1.06E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN1622_c1_g1_i5	No hit	0.00	0.00	-6.50	2.52E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN163_c0_g1_i2	No hit	-3.98	1.96E-03	0.00	0.00	-3.20	2.53E-02	3
TRINITY_DN163_c0_g1_i3	No hit	-2.99	3.00E-02	-3.30	3.89E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN1658_c0_g1_i8	No hit	10.11	3.66E-09	0.00	0.00	8.00	5.89E-05	1
TRINITY_DN168_c6_g1_i3	No hit	-6.44	2.42E-02	-6.29	4.92E-02	0.00	0.00	4
TRINITY_DN1686_c1_g1_i4	No hit	6.25	3.80E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN169_c0_g1_i6	No hit	-7.61	7.30E-08	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1692_c0_g1_i1	No hit	0.00	0.00	-6.57	2.06E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN1694_c0_g1_i3	No hit	0.00	0.00	-3.67	3.54E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN1694_c0_g1_i4	No hit	3.68	6.72E-03	3.81	4.61E-03	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1694_c0_g1_i5	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	6.78	9.38E-03	11
TRINITY_DN1698_c1_g1_i2	No hit	0.00	0.00	6.47	2.52E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN170_c0_g1_i9	No hit	8.01	6.27E-05	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1715_c0_g1_i2	No hit	0.00	0.00	6.31	2.40E-05	4.44	3.11E-02	6
TRINITY_DN1715_c0_g1_i6	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	6.34	3.96E-02	11
TRINITY_DN1716_c0_g1_i3	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-6.85	7.71E-03	9
TRINITY_DN1718_c0_g1_i3	No hit	0.00	0.00	-7.99	7.69E-05	0.00	0.00	10
TRINITY_DN1757_c0_g1_i1	No hit	-2.61	4.70E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN176_c1_g1_i9	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-7.11	2.68E-03	9
TRINITY_DN1761_c0_g1_i1	No hit	0.00	0.00	-7.08	3.32E-03	0.00	0.00	10
TRINITY_DN1765_c0_g1_i2	No hit	0.00	0.00	-6.50	2.52E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN1765_c0_g1_i4	No hit	0.00	0.00	9.54	6.43E-08	6.49	2.00E-02	11
TRINITY_DN1772_c0_g1_i1	No hit	2.71	2.43E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1772_c0_g1_i4	No hit	2.63	3.58E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1772_c0_g1_i5	No hit	3.10	4.40E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1772_c0_g1_i6	No hit	3.29	2.74E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1772_c0_g1_i7	No hit	3.36	2.02E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1782_c0_g1_i4	No hit	10.68	2.07E-10	9.56	6.07E-08	8.20	2.54E-05	2
TRINITY_DN1817_c1_g1_i3	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	8.35	1.27E-05	11
TRINITY_DN182_c0_g1_i2	No hit	6.65	1.06E-02	6.99	4.57E-03	6.36	3.11E-02	2

TRINITY_DN1823_c0_g1_i5	No hit	0.00	0.00	-8.14	4.15E-05	0.00	0.00	10
TRINITY_DN1838_c0_g1_i5	No hit	0.00	0.00	-8.08	5.33E-05	0.00	0.00	10
TRINITY_DN1855_c0_g1_i1	No hit	-3.42	8.75E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1860_c0_g1_i4	No hit	7.41	7.83E-04	0.00	0.00	7.29	1.22E-03	1
TRINITY_DN1861_c0_g1_i1	No hit	-8.98	7.24E-07	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1861_c0_g1_i12	No hit	0.00	0.00	-3.41	3.09E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN1861_c0_g1_i3	No hit	-3.19	1.95E-02	-2.98	2.88E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN1861_c0_g1_i8	No hit	-7.15	2.21E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1866_c0_g2_i2	No hit	0.00	0.00	-6.36	3.89E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN191_c7_g1_i4	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	7.14	2.26E-03	11
TRINITY_DN1912_c0_g1_i2	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	7.39	7.87E-04	11
TRINITY_DN1912_c0_g1_i7	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-7.43	7.87E-04	9
TRINITY_DN1913_c1_g1_i8	No hit	-2.89	1.28E-02	0.00	0.00	-10.29	1.62E-09	9
TRINITY_DN1922_c4_g1_i5	No hit	3.75	3.14E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1922_c4_g1_i6	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-6.61	1.65E-02	9
TRINITY_DN1922_c6_g1_i2	No hit	0.00	0.00	6.47	2.52E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN1925_c0_g1_i3	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-7.61	3.57E-04	9
TRINITY_DN193_c7_g1_i1	No hit	-5.99	5.08E-06	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1946_c0_g1_i3	No hit	3.73	3.20E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1968_c0_g1_i2	No hit	8.16	3.13E-05	0.00	0.00	6.62	1.65E-02	1
TRINITY_DN1972_c1_g1_i2	No hit	0.00	0.00	-6.75	1.13E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN19878_c0_g1_i1	No hit	-7.10	2.58E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1990_c0_g1_i5	No hit	10.08	3.90E-09	7.55	5.29E-04	0.00	0.00	5
TRINITY_DN1995_c0_g1_i1	No hit	0.00	0.00	-7.25	1.57E-03	0.00	0.00	10
TRINITY_DN200_c1_g1_i4	No hit	3.07	3.72E-02	0.00	0.00	4.38	2.17E-04	6
TRINITY_DN2008_c0_g1_i2	No hit	-6.45	2.42E-02	0.00	0.00	-6.41	3.11E-02	3
TRINITY_DN2008_c1_g1_i1	No hit	0.00	0.00	-6.15	9.05E-07	0.00	0.00	10
TRINITY_DN2008_c1_g1_i5	No hit	2.92	1.54E-02	2.84	2.56E-02	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2009_c0_g1_i5	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	3.46	7.71E-03	6
TRINITY_DN2043_c0_g1_i4	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-6.85	7.71E-03	9
TRINITY_DN2044_c0_g1_i9	No hit	-7.36	1.04E-03	0.00	0.00	-7.32	1.22E-03	3
TRINITY_DN2062_c0_g1_i1	No hit	-3.32	2.54E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2069_c0_g1_i1	No hit	0.00	0.00	-6.50	2.52E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN2074_c0_g1_i3	No hit	0.00	0.00	3.43	3.00E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN2085_c0_g1_i14	No hit	0.00	0.00	-7.08	2.88E-03	-7.19	1.95E-03	8
TRINITY_DN2085_c0_g1_i5	No hit	9.40	1.01E-07	8.69	3.30E-06	9.23	2.40E-07	2
TRINITY_DN2085_c0_g1_i6	No hit	7.96	7.60E-05	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN210_c0_g1_i5	No hit	3.40	7.23E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2128_c1_g1_i2	No hit	-7.15	2.21E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2148_c0_g1_i4	No hit	6.23	4.70E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2190_c1_g1_i4	No hit	0.00	0.00	-7.74	2.27E-04	-3.84	1.55E-02	8
TRINITY_DN2190_c1_g1_i7	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	6.29	1.42E-05	11
TRINITY_DN2199_c0_g1_i2	No hit	6.23	4.70E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2272_c0_g1_i1	No hit	-3.90	2.83E-02	0.00	0.00	-6.84	7.71E-03	3
TRINITY_DN228_c0_g1_i4	No hit	-6.78	8.75E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2295_c0_g1_i3	No hit	6.46	1.94E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2305_c1_g1_i3	No hit	3.46	3.68E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2327_c1_g1_i3	No hit	0.00	0.00	-6.68	1.39E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN2327_c1_g1_i4	No hit	-6.37	2.99E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2339_c0_g1_i4	No hit	7.39	7.83E-04	8.20	3.23E-05	9.25	2.26E-07	2
TRINITY_DN235_c6_g1_i1	No hit	0.00	0.00	-8.08	5.33E-05	0.00	0.00	10
TRINITY_DN2387_c0_g1_i2	No hit	-8.43	1.00E-05	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2399_c0_g1_i10	No hit	6.49	1.94E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN24_c0_g1_i2	No hit	0.00	0.00	7.99	7.69E-05	0.00	0.00	12
TRINITY_DN24_c0_g1_i6	No hit	-6.28	4.70E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2406_c1_g1_i5	No hit	8.84	1.31E-06	8.42	1.22E-05	0.00	0.00	5
TRINITY_DN241_c0_g1_i1	No hit	2.89	1.31E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2418_c0_g1_i10	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-4.44	1.40E-03	9
TRINITY_DN242_c6_g2_i1	No hit	-6.72	1.06E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7



TRINITY_DN2430_c0_g1_i7	No hit	-10.78	1.20E-10	0.00	0.00	-5.45	1.58E-06	3
TRINITY_DN2439_c0_g1_i10	No hit	-6.37	2.99E-02	3.28	7.95E-03	3.12	1.55E-02	7
TRINITY_DN2439_c0_g1_i3	No hit	4.56	4.84E-05	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2461_c0_g1_i2	No hit	-2.75	2.21E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2472_c0_g1_i1	No hit	-8.88	1.41E-11	0.00	0.00	-11.95	1.03E-12	3
TRINITY_DN2472_c0_g2_i1	No hit	11.83	1.86E-12	10.76	1.92E-10	11.90	1.03E-12	2
TRINITY_DN2495_c0_g1_i8	No hit	6.22	4.70E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2498_c0_g1_i4	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-3.97	2.20E-04	9
TRINITY_DN2498_c0_g1_i6	No hit	0.00	0.00	-7.20	2.13E-03	0.00	0.00	10
TRINITY_DN2498_c0_g1_i7	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-2.69	4.40E-02	9
TRINITY_DN2500_c1_g1_i3	No hit	3.49	9.71E-03	3.54	1.07E-02	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2525_c0_g1_i3	No hit	-7.15	2.21E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2533_c0_g2_i1	No hit	4.61	1.39E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2535_c0_g1_i5	No hit	0.00	0.00	-6.29	4.92E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN2546_c0_g1_i1	No hit	-6.65	1.28E-02	-6.51	2.52E-02	0.00	0.00	4
TRINITY_DN2546_c0_g1_i5	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-7.82	1.54E-04	9
TRINITY_DN256_c0_g1_i1	No hit	-6.65	1.28E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2566_c0_g1_i2	No hit	6.90	4.34E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN258_c0_g1_i2	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	7.84	1.22E-04	11
TRINITY_DN2616_c0_g1_i4	No hit	0.00	0.00	-6.36	3.89E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN2621_c0_g1_i6	No hit	0.00	0.00	10.32	1.56E-09	8.10	3.90E-05	11
TRINITY_DN2623_c0_g1_i4	No hit	-8.73	2.28E-06	-8.59	5.81E-06	-5.08	1.94E-04	4
TRINITY_DN263_c0_g1_i8	No hit	4.21	7.79E-03	4.08	2.45E-02	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2643_c0_g1_i3	No hit	0.00	0.00	-6.37	3.89E-02	-6.48	2.51E-02	8
TRINITY_DN265_c2_g1_i5	No hit	9.22	2.31E-07	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2656_c0_g1_i7	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	6.41	3.11E-02	11
TRINITY_DN2660_c0_g1_i5	No hit	0.00	0.00	7.32	1.19E-03	9.30	1.83E-07	11
TRINITY_DN2660_c0_g1_i9	No hit	0.00	0.00	6.57	1.69E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN2665_c1_g1_i3	No hit	2.85	1.58E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2665_c1_g1_i4	No hit	-6.87	7.67E-08	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2665_c1_g1_i5	No hit	2.78	1.72E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2671_c0_g1_i13	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-7.43	7.87E-04	9
TRINITY_DN2672_c0_g1_i4	No hit	0.00	0.00	-7.70	2.52E-04	0.00	0.00	10
TRINITY_DN2689_c0_g1_i10	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-3.04	2.53E-02	9
TRINITY_DN2689_c0_g1_i14	No hit	7.58	3.57E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2689_c0_g1_i2	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-6.67	1.38E-02	9
TRINITY_DN2693_c0_g1_i3	No hit	0.00	0.00	3.63	3.95E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN2702_c0_g1_i3	No hit	-3.47	4.03E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2706_c5_g1_i7	No hit	-3.53	4.96E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2717_c0_g1_i5	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-3.55	2.99E-02	9
TRINITY_DN2753_c0_g1_i7	No hit	-8.51	6.89E-06	-8.37	1.53E-05	-8.47	7.59E-06	8
TRINITY_DN2762_c0_g1_i1	No hit	3.30	2.26E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2762_c0_g1_i2	No hit	3.30	3.31E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2764_c0_g1_i2	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-3.83	1.65E-02	9
TRINITY_DN2764_c0_g1_i6	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	7.86	1.10E-04	11
TRINITY_DN2781_c0_g1_i1	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	6.62	1.65E-02	11
TRINITY_DN2799_c0_g1_i8	No hit	-9.46	7.67E-08	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN28_c1_g1_i1	No hit	-7.83	1.39E-04	0.00	0.00	-3.55	2.00E-02	3
TRINITY_DN2802_c0_g1_i6	No hit	-6.65	1.28E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2819_c0_g1_i2	No hit	3.05	8.75E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2836_c0_g1_i2	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-6.61	1.65E-02	9
TRINITY_DN2840_c0_g1_i1	No hit	7.20	1.65E-03	0.00	0.00	7.53	4.65E-04	1
TRINITY_DN2918_c0_g1_i1	No hit	3.01	6.68E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2918_c0_g1_i2	No hit	3.02	6.17E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2918_c0_g1_i4	No hit	3.02	1.06E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2918_c0_g1_i6	No hit	2.81	1.45E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2918_c0_g1_i7	No hit	3.29	2.31E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2919_c0_g1_i1	No hit	-3.26	1.40E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN29320_c0_g1_i1	No hit	0.00	0.00	3.81	2.24E-02	0.00	0.00	12

TRINITY_DN2939_c0_g1_i2	No hit	6.78	7.25E-03	6.69	1.13E-02	0.00	0.00	5
TRINITY_DN2940_c0_g1_i3	No hit	6.86	6.05E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2942_c0_g1_i3	No hit	6.91	5.12E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2942_c1_g1_i2	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-7.76	1.94E-04	9
TRINITY_DN2942_c1_g1_i3	No hit	0.00	0.00	7.93	9.37E-05	8.13	3.30E-05	11
TRINITY_DN2945_c1_g1_i5	No hit	7.78	1.55E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2945_c1_g1_i9	No hit	-5.66	2.29E-05	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN295_c4_g1_i3	No hit	-9.68	2.76E-08	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN29687_c0_g1_i1	No hit	-6.37	2.99E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2969_c0_g1_i4	No hit	3.76	2.58E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN3015_c7_g1_i2	No hit	0.00	0.00	6.50	2.06E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN3052_c1_g1_i3	No hit	-6.83	7.25E-03	-6.68	1.39E-02	0.00	0.00	4
TRINITY_DN3067_c2_g1_i4	No hit	6.97	3.59E-03	6.84	7.97E-03	6.60	1.65E-02	2
TRINITY_DN3085_c0_g1_i6	No hit	0.00	0.00	6.82	7.97E-03	0.00	0.00	12
TRINITY_DN310_c0_g1_i8	No hit	0.00	0.00	-7.60	4.08E-04	-7.70	2.45E-04	8
TRINITY_DN3105_c0_g2_i1	No hit	0.00	0.00	3.08	2.39E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN311_c1_g1_i3	No hit	6.43	2.42E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN3117_c0_g1_i2	No hit	2.95	4.70E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN312_c5_g1_i1	No hit	0.00	0.00	6.64	1.39E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN3164_c0_g1_i6	No hit	9.58	4.15E-08	6.92	5.47E-03	0.00	0.00	5
TRINITY_DN317_c0_g1_i6	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	10.63	3.34E-10	11
TRINITY_DN3176_c0_g1_i2	No hit	-4.97	1.08E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN318_c0_g1_i9	No hit	6.52	1.94E-02	0.00	0.00	7.39	7.87E-04	1
TRINITY_DN318_c7_g1_i1	No hit	0.00	0.00	11.49	6.09E-12	9.83	1.54E-08	11
TRINITY_DN32_c0_g1_i6	No hit	-10.91	6.77E-11	-10.76	1.92E-10	0.00	0.00	4
TRINITY_DN32_c2_g1_i1	No hit	-3.56	7.40E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN321_c0_g1_i4	No hit	-7.55	4.57E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN3234_c0_g1_i1	No hit	6.54	1.58E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN328_c1_g2_i4	No hit	0.00	0.00	2.91	3.89E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN3290_c0_g1_i7	No hit	0.00	0.00	7.22	1.83E-03	0.00	0.00	12
TRINITY_DN3321_c0_g1_i3	No hit	0.00	0.00	3.21	2.95E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN3321_c0_g1_i8	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	3.66	2.49E-02	6
TRINITY_DN3328_c1_g1_i8	No hit	-2.82	4.57E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN334_c0_g1_i5	No hit	6.61	1.28E-02	7.02	3.90E-03	7.85	1.22E-04	2
TRINITY_DN334_c0_g1_i6	No hit	0.00	0.00	-8.63	4.33E-06	0.00	0.00	10
TRINITY_DN3353_c0_g1_i8	No hit	-6.44	2.42E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN3385_c0_g1_i1	No hit	3.04	5.63E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN339_c1_g1_i1	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-6.84	7.71E-03	9
TRINITY_DN343_c1_g1_i1	No hit	0.00	0.00	6.76	9.47E-03	0.00	0.00	12
TRINITY_DN345_c2_g1_i5	No hit	0.00	0.00	-6.63	1.69E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN3471_c0_g1_i10	No hit	7.49	5.16E-04	6.82	7.97E-03	7.89	9.88E-05	2
TRINITY_DN348_c1_g1_i10	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	3.38	4.08E-02	6
TRINITY_DN3551_c0_g2_i2	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	6.67	1.38E-02	11
TRINITY_DN359_c12_g4_i1	No hit	0.00	0.00	-6.95	4.57E-03	0.00	0.00	10
TRINITY_DN359_c24_g1_i1	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-8.65	3.68E-06	9
TRINITY_DN359_c24_g1_i2	No hit	9.04	4.88E-07	7.80	1.81E-04	9.24	2.40E-07	2
TRINITY_DN359_c24_g1_i4	No hit	9.41	9.05E-08	8.23	2.73E-05	9.40	1.30E-07	2
TRINITY_DN3641_c0_g1_i1	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-10.72	2.37E-10	9
TRINITY_DN3641_c0_g1_i4	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-8.33	1.50E-05	9
TRINITY_DN369_c0_g1_i5	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-8.34	1.38E-05	9
TRINITY_DN3729_c0_g1_i4	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	8.37	1.19E-05	11
TRINITY_DN3729_c0_g1_i6	No hit	-6.66	1.28E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN373_c1_g1_i2	No hit	3.89	2.93E-03	4.39	4.17E-04	0.00	0.00	6
TRINITY_DN380_c0_g1_i1	No hit	7.11	2.21E-03	7.15	2.46E-03	7.92	8.99E-05	2
TRINITY_DN3864_c0_g1_i6	No hit	0.00	0.00	-6.36	3.89E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN389_c3_g1_i1	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	3.58	1.38E-02	6
TRINITY_DN390_c0_g1_i8	No hit	8.80	1.56E-06	10.39	1.17E-09	10.11	3.62E-09	2
TRINITY_DN393_c0_g1_i3	No hit	0.00	0.00	-7.76	2.01E-04	-7.87	1.22E-04	8
TRINITY_DN393_c0_g1_i6	No hit	6.62	1.28E-02	7.12	2.46E-03	7.95	7.37E-05	2

TRINITY_DN3945_c0_g1_i1	No hit	5.24	1.19E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN3945_c0_g1_i2	No hit	2.83	1.40E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN3945_c0_g1_i4	No hit	2.93	2.06E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN398_c4_g1_i2	No hit	0.00	0.00	-9.87	1.42E-08	0.00	0.00	0.00	10
TRINITY_DN4_c0_g2_i3	No hit	0.00	0.00	6.43	3.09E-02	0.00	0.00	0.00	12
TRINITY_DN4_c5_g1_i10	No hit	-8.11	4.17E-05	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN414_c10_g1_i2	No hit	-3.19	3.46E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN414_c10_g1_i3	No hit	7.16	1.94E-03	0.00	0.00	8.57	5.21E-06	0.00	1
TRINITY_DN4175_c0_g1_i11	No hit	-7.82	1.39E-04	-7.68	2.80E-04	0.00	0.00	0.00	4
TRINITY_DN4175_c0_g1_i3	No hit	0.00	0.00	6.28	4.92E-02	0.00	0.00	0.00	12
TRINITY_DN420_c0_g1_i1	No hit	0.00	0.00	2.88	1.38E-02	0.00	0.00	0.00	12
TRINITY_DN420_c0_g1_i11	No hit	0.00	0.00	2.93	2.26E-02	3.37	4.21E-03	0.00	6
TRINITY_DN420_c0_g1_i12	No hit	0.00	0.00	3.27	7.51E-03	3.31	6.54E-03	0.00	6
TRINITY_DN420_c0_g1_i14	No hit	0.00	0.00	6.77	9.47E-03	0.00	0.00	0.00	12
TRINITY_DN420_c0_g1_i17	No hit	0.00	0.00	2.82	4.51E-02	3.54	1.93E-03	0.00	6
TRINITY_DN420_c0_g1_i6	No hit	0.00	0.00	2.75	3.87E-02	0.00	0.00	0.00	12
TRINITY_DN448_c0_g1_i6	No hit	-7.58	4.03E-04	0.00	0.00	-7.54	4.65E-04	0.00	3
TRINITY_DN4595_c1_g2_i1	No hit	-7.51	5.16E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN46_c0_g1_i2	No hit	6.48	1.94E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN464_c0_g1_i1	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-3.02	3.94E-02	0.00	9
TRINITY_DN464_c0_g1_i3	No hit	0.00	0.00	8.11	4.56E-05	0.00	0.00	0.00	12
TRINITY_DN4655_c0_g1_i2	No hit	0.00	0.00	3.44	1.50E-02	0.00	0.00	0.00	12
TRINITY_DN4655_c0_g2_i1	No hit	0.00	0.00	2.95	1.16E-02	0.00	0.00	0.00	12
TRINITY_DN4655_c0_g3_i1	No hit	0.00	0.00	2.91	1.25E-02	0.00	0.00	0.00	12
TRINITY_DN47_c3_g1_i10	No hit	0.00	0.00	-7.12	2.88E-03	-4.99	9.10E-03	0.00	8
TRINITY_DN47_c3_g1_i14	No hit	-8.50	7.44E-06	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN47_c3_g1_i7	No hit	-5.65	8.94E-06	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN479_c0_g1_i4	No hit	-7.74	2.21E-04	-7.59	4.08E-04	0.00	0.00	0.00	4
TRINITY_DN48_c0_g1_i1	No hit	3.23	1.28E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN48_c0_g1_i8	No hit	0.00	0.00	7.06	3.32E-03	0.00	0.00	0.00	12
TRINITY_DN487_c0_g1_i5	No hit	-7.50	5.90E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN492_c2_g1_i5	No hit	6.18	4.70E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN4955_c0_g1_i11	No hit	-7.05	3.05E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN4955_c0_g1_i3	No hit	-6.84	7.25E-03	0.00	0.00	-6.80	9.38E-03	0.00	3
TRINITY_DN4955_c0_g2_i1	No hit	-6.29	4.70E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN5_c3_g1_i3	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	7.06	3.15E-03	0.00	11
TRINITY_DN504_c3_g1_i8	No hit	3.79	4.42E-03	3.74	6.63E-03	3.51	1.66E-02	0.00	6
TRINITY_DN508_c2_g1_i13	No hit	-6.58	1.58E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN508_c2_g1_i5	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	7.06	3.15E-03	0.00	11
TRINITY_DN509_c0_g1_i1	No hit	-6.28	4.70E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN51_c0_g1_i3	No hit	6.34	2.99E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN5116_c0_g2_i2	No hit	-5.15	6.05E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN523_c0_g1_i3	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-3.33	6.59E-03	0.00	9
TRINITY_DN529_c0_g1_i3	No hit	0.00	0.00	7.63	3.60E-04	0.00	0.00	0.00	12
TRINITY_DN5332_c0_g1_i2	No hit	2.68	4.29E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN5332_c0_g1_i6	No hit	2.63	3.09E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN5483_c0_g1_i2	No hit	-6.59	1.58E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN5483_c0_g1_i3	No hit	-7.05	3.05E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN558_c0_g1_i4	No hit	7.07	2.58E-03	6.29	4.92E-02	6.35	3.96E-02	0.00	2
TRINITY_DN5599_c0_g2_i10	No hit	2.81	3.32E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN575_c0_g1_i7	No hit	0.00	0.00	-7.56	4.65E-04	-7.67	2.77E-04	0.00	8
TRINITY_DN58_c1_g1_i4	No hit	2.50	4.82E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN58_c1_g1_i7	No hit	2.52	4.76E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN581_c0_g1_i1	No hit	7.50	4.57E-04	7.65	3.19E-04	7.62	3.13E-04	0.00	2
TRINITY_DN59_c0_g1_i4	No hit	0.00	0.00	-8.17	3.86E-05	0.00	0.00	0.00	10
TRINITY_DN597_c0_g1_i6	No hit	0.00	0.00	7.25	1.57E-03	0.00	0.00	0.00	12
TRINITY_DN598_c1_g1_i4	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-3.54	4.30E-02	0.00	9
TRINITY_DN60_c0_g1_i4	No hit	0.00	0.00	-6.37	3.89E-02	0.00	0.00	0.00	10
TRINITY_DN60_c0_g1_i9	No hit	0.00	0.00	6.28	4.92E-02	0.00	0.00	0.00	12

TRINITY_DN602_c4_g1_i1	No hit	2.63	2.79E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN603_c2_g1_i7	No hit	-11.10	3.13E-11	-10.95	1.03E-10	0.00	0.00	0.00	4
TRINITY_DN603_c2_g1_i8	No hit	3.97	2.81E-04	3.01	2.06E-02	3.55	2.26E-03	0.00	6
TRINITY_DN614_c12_g1_i1	No hit	3.40	4.49E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN614_c12_g1_i3	No hit	6.56	1.58E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN62_c5_g1_i1	No hit	0.00	0.00	-7.04	3.90E-03	0.00	0.00	0.00	10
TRINITY_DN623_c1_g2_i4	No hit	-9.84	1.21E-08	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN625_c0_g1_i13	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-3.18	9.40E-03	0.00	9
TRINITY_DN626_c0_g1_i4	No hit	-3.71	3.63E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN628_c1_g1_i5	No hit	0.00	0.00	-6.29	4.92E-02	0.00	0.00	0.00	10
TRINITY_DN628_c1_g1_i6	No hit	0.00	0.00	-8.89	1.32E-06	0.00	0.00	0.00	10
TRINITY_DN628_c1_g1_i8	No hit	0.00	0.00	4.18	5.28E-03	0.00	0.00	0.00	12
TRINITY_DN63_c0_g1_i3	No hit	6.47	1.94E-02	0.00	0.00	6.46	2.51E-02	0.00	1
TRINITY_DN63_c7_g1_i5	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	3.18	1.59E-02	0.00	6
TRINITY_DN632_c0_g2_i1	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	6.88	6.54E-03	0.00	11
TRINITY_DN632_c2_g1_i5	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	7.56	4.09E-04	0.00	11
TRINITY_DN6557_c0_g1_i11	No hit	-2.90	3.99E-02	0.00	0.00	-3.20	1.63E-02	0.00	3
TRINITY_DN658_c0_g2_i3	No hit	0.00	0.00	3.54	6.83E-03	0.00	0.00	0.00	12
TRINITY_DN6615_c0_g1_i3	No hit	0.00	0.00	6.16	4.60E-05	0.00	0.00	0.00	12
TRINITY_DN6615_c0_g1_i6	No hit	7.85	1.25E-04	0.00	0.00	6.49	2.00E-02	0.00	1
TRINITY_DN6628_c0_g2_i2	No hit	0.00	0.00	3.55	3.09E-02	0.00	0.00	0.00	12
TRINITY_DN6628_c1_g2_i1	No hit	0.00	0.00	3.17	3.97E-03	0.00	0.00	0.00	12
TRINITY_DN667_c0_g1_i5	No hit	4.02	4.42E-04	0.00	0.00	3.31	1.13E-02	0.00	6
TRINITY_DN67_c0_g1_i5	No hit	6.34	2.99E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN671_c0_g1_i5	No hit	3.89	2.44E-02	4.07	2.45E-02	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN685_c1_g1_i1	No hit	7.80	1.55E-04	6.57	2.06E-02	0.00	0.00	0.00	5
TRINITY_DN689_c0_g1_i9	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-8.31	1.63E-05	0.00	9
TRINITY_DN689_c5_g1_i4	No hit	-6.66	1.28E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN696_c3_g2_i5	No hit	2.84	2.99E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN698_c4_g1_i2	No hit	0.00	0.00	-6.29	4.92E-02	0.00	0.00	0.00	10
TRINITY_DN704_c4_g1_i4	No hit	7.13	2.21E-03	0.00	0.00	7.14	2.26E-03	0.00	1
TRINITY_DN706_c0_g1_i1	No hit	0.00	0.00	-8.42	1.22E-05	0.00	0.00	0.00	10
TRINITY_DN711_c0_g1_i7	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-3.42	2.86E-03	0.00	9
TRINITY_DN720_c0_g1_i5	No hit	-8.32	1.68E-05	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN720_c0_g1_i8	No hit	6.89	5.12E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN720_c0_g1_i9	No hit	6.49	1.94E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN724_c0_g1_i5	No hit	-7.00	3.59E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN729_c1_g1_i12	No hit	-3.74	4.70E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN729_c1_g1_i14	No hit	0.00	0.00	-7.16	2.46E-03	0.00	0.00	0.00	10
TRINITY_DN729_c1_g1_i17	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-3.89	2.49E-02	0.00	9
TRINITY_DN729_c1_g1_i3	No hit	-4.44	1.03E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN729_c1_g1_i4	No hit	0.00	0.00	7.38	1.03E-03	7.33	1.05E-03	0.00	11
TRINITY_DN73_c1_g1_i6	No hit	6.23	4.70E-02	6.57	1.69E-02	0.00	0.00	0.00	5
TRINITY_DN73_c2_g1_i5	No hit	0.00	0.00	-9.46	8.89E-08	0.00	0.00	0.00	10
TRINITY_DN731_c0_g1_i7	No hit	0.00	0.00	6.43	3.09E-02	0.00	0.00	0.00	12
TRINITY_DN7335_c0_g1_i2	No hit	0.00	0.00	-8.24	2.73E-05	0.00	0.00	0.00	10
TRINITY_DN7335_c0_g1_i3	No hit	4.03	4.96E-03	4.32	1.54E-03	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN7335_c0_g1_i6	No hit	0.00	0.00	-8.09	4.96E-05	0.00	0.00	0.00	10
TRINITY_DN741_c5_g1_i1	No hit	0.00	0.00	6.95	4.57E-03	0.00	0.00	0.00	12
TRINITY_DN7623_c0_g1_i2	No hit	0.00	0.00	3.65	1.38E-02	3.77	9.89E-03	0.00	6
TRINITY_DN766_c0_g1_i10	No hit	0.00	0.00	-6.95	4.57E-03	0.00	0.00	0.00	10
TRINITY_DN766_c0_g1_i4	No hit	0.00	0.00	-5.18	3.22E-03	0.00	0.00	0.00	10
TRINITY_DN767_c0_g1_i1	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-4.04	4.49E-03	0.00	9
TRINITY_DN767_c0_g1_i11	No hit	6.63	1.28E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN767_c0_g1_i14	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-4.53	7.16E-03	0.00	9
TRINITY_DN767_c0_g1_i8	No hit	-8.07	5.07E-05	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN7678_c0_g2_i5	No hit	6.49	1.94E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN770_c2_g1_i2	No hit	-3.48	6.17E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN770_c3_g1_i6	No hit	-6.65	1.28E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	7

TRINITY_DN776_c0_g1_i4	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-6.48	2.51E-02	9
TRINITY_DN777_c0_g1_i11	No hit	-4.96	5.11E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN781_c0_g1_i1	No hit	-7.09	2.58E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN781_c0_g1_i2	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-6.62	1.65E-02	9
TRINITY_DN781_c0_g1_i4	No hit	7.70	2.21E-04	6.85	7.97E-03	7.13	2.26E-03	2
TRINITY_DN791_c2_g1_i4	No hit	0.00	0.00	7.03	3.90E-03	0.00	0.00	12
TRINITY_DN791_c2_g1_i8	No hit	0.00	0.00	-2.68	4.96E-02	-9.66	3.93E-08	9
TRINITY_DN791_c5_g1_i3	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-9.51	8.27E-08	9
TRINITY_DN8_c3_g1_i1	No hit	-2.96	1.06E-02	0.00	0.00	-2.94	1.86E-02	3
TRINITY_DN8_c3_g1_i13	No hit	-3.22	3.39E-03	0.00	0.00	-2.89	1.71E-02	3
TRINITY_DN8_c3_g1_i3	No hit	0.00	0.00	-9.11	4.82E-07	0.00	0.00	10
TRINITY_DN805_c0_g1_i3	No hit	2.51	4.65E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN8094_c0_g1_i3	No hit	0.00	0.00	3.94	1.45E-02	3.70	2.18E-02	6
TRINITY_DN8106_c0_g1_i5	No hit	8.15	3.43E-05	7.51	6.01E-04	8.16	3.03E-05	2
TRINITY_DN812_c0_g1_i3	No hit	9.28	1.69E-07	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN814_c2_g1_i2	No hit	-6.89	6.05E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN815_c4_g1_i1	No hit	0.00	0.00	8.13	4.15E-05	8.51	6.20E-06	11
TRINITY_DN8178_c1_g1_i1	No hit	2.67	4.22E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN820_c0_g1_i1	No hit	-3.80	7.23E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN820_c0_g1_i2	No hit	-6.89	6.05E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN822_c0_g1_i1	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-4.04	1.30E-03	9
TRINITY_DN822_c1_g1_i3	No hit	6.70	1.06E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN822_c2_g1_i5	No hit	0.00	0.00	-7.53	5.29E-04	0.00	0.00	10
TRINITY_DN8221_c0_g1_i2	No hit	6.34	2.99E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN827_c0_g1_i2	No hit	2.96	3.09E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN827_c0_g1_i3	No hit	2.71	2.00E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN8355_c0_g1_i2	No hit	5.14	1.78E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN85_c3_g1_i9	No hit	0.00	0.00	-7.53	5.29E-04	0.00	0.00	10
TRINITY_DN850_c0_g2_i2	No hit	6.49	1.94E-02	0.00	0.00	6.41	3.11E-02	1
TRINITY_DN850_c1_g1_i3	No hit	2.63	2.81E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN8526_c0_g1_i1	No hit	4.26	4.01E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN859_c0_g1_i6	No hit	-3.91	7.94E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN867_c0_g1_i3	No hit	-3.05	3.08E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN872_c1_g1_i1	No hit	-3.17	4.02E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN88_c0_g1_i16	No hit	0.00	0.00	-2.63	3.64E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN88_c0_g1_i5	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	-9.39	2.50E-11	9
TRINITY_DN88_c4_g1_i2	No hit	0.00	0.00	-7.49	6.93E-04	-7.60	4.09E-04	8
TRINITY_DN88_c4_g1_i3	No hit	0.00	0.00	-8.08	5.33E-05	0.00	0.00	10
TRINITY_DN89_c1_g1_i10	No hit	0.00	0.00	3.84	4.40E-03	3.46	2.04E-02	6
TRINITY_DN89_c1_g1_i14	No hit	0.00	0.00	3.23	3.32E-03	0.00	0.00	12
TRINITY_DN89_c1_g1_i2	No hit	0.00	0.00	4.32	3.17E-03	5.05	8.00E-05	6
TRINITY_DN893_c1_g1_i2	No hit	4.27	6.14E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN893_c1_g1_i4	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	7.14	2.26E-03	11
TRINITY_DN896_c0_g1_i4	No hit	9.36	1.16E-07	7.03	3.90E-03	9.15	3.58E-07	2
TRINITY_DN9128_c0_g1_i2	No hit	-2.94	4.57E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN915_c3_g1_i3	No hit	0.00	0.00	7.02	3.90E-03	0.00	0.00	12
TRINITY_DN923_c1_g1_i3	No hit	-8.90	1.04E-06	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN924_c0_g1_i13	No hit	-3.03	1.17E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN931_c0_g1_i11	No hit	-7.55	4.57E-04	-7.40	9.00E-04	0.00	0.00	4
TRINITY_DN931_c0_g1_i4	No hit	8.60	4.03E-06	8.52	7.81E-06	7.14	2.26E-03	2
TRINITY_DN931_c0_g1_i5	No hit	9.28	1.69E-07	9.00	8.00E-07	8.55	5.44E-06	2
TRINITY_DN931_c0_g1_i7	No hit	-3.77	1.50E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN945_c0_g1_i27	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	7.06	3.15E-03	11
TRINITY_DN950_c1_g1_i3	No hit	-2.93	2.99E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN9509_c0_g1_i5	No hit	8.55	5.08E-06	7.11	2.88E-03	0.00	0.00	5
TRINITY_DN9509_c0_g1_i6	No hit	0.00	0.00	-7.29	1.36E-03	0.00	0.00	10
TRINITY_DN955_c0_g1_i3	No hit	0.00	0.00	-7.36	1.03E-03	0.00	0.00	10
TRINITY_DN965_c0_g1_i4	No hit	0.00	0.00	0.00	0.00	7.39	7.87E-04	11
TRINITY_DN9676_c0_g1_i1	No hit	2.50	4.57E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6

TRINITY_DN9676_c0_g1_i3	No hit	5.00	3.12E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN977_c0_g1_i12	No hit	7.21	1.65E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN98_c1_g1_i5	No hit	-6.28	4.70E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN982_c0_g1_i2	No hit	0.00	0.00	6.61	1.69E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN1079_c0_g1_i17	Non-histone chromosomal protein 6	0.00	0.00	-9.80	1.85E-08	0.00	0.00	10
TRINITY_DN1079_c0_g1_i5	Non-histone chromosomal protein 6	-2.91	1.28E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN920_c1_g1_i4	Non-histone chromosomal protein 6B	6.39	2.99E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN614_c6_g1_i3	Nuclear poly(A) polymerase 4	0.00	0.00	0.00	0.00	-8.43	9.58E-06	9
TRINITY_DN1014_c3_g1_i5	Nuclear pore complex protein Nup107	-7.27	1.42E-03	0.00	0.00	-7.23	1.66E-03	3
TRINITY_DN434_c0_g1_i2	Nucleolar protein 56	0.00	0.00	0.00	0.00	-7.87	1.10E-04	9
TRINITY_DN434_c0_g1_i7	Nucleolar protein 56	7.54	4.03E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN869_c0_g1_i4	Nudix hydrolase 1	3.72	2.31E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN403_c0_g1_i1	Nudix hydrolase 24, chloroplatic	-6.11	4.68E-07	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN403_c0_g1_i5	Nudix hydrolase 24, chloroplatic	-3.87	3.45E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1438_c0_g1_i6	Nudix hydrolase 8	0.00	0.00	3.52	2.07E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN197_c2_g1_i2	origin recognition complex subunit 1-like protein, partial	-7.51	5.16E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN648_c1_g1_i4	Oxidoreductase lepF	6.56	1.58E-02	0.00	0.00	7.04	3.15E-03	1
TRINITY_DN2166_c2_g1_i3	p21-activated protein kinase-interacting protein 1-like	2.92	2.65E-02	0.00	0.00	3.03	2.38E-02	6
TRINITY_DN1066_c0_g1_i13	Paired amphipathic helix protein pst1	-9.04	5.10E-07	-8.90	1.32E-06	0.00	0.00	4
TRINITY_DN1066_c0_g1_i2	Paired amphipathic helix protein pst1	-9.75	2.03E-08	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1495_c0_g1_i3	Palmitoyltransferase ERF2	6.78	7.25E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1335_c0_g1_i1	PAN2-PAN3 deadenylation complex subunit pan3	6.97	3.59E-03	0.00	0.00	6.70	1.14E-02	1
TRINITY_DN764_c0_g1_i7	Pantothenate kinase 3	0.00	0.00	-9.02	7.25E-07	-6.89	2.69E-06	8
TRINITY_DN365_c1_g1_i1	Parafibromin	0.00	0.00	0.00	0.00	3.03	4.07E-02	6
TRINITY_DN365_c1_g1_i8	Parafibromin	-7.44	6.77E-04	-7.29	1.36E-03	-7.40	9.09E-04	8
TRINITY_DN3468_c0_g1_i2	Patatin-like phospholipase domain-containing protein CNE02340	0.00	0.00	0.00	0.00	8.63	3.68E-06	11
TRINITY_DN29695_c0_g1_i1	Patellin-5	-6.59	1.58E-02	0.00	0.00	-6.55	2.00E-02	3
TRINITY_DN525_c0_g1_i2	Pentatricopeptide repeat-containing protein At1g09900	0.00	0.00	0.00	0.00	6.62	1.38E-02	11
TRINITY_DN9072_c1_g1_i1	Pentatricopeptide repeat-containing protein At1g09900	0.00	0.00	0.00	0.00	-6.68	1.38E-02	9
TRINITY_DN3340_c0_g1_i1	Pentatricopeptide repeat-containing protein At2g31400, chloroplatic	-7.47	5.90E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN14_c5_g1_i4	Pentatricopeptide repeat-containing protein At5g39710	0.00	0.00	0.00	0.00	-9.26	2.26E-07	9
TRINITY_DN1399_c0_g1_i7	Peptidyl-Asp metalloendopeptidase	-7.35	1.04E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2399_c1_g1_i4	Peptidyl-Asp metalloendopeptidase	-6.88	6.05E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN845_c4_g1_i3	Peptidyl-Asp metalloendopeptidase	0.00	0.00	-6.99	4.57E-03	0.00	0.00	10
TRINITY_DN49_c0_g1_i2	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase B	-4.78	2.01E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1407_c2_g1_i11	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CYP71	-8.17	3.43E-05	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1407_c2_g1_i4	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CYP71	2.90	3.04E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1407_c2_g1_i7	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CYP71	-7.00	3.59E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1407_c2_g1_i8	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CYP71	6.78	7.25E-03	8.05	5.81E-05	8.67	3.32E-06	2
TRINITY_DN1618_c1_g1_i1	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase D	2.70	2.61E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1618_c1_g1_i2	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase D	3.03	6.05E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1228_c0_g1_i3	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP65	-3.73	1.39E-03	-3.26	6.23E-03	0.00	0.00	10
TRINITY_DN1146_c0_g1_i2	Peroxioredoxin Q, chloroplatic	0.00	0.00	-6.74	1.13E-02	-6.84	7.71E-03	8
TRINITY_DN1975_c0_g2_i5	Peroxioredoxin sll1621	7.84	1.25E-04	7.07	3.32E-03	0.00	0.00	5
TRINITY_DN1975_c0_g2_i9	Peroxioredoxin sll1621	0.00	0.00	-6.85	7.97E-03	0.00	0.00	10
TRINITY_DN386_c6_g1_i4	Peroxioredoxin-2	0.00	0.00	-9.54	6.43E-08	0.00	0.00	10
TRINITY_DN64_c2_g1_i4	Peroxisomal bifunctional enzyme	2.99	2.67E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN64_c2_g1_i6	Peroxisomal bifunctional enzyme	-10.01	5.37E-09	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN184_c3_g1_i10	Peroxisomal NADH pyrophosphatase NUDT12	0.00	0.00	-7.43	7.87E-04	0.00	0.00	10
TRINITY_DN460_c11_g1_i7	Peroxyureidoacrylate/ureidoacrylate amidohydrolase RutB	6.53	1.94E-02	0.00	0.00	7.12	2.26E-03	1
TRINITY_DN1881_c0_g1_i6	Phagocyte signaling-impaired protein	0.00	0.00	0.00	0.00	7.30	1.22E-03	11
TRINITY_DN694_c0_g1_i8	Pheophytinase, chloroplatic	-8.76	2.03E-06	-8.61	5.03E-06	0.00	0.00	4
TRINITY_DN2866_c0_g1_i7	phos`hatidylinositol/phosphatidylcholine transfer protein	0.00	0.00	-8.09	4.96E-05	0.00	0.00	10
TRINITY_DN3653_c2_g1_i3	phosphatase 2A (PP2A) regulatory subunit B-like protein-like protein, partial	0.00	0.00	0.00	0.00	-8.44	8.81E-06	9
TRINITY_DN4219_c0_g1_i6	Phosphatidate cytidylyltransferase, mitochondrial	8.45	8.03E-06	0.00	0.00	10.46	7.06E-10	1
TRINITY_DN2516_c0_g1_i9	phosphatidylinositol 4-kinase-like protein, partial	8.14	3.43E-05	7.50	6.01E-04	6.41	3.11E-02	2
TRINITY_DN834_c0_g1_i3	Phosphatidylinositol 4-phosphate 5-kinase 8	-3.26	1.19E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN834_c0_g1_i6	Phosphatidylinositol 4-phosphate 5-kinase 8	-2.82	2.51E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1876_c0_g2_i2	Phosphatidylinositol glycan anchor biosynthesis class U protein	0.00	0.00	0.00	0.00	-10.19	2.47E-09	9

TRINITY_DN10586_c0_g1_i1	Phosphoenolpyruvate carboxykinase (ATP)	-6.95	5.12E-03	0.00	0.00	-4.67	3.11E-02	3
TRINITY_DN72_c0_g1_i1	Phosphoenolpyruvate/phosphate translocator 2, chloroplastic	6.76	8.75E-03	7.25	1.57E-03	7.73	1.94E-04	2
TRINITY_DN487_c2_g1_i1	Phosphoglucomutase, cytoplasmic	0.00	0.00	-6.75	1.13E-02	-6.85	7.71E-03	8
TRINITY_DN487_c2_g1_i7	Phosphoglucomutase, cytoplasmic	-5.44	2.63E-07	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN955_c3_g1_i8	phosphoglycerate mutase, partial	0.00	0.00	-8.75	2.55E-06	-8.86	1.56E-06	8
TRINITY_DN298_c0_g1_i14	Phospholipase D	0.00	0.00	0.00	0.00	-8.38	1.19E-05	9
TRINITY_DN11244_c0_g1_i3	Phospholipid-sterol O-acyltransferase	0.00	0.00	-7.81	1.61E-04	-7.92	9.88E-05	8
TRINITY_DN33546_c1_g1_i3	phosphomannomutase	0.00	0.00	0.00	0.00	-8.48	7.59E-06	9
TRINITY_DN27285_c0_g1_i1	Photosystem I P700 chlorophyll a apoprotein A1	0.00	0.00	2.94	1.16E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN2458_c0_g1_i10	Photosystem II 12 kDa extrinsic protein	0.00	0.00	0.00	0.00	6.62	1.65E-02	11
TRINITY_DN25492_c0_g1_i1	Photosystem II CP47 reaction center protein	0.00	0.00	3.82	6.01E-04	0.00	0.00	12
TRINITY_DN3321_c2_g2_i1	Photosystem II protein D1	0.00	0.00	3.35	2.00E-03	0.00	0.00	12
TRINITY_DN809_c1_g1_i3	pi 4-kinase, partial	6.43	2.42E-02	6.55	2.06E-02	0.00	0.00	5
TRINITY_DN2784_c0_g1_i6	Piccolo module.component *(EPL1)	3.81	1.15E-02	4.30	1.63E-03	6.03	7.97E-07	6
TRINITY_DN479_c0_g1_i9	Plant intracellular Ras-group-related LRR protein 8	7.11	2.21E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN18006_c0_g1_i2	Plasma membrane ATPase 4	-6.66	1.28E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN439_c1_g1_i5	Platelet-activating factor acetylhydrolase homolog 2	0.00	0.00	-7.08	3.32E-03	0.00	0.00	10
TRINITY_DN181_c3_g1_i7	Plexin-D1	0.00	0.00	-2.99	2.35E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN1076_c0_g1_i2	polyadenylate binding protein, partial	0.00	0.00	0.00	0.00	-8.93	1.15E-06	9
TRINITY_DN13246_c0_g1_i1	Polyubiquitin-A	0.00	0.00	0.00	0.00	-6.41	3.11E-02	9
TRINITY_DN6719_c0_g1_i2	Polyubiquitin-A	-7.15	2.21E-03	0.00	0.00	-4.87	1.40E-02	3
TRINITY_DN130_c0_g1_i3	Pre-mRNA-splicing factor 18	6.99	3.59E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN130_c0_g1_i4	Pre-mRNA-splicing factor 18	-6.59	1.58E-02	-6.44	3.09E-02	-6.55	2.00E-02	8
TRINITY_DN328_c0_g1_i2	Pre-mRNA-splicing factor CWC22	11.25	1.65E-11	12.33	7.23E-14	0.00	0.00	5
TRINITY_DN328_c0_g1_i3	Pre-mRNA-splicing factor CWC22	7.78	1.55E-04	7.37	1.03E-03	0.00	0.00	5
TRINITY_DN1250_c0_g1_i11	Probable acyl-CoA dehydrogenase IBR3	0.00	0.00	0.00	0.00	-8.11	3.90E-05	9
TRINITY_DN1250_c0_g1_i2	Probable acyl-CoA dehydrogenase IBR3	7.29	1.22E-03	8.15	4.15E-05	6.49	2.00E-02	2
TRINITY_DN4635_c0_g1_i4	Probable adenyllyltransferase/sulfurtransferase MoeZ	-5.77	5.11E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN4635_c0_g1_i6	Probable adenyllyltransferase/sulfurtransferase MoeZ	7.18	1.94E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN4635_c0_g1_i9	Probable adenyllyltransferase/sulfurtransferase MoeZ	0.00	0.00	7.52	5.29E-04	0.00	0.00	12
TRINITY_DN2851_c2_g1_i1	Probable ADP-ribosylation factor GTPase-activating protein AGD15	-7.35	1.04E-03	-7.20	2.13E-03	0.00	0.00	4
TRINITY_DN2851_c2_g1_i3	Probable ADP-ribosylation factor GTPase-activating protein AGD15	-6.28	4.70E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN13054_c0_g2_i1	Probable aquaporin PIP-type 7a	-4.53	2.77E-03	0.00	0.00	-5.24	3.89E-03	3
TRINITY_DN13054_c0_g6_i1	Probable aquaporin PIP-type 7a	-7.44	6.77E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN16751_c0_g1_i2	Probable aquaporin TIP-type	-8.49	7.44E-06	0.00	0.00	-4.45	1.38E-03	3
TRINITY_DN238_c0_g1_i2	Probable cation-transporting ATPase 13A3	-10.00	5.59E-09	-9.85	1.47E-08	-9.96	8.05E-09	8
TRINITY_DN238_c0_g1_i7	Probable cation-transporting ATPase 13A3	-6.95	5.12E-03	-6.80	9.47E-03	-6.91	6.54E-03	8
TRINITY_DN238_c0_g1_i10	Probable cation-transporting ATPase 13A4	-10.46	6.21E-10	-10.31	1.56E-09	-10.42	8.10E-10	8
TRINITY_DN2230_c0_g1_i4	Probable chlorophyll(ide) b reductase NYC1, chloroplastic	7.81	1.39E-04	7.63	3.60E-04	7.47	6.12E-04	2
TRINITY_DN938_c0_g1_i13	probable cytidylate kinase	0.00	0.00	6.36	3.89E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN938_c0_g1_i16	probable cytidylate kinase	0.00	0.00	0.00	0.00	-7.39	9.09E-04	9
TRINITY_DN938_c0_g1_i3	probable cytidylate kinase	-7.80	1.55E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN938_c0_g1_i8	probable cytidylate kinase	0.00	0.00	0.00	0.00	6.52	2.00E-02	11
TRINITY_DN1443_c3_g1_i8	Probable cytochrome c-type heme lyase	0.00	0.00	0.00	0.00	7.18	1.95E-03	11
TRINITY_DN692_c0_g1_i12	Probable cytochrome P450 4d14	0.00	0.00	0.00	0.00	-4.69	3.11E-02	9
TRINITY_DN848_c1_g1_i2	Probable dihydrofolate synthetase	2.57	4.05E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN53_c0_g1_i1	Probable FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FkpA	9.05	4.68E-07	9.31	1.80E-07	10.22	2.12E-09	2
TRINITY_DN898_c7_g1_i9	Probable helicase MAGATAMA 3	0.00	0.00	7.71	2.52E-04	7.47	6.12E-04	11
TRINITY_DN1283_c7_g1_i3	Probable inactive leucine-rich repeat receptor kinase XIAO	0.00	0.00	0.00	0.00	-6.67	1.38E-02	9
TRINITY_DN2129_c0_g1_i1	Probable inactive leucine-rich repeat receptor kinase XIAO	-7.05	3.05E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN990_c0_g1_i4	Probable inactive protein kinase At3g63330	-2.81	1.45E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN990_c0_g1_i8	Probable inactive protein kinase At3g63330	11.27	1.65E-11	8.30	2.12E-05	9.11	4.32E-07	2
TRINITY_DN47_c3_g1_i3	Probable kinetochore protein nuf2	-6.44	2.42E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN47_c3_g1_i9	Probable kinetochore protein nuf2	-3.55	8.89E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1339_c1_g1_i11	Probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase At1g35710	-7.68	2.82E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2716_c1_g1_i4	Probable low-specificity L-threonine aldolase 2	0.00	0.00	0.00	0.00	-4.16	9.20E-04	9
TRINITY_DN1166_c0_g2_i4	probable microsomal delta-5 desaturase	3.72	4.37E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2075_c0_g1_i3	probable microsomal very long chain fatty acid elongase	0.00	0.00	-11.45	6.09E-12	-11.56	5.42E-12	8
TRINITY_DN2075_c0_g1_i5	probable microsomal very long chain fatty acid elongase	0.00	0.00	-11.79	1.29E-12	0.00	0.00	10

TRINITY_DN38_c0_g1_i16	Probable NADH dehydrogenase	-10.64	2.53E-10	-10.49	7.80E-10	-10.59	3.61E-10	8
TRINITY_DN38_c0_g1_i3	Probable NADH dehydrogenase	0.00	0.00	0.00	0.00	-3.52	1.25E-03	9
TRINITY_DN38_c0_g1_i7	Probable NADH dehydrogenase	2.55	4.67E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN358_c0_g1_i3	Probable palmitoyltransferase ZDHHC19	-6.89	6.05E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2061_c1_g1_i1	Probable phosphoketolase	2.89	9.96E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1804_c0_g1_i6	Probable plastid-lipid-associated protein 11, chloroplastic	0.00	0.00	-8.29	2.12E-05	-8.40	1.11E-05	8
TRINITY_DN3369_c0_g1_i7	Probable prolyl 4-hydroxylase 3	0.00	0.00	0.00	0.00	-6.61	1.65E-02	9
TRINITY_DN70_c2_g1_i6	Probable protease SohB	7.95	8.32E-05	9.05	6.39E-07	9.73	2.59E-08	2
TRINITY_DN1913_c0_g1_i3	Probable protein phosphatase 2C 48	0.00	0.00	-7.71	2.52E-04	-7.82	1.37E-04	8
TRINITY_DN1734_c1_g1_i9	Probable protein phosphatase 2C 59	-8.27	2.02E-05	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN643_c0_g1_i2	Probable protein phosphatase 2C 64	0.00	0.00	0.00	0.00	-8.67	3.56E-06	9
TRINITY_DN5_c1_g1_i4	Probable serine/threonine-protein kinase mps1	0.00	0.00	-5.72	1.18E-07	0.00	0.00	10
TRINITY_DN440_c0_g1_i1	Probable sulfate transporter MT1781	0.00	0.00	7.21	1.83E-03	8.11	3.63E-05	11
TRINITY_DN228_c2_g1_i1	Probable ubiquitin conjugation factor E4	-7.58	4.03E-04	-5.11	3.99E-03	0.00	0.00	4
TRINITY_DN228_c2_g1_i4	Probable ubiquitin conjugation factor E4	-8.27	2.19E-05	-5.80	2.55E-04	0.00	0.00	4
TRINITY_DN519_c0_g1_i7	probable uracil phosphoribosyltransferase	7.11	2.21E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN519_c0_g1_i9	probable uracil phosphoribosyltransferase	0.00	0.00	7.62	3.60E-04	0.00	0.00	12
TRINITY_DN79_c0_g1_i2	Probable WRKY transcription factor 19	0.00	0.00	7.11	2.88E-03	8.67	3.32E-06	11
TRINITY_DN3311_c1_g1_i12	Probable zinc transporter protein DDB_G0283629	0.00	0.00	8.06	5.81E-05	0.00	0.00	12
TRINITY_DN251_c0_g1_i1	Proline dehydrogenase 1, mitochondrial	0.00	0.00	0.00	0.00	-5.18	5.16E-03	9
TRINITY_DN876_c0_g1_i2	Prolyl 4-hydroxylase 2	0.00	0.00	-3.54	8.30E-03	0.00	0.00	10
TRINITY_DN3064_c0_g1_i1	prolyl-trna synthetase, partial	-6.36	3.80E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1218_c0_g1_i2	Protease Do-like 1, chloroplastic	4.19	2.61E-03	5.33	4.15E-05	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1218_c0_g1_i6	Protease Do-like 1, chloroplastic	0.00	0.00	-6.52	1.08E-05	0.00	0.00	10
TRINITY_DN43_c1_g2_i7	Proteasome activator complex subunit 4	-8.61	4.03E-06	-2.96	4.89E-02	-8.57	5.21E-06	3
TRINITY_DN2343_c0_g1_i11	proteasome subunit alpha type 5	0.00	0.00	6.63	1.69E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN2343_c0_g1_i23	proteasome subunit alpha type 5	-7.97	8.32E-05	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2343_c0_g1_i9	proteasome subunit alpha type 5	0.00	0.00	7.70	2.52E-04	6.98	4.49E-03	11
TRINITY_DN118_c0_g1_i1	Proteasome subunit alpha type-2	0.00	0.00	0.00	0.00	-4.56	2.88E-04	9
TRINITY_DN167_c2_g1_i2	protein a serine carboxypeptidase domain-containing protein	7.01	3.05E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN455_c2_g1_i8	Protein ABHD14B	0.00	0.00	-6.68	1.39E-02	-6.79	9.38E-03	8
TRINITY_DN297_c0_g1_i2	Protein ALP1-like	0.00	0.00	-7.36	1.03E-03	-7.47	6.98E-04	8
TRINITY_DN285_c0_g1_i13	Protein archease-like	0.00	0.00	0.00	0.00	4.00	7.71E-03	6
TRINITY_DN285_c0_g1_i3	Protein archease-like	0.00	0.00	4.25	5.58E-04	3.92	2.26E-03	6
TRINITY_DN285_c0_g1_i9	Protein archease-like	0.00	0.00	4.10	2.12E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN347_c0_g1_i2	Protein CLEC16A	0.00	0.00	0.00	0.00	-3.33	6.54E-03	9
TRINITY_DN164_c0_g1_i3	Protein CLP1 homolog	0.00	0.00	0.00	0.00	7.95	8.11E-05	11
TRINITY_DN2999_c0_g1_i2	Protein CWC15 homolog	7.25	1.42E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN748_c0_g1_i2	Protein DA1	-7.67	2.82E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1469_c0_g1_i8	Protein DETOXIFICATION 45, chloroplastic	-7.70	2.51E-04	-4.44	8.09E-03	0.00	0.00	4
TRINITY_DN1469_c0_g1_i5	Protein DETOXIFICATION 45, chloroplastic	-7.91	1.02E-04	-4.12	9.53E-03	0.00	0.00	4
TRINITY_DN400_c1_g1_i8	Protein dispatched homolog 1	0.00	0.00	7.43	7.87E-04	0.00	0.00	12
TRINITY_DN2289_c0_g1_i6	Protein disulfide isomerase-like 5-4	7.85	1.25E-04	7.25	1.57E-03	0.00	0.00	5
TRINITY_DN7596_c0_g1_i7	Protein disulfide-isomerase like 2-2	9.89	9.56E-09	7.16	2.13E-03	6.62	1.65E-02	2
TRINITY_DN428_c1_g1_i3	Protein disulfide-isomerase-like protein EhSep2	0.00	0.00	0.00	0.00	8.04	5.30E-05	11
TRINITY_DN560_c0_g1_i10	Protein ecdysonless homolog	-6.51	1.94E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1134_c4_g1_i4	Protein ENHANCED DISEASE RESISTANCE 2	8.21	2.39E-05	0.00	0.00	7.62	3.13E-04	1
TRINITY_DN1359_c0_g1_i3	Protein GCN20	0.00	0.00	-7.05	3.32E-03	0.00	0.00	10
TRINITY_DN5101_c0_g1_i2	Protein GrpE	8.19	2.59E-05	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1178_c0_g1_i1	Protein HIRA	6.26	3.80E-02	9.68	3.53E-08	0.00	0.00	5
TRINITY_DN1178_c0_g1_i6	Protein HIRA	-9.15	5.92E-11	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN3114_c1_g1_i1	Protein KINESIN LIGHT CHAIN-RELATED 1	0.00	0.00	0.00	0.00	7.53	4.65E-04	11
TRINITY_DN409_c1_g1_i5	Protein MON2 homolog	0.00	0.00	-9.00	8.00E-07	0.00	0.00	10
TRINITY_DN3267_c0_g1_i1	Protein PNS1	-6.71	1.06E-02	-6.57	2.06E-02	0.00	0.00	4
TRINITY_DN945_c0_g1_i13	Protein purity of essence	0.00	0.00	0.00	0.00	-9.77	2.26E-08	9
TRINITY_DN945_c0_g1_i19	Protein purity of essence	0.00	0.00	0.00	0.00	8.47	7.59E-06	11
TRINITY_DN945_c0_g1_i24	Protein purity of essence	0.00	0.00	0.00	0.00	-4.65	5.80E-04	9
TRINITY_DN945_c0_g1_i28	Protein purity of essence	0.00	0.00	0.00	0.00	8.00	5.89E-05	11
TRINITY_DN2248_c4_g1_i11	Protein RCC2	0.00	0.00	7.93	9.37E-05	0.00	0.00	12



TRINITY_DN992_c1_g1_i4	Protein root UVB sensitive 3	0.00	0.00	0.00	0.00	-3.71	1.08E-02	9
TRINITY_DN1473_c11_g1_i10	Protein RRC1	0.00	0.00	-3.08	3.06E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN17_c0_g1_i10	Protein TAR1	0.00	0.00	2.59	4.07E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN20471_c0_g1_i1	Protein TAR1	0.00	0.00	4.43	4.37E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN6279_c0_g2_i2	Protein TAR1	-8.23	2.39E-05	0.00	0.00	-4.58	1.74E-03	3
TRINITY_DN383_c5_g1_i3	Protein VAC14 homolog	2.82	2.51E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN383_c5_g1_i6	Protein VAC14 homolog	-8.42	1.00E-05	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN383_c5_g1_i7	Protein VAC14 homolog	-8.14	3.79E-05	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN81_c0_g1_i15	Protein-S-isoprenylcysteine O-methyltransferase	0.00	0.00	6.06	7.46E-05	0.00	0.00	12
TRINITY_DN81_c0_g1_i33	Protein-S-isoprenylcysteine O-methyltransferase	3.19	2.37E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN8376_c0_g3_i1	PSBC, photosystem II 44 kDa reaction center protein	0.00	0.00	3.08	7.03E-03	0.00	0.00	12
TRINITY_DN3093_c0_g1_i1	Putative ankryrin repeat protein FPV162	-2.72	2.17E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2188_c0_g2_i1	Putative deoxyribonuclease TATDN1	0.00	0.00	0.00	0.00	-3.90	1.30E-02	9
TRINITY_DN2188_c0_g2_i4	Putative deoxyribonuclease TATDN1	3.44	7.53E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1191_c0_g2_i2	Putative elongation factor TypA-like SVR3, chloroplastic	0.00	0.00	-9.39	1.18E-07	0.00	0.00	10
TRINITY_DN257_c0_g1_i3	Putative endo-1,3(4)-beta-glucanase 2	0.00	0.00	0.00	0.00	-7.90	9.88E-05	9
TRINITY_DN386_c1_g1_i2	Putative helicase MOV-10	-5.36	4.00E-07	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN386_c1_g1_i4	Putative helicase MOV-10	-5.47	2.55E-07	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN530_c0_g1_i11	Putative metal chaperone YciC	-7.05	3.05E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN530_c0_g1_i5	Putative metal chaperone YciC	-6.37	2.99E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN663_c2_g2_i6	Putative nickel insertion protein	0.00	0.00	8.01	1.34E-10	0.00	0.00	12
TRINITY_DN663_c2_g2_i7	Putative nickel insertion protein	0.00	0.00	6.62	1.25E-08	0.00	0.00	12
TRINITY_DN271_c0_g1_i1	Putative phospholipid-transporting ATPase 9	-4.47	7.88E-05	-5.28	3.09E-06	-6.18	2.40E-07	8
TRINITY_DN30_c0_g1_i6	Putative serine protease 29	-2.65	4.39E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1602_c0_g1_i3	Putative serine protease HhoA	-8.09	4.59E-05	-7.95	9.37E-05	-8.05	5.30E-05	8
TRINITY_DN1516_c1_g1_i3	Putative sodium-coupled neutral amino acid transporter 11	-6.78	8.75E-03	-6.63	1.69E-02	0.00	0.00	4
TRINITY_DN17_c0_g1_i11	Putative uncharacterized protein ART2	-7.28	1.42E-03	-7.13	2.46E-03	-7.24	1.66E-03	8
TRINITY_DN1299_c0_g1_i7	Pyrroline-5-carboxylate reductase	-6.66	1.28E-02	-6.51	2.52E-02	0.00	0.00	4
TRINITY_DN198_c0_g1_i6	Pyruvate carboxylase	0.00	0.00	0.00	0.00	8.09	3.90E-05	11
TRINITY_DN198_c0_g1_i7	Pyruvate carboxylase	0.00	0.00	0.00	0.00	9.51	7.74E-08	11
TRINITY_DN227_c3_g1_i1	pyruvate formato-lyase, partial	-5.08	1.82E-06	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1473_c1_g1_i2	qE/qZ-type quenching regulatory protein *(FLAP1)	2.82	1.92E-02	3.14	7.23E-03	3.05	9.79E-03	6
TRINITY_DN773_c0_g2_i3	queuine tRNA ribosyltransferase, partial	0.00	0.00	0.00	0.00	-8.67	3.32E-06	9
TRINITY_DN47_c5_g1_i1	rab-type small GTPase, partial	0.00	0.00	0.00	0.00	7.41	7.87E-04	11
TRINITY_DN310_c0_g1_i1	rag-type gtp-binding protein	0.00	0.00	-2.86	1.93E-02	-11.00	6.58E-11	9
TRINITY_DN2141_c2_g1_i2	RAP domain-containing protein, chloroplastic	8.80	1.56E-06	8.51	8.20E-06	9.41	1.27E-07	2
TRINITY_DN1283_c7_g1_i2	Receptor-like protein 37	0.00	0.00	6.79	9.47E-03	6.87	6.54E-03	11
TRINITY_DN1283_c7_g1_i6	Receptor-like protein 37	0.00	0.00	0.00	0.00	-6.95	5.41E-03	9
TRINITY_DN106_c7_g1_i1	Regulator of chromosome condensation	0.00	0.00	-8.88	1.38E-06	0.00	0.00	10
TRINITY_DN903_c0_g1_i4	replication factor C 37 KD subunit	0.00	0.00	7.70	2.52E-04	8.45	8.17E-06	11
TRINITY_DN2107_c1_g1_i1	Retrovirus-related Pol polyprotein from transposon RE1	7.75	1.72E-04	8.20	3.23E-05	8.54	5.44E-06	2
TRINITY_DN719_c0_g1_i5	Retrovirus-related Pol polyprotein from transposon RE1	-6.77	8.75E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN500_c1_g1_i3	RHOMBOID-like protein 10, chloroplastic	-7.27	1.42E-03	-7.13	2.88E-03	0.00	0.00	4
TRINITY_DN595_c0_g1_i6	RHOMBOID-like protein 2	-3.13	4.50E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1661_c0_g1_i5	Riboflavin synthase	0.00	0.00	6.70	1.13E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN323_c0_g1_i7	Ribonuclease P protein subunit p25-like protein	3.98	1.64E-02	5.78	2.19E-05	0.00	0.00	6
TRINITY_DN19_c2_g1_i2	Ribosomal large subunit pseudouridine synthase C	-7.97	8.32E-05	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN751_c0_g1_i6	Ribosomal RNA large subunit methyltransferase K/L	-7.91	1.02E-04	-7.77	2.01E-04	0.00	0.00	4
TRINITY_DN970_c1_g1_i2	Ribosomal RNA processing protein 1 homolog B	0.00	0.00	0.00	0.00	-3.20	1.94E-02	9
TRINITY_DN1116_c0_g1_i9	Ribosomal RNA small subunit methyltransferase H 1	8.43	8.68E-06	0.00	0.00	6.93	5.41E-03	1
TRINITY_DN23602_c0_g1_i1	ribulose-bisphosphate carboxylase, large subunit or chain, chloroplast, RuBisCo	0.00	0.00	2.87	1.56E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN1736_c2_g1_i1	Ribulose-phosphate 3-epimerase	0.00	0.00	6.74	1.13E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN393_c1_g1_i1	RING finger and CHY zinc finger domain-containing protein 1	0.00	0.00	7.88	1.18E-04	8.28	1.63E-05	11
TRINITY_DN1463_c1_g1_i3	RING-H2 finger protein ATL40	7.21	1.65E-03	7.30	1.36E-03	7.10	2.68E-03	2
TRINITY_DN940_c0_g1_i5	RING-type E3 ubiquitin-protein ligase PPIL2	10.08	3.90E-09	10.93	1.03E-10	9.73	2.59E-08	2
TRINITY_DN6533_c0_g1_i1	RL10, ribosomal protein 10 60S large ribosomal subunit	-6.52	1.94E-02	0.00	0.00	-6.48	2.51E-02	3
TRINITY_DN2437_c0_g1_i5	RL11A, ribosomal protein 11A 60S large ribosomal subunit	8.20	7.70E-11	0.00	0.00	8.69	1.62E-11	1
TRINITY_DN2437_c0_g1_i8	RL11A, ribosomal protein 11A 60S large ribosomal subunit	8.46	8.03E-06	0.00	0.00	9.33	1.72E-07	1
TRINITY_DN23859_c0_g1_i1	RL3, ribosomal protein 3, 60S large ribosomal subunit	-6.95	5.12E-03	0.00	0.00	-4.67	3.11E-02	3

TRINITY_DN1214_c0_g1_i9	RL44, ribosomal protein 44 60S large ribosomal subunit	-2.96	2.48E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1462_c0_g1_i7	RNA N6-adenosine-methyltransferase METTL16	-8.53	6.40E-06	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN312_c0_g1_i4	ma-helicase-like protein, partial	-9.15	3.23E-07	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN3402_c0_g1_i5	RS29, ribosomal protein 29 40S small ribosomal subunit	0.00	0.00	3.70	5.28E-03	4.88	2.92E-05	6
TRINITY_DN3402_c0_g1_i6	RS29, ribosomal protein 29 40S small ribosomal subunit	0.00	0.00	3.45	1.98E-02	4.46	3.12E-04	6
TRINITY_DN8532_c0_g1_i2	RS4, ribosomal protein 4	-6.52	1.94E-02	0.00	0.00	-6.48	2.51E-02	3
TRINITY_DN3598_c0_g1_i2	RuvB dna-helicase	-6.90	5.12E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN16543_c0_g1_i3	S-adenosylmethionine synthetase	-7.05	3.05E-03	0.00	0.00	-7.01	4.49E-03	3
TRINITY_DN65_c1_g1_i3	S-antigen protein	0.00	0.00	0.00	0.00	-6.61	1.65E-02	9
TRINITY_DN1694_c1_g1_i5	salicylate biosynthesis isochorismate syntase-like protein, partial	8.71	2.44E-06	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2461_c1_g1_i3	SAR DNA-binding protein	0.00	0.00	-7.24	1.83E-03	0.00	0.00	10
TRINITY_DN1656_c0_g1_i4	Serine/threonine-protein kinase ATR	2.57	4.65E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1674_c1_g1_i1	Serine/threonine-protein kinase STN7, chloroplastic	0.00	0.00	-7.29	1.36E-03	0.00	0.00	10
TRINITY_DN394_c0_g1_i6	Serine/threonine-protein kinase VPS15	0.00	0.00	0.00	0.00	-3.08	1.35E-02	9
TRINITY_DN507_c2_g1_i1	Serine/threonine-protein phosphatase 2A 65 kDa regulatory subunit A beta isoform	7.26	1.42E-03	7.03	3.90E-03	0.00	0.00	5
TRINITY_DN507_c2_g1_i3	Serine/threonine-protein phosphatase 2A 65 kDa regulatory subunit A beta isoform	0.00	0.00	-8.85	1.61E-06	-3.77	1.95E-03	8
TRINITY_DN388_c1_g1_i6	SET-domain containing protein, partial	0.00	0.00	0.00	0.00	-3.23	9.38E-03	9
TRINITY_DN978_c0_g1_i1	SH3 domain-containing protein PJ696.02	0.00	0.00	0.00	0.00	3.67	1.42E-02	6
TRINITY_DN978_c0_g1_i3	SH3 domain-containing protein PJ696.02	-7.00	3.59E-03	-6.85	6.63E-03	-6.96	5.41E-03	8
TRINITY_DN978_c0_g1_i7	SH3 domain-containing protein PJ696.02	2.68	3.83E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN978_c0_g1_i8	SH3 domain-containing protein PJ696.02	-3.49	1.73E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2282_c0_g1_i1	Short-chain dehydrogenase TIC 32, chloroplastic	0.00	0.00	0.00	0.00	-8.63	3.96E-06	9
TRINITY_DN2061_c2_g1_i6	sig2-like protein	4.21	5.40E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1573_c0_g1_i3	sigma subunit of clathrin adaptor complex AP4	4.53	1.73E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1573_c0_g1_i6	sigma subunit of clathrin adaptor complex AP4	0.00	0.00	0.00	0.00	-4.53	7.16E-03	9
TRINITY_DN2806_c2_g1_i3	Small nuclear ribonucleoprotein Sm D3	-6.95	5.12E-03	-6.80	9.47E-03	0.00	0.00	4
TRINITY_DN578_c0_g1_i1	Sodium channel protein type 4 subunit alpha B	-11.67	2.67E-12	-2.65	3.88E-02	-3.67	6.04E-04	3
TRINITY_DN578_c0_g1_i11	Sodium channel protein type 4 subunit alpha B	0.00	0.00	6.82	7.97E-03	0.00	0.00	12
TRINITY_DN578_c0_g1_i12	Sodium channel protein type 4 subunit alpha B	-10.66	2.29E-10	0.00	0.00	-4.62	1.85E-05	3
TRINITY_DN578_c0_g1_i13	Sodium channel protein type 4 subunit alpha B	9.35	1.23E-07	9.41	1.06E-07	8.84	1.58E-06	2
TRINITY_DN578_c0_g1_i14	Sodium channel protein type 4 subunit alpha B	0.00	0.00	7.38	1.03E-03	0.00	0.00	12
TRINITY_DN578_c0_g1_i16	Sodium channel protein type 4 subunit alpha B	-7.23	1.65E-03	-7.08	3.32E-03	0.00	0.00	4
TRINITY_DN578_c0_g1_i18	Sodium channel protein type 4 subunit alpha B	8.81	1.47E-06	8.49	8.20E-06	8.38	1.11E-05	2
TRINITY_DN578_c0_g1_i2	Sodium channel protein type 4 subunit alpha B	-8.31	1.85E-05	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN578_c0_g1_i3	Sodium channel protein type 4 subunit alpha B	0.00	0.00	3.07	1.07E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN578_c0_g1_i5	Sodium channel protein type 4 subunit alpha B	2.82	1.91E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN578_c0_g1_i7	Sodium channel protein type 4 subunit alpha B	9.10	3.89E-07	7.25	1.57E-03	6.67	1.38E-02	2
TRINITY_DN578_c0_g1_i9	Sodium channel protein type 4 subunit alpha B	9.17	2.77E-07	0.00	0.00	8.88	1.28E-06	1
TRINITY_DN549_c0_g1_i2	Sodium- and chloride-dependent GABA transporter 2	0.00	0.00	-8.08	5.33E-05	0.00	0.00	10
TRINITY_DN549_c0_g1_i5	Sodium- and chloride-dependent GABA transporter 2	0.00	0.00	-7.17	2.13E-03	0.00	0.00	10
TRINITY_DN2639_c0_g1_i1	Sodium/bile acid cotransporter 7	2.74	2.35E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2639_c0_g1_i2	Sodium/bile acid cotransporter 7	-3.73	8.60E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2639_c0_g1_i4	Sodium/bile acid cotransporter 7	5.91	1.23E-07	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2322_c0_g1_i10	Sodium/hydrogen exchanger 8	0.00	0.00	-7.17	2.13E-03	0.00	0.00	10
TRINITY_DN2322_c0_g1_i2	Sodium/hydrogen exchanger 8	0.00	0.00	-7.92	1.05E-04	0.00	0.00	10
TRINITY_DN853_c0_g1_i6	Sodium/hydrogen exchanger 8	0.00	0.00	4.50	3.66E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN2379_c0_g1_i7	Sodium/hydrogen exchanger 9B2	0.00	0.00	-7.82	1.61E-04	0.00	0.00	10
TRINITY_DN90_c0_g1_i4	Solute carrier family 49 member A3	-7.58	4.03E-04	0.00	0.00	-7.54	4.65E-04	3
TRINITY_DN972_c0_g2_i1	Something about silencing protein 10	-4.33	1.63E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN790_c0_g1_i15	spindle pole component spe97-like protein, partial	0.00	0.00	8.39	1.30E-05	0.00	0.00	12
TRINITY_DN2715_c0_g1_i1	Splicing factor 3A subunit 2	3.07	9.28E-03	2.89	2.52E-02	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2715_c0_g1_i4	Splicing factor 3A subunit 2	-2.58	4.49E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN3629_c0_g2_i2	Splicing factor 3A subunit 3	0.00	0.00	-6.74	1.13E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN2594_c0_g1_i2	Splicing factor-like protein 1	-6.89	6.05E-03	-6.75	1.13E-02	-6.85	7.71E-03	8
TRINITY_DN3248_c0_g1_i7	SPX and EXS domain-containing protein 1	-2.91	2.22E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN351_c0_g1_i3	sterol-c-methyltransferase	-7.50	5.90E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN351_c0_g1_i4	sterol-c-methyltransferase	0.00	0.00	-5.48	1.15E-03	0.00	0.00	10

TRINITY_DN1210_c0_g1_i2	Succinate dehydrogenase assembly factor 1A, mitochondrial	-8.40	1.08E-05	-8.26	2.50E-05	-8.36	1.27E-05	8
TRINITY_DN649_c0_g1_i5	Succinyl-CoA:3-ketoacid coenzyme A transferase 1, mitochondrial	-7.93	9.17E-05	-7.78	1.81E-04	-7.89	1.10E-04	8
TRINITY_DN1491_c1_g1_i1	Sugar transporter SWEET1	7.32	1.04E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1276_c0_g1_i3	SWI/SNF-related matrix-associated actin-dependent regulator of chromatin subfamily A containing DEAD/H box 1	0.00	0.00	0.00	0.00	-7.60	3.57E-04	9
TRINITY_DN336_c0_g1_i5	Syndetin	7.68	2.51E-04	7.11	2.88E-03	7.74	1.94E-04	2
TRINITY_DN1296_c0_g1_i3	Syntaxin-42	0.00	0.00	-6.29	4.92E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN332_c1_g1_i1	syntaxin, epimorphin family	-7.27	1.42E-03	-7.13	2.46E-03	-7.23	1.66E-03	8
TRINITY_DN332_c1_g1_i3	syntaxin, epimorphin family	0.00	0.00	6.58	2.06E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN2061_c2_g1_i8	Tenascin	3.31	4.03E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1592_c0_g1_i4	THAPSDRAFT_261059, partial	0.00	0.00	8.33	1.80E-05	0.00	0.00	12
TRINITY_DN555_c0_g1_i11	the actin binding protein cofilin-like protein	7.21	1.65E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN403_c0_g1_i3	thiamin pyrophosphokinase	4.59	4.82E-04	3.80	1.16E-02	0.00	0.00	6
TRINITY_DN403_c0_g1_i6	thiamin pyrophosphokinase	5.87	5.67E-07	4.00	3.32E-03	3.41	3.74E-02	6
TRINITY_DN1436_c1_g1_i3	Thiol-disulfide oxidoreductase LTO1	7.94	8.32E-05	0.00	0.00	7.23	1.66E-03	1
TRINITY_DN961_c1_g1_i6	THO complex subunit 1	0.00	0.00	0.00	0.00	-3.53	2.78E-02	9
TRINITY_DN956_c1_g1_i4	THUMP domain-containing protein 1	0.00	0.00	7.41	9.00E-04	0.00	0.00	12
TRINITY_DN820_c1_g1_i2	Thylakoid lumenal 15.0 kDa protein 2, chloroplastic	-7.77	1.72E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN820_c1_g1_i3	Thylakoid lumenal 15.0 kDa protein 2, chloroplastic	0.00	0.00	-6.50	2.52E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN3165_c0_g1_i5	tom70-like protein, partial	3.13	1.03E-02	0.00	0.00	3.44	3.81E-03	6
TRINITY_DN818_c0_g1_i2	topoisomerase, partial	0.00	0.00	0.00	0.00	-6.85	7.71E-03	9
TRINITY_DN141_c0_g1_i8	TRAF3-interacting protein 1	7.63	3.14E-04	10.02	7.34E-09	6.51	2.00E-02	2
TRINITY_DN546_c1_g1_i2	Transaldolase	9.45	7.67E-08	8.80	1.95E-06	10.61	3.54E-10	2
TRINITY_DN1133_c2_g1_i7	Transcription elongation factor SPT5	-7.77	1.72E-04	0.00	0.00	-7.73	2.17E-04	3
TRINITY_DN4277_c2_g1_i11	Transcription factor E2FA	-3.34	2.24E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN3481_c0_g1_i6	Transcription factor SKN7	0.00	0.00	0.00	0.00	-7.72	2.17E-04	9
TRINITY_DN3481_c0_g1_i7	Transcription factor SKN7	0.00	0.00	7.76	2.01E-04	7.73	1.94E-04	11
TRINITY_DN1327_c1_g1_i6	Transcription initiation factor TFIID subunit 14b	7.43	6.77E-04	7.68	2.80E-04	7.88	9.88E-05	2
TRINITY_DN2165_c0_g1_i5	Transcription-associated protein 1	0.00	0.00	-8.50	8.20E-06	0.00	0.00	10
TRINITY_DN10346_c0_g1_i2	translation factor tu domain 2	-5.02	9.28E-03	0.00	0.00	-4.92	1.21E-02	3
TRINITY_DN1397_c3_g1_i3	Translation initiation factor eIF-2B subunit beta	-8.59	4.73E-06	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN13687_c0_g1_i1	Translationally-controlled tumor protein homolog	-6.45	2.42E-02	0.00	0.00	-6.41	3.11E-02	3
TRINITY_DN111_c2_g1_i1	Transmembrane anterior posterior transformation protein 1	0.00	0.00	0.00	0.00	6.29	3.96E-02	11
TRINITY_DN197_c0_g1_i4	Transmembrane protein 165	0.00	0.00	3.38	2.47E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN2573_c0_g1_i1	Transmembrane protein 18	6.84	6.05E-03	7.29	1.36E-03	0.00	0.00	5
TRINITY_DN2573_c0_g1_i4	Transmembrane protein 18	0.00	0.00	6.96	4.57E-03	0.00	0.00	12
TRINITY_DN610_c0_g1_i5	Transmembrane protein 19	7.72	1.95E-04	0.00	0.00	6.77	9.38E-03	1
TRINITY_DN610_c0_g1_i8	Transmembrane protein 19	8.35	1.28E-05	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN610_c0_g1_i7	Transmembrane protein 19	0.00	0.00	-7.13	2.46E-03	0.00	0.00	10
TRINITY_DN6479_c0_g1_i2	Transmembrane protein 231	-2.71	3.43E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1068_c0_g1_i4	Transmembrane protein 94	6.71	8.75E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1068_c0_g1_i6	Transmembrane protein 94	-9.63	3.37E-08	-9.48	8.07E-08	-9.59	5.46E-08	8
TRINITY_DN642_c0_g1_i1	Transportin-3	0.00	0.00	-9.17	3.66E-07	0.00	0.00	10
TRINITY_DN642_c0_g1_i5	Transportin-3	0.00	0.00	0.00	0.00	9.00	7.68E-07	11
TRINITY_DN2582_c0_g1_i4	tRNA pseudouridine synthase A	-6.29	4.70E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1028_c0_g1_i3	tRNA pseudouridine(31) synthase	0.00	0.00	-8.85	1.61E-06	0.00	0.00	10
TRINITY_DN98_c23_g1_i2	tRNA-dihydrouridine(16/17) synthase [NAD(P)(+)]-like	0.00	0.00	-6.44	3.09E-02	-6.54	2.00E-02	8
TRINITY_DN410_c1_g1_i1	tRNA-dihydrouridine(20) synthase [NAD(P)(+)]-like	0.00	0.00	6.28	4.92E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN699_c0_g2_i3	Trypsin-4	0.00	0.00	7.07	3.32E-03	0.00	0.00	12
TRINITY_DN1677_c2_g1_i3	Tuberin	0.00	0.00	6.28	4.92E-02	7.92	8.99E-05	11
TRINITY_DN10093_c0_g1_i1	tubulin alpha	-6.45	2.42E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN9990_c0_g2_i2	tubulin beta	-6.37	2.99E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1751_c0_g1_i17	Tubulin polyglutamylase TTLL5	0.00	0.00	0.00	0.00	-9.04	6.53E-07	9
TRINITY_DN1751_c0_g1_i4	Tubulin polyglutamylase TTLL5	0.00	0.00	7.67	2.80E-04	7.50	5.34E-04	11
TRINITY_DN1751_c0_g1_i6	Tubulin polyglutamylase TTLL5	0.00	0.00	7.30	1.36E-03	7.53	4.65E-04	11
TRINITY_DN2771_c0_g1_i2	Two-pore potassium channel 1	0.00	0.00	0.00	0.00	5.00	9.02E-05	6
TRINITY_DN874_c1_g1_i6	Type-2 histone deacetylase 2	0.00	0.00	0.00	0.00	3.91	2.77E-02	6
TRINITY_DN1380_c3_g1_i4	Tyrosine--tRNA ligase, cytoplasmic	0.00	0.00	0.00	0.00	-6.71	6.11E-06	9
TRINITY_DN905_c0_g1_i11	U3 small nucleolar RNA-associated protein 4 homolog	7.96	7.60E-05	7.33	1.19E-03	0.00	0.00	5

TRINITY_DN905_c0_g1_i12	U3 small nucleolar RNA-associated protein 4 homolog	8.20	2.59E-05	8.17	3.53E-05	8.54	5.44E-06	2
TRINITY_DN905_c0_g1_i13	U3 small nucleolar RNA-associated protein 4 homolog	-3.77	1.92E-03	-8.54	7.24E-06	-8.65	3.68E-06	8
TRINITY_DN905_c0_g1_j2	U3 small nucleolar RNA-associated protein 4 homolog	3.36	2.26E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2585_c0_g2_i1	U6 snRNA-associated Sm-like protein LSm2	0.00	0.00	0.00	0.00	4.22	2.94E-03	6
TRINITY_DN7_c0_g1_i4	U6 snRNA-associated Sm-like protein LSm7	-6.71	1.06E-02	-6.56	2.06E-02	-6.67	1.38E-02	8
TRINITY_DN1436_c0_g1_i2	Ubiquinone biosynthesis monooxygenase COQ6,	-6.89	6.05E-03	-6.75	1.13E-02	0.00	0.00	4
TRINITY_DN576_c1_g1_i4	ubiquitin activating enzyme 1	11.07	3.36E-11	0.00	0.00	9.22	2.49E-07	1
TRINITY_DN1576_c0_g1_i4	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 14	-8.74	2.12E-06	0.00	0.00	-8.70	2.95E-06	3
TRINITY_DN2557_c0_g1_i1	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 15	0.00	0.00	0.00	0.00	-9.45	1.02E-07	9
TRINITY_DN3459_c0_g1_i6	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 4	-3.65	3.22E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN4352_c0_g2_i2	ubiquitin conjugating enzyme	7.82	1.39E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN4352_c0_g2_i9	ubiquitin conjugating enzyme	7.87	1.02E-04	7.32	1.36E-03	6.67	1.14E-02	2
TRINITY_DN901_c2_g2_j2	ubiquitin conjugating enzyme	7.52	4.57E-04	6.43	3.09E-02	7.69	2.45E-04	2
TRINITY_DN337_c1_g1_j2	Ubiquitin domain-containing protein DSK2a	-9.35	1.28E-07	-9.20	3.15E-07	-9.31	1.83E-07	8
TRINITY_DN337_c1_g1_i3	Ubiquitin domain-containing protein DSK2a	-8.20	2.84E-05	-8.06	5.81E-05	-8.16	3.03E-05	8
TRINITY_DN156_c0_g1_i9	ubiquitin-conjugating enzyme	0.00	0.00	0.00	0.00	-6.72	5.01E-07	9
TRINITY_DN3294_c2_g1_i7	ubiquitin-conjugating enzyme 1	0.00	0.00	-8.01	7.05E-05	-8.12	3.63E-05	8
TRINITY_DN160_c0_g3_i1	Ubiquitin-conjugating enzyme E2 22	0.00	0.00	0.00	0.00	6.67	1.38E-02	11
TRINITY_DN19781_c0_g1_i2	ubiquitin-conjugating enzyme e2-16kda, ubiquitin protein ligase	-3.74	4.70E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN725_c0_g1_i5	Ubiquitin-like-specific protease 2	0.00	0.00	-2.75	3.02E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN237_c0_g1_i10	UDP-galactose transporter senju	8.95	7.66E-07	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1014_c0_g1_i2	UDP-N-acetylglucosamine transporter	-4.18	2.44E-02	-4.76	1.67E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN1327_c0_g1_i7	Ultraviolet-B receptor UVR8	-9.67	2.76E-08	-9.52	6.87E-08	0.00	0.00	4
TRINITY_DN961_c0_g1_i2	Uncharacterized 37.6 kDa protein in cld 5'region	6.23	4.70E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN264_c0_g1_i1	Uncharacterized aarF domain-containing protein kinase 1	0.00	0.00	-7.24	1.83E-03	-7.35	1.05E-03	8
TRINITY_DN2413_c0_g1_i6	Uncharacterized aarF domain-containing protein kinase At1g71810, chloroplastic	0.00	0.00	0.00	0.00	-7.31	1.22E-03	9
TRINITY_DN244_c0_g1_i7	Uncharacterized aarF domain-containing protein kinase At5g05200, chloroplastic	3.48	4.51E-03	3.17	2.07E-02	3.09	2.62E-02	6
TRINITY_DN1359_c0_g1_i10	Uncharacterized ABC transporter ATP-binding protein YdIF	6.93	5.12E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN8367_c0_g1_i2	Uncharacterized acyltransferase C1718.04	7.62	3.14E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2328_c1_g1_i1	Uncharacterized MFS-type transporter Rv2456c	-6.58	1.58E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1008_c0_g1_i4	Uncharacterized monothiol glutaredoxin ycf64-like	3.14	6.05E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1008_c0_g1_i5	Uncharacterized monothiol glutaredoxin ycf64-like	-10.41	8.07E-10	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1132_c0_g1_i10	Uncharacterized N-acetyltransferase YjhQ	0.00	0.00	-9.24	2.61E-07	-9.34	1.66E-07	8
TRINITY_DN1939_c0_g1_i4	Uncharacterized oxidoreductase At1g06690, chloroplastic	-8.18	3.13E-05	-3.61	1.50E-02	-8.14	3.30E-05	3
TRINITY_DN889_c0_g1_i3	Uncharacterized oxidoreductase MSMEG_2408/MSMEI_2347	0.00	0.00	-7.70	2.52E-04	-7.81	1.54E-04	8
TRINITY_DN1740_c1_g1_i4	Uncharacterized oxidoreductase Rv0484c	0.00	0.00	0.00	0.00	-7.73	2.17E-04	9
TRINITY_DN1866_c0_g2_i3	Uncharacterized protein At2g34460, chloroplastic	0.00	0.00	0.00	0.00	-8.71	2.95E-06	9
TRINITY_DN144_c1_g1_i1	Uncharacterized protein C15orf41 homolog	0.00	0.00	0.00	0.00	-9.50	8.45E-08	9
TRINITY_DN1189_c0_g1_i2	Uncharacterized protein CFAP97D1	7.05	3.05E-03	6.57	1.69E-02	7.33	1.05E-03	2
TRINITY_DN1189_c0_g1_i3	Uncharacterized protein CFAP97D1	8.25	2.19E-05	0.00	0.00	6.94	5.41E-03	1
TRINITY_DN1189_c0_g1_i5	Uncharacterized protein CFAP97D1	0.00	0.00	7.55	4.65E-04	7.13	2.26E-03	11
TRINITY_DN1189_c0_g1_i8	Uncharacterized protein CFAP97D1	7.32	1.04E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN211_c0_g1_i1	Uncharacterized protein ORF91	6.57	1.58E-02	0.00	0.00	8.26	1.78E-05	1
TRINITY_DN211_c0_g1_i12	Uncharacterized protein ORF91	0.00	0.00	3.06	8.48E-03	3.56	9.09E-04	6
TRINITY_DN211_c0_g1_i14	Uncharacterized protein ORF91	0.00	0.00	2.76	2.78E-02	3.64	6.30E-04	6
TRINITY_DN211_c0_g1_i15	Uncharacterized protein ORF91	-3.97	7.30E-03	3.19	6.22E-03	0.00	0.00	7
TRINITY_DN211_c0_g1_i8	Uncharacterized protein ORF91	0.00	0.00	3.83	1.54E-03	3.15	2.00E-02	6
TRINITY_DN211_c0_g1_i9	Uncharacterized protein ORF91	-7.14	2.21E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN3321_c0_g1_i2	Uncharacterized protein ORF91	0.00	0.00	2.74	2.40E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN3349_c0_g1_i8	Uncharacterized protein ORF91	0.00	0.00	3.64	3.95E-02	3.55	3.56E-02	6
TRINITY_DN8094_c0_g1_i5	Uncharacterized protein ORF91	0.00	0.00	4.69	1.95E-02	4.95	4.49E-03	6
TRINITY_DN89_c0_g1_i1	Uncharacterized protein ORF91	0.00	0.00	2.81	3.30E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN2652_c0_g1_i13	Uncharacterized protein sll0005	-3.51	2.43E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2652_c0_g1_i3	Uncharacterized protein sll0005	-3.01	8.60E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2652_c0_g1_i6	Uncharacterized protein sll0005	-3.84	8.51E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN441_c1_g1_i2	Uncharacterized protein sll0005	-6.51	1.94E-02	2.94	2.60E-02	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1175_c0_g1_i9	Uncharacterized protein sll1483	0.00	0.00	0.00	0.00	-7.66	2.77E-04	9
TRINITY_DN3321_c0_g1_i5	Uncharacterized protein ycf35	0.00	0.00	2.62	3.73E-02	0.00	0.00	12
TRINITY_DN486_c0_g1_i1	Uncharacterized RNA methyltransferase pc1998	0.00	0.00	7.24	1.57E-03	0.00	0.00	12

TRINITY_DN486_c0_g1_i2	Uncharacterized RNA methyltransferase pc1998	-7.14	2.21E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN486_c0_g1_i4	Uncharacterized RNA methyltransferase pc1998	7.53	4.57E-04	8.69	3.30E-06	8.61	4.25E-06	2
TRINITY_DN976_c0_g1_i3	Uncharacterized transporter C405.03c	7.90	1.02E-04	8.22	2.97E-05	0.00	0.00	5
TRINITY_DN1307_c1_g1_i2	Uncharacterized WD repeat-containing protein C17D11.16	0.00	0.00	0.00	0.00	-8.51	6.61E-06	9
TRINITY_DN1307_c1_g1_i3	Uncharacterized WD repeat-containing protein C17D11.16	0.00	0.00	-2.95	3.23E-02	-8.77	2.27E-06	9
TRINITY_DN1307_c1_g1_i6	Uncharacterized WD repeat-containing protein C17D11.16	-2.92	1.28E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1196_c0_g1_i5	UPF0051 protein slr0076	0.00	0.00	0.00	0.00	-5.76	3.90E-05	9
TRINITY_DN1196_c0_g1_i7	UPF0051 protein slr0076	9.14	3.35E-07	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN804_c1_g1_i8	UPF0060 membrane protein CPR_1507	-6.94	5.12E-03	-6.80	9.47E-03	0.00	0.00	4
TRINITY_DN2060_c0_g1_i4	UPF0061 protein ORF18	-9.44	8.32E-08	0.00	0.00	-5.84	2.82E-06	3
TRINITY_DN2060_c0_g1_i9	UPF0061 protein ORF18	0.00	0.00	-10.04	6.75E-09	0.00	0.00	10
TRINITY_DN850_c0_g1_i6	UPF0187 protein At3g61320, chloroplastic	4.36	1.02E-04	3.78	1.94E-03	0.00	0.00	6
TRINITY_DN153_c0_g1_i1	Urea-proton symporter DUR3	3.45	9.65E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN153_c0_g1_i4	Urea-proton symporter DUR3	3.72	2.92E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN153_c0_g1_i5	Urea-proton symporter DUR3	4.32	2.73E-05	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN153_c0_g1_i9	Urea-proton symporter DUR3	4.09	5.52E-05	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN5915_c0_g1_i1	Urea-proton symporter DUR3	3.91	4.79E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN8338_c0_g1_i2	Urea-proton symporter DUR3	3.84	9.70E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN2100_c0_g1_i6	urease	0.00	0.00	9.30	1.96E-07	0.00	0.00	12
TRINITY_DN2100_c0_g1_i12	urease, urea	0.00	0.00	0.00	0.00	-7.54	1.39E-07	9
TRINITY_DN2100_c0_g1_i3	urease, urea	0.00	0.00	-2.85	2.47E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN3227_c0_g1_i2	vacuolar ATP synthase	-3.35	1.77E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN3260_c0_g1_i1	Vacuolar cation/proton exchanger 2	-8.22	2.59E-05	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN3260_c0_g1_i2	Vacuolar cation/proton exchanger 2	0.00	0.00	-3.10	2.06E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN701_c0_g1_i13	Vacuolar protein sorting-associated protein 8 homolog	-6.28	3.80E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN701_c0_g1_i16	Vacuolar protein sorting-associated protein 8 homolog	-10.04	4.66E-09	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN701_c0_g1_i2	Vacuolar protein sorting-associated protein 8 homolog	-7.14	2.21E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN701_c0_g1_i21	Vacuolar protein sorting-associated protein 8 homolog	-8.89	1.04E-06	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN701_c0_g1_i24	Vacuolar protein sorting-associated protein 8 homolog	0.00	0.00	0.00	0.00	2.64	4.85E-02	6
TRINITY_DN701_c0_g1_i25	Vacuolar protein sorting-associated protein 8 homolog	3.12	6.07E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN701_c0_g1_i3	Vacuolar protein sorting-associated protein 8 homolog	0.00	0.00	0.00	0.00	-2.90	1.76E-02	9
TRINITY_DN701_c0_g1_i6	Vacuolar protein sorting-associated protein 8 homolog	-9.14	3.35E-07	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN701_c0_g1_i7	Vacuolar protein sorting-associated protein 8 homolog	-6.51	1.94E-02	0.00	0.00	-6.47	3.11E-02	3
TRINITY_DN535_c0_g1_i10	Vacuolar transporter chaperone 4	0.00	0.00	-8.63	4.33E-06	0.00	0.00	10
TRINITY_DN535_c0_g1_i15	Vacuolar transporter chaperone 4	3.30	8.88E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN535_c0_g1_i16	Vacuolar transporter chaperone 4	0.00	0.00	-7.53	5.29E-04	0.00	0.00	10
TRINITY_DN535_c0_g1_i17	Vacuolar transporter chaperone 4	0.00	0.00	-7.21	1.83E-03	0.00	0.00	10
TRINITY_DN535_c0_g1_i18	Vacuolar transporter chaperone 4	2.64	2.82E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1290_c0_g1_i8	Vesicle-associated membrane protein 724	0.00	0.00	-6.74	1.13E-02	0.00	0.00	10
TRINITY_DN968_c0_g1_i2	WASH complex subunit 4	-7.50	5.90E-04	-7.35	1.19E-03	-7.46	6.98E-04	8
TRINITY_DN437_c1_g1_i1	WD repeat-containing protein 92	-2.82	2.40E-02	0.00	0.00	-3.12	1.40E-02	3
TRINITY_DN119_c0_g1_i6	WD40-repeat protein	9.63	3.37E-08	0.00	0.00	10.81	1.66E-10	1
TRINITY_DN1266_c0_g2_i2	X-ray repair cross-complementing protein 5	0.00	0.00	0.00	0.00	-9.05	6.23E-07	9
TRINITY_DN12443_c0_g1_i3	xanthine uracil permease, partial	3.96	2.93E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN5059_c0_g1_i2	xanthine uracil permease, partial	4.67	1.03E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN5189_c0_g1_i1	xanthine uracil permease, partial	3.34	1.34E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN637_c1_g1_i1	xanthine uracil permease, partial	7.14	3.08E-11	-4.45	5.69E-04	0.00	0.00	6
TRINITY_DN637_c1_g1_i3	xanthine uracil permease, partial	3.71	3.11E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN637_c1_g1_i4	xanthine uracil permease, partial	3.51	3.12E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN637_c1_g1_i5	xanthine uracil permease, partial	3.37	1.40E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN29701_c0_g1_i1	YTH domain-containing protein ECT2	-5.02	9.28E-03	0.00	0.00	-4.92	1.21E-02	3
TRINITY_DN2311_c0_g1_i7	Zeaxanthin epoxidase, chloroplastic	0.00	0.00	-9.47	8.67E-08	0.00	0.00	10
TRINITY_DN1144_c0_g1_i2	Zinc transporter ZIP10	11.03	3.96E-11	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN1144_c0_g1_i9	Zinc transporter ZIP10	6.53	1.94E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	6
TRINITY_DN707_c0_g1_i3	Zinc transporter ZupT	-6.29	4.70E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN707_c0_g1_i1	Zinc transporter ZupT	-6.65	1.28E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	7

Anexo 2. Análisis de Enriquecimiento GO. Unigenes inducidos y reprimidos. Comparación E2f vs Cf (FDR <= 0.05)

GO ID	GO Name	GO Type	FDR	#SeqTest	#SeqRef	SeqTest	SeqRef	Down/Up-regulated
GO:0009987	cellular process	Biological Process	4.50E-04	133	16552	TRINITY_DN2737_c0_g1_i2	TRINITY_DN1728_c0_g1_i2,	Up
GO:0006077	(1->6)-beta-D-glucan metabolic process	Biological Process	4.50E-04	6	40	TRINITY_DN988_c0_g2_i5,	TRINITY_DN1523_c0_g1_i1,	Up
GO:0006078	(1->6)-beta-D-glucan biosynthetic process	Biological Process	4.50E-04	6	40	TRINITY_DN988_c0_g2_i5,	TRINITY_DN1523_c0_g1_i1,	Up
GO:0010458	exit from mitosis	Biological Process	4.60E-03	3	3	TRINITY_DN1949_c0_g1_i3	TRINITY_DN1949_c0_g1_i2,	Up
GO:0007096	regulation of exit from mitosis	Biological Process	4.60E-03	3	3	TRINITY_DN1949_c0_g1_i3	TRINITY_DN1949_c0_g1_i2,	Up
GO:0051274	beta-glucan biosynthetic process	Biological Process	5.00E-03	6	75	TRINITY_DN988_c0_g2_i5,	TRINITY_DN22400_c0_g1_i1	Up
GO:0051273	beta-glucan metabolic process	Biological Process	5.70E-03	6	80	TRINITY_DN988_c0_g2_i5,	TRINITY_DN22400_c0_g1_i1	Up
GO:0009250	glucan biosynthetic process	Biological Process	5.70E-03	6	80	TRINITY_DN988_c0_g2_i5,	TRINITY_DN22400_c0_g1_i1	Up
GO:0033692	cellular polysaccharide biosynthetic process	Biological Process	1.30E-02	6	97	TRINITY_DN988_c0_g2_i5,	TRINITY_DN18738_c0_g1_i2	Up
GO:0000271	polysaccharide biosynthetic process	Biological Process	1.60E-02	6	102	TRINITY_DN988_c0_g2_i5,	TRINITY_DN18738_c0_g1_i2	Up
GO:1902476	chloride transmembrane transport	Biological Process	2.30E-02	3	10	TRINITY_DN1658_c0_g1_i8	TRINITY_DN30699_c0_g1_i1	Up
GO:0008152	metabolic process	Biological Process	3.50E-02	118	16082	TRINITY_DN2737_c0_g1_i2	TRINITY_DN1085_c3_g1_i3,	Up
GO:0034637	cellular carbohydrate biosynthetic process	Biological Process	3.50E-02	6	124	TRINITY_DN988_c0_g2_i5,	TRINITY_DN18738_c0_g1_i2	Up
GO:0016020	membrane	Cellular Component	3.50E-02	74	8897	TRINITY_DN98_c9_g1_i4,	TRINITY_DN24375_c0_g1_i1	Up
GO:0110165	cellular anatomical entity	Cellular Component	4.10E-02	109	14667	TRINITY_DN1881_c0_g1_i6	TRINITY_DN24375_c0_g1_i1	Up
GO:0022803	passive transmembrane transporter activity	Molecular Function	5.00E-03	9	221	TRINITY_DN2682_c0_g1_i1	TRINITY_DN1537_c1_g1_i1,	Up
GO:0015267	channel activity	Molecular Function	5.00E-03	9	221	TRINITY_DN2682_c0_g1_i1	TRINITY_DN1537_c1_g1_i1,	Up
GO:0005216	ion channel activity	Molecular Function	6.50E-03	8	181	TRINITY_DN1611_c0_g1_i1	TRINITY_DN1537_c1_g1_i1,	Up
GO:0009987	cellular process	Biological Process	2.50E-03	122	16563	TRINITY_DN320_c0_g1_i1,	TRINITY_DN1728_c0_g1_i2,	Down
GO:0071577	zinc ion transmembrane transport	Biological Process	1.40E-02	3	7	TRINITY_DN3311_c1_g1_i6	TRINITY_DN11730_c0_g1_i1	Down
GO:0006829	zinc ion transport	Biological Process	1.40E-02	3	7	TRINITY_DN3311_c1_g1_i6	TRINITY_DN11730_c0_g1_i1	Down
GO:0110165	cellular anatomical entity	Cellular Component	1.30E-02	108	14668	TRINITY_DN320_c0_g1_i1,	TRINITY_DN24375_c0_g1_i1	Down
GO:0005488	binding	Molecular Function	1.20E-05	120	14634	TRINITY_DN365_c1_g1_i8,	TRINITY_DN9023_c0_g1_i1,	Down
GO:1901265	nucleoside phosphate binding	Molecular Function	1.40E-02	47	4905	TRINITY_DN507_c0_g1_i7,	TRINITY_DN2890_c0_g1_i3,	Down
GO:0000166	nucleotide binding	Molecular Function	1.40E-02	47	4905	TRINITY_DN507_c0_g1_i7,	TRINITY_DN2890_c0_g1_i3,	Down
GO:0005385	zinc ion transmembrane transporter activity	Molecular Function	1.40E-02	3	7	TRINITY_DN3311_c1_g1_i6	TRINITY_DN11730_c0_g1_i1	Down
GO:0097159	organic cyclic compound binding	Molecular Function	2.00E-02	71	8831	TRINITY_DN365_c1_g1_i8,	TRINITY_DN9023_c0_g1_i1,	Down
GO:1901363	heterocyclic compound binding	Molecular Function	2.00E-02	71	8828	TRINITY_DN365_c1_g1_i8,	TRINITY_DN9023_c0_g1_i1,	Down
GO:0043167	ion binding	Molecular Function	2.00E-02	63	7511	TRINITY_DN2060_c0_g1_i4	TRINITY_DN9023_c0_g1_i1,	Down
GO:0036094	small molecule binding	Molecular Function	4.80E-02	49	5570	TRINITY_DN507_c0_g1_i7,	TRINITY_DN2890_c0_g1_i3,	Down
GO:0005515	protein binding	Molecular Function	4.80E-02	37	3779	TRINITY_DN150_c5_g1_i2,	TRINITY_DN185_c0_g1_i1,	Down

Anexo\_3. Análisis\_de\_enriquecimiento\_KEGG. (p-value <= 0.05)

#Term	Transcript_ID	Description	Log2FC	Lf10	FDR	Log2FC	Lf4	FDR	Log2FC	E2f	FDR	cluster
Amino sugar and nucleotide sugar metabolism	TRINITY_DN281_c3_g1_i1	glutamine-fructose-6-phosphate transaminase	8.1		0.0	8.0		0.0	0.0		0.0	5
Amino sugar and nucleotide sugar metabolism	TRINITY_DN4088_c1_g1_i4	NADH-cytochrome b5 reductase 2	-7.6		0.0	0.0		0.0	0.0		0.0	7
Amino sugar and nucleotide sugar metabolism	TRINITY_DN487_c2_g1_i1	Phosphoglucomutase, cytoplasmic	0.0		0.0	-6.7		0.0	-6.9		0.0	8
Biosynthesis of amino acids	TRINITY_DN1417_c0_g1_i5	asparagine synthase	0.0		0.0	6.7		0.0	7.4		0.0	11
Biosynthesis of amino acids	TRINITY_DN16543_c0_g1_i3	S-adenosylmethionine synthetase	-7.1		0.0	0.0		0.0	-7.0		0.0	3
Biosynthesis of amino acids	TRINITY_DN198_c0_g1_i6	Pyruvate carboxylase	0.0		0.0	0.0		0.0	8.1		0.0	11
Biosynthesis of amino acids	TRINITY_DN20161_c0_g1_i1	enolase	-4.5		0.0	0.0		0.0	0.0		0.0	7
Biosynthesis of amino acids	TRINITY_DN20257_c0_g1_i1	Glutamine synthetase cytosolic isozyme	-6.4		0.0	0.0		0.0	0.0		0.0	7
Biosynthesis of amino acids	TRINITY_DN21716_c0_g1_i1	Fructose-1,6-bisphosphatase aldolase	-6.7		0.0	0.0		0.0	0.0		0.0	7
Biosynthesis of amino acids	TRINITY_DN4219_c1_g1_i1	Amino-acid acetyltransferase	-2.8		0.0	0.0		0.0	0.0		0.0	7
Biosynthesis of amino acids	TRINITY_DN637_c3_g1_i1	1-(5-phosphoribosyl)-5-[(5-phosphoribosylamino)methylideneamino] irr	7.3		0.0	7.1		0.0	7.3		0.0	2
Biosynthesis of amino acids	TRINITY_DN7544_c0_g2_i1	glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase	-6.6		0.0	0.0		0.0	0.0		0.0	7
Biosynthesis of amino acids	TRINITY_DN955_c3_g1_i8	phosphoglycerate mutase, partial	0.0		0.0	-8.7		0.0	-8.9		0.0	8
Biosynthesis of secondary metabolites	TRINITY_DN13731_c0_g1_i1	glycosyl hydrolase	-8.4		0.0	0.0		0.0	-4.8		0.0	3
Biosynthesis of secondary metabolites	TRINITY_DN1417_c0_g1_i5	asparagine synthase	0.0		0.0	6.7		0.0	7.4		0.0	11
Biosynthesis of secondary metabolites	TRINITY_DN16543_c0_g1_i3	S-adenosylmethionine synthetase	-7.1		0.0	0.0		0.0	-7.0		0.0	3
Biosynthesis of secondary metabolites	TRINITY_DN20161_c0_g1_i1	enolase	-4.5		0.0	0.0		0.0	0.0		0.0	7
Biosynthesis of secondary metabolites	TRINITY_DN2153_c0_g1_i8	cysteine aminotransferase	11.2		0.0	0.0		0.0	0.0		0.0	6
Biosynthesis of secondary metabolites	TRINITY_DN21716_c0_g1_i1	Fructose-1,6-bisphosphatase aldolase	-6.7		0.0	0.0		0.0	0.0		0.0	7
Biosynthesis of secondary metabolites	TRINITY_DN2311_c0_g1_i7	Zeaxanthin epoxidase, chloroplastic	0.0		0.0	-9.5		0.0	0.0		0.0	10
Biosynthesis of secondary metabolites	TRINITY_DN23602_c0_g1_i1	ribulose-bisphosphate carboxylase, large subunit or chain, chloroplast,	0.0		0.0	2.9		0.0	0.0		0.0	12
Biosynthesis of secondary metabolites	TRINITY_DN242_c2_g1_i2	3-methyl-2-oxobutanoate hydroxymethyltransferase 2, mitochondrial	-8.4		0.0	0.0		0.0	0.0		0.0	7
Biosynthesis of secondary metabolites	TRINITY_DN2973_c0_g1_i5	FAD synthase	7.5		0.0	0.0		0.0	0.0		0.0	6
Biosynthesis of secondary metabolites	TRINITY_DN351_c0_g1_i3	sterol-c-methyltransferase	-7.5		0.0	0.0		0.0	0.0		0.0	7
Biosynthesis of secondary metabolites	TRINITY_DN4219_c1_g1_i1	Amino-acid acetyltransferase	-2.8		0.0	0.0		0.0	0.0		0.0	7
Biosynthesis of secondary metabolites	TRINITY_DN487_c2_g1_i1	Phosphoglucomutase, cytoplasmic	0.0		0.0	-6.7		0.0	-6.9		0.0	8
Biosynthesis of secondary metabolites	TRINITY_DN637_c3_g1_i1	1-(5-phosphoribosyl)-5-[(5-phosphoribosylamino)methylideneamino] irr	7.3		0.0	7.1		0.0	7.3		0.0	2
Biosynthesis of secondary metabolites	TRINITY_DN7544_c0_g2_i1	glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase	-6.6		0.0	0.0		0.0	0.0		0.0	7
Biosynthesis of secondary metabolites	TRINITY_DN955_c3_g1_i8	phosphoglycerate mutase, partial	0.0		0.0	-8.7		0.0	-8.9		0.0	8
Cysteine and methionine metabolism	TRINITY_DN13374_c0_g1_i4	Adenosylhomocysteinase	2.6		0.0	0.0		0.0	0.0		0.0	6
Cysteine and methionine metabolism	TRINITY_DN16543_c0_g1_i3	S-adenosylmethionine synthetase	-7.1		0.0	0.0		0.0	-7.0		0.0	3
Cysteine and methionine metabolism	TRINITY_DN2153_c0_g1_i8	cysteine aminotransferase	11.2		0.0	0.0		0.0	0.0		0.0	6
Endocytosis	TRINITY_DN1188_c0_g1_i17	AP-2 complex subunit alpha-2	8.8		0.0	0.0		0.0	9.3		0.0	1
Endocytosis	TRINITY_DN123_c1_g1_i3	ArtGEF, partial	0.0		0.0	7.6		0.0	8.7		0.0	11
Endocytosis	TRINITY_DN15237_c0_g1_i1	heat shock protein 70	-7.2		0.0	0.0		0.0	-4.1		0.0	3
Endocytosis	TRINITY_DN2557_c0_g1_i1	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 15	0.0		0.0	0.0		0.0	-9.5		0.0	9
Endocytosis	TRINITY_DN3459_c0_g1_i6	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 4	-3.7		0.0	0.0		0.0	0.0		0.0	7
Endocytosis	TRINITY_DN47_c5_g1_i1	rab-type small GTPase, partial	0.0		0.0	0.0		0.0	7.4		0.0	11
Endocytosis	TRINITY_DN968_c0_g1_i2	WASH complex subunit 4	-7.5		0.0	-7.4		0.0	-7.5		0.0	8
Glycolysis / Gluconeogenesis	TRINITY_DN20161_c0_g1_i1	enolase	-4.5		0.0	0.0		0.0	0.0		0.0	7
Glycolysis / Gluconeogenesis	TRINITY_DN21716_c0_g1_i1	Fructose-1,6-bisphosphatase aldolase	-6.7		0.0	0.0		0.0	0.0		0.0	7
Glycolysis / Gluconeogenesis	TRINITY_DN487_c2_g1_i1	Phosphoglucomutase, cytoplasmic	0.0		0.0	-6.7		0.0	-6.9		0.0	8
Glycolysis / Gluconeogenesis	TRINITY_DN7544_c0_g2_i1	glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase	-6.6		0.0	0.0		0.0	0.0		0.0	7
Inositol phosphate metabolism	TRINITY_DN1750_c0_g1_i2	1-phosphatidylinositol-3-phosphate 5-kinase FAB1A	6.9		0.0	0.0		0.0	0.0		0.0	6
Inositol phosphate metabolism	TRINITY_DN2516_c0_g1_i9	phosphatidylinositol 4-kinase-like protein, partial	8.1		0.0	7.5		0.0	6.4		0.0	2
Inositol phosphate metabolism	TRINITY_DN809_c1_g1_i3	pi 4-kinase, partial	6.4		0.0	6.6		0.0	0.0		0.0	5
mRNA surveillance pathway	TRINITY_DN1076_c0_g1_i2	polyadenylate binding protein, partial	0.0		0.0	0.0		0.0	-8.9		0.0	9
mRNA surveillance pathway	TRINITY_DN3653_c2_g1_i3	phosphatase 2A (PP2A) regulatory subunit B-like protein-like protein, $\zeta$	0.0		0.0	0.0		0.0	-8.4		0.0	9
mRNA surveillance pathway	TRINITY_DN507_c2_g1_i1	Serine/threonine-protein phosphatase 2A 65 kDa regulatory subunit A	7.3		0.0	7.0		0.0	0.0		0.0	5
Phagosome	TRINITY_DN10093_c0_g1_i1	tubulin alpha	-6.4		0.0	0.0		0.0	0.0		0.0	7
Phagosome	TRINITY_DN12786_c0_g1_i1	Cysteine proteinase 15A	-6.3		0.0	0.0		0.0	0.0		0.0	7
Phagosome	TRINITY_DN1750_c0_g1_i2	1-phosphatidylinositol-3-phosphate 5-kinase FAB1A	6.9		0.0	0.0		0.0	0.0		0.0	6
Phagosome	TRINITY_DN3227_c0_g1_i2	vacuolar ATP synthase	-3.3		0.0	0.0		0.0	0.0		0.0	7
Phagosome	TRINITY_DN9990_c0_g2_i2	tubulin beta	-6.4		0.0	0.0		0.0	0.0		0.0	7
Phosphatidylinositol signaling system	TRINITY_DN1750_c0_g1_i2	1-phosphatidylinositol-3-phosphate 5-kinase FAB1A	6.9		0.0	0.0		0.0	0.0		0.0	6
Phosphatidylinositol signaling system	TRINITY_DN2516_c0_g1_i9	phosphatidylinositol 4-kinase-like protein, partial	8.1		0.0	7.5		0.0	6.4		0.0	2
Phosphatidylinositol signaling system	TRINITY_DN809_c1_g1_i3	pi 4-kinase, partial	6.4		0.0	6.6		0.0	0.0		0.0	5
Photosynthesis	TRINITY_DN1957_c0_g1_i1	cytochrome c550, PsbV	0.0		0.0	4.0		0.0	0.0		0.0	12
Photosynthesis	TRINITY_DN1957_c0_g2_i1	ATP synthase subunit beta, chloroplastic	0.0		0.0	3.1		0.0	0.0		0.0	12
Photosynthesis	TRINITY_DN21782_c0_g1_i1	cytochrome B6	0.0		0.0	4.1		0.0	0.0		0.0	12
Photosynthesis	TRINITY_DN25492_c0_g1_i1	Photosystem II CP47 reaction center protein	0.0		0.0	3.8		0.0	0.0		0.0	12
Photosynthesis	TRINITY_DN27285_c0_g1_i1	Photosystem I P700 chlorophyll a apoprotein A1	0.0		0.0	2.9		0.0	0.0		0.0	12
Photosynthesis	TRINITY_DN3321_c2_g2_i1	Photosystem II protein D1	0.0		0.0	3.4		0.0	0.0		0.0	12
Photosynthesis	TRINITY_DN8376_c0_g3_i1	PSBC, photosystem II 44 kDa reaction center protein	0.0		0.0	3.1		0.0	0.0		0.0	12
Protein processing in endoplasmic reticulum	TRINITY_DN1111_c0_g1_i2	mannosyl-oligosaccharide alpha-mannosidase, partial	0.0		0.0	-6.6		0.0	0.0		0.0	10
Protein processing in endoplasmic reticulum	TRINITY_DN15237_c0_g1_i1	heat shock protein 70	-7.2		0.0	0.0		0.0	-4.1		0.0	3

Protein processing in endoplasmic reticulum	TRINITY_DN1592_c0_g1_i4	THAPSDRAFT_261059, partial	0.0	0.0	8.3	0.0	0.0	0.0	12
Protein processing in endoplasmic reticulum	TRINITY_DN19781_c0_g1_i2	ubiquitin-conjugating enzyme e2-16kda, ubiquitin protein ligase	-3.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	7
Protein processing in endoplasmic reticulum	TRINITY_DN228_c2_g1_i1	Probable ubiquitin conjugation factor E4	-7.6	0.0	-5.1	0.0	0.0	0.0	4
Protein processing in endoplasmic reticulum	TRINITY_DN2583_c0_g1_i2	AAA family cell division control-like protein, partial	10.3	0.0	9.5	0.0	10.5	0.0	2
Protein processing in endoplasmic reticulum	TRINITY_DN9311_c0_g1_i1	HSP90 family member	-7.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	7
Ribosome	TRINITY_DN13246_c0_g1_i1	Polyubiquitin-A	0.0	0.0	0.0	0.0	-6.4	0.0	9
Ribosome	TRINITY_DN23859_c0_g1_i1	RL3, ribosomal protein 3, 60S large ribosomal subunit	-6.9	0.0	0.0	0.0	-4.7	0.0	3
Ribosome	TRINITY_DN6533_c0_g1_i1	RL10, ribosomal protein 10 60S large ribosomal subunit	-6.5	0.0	0.0	0.0	-6.5	0.0	3
Ribosome	TRINITY_DN8532_c0_g1_i2	RS4, ribosomal protein 4	-6.5	0.0	0.0	0.0	-6.5	0.0	3
Ribosome biogenesis in eukaryotes	TRINITY_DN2461_c1_g1_i3	SAR DNA-binding protein	0.0	0.0	-7.2	0.0	0.0	0.0	10
Ribosome biogenesis in eukaryotes	TRINITY_DN684_c1_g1_i4	5'-3' exoribonuclease 2 homolog	-6.6	0.0	-6.4	0.0	-6.5	0.0	8
Ribosome biogenesis in eukaryotes	TRINITY_DN905_c0_g1_i11	U3 small nucleolar RNA-associated protein 4 homolog	8.0	0.0	7.3	0.0	0.0	0.0	5
RNA degradation	TRINITY_DN1076_c0_g1_i2	polyadenylate binding protein, partial	0.0	0.0	0.0	0.0	-8.9	0.0	9
RNA degradation	TRINITY_DN12092_c0_g1_i2	mitochondrial chaperonin	8.7	0.0	0.0	0.0	8.3	0.0	1
RNA degradation	TRINITY_DN1335_c0_g1_i1	PAN2-PAN3 deadenylation complex subunit pan3	7.0	0.0	0.0	0.0	6.7	0.0	1
RNA degradation	TRINITY_DN1429_c0_g1_i2	60 kDa chaperonin 2	7.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	6
RNA degradation	TRINITY_DN20161_c0_g1_i1	enolase	-4.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	7
RNA degradation	TRINITY_DN2669_c0_g1_i4	Exosome complex component RRP43	6.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	6
RNA degradation	TRINITY_DN684_c1_g1_i4	5'-3' exoribonuclease 2 homolog	-6.6	0.0	-6.4	0.0	-6.5	0.0	8
RNA transport	TRINITY_DN1014_c3_g1_i5	Nuclear pore complex protein Nup107	-7.3	0.0	0.0	0.0	-7.2	0.0	3
RNA transport	TRINITY_DN1076_c0_g1_i2	polyadenylate binding protein, partial	0.0	0.0	0.0	0.0	-8.9	0.0	9
RNA transport	TRINITY_DN5826_c0_g1_i1	Elongation factor 1-alpha	-8.7	0.0	-8.6	0.0	-8.7	0.0	8
RNA transport	TRINITY_DN961_c1_g1_i6	THO complex subunit 1	0.0	0.0	0.0	0.0	-3.5	0.0	9
Spliceosome	TRINITY_DN130_c0_g1_i3	Pre-mRNA-splicing factor 18	7.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	6
Spliceosome	TRINITY_DN1473_c11_g1_i10	Protein RRC1	0.0	0.0	-3.1	0.0	0.0	0.0	10
Spliceosome	TRINITY_DN15237_c0_g1_i1	heat shock protein 70	-7.2	0.0	0.0	0.0	-4.1	0.0	3
Spliceosome	TRINITY_DN1949_c0_g1_i6	splicing factor *(PRP38)	7.0	0.0	6.5	0.0	8.5	0.0	2
Spliceosome	TRINITY_DN2715_c0_g1_i1	Splicing factor 3A subunit 2	3.1	0.0	2.9	0.0	0.0	0.0	6
Spliceosome	TRINITY_DN2806_c2_g1_i3	Small nuclear ribonucleoprotein Sm D3	-6.9	0.0	-6.8	0.0	0.0	0.0	4
Spliceosome	TRINITY_DN961_c1_g1_i6	THO complex subunit 1	0.0	0.0	0.0	0.0	-3.5	0.0	9
Ubiquitin mediated proteolysis	TRINITY_DN160_c0_g3_i1	Ubiquitin-conjugating enzyme E2 22	0.0	0.0	0.0	0.0	6.7	0.0	11
Ubiquitin mediated proteolysis	TRINITY_DN19781_c0_g1_i2	ubiquitin-conjugating enzyme e2-16kda, ubiquitin protein ligase	-3.7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	7
Ubiquitin mediated proteolysis	TRINITY_DN228_c2_g1_i1	Probable ubiquitin conjugation factor E4	-7.6	0.0	-5.1	0.0	0.0	0.0	4
Ubiquitin mediated proteolysis	TRINITY_DN326_c2_g1_i8	E3 ubiquitin-protein ligase UPL7	7.3	0.0	0.0	0.0	7.4	0.0	1
Ubiquitin mediated proteolysis	TRINITY_DN3294_c2_g1_i7	ubiquitin-conjugating enzyme 1	0.0	0.0	-8.0	0.0	-8.1	0.0	8
Ubiquitin mediated proteolysis	TRINITY_DN331_c1_g1_i3	Cell division cycle protein 27 homolog	0.0	0.0	-6.7	0.0	0.0	0.0	10
Ubiquitin mediated proteolysis	TRINITY_DN393_c1_g1_i1	RING finger and CHY zinc finger domain-containing protein 1	0.0	0.0	7.9	0.0	8.3	0.0	11
Ubiquitin mediated proteolysis	TRINITY_DN576_c1_g1_i4	ubiquitin activating enzyme 1	11.1	0.0	0.0	0.0	9.2	0.0	1



**Anexo\_4\_ Supplementary S6. Differentially expressed genes (DEG) in the pathways of photosynthesis, carbohydrate metabolism, amino acid metabolism, amino acid degradation; lipid metabolism, and nitrogen uptake in *Chaetoceros muelleri*. (log2FC>|1|, FDR < 0.05).**

Pathway	Abbrev.	Transcript ID	Description	Lf10		Lf4		E2f	
				Log2FC	FDR	Log2FC	FDR	Log2FC	FDR
Photosynthesis	PsaA	TRINITY_DN27285_c0_g1_i1	Photosystem I P700 chlorophyll a apoprotein A1	0.00	0.00	2.94	1.16E-02	0.00	0.00
Photosynthesis	RuBisCo	TRINITY_DN23602_c0_g1_i1	ribulose-bisphosphate carboxylase, large subunit or chain, chloroplast, Ru	0.00	0.00	2.87	1.56E-02	0.00	0.00
Photosynthesis	ATPase	TRINITY_DN1957_c0_g2_i1	ATP synthase subunit beta, chloroplastic	0.00	0.00	3.09	1.10E-02	0.00	0.00
Photosynthesis	PsbC	TRINITY_DN8376_c0_g3_i1	PSBC, photosystem II 44 kDa reaction center protein	0.00	0.00	3.08	7.03E-03	0.00	0.00
Photosynthesis	PsbA	TRINITY_DN3321_c2_g2_i1	Photosystem II protein D1	0.00	0.00	3.35	2.00E-03	0.00	0.00
Photosynthesis	PsbB	TRINITY_DN25492_c0_g1_i1	Photosystem II CP47 reaction center protein	0.00	0.00	3.82	6.01E-04	0.00	0.00
Photosynthesis	PetB_T1	TRINITY_DN21782_c0_g1_i1	cytochrome B6	0.00	0.00	4.06	8.79E-03	0.00	0.00
Photosynthesis	PetB_T2	TRINITY_DN4346_c0_g2_i1	cytochrome B6	0.00	0.00	3.93	4.34E-03	0.00	0.00
Photosynthesis	LTO1	TRINITY_DN1436_c1_g1_i3	Thiol-disulfide oxidoreductase LTO1	7.94	8.32E-05	0.00	0.00	7.23	1.66E-03
Photosynthesis	AB80	TRINITY_DN26178_c0_g1_i1	Chlorophyll a-b binding protein AB80, chloroplastic	-6.35	2.99E-07	0.00	0.00	-4.02	6.23E-04
Photosynthesis	PsbV	TRINITY_DN1957_c0_g1_i1	cytochrome c550, PsbV	0.00	0.00	4.00	1.16E-02	0.00	0.00
Photosynthesis	FCP_T1	TRINITY_DN1257_c0_g1_i8	Fucoxanthin-chlorophyll a-c binding protein, chloroplastic	7.66	2.82E-04	0.00	0.00	8.56	5.21E-06
Photosynthesis	FCP_T2	TRINITY_DN44_c0_g1_i3	fucoxanthin chlorophyll a/c protein	12.09	7.53E-13	0.00	0.00	10.29	1.61E-09
Photosynthesis	FCP_T3	TRINITY_DN1257_c0_g1_i3	Fucoxanthin-chlorophyll a-c binding protein, chloroplastic	8.54	5.49E-06	6.28	4.92E-02	8.79	2.00E-06
Photosynthesis	DDE_T1	TRINITY_DN1519_c0_g1_i3	diadinoxanthin de-epoxidase	2.67	3.68E-02	0.00	0.00	0.00	0.00
Photosynthesis	DDE_T2	TRINITY_DN1519_c0_g1_i1	diadinoxanthin de-epoxidase	3.70	9.48E-03	3.65	1.25E-02	3.59	1.92E-02
Photosynthesis	DDE_T3	TRINITY_DN1519_c0_g1_i4	diadinoxanthin de-epoxidase	0.00	0.00	6.34	3.89E-02	8.80	1.91E-06
Photosynthesis	ZEP	TRINITY_DN2311_c0_g1_i7	Zeaxanthin epoxidase, chloroplastic	0.00	0.00	-9.47	8.67E-08	0.00	0.00
Aminoacid metabolism	ENO	TRINITY_DN20161_c0_g1_i1	enolase	-4.55	4.70E-02	0.00	0.00	0.00	0.00
Aminoacid metabolism	PYC	TRINITY_DN198_c0_g1_i6	Pyruvate carboxylase	0.00	0.00	0.00	0.00	8.09	3.90E-05
Aminoacid metabolism	GLN	TRINITY_DN20257_c0_g1_i1	Glutamine synthetase cytosolic isozyme	-6.37	2.99E-02	0.00	0.00	0.00	0.00
Aminoacid metabolism	AMS	TRINITY_DN16543_c0_g1_i3	S-adenosylmethionine synthetase	-7.05	3.05E-03	0.00	0.00	-7.01	4.49E-03
Aminoacid metabolism	PROC	TRINITY_DN1299_c0_g1_i7	Pyrroline-5-carboxylate reductase	-6.66	1.28E-02	-6.51	2.52E-02	0.00	0.00
Aminoacid metabolism	ASN	TRINITY_DN1417_c0_g1_i5	asparagine synthase	0.00	0.00	6.70	1.13E-02	7.42	6.98E-04
Aminoacid metabolism	FBP	TRINITY_DN21716_c0_g1_i1	Fructose-1,6-bisphosphatase aldolase	-6.66	1.28E-02	0.00	0.00	0.00	0.00
Aminoacid metabolism	ARGA	TRINITY_DN4219_c1_g1_i1	Amino-acid acetyltransferase	-2.77	2.69E-02	0.00	0.00	0.00	0.00
Aminoacid metabolism	HISA	TRINITY_DN637_c3_g1_i1	1-(5-phosphoribosyl)-5-[(5-phosphoribosylamino)methylideneamino]imidazole-4-carboxamide isomerase, chloroplastic	7.29	1.22E-03	7.14	2.46E-03	7.29	1.22E-03
Aminoacid metabolism	GAPC	TRINITY_DN7544_c0_g2_i1	glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase	-6.59	1.58E-02	0.00	0.00	0.00	0.00
Aminoacid metabolism	PGAM	TRINITY_DN955_c3_g1_i8	phosphoglycerate mutase, partial	0.00	0.00	-8.75	2.55E-06	-8.86	1.56E-06
Aminoacid metabolism	AHC	TRINITY_DN13374_c0_g1_i4	Adenosylhomocysteinase	2.63	4.90E-02	0.00	0.00	0.00	0.00
Aminoacid metabolism	CGT	TRINITY_DN2153_c0_g1_i8	cysteine aminotransferase	11.24	1.65E-11	0.00	0.00	0.00	0.00
Aminoacid metabolism	eEF1A	TRINITY_DN5826_c0_g1_i2	Elongation factor 1-alpha	-4.21	9.28E-03	0.00	0.00	0.00	0.00
Aminoacid metabolism	Met_T1	TRINITY_DN598_c3_g1_i8	Methionine--tRNA ligase	8.69	2.62E-06	0.00	0.00	0.00	0.00
Aminoacid metabolism	Asp_T1	TRINITY_DN516_c1_g1_i5	aspartate-tRNA ligase	0.00	0.00	6.92	5.47E-03	0.00	0.00
Aminoacid metabolism	Hys_T1	TRINITY_DN3948_c0_g1_i1	histidyl tRNA synthetase	9.73	2.07E-08	9.51	7.02E-08	9.29	1.89E-07
Aminoacid metabolism	Hys_T2	TRINITY_DN3948_c0_g1_i5	histidyl tRNA synthetase	-3.57	1.45E-03	-4.68	1.94E-05	-10.69	2.57E-10
Aminoacid metabolism	Hys_T3	TRINITY_DN3948_c0_g1_i13	histidyl tRNA synthetase	-4.16	6.65E-03	-7.69	2.80E-04	-7.79	1.74E-04
Aminoacid metabolism	Hys_T4	TRINITY_DN3948_c0_g1_i15	histidyl tRNA synthetase	-2.75	1.91E-02	0.00	0.00	0.00	0.00
Aminoacid metabolism	Hys_T5	TRINITY_DN3948_c0_g1_i17	histidyl tRNA synthetase	-2.90	4.02E-02	-3.63	3.90E-03	-9.12	4.32E-07
Aminoacid metabolism	Pro_T1	TRINITY_DN3064_c0_g1_i1	prolyl-tRNA synthetase, partial	-6.36	3.80E-02	0.00	0.00	0.00	0.00

Aminoacid degradation	URE_T1	TRINITY_DN2100_c0_g1_i3	urease	0.00	0.00	-2.85	2.47E-02	0.00	0.00
Aminoacid degradation	URE_T2	TRINITY_DN2100_c0_g1_i6	urease	0.00	0.00	9.30	1.96E-07	0.00	0.00
Aminoacid degradation	URE_T3	TRINITY_DN2100_c0_g1_i12	urease	0.00	0.00	0.00	0.00	-7.54	1.39E-07
Aminoacid degradation	PRODH	TRINITY_DN251_c0_g1_i1	Proline dehydrogenase 1, mitochondrial	0.00	0.00	0.00	0.00	-5.18	5.16E-03
Aminoacid degradation	THA1	TRINITY_DN2716_c1_g1_i4	Probable low-specificity L-threonine aldolase 2	0.00	0.00	0.00	0.00	-4.16	9.20E-04
Aminoacid degradation	NAGS	TRINITY_DN4219_c1_g1_i1	Amino-acid acetyltransferase	-2.77	2.69E-02	0.00	0.00	0.00	0.00
Carbohydrate metabolism	FBP	TRINITY_DN21716_c0_g1_i1	Fructose-1,6-bisphosphatase aldolase	-6.66	1.28E-02	0.00	0.00	0.00	0.00
Carbohydrate metabolism	PCK	TRINITY_DN10586_c0_g1_i1	Phosphoenolpyruvate carboxykinase	-6.95	5.12E-03	0.00	0.00	-4.67	3.11E-02
Carbohydrate metabolism	GFS	TRINITY_DN460_c3_g1_i1	gdp-fucose synthetase	-7.48	5.90E-04	-7.33	1.19E-03	0.00	0.00
Carbohydrate metabolism	PGD1	TRINITY_DN1396_c0_g1_i2	6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating 1	2.99	2.67E-02	0.00	0.00	0.00	0.00
Carbohydrate metabolism	ENO	TRINITY_DN20161_c0_g1_i1	enolase	-4.55	4.70E-02	0.00	0.00	0.00	0.00
Carbohydrate metabolism	PGM	TRINITY_DN487_c2_g1_i1	Phosphoglucosmutase, cytoplasmic	0.00	0.00	-6.75	1.13E-02	-6.85	7.71E-03
Carbohydrate metabolism	GAPC	TRINITY_DN7544_c0_g2_i1	glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase	-6.59	1.58E-02	0.00	0.00	0.00	0.00
Nitrogen uptake	NRT2_T1	TRINITY_DN2533_c0_g1_i2	nitrate transporter	2.60	3.44E-02	0.00	0.00	0.00	0.00
Nitrogen uptake	NRT2_T2	TRINITY_DN2533_c0_g1_i4	nitrate transporter	3.24	2.32E-03	0.00	0.00	0.00	0.00
Nitrogen uptake	AMT1	TRINITY_DN13376_c0_g1_i1	ammonium transporter	2.58	3.99E-02	0.00	0.00	0.00	0.00
Nitrogen uptake	GLN	TRINITY_DN20257_c0_g1_i1	Glutamine synthetase cytosolic isozyme	-6.37	2.99E-02	0.00	0.00	0.00	0.00
Nitrogen uptake	NIT	TRINITY_DN614_c5_g1_i1	nitrilase	6.23	4.70E-02	0.00	0.00	6.62	1.65E-02
Lipid metabolism	CFA	TRINITY_DN1582_c2_g1_i3	Cyclopropane fatty acid synthase	0.00	0.00	0.00	0.00	-2.94	1.63E-02
Lipid metabolism	ELOVL5	TRINITY_DN350_c1_g1_i1	Elongation of very long chain fatty acids protein 5	0.00	0.00	0.00	0.00	-9.31	1.83E-07
Lipid metabolism	ACS	TRINITY_DN129_c5_g1_i5	acetyl-coenzyme a synthetase	0.00	0.00	7.32	1.36E-03	0.00	0.00
Lipid metabolism	PLA1	TRINITY_DN1122_c1_g1_i3	phospholipase-A1 *(PA-PLA1)	-10.53	4.39E-10	0.00	0.00	0.00	0.00
Lipid metabolism	DOX1	TRINITY_DN25536_c0_g1_i1	Alpha-dioxygenase 1	-6.95	5.12E-03	0.00	0.00	0.00	0.00
Lipid metabolism	DGAT2	TRINITY_DN691_c1_g1_i4	Diacylglycerol O-acyltransferase 2D	3.42	4.49E-02	0.00	0.00	0.00	0.00
Lipid metabolism	FAD2_T1	TRINITY_DN821_c1_g1_i1	Delta(12)-fatty-acid desaturase	3.38	7.50E-03	0.00	0.00	0.00	0.00
Lipid metabolism	FAD2_T2	TRINITY_DN821_c1_g1_i1	Delta(12)-fatty-acid desaturase	3.38	7.50E-03	0.00	0.00	0.00	0.00
Lipid metabolism	GK	TRINITY_DN218_c1_g1_i8	Glycerol kinase	3.89	4.81E-04	3.29	7.67E-03	3.09	1.79E-02
Lipid metabolism	ERG3_T1	TRINITY_DN1154_c0_g1_i15	Delta(7)-sterol-C5(6)-desaturase	7.92	9.17E-05	0.00	0.00	0.00	0.00
Lipid metabolism	ERG3_T2	TRINITY_DN1154_c0_g1_i15	Delta(7)-sterol-C5(6)-desaturase	7.92	9.17E-05	0.00	0.00	0.00	0.00
Lipid metabolism	GPAT	TRINITY_DN527_c1_g1_i1	Glycerol-3-phosphate acyltransferase, chloroplastic	6.78	7.25E-03	0.00	0.00	0.00	0.00
Lipid metabolism	PNPLA	TRINITY_DN3468_c0_g1_i2	Patatin-like phospholipase domain-containing protein	0.00	0.00	0.00	0.00	8.63	3.68E-06
Lipid metabolism	MGDG1	TRINITY_DN3008_c0_g1_i3	Monogalactosyldiacylglycerol synthase 1, chloroplastic	-7.19	1.94E-03	-7.05	3.32E-03	0.00	0.00
Lipid metabolism	ALA9	TRINITY_DN271_c0_g1_i1	Putative phospholipid-transporting ATPase 9	-4.47	7.88E-05	-5.28	3.09E-06	-6.18	2.40E-07
Lipid metabolism	ACAD11	TRINITY_DN1477_c1_g1_i4	Acyl-CoA dehydrogenase family member 11	0.00	0.00	-7.04	3.32E-03	0.00	0.00
Lipid metabolism	ELOVL_T1	TRINITY_DN2075_c0_g1_i3	probable microsomal very long chain fatty acid elongase	0.00	0.00	-11.45	6.09E-12	-11.56	5.42E-12
Lipid metabolism	ELOVL_T2	TRINITY_DN2075_c0_g1_i5	probable microsomal very long chain fatty acid elongase	0.00	0.00	-11.79	1.29E-12	0.00	0.00

Anexo 5. Proteínas identificadas en *C. muelleri* bajo los tratamientos de nitrógeno

ID	Sequence	Description	KEGG	Pfam	GO associated	Sum PEP Score	Coverage [%]	# Peptides	# PSMs	# Protein Unique Peptides	# Unique Peptides	# AAs	MW [kDa]	calc. pl
TRINITY_DN2734_c0_g1_i1.p1	MKLSCVALLAVVGSAAANKPRTLTVNRDGNFADL	Hypothetical	K07466	.	.	189.74	64	16	566	12	16	263	27.9	4.53
TRINITY_DN447_c0_g1_i4.p1	MKVFSALLALAAATNAAFAPSQTGVRVFATPIE	Phosphoglycerate kinase, chloroplastic	K00927	PF00162.19	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	392.702	72	29	506	0	29	435	46	5.07
TRINITY_DN1957_c0_g2_i1.p1	MVQTEKNIGFVSIQIPLVDFEPPNGNLPPYSAIKII	ATP synthase subunit beta, chloroplastic	K02112	PF02874.23	GO:0009535^cellular_component^chloroplas	403.356	77	30	386	23	27	475	51.6	4.83
TRINITY_DN528_c0_g1_i11.p1	MSFVVRTQYAGKQDFHLLNNINFKFIEIQHQNI	Fucoxanthin-chlorophyll a-c binding protein, c	K03801	PF00504.21	GO:0009535^cellular_component^chloroplas	133.879	37	9	348	0	4	235	25.7	6.13
TRINITY_DN2103_c0_g1_i1.p1	MKLSILSTLTVVSAFAPSXSRLMSTLSAQDVPLA	Hypothetical	K15030	.	.	117.671	49	8	322	1	8	145	15.9	5.11
TRINITY_DN308_c3_g1_i1.p1	MVSIARRYAFAASCLAIVAISEAFSTSHGKTSII	Acetyl-CoA carboxylase	K11262	PF00289.22	GO:0005623^cellular_component^cell^GO:00	414.232	39	59	315	0	59	2094	230.7	5.34
TRINITY_DN3417_c1_g1_i3.p1	LIASAAAFAPSKVAQSTALKAFENELGAQPLPGFI	Fucoxanthin-chlorophyll a-c binding protein E	K01647	PF00504.21	GO:0009535^cellular_component^chloroplas	139.163	72	10	307	3	8	187	20.3	5.21
TRINITY_DN528_c0_g1_i3.p2	MKLALLASLIASAAAFAPSKVAQSTALKAFSELG	Fucoxanthin-chlorophyll a-c binding protein, c	K03801	PF00169.29	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	96.284	53	7	305	0	3	198	21.4	4.88
TRINITY_DN17760_c0_g1_i1.p3	LIQEQVDAMIWIPNTNQAVIPAVREAFQAEIPVVI	D-threitol-binding protein	K10408	.	.	85.202	78	6	288	6	6	129	14.2	4.25
TRINITY_DN1957_c0_g1_i1.p1	MLKKYSKFCALIFVIFNIFITFAIDLDEATRTVVA	Cytochrome c-550	K02720	PF14495.6	GO:0009535^cellular_component^chloroplas	124.259	54	8	257	8	8	163	17.9	7.87
TRINITY_DN1361_c0_g1_i1.p1	MLAARKLVQLGGRSFGSAAAMSTGKITQVIGA	ATP synthase subunit beta, mitochondrial	K02133	PF02874.23	GO:0009986^cellular_component^cell surfac	310.548	76	27	255	0	22	501	53.5	5.12
TRINITY_DN4305_c0_g1_i1.p1	MKLALALFVASATAFAPSTTRTGLQMSLKD	Oxygen-evolving enhancer protein 1, chlorop	K02716	PF01716.18	GO:0030095^cellular_component^chloroplas	196.621	61	19	253	0	19	307	32.4	5.33
TRINITY_DN2652_c3_g1_i3.p1	MSFTARNVRRHLHRNIDWSSPHFKSNPELSAAV	ATP synthase subunit d, mitochondrial	K00003	PF05873.12	GO:0016021^cellular_component^integral c	111.226	64	8	241	1	8	168	19.1	5.1
TRINITY_DN18_c4_g1_i2.p1	MKSACVFLVAASAFAPASKASTLKVSEIELC	Hypothetical	K08901	.	.	41.512	45	8	228	0	8	211	22.5	8.95
TRINITY_DN283_c1_g2_i5.p1	MKLSAILIGLSASAFARVATRAPSSLNIVPC	CO2-inducible proteins B/C beta carboxylic an	K08081	PF18599.1	.	191.177	59	16	202	4	5	307	32.6	5.73
TRINITY_DN9233_c0_g1_i1.p1	MINIRPDEISIIREQEKYDQKVVDNIGTVLQVGI	ATP synthase subunit alpha, chloroplastic	K02111	PF02874.23	GO:0009535^cellular_component^chloroplas	266.014	54	21	198	20	20	503	54.2	5.2
TRINITY_DN2245_c0_g1_i3.p1	MKLSAILALATSAASAATSLTPDNYDALDTGTFV	Protein disulfide-isomerase-like protein EhSeq	K12795	PF00085.20	GO:0005783^cellular_component^endoplasm	61.099	47	9	197	0	9	219	23.7	4.88
TRINITY_DN3289_c0_g2_i1.p1	MKFSALAAIAAAMSGVNAFMSMNVNHRASFAA	Transketolase	K00615	PF13292.6	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	234.007	50	26	197	26	26	711	76.7	5.6
TRINITY_DN204_c0_g1_i11.p1	MIGKRFLLSLLSIYVFNATNFIALKECSGDTDVVI	Fork Protection Component Swi3	K00801	PF07962.12	.	24.875	11	4	192	0	1	245	27.1	5.06
TRINITY_DN204_c0_g1_i2.p1	MIGKRFLLSLLSIYVFNATNFIALKECSGDTDVVI	Fork Protection Component Swi3	K00801	PF07962.12	.	21.571	11	5	186	0	2	244	26.8	5.07
TRINITY_DN243_c0_g1_i2.p2	MSFLKTKGALADVIPGLGHFTDPTAGKIFVTSGI	Probable glycosyltransferase STELLO1	K00423	PF03385.17	GO:0005768^cellular_component^endosome	127.891	45	13	181	7	13	350	38.9	7.26
TRINITY_DN1586_c0_g1_i2.p2	MKLAAVLAASAAAFAPASKASTLKVSEIELC	Fucoxanthin-chlorophyll a-c binding protein F	K01251	.	.	71.36	48	8	180	3	3	207	22.1	5.36
TRINITY_DN703_c0_g1_i1.p1	MGKDIENTGVVPREVISHWALTVDECIARLADI	Calcium-transporting ATPase 3	K00861	PF00690.26	GO:0000324^cellular_component^fungal-ty	138.956	22	19	172	1	19	1057	114	5.31
TRINITY_DN1938_c3_g1_i1.p1	RPRLSYLSTRFPDRNTAHIASRNCPPHHHTS	Cytochrome c6	K08906	PF13442.6	GO:0009543^cellular_component^chloroplas	59.48	33	6	163	6	6	181	19.1	7.9
TRINITY_DN4927_c0_g1_i2.p2	RMGQVAVLGNITRAGVHLPGNDYDGTAFDSIPN	Fucoxanthin-chlorophyll a-c binding protein, c	K01001	PF00504.21	GO:0009535^cellular_component^chloroplas	54.47	27	2	160	1	1	103	11.3	4.54
TRINITY_DN1067_c0_g1_i2.p1	RNSDDVMRAHIFDILCKLKIIPHRSHKKEENRKK	Hypothetical	K03070	.	.	208.066	71	17	159	11	11	365	40	8.16
TRINITY_DN1426_c2_g2_i1.p1	MIRFICISILFIARTAYAFAPHSVPGARIATSDAG	Flavodoxin	K03839	PF00258.25	GO:0009055^molecular_function^electron tr	157.676	58	14	158	14	14	205	22.3	4.66
TRINITY_DN1034_c0_g1_i1.p1	MNYSVDPKTLNLYPEVAFEEDLTPDDGIDEVKECF	Annexin A13	K11652	PF00191.20	GO:0005654^cellular_component^nuclioelas	144.131	57	15	148	2	15	340	38.1	4.83
TRINITY_DN325_c0_g1_i4.p2	MEKPPVTEGMRPEESVPLNDAHEKRVDYTRY	Eukaryotic translation initiation factor 2D	K09660	.	.	147.933	55	21	148	0	17	629	68.7	5.97
TRINITY_DN283_c1_g2_i6.p1	MKLSAILIGLSASAFARVATRAPSSLNIVPC	CO2-inducible proteins B/C beta carb	K08081	PF18599.1	GO:0009535^cellular_component^chloroplas	137.14	47	10	143	2	2	275	28.9	5.92
TRINITY_DN82_c12_g1_i1.p1	MALQLGLKRSLLSOFHARMFPFVNGVTVDAAR	Chaperone protein DnaK	K04043	PF00012.20	GO:0005524^molecular_function^ATP bindin	216.366	50	27	142	26	26	672	72.3	5.31
TRINITY_DN139_c0_g1_i5.p1	MKLSIAALVATVSGAAAFSSFSGSKALASSNGAI	Glycerol dehydrode-3-phosphate dehydrogenase,	K00134	PF00044.24	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	194.068	69	22	142	21	22	378	40	6.62
TRINITY_DN2366_c1_g1_i2.p1	MKFTIATVSLMYLASVSPAAFTVGRPASTLFSF	Protein cbx5 homologue, chloroplastic	K09503	PF00004.29	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	163.656	33	13	139	0	13	407	45.4	6.33
TRINITY_DN10133_c0_g1_i1.p1	MTSVLLKRRKKLIEWLMLKPLHLDINVLKNFKG	Elongation factor Tu, chloroplastic	K02358	PF00009.27	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	179.712	44	14	129	14	14	449	49.4	5.35
TRINITY_DN346_c0_g1_i1.p1	MIFKIAVASALMASPTTVEEAEKMGTVIGIDI	Luminal-binding protein 5	K09490	PF00012.20	GO:0005788^cellular_component^endoplasm	194.366	39	20	129	0	19	657	71.8	4.84
TRINITY_DN85_c0_g1_i4.p3	LFLINFNHRNIIYQTNVIHIIKMLAISALLIASVAJ	Chlorophyll a-b binding protein L1818, chloro	K01887	.	.	105.045	38	6	128	1	6	237	25.3	4.79
TRINITY_DN867_c2_g1_i3.p1	MKFTPIALLGSFLMNNVAAFTPANIVRPNRTH	ATP-dependent zinc metalloprotease FtsH 3	K03798	PF00004.29	GO:0009941^cellular_component^chloroplas	183.385	48	24	128	19	22	672	72.3	5.62
TRINITY_DN1538_c0_g6_i1.p1	MVTENVKFSVPFPTAIVGQEQEMKLALQLNVID	Magnesium-chelatase subunit Chll	K02693	PF01078.21	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	151.389	55	18	124	18	18	353	39.4	5.2
TRINITY_DN23602_c0_g1_i1.p1	MSQVSERTRIKSDRYESGVIPIYAKMGVWDASYS	Ribulose biphosphate carboxylase large chai	K01601	PF02788.16	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	103.9	29	12	124	12	12	490	54.1	7.46
TRINITY_DN105_c6_g1_i2.p1	FYLVCASVIRVESIYAVNHVVVLLFLLPDLDDSLYP	Ketol-acid reductoisomerase, chloroplastic	K00053	PF07991.12	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	114.06	32	12	121	0	12	588	63.9	5.5
TRINITY_DN346_c0_g2_i1.p1	KISKGAVDEIVLGGSTRIPKQAMLSEFFNGKPE	Heat shock 70 kDa protein	K03283	PF00012.20	GO:0005524^molecular_function^ATP bindin	161.504	64	16	114	0	16	321	34.3	4.74
TRINITY_DN88_c2_g1_i3.p1	FLPSLFLVKKAIINRDTISVMKLAVALSIAAFAFT	Sulfate adenylyltransferase	K00958	PF14306.6	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	108.914	48	12	108	0	12	447	49.5	5.57
TRINITY_DN2390_c0_g1_i1.p1	MLSSLSRTLHRCASRSGIRCLATTGPPPLFNFTY	Putative dehydrogenase RA1029	K02932	PF02423.15	GO:0016491^molecular_function^oxidoreduc	170.185	72	15	157	15	15	349	36.7	5.33
TRINITY_DN1586_c0_g1_i3.p2	MKLVAALLVASAAAFAPASKASTLKVSEIELC	Fucoxanthin-chlorophyll a-c binding protein F	K01251	.	.	55.581	47	6	107	1	1	207	22.1	5.2
TRINITY_DN3745_c0_g1_i1.p1	MTLYALLSRLTRTLSSVSVGGVRFASLDAYEYV	Type-3 glutamine synthetase	K01915	PF12437.8	GO:0045335^cellular_component^phagocytic	151.759	48	20	107	20	20	716	78.6	5.71
TRINITY_DN1450_c1_g1_i4.p1	MKTGFATAALIASAAAFAPQAKPAFTSKIAAQDFL	Ferredoxin, root isozyme 2	K02641	PF00175.21	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	94.032	42	10	107	9	9	339	37.7	6.2
TRINITY_DN1975_c0_g2_i7.p2	MYYFPRSPSSVKHHKHTNYYMSMDTGNKLSLR	Peroxiredoxin III1621	K02997	.	.	88.05	46	12	106	1	12	231	26	7.03
TRINITY_DN3294_c0_g1_i3.p1	MASQTELESTYLEKKISAAAGAEDTTAKYAEAGSV	ATP synthase subunit alpha, mitochondrial	K02132	PF02874.23	GO:0009986^cellular_component^cell surfac	127.341	49	22	105	2	21	509	54.7	5.5
TRINITY_DN1538_c0_g4_i1.p1	MNRNTRLNIIIVILFSGISGLQNLSEFQSPETIRN	ATP-dependent zinc metalloprotease FtsH	K02693	PF00004.29	GO:0009535^cellular_component^chloroplas	153.916	46	24	104	24	24	641	70.5	5.41
TRINITY_DN676_c2_g1_i2.p1	TAYKIKLKTSTVNHSHIQPLEINRFTKMAOQLT	Calmodulin	K02183	PF00036.32	GO:0005509^molecular_function^calcium ior	85.843	58	8	104	0	8	179	20.3	4.56
TRINITY_DN228_c11_g1_i1.p1	LQNKFLKMTDITISCLEHGKGNKAVLYLADGSPIT	Protein Pyl1-3	K11338	PF00988.22	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	158.065	25	27	102	26	26	1543	169.9	6.4
TRINITY_DN336_c3_g1_i2.p1	MAANVPITFNEALNLAALGVPETSIKHLTMTSSD	Clathrin heavy chain 1	K04646	PF09268.10	GO:0030118^cellular_component^clathrin co	135.945	22	26	102	24	26	1715	192.1	5.58
TRINITY_DN679_c1_g1_i2.p1	MKRNQRYSQGSFMSYFQLYSTAVQIYSNMKIJ	Fructose-biphosphate aldolase	K01624	PF01116.20	GO:0004332^molecular_function^fructose-bi	97.57	29	12	99	5	12	431	46.9	5.49
TRINITY_DN7053_c0_g2_i3.p1	MSGESKADMDKAEILGKRRSPNRNLDVDDANDI	Cell division control protein 48 homolog E	K13525	PF02359.18	GO:0005618^cellular_component^cell wall^G	137.035	35	22	97	2	22	807	89.5	4.92
TRINITY_DN1470_c0_g1_i4.p1	MTFKLVLPVLLALLYLLKENEISWLRTPSGLTWT	Chaperone protein ClpB	K03696	PF13191.6	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	167.974	33	21	97	21	21	966	107.2	5.17
TRINITY_DN8060_c0_g1_i1.p1	MVSKGLAGAALAFASVGFAPGKPLKAPLS	Elongation factor G	K02355	PF00009.27	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	149.492	44	20	96	20	20	785	85.7	5.15
TRINITY_DN4272_c0_g1_i2.p1	TDSNYFESHTFIMEESGKGLSVVCGHVDAKGS	Elongation factor 1-alpha	K03231	PF00009.27	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	106.884	39	16	95	0	16	466	51.4	8.21
TRINITY_DN1015_c0_g2_i1.p1	MLSLEKLANLSGDETSVVEAIKAGDEKVSGFASN	Elongation factor 3	K03235	PF00005.27	GO:0022626^cellular_component^cytosolic ri	137.51	27	21	93	0	21	1039	114.3	6.23
TRINITY_DN2863_c0_g1_i1.p1	MFSLAESTLSRARSAYGLTSRFFHASSADLAKIA	Phosphoglycerate kinase, chloroplastic	K00927	PF00162.19	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	133.204	51	16	91	16	16	438	46.3	5.91
TRINITY_DN406_c1_g1_i1.p1	MIQRNFSSKLTAKMAILACIAIATRRGRHMTAA	Presequence protease 1, chloroplastic/mitoch	K06972	PF00675.20	GO:0048046^cellular_component^apoplast^C	168.66	27	21	90	0	21	1123	123.9	5.3
TRINITY_DN1689_c3_g1_i1.p1	MREIVHIQAGCGNQIQAQFWETMAEEHGIVSD	Tubulin beta chain	K07375	PF00091.25	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	108.832	28	9	87	1	9	447	49.9	4.77

TRINITY_DN2142_c1_g1_i2.p1	MKVVGIVAVLAAIHPTQVVAFTTRNVAPSISRVR Ferredoxin-NADP reductase, root isozyme 2, K02641	PF06695.11	GO:0009507*cellular_component*chloroplas	57.1	16	10	86	0	5	625	67.2	9.07
TRINITY_DN682_c0_g1_i2.p1	MLFLRNALAPVIRRSALTRNFASAAGAGLNTPLTE: Serine hydroxymethyltransferase 1, mitochon K00600	PF00464.19	GO:0048046*cellular_component*apoplast	74.618	36	15	85	2	15	504	55.4	6.76
TRINITY_DN25708_c0_g1_i1.p1	KKKNLISKIIMTKVVGIDLGTSTNSVAAIEGGQPS) Chaperone protein dnaK K04043	PF00012.20	GO:0009507*cellular_component*chloroplas	168.881	38	17	85	17	17	608	66.81	8.1
TRINITY_DN503_c2_g1_i1.p2	MKFKISALFATAAAFTPSAFTPTSTVQVSSALD Phosphoribulokinase, chloroplastic K00855	.	.	138.832	44	12	85	12	12	389	42.7	5.2
TRINITY_DN1526_c1_g1_i1.p1	MLWRTAANACILAVESRSLTSLRSDLFQKSLIT Soluble inorganic pyrophosphatase 6, chloro K01507	PF00719.19	GO:0009507*cellular_component*chloroplas	112.699	45	10	85	0	10	318	35.4	5.39
TRINITY_DN2339_c0_g1_i5.p1	MLRFSPLSLQLLLNTTGATATVNHHDVGAFQV Hypothetical K00121	.	.	126.023	22	15	84	0	3	770	82.7	4.94
TRINITY_DN229_c6_g2_i1.p1	MKFSTSVLTAISTLASAATAFAFTTSTRSFVATRV 30S ribosomal protein S1 K07937	PF00575.23	GO:0005840*cellular_component*ribosome	121.383	43	15	84	9	9	393	41.5	5.68
TRINITY_DN791_c3_g1_i1.p1	MKIHTSAVILMAAFRAQAFTGLKNTLSRLSRQQA Organelle oligopeptidase A, chloroplastic/mi K01414	PF01432.20	GO:0048046*cellular_component*apoplast	116.364	37	24	83	22	24	770	86.1	5.35
TRINITY_DN2142_c2_g1_i2.p1	MKLCLIASLASAFAATSSGAAFTTQSFNVGERSV ATP synthase gamma chain, chloroplastic K02115	PF00231.19	GO:0009535*cellular_component*chloroplas	107.449	55	12	83	0	12	367	39.5	8.47
TRINITY_DN203_c11_g1_i1.p1	MVNFTVDQMRAIMDLKHNRMSVIAHVHDHGKI Elongation factor 2 K03234	PF00009.27	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	74.636	20	17	83	11	17	863	94.9	5.97
TRINITY_DN1942_c1_g1_i1.p1	MVFSARALTLFLLVKGANAFSPMSMKPLASSVIK PGR5-like protein 1B, chloroplastic K15113	.	GO:0009535*cellular_component*chloroplas	128.063	34	7	82	3	7	324	35.8	5.11
TRINITY_DN1819_c2_g1_i1.p1	MKLVLSILFTVTNAYAFSAVATYVRQTALKMTF Uncharacterized oxidoreductase YrbE K09667	PF01408.22	GO:0016491*molecular_function*oxidoreduc	95.507	41	14	82	0	14	434	47.2	5.16
TRINITY_DN2362_c0_g1_i2.p1	HRIQSLTKETIIIEAKRESKIVTKLHWRICYCVLFL Puromycin-sensitive aminopeptidase K01256	PF17900.1	GO:0009507*cellular_component*chloroplas	133.551	33	22	81	0	22	1039	115.6	5.69
TRINITY_DN1739_c1_g1_i1.p1	MQKRRAFALAAALLSANAPQLSYAFTPPSNLNIYS Hypothetical K00262	.	.	104.642	35	21	80	0	21	860	93.9	5.05
TRINITY_DN1787_c0_g1_i3.p1	MHPDSTSHYIIRADSVRTSYDKTFLVMVATSRIPI Hypothetical K14821	.	.	115.56	21	14	79	0	14	575	65.1	5.64
TRINITY_DN3385_c0_g1_i4.p1	MKSQYONGPEGGTNSANAEVAPLEDYTFEHPAGI Intracellular transport protein 81 homolog K19589	.	.	117.049	22	19	79	19	19	1232	137.1	4.87
TRINITY_DN1987_c0_g1_i3.p1	MSRLSVSSICWQRLPRYHNPYHHVNNSVAPRI ATP-dependent protease ATPase subunit HSL K03667	PF07728.14	GO:0009376*cellular_component*HslUV pr	69.546	42	17	79	0	17	549	60.7	5.77
TRINITY_DN2041_c1_g1_i1.p1	MASAAATMMIRNVARRSLQMPFRFSYPSVGSURL Glycine cleavage system H protein K02437	PF01597.19	GO:0005960*cellular_component*glycine cle	97.089	33	3	79	3	3	157	17.1	4.5
TRINITY_DN176_c4_g1_i1.p1	MALRVAINKIGRQATSQTTRFLGAQAATAAATT Probable mitochondrial-processing peptidase K17732	PF00675.20	GO:0017087*cellular_component*mitochondr	97.763	37	11	79	11	11	480	52.8	5.78
TRINITY_DN302_c2_g1_i5.p1	MKLSLTVLPFLLTGTSFAFPVQKSTASSTACM Hypothetical K06173	.	.	70.327	40	9	79	9	9	217	23.5	5.78
TRINITY_DN574_c0_g1_i1.p3	MKVFRTLLAALVGGANAFQVTKISSSSKLSFVSK SPX domain-containing membrane protein At K18468	PF03105.19	GO:0016021*cellular_component*integral co	80.893	39	9	78	8	9	244	25.2	4.97
TRINITY_DN248_c6_g1_i1.p1	MTNVGLGINGFRIGRIGRLVMMRAAMEGEGYVNVVA Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase K00134	PF00044.24	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	114.43	62	13	78	10	13	343	36.3	6.09
TRINITY_DN12092_c0_g1_i2.p1	MLLKQTSANASSKASKAIGTRAMSGEKIFGV Chaperonin CPN60-1, mitochondrial K04077	PF00118.24	GO:0005829*cellular_component*cytosol GC	131.853	33	12	78	12	12	571	60.3	5.26
TRINITY_DN2718_c0_g1_i1.p1	MSRKLAVAVLTATVMSMETFTTVDGKSTPSTTRV Hypothetical K03032	.	.	81.947	31	13	78	1	13	543	60	5.08
TRINITY_DN3811_c0_g2_i1.p1	MASDQIQMVMNLFQEAHEKANERIKVTHEDFNL V-type proton ATPase subunit E3 K02150	PF01991.18	GO:0033178*cellular_component*proton-tra	76.296	52	12	77	12	12	220	24.8	5.71
TRINITY_DN20112_c0_g1_i1.p1	MTFVLPNGNKVTKVGGGAGFISIAKRLKENG GDP-mannose 3,5-epimerase K10046	PF01370.21	GO:0005829*cellular_component*cytosol GC	103.514	40	12	76	12	12	355	39.6	5.25
TRINITY_DN2339_c0_g1_i7.p1	MILSFPLSLQLLLNTTGATATVNHHDVGAFQV Hypothetical K00121	.	.	113.851	20	13	76	0	1	774	83.1	4.96
TRINITY_DN25492_c0_g1_i1.p1	MALPWRVYRHTVLPNDPGRILAVLHMHTALVAGV Photosystem II CP47 reaction center protein K02704	PF00421.19	GO:0009535*cellular_component*chloroplas	73.353	23	12	75	12	12	509	56.4	7.05
TRINITY_DN10819_c0_g1_i3.p1	ISRRLPSSSLSSLSRSLRSFSSLPITTTVYIGDL Chlorophyll a-b binding protein 6A, chloro K14403	PF00504.21	GO:0009941*cellular_component*chloroplas	60.913	22	6	74	1	6	348	37.4	9.01
TRINITY_DN1085_c5_g1_i1.p1	TNTVLPANNKHPTNLIETHLKLGRCCNSRAAKTIF Hypothetical K01835	.	.	111.688	44	15	74	14	15	567	61.5	5.54
TRINITY_DN3506_c0_g1_i5.p1	MMFQKQLALAIAMVTRTASFAFPRTIASRTITTS. 28 kDa ribonucleoprotein, chloroplastic K14411	PF13893.6	GO:0009507*cellular_component*chloroplas	116.137	52	13	72	0	13	413	44.9	4.96
TRINITY_DN698_c3_g1_i1.p1	RSVMTSSITGANFKLNKQPLSHHHQQQQQQ Aconitate hydratase B K00295	PF11791.8	GO:0005829*cellular_component*cytosol GC	74.738	23	16	72	16	16	927	100.3	5.36
TRINITY_DN850_c1_g1_i4.p1	MKDQQKEEAGEASVIAKGGHVPNGVAVELD Hypothetical K08994	.	.	93.751	49	10	71	10	10	282	32.5	6.83
TRINITY_DN10133_c0_g2_i1.p1	MFEKTFGEAKVIMLSQEEARRMGHNFVGTQLL ATP-dependent Clp protease ATP-binding sub K03695	PF02861.20	GO:0009507*cellular_component*chloroplas	119.662	25	16	70	15	15	880	99	6.18
TRINITY_DN139_c3_g1_i1.p1	GRAHGKSHDPEAKTLSDIGNAKVFGEMDPSKIQ Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase K00134	PF00044.24	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	115.125	69	13	70	4	4	284	29.8	6.01
TRINITY_DN165_c0_g3_i2.p2	LKRATSKALLSGRKTQSLYNKEMKIMTAASNVLRN Alpha-enolase K01689	PF13854.6	GO:0062023*cellular_component*collagen-ci	122.723	42	14	70	14	14	485	51.4	5.9
TRINITY_DN3490_c0_g1_i1.p1	MFRFSSIIIFAMALATGSGVSAFAPADVGRTSFI Enoyl-facyl-carrier-protein) reductase [NADH] K00208	PF13561.6	GO:0009507*cellular_component*chloroplas	109.744	40	11	69	11	11	372	39.1	5.8
TRINITY_DN549_c2_g1_i1.p1	MDRDSLKYKALAEQAERFDEMDVEDMKAQVKI 14-3-3-like protein K02630	PF00244.20	GO:0019904*molecular_function*protein doi	95.739	49	10	68	8	10	243	27.3	4.77
TRINITY_DN8376_c0_g2_i1.p2	MNTFTTTPVNLQEEYKTEIKAILNIDEELVGLVP Uncharacterized protein ycf39 K12586	PF05368.13	GO:0009507*cellular_component*chloroplas	98.877	52	14	68	14	14	292	33.1	6.6
TRINITY_DN4027_c0_g1_i1.p1	MHAKSIFFAFASTANAFSTAPPINRNQYNAVS Probable plastid-lipid-associated protein 9, cr K01750	PF04755.12	GO:0009507*cellular_component*chloroplas	66.979	34	6	67	0	6	267	29	4.54
TRINITY_DN1473_c14_g1_i1.p1	MSTQTLQIRMALRRLLIAKSSRSRTSAHFVSSVKS Glycine dehydrogenase (decarboxylating) K00281	PF02347.16	GO:0004375*molecular_function*glycine deh	106.866	22	16	67	1	16	1014	109.4	6.3
TRINITY_DN2128_c4_g1_i1.p1	QHTLVIVIDAINILRIFSYGVLTQYFPVKSKATNS Phosphoadenosine phosphosulfate reductase K00654	PF01507.19	GO:0004604*molecular_function*phosphoac	56.375	28	9	65	9	9	476	53.5	5.59
TRINITY_DN743_c3_g1_i2.p1	MKVPTNMIIQLFMVSAANAFVPSFSTSLRPS Membrane-associated protein VIPP1, chlorop K03969	PF04012.12	GO:0009706*cellular_component*chloroplas	105.499	53	13	65	7	13	328	35.8	5.95
TRINITY_DN21748_c0_g1_i1.p1	MKKVLFATTALIASAAVDRISYGRFLDLYN Porin K01188	PF13609.6	GO:0009279*cellular_component*cell outer i	43.296	32	7	65	7	7	352	36	4.36
TRINITY_DN367_c13_g2_i1.p2	PKFLRDISSDNLNLPPIHSHNKMIAILATLFASA. Photosystem II 12 kDa extrinsic protein, chlor K02719	.	.	48.673	25	6	64	6	6	175	18.4	9.11
TRINITY_DN1429_c0_g1_i3.p1	MKFSATISLLTITVISAFSGANNVYRLPTSSLDA 60 kDa chaperonin 2 K04077	PF00118.24	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	92.968	36	15	64	2	15	593	62.9	4.96
TRINITY_DN140_c1_g1_i2.p1	MSVRSVQVATKALQASKPRGYSNGSLNTRSFAS Hypothetical K00729	.	.	48.629	21	3	64	1	3	258	27.9	5.41
TRINITY_DN980_c0_g1_i3.p1	MKFLSALCLALAVNQYSAQFTLSPRTSLSPFS Dihydrolipoylysine-residue acetyltransferase K00627	PF00364.22	GO:0009507*cellular_component*chloroplas	82.302	27	12	63	0	12	675	69	4.92
TRINITY_DN2157_c1_g1_i1.p1	MKIAIAITLVSVAESAEFLSPNPPGAVGHGT Pyruvate, phosphate dikinase, chloroplastic K01006	PF01326.19	GO:0009507*cellular_component*chloroplas	106.95	29	19	63	18	19	971	106.2	5.19
TRINITY_DN7756_c0_g1_i1.p1	MFRISNVALAVVAGMSVKNKTSFAFSPMASTTTT. Trigger factor K08568	PF05697.13	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	85.812	33	15	63	0	15	657	72.1	4.87
TRINITY_DN695_c4_g2_i1.p1	REIEFVAIAFPSTLYQSIINQSIKMSIAVTLACMLA Hypothetical K01867	.	.	44.827	28	8	62	8	8	251	26.6	9.91
TRINITY_DN1953_c0_g1_i1.p1	MGSLIQRQTIAVLLALLLWLCINTSLTLALMVKT. Hypothetical K08057	.	.	91.445	17	19	62	0	1	1630	174.9	9.29
TRINITY_DN7853_c0_g1_i1.p2	MMRFAFPSSLASLAARRIFSNASSVNATPAFA Phosphoserine aminotransferase K00831	.	.	68.598	32	11	62	2	11	418	46	6.79
TRINITY_DN64_c4_g1_i1.p1	MNTLRIAGTNALKSLRKPAPVARSMTASSNEPI Aminomethyltransferase, mitochondrial K00605	PF01571.21	GO:0005739*cellular_component*mitochondr	111.71	48	13	62	13	13	417	45	5.97
TRINITY_DN1722_c0_g1_i2.p1	MKQFQTALFTLAAASHGNVSAFSGISSHSSSY Hypothetical K04554	.	.	93.426	29	18	61	1	18	1130	125.1	4.89
TRINITY_DN2339_c0_g1_i2.p2	MEAEQKPEPVMPEATIRKSTSPASKTKRSRSKK Hypothetical K00121	.	.	92.468	62	10	61	1	1	188	20.7	4.89
TRINITY_DN169_c5_g1_i8.p1	MVMMLLVLCIDFYMMIVVAFKRSYNSNMLMG Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase B K12571	PF00160.21	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	53.316	35	9	60	0	9	312	34.3	8.46
TRINITY_DN268_c0_g1_i1.p1	MKTSFVASLLIASAFAFTVPOQSTKSTRIVARASL Fuccoxanthin-chlorophyll a-c binding protein E K03544	PF00504.21	GO:0009535*cellular_component*chloroplas	65.366	46	6	60	6	6	208	22.1	7.43
TRINITY_DN604_c1_g1_i1.p1	MLQNFCKGYAARQSSQVNLWSRNKDAHSLFLFC Glutamate synthase 1 [NADH], chloroplastic K00264	PF00301.21	GO:0009501*cellular_component*amyloplasi	113.566	16	6	60	0	16	1642	181	6.6
TRINITY_DN7522_c0_g1_i1.p1	SLSLYRFLRIRRNCSQRQISVTHRRITNNYYLISSI Hypothetical K15210	.	.	73.125	41	10	60	10	10	212	24.3	7.12
TRINITY_DN485_c2_g1_i2.p1	MASEQIPTVPVAVDDNVAETAESTQQQAQPSQ Uncharacterized protein C458.0c K04523	.	GO:0005829*cellular_component*cytosol GC	65.938	22	12	59	11	12	535	60.5	6.26
TRINITY_DN1953_c0_g1_i3.p1	LTALMLVKFTAPTRIRPVCNQNGHWHPQTLSF Hypothetical K08057	.	.	86.844	17	19	59	0	1	1603	172.1	9.31
TRINITY_DN3909_c0_g1_i3.p2	MLPSTQRGEYEFKLDLFSYTKCFVSVSDNVGS: Importin subunit alpha K15042	PF01749.20	GO:0005829*cellular_component*cytosol GC	63.012	44	10	59	10	10	322	34.1	4.86
TRINITY_DN3273_c0_g1_i1.p1	VLFLYYNQQSHLFDSTNNNSIMKFSVSLFVCM. LL-diaminopimelate aminotransferase, chloro K10206	PF00155.21	GO:0010285*molecular_function*LL-L-diamin	92.027	46	12	59	12	12	470	51.1	5.26
TRINITY_DN228_c0_g1_i5.p1	MPQQRKLLAALAFALASEHSAFTPATLSSQCC Hypothetical K11338	.	.	48.235	16	11	58	0	11	1042	111.3	5.31
TRINITY_DN3387_c0_g1_i5.p1	MKIYPSKSKAKPKAAATGTKSKRVSYSYIYK Histone H2B K11252	PF00125.24	GO:0000786*cellular_component*nucleosor	42.92	41	5	57	1	5	117	12.7	10.21
TRINITY_DN1067_c0_g1_i1.p1	MKIYKALALCSLYSAANAFMVQLPKFASLAVKA Hypothetical K03070	.	.	74.994	39	8	57	6	6	330	35.4	4.92

TRINITY_DN939_c5_g1_i5.p1	MGRISATVAGLYLIAISSFTDFAQPAALLKARTQAP Pyruvate carboxylase 1	K01958	PF00289.22	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	72.517	22	17	56	0	17	1234	134.2	5.81
TRINITY_DN2732_c1_g1_i1.p1	MKTTALLASTMFAVTSFAFAPATRLAFQSGTRAF5F Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	K09565	PF00160.21	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	48.239	35	6	56	2	6	205	21.9	6.33
TRINITY_DN2233_c1_g1_i1.p1	MKFSSVLLVLLVATVSSWAPTIVLSFAFSSSSGLS Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, chloroplas	K03259	PF00160.21	GO:0009543^cellular_component^chloroplast	85.012	38	12	56	0	12	503	54.5	5.17
TRINITY_DN4675_c0_g1_i4.p1	VDTCCGSAVAASNYLKITDGGAVITTKLQEFSDFI CO2-inducible proteins B/C beta carboxylic an	K12367	PF18599.1	.	88.448	61	6	56	0	1	161	17.9	7.14
TRINITY_DN866_c2_g1_i3.p1	MVTQYSRLLSFVSPKTKGIVSARMSSTAKVWVW Succinate-CoA ligase [ADP-forming] subunit $\alpha$	K01899	PF02629.19	GO:0042566^cellular_component^hydrogenc	85.091	43	9	56	2	9	327	34.2	8.57
TRINITY_DN2070_c0_g1_i4.p1	MKLLTFSALLLCTTSTTSFAFPATPSSIIATAVKRS1 Thioredoxin 2	K12604	PF13417.6	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	82.442	31	7	55	0	7	330	36.8	6.86
TRINITY_DN3103_c0_g1_i1.p1	MKFGTFAFLIAASTLVQGAFAAPLQKSSLTPTKS Cysteine synthase, chloroplastic/chromoplast	K01738	PF00291.25	GO:0009570^cellular_component^chloroplast	115.32	48	12	55	12	12	370	38.5	6.8
TRINITY_DN527_c1_g1_i2.p2	MAPRLTLAAILGAGASAASAPPTLATRTVAPVV Glycerol-3-phosphate acyltransferase, chloro	K00630	PF01553.21	GO:0009507^cellular_component^chloroplast	37.566	34	5	55	0	5	223	24.1	5.31
TRINITY_DN1633_c0_g1_i4.p1	MMDLPFSTSKNQAVKIRMGEGLAGLKDAPITMVGL Long-chain-fatty-acid-CoA ligase ACSBG2	K15013	PF00501.28	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	69.497	26	12	54	0	12	661	72.1	7.49
TRINITY_DN546_c0_g1_i1.p1	MVCKFADIAPKATDLDNDYTNKYSLKCKKNAGP Mitochondrial outer membrane protein porin	K15040	PF01459.22	GO:0005741^cellular_component^mitochondr	85.638	48	9	54	4	9	264	26.9	9.13
TRINITY_DN405_c3_g2_i1.p1	MFLFKSASNLVIRHSNTLSRLQNPKRVANVGRCC Succinate-CoA ligase [ADP-forming] subunit $\beta$	K01900	PF08442.10	GO:0005739^cellular_component^mitochondr	60.396	37	12	54	12	12	433	46.6	5.76
TRINITY_DN1637_c3_g1_i4.p1	MTARPVLSVFLSGDKTSTPLPAVFATPIRSDDVVC 60S ribosomal protein L4-1	K02930	PF00573.22	GO:0005618^cellular_component^cell wall^G	77.834	47	13	54	13	13	379	40.8	10.45
TRINITY_DN1742_c1_g1_i6.p1	MSRVFRILSLVAITASATAFSLGSSRRVSRVVS Thioredoxin	K03671	PF00085.20	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	83.903	36	5	54	3	5	152	16.3	9.07
TRINITY_DN2360_c0_g1_i3.p1	MYGSKFNILTSFLASSITTTAFAFSLQNPSSSTRALY Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP16-3	K01802	PF00254.28	GO:0009507^cellular_component^chloroplast	42.527	41	9	53	2	9	214	22.8	5.4
TRINITY_DN8515_c0_g2_i1.p1	MAISRGVILVAAAFVQNASAFITSNVATTRRLN Magnesium-chelatase subunit ChID	K03404	PF00493.23	GO:0005524^molecular_function^ATP bindin	79.046	18	12	53	11	12	782	84.2	5.07
TRINITY_DN2699_c0_g1_i3.p1	MKFLYIPSTMLIVATAASSARNFVSAFIVSRNRNS Glutathione reductase	K00383	PF07992.14	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	70.38	24	9	53	0	9	568	60.8	5.72
TRINITY_DN46_c0_g2_i1.p1	MVMMLCFKIMSVMVFLPLCTRAFVPSPPRANTPIS tRNA threonylcarbamoyladenosine biosynthe	K12598	.	.	76.62	33	14	53	0	14	592	62.8	6.89
TRINITY_DN2301_c0_g1_i2.p1	MFQSKPGRFTSKAGAPAKSPSSNESNGKLYTKDF Type-3 glutamine synthetase	K01915	PF12437.8	GO:0045335^cellular_component^phagocytic	96.99	27	13	53	0	13	719	79.3	6.39
TRINITY_DN232_c0_g1_i2.p1	MRFTAFLITASAASAFAPASKTFSKSSLTQATVA Fructose-1,6-bisphosphatase, chloroplastic	K03841	PF00316.20	GO:0048046^cellular_component^apoplast^C	75.267	29	10	52	2	2	412	44.8	4.81
TRINITY_DN81_c12_g1_i1.p1	MSFETFATPQVINTITESWGPTSSSTTGNVVAAPGS Eukaryotic translation initiation factor 3 subu	K03251	PF05091.12	GO:0016282^cellular_component^eukaryotic	39.357	16	7	52	0	7	582	65.2	8.29
TRINITY_DN576_c0_g2_i4.p2	MQEAAYALLLVGGNQSPADDVNKVIACGAEF 60S acidic ribosomal protein P2	K02943	.	.	55.183	52	3	52	3	3	117	11.2	3.75
TRINITY_DN1282_c0_g1_i3.p1	HISIKNSQSLVVDKMKQYSKSLALLAVALPTTSA Stearoyl-[acyl-carrier-protein] 9-desaturase 2,	K03921	PF03405.14	GO:0009570^cellular_component^chloroplast	71.034	29	9	52	1	9	425	48.2	5.3
TRINITY_DN387_c0_g1_i1.p1	MSDEQSAAFQPTDDGYSAPSAHNNPIIFGAP Clathrin light chain	K02266	PF01086.17	GO:0030479^cellular_component^actin corti	76.046	22	7	52	7	7	230	25.8	4.23
TRINITY_DN2659_c0_g1_i2.p1	MQVNNKYNQCKIKESIKMILLAAALVTTVAGFAF Hypothetical	K07243	.	.	74.59	40	9	52	0	9	291	31.9	5.17
TRINITY_DN8470_c2_g1_i1.p1	MKYASIFLSAASVLTCSGFAPVPGSSAFNRMSVAAP Glutaredoxin-C3	K03676	PF00462.24	GO:0005794^cellular_component^Golgi appa	39.014	47	4	51	4	4	134	14.2	5.21
TRINITY_DN749_c1_g1_i1.p1	MLRSTFTFRHNRALGLGYSRFSSTKQVAEDYC Dihydriolipoyl dehydrogenase 1, mitochondria	K00382	PF07992.14	GO:0048046^cellular_component^apoplast^C	69.725	40	13	51	13	13	501	53.4	6.49
TRINITY_DN111_c1_g2_i1.p1	MRTTAISIFLVTAAFRAFLSGAEENKRSTQSDAV Putative serine carboxypeptidase-like 30	K14292	PF00540.22	GO:0005576^cellular_component^extracellul	90.145	23	7	51	7	7	592	66.7	5.52
TRINITY_DN4675_c0_g1_i4.p1	VDTCCGSAVAASNYLKITDGGAVITTKLQEFSDFI CO2-inducible proteins B/C beta carboxylic an	K02367	PF18599.1	.	81.739	76	8	51	3	3	129	14.2	6.09
TRINITY_DN2688_c1_g1_i1.p1	MMTHPRMASATLMVRAALHQTKPNKNLNLAAS Elongation factor Tu	K02358	PF00009.27	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	54.568	43	13	51	12	12	431	47.4	6.07
TRINITY_DN346_c1_g1_i1.p1	MAAVTGESVIGDLGTTVSCVGVWQNRVIEIANC Heat shock 70 kDa protein	K03283	PF00012.20	GO:0005524^molecular_function^ATP bindin	66.09	35	10	50	2	10	325	35.9	5.82
TRINITY_DN8376_c0_g3_i1.p2	MTIAGQNQERGLFDVLDWLKDRFVFGVSG Photosystem II CP43 reaction center protein	K02705	PF00421.19	GO:0009535^cellular_component^chloroplast	40.697	21	6	50	6	6	351	39.1	5.71
TRINITY_DN232_c0_g1_i3.p1	MRFTAFLITASAASAFAPASKTFSKSSLTQATVA Fructose-1,6-bisphosphatase, chloroplastic	K03841	PF00316.20	GO:0048046^cellular_component^apoplast^C	72.825	29	9	50	0	1	412	44.8	4.91
TRINITY_DN3587_c0_g1_i2.p1	MTEHPNPKAKTEENQVEKLLKTLTIVADTGDEIAEF Transaldolase	K00616	PF00923.19	GO:0005741^cellular_component^cytoplasm	59.574	38	12	49	12	12	325	35.7	5.34
TRINITY_DN239_c4_g1_i10.p1	MLRHLLFSSIALVPVLAASSTNSPLVDRRTTNGNL Hypothetical	K02932	.	.	81.916	13	14	49	0	14	1829	198.7	4.72
TRINITY_DN2660_c0_g1_i3.p1	MAPLTKSGFSFAASWLLFLLSATNTCPNSAFVATK CO2-inducible proteins B/C beta carboxylic an	K07513	PF18599.1	.	60.657	33	9	49	9	9	387	40.8	6.79
TRINITY_DN7411_c0_g1_i2.p1	MISGARTIIASATKATARAFHASTRAEARKFVGF Triosephosphate isomerase, cytosolic	K00134	PF00121.18	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	56.314	37	9	48	0	9	326	34.5	6.79
TRINITY_DN926_c0_g1_i2.p1	MNFVDETDESDFYFIFKVSGLVADMGSGSAM V-type proton ATPase catalytic subunit A	K02145	PF02874.23	GO:0048046^cellular_component^apoplast^C	100.68	31	12	48	11	12	624	68.7	5.07
TRINITY_DN107_c15_g1_i2.p1	MTENTFEFIGHTTVKGLAQMLKGGVMDVMNV Pyridoxal 5'-phosphate synthase subunit Pdx3	K06215	PF01680.17	GO:0036381^molecular_function^pyridoxal 5	49.829	28	9	48	9	9	328	35.3	6.34
TRINITY_DN3859_c0_g1_i3.p1	KISRVDQGRNQRKRSHFPHLYFITRIDYSVHHS Heat shock 70 kDa protein 4	K09489	PF00012.20	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	83.613	27	11	48	0	11	904	100.5	5.21
TRINITY_DN807_c8_g1_i1.p1	MKQFSIALSWLLAISSVVVQAQAPAAAGIRGT Carboxypeptidase Y	K13289	PF00450.22	GO:0005773^cellular_component^vacuole^G	73.286	27	9	47	9	9	613	68	5.08
TRINITY_DN3655_c0_g1_i1.p2	DDHWHAWDEGVAFYFSGLEGKDGSPAGVLLHEL Hypothetical	K09569	.	.	23.802	45	4	47	2	2	117	12.8	4.7
TRINITY_DN2836_c1_g1_i2.p1	YITVQWEQGRTRKVINHQASLLHLHIQKIVSI Geranylgeranyl diphosphate reductase	K10960	PF01494.19	GO:0071949^molecular_function^FAD bindin	84.231	33	10	47	0	10	511	56.4	8
TRINITY_DN2236_c1_g1_i1.p1	MSLPAQMRPVLPSRGFATVRAVLSGDTVLTGR Ribonuclease TUDOR 2	K15979	PF00565.17	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	63.154	19	11	46	2	11	940	102.1	6.84
TRINITY_DN1304_c0_g1_i4.p1	MRFSSLLTLLSPGLTAFGPVSRVDFAIRNIPMK Hypothetical	K06942	.	.	65.422	16	10	46	0	9	723	76.1	5.4
TRINITY_DN2701_c1_g1_i1.p1	MVFTGYHHMVLGICSPNIVLLTMSHLCCFLFLFY Hypothetical	K01834	.	.	47.009	38	9	46	0	9	274	32.4	6
TRINITY_DN2691_c0_g1_i3.p1	MVLPCVCIKTQEVGVVDELGFSKRLDDPGFHFIYP Hypersensitive-induced response protein 1	K00837	PF01145.25	GO:0005794^cellular_component^Golgi appa	50.98	38	9	46	3	9	282	31.1	6.05
TRINITY_DN1473_c9_g1_i11.p3	FLPEAKLRGSEGNPIEKAKQEKDQTSAFVDIYEYA Ferredoxin-nitrite reductase, chloroplastic	K00366	PF07700.15	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	66.724	28	13	46	13	13	550	61	5.86
TRINITY_DN2842_c1_g1_i1.p1	QTQIAAHSRIHLINKQQTTHQAVYSIIITHPSR ATP synthase B chain precursor (ATP-synt_B)	K11806	PF05405.14	.	76.3	33	9	46	0	9	356	38.5	8.4
TRINITY_DN1187_c0_g1_i1.p2	MTATCFIVTAAALSSLVGASANGRPSLHSHVQSSS Transitional endoplasmic reticulum ATPase	K13525	PF00168.30	GO:0032541^cellular_component^cortical en	53.862	17	11	46	0	11	932	100.2	5.4
TRINITY_DN3036_c4_g1_i1.p1	GLTARSASMNNGAAARRSSRRGGSGRGGGC Kinesin-like protein KIN-14N	K10405	PF16796.5	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	55.535	12	9	45	9	9	1022	113.9	8.65
TRINITY_DN88_c11_g1_i1.p1	TTESIISSKNMASLIMASAITRSAAKVAQKTLNLSFY NADH dehydrogenase [ubiquinone] flavoprot	K03942	PF01512.17	GO:0031966^cellular_component^mitochondr	58.502	35	12	45	12	12	510	55.9	6.54
TRINITY_DN718_c0_g1_i1.p1	MTTSLSDAEMQGEAQQTPLMPQEQDSQAQ Nucleoprotein TPR	K09291	PF07926.12	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	57.915	12	14	45	0	14	1863	210	5.2
TRINITY_DN1704_c1_g1_i2.p1	MLARTTNTLSRCNKNWFMHLSMRTLTSLVAGNS Trifunctional enzyme subunit alpha, mitochor	K07515	PF00378.20	GO:0016507^cellular_component^mitochondr	75.92	23	14	45	0	14	800	88.1	7.38
TRINITY_DN268_c0_g1_i3.p1	MKSVLFALAGSAAAAPSPSSRSRQTLKADLSSI Fucoxanthin-chlorophyll a-c binding protein C	K03544	PF00504.21	GO:0009535^cellular_component^chloroplast	74.004	49	6	45	6	6	205	21.5	7.5
TRINITY_DN1122_c0_g1_i5.p1	MMSTKSMSTKHKVFADGCFYAEINELLTRELAE 40S ribosomal protein S3-A	K02985	PF07650.17	GO:0005743^cellular_component^mitochondr	65.775	48	9	45	1	9	261	28.3	9
TRINITY_DN2069_c2_g1_i3.p1	MKLAIAATFMASTVAAFSPSLSGVSRASLKM5A Glutamate-1-semialdehyde 2,1-aminomutase	K01845	PF02022.21	GO:0009507^cellular_component^chloroplast	63.866	19	8	45	1	8	467	49.8	5.67
TRINITY_DN98_c26_g1_i2.p1	MSRWFRSEPMYISLVNDEAAHDCLADLGRGV Probable V-type proton ATPase 116 kDa subu	K02154	PF01496.19	GO:0031164^cellular_component^contractile	40.229	9	7	44	7	7	869	98.5	5.26
TRINITY_DN2545_c1_g1_i2.p1	MSSHQDERIFPRQKLDQLSVKDYAVVPRELYRTI V-type proton ATPase subunit B, brain isoform	K02147	PF02874.23	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	78.239	31	10	44	2	10	505	56	6.2
TRINITY_DN1361_c1_g1_i7.p2	MQRALRQVSAASRNMRFSFSAAAEESSTAG Autophagy-related protein 16	K17890	PF00400.32	GO:0000421^cellular_component^autophagc	34.445	24	3	44	2	3	171	17.7	5.47
TRINITY_DN1048_c0_g1_i3.p1	MKFSHVAICALATPVNFGVARNHVSFARPAS Hypothetical	K02377	.	.	64.744	22	10	44	0	10	415	42.6	9.67
TRINITY_DN25492_c0_g1_i1.p2	MKRFNILLVAILISLPTVASAIEGGLTKCESAAAF Photosystem II CP47 reaction center protein	K02704	PF00421.19	GO:0009535^cellular_component^chloroplast	49.377	29	3	43	3	3	185	20.5	8.7
TRINITY_DN372_c4_g1_i1.p1	MVRLISIALSIAISLTVSAAWTTVPFSRLRPLPTVK Hypothetical	K10878	.	.	52.7	30	4	43	4	4	264	29.3	4.86
TRINITY_DN2176_c0_g1_i4.p1	MKPLIFANFYATITLFTQTSVIVAFPKLQPSGSI Segment polarity protein dishevelled homolo	K03032	PF00595.24	GO:0030424^cellular_component^axon^GO:0	51.387	22	8	43	0	8	211	23.2	4.77
TRINITY_DN25488_c0_g1_i1.p1	KKILYQDNARRALEGRMEIMVAVSVTLGPKGRN 60 kDa chaperonin, chloroplastic	K04073	PF00118.24	GO:0009507^cellular_component^chloroplast	71.877	32	12	43	12	12	490	53.2	5.38
TRINITY_DN3629_c1_g1_i2.p1	MSGEQVNLMSKEGDFPVMDEVAKMSLKVSM E3 ubiquitin ligase complex SCF subunit scon-	K03094	PF03931.15	GO:0031467^cellular_component^Cul7-RING	38.667	32	3	43	0	3	165	19	4.36
TRINITY_DN4975_c0_g1_i7.p1	MRTLSGFKLASCRIRESVFLSLLCPLSLTHFHISSI Enolase 2	K01689	PF03952.16	GO:0000015^cellular_component^phosphop	55.696	22	9	43	0	9	531	56	



TRINITY_DN3916_c0_g1_i1.p1	MGFYQVLLVGGISSDFAQLSSRRPLPSTAHYGI ATP-dependent Clp protease ATP-binding sub K03696	PF02861.20	GO:0005524*molecular_function*ATP bindin	54.511	16	11	34	10	10	1110	121.8	5.35	
TRINITY_DN2978_c0_g1_i3.p1	RYFTTFFVIVVMISSPGVITPYCHRQSPHQIHHIII Hypothetical	K02180	.	47.615	23	4	34	0	4	307	33.2	5.6	
TRINITY_DN1740_c1_g1_i3.p1	MPTKALRSTLFLVAAGSGLNLTQSFQFQAQLSFL C-factor	K08832	PF00106.25	GO:0005576*cellular_component*extracellul	43.932	48	10	34	3	10	322	35.8	7.02
TRINITY_DN3639_c0_g1_i3.p1	MYFVLVLAIVSFGQALSILTRYVGGSHLQKQYVF Peptide chain release factor 1	K00574	PF03462.18	GO:0009507*cellular_component*chloroplas	56.332	20	6	34	2	6	420	47.4	5.76
TRINITY_DN2851_c0_g1_i6.p1	MKLAITVALLVGNAAAFMSMKDGSIGSRRDIL Superoxide dismutase [Fe]	K04564	PF00081.22	GO:0046872*molecular_function*metal ion t	35.783	27	5	34	5	5	266	29.1	6.54
TRINITY_DN2834_c1_g1_i3.p1	MPLYNIHQGKNSHIAHSRLYYVFLVPLVCCDDM Pyruvate dehydrogenase E1 component subu	K09503	PF00676.20	GO:0009507*cellular_component*chloroplas	53.727	20	11	34	0	11	900	99	6.07
TRINITY_DN452_c0_g1_i2.p1	MKLAVPSAISAAMAFYATTSTAFSTGRHLGRGRV Probable cytosol aminopeptidase	K01255	PF02789.17	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	50.713	23	8	34	3	3	426	45.6	6.29
TRINITY_DN2427_c3_g1_i1.p1	MKLLLALISISSAFAPAAAFKPTISAAAPVATNTQ Sedoheptulose-1,7-bisphosphatase, chloropl	K01100	PF00316.20	GO:0048046*cellular_component*apoplast* C	64.331	35	10	34	10	10	377	40.5	4.65
TRINITY_DN5286_c0_g1_i1.p1	MRTLATLLVAIFGIFISSTYSFSGKPLQSVHAPS Flavine reductase (NADPH)	K03294	PF05368.13	GO:0005829*cellular_component*cytosol*GC	67.006	46	10	34	0	10	283	29.5	8.28
TRINITY_DN811_c3_g1_i1.p1	MQYSNKALLVLTIVSSFAPIKNCQLSQESQKSFSS Glucose-6-phosphate isomerase, cytosolic	K01810	PF00342.19	GO:0005829*cellular_component*cytosol*GC	56.293	17	9	34	9	9	618	68	6.27
TRINITY_DN5101_c0_g1_i4.p1	MIMQIQPKLSIILWLTATNISGHAAFTAGGIPAKI Protein GrpE	K03687	PF01025.19	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	45.759	23	7	34	0	1	303	33.1	4.83
TRINITY_DN8107_c1_g1_i2.p1	MGDSAYSFLTFFSRGKLLQEYALNAVANGRTSI Proteasome subunit alpha type-2-B	K02726	PF10584.9	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	41.541	27	5	33	0	5	298	32.8	6.67
TRINITY_DN306_c1_g1_i4.p1	MVSQLRRTARLNRNRRSFSVRSNIQKNFKS 2-oxoglutarate dehydrogenase, mitochondria	K00164	PF16078.5	GO:0009353*cellular_component*mitochonc	45.662	12	8	33	0	8	1053	119.3	7.25
TRINITY_DN4318_c0_g1_i1.p1	MSTSHQNDNKAEQINSPPGDEAPALLAEETKQ Clustered mitochondria protein homolog	K03255	PF13236.6	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	57.785	11	10	33	0	10	1500	167.1	6.05
TRINITY_DN1394_c0_g1_i3.p1	EKKILFSLSLQSLQKSIILSVQRQSTQDRPTMPK Rubredoxin	K07513	.	41.541	25	8	33	8	8	385	41.8	5.41	
TRINITY_DN3659_c0_g1_i3.p1	MSEEDIEALVIDNGSGMKACKAGFDGADAPRSVFP Actin	K09569	PF00022.19	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	40.933	35	8	33	2	6	377	41.8	5.08
TRINITY_DN8107_c1_g1_i2.p1	LTNVKDCVARGFPEPSTPLVAVSQLLKDKINVI Pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phos	K00895	PF00365.20	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	48.513	53	11	33	1	8	320	35.1	5.73
TRINITY_DN2701_c0_g1_i5.p2	MFAARSTSTARRLLFKKXIVPAFQIANKHITLVLV 2,3-bisphosphoglycerate-dependent phospho	K01834	PF01209.18	.	38.994	35	5	33	4	5	283	31.9	6.86
TRINITY_DN2158_c0_g1_i2.p1	MVSKTLALFVTVLGVQAFAPNAPLVSSRRHRM Glutaredoxin-1	K03781	PF00462.24	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	44.827	41	5	33	0	5	201	21.7	7.14
TRINITY_DN2079_c0_g1_i1.p1	MKLAITLLLAGASAFMTPSAAPKAFITKLSMSEE. Fucoanthin-chlorophyll a-c binding protein	K04646	PF00504.21	GO:0009535*cellular_component*chloroplas	40.791	40	6	33	0	6	247	26.1	6.54
TRINITY_DN318_c1_g1_i2.p1	MTSFKDQKFTGLSLEEHPDELYDIEQEKNRQW Serine hydroxymethyltransferase 4	K00600	PF00464.19	GO:0005829*cellular_component*cytosol*GC	54.277	22	8	33	3	8	468	51.9	6.35
TRINITY_DN3014_c0_g1_i1.p1	MMBRLKNHPDAIQPRIFCLFYSATMLLSLAISSAN Polyamine aminopropyltransferase 2	K18059	PF00856.28	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	34.88	11	8	32	0	8	1284	144.8	4.82
TRINITY_DN3539_c0_g1_i2.p1	MKVXNLIYLNRYPNHPFLFRPTNTGPRPFVNIPK Tryptophan synthase	K01694	PF00290.20	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	40.089	16	9	32	1	9	779	83.5	5.97
TRINITY_DN10133_c0_g1_i1.p6	MTVQFKIYNSFNINGQVLNNEHQLNVLKSGI Elongation factor Tu, chloroplast	K02358	PF00009.27	GO:0009507*cellular_component*chloroplas	32.437	21	4	32	4	4	215	24.2	10.32
TRINITY_DN9957_c0_g1_i1.p1	MKFSTIATIAIAPVNAEVFKQFNDEAWKDR Calreticulin	K08057	PF00262.18	GO:0005783*cellular_component*endoplasm	36.723	26	9	32	3	9	398	45.3	4.55
TRINITY_DN2248_c3_g1_i1.p1	MLTSSISNYKNQVTLGVSKVIRRRSISIMSSST Probable cysteine desulfurase, mitochondrial	K04487	PF00266.19	GO:0005829*cellular_component*cytosol*GC	42.529	21	6	32	5	6	509	56.8	7.23
TRINITY_DN429_c1_g1_i3.p1	MLRFQKYTTLRKLGKPPSSARISFRGYSSGKAG Phosphoenolpyruvate carboxylase	K03231	PF00311.17	GO:000287*cellular_component*magnesium	50.966	15	9	32	0	9	1048	117.5	5.18
TRINITY_DN3740_c2_g1_i1.p1	MKLFCSILASAAAFVPSVQAFTRRPFLSNHGESS Uncharacterized protein At2g34460, chloropl	K18681	PF01370.21	GO:0009507*cellular_component*chloroplas	50.756	34	9	32	9	9	268	28.2	5.83
TRINITY_DN1377_c2_g1_i1.p1	MFRITLALCRSLAPLADRILVRRAAEQVTAGGLYL 10 kDa heat shock protein, mitochondrial	K04078	PF00166.21	GO:0005759*cellular_component*mitochonc	28.927	58	6	32	6	6	103	11.3	5.24
TRINITY_DN390_c0_g1_i3.p2	MNTIHSPPVTSRQQHNSIHKHQITPIMFITAA Hypothetical	K00513	.	61.531	34	9	32	0	8	436	47.7	5.66	
TRINITY_DN2530_c0_g1_i1.p1	MKLFAAAAIAFAAPSAFPTSVLNITKYVGSN1 1-deoxy-D-xylulose-5-phosphate synthase	K01662	PF13292.6	GO:0008661*molecular_function*1-deoxy-D-	42.142	16	8	32	8	8	733	79.5	6.54
TRINITY_DN4090_c0_g1_i2.p1	MKFSTSLFTNFVTAFAFAPSLIGSRLSHLDARKI Triosephosphate isomerase	K12816	PF00121.18	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	45.648	31	8	32	0	7	285	30.5	4.91
TRINITY_DN2413_c3_g1_i2.p1	QRLFAQKQLEDGRTLSDYNIQEKSTLHLVLRGG Polyubiquitin	PF00240.23	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	43.186	37	4	32	3	3	165	18.7	7.43	
TRINITY_DN457_c2_g1_i2.p1	GSRTNFSSGRGNADFSAYLGTGRGEGAKKGTAFN Iron-inducible periplasmic protein	K02957	PF07692.11	.	42.779	29	8	31	0	8	307	32.5	6.04
TRINITY_DN840_c0_g1_i2.p1	MLFRSRTSKLTSRLSTSPFKTKQTASLILNWNFSF Probable aldehyde dehydrogenase	K00294	PF00171.22	GO:0004029*molecular_function*aldehyde d	50.925	19	6	31	0	6	577	63.7	7.25
TRINITY_DN63_c2_g1_i3.p1	MLRVTTTHNLRVSNLLPSQGRYTSQAQRLEKD Molybdate transporter 2	K17785	PF09731.9	GO:0016021*cellular_component*integral co	44.534	16	7	31	0	7	607	66.5	6.34
TRINITY_DN43_c4_g1_i2.p2	MAFKDFIVRTLILSVAIQCVLQHCPSVSHKSNQK Transcription factor IIIB 90 kDa subunit	K15196	PF08271.12	GO:0005634*cellular_component*nucleus*Gt	41.89	17	5	31	0	5	395	42.8	6.55
TRINITY_DN132_c0_g2_i1.p1	MSEERKVALITGITGQDQSLYTELLAKGYTHGIF GDP-mannose 4,6 dehydratase	K01711	PF01370.21	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	58.857	34	9	31	9	9	362	41.1	6.55
TRINITY_DN1129_c2_g1_i1.p1	MRTLNLNLFITLFFVATAKHSTFGVPSVSVFGLI family	K00323	PF04278.12	.	36.649	26	6	31	6	6	339	36.8	4.81
TRINITY_DN2140_c0_g2_i1.p1	SKMFRHSNIYETLVSLFCMLNSHGHFLSSPSSDY Translation initiation factor IF-2	K20793	PF04760.15	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	37.247	14	8	31	8	8	921	97.1	6.83
TRINITY_DN2564_c0_g1_i2.p1	MINIVKIGVGAQEDTKLRYTLRHQRKPGSSWGP. Triosephosphate isomerase, cytosolic	K01803	PF00121.18	GO:0005829*cellular_component*cytosol*GC	59.939	47	9	31	5	9	294	31.4	5.07
TRINITY_DN2004_c2_g1_i1.p1	MSPTNDDLDLTLQDQDALAAQITKQAKVRE Glycine-tRNA ligase	K01880	PF03129.20	GO:0030424*cellular_component*axon*GO:0	37.324	13	7	31	7	7	715	80.1	5.45
TRINITY_DN2882_c1_g1_i1.p1	MKFFNAILAISCTSIVANAAAFVPSSSSPSCYQQRH Hypothetical	K20405	.	45.835	30	7	31	7	7	118	35.4	4.88	
TRINITY_DN4119_c1_g1_i1.p1	DRQHIFSSRERLSFQTNGCPYRIFSLIIMVLAHLIS Hypothetical	K17795	.	45.799	22	5	31	2	4	335	37.1	5.07	
TRINITY_DN6401_c1_g1_i1.p1	MSMQVSVKLVTSIVNVEEIKGLYKLTFLAPE Neuroglobin	K00059	PF00042.22	GO:0043204*cellular_component*perikaryon	51.443	66	6	31	6	6	151	16.9	5.16
TRINITY_DN695_c5_g1_i1.p2	PHCTVHYHYFIITPALTNYHYQHLSDIMKLSIAA Hypothetical	K01867	.	44.342	28	4	31	4	4	210	22.4	9.44	
TRINITY_DN1592_c4_g1_i1.p1	MRRLLTNSILLFTLPMFEASTPNQGTAAFVRKI Phosphoenolpyruvate carboxylase	K01595	PF00311.17	GO:000287*molecular_function*magnesium	43.658	12	7	31	0	7	991	111.3	5.92
TRINITY_DN98_c15_g1_i1.p1	MKLSQTAFAAFISIAPSAEFTPASLVASGSSST Protein ApaG	K12821	PF04379.14	.	48.66	20	8	31	8	8	629	69.9	5.7
TRINITY_DN248_c0_g1_i2.p1	MTKLIALTTAAALVSSANAFAPNSARSSTALS Chlorophyll a-b binding protein L1818, chloro	K00789	PF00504.21	GO:0009535*cellular_component*chloroplas	46.864	39	5	31	0	5	217	23.1	6.19
TRINITY_DN267_c0_g1_i1.p1	MKISSVLLTLGLSCHYSYQVNAFVNPVLSHRSRTI Acetylornithine aminotransferase	K06630	PF00202.21	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	32.678	16	6	30	2	6	481	51.2	6.74
TRINITY_DN71_c5_g1_i1.p2	MGKTKRPSALAAHAKIDKASLPPPPVPEELI Cytochrome P450 4V2	K19668	PF00067.22	GO:0005789*cellular_component*endoplasm	51.521	36	9	30	9	9	413	45	6.28
TRINITY_DN3170_c0_g2_i2.p1	MLRFASATALLLCISTSLASTLVDSGTALTRIPVPI hair defective 3 GTP-binding protein (RHD3)	K08741	PF05879.12	.	61.47	29	9	30	1	9	509	54.1	5.71
TRINITY_DN1650_c1_g1_i1.p1	NALTVRTHFKDSDLLFERIHRYSLFTKMKFTQSL Phosphoglycolate phosphatase 1B, chloroplas	K19269	PF00702.26	GO:0009507*cellular_component*chloroplas	51.195	30	7	30	7	7	387	42.2	6.34
TRINITY_DN1093_c0_g2_i1.p1	MSININGFGFRIGRLVMRRAAQNNPKVINVAINDI Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	K00134	PF00044.24	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	34.677	48	3	30	1	113	12.3	8.43	
TRINITY_DN4609_c1_g1_i1.p1	STHKFAFTLIAFYISPSIICHKQKQTLHSHVFKSA Chlorophyll a-b binding protein 6, chloroplast	K00939	PF00504.21	GO:0009941*cellular_component*chloroplas	39.793	28	6	30	6	6	312	34.2	8.56
TRINITY_DN2524_c1_g1_i1.p1	MLRCLYSSVFFVLSCLVAEAWSPAFSSSTRMSTK Diaminopyridine epimerase 1	K01778	PF01678.19	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	44.48	35	7	30	7	7	329	35.7	4.84
TRINITY_DN752_c4_g1_i1.p1	MTMKFQIAMSTILISAISTVMAFAPSSILLRPT ATP-dependent Clp protease proteolytic subu	K15210	PF00574.23	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	51.495	23	4	30	4	4	285	31.3	4.77
TRINITY_DN3813_c0_g1_i1.p1	MFSSKSSVLIQKLNFRDPKRCALFSRFVKATQAI D-2-hydroxyacid dehydrogenase	K02150	PF02826.19	GO:0031406*molecular_function*carboxylic ;	46.505	19	5	30	5	5	412	46.1	6.58
TRINITY_DN438_c0_g2_i1.p2	ITLHYRKYITMLSTLFRRAATLSSSSRSFMPVLR Hypothetical	K14297	.	30.335	20	5	30	0	5	298	32.1	8.38	
TRINITY_DN1718_c1_g1_i1.p1	MPIDINELRDYKGGDPAPKREYQAARFPAQWV Serine-tRNA ligase, cytoplasmic	K01875	PF02403.22	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	36.07	19	6	30	6	6	491	55.5	5.45
TRINITY_DN1154_c2_g1_i5.p1	MREDSSSKIMSDTDRSSKQVSRKQIYSKTVLPV EH domain-containing protein 2	K12483	PF16880.5	GO:0005901*cellular_component*caveola*Gt	38.81	26	9	30	0	9	560	63.7	7.81
TRINITY_DN95_c0_g1_i1.p1	AMAGDWEKLAQYQSSSDALIAEVDCTNDVNSQ Protein disulfide-isomerase-like protein EhSeq	K14521	PF00085.20	GO:0005783*cellular_component*endoplasm	24.342	34	6	30	6	6	174	19.7	4.65
TRINITY_DN476_c4_g1_i1.p1	MFALRSMTSKLPTVGSFKASMSRSMATIQMTVI Pyruvate dehydrogenase E1 component subu	K00162	PF02779.24	GO:0005759*cellular_component*mitochonc	29.082	35	6	30	6	6	361	38.9	5.17
TRINITY_DN4732_c0_g1_i2.p1	MTDITLHELCKFGALLRSKQPIFEDASRLNDRC Stage V sporulation protein K	K00939	PF02796.24	GO:0005524*molecular_function*ATP bindin	47.499	22	9	29	0	9	603	66.5	5.94
TRINITY_DN341_c0_g1_i2.p2	MRVSLKTYCLVFTLGTTLKASQAQNYDDYQDYAI Surface surface protein bspA-like	K00344	PF13306.6	GO:0016021*cellular_component*integral co	62.378	25	4	29	0	4	234	26.7	4.97
TRINITY_DN1085_c0_g1_i3.p1	MVSSVDNITSKEKRAQSTGDARPTTAAIKLYLEDK Carbamoyl-phosphate synthase [ammonia], n	K01948	PF00988.22	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	40.639	5	7	29	6	6	1504	165.8	5.36
TRINITY_DN2050_c0_g1_i2.p1	PLTSSSYKLSATIKRMITLRTATTTAKQKVTFFF NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha si	K03953	PF05368.13	GO:0005759*cellular_component*mitochonc									

TRINITY_DN580_c1_g1_i7.p2	MVSTTGSVLLAPSPDNTKYDFMYLYKGAAGGIC Mitochondrial phosphate carrier protein	K15102	PF13202.6	.	.	37.303	45	9	29	9	9	321	33.6	7.99
TRINITY_DN275_c0_g2_i2.p2	MAEEERGICVRDAAAFKAYAEHLKNSDKFEAF 40S ribosomal protein S19-2	K02966	PF01063.19	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC		32.947	17	6	29	6	6	148	16.7	8.87
TRINITY_DN2540_c0_g2_i3.p1	MKFSSSTLVLLARSVSSVSSKNSLVPFSSQLA Cell division cycle protein 48 homolog	K13525	PF00004.29	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm		65.509	17	9	29	8	9	924	99.9	4.88
TRINITY_DN795_c5_g1_i1.p1	ATIVAFSSGSSICNLLHSTAEFSSSSSFSRSPRVFL Protein translocase subunit SecA	K18192	PF07517.14	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm		36.742	7	5	29	5	5	1006	111	5.88
TRINITY_DN942_c3_g1_i2.p2	MKRTAVVTLACLASAFASPNSSGARVSTFNAAI Hypothetical	K18732	.	.		25.101	14	2	29	2	2	168	18.5	9.69
TRINITY_DN1380_c2_g3_i1.p1	MQLRNLTLALFASLASAKKHNEIKLEGHTYKENVIC Cathepsin Z	K08568	PF00112.23	GO:0005615^cellular_component^extracellular		29.084	14	3	29	0	3	139	35.1	5.03
TRINITY_DN9577_c0_g1_i8.p1	MHSTTNNQINQHLKSTAALARSNNTSPNYLTSVLU Hypothetical	K00731	.	.		33.966	21	2	29	0	2	198	22.2	4.79
TRINITY_DN2377_c0_g1_i1.p2	VHIIFFVNTTITATMTKPESVLKQATQAKIATMAK 60S ribosomal protein L7-3	K02937	.	.		35.747	40	9	29	8	9	253	28.1	10.04
TRINITY_DN368_c0_g1_i1.p4	MCTIIRKALVFLFLVLTFFHNAAFTGTSVNNVNV Cell division protein FtsZ	K03531	PF00400.32	GO:003186^cellular_component^CAF-1 com		34.584	21	7	29	7	7	494	51.4	7.28
TRINITY_DN1043_c6_g1_i1.p1	MKFFKSAFFLITSTATVTTAFSPSTSMITTRLSYV Photosystem II stability/assembly factor HCF1	K07579	PF14870.6	GO:0009535^cellular_component^chloroplas		57.303	27	7	29	0	7	425	46.2	6.57
TRINITY_DN1215_c1_g1_i1.p1	QLLSPSPQTPHAVFKLTAIYIILPTNPNELTNCISRII 1,2-dihydroxy-3-keto-5-methylthiopentene di	K08967	PF03079.14	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm		37.726	36	7	29	2	7	264	30.7	6.39
TRINITY_DN283_c1_g2_i3.p1	MVIPVEDFTSDDDDVTMGTSRLLDRKKSHEAAF CO2-inducible proteins B/C beta carboxylic an	K08081	PF18599.1	.		33.154	32	6	28	1	3	296	32.1	5.43
TRINITY_DN1503_c0_g3_i1.p1	MANKLSALLDKAITDIIAFANGETITKGTEELKGI 60S ribosomal protein L10a-1	K02865	PF00687.21	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC		38.929	33	7	28	7	7	230	25.7	9.55
TRINITY_DN2589_c0_g1_i2.p1	MDADLKAQAVLEHLELAGWKAIIARATDPATRH Protein CbbX	K06027	PF13857.6	GO:0005524^molecular_function^ATP bindin		58.594	25	9	28	3	3	581	63.7	5.64
TRINITY_DN382_c2_g2_i1.p1	MTEETTDLTKMITESELEWPMNKVRQTFIDFFVC Alanine--tRNA ligase	K01872	PF01411.19	GO:0009507^cellular_component^chloroplas		35.213	12	8	28	8	8	973	106.4	5.19
TRINITY_DN65_c0_g1_i9.p2	MAVGECQTRNVDDYDDDEQKKVAPPLDEGDIA 26S proteasome regulatory subunit 7	K03061	PF13432.6	.		31.543	25	8	28	7	7	470	51.3	6.73
TRINITY_DN5101_c0_g2_i5.p1	MIMQIQPKLSIILWLSLATNIGHAAFTAGGIAPK: Protein GrpE	K03687	PF01025.19	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm		40.847	23	7	28	0	1	303	33.2	4.83
TRINITY_DN1849_c2_g1_i1.p1	MLSXNCSAIAAIFLAAANASAFMPSNVPSRGR Chloroplast stem-loop binding protein of 41 k	K17422	PF01370.21	GO:0048046^cellular_component^apoplast^C		46.385	40	10	28	10	10	406	44.5	5.15
TRINITY_DN2131_c1_g2_i4.p2	MQVFKVTLGTKITLDEVESDTIDNVTKIQDKEGIF Ubiquitin-40S ribosomal protein S27a-1	K02977	.	.		27.733	31	5	28	0	4	154	17.7	9.89
TRINITY_DN12583_c0_g1_i1.p1	ERGITNNSHVEYATANRHYAHVDCPHADHYKNI Elongation factor Tu	K02358	PF00009.27	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm		25.182	32	3	28	2	2	131	14.4	4.73
TRINITY_DN3095_c0_g1_i1.p1	MKTAIAFALLAGSAAAFVNPANVAPRSLTVAHMSS Fucoxanthin-chlorophyll a-c binding protein C	K02908	PF00504.21	GO:0009535^cellular_component^chloroplas		24.094	21	4	28	4	4	229	24.9	6.68
TRINITY_DN3497_c1_g2_i1.p1	MSDFKGLMGMPNPLDISAEVQGEMLDYDKLI Adenosine kinase 1	K03076	PF02094.24	GO:0048046^cellular_component^apoplast^C		30.759	28	6	28	6	6	347	37.5	4.96
TRINITY_DN3207_c0_g2_i3.p1	MIRSVTSLQPIKRVVSSAPSILNMLTMTVPTTNTI Alanine--glyoxylate aminotransferase 1	K03841	PF00266.19	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC		29.325	16	6	27	0	6	469	51.8	6.81
TRINITY_DN57_c2_g1_i1.p1	MYFTVASTLRILLANIGGCSLITANSYDLASATP: Transforming growth factor-beta-induced pro	K01887	PF02469.22	GO:0005615^cellular_component^extracellular		63.995	27	4	27	4	4	341	35.8	4.72
TRINITY_DN5734_c0_g1_i2.p2	MAFSHLPAVLQPTLEDIQMMLNSANVHSGTKNSD 40S ribosomal protein S0	K02998	.	.		35.078	29	6	27	0	6	275	30.4	5.07
TRINITY_DN3155_c0_g1_i1.p1	MSNINVAMLTSGGLPCLSSSIAIHYWYSAAKKS Pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1-phos	K00895	PF00365.20	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm		37.347	49	6	27	0	1	176	18.9	7.49
TRINITY_DN4346_c0_g2_i1.p3	MTLNLQTPPTFFGGSTGGVLRSAEVEEKYAITWT Cytochrome b6	K02635	PF00033.19	GO:0009535^cellular_component^chloroplas		21.836	44	6	27	6	6	139	15.5	9.39
TRINITY_DN526_c2_g1_i4.p1	MDIPQNVLDIIGKLDVADQDIVKSYIAQLHPAGSN Putative protein FAM10A5	K09560	PF13432.6	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm		24.046	31	3	27	1	1	204	22.4	4.67
TRINITY_DN927_c0_g1_i4.p1	WKSSSSSVAMVAASGLTSTTGSFASREKDI: Adenylosuccinate synthetase	K01939	PF00709.21	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm		25.756	15	6	27	0	6	543	59.2	7.06
TRINITY_DN3555_c0_g1_i2.p1	SCKHLPLASCNTYKLSKSNTHIMKLFALLSTLVA5: Fucoxanthin-chlorophyll a-c binding protein E	K05917	PF00504.21	GO:0009535^cellular_component^chloroplas		42.551	43	5	27	1	5	228	24.5	9.01
TRINITY_DN1020_c0_g2_i2.p1	MNLKTAIVLITHFASTIHAFITLTMGSGNSFGRVFR Chorismate synthase	K01736	PF01264.21	GO:0004107^molecular_function^chorismate		46.218	25	5	27	5	5	440	46.9	6.21
TRINITY_DN647_c0_g1_i2.p1	MISVTKILVFLPVIQAFTGTPHHTKSMRSTPYPT Hypothetical	K01057	.	.		25.121	23	5	27	0	5	271	29.2	7.33
TRINITY_DN9_c0_g2_i1.p2	MATERFHAVKPDGVQRGLVDIIRFEKRKYKLV Nucleoside diphosphate kinase 1	K00940	.	.		29.644	41	5	27	2	2	151	16.9	6.01
TRINITY_DN1085_c6_g1_i1.p1	MIFRSIAPSLSAVAKTIVRSFNSAVSSKAVVLG: Malate dehydrogenase, mitochondrial	K00026	PF00056.23	GO:0005759^cellular_component^mitochonc		45.744	29	5	27	5	5	349	36.8	5.92
TRINITY_DN14_c0_g1_i1.p1	ELDSLEFNLFQFVKPSLALHTHTHQFEEITMVSU: Geranylgeranyl pyrophosphate synthase, chlo	K13789	PF00348.17	GO:0009507^cellular_component^apoplast^C		17.095	7	2	27	2	2	379	40.8	5.17
TRINITY_DN1316_c2_g1_i2.p1	MSKAVSTAFMILTFLFYGRAFMGSLTRQGRAAIF: Arginine--tRNA ligase	K01887	PF03485.16	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm		32.436	10	6	27	6	6	755	84.3	5.82
TRINITY_DN1028_c0_g1_i7.p3	FLPRYGVNKRDKKEETQSTSIASSFSPIKMT tRNA pseudouridine(31) synthase	K03320	PF08637.10	GO:0016021^cellular_component^integral co		31.783	32	4	27	0	4	197	20.9	8.07
TRINITY_DN3197_c1_g1_i2.p1	MTDMKRVLYGGKGTWIGGLMAELVKKEGLELF: Bifunctional dUDP-4-dehydrohamnose 3,5-eq	K03783	PF04321.17	GO:0048046^cellular_component^apoplast^C		36.431	31	7	27	4	7	309	34.8	6.11
TRINITY_DN735_c4_g1_i1.p1	MKYFSTALSTVLLASFSHYNSALSIVKTTTRPSLF: Homoserine dehydrogenase	K07376	PF03447.16	GO:0004412^molecular_function^homoserin		31.558	21	8	27	0	8	502	54	6.21
TRINITY_DN3220_c0_g1_i2.p1	MKFNIAATALITATSCVTVSTFYSTYTKAFKCIKRT Hypothetical	K00228	.	.		41.113	18	7	27	4	7	523	57.9	4.93
TRINITY_DN5508_c1_g1_i4.p1	PPSCSSSSRRITSPISITSNPATSTTTTTSSSRLE/ Hypothetical	K01395	.	.		33.303	20	6	26	0	6	394	40.6	6.58
TRINITY_DN1571_c1_g1_i2.p1	MFRSTLLLLIAFANAFAPSLMPKATQLKAVLTP Hypothetical	K03249	.	.		41.436	43	5	26	0	5	159	17.5	7.94
TRINITY_DN1288_c2_g1_i2.p2	MKHVAAYLLLVGGNQSPADDVNTALASVGI EA 60S acidic ribosomal protein P2	K02943	.	.		16.094	16	2	26	2	2	115	11.3	4.04
TRINITY_DN3948_c2_g1_i1.p1	MVKTTSLLLSAGICTAQAFAPSTVVPNTNTNIQEL Hypothetical	K06942	.	.		28.059	39	5	26	0	5	198	21.8	7.37
TRINITY_DN42_c2_g1_i4.p2	MKLITAVLSSVTFAPFAPSYNLUSSSRLYSTVEVNA Dapdiamide synthesis protein DdaC	K12399	PF08332.10	.		38.688	17	5	26	0	5	451	50.4	5.87
TRINITY_DN3276_c0_g1_i1.p1	MLSCRMPLRAASSLRTTQPLVFAFASTSCPQIQLH Isocitrate dehydrogenase [NADP]	K01062	PF03971.14	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm		39.679	14	7	26	0	7	823	90.7	7.17
TRINITY_DN131_c0_g2_i2.p1	MIATLRSSTGTGTTKGSFRGAFLLTLLNQDKRI Peroxiredoxin-2F, mitochondrial	K12833	PF08534.10	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm		19.937	28	5	26	5	5	204	22.5	6.92
TRINITY_DN2327_c0_g1_i1.p1	MTGLDSNTKLTLYPFIGGAEARILTAAGGIPT Glutathione S-transferase 1	K04097	PF02798.20	GO:0005212^molecular_function^structural c		46.692	37	7	26	7	7	237	26.1	5.11
TRINITY_DN2589_c0_g1_i1.p1	MDADLKAQAVLEHLELAGWKAIIARATDPATRH Protein CbbX	K06027	PF13857.6	GO:0005524^molecular_function^ATP bindin		54.762	22	7	26	1	1	495	54.2	5.69
TRINITY_DN1513_c1_g2_i2.p1	MNSALSFLVCLAAVINQTSVHAFTSVLARQRQAFI Hypothetical	K00033	.	.		38.247	24	5	26	1	5	301	34.1	5.25
TRINITY_DN2127_c0_g1_i2.p1	MSYQVAINSEKQTPGEQYKLEMAAACPRANFA V-type proton ATPase subunit C	K02148	PF03223.15	GO:0031164^cellular_component^contractile		40.565	36	8	26	1	8	422	47.2	5.24
TRINITY_DN1297_c0_g1_i3.p1	MSDNRSRSRSRSPARHDDHGAPSNNNYGGGD 28 kDa ribonucleoprotein, chloroplastic	K14411	PF00076.22	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm		36.441	22	7	26	0	7	375	39.1	5.83
TRINITY_DN661_c0_g1_i1.p1	MISPITNKKFKVSSRSTMMYRSVRSLSLTKSSY Probable enoyl-CoA hydratase, mitochondrial	K07511	PF00378.20	GO:0005759^cellular_component^mitochonc		49.593	42	8	26	0	8	300	32.7	7.36
TRINITY_DN303_c0_g2_i2.p1	MRFNLNLAEFVLDVGHETKLVLDFTASWCCPCR. Thioredoxin	K03671	PF02966.16	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm		32.476	43	3	26	3	3	103	11.5	4.84
TRINITY_DN2608_c1_g1_i2.p1	MEGAFNLGSAGVDKGENARLSFIGAIAIDMKVI T-complex protein 1 subunit beta	K09494	PF00118.24	GO:0005832^cellular_component^chaperonin		38.882	20	7	26	2	7	527	57.3	5.5
TRINITY_DN12506_c0_g1_i5.p1	MSXIGIHHGLTDNIHGHFEALIRGMRCFLDKA V-type proton ATPase subunit d	K02146	PF01992.16	GO:0031164^cellular_component^contractile		38.418	33	7	26	7	7	389	43.7	5.14
TRINITY_DN480_c0_g1_i5.p1	SALCCTKEKIDFKMADTTFLFTSEVNEGHPDKFCI S-adenosylmethionine synthase	K00789	PF00438.20	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC		49.132	30	7	26	0	7	399	43.7	5.44
TRINITY_DN57_c3_g1_i1.p1	QHNLISIAIPRRYLKPFLLDIITRTQTHNQLSKMAD DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 56	K12812	PF00279.29	GO:0005634^cellular_component^nucleus^Gt		29.869	15	5	26	0	5	465	53	5.97
TRINITY_DN383_c0_g1_i1.p1	MKFLATACIFLTVNSVGFAPSTQVGSFFVGRVC 3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase 1	K14327	PF00109.26	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm		54.733	32	8	26	8	8	479	50.9	5.81
TRINITY_DN3149_c0_g1_i4.p1	MNSSLVLTLPSPNSLRYSMPNRSLLRAVASAPP Ornithine aminotransferase, mitochondrial	K00819	PF00202.21	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm		34.023	21	7	26	0	7	493	53.5	6.76
TRINITY_DN205_c6_g1_i1.p1	MTSIEIKKTTVSQVDSLASVPSLLTDFSVLSTHF. Proteasome activator complex subunit 1	K01693	PF02252.18	GO:0008537^cellular_component^proteasom		39.72	6	25	2	6	245	26.7	7.31	
TRINITY_DN2000_c1_g1_i5.p1	MRFSAAGVAAIAGPIAAMAFVQPSVRSKASLGQ Ferredoxin-dependent glutamate synthase 2	K00284	PF00310.21	GO:0051538^molecular_function^3 iron, 4 su		47.98	14	12	25	12	12	1696	184.3	5.91
TRINITY_DN1699_c0_g1_i3.p1	MVLLSSNSKAYISLTLIASQVSTSHAQFCQDSTSI Hypothetical	K00128	.	.		31.313	20	5	25	0	5	428	47.9	4.53
TRINITY_DN303_c6_g1_i4.p1	MKVITLAINCSALAFAPQARTTGTSTRYRNLDA: Hypothetical	K14327	.	.		37.024	20	6	25	0	6	402	42.7	7.72
TRINITY_DN23602_c0_g1_i1.p2	MNVEWTDPPHRSNYSWELWGLFLPDIKDAGSVI Ribulose biphosphate carboxylase large chai	K01601	PF02788.16	GO:0009507^cellular_component^chloroplas		25.45	34	4	25	4	4	107	12.2	5.45
TRINITY_DN1807_c0_g1_i1.p1	MQSSKSVMIYALALATASLTPVITQSFSLNQPAVI Hypothetical	K06207	.	.		34.695	17	8	25	0	8	677	74.5	5.63



TRINITY_DN850_c4_g1_i1.p1	FFLFIHIFHIFSKQKHHTSLIYPMKPLGHIJPTLCLF Hypothetical	K08994	.	.	.	35.909	19	3	25	3	3	281	31.3	8.4
TRINITY_DN4220_c0_g1_i1.p1	MASSSSKLLNLALRRYSSGTRAMARFSPSSFRG Dihydrodipolyllysine-residue acetyltransferase	K00627	PF00364.22	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	46.446	18	7	25	7	7	524	54.3	4.88	
TRINITY_DN19216_c0_g1_i1.p1	MVFRKRVVEGRRVLLVNYGDAGKLATIIDVDQNS 60S ribosomal protein L14	K02875	PF01929.17	GO:0098556^cellular_component^cytoplasm	23.242	26	3	25	3	3	134	14.9	10.17	
TRINITY_DN2019_c0_g1_i2.p1	MFNRRNSKKVETAEVGLPLVQDRLQKEVFNQS. Protein transport protein sec1	K15292	PF00995.23	GO:0005886^cellular_component^plasma me	40.532	21	8	25	1	8	637	71.6	8.15	
TRINITY_DN1570_c2_g1_i2.p2	MADSSPALLNDEITDGLDNSQASVCIVHPVLVI Eukaryotic translation initiation factor 3 subu	K03249	PF00201.18	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	36.795	22	5	25	0	5	335	36.8	4.96	
TRINITY_DN999_c0_g1_i17.p1	MKLQVFLIALLPLTPIAAKTILGDVLSLYMKVALVI Heat shock 70 kDa protein 17	K09486	PF00012.20	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	25.041	10	6	25	0	6	892	100.1	5.17	
TRINITY_DN1543_c0_g1_i3.p1	MVSVKVAEAALLTMGAATAWQPSSKSTFVPSRT Magnesium-chelatase subunit CHiH, chloropl	K03403	PF11965.8	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	20.56	4	5	25	0	5	1409	154.9	5.25	
TRINITY_DN104_c3_g1_i1.p1	MAKELISSQMASAQWIAFLESKRASKLDAISNA Protein CASP	K09313	PF08172.12	GO:0005768^cellular_component^endosome	42.818	12	6	25	0	6	794	90.3	5.3	
TRINITY_DN3497_c2_g1_i2.p2	MTNRSLLAISVAFAPAKTSLPYKFSRLEAKIH Thylakoid luminal 17.4 kDa protein, chloropl	K00856	PF12796.7	.	36.306	44	7	25	0	7	237	25.7	7.77	
TRINITY_DN3400_c0_g1_i1.p1	MSVLSLRNVHQSFPNTKSQKSMKKSRSRSLTQQH Protein of unknown function (DUF1350)	K09838	PF07082.11	.	33.409	12	6	25	0	6	567	63.4	5.55	
TRINITY_DN1499_c2_g1_i2.p1	MTETNALGHPIKPKTPVPSDIQSKDVKEVGLVC Formate-tetrahydrofolate ligase	K19513	PF01268.19	GO:0048046^cellular_component^apoplast C	40.003	17	7	24	0	7	654	69.8	6.49	
TRINITY_DN19_c5_g1_i2.p1	MKLVLTSATALALIASHFSTPLNHSIMVGSTP 2-isopropylmalate synthase 2, chloroplastic	K01649	PF0682.19	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	43.674	19	7	24	0	7	653	69.8	5.81	
TRINITY_DN1621_c0_g1_i3.p1	MLKFSVVVYLVLIGTSSIEGFTVCSNTAHRQPKVF Protein GrpE	K10848	PF01025.19	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	41.214	27	5	24	0	5	311	33.9	4.79	
TRINITY_DN2645_c0_g1_i1.p1	MATISKTGTLLAAAFDNGAILQPHQFGRRPTGPPI NADP-dependent alcohol dehydrogenase C 2	K07904	PF08240.12	GO:0008106^molecular_function^alcohol del	34.628	18	6	24	6	6	379	40.4	6.15	
TRINITY_DN1307_c0_g2_i1.p1	MKLQSLFFLLAALSETDAFSIHRQCFPRASLSSPS Hypothetical	K10706	.	.	42.677	38	8	24	8	8	355	38.8	5.01	
TRINITY_DN805_c6_g1_i3.p1	MSEERGGFRGRGRGRGRGRGRGRGQGSREE: 40S ribosomal protein S2	K02981	PF00333.20	GO:0015935^cellular_component^small ribos	22.125	19	4	24	3	4	252	27.3	9.99	
TRINITY_DN1230_c0_g3_i1.p1	MKISITNSFTLSTLUNYLPKEGTCFVPLSHDQNSLL Hypothetical	K06067	.	.	29.475	16	8	24	8	8	682	73.5	9.41	
TRINITY_DN293_c1_g1_i6.p2	MKLISIASLLSAGSALGFAPAPISGANRVATSLNA Cytochrome b6-f complex iron-sulfur subunit,	K02636	PF02390.17	GO:0008176^molecular_function^tRNA (guar	27.695	17	3	24	3	3	212	22	6.3	
TRINITY_DN122_c2_g1_i1.p1	MNMTNIPSPFYSLSSQQSFLDLSLTKIITEHEVSI Translin-associated protein X homolog	K16911	PF01997.16	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	25.657	17	5	24	0	5	461	52.3	5.95	
TRINITY_DN1770_c2_g1_i1.p1	QAYFSAGHPFLFLHAHTHYTHIHPTFNTYIMEEII DNA-directed RNA polymerase II subunit Rpb	K03012	PF03874.16	GO:0000932^cellular_component^P-body GC	20.356	15	3	24	3	3	186	21.3	4.81	
TRINITY_DN3759_c3_g1_i2.p1	MPELTKEIDDLRASDFDMFDYDKSGTIDAKELQEV Calmodulin	K02183	PF00036.32	GO:0005509^molecular_function^calcium ior	37.303	34	3	24	1	3	146	17.1	4.48	
TRINITY_DN227_c1_g1_i1.p2	MAPQLKVGIVNGPKKAAVAATGKYYPADDIKTP 60S ribosomal protein L6	K02934	.	.	36.388	42	6	24	6	6	191	20.5	9.99	
TRINITY_DN1197_c1_g1_i1.p1	MYIKTVLVSLLFASAFAPSSSTIANSHSSSASTTT Peroxiredoxin Q, chloroplastic	K03564	PF00578.21	GO:0009543^cellular_component^chloroplas	22.656	20	3	24	3	3	206	21.8	8.87	
TRINITY_DN365_c15_g1_i1.p1	MGGQSSFLAALLLLSHASAFPLNGGTLQNSVLLN Polycycopene isomerase, chloroplastic	K01312	PF00890.24	GO:0031969^cellular_component^chloroplas	42.815	20	6	24	7	7	611	66.3	6.64	
TRINITY_DN979_c1_g1_i1.p1	MSAPKTPMENAIRSFAITSNVSKANVCPFTVRLAI Cytochrome c peroxidase, mitochondrial	K00434	PF00141.23	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	41.48	20	6	24	6	6	415	46	6.65	
TRINITY_DN3166_c0_g1_i3.p1	MADFTVGEASQNLQFIKAIEPYGIKTEPGSALRK Flagellar calcium-binding protein	K17768	.	GO:0031514^cellular_component^motile cilii	38.508	7	3	24	0	3	721	79.9	4.74	
TRINITY_DN2992_c0_g1_i1.p1	MKTSPALAAALTTLLTSTVHAFAPHARIGNTQLI 15-cis-phytoene desaturase, chloroplastic/chr	K05293	PF00743.19	GO:0009507^cellular_component^cytoplasm	38.506	15	6	24	6	6	622	68.6	6.18	
TRINITY_DN51_c3_g1_i2.p1	MKINIASPITGLQKUIEIDDEVKLNQLYKRMQAEL 40S ribosomal protein S6	K02991	PF01092.19	GO:0022627^cellular_component^cytosolic si	37.013	26	5	24	1	5	246	28.1	10.65	
TRINITY_DN2087_c0_g1_i2.p1	MIFVYKPIVLSFAAQATLPAVFATLKAIVRGVSGM Arginine biosynthesis bifunctional protein Arg	K00620	PF01960.18	GO:0005759^cellular_component^mitochonc	28.494	17	7	24	0	7	505	53.8	5.24	
TRINITY_DN4514_c1_g1_i1.p1	MIYNNGKLIALFAGSSAFNLMQPTQTFTGHSTV N-acetyl-gamma-glutamyl-phosphate reducta	K00145	PF01118.24	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	29.976	26	7	24	2	7	357	39	5.48	
TRINITY_DN675_c3_g1_i1.p1	MSPSSSFPEMTMTTATTSKENRKHAVDIRIFLUI Polyamine aminopropyltransferase	K01365	PF02675.15	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	27.614	13	7	24	0	7	813	91.2	5.47	
TRINITY_DN1117_c2_g1_i1.p1	MNLNLAISFIALFAVNAVNTDLEKIHVRVFDVSI Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CYP19-4	K08994	PF00160.21	GO:0005829^cellular_component^cytosol GC	27.063	37	6	24	4	5	200	21.7	6.7	
TRINITY_DN564_c2_g1_i1.p1	MMMLIINFLLSTVSFAHTVKKQSYTFLISNTKFKQI CBBY-like protein	K15275	PF00702.26	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	47.019	32	6	24	6	6	287	31.5	5.33	
TRINITY_DN124_c6_g1_i1.p1	MKITASVFFVAVAGTITASAFVAPHSQQTTSLAF: Fructose-bisphosphate aldolase	K01624	PF01116.20	GO:0004332^molecular_function^fructose-bi	28.503	14	4	23	4	4	460	50.1	5.26	
TRINITY_DN1076_c0_g1_i4.p1	MSAEQNTMPPYASAEESGGVNETGVSSGPGM. Polyadenylate-binding protein 1	K13126	PF13893.6	GO:0071013^cellular_component^catalytic st	38.982	16	7	23	7	7	689	74.6	5.65	
TRINITY_DN27285_c0_g1_i1.p1	MAISSTERRAKNVQIFVEKDAVETSEKWAQPGH Photosystem I P700 chlorophyll a apoprotein	K02690	PF00223.19	GO:0009535^cellular_component^chloroplas	42.353	14	7	23	7	7	752	83.6	7.59	
TRINITY_DN7851_c0_g1_i2.p2	MALRASQVRVSRNLRLPMAQAGAARGMATEKQ. Phenylalanine-tRNA ligase alpha subunit, cyt	K01889	PF18552.1	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	21.483	21	5	23	5	5	311	34.2	6.61	
TRINITY_DN138_c2_g1_i1.p1	MKAMILSFVSVGTFLLFGTLQQLSPVVVSASFSTPTLI Hypothetical	K14545	.	.	29.478	15	6	23	6	6	599	67.5	5.77	
TRINITY_DN2791_c3_g1_i3.p1	YYSLGVDVSQQDKTTFSSRERERENIDFITHNIKM domain	K00589	PF02037.27	.	41.859	21	9	23	3	9	707	80.1	5.2	
TRINITY_DN2972_c1_g1_i1.p1	MSEVPTRMNQVFKGKKAAESGHLLKKKAD. V-type proton ATPase subunit D	K02149	PF01813.17	GO:0005813^cellular_component^centrosom	34.62	43	9	23	0	9	246	27.3	9.25	
TRINITY_DN1130_c5_g1_i1.p1	MAINKLMIPLMFAARKLDGEDPNIVFMRCSY transport (Pho88)	K10875	PF10032.9	.	32.76	14	4	23	0	4	365	39.7	8.15	
TRINITY_DN249_c1_g1_i2.p1	MKVSLAILVAALSSGTTFAATTISSIRADSKLMSLLI Hypothetical	K00858	.	.	35.44	15	4	23	1	4	389	42.3	4.94	
TRINITY_DN3540_c0_g1_i3.p1	MIRLVSKRVLQCNAGIASRAFSSSAVAEATSTTAGPI Hypothetical	K10839	.	.	33.339	43	6	23	6	6	171	18.4	4.73	
TRINITY_DN3_c1_g2_i1.p1	SRNRQLRNKIQRIQNTNNTLKLHSDYLAQIDLLV Probable phosphoribosylformylglycinamide	K01952	PF18076.1	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	27.167	8	6	23	4	6	1364	150.1	5.38	
TRINITY_DN736_c2_g1_i2.p1	MFLFHSYLFSLPLMLLSYSPTRVETSPYSIGSTFIA Protein of unknown function (DUF1517)	K19985	PF07466.11	.	18.632	13	3	23	3	3	245	27.3	4.48	
TRINITY_DN249_c1_g1_i10.p1	MKFQOYCCTAAVALIASVSNANPFAAKTPTNAKA Hypothetical	K00858	.	.	35.523	23	6	23	0	6	433	46.8	4.93	
TRINITY_DN2563_c1_g1_i1.p1	MKLRLHIAALPIASAFSPSTGNSIVSSANKNPVAS PH domain	K02980	PF03703.14	.	32.072	20	3	23	3	3	236	25.6	7.25	
TRINITY_DN1437_c2_g1_i1.p1	MATTTALNGQSAMAKYANKLSDLTTIQERTAD 26S proteasome regulatory subunit 8	K03066	PF16450.5	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	29.303	23	4	23	1	3	289	32	7.05	
TRINITY_DN1164_c3_g1_i1.p1	MILHNVLNLSRNLALNTKVVYLNPKTLHSLFPDPNP Vesicle-fusing ATPase	K06027	PF00004.29	GO:0005794^cellular_component^Golgi appa	44.004	14	8	23	8	8	735	80.5	6.74	
TRINITY_DN2007_c0_g1_i1.p1	MKRNFNPRCTIFVLATANAWMPSYHQHSLYLT DEAD-box ATP-dependent RNA helicase CshC	K07561	PF00270.29	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	41.484	16	8	23	0	8	727	80.7	5.2	
TRINITY_DN3030_c0_g2_i1.p1	MSSEENNKSFSGFGSGFKNIGQSIRQAEEI domain	K14327	PF01465.20	.	36.986	7	7	23	0	7	1943	222.8	5.03	
TRINITY_DN1173_c0_g1_i3.p2	MKLSPLIASFLSSRASAFTPAPASNNKAASAFGV Delta-aminolevulinic acid dehydratase, chloro	K01698	PF00076.22	GO:0030686^cellular_component^90S prerib	49.873	29	7	23	2	7	415	45.4	5.66	
TRINITY_DN546_c1_g1_i2.p2	MFISNGTSHNIINRDCIYVIFILLFKLLFVTMRF. Transaldolase	K15040	.	.	29.902	21	5	22	5	5	414	45.7	5.47	
TRINITY_DN3407_c0_g1_i1.p1	MLSILSRYSANVTKAVVSPSCGGVSRFRMSAGSII Probable quinone oxidoreductase	K00344	PF11051.8	.	29.576	32	7	22	0	7	373	39.7	6.33	
TRINITY_DN1248_c1_g1_i1.p1	KHRKINMKFTVALVLSVLSVASAFSSSVSTRIA: glutamine synthetase	K01915	PF03951.19	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	26.472	27	6	22	0	6	427	46.6	6.32	
TRINITY_DN1407_c4_g2_i1.p1	MLLSSQATAMLLSMTLPIAFVQAFPHSIGTPVA L-ascorbate peroxidase 3	K12736	PF00141.23	GO:0009507^cellular_component^cytoplasm	28.827	21	6	22	6	6	453	49.9	5.17	
TRINITY_DN1191_c0_g2_i2.p1	MNMLTYFLLLSRITAFPMQJSHRHAITIGNSPRC Putative elongation factor TypA-like SVR3, chl	K06207	PF00009.27	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	24.276	13	7	22	7	7	678	74.1	5.3	
TRINITY_DN4254_c0_g1_i2.p1	MKATVWFSTFWVGSVAFAPTSMMKRIIRKNGV Flavodoxin	K04646	PF00258.25	GO:0009505^molecular_function^electron tr	48.909	36	7	22	0	7	328	36.5	4.92	
TRINITY_DN12267_c0_g1_i1.p1	MFVITNRYLIRPKCKQITNIRALIQYSTIAFLCSLST Probable Xaa-Pro aminopeptidase P	K01262	PF01321.18	GO:0046872^molecular_function^metal ion t	45.513	23	9	22	9	9	771	85.7	6.07	
TRINITY_DN2706_c0_g1_i2.p2	MLKRIVANPSRIAAQVSRRKATVEKSTGSSVIGSC Glutamate synthase 2 [NAOH], chloroplastic	K00266	PF00069.25	GO:0005814^cellular_component^centriole C	24.923	10	6	22	6	6	578	64.4	6.14	
TRINITY_DN85_c0_g3_i1.p1	MFKSVSIFSLMAASAFAPVSNQKTVSSALNAE Fucoxanthin-chlorophyll a-c binding protein, c	K08910	PF00504.21	GO:0009535^cellular_component^chloroplas	54.09	13	1	22	0	1	203	21.9	5.53	
TRINITY_DN1250_c0_g1_i13.p2	KHEARLEPNRSRERERDPTVNTYSTLQTTFFVIS Probable acyl-CoA dehydrogenase IBR3	K00134	PF13374.6	.	42.766	18	5	22	0	5	418	47.4	8.07	
TRINITY_DN3412_c1_g1_i1.p1	MVKFILSNQAKFLAKTLGTTQQSINLASRSVTLTA Citrate synthase, mitochondrial	K01647	PF00285.21	GO:0005759^cellular_component^mitochonc	37.137	15	5	22	0	5	468	51.9	6.29	
TRINITY_DN4112_c0_g1_i4.p2	LCFHYNIRGNATCTCYVSVFHLMSIMTATSANET COBW domain-containing protein 2	K12795	.	.	24.238	27	7	22	0	7	371	41.7	5.5	
TRINITY_DN507_c1_g1_i1.p1	MAQTNRTKYSKQSRRQLNRRFTNMSLFAVAI DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 3A, cl	K16911	PF00270.29	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	49.411	16	8	22	0	8	863	92.6	8.94	
TRINITY_DN726_c8_g1_i1.p1	IQLCHFRSTPKNFMSDFVINFLAGVSGAVAK ADP-ATP carrier protein	K05863	PF00153.27	GO:0016021^cellular_component^integral c	36.994	36	8	22	8	8	317	33.9	9.47	
TRINITY_DN1045_c2_g1_i1.p1	MSAAKQLSSRLSASVATAAASAEALATNAPKSI 3-hydroxyisobutyryl-CoA hydrolase, mitochon	K19469	PF16113.5	GO:0005739^cellular_component^mitochonc	42.66	18	6	22	6	6	543	59.7	5.55	

TRINITY_DN167_c0_g3_i1.p1	TTASITSTMTPTAAATTAAGSSSTLYGKRPKITG Triosephosphate isomerase	K12608	PF00121.18	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	32.63	34	5	22	4	4	277	29.3	4.93
TRINITY_DN931_c1_g1_i1.p1	MKLNIGITVLSQALTIHAFVPSSTFTFQQRQNRH Signal recognition particle protein	K14780	PF02881.19	GO:0048500^cellular_component^signal reco	29.088	14	7	22	0	7	611	65.7	9.5
TRINITY_DN97_c5_g1_i1.p1	MAEESTKELTGEAEVQAEKADNAANAEAEU Uncharacterized RNA-binding protein C328.0	K17662	PF00076.22	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	26.391	10	4	22	4	4	494	53.5	5.63
TRINITY_DN9585_c0_g1_i1.p1	KFQGLRLRYARDLQAGGEEAEAGVFDAAVLP Hypothetical	K12734	.	.	23.54	42	3	22	1	2	136	14.2	7.96
TRINITY_DN333_c0_g1_i1.p1	MGRELVSHIGAGLVGTSWELCYLHEGNPQ Tubulin alpha-1 chain	K07374	PF00091.25	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	19.074	17	6	21	0	5	440	48.5	5.34
TRINITY_DN1708_c0_g1_i5.p4	MSKFTNSFAVLDDDESPTKVAPAPAPKQAEKI O-acetyl-L-homoserine sulphydrylase	K04077	PF03399.16	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	25.678	31	5	21	3	5	278	30.2	9.6
TRINITY_DN354_c1_g1_i2.p1	MPVALQLAKARATVSPHPVARLYRSIHKPIRVLTI NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha si	K03950	PF05347.15	GO:0005747^cellular_component^mitochondr	26.554	41	4	21	4	4	123	14.4	9.6
TRINITY_DN2454_c0_g1_i1.p1	MLNLKMFSLHVLVTTGRCVSFAVSSSRNPRIAS: Protein IN CHLOROPLAST ATPASE BIOGENESIS	K03979	.	GO:0009570^cellular_component^chloroplast	21.908	17	4	21	0	4	397	44	6.55
TRINITY_DN213_c6_g1_i2.p1	MDSQGSNKKRKTQDASSGFAAATDVSNDIADL. Enolase-phosphatase E1	K16054	.	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	47.492	37	6	21	1	1	305	33.5	5.2
TRINITY_DN450_c0_g1_i3.p1	MTSAEEAVARAIAARLAGTAAASAINPEPVDGI Far upstream element-binding protein 1	K13210	PF00013.29	GO:0005654^cellular_component^nucleoplasm	31.435	13	5	21	0	5	658	68.9	5.58
TRINITY_DN3321_c0_g1_i11.p1	MLKNLLKKNLPNEYKSLITEINDELSKFLLSDNEIF Protein translocase subunit SecA	K03070	PF07517.14	GO:0009570^cellular_component^chloroplast	22.69	10	8	21	8	8	883	102.1	8.13
TRINITY_DN452_c0_g1_i3.p1	LSSTPDRHCQSSNDCCQFHTRIKRSESSTLDMITNN Probable cytosol aminopeptidase	K01255	PF02789.17	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	25.21	20	6	21	1	1	368	39.8	6.37
TRINITY_DN5941_c0_g1_i10.p1	MIFSAGALTKIKVQNLTKGTSSNKSATQSLSTLAF Acyl-coenzyme A dehydrogenase	K03260	PF02771.16	GO:0005886^cellular_component^plasma me	36.988	12	6	21	0	6	839	91.3	8.15
TRINITY_DN369_c0_g1_i1.p1	MTFLRVSSRALRCAARQAASSLRSTALVPSLLVKE Isocitrate dehydrogenase [NADP]	K03294	PF00180.20	GO:0005886^cellular_component^plasma me	24.219	15	6	21	0	6	550	61.6	7.21
TRINITY_DN2343_c0_g1_i11.p2	MYLTRSEYDRGVNTFSPGRLQVEYAEIAIKLGST Proteasome subunit alpha type-5-B	K02729	.	.	31.136	37	6	21	0	6	244	26.3	4.7
TRINITY_DN23_c0_g1_i1.p1	MTRSKTIROLPAPKRNLSAYLLFQNAAMRDQFAEI High mobility group protein DSP1	K11295	PF00505.19	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	18.156	15	6	21	5	6	401	46.2	7.58
TRINITY_DN8712_c0_g1_i3.p2	MMHRSFRSSPSLHHPHLQRLRLLLLVLQGIH Hypothetical	K09497	.	.	33.672	26	5	21	5	5	288	31.3	7.49
TRINITY_DN899_c0_g1_i4.p1	MGSMEEEGLAGAVLKELOQVAEKFDDEDDGY Coatomer subunit gamma-2	K17267	PF01602.20	GO:0030126^cellular_component^COPI vesicle	29.913	7	6	21	5	6	960	105.4	4.97
TRINITY_DN2432_c0_g1_i5.p1	MSKEENLFSFQVIQAAQSAVRGGTAGAVAMGA Peptide methionine sulfoxide reductase A3	K02910	PF00153.27	.	27.481	21	5	21	5	5	287	30.9	9.76
TRINITY_DN1127_c0_g1_i1.p1	MNKISFLFIHSVAVTVANGFVSNGSSGSAFA Protein PROTON GRADIENT REGULATION 5, c	K01027	.	GO:0009507^cellular_component^chloroplast	9.642	17	2	21	0	2	129	13.7	10.39
TRINITY_DN61_c0_g1_i4.p2	MSYKAGIIAINEINLDRSGSSMAIKKAMQDKLP Hypothetical	K11275	.	.	26.702	24	4	21	0	4	182	19.5	10.36
TRINITY_DN66_c0_g1_i1.p1	MTEPTNQKRWIPVLSLLVLAGVGYLDPGEI Espin	K00472	PF13606.6	GO:0015629^cellular_component^actin cytosol	18.494	14	6	21	0	6	402	44.3	6.06
TRINITY_DN9233_c0_g1_i1.p6	MENFDQITLVAEEHIGLNLNILETGLINILAVIAII ATP synthase subunit alpha, chloroplast	K02111	PF02874.23	GO:0009535^cellular_component^chloroplast	24.351	30	6	21	6	6	179	20.2	9.14
TRINITY_DN1515_c1_g1_i1.p1	MKWVLAALASILLVSDASTYVCHHVKNKALCFVS Xaa-Pro dipeptidase	K14213	.	.	21.215	8	5	21	0	5	759	84.5	7.84
TRINITY_DN1650_c0_g1_i5.p1	MAFIKRIALLLSGASAFAPSRHQAIRSPSTTR Dihydrolipoyl dehydrogenase 2, chloroplast	K00382	PF07992.14	GO:0009507^cellular_component^chloroplast	38.011	13	5	21	5	5	563	59.3	6.33
TRINITY_DN4443_c0_g1_i1.p2	MNATQPSTPQRTPVIPSIGSSTPLSSSRASKLT SF-assemblin	K18442	.	.	28.238	23	4	21	4	4	273	31.7	6.15
TRINITY_DN1130_c6_g1_i1.p1	MTDDKIRSAVLRDITLGSPPSVALAKYDFVSDYI Vesicle-associated membrane protein 714	K08515	PF00957.21	GO:0016021^cellular_component^integral co	37.004	33	5	21	5	5	258	27.9	8.34
TRINITY_DN6458_c0_g1_i1.p1	MSTSKQASSSRRVITKDPVAENQEQWLKLAHE Flavodoxin	K06874	PF03992.16	GO:0009055^molecular_function^electron tr	18.489	8	4	21	0	4	626	69.6	6.33
TRINITY_DN1705_c0_g1_i1.p1	MKHNVKMSAYLVLSVFCVSLSSAFLPQTLNAR Protoporphyrinogen oxidase 1, chloroplast	K00231	PF13450.6	GO:0009706^cellular_component^chloroplast	28.344	14	5	21	0	5	644	70.6	6.57
TRINITY_DN225_c0_g1_i1.p1	MGLRHAPKGKISKSARPYKTRPSPWLVKVAEDEL 40S ribosomal protein S13	K02953	PF08069.12	GO:0022627^cellular_component^cytosolic s	22.646	24	3	21	2	3	151	17.1	10.42
TRINITY_DN2937_c1_g1_i1.p1	MILTGKIALLVALLSSACAFSLTGNVGRSAIIQSSSL ATP-dependent Clp protease proteolytic subu	K17804	PF00574.23	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	38.043	37	6	21	0	6	264	28.4	5.03
TRINITY_DN2474_c0_g1_i3.p1	MILGKQVTTLSFLSIVNGSIVAFAPSSTHSAKNL Asparagine synthetase [glutamine-hydrolyzing]	K01953	PF13522.6	GO:0005829^cellular_component^cytosol GC	33.091	14	7	21	0	7	676	75.3	5.34
TRINITY_DN119_c1_g1_i2.p1	MESKLTVPQLLAKPKADVMVLGGIYHSPWIAGI 5-hydroxyisourate hydrolase	K14558	PF09349.10	GO:0033971^molecular_function^hydroxyso	28.788	29	6	21	4	6	305	33.8	6.33
TRINITY_DN296_c0_g1_i5.p1	MVQNSFSNSNTHRRFPVSSYVVELGDKDNIH Acetyl-CoA carboxylase	K11262	PF00289.22	GO:0005623^cellular_component^cell GC:00	27.271	5	7	21	0	7	2331	256.7	5.94
TRINITY_DN4534_c0_g1_i1.p1	MSTPPPKVKLVESQNTNHSVENAPASASVTPY: m7 longpx diphosphatase	K12584	PF11969.8	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	44.737	34	8	21	0	8	430	48.1	6.15
TRINITY_DN1633_c0_g1_i4.p2	MSKPFDYKWDNIEISDDEDDVHPNIDRESWFRN Long-chain-fatty acyl-CoA ligase A3CBG2	K15013	PF00501.28	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	23.372	16	4	21	4	4	433	49.4	5
TRINITY_DN593_c0_g1_i1.p1	TTATSTTTTSLFSSEVDEINASPNKSDNDRGPRQ 30 kDa ribonucleoprotein, chloroplast	K09565	PF13717.6	GO:0003723^molecular_function^RNA bindin	41.098	43	6	21	6	6	213	23.6	5.07
TRINITY_DN1481_c1_g1_i1.p1	MAEFPVQPEKPFVDLWPEGMSLADGEYDIAH Probable secretory pathway GDP dissociation	K17255	PF00996.18	GO:0032153^cellular_component^cell divisio	27.915	20	5	21	5	5	466	51.8	5.22
TRINITY_DN1950_c0_g1_i1.p1	MLSFTMNNTAARALSRRFVSNPLVANTGLRSMAI NADH dehydrogenase [ubiquinone] flavoprot	K03943	PF01257.19	GO:0005747^cellular_component^mitochondr	17.191	21	4	20	0	4	268	29.5	8.21
TRINITY_DN740_c0_g1_i3.p3	MAHFLCLLLLLLATSISLDDAFPSYQHHVTVYGKSI Hypothetical	K03027	.	.	31.127	14	2	20	2	2	248	27.5	8.97
TRINITY_DN641_c2_g1_i2.p1	VSIFASTHYRYPFRPKRKSQKTIHTTMSLMLQGE 40S ribosomal protein S18	K02964	PF00416.22	GO:0005618^cellular_component^cell wall GC	12.913	16	4	20	0	4	172	20.2	11
TRINITY_DN408_c7_g1_i10.p1	MNTNKTKITEEQEQRQGNKETTNAAKALRCL Conserved oligomeric Golgi complex subunit 1	K02092	.	GO:0005829^cellular_component^cytosol GC	37.961	8	6	20	0	6	1215	133.4	5.91
TRINITY_DN390_c1_g1_i2.p1	MKFSTFIFFASSATAFAPAYTSTSSTSSCSSAL Hypothetical	K00311	.	.	35.836	25	5	20	0	5	211	22.5	7.94
TRINITY_DN9776_c0_g1_i1.p1	MMTVMNTIPSLLLLLVAVTWTSCPVASGFTM Hypothetical	K08819	.	.	29.507	24	5	20	0	5	335	36.2	9
TRINITY_DN574_c7_g1_i5.p3	MDRYQKIEKPGNSLGEQTVGVVYKARDTQTEIV Cell division control protein 2 homolog	K02087	PF13516.6	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	20.698	20	4	20	1	1	303	34.9	5.76
TRINITY_DN701_c0_g4_i1.p2	MKLALASLIASAFAFSSSTGARSTALAAKKKS Chlorophyll a-b binding protein L1818, chloro	K20178	.	.	26.173	27	3	20	3	3	207	22.1	5.99
TRINITY_DN1339_c2_g1_i1.p1	MSHRKFEAPRHGNLGFLPKRRTKHHFGRIRSFPC 60S ribosomal protein L3	K02925	PF00297.22	GO:0022625^cellular_component^cytosolic li	28.258	14	7	20	7	7	490	43.9	10.1
TRINITY_DN2054_c1_g1_i1.p1	LIKYSMEAQKEEVEPTNNGEASDAVAADTE: ATP-dependent RNA helicase DDX19A	K01738	PF00270.29	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	21.331	5	2	20	0	2	383	53	5.68
TRINITY_DN3424_c0_g1_i1.p1	MFYINVFSLLLLAVNSSIGAFVPSNLLAKNVEISLQ 2-C-methyl-D-erythritol 4-phosphate cytidyl	K00991	PF01128.19	GO:0009570^cellular_component^chloroplast	30.795	17	3	20	3	3	303	32.8	5.88
TRINITY_DN423_c0_g1_i1.p2	MSDRERSRSRSDRHPHEGVDPQGGDANGQ: 28 kDa ribonucleoprotein, chloroplast	K14411	.	.	23.516	20	5	20	5	5	317	35.6	7.34
TRINITY_DN1259_c0_g1_i3.p1	QPLPCCVFTDDQSNITSSLSYLRLHYNLNCN 40S ribosomal protein S16	K02960	PF00380.19	GO:0022627^cellular_component^cytosolic s	27.685	27	4	20	0	4	177	19.9	9.86
TRINITY_DN365_c7_g1_i1.p1	MGPPPSDDVKIVMRTVGEVGSASSLAPKIGL 60S ribosomal protein L12-B	K02870	PF03946.14	GO:0005829^cellular_component^cytosol GC	12.663	26	3	20	2	3	164	17.5	7.96
TRINITY_DN4158_c0_g1_i1.p1	MFLRQAFSRHAPRLLRPAATSARVATARRAMTT Putative acyl-CoA synthetase Yngl	K01490	PF00501.28	GO:0005524^molecular_function^ATP bindin	15.525	24	5	20	1	5	282	31.1	6.29
TRINITY_DN3546_c1_g1_i2.p2	MTAIPSHSPLIDERSNSNNSGNNKROKMTTPI Phosphomannomutase	K17497	PF01040.18	GO:0016021^cellular_component^integral co	28.017	28	6	20	6	6	279	31.7	5.24
TRINITY_DN1357_c2_g1_i1.p1	FARPTHKPKSQHNSNTYVQWTNNQIDHNA NADP-dependent glyceralddehyde-3-phosphat	K09123	PF00171.22	GO:0008886^molecular_function^glyceraldeh	21.687	14	6	20	0	6	617	68	6.76
TRINITY_DN47_c7_g1_i7.p1	MQNGSKYVPHPLRNSQSGASSEGNNTNRDDN ATP-dependent RNA helicase ded1	K11594	PF00270.29	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	32.379	15	6	20	1	5	648	69.3	6.87
TRINITY_DN1856_c1_g1_i1.p1	FKKKYLCLCRPVPALCHISRQKHLKYNYPYFETI Fucoxanthin-chlorophyll a-b binding protein,	K07515	PF00504.21	GO:0009535^cellular_component^chloroplast	19.012	20	5	20	5	5	300	33.2	8.56
TRINITY_DN100_c0_g1_i1.p1	MYRAYPAPPQASAVKDSAAVPTSSSSGNTRK Hypothetical	K04567	.	.	30.527	10	5	20	5	5	909	98.8	6.83
TRINITY_DN1392_c3_g1_i1.p1	MTRIPSHENRADDVDEDFSLHEPKASSGGTPI Eukaryotic translation initiation factor 3 subu	K03248	PF12353.8	GO:0016282^cellular_component^eukaryotic	39.39	13	3	20	3	3	343	37.6	6.58
TRINITY_DN807_c6_g2_i2.p1	YQLRCLLYHHRQSQPTPTPLQLIIGHTNMDAEC 40S ribosomal protein S15	K02958	PF00203.21	GO:0015935^cellular_component^small ribos	22.661	16	2	19	0	2	177	20.4	10.37
TRINITY_DN81_c3_g2_i1.p1	MTASSTRTITNNGRTRVLLADKINKNHAMTPSSE Isocitrate lyase	K01637	PF00463.21	GO:0009514^cellular_component^glyoxysom	25.926	10	4	19	3	4	620	68.2	7.34
TRINITY_DN871_c1_g1_i1.p1	MSLYDEYGRPHLEQQAARVKGLSEATKANILA T-complex protein 1 subunit epsilon	K09497	PF00118.24	GO:0005832^cellular_component^chaperonii	26.864	19	5	19	5	5	542	58.8	5.26
TRINITY_DN3173_c0_g1_i1.p1	MHLFTAALLSLAPSWKRDQPMFLKQLSASGT Alanine-tRNA ligase	K01872	PF01411.19	GO:0009507^cellular_component^chloroplast	27.601	7	5	19	5	5	1038	114	5.47
TRINITY_DN3252_c0_g1_i3.p1	MNETGVTDLSSFTPLKMGVRNLFSLIDELSEEL Ornithine carbamoyltransferase, mitochondri	K00611	PF02729.21	GO:0005743^cellular_component^mitochondr	30.392	20	5	19	0	5	335	36.8	5.19
TRINITY_DN1176_c1_g1_i1.p1	MVKFSGMSLITALSASTRQYVAAGFLGSLRSTTT Malonyl-CoA-acyl carrier protein transacylase	K00645	PF00698.21	GO:0005739^cellular_component^mitochondr	25.088	18	4	19	4	4	364	38.7	5.21
TRINITY_DN3396_c0_g1_i1.p1	MKFTAALLVPASAFVSPVAFVKSTTALNANIRI type III effector protein	K09838	PF08888.11	.	18.383	15	2	19	0	2	208	22.7	4.63
TRINITY_DN2155_c0_g1_i1.p1	MKLEISLFAALLTVDAQVSPYTVSINLHVHGDCG Hypothetical	K10251	.	.	27.455	22	4	19	0	4	272	28.8	5.44

TRINITY_DN2571_c0_g1_i1.p1	MRAARYHYSLLSSVQKHKQSKSFTMRLLLPVFTA Protein of unknown function (DUF3228)	K04043	PF11539.8	.	22.971	22	4	19	0	4	281	32.4	7.36
TRINITY_DN1690_c0_g1_i1.p1	MPVYDDPDELQAQVRRKRCPLVFAGEVRSLSHC Phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase	K01626	PF01474.16	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	20.093	13	4	19	0	4	437	49	6.07
TRINITY_DN1218_c0_g1_i1.p1	SSSSSSSSSTSTNNQSSNNPVCSSSTTSSGSSA Protease Do-like 1, chloroplastic	K02732	PF13365.6	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	28.088	16	4	19	0	4	445	47.7	7.43
TRINITY_DN3165_c0_g1_i1.p1	MKSQSTQTRIVTNTALLAGLAASALLIYKYSIQCE Mitochondrial import receptor subunit tom7C	K17768	PF13432.6	GO:0016021^cellular_component^integral co	30.834	16	6	19	0	6	697	78	6.3
TRINITY_DN264_c1_g1_i1.p1	MVATVIFGGRTSPKVLLELSQAVSEKVSADIKLR Bifunctional purine biosynthetic protein ADE1	K14286	PF02844.15	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	29.756	8	6	19	0	6	1133	119.2	5.33
TRINITY_DN1334_c0_g1_i1.p1	MYLSFVGLPRHVPSCYNKVKVLRPFQEQACSDDRRI CO-2-inducible protein B/C beta carbonyic an	K03754	PF18599.1	.	15.271	14	5	19	0	5	382	41.9	6.55
TRINITY_DN2773_c1_g1_i1.p1	MSETKPKVLLVAYSGLDTSVLKWLCEKYDVVAF Argininosuccinate synthase	K01940	PF00764.19	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	22.126	17	5	19	5	5	417	46.3	5.4
TRINITY_DN50_c0_g1_i4.p2	ILPVCLLSSMCMCLISTWTTSKDSTNNNSFTI Fucoxanthin-chlorophyll a-c binding protein A	K14312	.	.	31.315	39	5	19	5	5	277	29.9	7.42
TRINITY_DN1770_c3_g1_i1.p1	SFFLSLLFCFVSYIFILLUQTNAKTNTSSFLTN Hypothetical	K03012	.	.	27.043	22	5	19	5	5	331	37.1	5.77
TRINITY_DN2967_c1_g1_i1.p1	MAQRLLAKRLLSICQQRSTYSTRLLSSQSSINTS 50S ribosomal protein L7/L12	K23490	PF00542.19	GO:0005840^cellular_component^ribosome^	20.856	36	5	19	4	4	277	30.1	5.03
TRINITY_DN2149_c0_g1_i3.p1	MKAITPYSTLGLISAFMASETFAFTTSSTQVFRKI ABC transporter F family member 5	K17506	PF00005.27	GO:0005524^molecular_function^ATP bindin	31.537	7	5	19	0	5	922	103	5.88
TRINITY_DN815_c0_g1_i7.p3	MKNLSLVSHNTQLWVWLVPLVLSASGVLVLSYS Uncharacterized protein YcbX	K15015	.	.	50.346	23	5	19	2	5	430	48.2	6.87
TRINITY_DN2839_c0_g1_i6.p1	NFGEEDFVVEKGDRAVQLLEIEISMAETLELTD Deoxyuridine 5'-triphosphate nucleotidohydr	K01520	PF00692.19	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	27.983	49	5	19	2	5	217	22.9	4.84
TRINITY_DN139_c0_g1_i1.p1	MAPASGKSTAKQDYDLFKVLUGDSGVGKSCLL Ras-related protein Rab-1B	K07874	PF00025.21	GO:0005793^cellular_component^endoplasm	16.631	21	3	19	3	3	217	24.3	5.6
TRINITY_DN1637_c0_g1_i1.p1	MSETLRLGTQLQGHGDVWTSIATTPENPNLVLSSS Guanine nucleotide-binding protein subunit b	K14753	PF00400.32	GO:0005840^cellular_component^ribosome	23.229	20	6	19	6	6	328	36.2	6.96
TRINITY_DN2652_c1_g1_i1.p1	MTPSSQQTKTAKALPPLFVAVVIGYGGVCTLLS Homoserine dehydrogenase	K00003	PF03447.14	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	28.239	16	3	19	3	3	349	36.5	5.1
TRINITY_DN2945_c2_g1_i1.p1	MTKFSFPALATVVLVSLASQANANAFGMPMPKATPFS 4-hydroxy-3-methylbut-2-en-1-yl diphospha	K03526	PF04551.14	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	38.763	10	5	19	5	5	754	82.8	5.2
TRINITY_DN332_c1_g1_i4.p1	HP1PAVKMNRDLRDLGGSLPSWAVDDQGDVET Syntaxin-1B	K08486	PF00804.25	GO:0005623^cellular_component^cell^GO:00	31.207	15	4	18	0	4	352	39.6	5.19
TRINITY_DN3547_c0_g1_i1.p1	MSEEQPVFDYDLVIGGSGGSIASAKRAASLYKVK Glutathione reductase	K00383	PF07992.14	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	21.424	7	2	18	1	2	504	53.7	6.27
TRINITY_DN168_c8_g1_i1.p1	MKLRIMFRLTLLSAVSLRVSTASNFKGAASVSP Probable alanine aminotransferase, mitocho	K00814	PF00155.21	GO:0005759^cellular_component^mitochonc	28.71	19	6	18	0	6	535	59.3	7.66
TRINITY_DN1028_c1_g1_i1.p1	MLATISSASRKLKLVANPFPMPALRKLAVWFCS Domain-containing protein CBSX3, mitoch	K03320	PF00571.28	GO:0005739^cellular_component^mitochonc	14.998	15	3	18	3	3	191	21	9.01
TRINITY_DN3513_c0_g1_i1.p1	MSSTVERITGTVKVFSNEKGVGFITDPAAVSNSTG Glycine-rich protein 2	K01792	PF00313.22	GO:0003723^molecular_function^RNA bindin	23.321	20	4	18	0	4	291	32.3	6.39
TRINITY_DN640_c0_g1_i4.p1	MKFKTSLTSLGFSAFSTPSAFTPRLLSTRPIAS 3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] reductase Fab	K00059	PF00106.25	GO:0102131^molecular_function^3-oxo-glutz	22.722	25	5	18	2	5	294	30.7	7.03
TRINITY_DN1259_c0_g1_i2.p1	MSAIKNTNESNEDDFVHLSAREIGAASQTVA Uncharacterized protein YfBK	K02358	PF00092.28	.	29.802	14	5	18	2	5	554	59.3	6.07
TRINITY_DN1417_c0_g1_i2.p1	MCGIFAISSLSDTARLKLQACSKLRRHRGPDWS Asparagine synthetase [glutamine-hydrolyzing	K01953	PF13522.6	GO:0004066^molecular_function^asparagine	14.163	6	2	18	0	2	602	67.4	6.33
TRINITY_DN82_c10_g1_i1.p1	VSAILLASANAFAPSSSSCSHAFTTTTTAAVAAVA Dapdiamide synthesis protein DdaC	K02882	PF02668.16	GO:0016491^molecular_function^oxidoreduc	32.037	18	5	18	5	5	446	48.7	6.32
TRINITY_DN2201_c0_g1_i2.p1	MAHLSAVSGSQDDVQVTRVALSVSDKTVGDFI Bifunctional purine biosynthesis protein ADE1	K00602	PF02142.22	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	22.212	9	3	18	0	3	614	66.9	6.28
TRINITY_DN4930_c0_g1_i2.p1	MKRFKILLSALLSTVFGFSPAHLRTASSSVLAAA 6,7-dimethyl-8-ribityllumazine synthase	K00974	PF00885.19	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	36.387	31	5	18	2	5	228	24.3	6.92
TRINITY_DN1623_c0_g1_i4.p2	MSNKRKSGGAEPDEFEAQVELLNLNEMTSDLK Elongation factor G-1, mitochondrial	K02355	PF00009.27	GO:0005739^cellular_component^mitochonc	47.759	27	4	18	2	4	187	21.2	9.8
TRINITY_DN337_c1_g1_i4.p1	MLRGTTFHLFFGAYWQAFKPLNVSVLGGKY Ubiquitin domain-containing protein DSK2a	K03260	PF00240.23	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	33.597	40	5	18	5	5	273	29.2	4.67
TRINITY_DN176_c2_g1_i1.p1	KHRFTNRTDEYFQINIMKLSPIITFATLSCCAAVS Thioredoxin H-type	K03671	PF14595.6	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	8.521	19	4	18	4	4	193	21	5.92
TRINITY_DN3141_c2_g3_i1.p1	MSAPRPGDTGLFGQREGTQDVRTGNVTAALA T-complex protein 1 subunit alpha	K09493	PF00118.24	GO:0005832^cellular_component^chaperoni	27.175	14	6	18	0	6	577	61.8	6.61
TRINITY_DN701_c0_g3_i1.p1	MKLALLASIASAAAFAPSSSTGAARTSTALAAAGK Fucoxanthin-chlorophyll a-c binding protein,	K20178	PF00504.21	GO:0009535^cellular_component^chloroplas	17.096	24	3	18	3	3	205	21.7	7.24
TRINITY_DN1372_c1_g1_i1.p1	MKFLIAACIPALAASTFPATNTKKVASLNFAV UDP-sulfuquinovose synthase, chloroplastic	K06118	PF01370.21	GO:0009570^cellular_component^chloroplas	17.695	17	5	18	5	5	472	51.9	5.88
TRINITY_DN327_c0_g3_i5.p1	MSLPLASPLPPLPTWVFLDSDTGESVYRGTGAD Hypothetical	K16569	.	.	26.484	11	5	18	0	3	577	65.1	7.24
TRINITY_DN1839_c0_g1_i7.p1	NQWDTLSRQQPLPPLPQSPMPWGGPPQEYQQ Hypothetical	K11251	.	.	20.506	8	5	18	0	5	749	86.3	4.54
TRINITY_DN3085_c0_g1_i4.p1	MHTCIYLLMSTICSSKLPGLRLAILLIFCYASSY Flagellar attachment zone protein 1	K18914	.	GO:0020016^cellular_component^ciliary pocl	20.749	12	5	18	0	2	610	68.2	4.68
TRINITY_DN27028_c0_g1_i1.p1	IFVTKLSANVTQDMLDFGQYGVSSAKVIMDR1 Putative RNA-binding protein RbpE	K03671	PF00076.22	GO:0003723^molecular_function^RNA bindin	28.698	43	3	18	3	3	124	13.5	5.21
TRINITY_DN2895_c0_g1_i2.p1	MKRPVLSLLSHSGFISQSPSRSTPSTRTSMGM Hypothetical	K00036	.	.	13.554	15	5	18	1	5	261	28.6	9.06
TRINITY_DN59_c2_g1_i1.p1	KNRYFTLFLHLNLFRNSLYFYSDTAIMSFTIFKI Hypothetical	K10696	.	.	16.867	11	2	18	2	2	202	21.9	5.61
TRINITY_DN1510_c0_g1_i1.p1	MFTSPSAVLALFANAIQTEAFSPMSQSSSTRSF 3-isopropylmalate dehydratase	K01702	PF00330.20	GO:0009316^cellular_component^3-isoprop	34.254	16	7	18	6	7	802	86.6	5.17
TRINITY_DN2482_c0_g1_i5.p3	MLHRSAIAAVVPLMSLFLNDAFAPVSSFSKPLG Probable protease SohB	K03235	PF00091.25	GO:0032153^cellular_component^cell divisio	31.903	16	6	18	0	6	691	75.3	7.68
TRINITY_DN720_c0_g1_i5.p1	MSRSHKTSRSICIEINSFDCCGKHSVAWRKAFSI Hypothetical	K01897	.	.	21.813	12	5	18	0	5	607	69.1	8.28
TRINITY_DN2316_c2_g1_i1.p1	MTSVGAKVVAVSNAARNLKGQDRMGASMEV Gamma carbonic anhydrase 2, mitochondrial	K01726	PF14602.6	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	13.531	9	2	18	1	2	278	29.5	5.25
TRINITY_DN281_c0_g1_i1.p1	MYRRHVHGALLRNFLYRRSRLWSGIIQIAPVAM ABC transporter A family member 1	K14788	PF12698.7	GO:0016021^cellular_component^integral co	35.398	6	6	18	0	6	1917	212.7	5.72
TRINITY_DN2230_c0_g1_i3.p2	MKFTAILTALGVANVATTATAFAFGSNNLLSS: Probable chlorophyll(ide) b reductase NYC1,	K13606	.	.	24.753	23	5	18	4	5	364	38.5	8.44
TRINITY_DN704_c1_g1_i3.p1	MNPEYDLFKLLUGDSGVGKSCLLRFADDTYES Ras-like GTP-binding protein YPT1	K07874	PF00025.21	GO:0005789^cellular_component^endoplasm	33.737	35	4	18	3	4	202	22.4	7.21
TRINITY_DN1084_c2_g1_i2.p1	MSLQIKPLARSRRHFREIIPQHKNPWARGNHY Uncharacterized protein C16G5.07c	K00845	PF01145.25	GO:0016020^cellular_component^membran	32.435	15	4	18	0	4	371	41.2	7.27
TRINITY_DN1020_c2_g1_i2.p1	MITTLNLHNNILCHSYHFQNSHNSFRSRNPV Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	K09565	PF00160.21	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	20.555	35	5	18	0	5	192	20.8	8.28
TRINITY_DN452_c0_g2_i4.p1	LASGVTLKDVINAPHNVLNSELVYARKIAEESG Probable cytosolic aminopeptidase	K01255	PF00883.21	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	23.646	21	5	18	1	1	319	33.7	5.59
TRINITY_DN401_c0_g1_i2.p1	MSPKNEKIDDDQKVKVLRPNSAEIMPDAGKIHJL Band 3 anion transport protein	K03841	PF00955.21	GO:0016323^cellular_component^basolatera	23.714	10	3	18	0	2	597	67.1	5.53
TRINITY_DN1678_c1_g1_i2.p1	MLPPEYIRGACRLHQLKEVISDDGPSQDAIDRFL Dynein heavy chain, cytoplasmic	K10413	PF08385.12	GO:0005938^cellular_component^cell cortex	24.833	2	5	18	0	5	4249	479.7	5.62
TRINITY_DN2853_c1_g1_i3.p1	MKAVANSLRLDCCQDIRKQTKCGKTLCLSLHSP 40S ribosomal protein S3a	K02984	PF01015.18	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	27.461	17	5	18	0	5	284	31.8	9.5
TRINITY_DN3740_c1_g1_i1.p1	MISQRHLLGLUYSTLCLSGAQSPEYSYEDYADSYE: hand	K18681	PF13202.6	.	36.667	39	7	18	0	7	260	29.3	5.22
TRINITY_DN3855_c0_g1_i2.p1	MSSSNTMTNTTLEKAPASIIARTARRVVKAGTSV: Delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthase 1	K12657	PF00696.28	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	28.685	10	7	18	0	7	800	86.2	6.34
TRINITY_DN81_c4_g1_i3.p1	MKFHLSALFTLISIGNAFVLPSSRTSVGGCQNT Protein-lysine methyltransferase METTL21D	K01637	.	.	44.294	22	6	18	4	4	335	36.8	7.83
TRINITY_DN1941_c2_g1_i1.p1	MCFLSFQFNTRTFHSLIYIMAFVCALESFSDNIC Hypothetical	K15113	.	.	31.883	20	2	18	0	2	205	22.9	5.88
TRINITY_DN1230_c3_g1_i4.p1	MDVLDNAKALLADLNSKVDGGIEGGAALSEMI Probable 26S proteasome non-ATPase regulat	K03031	PF10075.9	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	18.997	27	5	18	1	1	260	29	4.46
TRINITY_DN3845_c0_g1_i1.p2	MKSFFLITLSSSLAFAPTSKISTPKSALKESFGFD EKC/KEOPS complex subunit bud32	K16536	PF01633.20	GO:0000781^cellular_component^chromosom	32.745	19	2	18	2	2	216	22.6	4.7
TRINITY_DN3321_c2_g2_i1.p1	SVTSKLGKLNLIYHVMITATLERREGVSLWERFCA Photosystem II protein D1	K02703	PF00124.19	GO:0009535^cellular_component^chloroplas	19.644	13	4	18	4	4	377	41.5	6
TRINITY_DN606_c0_g1_i1.p1	MSSPPSPWLWFLVSDITGQPKYKTSADKVSIASTA Hypothetical	K01711	.	.	21.594	23	5	18	0	4	341	38.6	5.27
TRINITY_DN3598_c0_g1_i2.p1	MLSTLTKRTAEQQHQIQIKFSVVLHRLLRFTSKLL RuvB-like 1	K04993	PF06068.13	GO:0031011^cellular_component^No80 com	41.539	20	6	18	0	6	490	53.8	6.71
TRINITY_DN819_c0_g1_i2.p2	MTVAGKMNQYQVGRKAATEDHPNPEAYRMIH 60S ribosomal protein L18a	K02882	.	.	35.409	26	4	17	4	4	183	21.2	10.55
TRINITY_DN7_c0_g1_i1.p4	MSKEKTPYKNISGTAPPAPPKESILELRIDAKV: Sm-like protein LSM7	K11204	PF00134.23	GO:0005634^cellular_component^nucleus^G	27.618	44	3	17	3	3	116	12.7	5.01
TRINITY_DN3359_c0_g1_i9.p1	MNWFGKKAAAPSTQSSSGGGTGLNPGATII Vacuolar-sorting protein SNF7	K12194	PF03357.21	GO:000815^cellular_component^ESCRT III c	21.304	29	5	17	1	5	228	24.9	4.78
TRINITY_DN3969_c0_g1_i1.p1	MNYFGMNWTVGVGMFMCMISVTSGFAPNYI Probable adenylate kinase 2, chloroplastic	K00939	PF13238.6	GO:0009570^cellular_component^chloroplas	23.473	20	5	17	0	5	332	36	8.13
TRINITY_DN93_c3_g1_i3.p1	MTAAESAPOSAAPIKGVMTGTILEAAFDVAPYNV Hypothetical	K00863	.	.	34.217	12	5	17	4	5	734	83.3	

TRINITY_DN242_c8_g1_i1.p1	ESRHTYIYIYIHLNFPTYSNMSDEYAIETADAC Eukaryotic translation initiation factor 5A-2	K03263	PF08207.12	GO:0043022* <i>molecular_function</i> *ribosome t	17.334	31	4	17	2	4	183	20.1	4.93
TRINITY_DN582_c0_g1_i1.p1	MTSYSIEKSSRRAKCKGGQVIAGKELRIGHTSHQV Poly [ADP-ribose] polymerase 1	K12825	PF00645.18	GO:0005730* <i>cellular_component</i> *nucleolus	22.679	16	5	17	0	5	496	55.8	6.68
TRINITY_DN1391_c0_g1_i1.p1	MLESTIHDGRDHLHGLRASIARELLAGQKVVIVRC 60S ribosomal protein L13a	K02872	PF00572.18	GO:0015934* <i>cellular_component</i> *large ribos	12.4	23	4	17	0	4	200	22.5	10.24
TRINITY_DN2991_c0_g1_i2.p1	MKMRVKSUYAFATLGSMSSTCHAFSTSPNSKIAPF PAP_fibrillin	K02958	PAP_fibrillin	.	17.178	16	4	17	4	4	290	31.8	5.4
TRINITY_DN241_c0_g1_i5.p1	MKFTLSLNPHQQTSILATLGLLGLGATYPI Hypothetical	K00658	NA	.	32.123	21	6	17	0	2	440	47.8	4.92
TRINITY_DN844_c3_g1_i2.p1	MSKAIITQFGRKLSPTSCRYRSLSHWQYEMGF Aspartate aminotransferase, mitochondrial	K14455	NA	GO:0009986* <i>cellular_component</i> *cell surfac	32.679	20	6	17	5	6	424	46.8	7.53
TRINITY_DN242_c0_g1_i2.p2	MTSAIPSTPTQTGVSATAPNPNKPKQNSSNRGT Copia protein	K03955	NA	GO:0000943* <i>cellular_component</i> *retrotrans	28.155	23	5	17	2	5	381	42.8	7.14
TRINITY_DN10133_c0_g1_i1.p7	MTQIFDESGNIIPVILIKGPCVITQKLTVDGYNA Elongation factor Tu, chloroplast	K02358	NA	GO:0009507* <i>cellular_component</i> *chloroplas	26.774	47	6	17	6	6	196	21.2	9.8
TRINITY_DN2988_c0_g1_i1.p1	MSTTTTTPPTPPSPFVGSRVILKLNKTEGFNGK Hypothetical	K03147	NA	.	25.593	20	6	17	0	6	503	54.9	7.28
TRINITY_DN3388_c1_g2_i1.p1	MIQVTRYAIAVFLLSLGLVSSFPASIVSRN Zeaxanthin epoxidase, chloroplastic	K09838	NA	GO:0031969* <i>cellular_component</i> *chloroplas	28.836	14	4	17	0	4	554	60.2	5.3
TRINITY_DN3064_c0_g1_i4.p1	MAVVKTRVTRSHPAAYKALKALSIVGLNDVIFSD <sup>2</sup> Proline-tRNA ligase	K01881	NA	GO:0017101* <i>cellular_component</i> *aminoacyl	23.788	8	5	17	0	5	934	104	5.77
TRINITY_DN1407_c4_g1_i1.p2	MKFESLILITALFNVSCHAFTSNQACQRKALITSRK DNA-binding protein HU	K12736	NA	.	26.205	25	4	17	4	4	166	17.9	10.04
TRINITY_DN4007_c2_g1_i3.p1	MVKFNILAICAAFHVAFAFSPKAHHCHHNSIT <sup>2</sup> Dihydroxy acid dehydratase	K01687	NA	GO:0051539* <i>molecular_function</i> *4 iron, 4 su	27.164	11	5	17	0	5	665	71.9	6.18
TRINITY_DN4056_c0_g1_i1.p1	MKSTIIATSLLAGSAAFTTSGQRTSALKAMPEF Chlorophyll a-b binding protein 1B-21, chloro	K12946	NA	GO:0009535* <i>cellular_component</i> *chloroplas	16.429	25	5	17	5	5	245	26.7	5.97
TRINITY_DN4593_c1_g1_i1.p1	MQISSFSKIALALLAFVAVSPLTNVPPLRSSM <sup>2</sup> Transmembrane 9 superfamily member 7	K12598	NA	GO:0005737* <i>cellular_component</i> *cytoplasm	25.568	10	4	17	0	4	732	82	9.39
TRINITY_DN3074_c1_g1_i1.p1	MHSSLHLQPLRWNSLILTLMLCHHSTHAFATS Hypothetical	K17301	NA	.	22.831	21	3	17	3	3	279	31.6	4.79
TRINITY_DN1828_c0_g2_i1.p1	FRISVTMVQHPVEVTFVQLFSATSILGAAVIGLV Pyrophosphate-energized vacuolar membran	K23025	NA	GO:0016021* <i>cellular_component</i> *integral co	21.277	9	6	17	3	6	760	79.8	5.19
TRINITY_DN838_c4_g1_i1.p1	MSDTQEVEEVIEVEEQMSVLDALKEVLKLSIHI 40S ribosomal protein S12	K02951	NA	GO:0005840* <i>cellular_component</i> *ribosome <sup>2</sup>	15.508	21	2	17	2	2	141	15.5	4.89
TRINITY_DN79_c0_g1_i3.p1	MKIQSPALFILTGLSHPHNLVASCATAMSPNA Probable WRKY transcription factor 19	K02541	NA	GO:0030425* <i>cellular_component</i> *dendrite <sup>2</sup>	21.745	9	5	17	0	5	843	92.8	5.01
TRINITY_DN107_c0_g1_i3.p1	MENKFPIDAIIDVSKAITADNEGEYKALNLYRDAL Vacuolar protein sorting-associated protein 4	K12196	NA	GO:0005737* <i>cellular_component</i> *cytoplasm	20.739	15	5	17	4	4	446	49.6	7.15
TRINITY_DN2932_c1_g1_i3.p1	METLQSSOPTTEVTDVSNQNNNLMESMDNLV Hypothetical	K04646	NA	.	33.418	10	4	17	0	4	773	85.7	4.78
TRINITY_DN937_c1_g2_i1.p1	NTHDTRHITHAMDSSNAYLEVSPESTLQFLTDRD Vesicle-associated protein 1-3	K01784	NA	GO:0005783* <i>cellular_component</i> *endoplasm	33.265	18	4	17	0	4	334	36.9	7.18
TRINITY_DN2511_c0_g1_i1.p1	MMLRFTNSNKKLYKKTIDLLVNTKPVIQKNSS Mitochondrial-processing peptidase subunit ε	K01412	NA	GO:0005743* <i>cellular_component</i> *mitochonc	19.888	8	5	17	0	5	630	69.7	6.27
TRINITY_DN1230_c3_g1_i2.p1	MDVLDNAKALLADLNKVDGGDIEGGKAALSEMI Probable 26S proteasome non-ATPase regulat	K03031	NA	GO:0005829* <i>cellular_component</i> *cytosol <sup>2</sup> GC	18.81	27	5	17	1	1	260	29.1	4.46
TRINITY_DN571_c1_g1_i2.p1	MIISLNSILTLWLVSDPSPGHAFAPHKNTIRTAI Probable NADH dehydrogenase	K17871	NA	GO:0003954* <i>molecular_function</i> *NADH dehyd	25.929	14	5	17	0	5	624	68.5	5.52
TRINITY_DN1053_c0_g1_i2.p1	MVRSVLLAALVGAAPASSMTRGSSVALKAE Chlorophyll a-b binding protein 4, chloroplast	K01755	NA	GO:0009507* <i>cellular_component</i> *chloroplas	29.428	37	4	17	4	4	197	21	6.07
TRINITY_DN1813_c1_g1_i2.p1	MPPKKNANDDDLGAAMRAARGRVKNLSMGF Obg-like ATPase 1	K06942	NA	GO:0005737* <i>cellular_component</i> *cytoplasm	28.22	18	5	17	5	5	424	46.5	7.69
TRINITY_DN221_c1_g1_i5.p1	MSSSVASTAASIVRQVVKGSRVPHKSPALTKVI Uncharacterized aminotransferase Yhx4	K00789	NA	GO:0004015* <i>molecular_function</i> *adenosylm	30.015	14	4	17	3	4	497	54.5	6.62
TRINITY_DN344_c7_g1_i2.p1	MSVPPVKAKEVAQSVIPASRAVSAKEAPSVIPS Hypothetical	K03363	NA	.	22.248	27	5	17	5	5	264	29.6	8.21
TRINITY_DN1382_c2_g1_i2.p1	MGFLSLIUNVLLSFKITAAALTEPLKNVPPCW1 Hypothetical	K14559	NA	.	29.939	25	4	17	1	4	279	30.5	8.5
TRINITY_DN1933_c0_g1_i2.p1	MTCIYNSHSLNKQVHVRIRKVNKTYKMKMTPV ABC transporter D family member 2, chloropl	K08678	NA	GO:0009507* <i>cellular_component</i> *chloroplas	34.508	7	3	17	0	3	866	96.6	7.88
TRINITY_DN714_c0_g1_i3.p1	MRLIMVGLDAAGKTLIKLKGEGKTTCCNVQS ADP-ribosylation factor 1	K07937	NA	GO:0005794* <i>cellular_component</i> *Golgi appa	32.374	28	4	17	0	4	207	23.5	7.42
TRINITY_DN2132_c0_g1_i1.p1	MLIVKLATSLKPICWQRGVVRLSTKAAPTDFYSP Fumarate hydratase class 1, aerobic	K01676	NA	GO:0051539* <i>molecular_function</i> *4 iron, 4 su	23.855	16	6	17	6	5	573	62.4	7.02
TRINITY_DN3091_c0_g1_i7.p1	MSQMNNPSSGGGTAPATSTASAGPRLGPSWI Mitochondrial phosphate carrier protein	K15102	NA	GO:0005623* <i>cellular_component</i> *cell <sup>2</sup> GO:00	33.262	13	7	17	0	7	1076	115.9	6.95
TRINITY_DN7884_c0_g1_i1.p1	MKYTSTFVLLSLLAGSSAFVGNKNRISSTIASS <sup>2</sup> 3-dehydroquinase synthase, chloroplastic	K01735	NA	GO:0009507* <i>cellular_component</i> *chloroplas	21.805	11	3	17	3	3	448	49.1	5.54
TRINITY_DN3388_c0_g1_i1.p1	MKLSKALLLAFVPSDAFTVLPVHSGTNRLSFF <sup>2</sup> Violaxanthin de-epoxidase, chloroplastic	K09839	NA	GO:0009535* <i>cellular_component</i> *chloroplas	19.405	14	6	17	0	6	476	53.4	5.25
TRINITY_DN327_c0_g3_i6.p1	MSLPLASPLPLPPLTWVLLSDTGESYRGTSAS <sup>2</sup> Hypothetical	K16569	NA	.	17.444	9	4	17	0	2	573	64.8	8.25
TRINITY_DN2299_c0_g1_i1.p2	MKLQTLASAFFLVAFSFHYSSPVYKTSNSIIPRATPL Hypothetical	K14213	NA	.	21.047	22	4	17	4	4	196	22.4	9.11
TRINITY_DN22_c0_g1_i1.p1	MRLTFRTRVEGDFEKVPMDGDFSQADFVKLLAR Probable NAD(P) <sup>2</sup> H-dependent D-xylose reduc	K02132	NA	GO:0005829* <i>cellular_component</i> *cytosol <sup>2</sup> GC	28.159	13	5	17	0	5	652	74.4	5.91
TRINITY_DN874_c2_g1_i2.p1	MPDRRIFIMLIIVSASFASFVFLPLATRTCSQRP Phospholipid hydroperoxide glutathione pero	K02879	NA	GO:0009507* <i>cellular_component</i> *chloroplas	30.587	13	3	17	1	3	344	38.3	6.64
TRINITY_DN391_c0_g1_i1.p1	MAHHCVIFISFVAVVAVSSLALAFQITPHSHQTCR Hypothetical	K15042	NA	.	18.874	13	4	17	4	4	316	35.6	8.38
TRINITY_DN898_c8_g1_i1.p1	MTSSNANESDYYEKGGTQTEVAVTLKLAQF 6-phosphofructo-2-kinase/fructose-2,6-bisph <sup>2</sup>	K10841	NA	GO:0005829* <i>cellular_component</i> *cytosol <sup>2</sup> GC	23.66	9	4	17	4	4	630	70.9	5.99
TRINITY_DN1832_c1_g1_i1.p1	MFPSIEPVSVNGTGLLWFLSYGILYRASGLUSEG <sup>2</sup> Sodium/calcium exchanger NCL2	K06693	NA	GO:0016021* <i>cellular_component</i> *integral co	15.589	17	6	17	6	6	561	60.9	4.78
TRINITY_DN9233_c0_g1_i1.p3	MNKTPILEIKELKACINQNEILKNLKVHKEIHA <sup>2</sup> ATP synthase subunit alpha, chloroplastic	K02111	NA	GO:0009535* <i>cellular_component</i> *chloroplas	16.151	12	3	16	3	3	250	28.1	6.32
TRINITY_DN677_c4_g1_i1.p1	MKAIIAIASAVLTFAVCEAFAPQCQTKSKGLPLRAL Uncharacterized protein At2g34460, chloropl	K16912	NA	GO:0009507* <i>cellular_component</i> *chloroplas	32.485	22	6	16	6	6	362	38.4	7.21
TRINITY_DN1237_c0_g1_i1.p1	MRFQSTLAAIILSSETSYFCCTAFTVPVSFAKKSAL Hypothetical	K20989	NA	.	23.745	15	5	16	5	5	482	53	5.52
TRINITY_DN12715_c0_g1_i1.p1	FYTNILCALYTAADAFMVPQPKTINSLKATYSY Hypothetical	K07238	NA	.	45.54	59	5	16	1	1	113	12	8.62
TRINITY_DN1412_c14_g1_i1.p1	MSQTESNSPTPIAAPSPLQIKGAFIKQYQVLSTN Ras GTPase-activating protein-binding protei	K03678	NA	GO:0010494* <i>cellular_component</i> *cytoplasm	37.555	6	2	16	2	2	586	62.7	7.52
TRINITY_DN2008_c1_g1_i6.p1	MTNKTESNYGAIPTEAPVVEEQRTNVRMVEVPJ family	K10575	NA	.	19.772	31	4	16	1	4	251	28.1	5.14
TRINITY_DN2606_c2_g1_i4.p2	MKFLNTLTVFLVIGSSTYSASSRREITKLANGA Mitochondrial substrate carrier family protei	K10534	NA	GO:0016021* <i>cellular_component</i> *integral co	26.106	40	3	16	3	3	186	19.7	7.91
TRINITY_DN729_c0_g1_i3.p1	MARLSLNLSTLSLIGTASAFVPSHFSGSNQN Hypothetical	K10357	NA	.	18.446	18	4	16	4	4	314	33.6	7.37
TRINITY_DN3228_c0_g1_i1.p1	MSADKKIWTWQGSQLDHVRFLVHLPPFFVAPLLA Hypothetical	K02155	NA	.	36.55	17	3	16	3	3	245	27.1	6.52
TRINITY_DN23576_c0_g1_i1.p1	MSDNTGGIETETAFFPVKEELSLRADIACEFPDD domain	K07393	NA	.	23.705	20	4	16	4	4	309	34.4	5.11
TRINITY_DN400_c2_g1_i2.p1	MNNKHPLVITSSFLPTVATVFLCHTIRPSLAFI Hypothetical	K06158	NA	.	28.288	8	5	16	1	5	786	85.7	7.37
TRINITY_DN1074_c0_g1_i3.p1	MYSTNLFLLTAACHLIQHSGVAFTMTEVSTR <sup>2</sup> Hypothetical	K00948	NA	.	21.669	24	5	16	0	5	295	32.5	5.54
TRINITY_DN2495_c3_g1_i1.p1	MNQMSSVDLPTNVLIGAGCMTLLGSGLALAMI NADPH-cytochrome P450 reductase	K03027	NA	GO:0005789* <i>cellular_component</i> *endoplasm	34.364	10	5	16	5	5	702	77.8	6
TRINITY_DN549_c1_g1_i4.p1	MYVYNSKVEDSLWVFLIRSFVIANIYPTNSKR <sup>2</sup> Tyrosine-tRNA ligase	K05034	NA	GO:0005737* <i>cellular_component</i> *cytoplasm	24.063	18	6	16	0	6	565	63.3	8.28
TRINITY_DN1972_c1_g1_i3.p1	ASETPLTASGSDAEHLRRLKSQVWVAFVTFG Putative glycerol-3-phosphate transporter 3	K13783	NA	GO:0016021* <i>cellular_component</i> *integral co	17.394	12	3	16	2	3	469	50.9	6.62
TRINITY_DN898_c17_g1_i1.p1	MNKLSAFAALSASAFANRVGLNQLGGPSAPAK Hypothetical	K03857	NA	.	23.603	34	5	16	5	5	284	27.9	6.97
TRINITY_DN1092_c0_g1_i13.p1	MRSLYRSFALVICALIVHNVLCEEPGRYLRQL Receptor protein-tyrosine kinase CEPR2	K13370	NA	GO:0016021* <i>cellular_component</i> *integral co	19.345	8	3	16	0	3	631	68.2	9.41
TRINITY_DN3331_c0_g1_i1.p1	MLGLRFALATSIYMLHQVAVSLPFYNSASSYKA Heat shock 70 kDa protein	K07374	NA	GO:0005788* <i>cellular_component</i> *endoplasm	20.372	12	5	16	1	5	721	78.5	5.08
TRINITY_DN3093_c0_g1_i2.p1	MHQTSLQRMASTHGMRKLLKQKPSVQFIKA Putative ankyrin repeat protein FPV162	K02908	NA	.	31.546	14	5	16	0	5	661	75.9	5.29
TRINITY_DN2835_c0_g1_i3.p1	MLLNRHVGLSRSRGTCTSTLLSKPSRELRR DUF21 domain-containing protein At5g52790	K16302	NA	.	10.754	10	4	16	0	4	586	67.4	4.97
TRINITY_DN1113_c2_g1_i1.p1	MSEGLEADIWGSNDQHQDQPGDLSQDSTLQQ 26S protease regulatory subunit 6A	K03065	NA	GO:0005737* <i>cellular_component</i> *cytoplasm	29.16	16	6	16	5	5	473	52.6	4.96
TRINITY_DN1388_c0_g1_i1.p1	MRILASFLTLGTLSTANAWITSAIKSNRSHRELEAA Hypothetical	K05648	NA	.	19.435	14	5	16	0	5	326	35.3	5.45
TRINITY_DN4_c1_g1_i1.p1	MTKVKQTERIPVILTGFSGKTTLLNHLNDNTH COBW domain-containing protein 2	K12898	NA	GO:0005524* <i>molecular_function</i> *ATP bindin	35.777	20	5	16	5	5	395	44.6	5.3
TRINITY_DN16_c5_g1_i1.p1	MHETHNNKRYQNMKFTIPAAIAIALQSDNHC <sup>2</sup> Cytochrome P450 97B3, chloroplastic	K02575	NA	GO:0009507* <i>cellular_component</i> *chloroplas	21.058	5	2	16	2	2	647	73.5	5.55

TRINITY_DN203_c2_g1_i1.p2	MKFSLLSACLISASAFGVTSVPARPSTAMNMV Ribulose-phosphate 3-epimerase	K03234	NA	.								22.476	28	3	16	3	3	264	28.4	5.5
TRINITY_DN2059_c0_g1_i2.p1	MCTVDQRKILKMTETRNHNHNDNRNHHDDDD Calcium-transporting ATPase PAT1	K01537	NA	GO:0031164	cellular_component	contractile						30.277	10	6	16	0	6	1081	118.1	5.14
TRINITY_DN1971_c2_g1_i4.p1	LAEEARLAEKERLAEARLAEASLAEERLAEERI Calponin homology domain-containing protei	K11087	NA	.								23.888	23	5	16	0	2	380	43.3	4.58
TRINITY_DN375_c7_g1_i1.p1	MFLQK35FYLAFMLKRAATFAPSMTARTRDTRSG Hypothetical		NA	.								27.973	21	4	16	4	4	321	34.7	5.48
TRINITY_DN252_c1_g1_i2.p1	MMNLSKSILRMKPPISAGPMPTDPFLVCVYHKI Pirin-like protein	K01507	NA	GO:0046872	molecular_function	metal ion t						25.379	20	4	16	3	4	389	43.1	5.05
TRINITY_DN1593_c2_g1_i1.p1	MDAPKANNEYCTFTLPDGMTAGGLPSEADIRKC Coatomer subunit beta-2	K17301	NA	GO:0030126	cellular_component	COP1 vesicl						21.553	8	5	16	0	5	971	107.6	6.05
TRINITY_DN6539_c0_g1_i4.p1	MTNDNTQEGVKQWALEELLEPTNSPSKKNK Phosphatidylinositol/phosphatidylcholine tra	K04345	NA	GO:0000139	cellular_component	Golgi mem						29.468	20	6	16	1	6	433	48.8	6.73
TRINITY_DN2627_c0_g1_i2.p1	MSDTAAFFASKKKKAKFNANVIDVTQVTSIIH Hypothetical	K13993	NA	.								31.819	23	6	16	0	6	321	34.4	6.44
TRINITY_DN2666_c1_g1_i1.p1	NTSTNEELNRCMRLRSHPEKISHHDLCEQEPN NADPH-dependent curcumin reductase	K09506	NA	GO:0016491	molecular_function	oxidoreduc						28.645	24	6	16	4	4	347	38	5.29
TRINITY_DN84_c1_g1_i3.p1	MKSTMTLFDMDLQKVKTANGFLAALDQSGGSTP Fructose-bisphosphate aldolase class 1	K01623	NA	GO:0004332	molecular_function	fructose-bi						27.578	27	6	16	0	6	304	33.3	5.44
TRINITY_DN3639_c1_g1_i2.p1	SSCNLCGRTAAVPCLGRNRRIEIKVHVLHIFLSLDL NADP-specific glutamate dehydrogenase	K00622	NA	GO:0005737	cellular_component	cytoplasm						20.172	10	4	16	0	4	586	64.5	8.87
TRINITY_DN2667_c0_g1_i1.p1	MIQPGTILTYGVAVVITSSNSSSTANESNEGFI Hypothetical	K09506	NA	.								39.795	6	4	16	0	4	1376	150.7	5.31
TRINITY_DN2048_c2_g1_i1.p1	MKVVALCISLSSATCAFAPSLVNPASSRNSMLQAI Hypothetical	K03094	NA	.								29.516	34	4	16	4	4	168	18.6	4.56
TRINITY_DN1410_c1_g1_i1.p1	MKFPISTIATFAIFLPSHFAGITNNSPKTQTDMIK PsbP-like protein 1, chloroplastic	K02717	NA	GO:0009507	cellular_component	chloroplas						27.239	24	4	16	4	4	234	25.7	8.07
TRINITY_DN2050_c0_g1_i1.p1	MRFLKPMFELGRSRFVYFSPDRDRSMAEVIADAD NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha s	K03953	NA	GO:0005759	cellular_component	mitochondr						35.112	22	4	16	1	1	227	25.8	5.12
TRINITY_DN2330_c0_g1_i2.p1	MATIQTTEPIHEVHIDGALKIVKQCQELPNFVS Eukaryotic translation initiation factor 3 subu	K03247	NA	GO:0005829	cellular_component	cytosol	GC					31.545	21	4	16	1	4	353	39	5.76
TRINITY_DN893_c1_g1_i5.p1	MYVIGHQYVVMNDVYARYARTQDCGTYNLCS Hypothetical	K14683	NA	.								20.813	27	4	16	0	4	238	27.1	5.12
TRINITY_DN2254_c0_g1_i1.p1	MPSQEWLIMGKLVNQYITKPDAPFPREPVDWKG Transcription factor GTE1	K10752	NA	GO:0005634	cellular_component	nucleus	GC					32.14	43	5	16	1	5	214	24.5	6.8
TRINITY_DN815_c0_g1_i1.p2	MKQSAFTILISTLAASVADGEVFTVHSGGTTNP Uncharacterized protein YcbX	K15015	NA	.								28.159	14	4	15	4	4	519	57.2	5.44
TRINITY_DN731_c3_g1_i3.p1	MISIFIDLLVSLGIVTADASFVNPSSVYSSNSQSL Thylakoid lumenal 15 kDa protein 1, chloropl	K07300	NA	GO:0009507	cellular_component	chloroplas						24.545	14	3	15	1	3	278	29.6	6.04
TRINITY_DN1625_c0_g1_i1.p1	MKLLRNLAILGLSFPPTHTAVLKSPTSISRKQV Acetylglutamate kinase	K02355	NA	GO:0005737	cellular_component	cytoplasm						26.075	22	4	15	4	4	334	34.7	5.33
TRINITY_DN3718_c0_g1_i2.p1	MCQSSRCFLTLSCCFLLSLSSQGTITTTTSFAFSPTI Outer membrane protein MIP	K13348	NA	GO:0042597	cellular_component	periplasmi						26.684	25	5	15	0	5	336	35.6	5.44
TRINITY_DN4066_c0_g1_i1.p1	MRLSAEVLSEQRNTPLGEREILRGLAIPAIEHLG U2 small nuclear ribonucleoprotein A'	K11092	NA	GO:0016607	cellular_component	nuclear sp						22.079	27	4	15	1	4	285	31.1	8.95
TRINITY_DN9891_c1_g1_i1.p1	MPKNSIRSYRKTSPRRPFKERLDAELKLVGEYC 40S ribosomal protein S9-2	K02997	NA	GO:0005829	cellular_component	cytosol	GC					20.487	27	4	15	4	4	190	21.9	10.74
TRINITY_DN867_c3_g1_i2.p1	MANKISFAASAPFMILLLILLVLEVSVAFOVSRGSI Protein of unknown function (DUF1415)	K03798	NA	.								17.618	8	3	15	0	3	489	52.7	5.44
TRINITY_DN344_c2_g1_i1.p1	MIQIVNMTRFRVPLVCMMLHFQKVSFAFSYLAS Protein of unknown function (DUF1995)	K12191	NA	.								31.459	12	3	15	3	3	411	46.3	4.97
TRINITY_DN1021_c0_g1_i4.p2	MKIHTASVTLIATVDYFSLGFSLSAEQKALAET Fructose-bisphosphate aldolase	K01623	NA	.								18.599	11	3	15	0	3	375	40.6	5.45
TRINITY_DN1002_c1_g1_i3.p1	MSDNEAMRKMAKULIYLSRQDSVPFREPVDWKC Transcription factor GTE1	K02973	NA	GO:0005634	cellular_component	nucleus	GC					16.505	18	3	15	0	3	232	26.7	5.11
TRINITY_DN3678_c0_g1_i1.p1	MKIRSTLLFALPIFSSYTNFVQVNTPSQTRIAATS Hypothetical	K21848	NA	.								31.451	32	6	15	0	6	369	40.6	5.44
TRINITY_DN281_c4_g1_i1.p1	MTTLLVIFHIWITSFASISHHHVLVLSNQFHHKHP Family	K00820	NA	.								28.388	16	5	15	5	5	505	55.2	8.53
TRINITY_DN1216_c0_g1_i3.p1	FKRNTNTYHINYSLODITQRPIITSAMTSYMHARHN Proteasome subunit beta type-1	K02732	NA	GO:0048046	cellular_component	apoplast	GC					12.41	7	2	15	0	2	301	33.4	6.6
TRINITY_DN944_c2_g1_i1.p1	MKVSSFFLTSSVAFPLASAFAPTTFRSLTADSFV Probable ribose-5-phosphate isomerase 3, ch	K01807	NA	GO:0009507	cellular_component	chloroplas						21.582	6	1	15	0	1	295	31.3	5.5
TRINITY_DN2704_c1_g1_i2.p2	MIFNKSTSNLVLVLFAGAGRGRNVVDALAPNSN Hypothetical	K06990	NA	.								15.103	9	3	15	3	3	356	39	8.34
TRINITY_DN161_c6_g1_i2.p1	MKSFQSQITLALLLGVFLVLRGPPFVFSFAPS methyltransferase	K08819	NA	.								19.047	15	4	15	2	4	481	53.8	5.51
TRINITY_DN1370_c0_g1_i3.p1	MNFKCSAIALAAMSTSCAFTTNKSPHAFYKNNN Protein THYLAKOID FORMATION 1, chloroplas	K00626	NA	GO:0009707	cellular_component	chloroplas						16.273	10	3	15	0	3	318	35.3	5.66
TRINITY_DN576_c0_g1_i2.p1	MATHLRSVLKSHGKNAAAAAAATTTAASAVTF Cytochrome c1-2, heme protein, mitochondri	K00413	NA	GO:0016021	cellular_component	integral co						28.104	18	3	15	1	3	274	29.9	6.61
TRINITY_DN1160_c2_g1_i1.p1	MTAFTRILNTVSHRNGKFSKIVSSFLKNGSLQR Dihydriolipoylysine-residue acetyltransferase	K00627	NA	GO:0005959	cellular_component	mitochondr						37.815	14	4	15	4	4	501	53.2	5.58
TRINITY_DN836_c1_g1_i1.p1	MRILGULSLFAAFAFSPAAIVTTPKSHLHTSGLFM CHAPERONE-LIKE PROTEIN OF POR1-like	K06671	NA	.								14.924	17	3	15	1	3	303	34.3	9.38
TRINITY_DN1136_c1_g1_i1.p1	MSQNIPELSEDESALDGVFSDAPLVLPKNYPLRE Eukaryotic translation initiation factor 3 subu	K03253	NA	GO:0016282	cellular_component	eukaryotic						14.632	7	5	15	5	5	135	81.3	7.83
TRINITY_DN893_c5_g1_i1.p1	MQQTNFKSVLVLVLTSLPFLAFAPSRAYPCDVGI Hypothetical	K14683	NA	.								15.603	3	5	15	5	5	714	15.9	6.13
TRINITY_DN3654_c0_g1_i2.p1	FMIKTMIVTWKSTYFNLLGVTHIMATTTLLSSVSP Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FPR2	K09569	NA	GO:0005737	cellular_component	cytoplasm						22.014	9	3	15	0	3	469	51.3	8.92
TRINITY_DN129_c5_g1_i7.p1	MPLVSRQALFGLGAILLVLHLDSTSVNTAFTTYP Acetyl-coenzyme A synthetase	K01895	NA	GO:0003987	molecular_function	acetate-Co						29.748	11	6	15	3	6	760	82.9	5.63
TRINITY_DN337_c4_g1_i1.p2	MTRYSVETDASNTSKSRGSHLRVHYKHCREITHHII 60S ribosomal protein L17-2	K02880	NA	.								10.544	15	3	15	3	3	194	21.2	10.11
TRINITY_DN161_c0_g1_i2.p1	MKKIPFSPGLYCYMFNSKLSQLYRSNTLLMPTT NADH-cytochrome b5 reductase 2	K00326	NA	GO:0016021	cellular_component	integral co						26.518	14	4	15	4	4	345	38.2	7.84
TRINITY_DN1806_c4_g1_i1.p1	MNEVFRSAGDQRFQKIPQLSRKAEVSRLYRKLK NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 beta su	K03965	NA	GO:0031966	cellular_component	mitochondr						18.016	21	4	15	1	4	154	17.6	8.25
TRINITY_DN2624_c0_g1_i2.p1	MKIQTATLALFISGQVEAFCPPTGNCNVHETELF Hypothetical	K02917	NA	.								25.518	24	5	15	3	5	264	28.5	8.5
TRINITY_DN834_c0_g2_i1.p1	MNLLTLFLICVPSAFFNPSITNSHAVRGGVMQIN methionine sulfoxide reductase	K20989	NA	.								17.793	18	5	15	5	5	279	30.6	6.64
TRINITY_DN2409_c1_g1_i1.p1	MGNIAAKKSKMSSENQAEVVLVCGCAPNRM Hypothetical	K00600	NA	.								16.275	15	4	15	0	3	376	41.1	5.43
TRINITY_DN244_c0_g1_i6.p1	MTNLKSFILSLISHECFQINAFAPPTKCDWSSKTCF Uncharacterized aarF domain-containing prot	K08869	NA	GO:0009507	cellular_component	chloroplas						16.64	10	4	15	0	4	594	65.1	5.82
TRINITY_DN1405_c2_g1_i1.p1	MSLSLAPGASARATSSAATAERTRRPIVGTGSVL Proteasome subunit beta type-4	K02736	NA	GO:0005737	cellular_component	cytoplasm						16.632	18	4	15	4	4	256	28.2	5.03
TRINITY_DN1634_c0_g1_i1.p1	MGNKSKSMAAVGFKQLFDVDCYTYLWDPPI Persulfide dioxygenase ETHE1, mitochondrial	K17725	NA	GO:0005737	cellular_component	cytoplasm						16.489	15	3	15	3	3	245	27	6.35
TRINITY_DN16_c4_g1_i1.p1	MRVCTTTLVLIASLACTANAFMPVSTRARMPMQ Protein of unknown function (DUF4079)	K02575	NA	.								17.949	12	3	15	0	3	299	31.4	8.44
TRINITY_DN3113_c0_g1_i2.p1	MKITSTGAVMFLLSALANTRNIVAFTPKKVSFATI Isoleucine-tRNA ligase	K01870	NA	GO:0005737	cellular_component	cytoplasm						24.677	8	6	15	0	6	1066	119.2	6.23
TRINITY_DN3063_c1_g1_i4.p1	MELSFSPNPLTERPVMALATAVLTNTINNYISIIN Probable glutamate-tRNA ligase, cytoplasmic	K01885	NA	GO:0005829	cellular_component	cytosol	GC					22.847	6	3	15	0	3	730	82	7.36
TRINITY_DN111_c7_g1_i1.p1	MKREKALRTLKLVNHLKNTYYKMNTHNMLC Putative peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	K08790	NA	GO:0005576	cellular_component	extracellul						16.083	15	3	15	3	3	284	31.9	9.28
TRINITY_DN465_c2_g1_i3.p1	MPLRMIEITKLSASSDRVKSVDIHPSEPWALALY Coatomer subunit beta'	K17302	NA	GO:0030126	cellular_component	COP1 vesicl						19.622	9	6	15	0	6	1069	118.4	4.61
TRINITY_DN2646_c0_g1_i1.p1	MVLQSRKQAPKGYIPGLGRGAAGFTTRSDIGPAI Pre-mRNA-processing factor 6	K12855	NA	GO:0071013	cellular_component	catalytic st						27.8	10	6	15	6	6	985	108.1	7.68
TRINITY_DN2463_c1_g1_i2.p1	MIVSHFIQNTKLLLSLLSSRGVSSFQGVDIRHS ATPase ARSA1	K01551	NA	GO:0005829	cellular_component	cytosol	GC					31.492	11	5	15	0	5	832	89.2	5.16
TRINITY_DN2163_c0_g1_i2.p1	MVSSASTAALLFTYVSLQCSMAAAAFVSNLFPJ Protein TAB2 homolog, chloroplastic	K08678	NA	GO:0009507	cellular_component	cytoplasm						20.506	23	4	15	1	4	347	38.3	4.94
TRINITY_DN23568_c1_g1_i1.p1	MTHLRILVILLVSFAFQWYPLGNWIEEGDNT Hypothetical	K00457	NA	.								18.648	10	3	15	3	3	509	54.2	5.38
TRINITY_DN2600_c0_g1_i2.p1	MKLSGLTLLSAATSALAFSLPSTNSPTFISHQTAAS Putative glucose-6-phosphate 1-epimerase	K01792	NA	GO:0030246	molecular_function	carbohydr						31.01	17	3	15	1	3	348	37.9	4.89
TRINITY_DN1614_c0_g1_i8.p1	MIRHNSQRQPDDEAAYWDGIDTLLSARNNKPGTSP Serine/threonine-protein phosphatase PP1-1	K06269	NA	GO:0005938	cellular_component	cell cortex						11.827	10	2	15	0	2	323	36.7	5.33
TRINITY_DN576_c1_g1_i1.p1	PLLIASPLAISFFHMKRPLKDVVESQSHNHHSKV Ubiquitin-like modifier-activating enzyme 1	K03178	NA	GO:0005737	cellular_component	cytoplasm						29.728	7	5	15	0	4	1102	122.7	5.48
TRINITY_DN3676_c0_g1_i2.p1	MKNKVLARTVLLVSSLVWFHVESFSAITAKGKRLG Hypothetical	K21848	NA	.								15.839	28	4	15	0	4	212	24	5.14
TRINITY_DN103_c1_g2_i2.p2	FFIYIHHMMKVLFLFASALSLLSNFNIQPSVV (4S)-4-hydroxy-5-phosphonoxy pentane-2,3-ri	K18477	NA	.								19.711	27	4	15	4	4	158	17.9	6.27
TRINITY_DN392_c1_g1_i1.p1	MSDIEPTVEETITPYVEEEAEFIGDESTPEVSLF 40S ribosomal protein S5a	K02989	NA	GO:0005737	cellular_component	cytoplasm						17.291	22	4	15	2	4	221	24.9	6.55</

TRINITY_DN213_c6_g1_i1.p1	MDSQSNKRRKTQDASSGNAATDVDNISDLAQ Enolase-phosphatase E1	K16054	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	34.451	38	6	15	1	1	309	33.9	5.08
TRINITY_DN401_c0_g1_i6.p1	MSPRDQKSDVDPQKVLGGQLSNAELIPDAGKVF Band 3 anion transport protein	K03841	NA	GO:0016323^cellular_component^basolatera	21.029	10	4	15	0	1	598	67	5.43
TRINITY_DN98_c8_g1_i2.p1	MVYAVRTFQKALKYRGGWRGLLEHMYTNGDYF NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha s1	K01802	NA	GO:0005747^cellular_component^mitochondr	23.549	19	4	15	4	4	241	27.3	8.34
TRINITY_DN3015_c3_g1_i1.p1	MRISRTHQJASRHASKKVAIASLNIIHEPTRYSKC Long chain acyl-CoA synthetase 7, peroxisomi	K11324	NA	GO:0005777^cellular_component^peroxisom	25.384	8	5	15	0	5	729	80.6	6.65
TRINITY_DN10763_c0_g1_i1.p2	MAKVKTAIKLALPAAKATPAPPYVPGALGQHGVDN 50S ribosomal protein L1, chloroplastic	K15687	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	19.282	38	4	15	4	4	141	14.8	9.74
TRINITY_DN3004_c0_g1_i1.p1	MKTTALLCIAGTSFAFPASVGVKSTLVNSVDLE Chlorophyll a-b binding protein L1818, chloro	K10577	NA	GO:0009535^cellular_component^chloroplas	14.915	14	2	15	2	2	194	20.6	5.19
TRINITY_DN932_c0_g1_i2.p1	MVLRVNSSLVSIILLTIATTAGILGTASGFVPHGIV Methionine amino-peptidase 1	K01265	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	27.008	12	5	15	0	5	444	48.7	6.76
TRINITY_DN1554_c1_g1_i1.p1	MPSNNSSTMAAIAISILLHALSRCPQFTGGCH. C-terminal SH3 domain	K00626	NA	.	25.71	15	5	15	5	5	498	56.1	4.75
TRINITY_DN57_c1_g1_i1.p1	MSQEGEEQKLSKELKRALKAKDAKNGTEGTG Arginine-tRNA Ligase, chloroplastic/mitochon	K01887	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	18.621	5	3	14	3	3	866	95.3	6.5
TRINITY_DN539_c4_g1_i1.p2	MKLSTLKIAGFALIGLSVAYGSSSSPNNKNDNR FK506-binding protein 1	K03453	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	11.922	16	3	14	2	3	191	20.4	9.39
TRINITY_DN1550_c0_g1_i2.p1	MTSKNIYFYTHFAPEVRDHEAGAFRALCQLHRDF Molybdopterin biosynthesis protein CNX1	K14560	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	24.794	11	4	14	0	4	535	59	6.37
TRINITY_DN454_c0_g1_i10.p1	MKPSGSPGMPSSNPLPSASPTGMPSSKPSVEP Probable hemoglobin and hemoglobin-haptog	K12584	NA	GO:0009279^cellular_component^cell outer i	34.942	14	4	14	1	4	530	57.5	5.11
TRINITY_DN106_c16_g1_i2.p2	MLTILPFAAFLVALLLQLQSDSVHAKNRDSPF Hypothetical	K05289	NA	.	20.353	17	3	14	0	3	257	28.7	7.03
TRINITY_DN1634_c2_g1_i1.p1	EDPIRFPKPVVGFPCPSPSESKKIYKEEGEGGGG Peroxisome biogenesis protein 19-1	K13337	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	16.867	21	3	14	3	3	300	34.2	4.53
TRINITY_DN103_c1_g1_i1.p1	MAHIYLIQIIVTWLVMFVAVGNHYHHNNKSPLVF EGF domain	K18477	NA	.	22.456	8	4	14	1	4	970	107.6	6.54
TRINITY_DN1458_c3_g1_i10.p2	MSSHMSVAIRSAESETFDLAGNSASTIETVRSAL Hypothetical	K21232	NA	.	23.851	12	3	14	0	3	445	49.4	8.16
TRINITY_DN3193_c0_g1_i1.p1	MSQVQIYNIQIDRLVTSSTPSDALLALAAITDSIRFN Hypothetical	K03783	NA	.	20.719	4	6	14	0	6	2566	290.2	4.85
TRINITY_DN781_c3_g1_i3.p1	MAKEGNKAKKGVFKFKCSQCHTEVQGGAHKQC Cytochrome c	K08738	NA	GO:0005758^cellular_component^mitochondr	10.622	32	4	14	4	4	108	11.8	9.39
TRINITY_DN2185_c1_g1_i1.p1	MKSYLVSSILAIGSTAFAPVATTFSTIKKQSLTI Hypothetical	K00626	NA	.	7.918	21	3	14	3	3	167	18.1	8.89
TRINITY_DN5_c7_g1_i4.p1	PSLPSLIANSKMANQKYETHLFASSSSSSSQKEE Tyrosine-protein phosphatase	K14312	NA	GO:0004725^molecular_function^protein tyr	14.354	11	5	14	0	5	492	54.5	5.5
TRINITY_DN359_c3_g1_i1.p2	MKQFLISSFLTCSTAVAFVHPSPHRTTSFSRRTSF Probable 6-phosphogluconolactonase	K01057	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	22.873	13	5	14	2	5	232	25.6	5.8
TRINITY_DN95_c0_g2_i2.p1	DVNOQSISSIHRSFSDSIHFIIFLLYSIMIKGNL Putative protein disulfide isomerase ClF5.02	K14521	NA	GO:0009986^cellular_component^cell surfac	21.907	39	5	14	1	5	521	58.8	8.56
TRINITY_DN2311_c0_g1_i4.p1	MVKYAKYLAALFALSMSCPASAVAFQSQPRTNAF Zeaxanthin epoxidase, chloroplastic	K09838	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	11.386	6	3	14	0	3	573	62.9	7.4
TRINITY_DN364_c0_g1_i6.p1	MYSIIIAIIHSSLASPPFLQDAAVAVPSPARLIGK Arogenate dehydratase/prephenate dehydrat	K00626	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	14.303	5	4	14	0	4	792	87.6	6.46
TRINITY_DN1951_c0_g1_i1.p1	MKYLFLVSTLAVVFNINCYGLTAGSCDICSSFLSRH Hypothetical	K00549	NA	.	9.565	8	2	14	0	2	365	40.8	4.98
TRINITY_DN2505_c0_g1_i2.p1	MNTRILFFLLSCTHWIENSNAFVINGFRGTKY Carboxyl-terminal-processing peptidase 1, chl	K00856	NA	GO:0009543^cellular_component^chloroplas	25.084	12	5	14	0	5	599	65.6	7.25
TRINITY_DN161_c0_g2_i1.p2	MTPKTPKDPKSKKIVKTKTSSSTMALTKGGGT transcriptase (RNA-dependent DNA polymera	K00326	NA	.	24.082	8	4	14	4	4	923	104.2	5.95
TRINITY_DN3091_c9_g2_i1.p1	MAPFKTKSVDMNMSRIKLVMSKGLSYKAAAL 60S ribosomal protein L30-2	K02908	NA	GO:0022625^cellular_component^cytosolic li	14.537	31	3	14	3	3	108	11.7	9.57
TRINITY_DN1736_c1_g1_i1.p1	MDGVEVMDLSPLESKEQDEQDKNNKLGPL ABC transporter B family member 3	K05658	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	19.338	5	4	14	0	4	1343	147.4	5.35
TRINITY_DN1305_c0_g1_i2.p2	FDSSFFSLYFQDFVEIJAQSTLKTKEEMMPFTYAN ATP-dependent zinc metalloprotease FtsH 3	K13024	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	14.53	7	4	14	0	2	759	83.7	6.51
TRINITY_DN2122_c0_g1_i1.p1	MLTMMSSMFVAVIAVSIFSCHGFPVHRPML Hypothetical	K21777	NA	.	12.951	25	4	14	0	4	276	30.7	7.81
TRINITY_DN692_c0_g1_i11.p1	MMSKYLHISDNTYTGELGAPIAVITFLSSLVAYGY Cytochrome P450 3A2	K11414	NA	GO:0030791^molecular_function^arsenite m	18.904	13	4	14	0	4	579	64.7	8.21
TRINITY_DN1101_c0_g1_i1.p1	SVYRCVRGITANEVILSNFLPAYPNNSIYKPHLTI Rieske_2	K01885	NA	.	20.942	27	4	14	0	4	233	24.8	8.7
TRINITY_DN3180_c0_g1_i1.p1	MNSNNKNEEEEELDGRRGIRFGTGAIYDADYAC Splicing factor 3B subunit 1	K12828	NA	GO:0071013^cellular_component^catalytic st	13.129	4	4	14	0	4	1310	146.3	5.62
TRINITY_DN1149_c4_g1_i2.p1	NTTIYTHIYSPHSQRCLMNSCKIHNIHVMANLL Hypothetical	K15849	NA	.	14.911	11	3	14	1	3	319	35.3	7.62
TRINITY_DN40_c5_g1_i1.p1	MQSRTARLSNLLVRNRKDRCLQRTFKNCSLSSRI Probable sulfite oxidase, mitochondrial	K00387	NA	GO:0005758^cellular_component^mitochondr	20.712	11	5	14	5	5	669	72.7	6.54
TRINITY_DN401_c0_g1_i7.p1	MSPRDQKSDVDPQKVLGGQLSNAELIPDAGKVF Sodium-driven chloride bicarbonate exchang	K03841	NA	GO:0097440^cellular_component^apical den	21.284	11	4	14	0	2	484	53.7	6.43
TRINITY_DN203_c5_g1_i2.p1	QKNRQAQRKRYHSELQLISNRISNPFHQTNYYKX Macrophage migration inhibitory factor	K06632	NA	GO:0009986^cellular_component^cell surfac	22.343	15	2	14	2	2	219	24.1	8.79
TRINITY_DN574_c7_g1_i2.p3	MDRYQKIEKPSNGSLGEGTYGVVYKARDTGDEIV Cell division control protein 2 homolog	K02087	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	16.434	20	4	14	1	1	303	34.8	5.76
TRINITY_DN2588_c0_g1_i3.p1	MKLQSLVFRSSTFYAFYLTRYSLGSSFSSTTTT Uncharacterized peptidase y4nA	K01555	NA	GO:0004252^molecular_function^serine-type	21.892	7	4	14	0	4	847	94.9	5.49
TRINITY_DN2401_c3_g1_i1.p1	PQTAVASRGPYPTTRIKIERHEKDTTKRKRQSTVN FK506-binding protein 2	K09577	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	21.6	28	5	14	0	5	271	30.2	5.85
TRINITY_DN2464_c1_g1_i2.p1	MKLFYGFALSYYVATMPTSAWSFTVTPAPSSRQ 1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate reductoisom	K00099	NA	GO:0030604^molecular_function^1-deoxy-D-	33.024	14	5	14	0	5	488	52.5	5.39
TRINITY_DN502_c2_g1_i1.p1	MANRFGMENYTDGDDVGFSSPDANMNYPSPSSG Replication protein A 32 kDa subunit A	K10739	NA	GO:0000785^cellular_component^chromatin	20.819	20	3	14	3	3	272	30.3	4.93
TRINITY_DN239_c1_g2_i1.p1	MTAQSSSTSSSYCYANNNTNRNRRMRSRTRT Adenine nucleotide transporter BT1, chloropl	K02932	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	17.672	8	3	14	3	3	454	47.9	9.2
TRINITY_DN958_c8_g1_i1.p1	ISTSGGIGGGGIFSGGGGGGGGGGNNMKNILV Hypothetical	K12734	NA	.	9.494	19	3	14	3	3	240	25.3	4.98
TRINITY_DN1375_c1_g1_i5.p2	IHMILTRAVSNVCISRVQSHLLESLIFTMMSSSC Exonuclease 1	K10746	NA	GO:0005634^cellular_component^nucleus^G	11.865	9	3	14	0	3	380	42.3	5.68
TRINITY_DN942_c0_g1_i1.p1	MNSLATFVARRAASRRHLQVRPLTGTTPIVDVHY D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	K00058	NA	GO:0045335^cellular_component^phagocytic	18.198	22	6	14	0	3	468	50.6	6.27
TRINITY_DN1757_c0_g1_i1.p1	MYGYSNNCKALRGVLSILLHLVLCQSSQVAVSLD Hypothetical	K04646	NA	.	22.519	10	3	14	0	3	625	66.4	6
TRINITY_DN203_c7_g1_i1.p1	MGKLLNMKFPTAALFSLIWNQSSLCCAFSTQGR domain	K06632	NA	.	29.463	18	6	14	6	6	640	72.1	5.55
TRINITY_DN3300_c0_g1_i2.p1	LIFLVFLYLFYLPISIMSPNSFLQIILTMASTAM Hypothetical	K12845	NA	.	13.286	16	5	14	0	3	276	30.6	5.03
TRINITY_DN323_c1_g1_i4.p1	MTRSVRHDINPNAIEVRAARAARAVNVAASGLQGI T-complex protein 1 subunit zeta	K09498	NA	GO:0005832^cellular_component^chaperoni	19.909	12	3	14	0	5	604	66.6	5.09
TRINITY_DN2480_c0_g1_i1.p1	MTTAKSLAFMTAAGATAIFFSRLKGGQKAAALN Hypothetical	K00134	NA	.	17.77	4	4	14	4	4	279	30.9	4.82
TRINITY_DN129_c13_g2_i2.p1	MAKIPSSLSLALAFKVLQVSMFHPVEVLTFS Hypothetical	K14807	NA	.	29.714	21	5	14	5	5	387	42	6.46
TRINITY_DN2461_c1_g1_i1.p1	MIVLEFETPAGYSLKVSNEKKLAKTDAEDIIHKFFS Probable nucleolar protein 5-1	K14565	NA	GO:0031428^cellular_component^box C/D sr	34.014	16	5	14	0	5	512	56.3	8.41
TRINITY_DN3690_c0_g1_i1.p1	MDSFVQGVQEGVILAADQSNARSILMYQSNLDP Proteasome subunit beta type-2-B	K02734	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	21.35	24	3	14	0	3	201	22.1	5.39
TRINITY_DN4594_c0_g1_i1.p1	MGNTPSPKTKPTVTKTRKSKASFPKSKVLANIE Major intracellular serine protease	K12598	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	17.784	13	3	13	3	3	366	38.5	5.74
TRINITY_DN4316_c0_g1_i1.p1	MPHSFGTRARTHMFAKFRQHGHLTGQYQMI 60S ribosomal protein L21-1	K02889	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	15.111	31	3	13	2	3	162	18.2	10.46
TRINITY_DN131_c6_g1_i2.p2	MTHVDPDSHTGTAFVFNKGLAFALPLITCAAGA Y-ribulose kinase	K22935	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	38.044	26	3	13	2	3	163	18.2	9.01
TRINITY_DN1283_c3_g1_i2.p1	MKVSSITFGAVIAFLAPSTAFAPHSITVPPSRISS Ycf53-like protein	K14567	NA	GO:0046906^molecular_function^tetrapyrro	18.572	23	4	13	4	4	237	26	8.63
TRINITY_DN2210_c1_g1_i1.p1	MKTSDFAPGKTAIVTGASSGIGKAAAIMCASKGA Ketoacyl reductase HetN	K22503	NA	GO:0005783^cellular_component^endoplasm	20.89	20	5	13	5	5	332	36.6	6.7
TRINITY_DN1689_c4_g1_i1.p1	MNRNLYNDHINTSQHGNNMYSRQRLLNPLTFPQ Ferrochelatase-2, chloroplastic	K01772	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	11.618	8	3	13	3	3	591	65.4	5.34
TRINITY_DN2471_c0_g1_i1.p1	CAVPRNTYPRYSITLALASPVTIQTYNIVHQ Beta-adaptin-like protein C	K12392	NA	GO:0030131^cellular_component^clathrin ad	21.603	8	5	13	5	5	958	106.5	5.05
TRINITY_DN2761_c2_g1_i1.p1	MIMYFHRNTLSCLLAAASLHSTENSQHRGQAL Polyribonucleotide nucleotidyltransferase	K00962	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	21.187	9	5	13	5	5	922	99.8	5.1
TRINITY_DN1_c7_g2_i1.p1	MKFAISITLYFYVITSDAFNLNTLARIKSGQSTLTC domain	K13728	NA	.	17.173	28	4	13	4	4	232	25.7	6.15
TRINITY_DN2393_c0_g1_i2.p1	MNSFICALSGQTPIPDVALPTGQICKSKLLTKLHI Pre-mRNA-processing factor 19	K10599	NA	GO:0071013^cellular_component^catalytic st	25.353	15	5	13	5	5	568	61.9	5.5
TRINITY_DN1941_c0_g1_i2.p1	MKLLNMYHLFSLGFLVSKVDAFSSSNKLTQTKS Hypothetical	K15113	NA	.	43.773	20	3	13	0	3	260	28.4	6.38
TRINITY_DN530_c0_g1_i11.p1	MYEKGVTPKRWKHIYYAVPFILIALFLTKKVVSF Putative metal chaperone YciC	K06963	NA	GO:0005525^molecular_function^GTP bindin	24.116	8	4	13	0	4	644	71	5.33

TRINITY_DN1064_c0_g1_i3.p1	MMKTSLSYFLFCSSLDGGTETAFTPSYQFSAAI Phospholipase A1-igamma3, chloroplastic	K08568	NA	GO:0008703*cellular_function*5-amino-6-	24.972	10	4	13	0	4	707	77.2	5.07
TRINITY_DN1848_c1_g1_i2.p1	MSTTVIPFVSNEYFSSIQNRISLATITSALDNNF Vesicle transport v-SNARE 12	K08493	NA	GO:0005829*cellular_component*cytosol*GC	18.905	28	4	13	4	4	227	25.5	8.63
TRINITY_DN2781_c1_g1_i1.p1	MLCISTHSCSFTSDPTRRRDKKISYKSTMARYD Proteasome subunit alpha type-4	K02728	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	25.94	15	3	13	0	3	312	34	5.45
TRINITY_DN2060_c0_g1_i1.p1	KQKTKNQRPPTNIMTKTNTSNTIIRARRHCVML UPF0061 protein ORF18	K00681	NA	.	18.278	4	2	13	0	2	865	96.5	6.35
TRINITY_DN822_c0_g1_i2.p1	MSREIRSPVYQDFTAVDAGKRIATSKRRIRWRFGI Hypothetical	K02964	NA	.	26.058	11	3	13	1	3	578	61.3	6.62
TRINITY_DN1607_c2_g1_i5.p4	MKLUILLUFLVQCOTLALVSVSKNPQIQVNNRRA Cathepsin Z	K08568	NA	GO:0005615*cellular_component*extracellul	12.624	24	3	13	3	3	154	16.5	9.64
TRINITY_DN1615_c0_g1_i4.p1	MPRLPLNNTSCSTHESINKNAESTSKTKMLNVYC Ataxin-2 homolog	K03265	NA	.	20.932	8	4	13	0	4	1005	113.7	4.51
TRINITY_DN2061_c1_g1_i1.p1	SRKKDTQKYSYIIYQNKTKMPTRGANTKHLGKA? Probable phosphoketolase	K00681	NA	GO:0016832*cellular_function*aldehyde-h	11.818	7	4	13	0	4	842	94.8	7.3
TRINITY_DN3909_c0_g1_i1.p1	MMSKEFDPRKAFKKIDMEESRRREETTILRGTI Importin subunit alpha	K15042	NA	GO:0005829*cellular_component*cytosol*GC	14.542	10	4	13	0	4	542	59.7	5.3
TRINITY_DN1848_c0_g1_i3.p1	MAFNFGAPSSNGSTPGASAPAPSPFSFGSSAATTI Nucleoporin nsp1	K14306	NA	GO:0005635*cellular_component*nuclear en	21.517	10	3	13	0	3	544	54.3	4.79
TRINITY_DN2409_c2_g1_i1.p1	MFIRNFVLFISLLPITPTTAVFVSVGNHGKSLVKS termination factor nusG	K00600	NA	.	24.776	18	5	13	5	5	643	72.5	4.88
TRINITY_DN2291_c1_g1_i3.p2	MRILKLAGLSTASAFFTVANNAPKAVFVGGTG Uncharacterized protein C1840.09	K01915	NA	.	30.029	27	4	13	4	4	281	30.6	8.47
TRINITY_DN675_c2_g1_i1.p1	FLUKTKYFMFIFVMEHGLTLRGLSIRKAKIVQKN Malonate-semialdehyde dehydrogenase 1	K01365	NA	GO:0018478*cellular_function*malonate-s	15.706	9	4	13	0	4	652	71.4	7.69
TRINITY_DN2614_c0_g1_i1.p1	MGLLPDSEYFQVKKNGLSQFQTMCAYLGGSAFQ Hypothetical	K03940	NA	.	14.305	13	4	13	4	4	313	33.8	9.66
TRINITY_DN440_c1_g1_i8.p1	MKRSHQQANMTLLPLLCLLSTTFVQVQSFHM Protein TIC 20-v, chloroplastic	K15333	NA	GO:0009507*cellular_component*chloroplas	20.965	17	5	13	0	5	432	48.3	5.63
TRINITY_DN2152_c0_g1_i1.p1	KKKQKTLKKVYIMTSTNADKFLFTHAPPTNTLP Adenylosuccinate lyase	K01756	NA	GO:0005829*cellular_component*cytosol*GC	17.002	9	3	13	0	3	514	58.2	6.65
TRINITY_DN8511_c0_g1_i1.p1	MHLUQQQKVMVLVSLVWCNLQDQVQGSN Probable plastid-lipid-associated protein 4, chr	K03062	NA	GO:0009507*cellular_component*chloroplas	16.818	13	3	13	3	3	249	27.9	9.48
TRINITY_DN2520_c0_g1_i4.p2	MKVSFITTTMKFVLSCLSHFIATLSFSPSSKVFTR Haloacid dehalogenase-like hydrolase domair	K02866	NA	.	25.45	23	5	13	1	5	331	36	5.19
TRINITY_DN3683_c0_g1_i1.p1	MSARVDEEYDYLKVVLLGDSVGVGNLRSFRTR Ras-related protein Rab-11B	K07904	NA	GO:0009893*cellular_component*anchored i	10.349	26	3	13	2	3	213	23.7	5.94
TRINITY_DN51_c0_g1_i11.p1	DDYIEINANRASDYTEEKDDVMKFNRSKIC CO2-inducible protein B/C beta carboxylic an	K08770	NA	.	20.137	20	4	13	0	2	379	41.5	5.33
TRINITY_DN2888_c0_g1_i5.p1	MIQKFSKMTPIGKRRMTALSVVMTAPLFLW Uncharacterized protein sl0005	K01679	NA	GO:0005524*cellular_function*ATP bindin	19.455	10	5	13	0	5	984	108.9	5.62
TRINITY_DN3450_c0_g1_i2.p2	MLFGRLVPLLFASPHGTLTKSDTLSSSCTIATKFN Actintransferase-like protein At1g54570, chlor	K07023	NA	.	21.443	8	4	13	0	4	763	84.5	5.89
TRINITY_DN2495_c2_g1_i1.p1	MHYLRVLLFGIHCGFAVAFSSVNSGFRPRQFV Ribulose-1,5 biphosphate carboxylase/oxyge	K14713	NA	GO:0009507*cellular_component*chloroplas	22.817	16	5	13	5	5	565	63.1	4.82
TRINITY_DN2026_c0_g1_i1.p1	MPTLAVERDALFESLGRITYDEEFDELCEFEFVELI Phenylalanine-tRNA ligase beta subunit	K01890	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	22.916	12	5	13	5	5	645	71.4	4.93
TRINITY_DN64_c3_g1_i2.p1	IQLLTIVIRMIKLLTIPFALTTLAQPCSSVFNIA Cysteine-tRNA ligase	K01883	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	16.879	10	4	13	4	4	632	71.3	5.81
TRINITY_DN81_c4_g1_i1.p1	MKFKHLSALFTISIGNAFVLPSSRTVSGGCIQNT Protein-lysine methyltransferase METTL2ID	K01637	NA	.	14.108	14	4	13	2	2	328	36	8.18
TRINITY_DN2338_c1_g1_i3.p3	MLTAFANRAVRSRQKRLRAFSTSDKEFVILNA Lysosomal beta glucosidase	K05349	NA	GO:0005764*cellular_component*lysosome*l	25.392	45	5	13	0	5	118	23.6	5.41
TRINITY_DN1085_c4_g1_i1.p2	MGIANGVRRFVWGDGKLLTPGVSTHIREGPPW Phosphoglucotomase, cytoplasmic	K01835	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	25.274	19	6	13	0	6	510	55	4.98
TRINITY_DN732_c1_g1_i3.p2	FPEPTVEFHYKWKIVRGASPDICDPHVWTDNIPAT Vacuolar protein sorting-associated protein 5	K02098	NA	GO:0005829*cellular_component*cytosol*GC	30.776	21	5	13	0	5	467	50.2	4.88
TRINITY_DN160_c3_g1_i1.p1	MTVDNLPLGPLDFIDLHDSVRTSQPSEQLVLY Eukaryotic translation initiation factor 3 subu	K15029	NA	GO:0016282*cellular_component*eukaryoti	17.621	12	4	13	0	4	525	59.5	5.14
TRINITY_DN820_c1_g1_i4.p1	MKISFLTLLSFTTVSGFAPAKIHRSTTTTTTTTTT Thylakoid luminal 15.0 kDa protein 2, chloro	K03165	NA	GO:0009507*cellular_component*chloroplas	23.772	15	3	13	0	3	268	29.6	8.53
TRINITY_DN4581_c0_g1_i2.p1	MQLPNVSSHFLTQNLKNINNFQISIMTVEFTSTI containing amine oxidoreductase	K07055	NA	.	23.52	17	5	13	2	5	680	75.3	5.45
TRINITY_DN469_c0_g1_i5.p1	MSRYGDDRYNRGRDANYPDRDRSRDSYSAGI DNA replication licensing factor MCM5	K02209	NA	GO:0003676*cellular_function*nucleic acir	22.946	6	5	13	0	5	1256	140.9	8.81
TRINITY_DN2178_c1_g1_i1.p1	MSYDRAITVSPQHLFQVEYAEAVRRGSAIIG Proteasome subunit alpha type-7	K02731	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	34.023	31	4	13	4	4	256	28.4	7.4
TRINITY_DN5661_c0_g1_i1.p1	MPSHKETVASAPNEEDLHVRLDPLPEAFSFHIEDV Hypothetical	K12180	NA	.	19.086	9	3	13	3	3	646	72.4	6.76
TRINITY_DN615_c1_g1_i3.p1	INPTQPNVSNTHCSKTKIIISDKMALRMMDKATI Cytochrome b-c1 complex subunit 7-1	K00417	NA	GO:0016020*cellular_component*membrane	31.879	39	4	13	4	4	139	16	8.6
TRINITY_DN1188_c0_g1_i8.p1	MASQARGLNQFIDNRNKAKEESNRVERELAKI AP-2 complex subunit alpha-2	K11824	NA	GO:0030122*cellular_component*AP-2 adap	14.645	5	4	13	0	4	976	107.5	7.94
TRINITY_DN3517_c0_g1_i1.p1	MMSGMRPGIHLREGTDTSQGKPLISINACQA T-complex protein 1 subunit eta	K09499	NA	GO:0005832*cellular_component*chaperonii	26.366	12	4	13	0	4	586	62.9	5.58
TRINITY_DN1743_c0_g1_i4.p1	MLTKFESARVKGFLHFPVWPVWVATLHNGVIQ Coatomer subunit alpha-1	K05236	NA	GO:0030126*cellular_component*COPI vesicl	15.445	4	3	13	3	3	1285	141.6	6.27
TRINITY_DN120_c2_g1_i2.p1	MADFDSDSLPEPSSKNIIDQESLQWVFGVGGKGV ATPase GET3	K01551	NA	GO:0043529*cellular_component*GET compl	31.61	26	5	13	0	5	360	39.9	4.58
TRINITY_DN402_c1_g1_i1.p2	MKQIYQSLRILIAILLPCCAHAFSYVHYKRAALL? Folate-biopterin transporter 1, chloroplastic	K09493	NA	GO:0009941*cellular_component*chloroplas	20.336	33	4	13	1	4	193	21.2	9.22
TRINITY_DN4540_c0_g1_i5.p1	MQSFRLITSFLLSVTIGTFANHAMVSSYAGTST? Hypothetical	K12584	NA	.	9.934	20	3	13	0	3	215	24	8.05
TRINITY_DN1210_c1_g1_i1.p1	MHLRFISLAFASQCFSPSKPHATSAFLKNKH? Probable protein-S-isoprenylcysteine O-methyl	K14546	NA	GO:0005789*cellular_component*endoplasm	22.081	19	3	13	0	3	281	30.9	6.14
TRINITY_DN7209_c1_g1_i1.p1	MATRTSFENSNEIGVFAALTNAYCLTVGGSENFI Eukaryotic translation initiation factor 6	K03264	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	19.376	16	2	13	2	2	252	26.9	4.86
TRINITY_DN70_c2_g1_i6.p2	CARYEIPFCFQHPTRIIHYPQNMKHLHLSFSL? Probable protease SohB	K00783	NA	GO:0016021*cellular_component*integral co	11.806	18	3	13	3	3	348	39	5.97
TRINITY_DN1281_c1_g1_i2.p1	MSSDKEKKAQGRVLPSTIIPRYDIKLPDFEKF? Puromycin-sensitive aminopeptidase	K08776	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	8.18	3	2	13	0	2	890	99.3	5.34
TRINITY_DN473_c4_g1_i1.p1	MIKYSYVIVLAFQYGDQSFHQPTVRRATRLHV Ferredoxin-NADP reductase, embryo isozyme	K02641	NA	GO:0009507*cellular_component*chloroplas	18.563	10	3	13	3	3	412	45	7.49
TRINITY_DN2814_c0_g1_i1.p1	MKVAIATVICYLSTAAAYSTCFARSKSMAMSAAT Cell division protein FtsZ	K03531	NA	GO:0032153*cellular_component*cell divisio	19.399	10	3	13	3	3	459	47.8	5.33
TRINITY_DN884_c2_g1_i1.p1	MFVLVWVWYSALASGLYHKNKILFLGLDNAGKT GTP-binding protein SAR1B	K07953	NA	GO:0005783*cellular_component*endoplasm	26.819	29	4	13	0	4	192	21.8	6.13
TRINITY_DN2401_c0_g1_i9.p1	MMEKSKPEKANGETYVEDDRQAEIERRLAALGI Hypothetical	K00029	NA	.	18.822	8	3	13	0	3	689	74.1	4.61
TRINITY_DN47_c2_g1_i2.p1	MSSYSSYSSITSSRRDYDSSGGSYNGSTYNSMAN ATP-dependent RNA helicase DBP2-A	K12823	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	21.281	15	5	13	0	5	548	59.3	8.31
TRINITY_DN59_c3_g1_i7.p1	MFQSAFLSFKFAFPAASAATLLSVSSSSIGPKSD? Cytochrome c peroxidase, mitochondrial	K00428	NA	GO:0009507*cellular_component*chloroplas	19.512	15	3	13	0	3	327	36	5.91
TRINITY_DN2448_c0_g1_i1.p1	MVKISAACVLVVGANAYSVPSTRLRLNLSGN Hypothetical	K02868	NA	.	22.34	25	3	13	3	3	250	26.8	9.66
TRINITY_DN422_c1_g1_i1.p1	MSMKRRNELGHKEDYALQDEGSDEDEPNR NUP50 (Nucleoporin 50 kDa)	K14682	NA	.	16.652	7	3	13	3	3	485	51.3	8.63
TRINITY_DN620_c1_g1_i1.p1	MVSLKQLKRLAASVLKCGKNIKWLDPNEINISLA? 60S ribosomal protein L19	K02885	NA	GO:0022625*cellular_component*cytosolic li	7.106	13	2	13	1	2	183	21.2	11.55
TRINITY_DN1377_c0_g1_i1.p2	MSGPEGVNTGIGGKIAEGEDVFAAHIFASFN 40S ribosomal protein S14	K02955	NA	.	18.974	43	4	13	3	4	148	15.5	10.14
TRINITY_DN3952_c1_g1_i1.p1	MKSVAILLSAASATAFAPASTTQSSSITALAGSVF Fucoxanthin-chlorophyll a-c binding protein A	K04078	NA	GO:0009535*cellular_component*chloroplas	19.238	21	3	13	3	3	200	21.6	5.58
TRINITY_DN4132_c0_g1_i1.p1	MSDTEPTNTMNEEQDEEEEAIAEMLLDSKK Eukaryotic translation initiation factor 2 subu	K03238	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	18.833	10	3	13	3	3	257	29.5	6.31
TRINITY_DN344_c3_g1_i3.p3	MKFLSFLATCLPFAAFAPNSFFSRLSTELDASIC Anaphase-promoting complex subunit cdc20	K03363	NA	GO:0005680*cellular_component*anaphase-	26.893	32	2	13	2	2	146	16.1	5.5
TRINITY_DN3603_c1_g1_i5.p4	MIRALLTLLLVSSMAFVPSFAPRTAAPSSSELGV Molybdate-anion transporter	K23288	NA	GO:0016021*cellular_component*integral co	9.246	14	2	13	2	2	106	12.4	11.53
TRINITY_DN74_c1_g1_i2.p1	MPPKVQKTKQEKQMAAMAGGKGGKKVSKG 40S ribosomal protein S25	K02975	NA	GO:0005840*cellular_component*ribosome	13.739	27	3	13	0	3	113	12.8	9.99
TRINITY_DN639_c0_g1_i4.p1	MYKSKRRVIMLAAAATSNLKPKGMSSAFSLT? Probable aminopeptidase NPEPL1	K09211	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	19.252	5	4	13	0	4	631	68.2	7.77
TRINITY_DN5363_c0_g1_i1.p1	LKKDLKKKINFNTFGPQPAAGVLRLVLELKG NADH-ubiquinone oxidoreductase 49 kDa sub	K01130	NA	GO:0005739*cellular_component*mitochonc	9.821	6	2	13	2	2	396	45.4	8.25
TRINITY_DN1372_c2_g1_i5.p2	MKLNQSMFGEIPELTEDQKQTMVKNVTRTPR Cytochrome c oxidase subunit 6B1	K02267	NA	.	11.288	24	2	13	2	2	100	11.8	5.53
TRINITY_DN10133_c0_g1_i1.p5	MRPNPNSLEEVAEIQSLTLDKIYENNGIRAVLEKN? Elongation factor Tu, chloroplastic	K02358	NA	GO:0009507*cellular_component*chloroplas	17.329	15	4	13	4	4	238	27.7	9.91
TRINITY_DN873_c1_g1_i5.p2	MRVAVLSILASAFGVSTSPFGVKSTSTLNAVI 50S ribosomal protein L17	K02879	NA	GO:0005840*cellular_component*ribosome*l	16.717	24	4	13	1	1	139	15.3	9.7
TRINITY_DN277_c0_g1_i6.p1	MMKVAAYYILFPCVSSFLSPVKTYQSSIPPVSV? Hypothetical	K00658	NA	.	11.168	19	4	13	0	4	240	26.6	6.07

TRINITY_DN59_c1_g1_i4.p1	MKRALARAKQETNEQLQQRVTAHHLSGGHII E3 ubiquitin-protein ligase BRE1-like 2	K10696	NA	GO:0033503^cellular_component^HULC	com	15.381	5	4	12	0	4	1004	112.7	6.34
TRINITY_DN1919_c0_g1_i2.p1	MLRVTPLYSGTGHKNSKLSLPPCTLIEYGGIKIL Probable cleavage and polyadenylation specif	K14402	NA	GO:0005847^cellular_component^mRNA clea		35.062	10	5	12	0	5	1136	123.7	5.44
TRINITY_DN367_c0_g1_i1.p1	MIVIPAIHHSKALIQHHQSLSSSSSRLLAVVSPSG: NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfu	K27266	NA	GO:0005747^cellular_component^mitochonc		11.365	10	2	12	2	2	298	33.3	7.23
TRINITY_DN3570_c0_g1_i1.p1	MLRMLLTLAVKVTGFWFITGVGNLFVVAASPA DNA-directed RNA polymerases I, II, and III su	K05917	NA	.		13.675	12	3	12	3	3	119	35.8	7.27
TRINITY_DN306_c2_g1_i2.p1	MTEGKNKSKPPQDLPELLRTIETKEGKSAAIKI Uncharacterized oxidoreductase C663.09c	K00164	NA	.		10.536	7	3	12	3	3	514	55.3	5.43
TRINITY_DN2969_c0_g1_i1.p1	MNQAQEAEMKTGNEFFKAGNYAAIEKYDAAS Sperm-associated antigen 1	K03231	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm		21.26	10	3	12	0	3	325	36.4	7.75
TRINITY_DN912_c0_g1_i2.p1	MTRLLSLRTGACQLKCAVHRNAHSLNGSSANGTA ATP-dependent zinc metalloprotease FTSH 8,	K08956	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co		18.713	7	5	12	0	5	907	99.1	7.8
TRINITY_DN650_c0_g2_i1.p1	MNMKISTLFFLVYYSSLVLELTFDFRVGFSFPQRC tRNA A64-2'-O-ribosephosphate transferase	K15463	NA	.		12.967	6	4	12	4	4	662	72.4	8.95
TRINITY_DN2217_c0_g1_i9.p2	MMRSAPTACHGSSPLGLFLVWLSFLVKSYYGF Protein YIPFS homolog	K20363	NA	GO:0005789^cellular_component^endoplasm		16.735	22	3	12	0	3	226	24.9	7.31
TRINITY_DN1819_c0_g3_i1.p2	MIRIRTNVGVQWRVSSLTPSLGQDLSEIASTRGH NPL4-like protein	K14015	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co		18.553	13	4	12	4	4	518	57.6	4.81
TRINITY_DN2611_c0_g1_i2.p2	MSSCPSSTQSSTLALGAGCYWGTKEYIKFENTLF Probable peptide methionine sulfoxide reduc	K07304	NA	.		10.382	12	2	12	2	2	193	22	7.28
TRINITY_DN2455_c0_g1_i1.p1	MNCKEDCHDHSHGHEGHEGHKHEDECQHQ Urease accessory protein G	K03189	NA	GO:0005525^molecular_function^GTP bindin		20.069	16	4	12	0	4	365	39.7	6
TRINITY_DN2216_c0_g1_i2.p1	KIAVTEPEVAKPFMLDASKFEIVLAGLKWCOGKP Methionine synthase	K00548	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol GC		18.632	5	4	12	0	4	1598	178.2	5.33
TRINITY_DN652_c1_g1_i1.p1	MGGADHSTAPPLSKKKKVEHYEGPEFLKINSIF Transketolase	K00615	NA	GO:0046872^molecular_function^metal ion b		14.353	4	2	12	2	2	710	76.9	6.11
TRINITY_DN634_c0_g1_i1.p1	MRIFNHRNYQERWIKVTLHCILLSLHLHFVPTNLA Orotate phosphoribosyltransferase	K13421	NA	GO:000287^molecular_function^magnesium		16.73	5	2	12	0	2	588	63.2	5.77
TRINITY_DN456_c0_g1_i1.p1	MKSNLSAALAKYGLVWRGHETFKPSLRRLSVP Putative transferase CAF17, mitochondrial	K22073	NA	GO:0005739^cellular_component^mitochonc		16.211	15	4	12	0	4	510	56.1	6.67
TRINITY_DN3290_c0_g1_i5.p2	MKFQTAIALCFVGSVAFAPSLNTRIAPTSSSTLDDLI type III domain	K02887	NA	.		17.835	25	3	12	3	3	174	18.2	5.22
TRINITY_DN5332_c0_g1_i6.p1	PANAIFTYDDRTCNFDMCTEFFYALTSLLGGQD Hypothetical	K10606	NA	.		9.346	19	3	12	0	1	152	16.2	4.67
TRINITY_DN1789_c1_g1_i15.p1	NQHTKTFKFLQKLESIMSGRGGKGLGKGGA Histone H4	K11254	NA	GO:0000786^cellular_component^nucleosorr		10.109	18	3	12	0	3	120	13.4	11.24
TRINITY_DN2458_c0_g1_i14.p3	MRILLTFLPLVIAFAPNSNHNRASTKLDVSRDDAI Photosystem II 12 kDa extrinsic protein	K14289	NA	.		6.997	14	2	12	2	2	151	16.6	9.52
TRINITY_DN1592_c6_g1_i1.p1	LHDTQDRKSTEHKERAKRVCVRRKRPTKQTN AP-4 complex accessory subunit Tepsin	K01595	NA	GO:0030124^cellular_component^AP-4 adap		21.237	6	3	12	3	3	828	88	8.09
TRINITY_DN873_c1_g1_i6.p2	MRVAVLLSILASASAFGVSTSPFGVKISITSTLNAVI 50S ribosomal protein L17	K02879	NA	.		15.663	24	4	12	1	1	139	15.2	9.66
TRINITY_DN384_c7_g1_i1.p1	MTHDKRHDAMVEFISCFPSISGVPPTDLQLSD Protein Hook homolog 3	K16536	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol GC		21.136	9	4	12	4	4	636	71.6	5.12
TRINITY_DN120_c5_g1_i1.p1	MRITSQTLVALCWITATTATSNAPLPPSSSSSSA Protein ACTIVITY OF BCL COMPLEX KINASE 8,	K07200	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas		26.749	8	4	12	4	4	799	89	5.67
TRINITY_DN359_c25_g1_i1.p1	SLGIFLFFSHINNRNDATLSPCLCKQYSIFHFLSI Short-chain specific acyl-CoA dehydrogenase,	K00248	NA	GO:0005759^cellular_component^mitochonc		21.702	7	2	12	2	2	491	53.7	7.96
TRINITY_DN2098_c0_g1_i2.p1	MSSNNKHHHPVQHVHWGKEQITLTFSPDQGV Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 6	K11843	NA	GO:0009506^cellular_component^plasmodes		14.737	9	4	12	0	4	606	66.8	5.14
TRINITY_DN438_c0_g1_i7.p1	MFGQPRSTPFGAPASTPFGSPAPAFGAPSTSPAF Nuclear pore complex protein Nup98-Nup96	K14297	NA	GO:0031965^cellular_component^nuclear mx		14.8	3	4	12	0	4	1895	196.4	5.6
TRINITY_DN2623_c0_g1_i4.p2	MIRHNAHFLVSNRLGTSNRRKLSLCKFSSTTTRTS Hypothetical	K13126	NA	.		26.526	17	5	12	1	5	585	64.8	6
TRINITY_DN2180_c0_g2_i1.p1	MNPFPAPAQIQNPYSTAFHYDGKSAETRNKLPG Proteasome subunit beta type-6	K02738	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm		17.465	19	3	12	3	2	237	25.6	7.08
TRINITY_DN3153_c1_g1_i1.p1	MPTRLSKRRKHGHSVAGHGRIGRKHKHPGGRG 60S ribosomal protein L27a	K02900	NA	GO:0022625^cellular_component^cytosolic le		12.658	16	2	12	3	3	146	15.9	10.52
TRINITY_DN808_c1_g1_i1.p1	MVDATMNGNASGTAANSSTSSARNGNRTGE Serine/threonine-protein phosphatase PP1-1	K06269	NA	GO:0005938^cellular_component^cell cortex		23.5	4	12	4	4	4	345	38.7	5.21
TRINITY_DN1028_c3_g1_i3.p1	MILSRVASILRKSSTNRAPQSLKFSAPGSRFYSL CBS domain-containing protein CBSX3, mitoch	K03320	NA	GO:0005739^cellular_component^mitochonc		17.414	23	3	12	3	3	195	21.3	7.85
TRINITY_DN90_c2_g1_i1.p1	MELLNNKQFIPKSDLEELKSLDHPSSTIQDNASIE Hypothetical	K22063	NA	.		19.282	11	3	12	3	3	438	48.4	4.93
TRINITY_DN414_c6_g1_i2.p1	MKGLVYFSLPSSLLGVVIASSNNHNVGHFLHHE Cell division protein FtsZ	K03320	NA	GO:0032151^cellular_component^cell divisio		28.53	11	4	12	0	4	513	54.7	8.79
TRINITY_DN878_c1_g1_i2.p1	MRSTIFLSLHLIKNKSQCWVFSAAKSTRTKPPST PAP_fibrillin	K01613	PAP_fibrillin	.		10.284	14	2	12	0	2	264	29.8	9.9
TRINITY_DN1056_c4_g1_i4.p1	MSGKGGKGGKGGKGGKAPTKKPPQSRSAKAGL Probable histone H2A variant 3	K11251	NA	GO:0000790^cellular_component^nuclear ch		9.8	14	2	12	1	1	137	14.4	10.48
TRINITY_DN2097_c0_g1_i1.p2	MNPNRFSILAITAVSHVGGTHAFVSPSRDNVAI UPF0187 protein At2g45870, chloroplastic	K08994	NA	GO:0015630^cellular_component^microtubu		18.6	18	5	12	5	5	440	49.4	7.36
TRINITY_DN7324_c0_g1_i10.p1	MARFLNLAVATSLVGINAYAPSVPRSNVAVP Probable ATP-dependent Clp protease proteo	K02098	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm		24.779	3	12	0	3	3	266	29.3	5.49
TRINITY_DN528_c1_g1_i2.p2	MRPKDLELFVQLLKFKTTFCFPIISNVAFNHKT Histidinol dehydrogenase	K03801	NA	.		24.878	20	5	12	5	5	495	53.1	5.38
TRINITY_DN2186_c0_g1_i6.p1	MFFGGDPFHEFAHAGMGGGARGARSASRDVD DnaJ protein homolog 2	K09503	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol GC		11.497	9	4	12	0	4	412	45.5	6.38
TRINITY_DN3584_c0_g1_i2.p1	MAVSRDRDKDSNSAGPTNKEVALGVIVDLISICA Uncharacterized AAA domain-containing prot	K01662	NA	GO:0005741^cellular_component^mitochonc		16.846	12	3	12	0	3	485	53.4	5.95
TRINITY_DN1768_c2_g1_i2.p1	MTLRVFLMNVFLASQRTALIKAFSTSPRSARKVV dioxygenase (PhyH)	K09562	NA	.		11.416	9	3	12	3	3	391	44.2	8.62
TRINITY_DN12081_c0_g2_i1.p1	AEELGLTLEAKELNILEEKGIKPAAAVAVAGP 50S ribosomal protein L7/L12	K03036	NA	GO:0005840^cellular_component^ribosome^		5.491	12	2	12	1	1	118	12	4.73
TRINITY_DN123_c0_g1_i8.p1	MITRLPAPPTTNRIGQERSRLSQLFRSLHLVVLVQG Chaperone protein DnaJ	K00026	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm		17.145	5	2	12	0	2	611	67.4	8.85
TRINITY_DN4030_c0_g1_i1.p4	MRESVALFGKVIITLAVMICLQVSDSPAAYTVQ Metal tolerance protein 7	K01750	NA	GO:0071949^molecular_function^FAD bindin		15.851	14	3	12	3	3	341	36.9	5.17
TRINITY_DN987_c0_g1_i2.p1	FFIFFIQASKYKIQYNSNTNSSKFRIMTTPSTATPIHS Ketoheokinase	K01867	NA	.		17.549	11	4	12	0	4	613	67	5.31
TRINITY_DN9233_c0_g1_i1.p7	MVSLSILISSEVSGPGLDFDNATLPLVAIQVLLV ATP synthase subunit alpha, chloroplastic	K02111	NA	GO:0009535^cellular_component^chloroplas		19.957	26	4	12	4	4	156	17.5	4.84
TRINITY_DN460_c9_g1_i1.p2	MSSFFSKFAMLCCDGTTRPSDDRELYASVTKI Adenylate kinase	K00939	NA	GO:000791^cellular_component^euchromai		15.588	16	3	12	2	2	281	31.3	5.83
TRINITY_DN3321_c0_g1_i11.p2	MQFNNEILLKARYPIINTIEEDRVEYVIRKNIKT Protein translocase subunit SecA	K03070	NA	GO:0009570^cellular_component^chloroplas		15.743	11	5	12	5	5	496	57.1	8.35
TRINITY_DN410_c2_g1_i2.p2	MLNLTACRTRVKGFLSLLTPIFLSNTSIPASYPH Protein-L-isoaspartate(D-aspartate) O-methyl	K00573	NA	.		19.499	9	2	12	2	2	315	34.3	5.53
TRINITY_DN487_c2_g1_i7.p1	MRHFPLSATFGALLCPSFSAQAWNHPMSFVSR Phosphoglucomutase, cytoplasmic	K01835	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm		19.305	12	4	12	1	4	647	69.6	5.47
TRINITY_DN106_c2_g2_i4.p1	MSMAAVMPSPADPTKMELSRNVPKILDTDHSL 26S proteasome regulatory subunit 6B homol	K03063	NA	GO:0005618^cellular_component^cell wall G		20.983	13	4	12	2	3	425	48.1	5.52
TRINITY_DN1002_c6_g1_i2.p1	RHAFATAEALRAIGSDEVRGLKQLDLSGLGHEPIEK Hypothetical	K20029	NA	.		15.391	8	3	12	0	3	441	49.7	4.77
TRINITY_DN628_c0_g1_i1.p2	MKLPQLFNVAFLAVCVSAFANHHPSFSIQIP: Diphthine methyltransferase homolog	K17868	NA	GO:0061685^molecular_function^diphthine r		22.41	27	4	12	0	4	240	26.7	6.24
TRINITY_DN3073_c0_g1_i1.p1	MGVLEKIEIEDEAMRTQKNKATNYHLGTLKAKLJ Developmentally-regulated G-protein 2	K06944	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm		20.243	11	3	12	1	3	420	46.6	9.23
TRINITY_DN283_c4_g1_i1.p1	IFVFIHNDMLLQIESIFHSEMVKGLVTLVFLVSCFH Hypothetical	K10357	NA	.		17.484	6	3	12	3	3	500	57.7	5.14
TRINITY_DN2380_c0_g1_i1.p1	MKHFATSATFVIAASLHSSNDGYSSQGVNAYSF Stromal processing peptidase, chloroplastic	K02956	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas		21.033	5	4	12	0	4	1252	138.2	5.86
TRINITY_DN1042_c3_g1_i1.p1	MSFAPYSSGTSHTVNAASSNKKQIKHGDDNDG Xylose isomerase	K01805	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm		21.091	24	6	12	6	6	468	53.1	5.38
TRINITY_DN3948_c0_g1_i9.p1	SNIQVHKTSHTDSALNPLYITQLSINMTRSVLI Histidine-tRNA ligase, cytoplasmic	K01892	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm		20.864	5	3	12	0	3	986	108.4	5.68
TRINITY_DN1304_c0_g1_i1.p1	VEEKVVEEAAPKVEEKEVAPKAEKREVEEAPKAEI Hypothetical	K06942	NA	.		17.366	9	2	12	0	1	324	33.4	4.67
TRINITY_DN1660_c1_g1_i3.p4	MKFTKTMNNHTIAMSFLVFLVLLSPTFLVQL 116 kDa U5 small nuclear ribonucleoprotein c	K12852	NA	GO:0005618^cellular_component^cell wall G		10.702	9	1	12	1	1	184	19.9	6.01
TRINITY_DN574_c15_g1_i1.p2	MENQREIVIRVGTAGLQKGFESVTMALESFIF Aldose reductase A	K00072	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol GC		12.685	23	5	12	2	5	329	36.9	5.36
TRINITY_DN515_c0_g1_i1.p1	MSTHFVNLRAITAVLTLGQFCCAENRGLH Protein of unknown function (DUF4168)	K02437	NA	.		19.93	12	3	11	1	1	464	51.7	9.52
TRINITY_DN832_c1_g1_i1.p1	MPRIHPLLTFVLLASLPPNCNARKALGGSGGLTF Hypothetical	K14411	NA	.		19.848	23	4	11	4	4	281	30.6	10.13
TRINITY_DN3567_c0_g1_i2.p1	MKFQSALFLSTANPYATGFSIHPGRTSHNNIAII Phenylalanine-tRNA ligase alpha subunit	K05917	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm		10.513	6	3	11	1	3	628	69.7	5.3
TRINITY_DN367_c4_g1_i1.p1	MTQCPFRKVLCLLFFLWGNDFSGWSNRNKLVP Hypothetical	K20293	NA	.		15.69	6	3	11	0	3	703	82.7	5.9
TRINITY_DN773_c0_g1_i1.p1	MSGETPSTSSKPAASAEAPGPKRTPTSSTSLAF Ras-related protein RABH1e	K03139	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol GC		9.78	17	4	11	4	4	245	26.6	8.79



TRINITY_DN686_c0_g1_i1.p2	MKSGLSKVIITFMLVCELAICFQJRPQLLSFRSFG Ubiquinone biosynthesis O-methyltransferase K22072	NA	GO:0015629^cellular_component^actin cytos	12.098	11	4	11	0	4	384	42.3	8.13
TRINITY_DN123_c1_g1_i4.p1	MPNKSSSAEIPQSPKKNINFAQQQAQAHAATI^ Brefeldin A-inhibited guanine nucleotide-exch K18442	NA	GO:0032279^cellular_component^asymmetri	17.829	3	4	11	0	4	2221	246.8	5.02
TRINITY_DN4941_c0_g1_i1.p1	MSDQTESPIASTSPPEPSEEAPEEEATLYNEGTL Eukaryotic translation initiation factor 2 subu K03237	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	17.469	18	4	11	4	4	344	38.9	5.11
TRINITY_DN351_c0_g1_i2.p1	MKAISFLLSIKAVSFAITPSSQSRPSTLSMGLK 2-methyl-6-phytyl-1,4-hydroquinone methyltr K18534	NA	GO:0102550^molecular_function^2-methyl-6	11.75	9	3	11	0	3	375	42.3	8
TRINITY_DN395_c0_g1_i1.p1	MNMNKNKAKAFVRQMSLNLNRVSRFRYQSQSII ribosomal death-associated protein 3 K17408	NA	.	14.601	7	3	11	0	3	705	79.7	5.99
TRINITY_DN677_c2_g1_i1.p1	MTPSF67HGFHGKASSRLTSSILFILLLLLFVNSPTA Thiamine-phosphate synthase K13121	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	24.131	10	4	11	4	4	635	68.7	5.58
TRINITY_DN1369_c1_g1_i1.p2	MGIVFGTGVLEPPFQVLLTRGSSASPTATTATVP^ Heme-binding-like protein At3g10130, chloro K21991	NA	.	27.647	9	2	11	0	2	248	27.1	6.93
TRINITY_DN427_c1_g1_i1.p1	MNTSINMNSFFKLLQLCLIGNMAVAVFPPTSPLV 5'-3' exoribonuclease 1 K14327	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	14.857	6	3	11	0	3	750	86.6	5.55
TRINITY_DN637_c6_g1_i1.p1	MYTQMLAIFCMIAIFPTEIVAVQKDSRRRCRO Putative glutathione peroxidase 7, chloroplas K00432	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	11.369	11	4	11	0	4	234	26.9	5.26
TRINITY_DN9923_c0_g1_i2.p1	EGLPPLTALLEVLDHSSRLVLEVAQLGEGVVRTIAI ATP synthase subunit beta, mitochondrial K02133	NA	GO:000275^cellular_component^mitochondr	9.798	13	3	11	1	1	226	24.2	6
TRINITY_DN4258_c0_g1_i1.p1	MSGAWDDSDDEWKSDDDELARLGLANNAATS initiation factor eIF3 subunit K03245	NA	.	20.087	16	4	11	0	4	292	32.7	5.1
TRINITY_DN2688_c0_g1_i1.p1	MAPKKQTKKPTTAVKKADPLPSPRPSFGGGA 60S ribosomal protein L7a-2 K02936	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	17.785	18	4	11	0	4	259	28.8	10.49
TRINITY_DN769_c0_g1_i4.p1	MKSWLWLWILAISSAASAKLARVKAGLDYKANI Transmembrane 9 superfamily member 3 K06941	NA	GO:0005768^cellular_component^endosome	20.012	3	1	11	1	1	608	69	7.43
TRINITY_DN359_c12_g3_i1.p1	MIKTTAILPVLVVVFLHLLGGCNFANATIPPPP Putative ABC transporter ATP-binding K02093	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	13.489	4	3	11	3	3	1390	154.1	7.52
TRINITY_DN1279_c1_g1_i8.p2	IYSPSTIISMNRQPTINERVHHTICLLYSASYRIIIL^ Protein RecA K13509	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	19.069	14	3	11	3	3	480	52	7.39
TRINITY_DN872_c4_g1_i1.p1	MDRLQLMRGMPGGMSMGGSSTDSPLPDCA 26S proteasome non-ATPase regulatory subui K03030	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	20.174	18	4	11	4	4	312	34.9	5.76
TRINITY_DN1339_c0_g1_i3.p1	MKLSKPTFLFVVIALLAEHKAFTINHFALKVRQT domain K15362	NA	.	11.571	13	4	11	0	4	378	43	5.38
TRINITY_DN4065_c0_g1_i1.p1	MQRSSSHSGNSNLLQLLEGEGETNYRMKVVDKNC Soluble inorganic pyrophosphatase 6, chloro K01507	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	12.645	28	3	11	1	3	286	32.4	5.41
TRINITY_DN932_c1_g1_i2.p1	MKCTAYIQTNNSEVALPRSSHGISFYKGLKLVHGG Nitrite-specifier protein 1 K01265	NA	GO:0030246^molecular_function^carbohydr	18.819	15	3	11	0	3	373	40.1	5.2
TRINITY_DN4346_c0_g1_i1.p1	MADITLALQLLDAGVHFGHKAYRWNPMPFYIYE 30S ribosomal protein S2, chloroplasti K14564	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	15.499	12	2	11	2	2	228	26.1	9.41
TRINITY_DN497_c1_g1_i6.p3	MCVASELVRQASNALCALQQYYSILQHQHTFIRSI Chromosome transmission fidelity protein 18 K11269	NA	GO:0005663^cellular_component^DNA replic	11.097	8	3	11	0	3	553	62	6.33
TRINITY_DN252_c4_g2_i1.p1	MROQSNHYDYAKSRTDSERRHIVSYVAMILLVTFIF Hypothetical K15731	NA	.	13.925	9	4	11	4	4	629	72.4	6.87
TRINITY_DN2278_c1_g1_i1.p1	MTKYRTISLILLVSYQRTSAFAPSLLKSSLTRTLPSS^ External NADH-ubiquinone oxidoreductase 1, K17871	NA	GO:0005743^cellular_component^mitochondr	15.795	5	3	11	3	3	707	77.3	6.35
TRINITY_DN2687_c0_g1_i1.p1	MKNKESNDNKGDDHSGRPPMLMKTSPKDKASQL Spindle pole body-associated protein sad1 K10752	NA	GO:0061497^cellular_component^inner plaq	19.284	6	4	11	4	4	863	96.7	5.14
TRINITY_DN521_c2_g2_i1.p2	MSLNVWVSTPDDKKRPQDAKRNSNTRSTKQAIV Hypothetical K08906	NA	.	11.776	9	3	11	3	3	323	35.5	5.02
TRINITY_DN6076_c0_g1_i5.p1	VMAARTQKSTARKSTGGKAPKRLQATAKAARKSAPAT Histone H3.1 K11253	NA	GO:0000788^cellular_component^nuclear nu	8.139	26	3	11	0	3	100	11.2	11.55
TRINITY_DN568_c2_g1_i3.p1	MNFGDFDQKAEQAIPEIHMISGCHDSQTSADVS^ Metacaspase-1 K22684	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	15.149	16	3	11	1	4	309	34.3	5.12
TRINITY_DN1376_c0_g1_i1.p1	MLSSNIKAGTQLRAAPYSVTRVAKSQLAPVFTV^ Alternating oxidase, mitochondrial K03063	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	21.138	8	3	11	0	3	445	49.7	7.4
TRINITY_DN3246_c0_g1_i1.p1	MYYCKSLCLFFASSATFGQSTSSSTRSSTSSRT Protein L0W PSII ACCUMULATION 3, chloropl K09660	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	20.044	17	4	11	0	4	407	45.5	5.47
TRINITY_DN147_c1_g1_i2.p1	MVKAAGNKKVFDVCAAPVEDKLDVAFKELQI 60S ribosomal protein L22.1 K02891	NA	GO:0022625^cellular_component^cytosolic le	17.558	34	3	11	3	3	119	13.4	9.51
TRINITY_DN354_c6_g1_i1.p1	MKFLSPTAISVLYPLPSTSSFNNSVFLRPVGRFV Uncharacterized ABC transporter ATP-binding K10839	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	12.806	4	2	11	0	2	753	83.1	5.43
TRINITY_DN2190_c0_g1_i4.p1	MDLLKNLNDIKIRNAEDVINQAKPKTEVARIYEJ^ ENTH domain-containing protein C794.11c K05275	NA	GO:0030479^cellular_component^actin corti	16.148	6	3	11	0	3	692	73.8	6.15
TRINITY_DN2105_c0_g1_i1.p1	MKIGSTFVPTMLASVSSRFSSSAFTTAWSKIAN Histidine-tRNA ligase, chloroplasti/mitochor K01892	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	20.565	16	4	11	4	4	513	56.9	5.86
TRINITY_DN2390_c2_g1_i1.p1	SPSPSCTLQOQAACLQHNQLIFTRYHQVGTGA^ ATPase family AAA domain-containing protei K17681	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	19.046	10	4	11	4	4	615	68.9	7.99
TRINITY_DN815_c1_g1_i4.p1	MLSLTRVAVSRTSLIAPKAASVGSVLSRFAIGND Hypothetical K15015	NA	.	9.986	24	2	11	2	2	115	12.5	9.01
TRINITY_DN2371_c1_g1_i1.p1	MTNPLHRRMRPHSTISAFILAIFVVTANADC DnaJ homolog subfamily C member 25 K19371	NA	GO:0005789^cellular_component^endoplasm	16.054	13	4	11	1	4	388	45.4	9.32
TRINITY_DN1655_c0_g1_i1.p1	MCVLESRRALMTLLFTLLEQLKQLVQSQTNPNA DNA gyrase subunit A K02469	NA	GO:0005694^cellular_component^chromosom	23.178	7	4	11	1	4	928	101.6	6.86
TRINITY_DN1285_c1_g1_i2.p2	MSNNHFKQITLDRPTGVYVAGEVGTGLTVSPDN Hypothetical K06672	NA	.	22.65	6	4	11	4	4	717	78.2	6.3
TRINITY_DN739_c2_g1_i1.p1	MGNRSEQNTQVTPMRTTSTVFVTSVLLNLTIKS^ Carbonyl reductase [NADPH] 1 K05665	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	11.296	14	3	11	3	3	313	34.3	6.32
TRINITY_DN1254_c0_g1_i1.p1	MRPILLKGHRSITVVKYNYDGLLFTASKDHPVPS^ Eukaryotic translation initiation factor 3 subu K03246	NA	GO:0016282^cellular_component^eukaryotic	12.769	12	3	11	3	3	342	38.3	5.94
TRINITY_DN1664_c0_g1_i5.p1	MKLSYAASLFLAVSSVSAFTHHTNTTINTRHRA Heat shock protein 90-5, chloroplasti K01969	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	23.493	8	3	11	0	3	765	86.3	4.51
TRINITY_DN1593_c1_g1_i1.p1	MKSIAAFALVAAAAFAPQSQSTSSALSERISPLI^ Fucoxanthin-chlorophyll a-c binding protein F K01595	NA	GO:0009535^cellular_component^chloroplas	16.139	35	3	11	3	3	223	24	5.19
TRINITY_DN3427_c0_g1_i3.p1	MKLSNAIVLITISVAAFNPSTSSVNAVRTKAPFASI Phosphoenolpyruvate/phosphate translocato K23612	NA	GO:0031969^cellular_component^chloroplas	11.082	10	4	11	0	4	386	40.9	9.38
TRINITY_DN2620_c0_g1_i1.p1	HWYVNTSSPLLLFPHIFATNYIYSGSVLPLHYSCE Hypothetical K00234	NA	.	7.985	11	2	11	2	2	233	26.6	4.79
TRINITY_DN1939_c0_g1_i5.p1	MNMDALRIHHFLFLFTLYSILLYFLPPLLYASII Uncharacterized oxidoreductase At1g06690, K08906	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	15.786	10	4	11	0	4	543	60.1	7.17
TRINITY_DN910_c0_g1_i1.p1	MSSDYKTPKRHTSSKAVDLITGKEVYFFDPALLIF Myosin-I heavy chain K05956	NA	GO:0031252^cellular_component^cell leadin	22.976	4	4	11	0	4	1852	207.4	6.76
TRINITY_DN2118_c1_g1_i1.p1	MTPSLNNAATSTSSYSHDKPSTFGTATTTFFH Sorting nexin 1 K17917	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	18.449	14	4	11	0	4	553	61.5	6.89
TRINITY_DN884_c3_g1_i1.p1	MFSWSNKDAPSSRRSGKQHTHQHSSFLTDPI Vacuolar protein sorting-associated protein 3 K12185	NA	GO:0005813^cellular_component^centrosom	19.3	13	3	11	3	3	405	45.7	9.04
TRINITY_DN74_c2_g1_i1.p1	MFYKSLVILLPLVQAFHHASFKRTSVMSRSSSTND Hypothetical K02975	NA	.	19.045	18	3	11	3	3	274	30.2	5.78
TRINITY_DN2657_c0_g1_i3.p2	MKFGTILFMIAATANLKIILLRISPLVSMSTMSTSS Probable ATP-dependent RNA helicase ddx6 K12614	NA	GO:0005634^cellular_component^nucleus^G	15.845	15	4	11	0	4	389	43.1	6.47
TRINITY_DN382_c0_g2_i2.p2	MKRLSQLLIVSTITSLAFHLSPHRCQTTTRIDTRI IRNA [guanine(37)-N1]-methyltransferase 2 K15429	NA	GO:0005759^cellular_component^mitochonc	15.409	13	4	11	2	4	315	34.3	8.21
TRINITY_DN2375_c1_g1_i1.p1	MRFHRLAYSAALLAINSFGFNHLFAEAAAAA^ Endoplasmin homolog K09487	NA	GO:0005788^cellular_component^endoplasm	18.563	8	4	11	2	2	809	92.1	4.86
TRINITY_DN2297_c0_g1_i1.p1	MICHQSTRVLLFLLSTNSWAFAPTKGVTSSASSN 3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase 2 K09458	NA	GO:0033817^molecular_function^beta-ketoo	21.289	15	4	11	4	4	468	49.3	6.28
TRINITY_DN993_c0_g1_i1.p2	MSRDSN9HHISFSPQRLQYMEVAFKAASSAS^ Proteasome subunit alpha type-6 K02730	NA	.	9.336	10	2	11	0	2	246	27.2	5.83
TRINITY_DN644_c1_g1_i1.p1	MNTLKGIDPVVNDQKSTNSPLOGVIVSLGPVDFJ Dynein subunit 1 K04648	NA	GO:0005938^cellular_component^cell cicle	22.288	5	4	11	4	4	1444	158.9	5.27
TRINITY_DN1080_c2_g2_i4.p2	MMQOSLCSIFLIGLHSAVACNVDDHPENGGI^ Cleavage and polyadenylation specificity fact K14503	NA	GO:0005847^cellular_component^mRNA clea	21.361	15	3	11	1	3	404	43.9	5.12
TRINITY_DN5100_c1_g1_i1.p1	MMKFSTVPSVACWSCCLLASTVTIIFQMQHLSLAFI^ Fucoxanthin-chlorophyll a-c binding protein, K14818	NA	GO:0009535^cellular_component^chloroplas	16.905	16	4	11	4	4	329	36.8	6.07
TRINITY_DN556_c0_g1_i1.p1	MILQIRSKQSWAPPPVFLVTTTVAVILSMLSTG Protein of unknown function (DUF1996) K14012	NA	.	10.385	10	3	11	0	3	477	52.2	4.82
TRINITY_DN2671_c1_g1_i2.p1	ISDEMAEDTAEHLPLQHEVWLWEREDGAQSTSD Eukaryotic translation initiation factor 4E-2 K03259	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	13.932	18	4	11	0	4	209	24	4.89
TRINITY_DN124_c7_g1_i1.p1	LFKXIMFRQRKLHAGQLRYHDFSKLRQAREDAALI ATP-dependent zinc metalloprotease FTSH 4, K08955	NA	GO:0009941^cellular_component^chloroplas	22.895	9	4	11	4	4	822	89.1	9.22
TRINITY_DN295_c4_g1_i2.p1	MKVKSTLAFLATCASPTLAFIQNVPTPSSSSSFSST dioxygenase (PhyH) K15272	NA	.	13.613	14	4	11	4	4	426	47.3	6.42
TRINITY_DN63_c7_g1_i1.p1	MSRWLRVNNLLDITGVENVVHRTGKYNEDI subfamily A member 5 K00817	NA	.	24.431	10	4	11	4	4	757	85.7	5.01
TRINITY_DN1279_c1_g1_i6.p1	MSEKNKQSSSAGADDPFYPREGKLTWGSVNI ATP-binding cassette sub-family G member 2 K13509	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	18.159	7	3	11	3	3	619	68.3	7.23
TRINITY_DN338_c0_g1_i5.p1	MKFSSGTUAAALSIGTSTINTVNAFTPHHSISTST^ Uncharacterized protein sl0005 K15175	NA	GO:0005524^molecular_function^ATP bindin	27.911	5	3	11	0	3	1076	117.7	5.39
TRINITY_DN2555_c1_g1_i1.p1	MNGITIIYRPFPCLLQLFLLSVGVGTIGSKCAFTVP^ Hypothetical K00803	NA	.	15.086	7	2	11	2	2	431	49.4	5.74
TRINITY_DN1586_c0_g2_i2.p2	MKLAIAAALLSAAAFPTSPASRATLSLQVSEILGI^ Fucoxanthin-chlorophyll a-c binding protein B K01251	NA	.	14.649	8	1	11	0	1	184	19.7	5.02
TRINITY_DN155_c6_g1_i1.p1	MSYRGPMLPPSPVALAFPHIQWDPGLSLRLTAQE Probable V-type proton ATPase subunit H 2 K02144	NA	GO:0002021^cellular_component^vacuolar p	23.126	10	3	11	3	3	521	56.6	6.93

TRINITY_DN10133_c0_g2_i1.p2	MEINTTFDKLCIGHKSNRLMLGTGKYRISHAV ATP-dependent Clp protease ATP-binding sub K03695	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	20.759	17	3	11	3	3	271	29.3	6.39
TRINITY_DN10632_c0_g1_i3.p1	RFVELKGRISQALFGLKIMSRAGVHLPGSDIKAGT Fucoxanthin-chlorophyll a-c binding protein, K20299	NA	GO:0009535^cellular_component^chloroplas	11.726	30	3	11	1	1	117	12.7	5.17
TRINITY_DN1984_c1_g1_i2.p1	MNDMDFSFVKNSMLVQLSQTVRSKTRSMNFM 30S ribosomal protein S15 K02956	NA	GO:0005840^cellular_component^ribosome^	8.76	11	3	11	0	3	252	29	8.97
TRINITY_DN362_c3_g2_i1.p2	NNNNNNNNNNPIDSKTQVEKATQKDTLLED DNA-binding protein HRL53 26.748	35	3	11	3	3	24	14.1	9.42			
TRINITY_DN515_c0_g1_i3.p1	MSTRFVFNLRVAIDAVLVLGQIFYCAEANGLH Protein of unknown function (DUF4168) K02437	NA	.	15.368	11	3	11	1	1	469	52.2	9.54
TRINITY_DN44_c3_g1_i1.p1	MARYAYALNVEDNPRRRSTRYHQQSAEDEADI Bifunctional 3'-phosphoadenosine 5'-phosph K13811	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	25.853	7	4	10	4	4	1064	118.5	6
TRINITY_DN1886_c0_g1_i1.p1	MNPSSISRLFDQFLQKKAKVFTQQSQNLRSHP Protein GrpE K02542	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	11.417	13	2	10	2	2	284	32.1	6.19
TRINITY_DN1086_c1_g1_i3.p1	MIKLPPVTQGGSRMLCRPVTLKSAIPMSIIAEI domain K00026	NA	.	19.198	12	4	10	0	4	752	83.5	6.27
TRINITY_DN8376_c0_g2_i1.p1	MSLVLGGTGLRGQVLQALTKGYPVRLVRFNR1 Uncharacterized protein ycf39 K12586	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	14.692	13	4	10	4	4	319	36.4	7.93
TRINITY_DN1588_c0_g1_i1.p1	MTRSRYGLATVLLTSLASTLQAFAPQRNLSATRA Protycopene isomerase, chloroplastic K19753	NA	GO:0031969^cellular_component^chloroplas	11.322	4	2	10	2	2	674	73.9	6.37
TRINITY_DN252_c5_g1_i1.p1	LHHIHTLIIANTVKMGRPPARCYRYQKNPKYIKSR 60S ribosomal protein L10-1 K02866	NA	GO:0022625^cellular_component^cytosolic le	10.012	6	1	10	1	1	232	26.4	10.17
TRINITY_DN788_c0_g1_i5.p1	MKSVCVMVATQVATQAMILPRRTIISPRMSSF: Hypothetical K00948	NA	.	14.323	8	3	10	3	3	459	51.5	4.88
TRINITY_DN509_c1_g2_i1.p1	MSAIAQQRQVGEAFLEAESTLAKKTWFASSEC Vesicular-fusion protein SEC17 K15296	NA	GO:0005623^cellular_component^cell^GO:008	17.511	15	3	10	3	3	308	33.8	4.88
TRINITY_DN887_c0_g1_i7.p4	MITFHLSPRLKTLFYCSYAAISCAVVRAAFAPGI Probable protein phosphatase 2C 64 K10111	NA	.	10.654	11	3	10	0	3	319	34.3	8.95
TRINITY_DN1626_c4_g1_i1.p3	MQSIASLSILRNGSICYATGRMVSKIGTRTMSTVYI Thioredoxin H2-1 K03671	NA	.	16.688	40	3	10	3	3	139	15.5	6.64
TRINITY_DN5787_c0_g1_i1.p1	MLTLTLQRLALLWKQMVNLRSDDYPSLLVTLPSV ATP-binding cassette sub-family A member 3 K10179	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	23.435	6	4	10	0	4	1327	146.7	5.27
TRINITY_DN354_c3_g5_i1.p1	TASDVASNDADSKQVAESNLSSIEGSTGVTTAAA UV excision repair protein RAD23 homolog B K10839	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	29.11	13	2	10	2	2	447	45.4	4.11
TRINITY_DN2482_c0_g1_i5.p1	MKCSNVLLAVISWEATCFSPMLHLQLNLSKRESK Probable protease SohB K03235	NA	GO:0032153^cellular_component^cell divisio	12.496	11	4	10	4	4	744	79.7	5.08
TRINITY_DN684_c0_g1_i1.p1	MTIIIVLGEEMGFSPVLSHETQLTANILSSSSSF: 60S ribosomal protein L26-1 K02898	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	12.304	10	1	10	0	1	184	20.8	10.39
TRINITY_DN1649_c0_g1_i3.p1	MKFIPTLISSLTASYLAAPSNLKLYFGARGAAE Probable glutathione S-transferase 6 K13181	NA	GO:0004364^molecular_function^glutathione	11.739	13	4	10	2	4	247	27.5	7.08
TRINITY_DN155_c3_g1_i1.p1	MSLVRTVRLPSCAARPGAGLQALGPLINMA 50S ribosomal protein L11 K05292	NA	GO:0005840^cellular_component^ribosome^	10.458	38	4	10	4	4	149	16.2	8.79
TRINITY_DN2366_c2_g1_i2.p1	MTTMKGQPLWDELDETLNSGACGFTAQEIFCHN Inosine-5'-monophosphate dehydrogenase K00088	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	11.021	7	3	10	0	3	527	56.8	7.52
TRINITY_DN4477_c0_g1_i1.p1	LPFHNNCCQQHSFTFLNIHQHVHYTIKMSMSNY Protein transport protein Sec24-like At3g071C K14007	NA	GO:0030127^cellular_component^COPII vesic	16.246	4	3	10	3	3	1122	119.6	7.06
TRINITY_DN4126_c0_g1_i1.p2	MKIICITVALTLASPAQAFAPQSSINSPSTRSGSHL Fucoxanthin-chlorophyll a-c binding protein, K101094	NA	.	7.757	10	2	10	0	2	250	27.1	6.42
TRINITY_DN2657_c0_g1_i3.p1	MTSLQPKQVITGSEYKDGVLVAPKKDERYKTEVDV Probable ATP-dependent RNA helicase ddx6 K12614	NA	GO:0005634^cellular_component^nucleus^G	15.619	13	4	10	0	4	416	47.2	8.19
TRINITY_DN385_c1_g1_i1.p1	MQSSHTAPEPMHFSTSSKSEGNTQTMMVMVTPA: Hypothetical K00627	NA	.	14.682	31	3	10	3	3	144	15.7	5.91
TRINITY_DN1175_c0_g1_i11.p1	MKFYSFVSJATVLAIFPFTSNFLGVSQAQNEEPTII Uncharacterized protein sll1483 K10675	NA	GO:0005604^cellular_component^basement	10.642	19	3	10	0	3	335	34.4	4.11
TRINITY_DN2533_c2_g1_i4.p1	MMHQMTMQTTPMPPSNAANHPMMYARPSASAV Protein SEC13 homolog K14004	NA	GO:0030127^cellular_component^COPII vesic	13.681	11	2	10	0	2	324	33.8	7.02
TRINITY_DN2590_c0_g1_i1.p1	LRAPELTKNGRKLKSYQVITNPEPSQVDHNLALDI Hypothetical K10412	NA	.	11.256	20	2	10	1	1	151	16.4	6.77
TRINITY_DN35_c1_g1_i2.p1	GSQKIQGMQRQRNRDRDFAFDKRRKRLTLDI Lysine-tRNA ligase K04567	NA	GO:0017101^cellular_component^aminoacyl-	23.358	14	4	10	4	4	608	69.1	6.05
TRINITY_DN9595_c0_g1_i3.p1	MVFADSVNLARLRSKNENDLVQENMQDKKD Hypothetical K10891	NA	.	19.362	31	2	10	1	2	114	13.1	9.66
TRINITY_DN10763_c0_g1_i1.p1	MRKRSSRYAQNTKTKNIVFNKEEAVKIKLETAT. 50S ribosomal protein L1, chloroplastic K15687	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	6.315	13	3	10	3	3	230	25.5	9.35
TRINITY_DN942_c0_g1_i7.p1	MNSLATFAVRRAASRHLQVRPLTGTTIPDVBHY D-3-phosphoglycerate dehydrogenase K00058	NA	GO:0045335^cellular_component^phagocytic	9.423	12	4	10	0	1	468	50.8	6.7
TRINITY_DN3283_c1_g1_i1.p1	MVASAVFDITLAKGAIISNRYRGEIPLTSAIDRFAYK AP-3 complex subunit mu-1 K12393	NA	GO:0030131^cellular_component^clathrin ad	11.626	12	4	10	0	4	462	51.9	7.64
TRINITY_DN190_c2_g1_i1.p1	MRFNTFLNVFVYSTAAFVDPGIRVHVTTRTAVI: Hypothetical K06174	NA	.	20.081	7	3	10	3	3	641	69.2	8.81
TRINITY_DN2383_c0_g1_i11.p2	MDNSKQVTSLRSSRLMDLNTNTSSQPLLRIGI Protein VAC14 homolog K15305	NA	GO:0010008^cellular_component^endosome	7.682	6	2	10	0	2	412	45.9	5.52
TRINITY_DN181_c1_g1_i1.p1	MDPPADIQEDMTHIPAQIDPNADADATPQLVK Hypothetical K11303	NA	.	16.118	8	3	10	3	3	733	81.1	5.27
TRINITY_DN1418_c1_g1_i1.p1	MSPMNSLVLATLSLSSVLVESFAPPAQEHSIIS Divinyl chlorophyllide a-8-vinyl-reductase, chl K13073	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	20.626	10	3	10	3	3	414	45.7	5.45
TRINITY_DN606_c0_g1_i10.p1	MSLARQQQSSSTMSSPPSLVWFLVDISITGQP Hypothetical K01711	NA	.	14.231	7	3	10	2	2	567	63.4	7.06
TRINITY_DN1866_c0_g2_i4.p1	MVHKQAISISEKHTMRSHHFTSPVLMVAITLAG Uncharacterized protein At2g34460, chloropl K00128	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	15.008	13	4	10	0	4	402	42.8	7.97
TRINITY_DN262_c1_g1_i1.p1	MLLAKGNSMNVCKRSAAAIQNSLHRYTRPRPHP Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavo K20360	NA	GO:0005618^cellular_component^cell wall^G	13.858	7	3	10	3	3	651	71.4	6.24
TRINITY_DN838_c3_g1_i7.p1	MASHPETKIDCSKVYKSSFSNEKTNFDFGAFAP Hypothetical K22913	NA	.	16.194	25	3	10	2	3	146	16.6	5.58
TRINITY_DN1849_c0_g1_i4.p1	MKFVPSCLFLLASATAFAPQPSFLVSHSKAMVMC Zeaxanthin epoxidase, chloroplastic K09838	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	13.538	6	2	10	0	2	629	70.2	6.35
TRINITY_DN4346_c0_g2_i1.p1	MKGKVDWFEELEVAIADDISKYVPPHVNIFYC Cytochrome b6 K02635	NA	GO:0009535^cellular_component^chloroplas	16.47	16	2	10	2	2	215	23.9	8.6
TRINITY_DN4348_c0_g1_i1.p1	MNVKLLCLSLVTCVLQIHCVDSFTNVFSPARGH type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase/CLD K02635	NA	.	24.59	18	4	10	4	4	383	41.7	8.72
TRINITY_DN57_c1_g1_i2.p1	MGSSEEEKRERKELKMEAEKLGMSYKDKLQKQK Arginine-tRNA ligase, chloroplastic/mitochon K01887	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	12.585	9	4	10	4	3	602	67	9.35
TRINITY_DN25426_c0_g1_i1.p1	MGNFIDKFTVIADILLKVLPAKQKQAFSYYRAG Photosystem I assembly protein Ycf3 K03596	NA	GO:0009535^cellular_component^chloroplas	9.585	17	2	10	2	2	176	20.1	4.7
TRINITY_DN1143_c4_g1_i1.p1	MTDENSPLNPEIAAAKKAEVGGKAVAYARASIA Probable calcium-binding protein CML23 K21814	NA	GO:0005509^molecular_function^calcium ion	9.657	16	3	10	3	3	246	27	7.24
TRINITY_DN14584_c0_g1_i1.p1	MYTSLDWNELVELNSQFLNDLIEKTLGGFEVEET Phenylalanine-tRNA ligase beta subunit, chlo K08903	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	10.969	3	3	10	3	3	703	80.8	7.39
TRINITY_DN996_c3_g1_i3.p1	MKFCNLATMTLLSLGSRKAASFMTROQVKIMSSS Threonine-tRNA ligase, chloroplastic/mitoch K01868	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	13.223	6	3	10	0	3	709	81	6.55
TRINITY_DN1005_c4_g1_i1.p1	MYSLILQLLQLLQPCALPFGSSGSKTNNKESDI IAA-amino acid hydrolase LRL1-like 4 K07442	NA	GO:0016787^molecular_function^hydrolase	21.591	19	4	10	0	4	520	55.8	5.81
TRINITY_DN784_c0_g1_i1.p1	MGVRTKTKRSARTIVEKYYRTLDFHTNKRIVDE 40S ribosomal protein S17 K02962	NA	GO:0005840^cellular_component^ribosome^	13.754	38	3	10	3	3	123	14.2	9.98
TRINITY_DN1085_c1_g1_i1.p1	MLKSSVYATAALTAHHSYIEAFSSSSPAASAAA Pentatricopeptide repeat-containing protein K01948	NA	GO:0005739^cellular_component^mitochonc	12.717	7	3	10	3	3	740	79.8	6.2
TRINITY_DN725_c1_g1_i1.p1	MSDIKPSLQSGMALGSSAAFAVNFHPIETVKT Mitochondrial substrate carrier family protei K20360	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	18.432	21	4	10	0	4	284	30.6	9.2
TRINITY_DN156_c0_g1_i1.p1	MSAVDETGSLVGGKTNNETTIDIASQLSASLGKV Ammonium transporter Rh type A K06580	NA	GO:0005887^cellular_component^integral co	20.985	9	2	10	0	2	424	45	4.54
TRINITY_DN1571_c2_g1_i1.p1	MLHSSFCIASLISASFSFTHRPNLSGVTYSRIKQV Hypothetical K03249	NA	.	14.943	12	3	10	3	3	428	46.2	5.68
TRINITY_DN467_c0_g1_i1.p1	MTISSRNSITLQKQVFTTRRFYTHRSFNSIVGAGGA Pyridinium-3,5-bis(carboxylic acid) mononucle K02367	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	11.274	10	3	10	0	3	372	39.9	7.5
TRINITY_DN2846_c0_g1_i1.p1	MKYTYLFSQSPVVILSCIIHLWHTNLVAFSPISSL Hypothetical K02995	NA	.	14.445	18	3	10	0	3	265	28.4	7.36
TRINITY_DN107_c1_g2_i1.p1	LMRDLADISGPPSSGSDGMFEALANLEKQLDS Hypothetical K12196	NA	.	13.581	9	3	10	2	3	781	86	6.38
TRINITY_DN178_c5_g1_i1.p1	MTVKYSLQLQNADTNSALIEEFSTFPEFLELSRREC protein, GTPase domain K22900	NA	.	24.2	14	2	10	2	2	320	35.3	4.82
TRINITY_DN1014_c1_g1_i6.p2	MKVTNLAISFLASLVAVSGPALAFSLAPYSRSSRVAI Aspartokinase 3, chloroplastic K00928	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	13.638	8	2	10	0	2	542	58.7	5.63
TRINITY_DN1982_c0_g1_i2.p1	MTMIPLRNLSGTIGGMLTLFLSLTFVHGFSSSHXT Chloroplast processing peptidase K03100	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	16.642	21	3	10	2	3	299	33.6	7.06
TRINITY_DN285_c2_g1_i1.p1	MFPINYSYTLTWSILLFLCPLMLNSTHGTAVNSF Protein ACTIVITY OF BC1 COMPLEX KINASE 8, K00731	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	19.425	3	2	9	0	2	948	107.5	8.92
TRINITY_DN593_c6_g2_i1.p1	MKINTQFRIFLVSLLFLKQVQSGFSGFKTFRTR ATP-dependent RNA helicase RHIE K22074	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	5.735	3	1	9	0	1	766	85.7	8.82
TRINITY_DN769_c0_g1_i1.p2	MKNSNTFSMCLLFGSILLFADCFIPSYTPNRYVTL Transmembrane 9 superfamily member 3 K06941	NA	GO:0005768^cellular_component^endosome	10.127	18	3	9	0	3	196	21.9	8.72
TRINITY_DN352_c9_g1_i2.p1	MSTKAIIGRALRETAGALKQAGGVEIFTRHRPVM Gamma carbonic anhydrase-like 1, mitochonc K01726	NA	GO:0031966^cellular_component^mitochonc	9.847	15	3	9	3	3	233	24.9	6.52
TRINITY_DN576_c0_g1_i1.p2	MRLTLHNVLQSTVKTGEEKYQPLKEATKEFEESPF Cytochrome c1-2, heme protein, mitochondri K00413	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	5.601	23	3	9	3	3	135	15.4	4.81

TRINITY_DN3540_c1_g2_i1.p1	MSENATKRATSIGWHFVILMSRQKIRLSEFFSS' AP-1 complex subunit sigma-1	K12394	NA	GO:0030665^cellular_component^clathrin-co	14.779	7	1	9	1	1	196	22.4	6.55
TRINITY_DN1911_c0_g1_i1.p1	TAIMFFDMQLCQLCHDMCHENISLHYQHSYFFLLF tRNA pseudouridine synthase A	K01689	NA	.	12.097	6	2	9	2	2	499	56.8	6.2
TRINITY_DN3728_c0_g1_i1.p1	MKLLPKLCLTCLLIGVTSFTANNNGNSIKIPMSPS Hypothetical	K03025	NA	.	14.049	26	4	9	0	4	189	20.5	8.44
TRINITY_DN82_c11_g1_i1.p1	MKV158LIRINAGNEDPIPLVAASELSFGYFQRQL Synaptobrevin homolog YKT6	K02183	NA	GO:0005768^cellular_component^endosome	14.182	24	3	9	3	3	200	22.6	6.92
TRINITY_DN1821_c0_g1_i1.p1	MKLSLIALICIMVPVATQNLFFSEFKRSIQNALK Hypothetical	K02183	NA	.	11.932	8	4	9	0	4	906	102.6	6.13
TRINITY_DN1618_c1_g1_i2.p1	MTEVDTSKAIDVSIQDGGVGLTKLPAEEGALGPF Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase D	K01802	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	15.819	11	4	9	1	4	488	53.8	5.5
TRINITY_DN3520_c7_g1_i1.p1	MKLLPVLFAVTSRRNETRTIGVDTKLNGEGFFA Hypothetical	K18953	NA	.	13.611	12	2	9	2	2	129	14.8	5.74
TRINITY_DN593_c12_g1_i1.p1	MTSYSLDEPLSINIFPDLHHEEDTPDCCGEIDSIC Annexin A13	K14827	NA	GO:0005654^cellular_component^nucleoplasm	5.69	6	2	9	0	3	341	38.2	6.15
TRINITY_DN2808_c0_g1_i3.p1	LITMKHMIRQAINCLRQVCGFALVNFKPTSQL 39S ribosomal protein L46, mitochondrial	K17427	NA	GO:00055762^cellular_component^mitochondrion	11.981	9	3	9	0	2	344	39.9	8.75
TRINITY_DN260_c0_g1_i1.p3	IHQINRINSIHQSIMIAPVKYFLVAVANVLWR Protein phosphatase ppm-1.A	K10956	NA	.	12.495	6	3	9	1	3	456	48.7	8.32
TRINITY_DN1146_c0_g1_i4.p1	MIDTLYLVQSYKREKSRIAPVYRSHPHYFLSLS Peroxidoreductase, chloroplastic	K02958	NA	GO:0009543^cellular_component^chloroplast	13.153	10	2	9	0	2	287	32.4	8.4
TRINITY_DN2273_c1_g1_i5.p1	NTRYDKIQEMRFEDNAMTHGEEYFVVKGLSPS Hypothetical	K08967	NA	.	16.843	10	2	9	0	2	356	39.8	4.98
TRINITY_DN386_c8_g1_i1.p1	MKFALFSLVLTVEAFVVAKYSLSHGNGASHKLI Uroporphyrinogen decarboxylase	K01599	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	10.771	9	3	9	3	3	464	51.4	5.29
TRINITY_DN56_c0_g2_i1.p2	MKSILVTGGNGQIGYALCKQLVIDYNCHVFLTARN Carbonyl reductase [NADPH] 1	K03671	NA	.	6.267	10	2	9	2	2	280	30.2	5.66
TRINITY_DN18_c0_g1_i2.p1	MLSSIKMKNKFAILLHQLFMAFAFAPLRPIKRI Hypothetical	K17732	NA	.	13.357	15	2	9	2	2	309	34	9.09
TRINITY_DN4067_c0_g1_i2.p1	MAAGKNKTEKPPPKLLIPAGVAVVAVAYFM Hypothetical	K11092	NA	.	5.217	4	2	9	1	2	445	49.8	6.05
TRINITY_DN2843_c0_g1_i2.p1	MKVAAALSLVLTSTATSLGALNSAGSSTTTGI Hypothetical	K11806	NA	.	15.073	5	1	9	0	1	251	26.3	4.56
TRINITY_DN1194_c2_g1_i1.p1	MNFIVTSLPALSLMLLLMTSQQGYPLVHFCQGF domain	K01895	NA	.	17.046	17	3	9	3	3	284	31.6	5.82
TRINITY_DN2069_c1_g1_i2.p1	MVSAKLIGALFASTVAFIPVGTTRGFAPLKASQV Protein of unknown function (DUF111)	K09489	NA	.	7.131	10	2	9	2	2	189	18.8	9.31
TRINITY_DN367_c5_g1_i1.p1	MCPSKISLHLSFALSSTTGFALLPLSPALH Hypothetical	K02923	NA	.	18.02	12	3	9	3	3	345	38.5	6.43
TRINITY_DN338_c0_g1_i1.p1	MSSFLCKSRITLFNQCQGVHEKTRRAIRCILQRN Electron transfer flavoprotein subunit alpha, i	K03522	NA	GO:0005759^cellular_component^mitochondrion	15.333	14	3	9	3	3	361	37.9	7.4
TRINITY_DN144_c0_g1_i7.p1	MFINMTFRKSLTTHVFNQVFNLLFLLPLSLYCSF Neuferritin	K02960	NA	GO:0005576^cellular_component^extracellular	13.144	2	2	9	0	2	176	20	5.12
TRINITY_DN747_c1_g1_i1.p1	MKILVISSPFIASSFPNERKDVSVQLRAFNAAL: lipocalin domain	K13412	NA	.	9.523	5	2	9	0	2	543	60.8	5.29
TRINITY_DN568_c0_g1_i1.p1	MKDKITLQASQCRIASSHDSVFKSECVYTHFNPYTRI Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 5	K11836	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	10.279	3	2	9	0	2	938	103.7	5
TRINITY_DN2107_c0_g1_i1.p1	MRCSTLSFLIFIKNNINDDVGDSEAVLTAEDD Probable nucleoredoxin 1	K17609	NA	GO:0005829^cellular_component^GC	13.226	11	2	9	2	2	288	32.3	5.43
TRINITY_DN1660_c1_g1_i1.p1	MNVYNNDSNQEQLYDFGNVYGPDESSDDDI 116 kDa U5 small nuclear ribonucleoprotein c	K12852	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	7.868	4	3	9	0	3	1049	116.1	5.2
TRINITY_DN369_c4_g1_i1.p1	MAKTTLSVAALLNSSAMAFNMPTRLSYRSSG Hypothetical	K02883	NA	.	12.235	8	2	9	0	2	413	43.5	6.18
TRINITY_DN1015_c1_g1_i4.p1	MSWNGQKPEALRRSEQLLNIDQESALSILHETIA Eukaryotic translation initiation factor 3 subu	K03254	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	16.255	6	4	9	3	4	955	108.6	8.91
TRINITY_DN1129_c1_g1_i1.p2	MYLLLVAFASNAVAFNPQSHLPKANVQSLAKI Protein CreA	K03023	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	16.698	13	2	9	0	2	203	22.3	7.93
TRINITY_DN737_c0_g1_i1.p1	MKLNRLQTAFLVLSATTSSCCAFGLKNACSLKNT Bifunctional bis(5'-adenosyl)-triphosphatase/	K01593	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	5.93	8	2	9	0	2	287	32	7.15
TRINITY_DN1536_c1_g1_i1.p1	MNIKRHTMKVITMSSGIHQTRRALSFLVFMICI Hypothetical	K18849	NA	.	12.244	19	3	9	0	3	278	31.4	5.88
TRINITY_DN1039_c3_g1_i2.p1	MNQISITKIRVSCIFLVFSIDLNRDSCLAFTA Vesicular-fusion protein SEC18	K06027	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	16.931	4	2	9	2	2	792	85.9	8.72
TRINITY_DN24277_c0_g1_i1.p2	ALAENEAEALRIITLEQKPLPEAIGEVQWSVGLA Putative aldehyde dehydrogenase FUS7	K00128	NA	.	15.042	15	2	9	2	2	214	22.7	5.38
TRINITY_DN898_c1_g1_i2.p1	MTKLKAASLLLVASSVSAFRTSSSSAFISSGASV Hypothetical	K00025	NA	.	5.461	10	2	9	0	2	220	24.1	6.77
TRINITY_DN598_c1_g1_i3.p1	MTLSSRMKILMTMTVFLQOGLFLQOHYFFASAFI Hypothetical	K14442	NA	.	18.605	25	3	9	0	3	275	30.9	4.9
TRINITY_DN1070_c6_g1_i2.p1	MHIHRMIESELINETDDLDLDDLDLQAEYKSV Polyadenylation and cleavage factor homolog	K14400	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	11.015	5	2	9	2	2	579	65.3	5.01
TRINITY_DN120_c1_g1_i1.p2	MQGSASVSNVIDWQDQACQGGDEDFLKEGLG associated domain	K01520	NA	.	10.826	27	2	9	2	2	127	14.1	4.84
TRINITY_DN533_c0_g1_i2.p1	MNHDTSDIRNGVYVDSTAFPPYSRLLVVLLS Putative glucosylceramide 4	K01201	NA	GO:0004348^molecular_function^glucosylcer	13.999	3	2	9	0	2	936	102.9	5.49
TRINITY_DN1438_c0_g1_i1.p2	MKGVPVSHKLLIMFLPSLRPQLSQSCKATSSST Nudix hydrolase 8	K03066	NA	GO:0020037^molecular_function^heme bind	18.466	9	2	9	0	2	444	48.8	6.87
TRINITY_DN9233_c0_g1_i1.p2	KKTSFNYYKLMINQSNKTLNTNITKLVNQPKYG ATP synthase subunit alpha, chloroplastic	K02111	NA	GO:0009535^cellular_component^chloroplast	14.458	11	3	9	3	3	497	55.8	6.79
TRINITY_DN2314_c0_g1_i1.p1	MNTFLLSFVVTYFFTCSCVSAFSTVPSFKMQQLI Hypothetical	K07937	NA	.	9.555	21	3	9	3	3	226	25	8.72
TRINITY_DN574_c1_g1_i2.p2	MTSPPGHHSIPHSQTNLLDSSIRDVVVPLLI Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 2	K05610	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	8.785	6	2	9	2	2	378	41.5	9.22
TRINITY_DN396_c1_g2_i1.p1	MINGEQIDALKNNYITSGSDYRVDHDTLIDLTHS Thapsigargin-binding cofactor B	K17262	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	12.464	8	2	9	0	2	331	37.4	5.22
TRINITY_DN1267_c2_g1_i3.p1	MPQRTVQTGDQDWSVNVGKSLSRPKPTNAAL Endothelial differentiation-related factor 1 ho	K03627	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	13.629	17	2	9	0	2	176	18.5	10.45
TRINITY_DN2039_c0_g1_i1.p2	MFNRIAKSICNSRVKRPKYIQSSSSFWRSFT 50S ribosomal protein L7/L12	K00235	NA	.	5.246	9	2	9	0	1	200	22.3	8.76
TRINITY_DN1971_c0_g1_i3.p1	MKMQSALLSLLSNTLSQGVITASQKKESSVTK Ankyrin repeat domain-containing protein 50	K02603	NA	GO:0005768^cellular_component^endosome	25.291	9	3	9	3	3	905	95.6	4.94
TRINITY_DN2540_c0_g1_i5.p2	MFGPTSVTAGILDITRAKEDERRASTCGSGALC Proteasome subunit beta type-5	K02737	NA	.	12.788	11	3	9	3	3	289	31.4	7.75
TRINITY_DN1139_c1_g1_i1.p1	MKFSSALLSFAANASAFSLPFRPITTSNVIFNQD Branched-chain-amino-acid aminotransferase	K00826	NA	GO:0004084^molecular_function^branched-c	13.177	8	2	9	0	2	417	45.8	7.39
TRINITY_DN2100_c0_g1_i4.p1	MKLAPREIDLHLVLSQAGLQAKRLARGKSLYPES Urease	K01427	NA	GO:0016151^molecular_function^nickel catic	18.774	6	3	9	0	3	865	92.8	6.02
TRINITY_DN941_c0_g1_i1.p2	MSSVASKLRRPSTFLNSARLNVDQRDLFARDLSL Glycerate dehydrogenase	K05539	NA	.	7.165	4	1	9	0	1	340	37.9	6.24
TRINITY_DN1196_c0_g1_i9.p1	MRFNKNLITLVLSSISRHAGAFSTPSSLCKVCHKDI UPF0051 protein sir0076	K00248	NA	.	22.265	13	4	9	0	4	479	52	5.02
TRINITY_DN1676_c0_g1_i5.p2	MLLLYFSSLLIAEFSFSPAGLTRNPVSTEQNRAT Protein tas	K02991	NA	GO:0016491^molecular_function^oxidoreduc	13.642	9	3	9	3	3	495	55.1	6.9
TRINITY_DN795_c2_g1_i2.p5	MSSARNPITSWIKGMEAYSTRESGMRDRAET: F-box protein At5g06550	K08744	NA	GO:0005634^cellular_component^nucleus^GC	4.76	16	2	9	2	2	107	12.2	9
TRINITY_DN1907_c1_g1_i1.p1	MLVCRKLLGPLVPRHRIQRVNTISFFARSRPQK Phosphoenolpyruvate carboxylase (ATP)	K12486	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	13.023	3	1	9	0	1	657	73.4	6.43
TRINITY_DN1904_c0_g1_i4.p2	MNFYSAWFCYPAQRAWLLEHHKIPYEVESLTV domain	K00799	NA	.	16.195	14	3	9	3	3	271	31.2	5.71
TRINITY_DN1250_c1_g1_i2.p1	MRSRYVDVNVPRRDYWDYEAALTVNWGDQE Casein kinase II subunit alpha-2	K03097	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	16.71	15	3	9	0	3	331	38.9	7.4
TRINITY_DN81_c10_g2_i1.p1	MMSFSLKNAALIFLVFSGSLHQLHGFTIRLPFR Mitochondrial proton/calcium exchanger pro	K00587	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	14.993	6	3	9	3	3	663	74.4	5.33
TRINITY_DN2170_c2_g1_i1.p1	MKHLNSMLVGFCSLSSKSAVLPVSAFSPS Peptide deformylase 1B, chloroplastic/mitoch	K01462	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplast	5.214	5	1	9	1	1	273	30.3	7.85
TRINITY_DN1789_c0_g2_i1.p2	MSGGKGGRRGDKAVRSRKAQLQFPVGRIGRFL Histone H2A	K11251	NA	GO:0005886^cellular_component^plasma me	12.186	51	4	9	0	3	133	14	10.23
TRINITY_DN1242_c4_g1_i1.p1	MKTVLASRISIEPEGVTEIKSRVVKVTPRGTRLRI 60S ribosomal protein L9-2	K02940	NA	GO:0022625^cellular_component^cytosolic li	9.089	12	2	9	1	2	187	21	9.94
TRINITY_DN67_c2_g1_i2.p1	MGGLSKPTTYPLLTVPQCIQTEKFMGTWFWVIGV Temperature-induced lipocalin-1	K13354	NA	GO:0009941^cellular_component^chloroplast	8.328	12	3	9	1	1	194	22.5	8.47
TRINITY_DN1689_c2_g1_i6.p1	MCTT5SGNSSTSPSKNPNKQKIESDDGIPTEIT Uracil-regulated protein 1	K00860	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	9.722	9	3	9	1	3	464	51.3	6.83
TRINITY_DN331_c0_g1_i3.p2	MKNFTLVLVALTLLSGLAEAYSIQPRSSIAKQLTQFI Hypothetical	K00868	NA	.	19.907	11	1	9	0	1	168	18.6	8.7
TRINITY_DN457_c1_g1_i1.p1	MKGFGINTSKFKKMASFKDKKEELARKKAEETS Hypothetical	K02957	NA	.	16.84	37	2	9	2	2	103	11.3	5.68
TRINITY_DN2068_c0_g1_i4.p1	MHSLIUIAVAFNGASAFITQKPFQNTLVLTAHRK Fructose 1,6-bisphosphatase, chloroplastic	K03841	NA	GO:0009570^cellular_component^chloroplast	16.15	5	2	9	0	2	419	45.5	6.04
TRINITY_DN889_c0_g1_i1.p1	MRLALTSFLATVPARAFRQVPLKLSPTKFPSSSI Uncharacterized oxidoreductase MSMEG_24C	K22071	NA	GO:0016491^molecular_function^oxidoreduc	18.605	12	3	9	3	3	382	42.1	7.01
TRINITY_DN3219_c0_g1_i3.p1	MGSDDSMVARQLPPHRMLKQHNHFLTKPISYLRI Oxygen-dependent coproporphyrinogen-III o	K00228	NA	GO:0009570^cellular_component^chloroplast	15.183	9	3	9	0	3	434	48.6	6.54

TRINITY_DN12120_c0_g1_i1.p1	MKLNSAFVAVFLGASQSAFAFTVSTATRKSQVSL 3-phosphoshikimate 1-carboxyvinyltransferase	K00800	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	9.706	5	2	9	0	2	510	53.9	5.39
TRINITY_DN1046_c0_g1_i2.p1	MKLFVGLVAVNASAFVNSFAGGAGLTSRFLFAEC CDGS8 iron-sulfur domain-containing protein	K23885	NA	GO:0032473^cellular_component^cytoplasm	8.307	10	1	9	1	1	106	11.2	7.8
TRINITY_DN2600_c1_g1_i6.p1	CYFLKYNNYSQYFTLILESPHISQVTFMKTITRL Protein of unknown function (DUF1800)	K01792	NA	.	15.756	3	4	9	0	4	2045	224.7	5.26
TRINITY_DN2613_c0_g2_i1.p1	MSAATGATATSRRHFAFASSSFMWVMMVMI Probable zinc metalloprotease EGY1, chloropl	K03940	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	10.947	6	4	9	0	4	1045	114.3	5.05
TRINITY_DN21_c11_g1_i1.p1	MRRHSIIAASTKARSLALSVPFKHPDFQMKFEELS Trypsin	K14950	Trypsin	.	11.074	8	3	9	3	3	477	54.4	5.41
TRINITY_DN1409_c0_g1_i1.p1	MITKQSSSSLPSTSTTVAVFVLLLVPTCLAFPFAP psii accumulation1 / Rep27	K03320	NA	.	5.096	4	2	9	0	2	407	44.4	8.65
TRINITY_DN4773_c0_g1_i1.p1	MNSSHLLCHFRTSGTSGRKAQLRLLSSKINVK Hypothetical	K14538	NA	.	9.334	8	3	9	3	3	469	53.7	6.1
TRINITY_DN2937_c0_g1_i1.p1	MNRLRLAAASMKMRMSWYNNVVKSIQNLQ- Mitochondrial import inner membrane transi	K17804	NA	GO:0005743^cellular_component^mitochonc	9.469	8	2	9	0	2	376	43.1	5.24
TRINITY_DN1025_c0_g1_i6.p1	MFVINYVMLLSHSTSSIKFWTLNLSIYYLREELIF Solanesyl-diphosphate synthase 1, mitochonc	K14571	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	24.942	14	4	9	0	4	646	70.5	8.44
TRINITY_DN2757_c1_g1_i4.p1	MKGPNIGRTGRKLTRHRREKQWWDKSYKKNNSIT 40S ribosomal protein S23	K02973	NA	GO:0022627^cellular_component^cytosolic s	10.915	27	3	9	3	3	143	15.8	10.35
TRINITY_DN248_c4_g1_i1.p1	MSSTTEVTGARGGLFAGGRFKGGTDPIMEKFN- Argininosuccinate lyase	K01755	NA	GO:0004056^molecular_function^argininosu	13.337	7	3	9	3	3	468	51.1	5.5
TRINITY_DN2539_c0_g1_i2.p1	MYITLSNRYMVCVHNSQRKIQAIAKIMVVVAFI tRNA modification GTPase gtpbp3, mitochonc	K03650	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	15.227	6	3	9	3	3	656	71.9	5.71
TRINITY_DN852_c0_g1_i4.p2	MINEMIRSNRPILLNVCTDGLSCYLTSDGELLG Dynein light chain roadblock-type 2	K03404	NA	.	9.421	28	3	9	1	3	189	20	5.34
TRINITY_DN225_c1_g1_i2.p1	MPSGSKHKLRNAPKHWGLKMGVWVAPKVS 40S ribosomal protein S4	K02987	NA	GO:0022626^cellular_component^cytosolic ri	14.207	17	3	9	0	3	263	29.3	9.79
TRINITY_DN8734_c0_g1_i6.p1	MVLHVFTSIVFLSLIWNFRFDGSGTTTKSSMSSK Hypothetical	K02879	NA	.	9.913	7	3	9	0	3	452	52.5	9.22
TRINITY_DN5834_c0_g1_i1.p1	MTCVQIQSGLSVAKKALALLAALPVAQTQDIF LRR receptor-like serine/threonine-protein kir	K14553	NA	GO:0048226^cellular_component^Casparian	14.002	1	2	9	2	2	2629	288.8	4.94
TRINITY_DN167_c11_g1_i1.p1	MTTDRSRVSYFYDAEVGNHYGGHPMKPHR- Histone deacetylase 1	K06637	NA	GO:0000785^cellular_component^chromatin	7.092	9	3	9	3	3	429	48.5	5.58
TRINITY_DN9119_c0_g1_i3.p1	MKLVDISPNTVIIIDDANDHDLINDALTKRINICRV Voltage-dependent calcium channel subunit a	K01408	NA	GO:0005891^cellular_component^voltage-ga	17.813	4	2	9	2	2	742	81	5.26
TRINITY_DN1394_c0_g1_i2.p1	MKPISLFLVLMVANCAGFSPVHIASRTSVARKP- Rubredoxin	K07513	NA	GO:0009055^molecular_function^electron tr	17.478	28	2	9	0	2	202	22.1	7.18
TRINITY_DN2168_c0_g1_i1.p1	MRYILFSLGFVMTLGFVPMISTTRSFSSNKYIRE Hypothetical	K02218	NA	.	12.037	14	3	9	1	3	414	45.6	4.44
TRINITY_DN3381_c2_g1_i1.p1	MRVISYFATALIATAAASFPVNSVASRISITLYSI Hypothetical	K15175	NA	.	11.984	12	3	9	3	3	285	31.7	8.78
TRINITY_DN3254_c0_g2_i4.p1	MSSDRSGTHGASQESSEIKSARQPLKLFKTLSSLV Probable polyglutamine synthesis accessory p	K00611	NA	.	16.304	6	3	9	1	3	913	101.2	5.16
TRINITY_DN852_c0_g1_i1.p3	MASSTTNVNVSEVETLARIKSHKGVGVIMTKE Dynein light chain roadblock-type 2	K03404	NA	.	14.939	17	1	9	1	1	108	11.7	4.82
TRINITY_DN2728_c0_g1_i1.p1	MASIKHPSPQPRDVVIVAVRTPCLARHGKALAK 3-ketoacyl-CoA thiolase A, peroxisomal	K07513	NA	GO:0043231^cellular_component^intracellul	7.851	4	2	9	1	2	397	41.9	7.99
TRINITY_DN27438_c0_g1_i1.p1	MDPNRLKGNLITGAARGMGAANAEEAFAAQGP 2-dehydro-3-deoxy-D-gluconate 5-dehydroge	K02147	NA	GO:0016491^molecular_function^oxidoreduc	7.109	10	2	9	2	2	185	19.6	5.19
TRINITY_DN3759_c1_g1_i1.p1	MVTSFLIILTNMNYVAVVWVHPINNLSTRSSTNA Assembly chaperone C-terminal domain	K02257	NA	.	8.985	11	2	9	1	2	229	25.1	4.96
TRINITY_DN701_c1_g1_i3.p2	MTKIAIQDRGATVAVSQAFADVALGAKDQG Probable chromatin-remodeling complex ATP	K020178	NA	GO:0016589^cellular_component^NURF com	17.097	7	4	9	0	4	1126	122.9	6.57
TRINITY_DN2153_c0_g1_i7.p2	MKSILAASQLLFRKNCNNSYSRVFTASSSLKQ Kynurenine-oxoglutarate transaminase	K00816	NA	.	9.636	12	4	9	1	4	493	54.8	6.18
TRINITY_DN2309_c1_g1_i1.p1	MASANIKNSNQMMMTSTADSSQKTLDSYTRVM Hypothetical	K02984	NA	.	6.934	3	1	9	0	1	556	60.7	5.57
TRINITY_DN2779_c0_g1_i4.p1	MIIWGHQKTYIYIALSIVTRKLFQPLPHGWATI Protein STRICTOSIDINE SYNTHASE-LIKE 3	K00088	NA	GO:0005783^cellular_component^endoplasm	21.65	9	2	9	0	2	412	45.8	5.77
TRINITY_DN2515_c0_g1_i1.p1	MNSGAIQIELMAAETRASQIVAEARIARGDRMK- V-type proton ATPase subunit G 1	K02152	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol GC	5.925	16	2	9	2	2	122	13.2	8.48
TRINITY_DN917_c2_g1_i2.p1	MCLLPFTISTEVEGIESFGKFKRLAPPGLGCLICEV- Hypersensitive-induced response protein 3	K23025	NA	GO:0016020^cellular_component^membrane	6.919	7	2	9	2	2	278	30.7	5.63
TRINITY_DN2706_c1_g1_i2.p1	VGVGVSSNDENDTNTVNYKSFDRSSSSSSSSK- Hypothetical	K02636	NA	.	12.032	9	3	9	3	3	301	32.8	5.21
TRINITY_DN369_c2_g1_i2.p2	MIGDLKAGGRRTHGKSSSEVIKTANPYTRLIKLYK 60S ribosomal protein L18	K02883	NA	.	9.439	20	3	9	3	3	192	21.5	11.02
TRINITY_DN1835_c0_g1_i4.p3	MPKFIPGIIQRFEDHDAHEIELDFSGREREMVD Vacuolar protein sorting-associated protein 2	K12184	NA	GO:0005783^cellular_component^endoplasm	21.046	33	4	9	4	4	224	25.9	4.83
TRINITY_DN1085_c4_g1_i1.p1	MPSFEPIKAMEAEGIAVSAISAFESTFNSLVSGNT Phosphoglucomutase, cytoplasmic	K01835	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	17.9	9	3	9	3	3	516	56.3	5.4
TRINITY_DN1503_c1_g1_i1.p1	MIFFPKMAMAMTIFASIRQCRAVIPVASKSFTK Ribosome-binding ATPase YchF	K02865	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	11.062	7	2	9	2	2	410	44.5	5.19
TRINITY_DN2870_c1_g1_i1.p1	QFKRINNSNPIHYFVSSNGRIAFASLFPCLSNIMKf Glutaredoxin-C6	K06877	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	12.859	8	3	9	3	3	529	58.3	7.24
TRINITY_DN554_c1_g1_i1.p2	MKPSSLDPEKELMVKTKTLRQRIKESAYKKEVEE Tubulin-specific chaperone A	K17292	NA	.	15.454	28	2	9	2	2	112	13.2	5.22
TRINITY_DN332_c3_g2_i1.p1	MTNDSSSITTTKNNHDHEVQSHDSVSPVPTSPG Hypothetical	K13998	NA	.	6.087	12	1	9	1	1	109	12.2	5.36
TRINITY_DN1652_c0_g1_i2.p1	MMISYFSRKTFTAYLSTALLCSLSDVYVGVAVEWI Actin-binding protein IPP	K03262	NA	GO:0015629^cellular_component^actin cytos	9.547	7	2	9	0	1	436	46.8	4.79
TRINITY_DN1264_c0_g1_i16.p3	MKFFHPEHPYTHYTIQNRVLYTTVVQVCPVQY 40S ribosomal protein S28	K03231	NA	.	9.876	16	2	9	2	2	154	17.5	9.25
TRINITY_DN12092_c1_g1_i1.p1	MITSLTYRLEKMEHAPGFVAALDQSGGSTPKA Fructose-bisphosphate aldolase class 1	K01623	NA	GO:0004332^molecular_function^fructose-bi	12.222	13	3	9	2	3	303	33.8	5.77
TRINITY_DN2094_c0_g1_i3.p1	MSVLGIRRYITFINAVTMVMVIASSHGLRPHAKI Hypothetical	K18754	NA	.	11.155	5	2	9	0	2	527	58.9	7.37
TRINITY_DN894_c0_g1_i1.p1	MATKPLTTKTIVKRTKFKARHQADLFRKIARTSW 60S ribosomal protein L32	K02912	NA	GO:0005840^cellular_component^ribosome^	11.488	19	2	9	2	2	135	15.3	11.55
TRINITY_DN1932_c4_g1_i1.p1	MASWFGNFKASEALGLKSEISSAVQVSSKVQQS Hypothetical	K08678	NA	.	11.233	13	3	9	0	3	341	38.1	4.48
TRINITY_DN778_c0_g1_i3.p1	MVLFILYKANLEGIRTLRLAKDARFCDVKNPVSDF UPF0587 protein GA18326	K03178	NA	GO:0008270^molecular_function^zinc ion bir	13.053	21	2	9	2	2	184	20.4	4.7
TRINITY_DN8658_c0_g1_i1.p1	MLPTEPVIYVGLNAPANMQLKSVNSLTVSKSV FkbM domain	K11462	NA	.	7.163	7	2	8	0	2	406	45.8	7.5
TRINITY_DN2815_c1_g1_i2.p1	MGIYLSKLFETLGSKEVIRILGLDNAGKTTILYRLC ADP-ribosylation factor 1	K07942	NA	GO:0005794^cellular_component^Golgi appa	13.575	17	2	8	2	2	184	20.6	4.82
TRINITY_DN753_c0_g1_i6.p1	MDHLSFTENEDILAHDPDKQNEPKHDDCDHE Heme oxygenase 2	K21480	NA	GO:0005783^cellular_component^endoplasm	4.307	2	1	8	0	1	701	78.3	6.2
TRINITY_DN1142_c0_g1_i8.p1	MTVVLVGTKDELMGSGALFVLANLSISITERIVI Asparagine-tRNA ligase, cytoplasmic 1	K01893	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	14.29	6	3	8	0	3	764	83.9	5.99
TRINITY_DN28_c0_g1_i1.p2	MKSILYLLCLACSAQAFQVSSNQRLSPALQEKUL Pentapeptide repeat protein Rfr32	K23978	NA	GO:0030425^cellular_component^dendrite G	8.631	22	2	8	2	2	210	22	5.11
TRINITY_DN98_c1_g2_i10.p1	MNSQATNENNKNFQPPPPMRINRADANPTQQ Pre-mRNA-processing protein 40A	K12821	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol GC	13.373	5	3	8	3	3	871	97.2	8.18
TRINITY_DN718_c1_g1_i1.p1	MNLIKPPWLLIVSTLWCPTEIESFLPASPMVNRGCDI Uncharacterized methyltransferase At2g4104	K09291	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	16.45	13	3	8	3	3	406	45	5.35
TRINITY_DN2126_c0_g1_i2.p1	MNSLNRQRQQNLVATASAVQPSLQVGMAGA Mitochondrial substrate carrier family protei	K01834	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	20.149	17	4	8	1	4	302	32.1	9.61
TRINITY_DN7298_c1_g1_i4.p1	MPSFSFHRKTLAYLULSASANLDMYAFOSTLAR^ glycine-tRNA ligase	K10357	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	11.804	10	3	8	0	3	597	67.5	5.94
TRINITY_DN923_c2_g1_i1.p1	MPDLNAILTEVPEYLEKHASEIGVFAPGAKLTK Methythioribose kinase	K00899	NA	GO:0005524^molecular_function^ATP bindin	16.434	10	2	8	0	2	389	43.4	5.59
TRINITY_DN405_c1_g1_i2.p1	MIFSKAASFNQLYLRHLNSKLVSSMTRHRLSIN isomerase-like	K10426	NA	.	8.495	14	3	8	3	3	295	32	9.17
TRINITY_DN1211_c1_g1_i1.p1	MNRNTRVRRWRHMLNPNRALGESVYAKTCRFETJ Protein phosphatase PTC7 homolog	K17508	NA	GO:0046872^molecular_function^metal ion b	12.942	7	3	8	3	3	663	73.6	6.67
TRINITY_DN1472_c5_g1_i1.p1	MKTAFLLATVAASAFAATGSPVQHRTPFTFNQKS 50S ribosomal protein L10	K02864	NA	GO:0005840^cellular_component^ribosome^	13.935	30	3	8	3	3	221	23.3	9.83
TRINITY_DN1149_c1_g1_i3.p1	MKLAPPYSLSTTTTTLLCLLLSTFQTIQMFITATTT Aspartate aminotransferase	K15849	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	11.795	10	3	8	0	3	508	55.3	5.93
TRINITY_DN339_c2_g1_i4.p1	ILYATTMTKYVSAISLFTINAASAFAPNTMDLNTRL Bifunctional protein Thi/ThiG	K09838	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	13.117	4	2	8	0	2	822	88.8	4.82
TRINITY_DN3164_c0_g1_i1.p1	MKLRELSLLLKSSNATAFVSKTSVTTKGLKSSSLT domain	K07025	NA	.	17.443	10	3	8	0	3	616	69.1	5.22
TRINITY_DN1419_c1_g1_i1.p1	MKITIATSLFTLHLLYWDANAFSIPTKTARRTIPSTA Hypothetical	K17866	NA	.	9.561	11	2	8	0	1	288	31.9	5.44
TRINITY_DN2806_c1_g1_i1.p1	MRECISIHMGQAGIQTNGCWCELYCLEHGQIPDX Tubulin alpha-2 chain	K07374	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	15.042	6	2	8	0	1	451	49.8	5.1
TRINITY_DN1005_c0_g1_i2.p2	MPYEMITIRYIGTFLFVAVTCSLCCGFTPTKTGT Hypothetical	K01191	NA	.	12.499	8	2	8	0	2	277	30.3	9.07
TRINITY_DN873_c0_g1_i1.p1	MYKISLVYQLTKSRNVVFSHHRLFGFNKAPLS- Elongation factor Ts 2, mitochondrial	K18106	NA	GO:0005759^cellular_component^mitochonc	14.977	8	2	8	0	2	384	42.3	8.34

TRINITY_DN3907_c0_g1_i1.p1	MSLNQTCCWVGVGVIIGRGIARSLQAGATVIV chain dehydrogenase	K00311	NA	.	6.064	9	2	8	2	2	278	30.1	6.28
TRINITY_DN2316_c1_g1_i3.p2	MKVKSAAILLVISQSVNNGEAFSGLPTRASIGPRAV solute carrier protein 4 family	K02219	NA	.	8.046	4	3	8	0	3	579	62.2	9.69
TRINITY_DN386_c5_g1_i1.p2	MLTLCIAIVITFITMASSFSTPIVPIIDETSATLARV Thiopurine S-methyltransferase	K18422	NA	.	9.452	12	2	8	0	2	291	32.6	4.94
TRINITY_DN404_c1_g1_i3.p1	MLK5SLLRWITTTATTTTKRSNSASMQHAAQI Protein arginine methyltransferase NDUFAF7, K18164		NA	GO:0005739^cellular_component^mitochondr	12.236	7	3	8	0	3	682	75.8	5.72
TRINITY_DN106_c6_g1_i1.p1	MYLSSLKQKPVNIHWLLAAGVSLFKQCDPLG Xanthine phosphoribosyltransferase	K04040	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	9.72	6	2	8	2	2	785	86.6	5.06
TRINITY_DN1196_c0_g1_i12.p1	ADDVQCTHGATVSDLSSEELFYLRSGVDRITARA Protein ABC17, chloroplastic	K00248	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplast	10.278	8	2	8	0	2	201	22	4.86
TRINITY_DN2030_c0_g1_i2.p1	MNSSAISGLSRHRGASSLLFRQTVQVVSFTTKDC Hypothetical	K06632	NA	.	10.258	4	2	8	0	2	704	79.4	8.54
TRINITY_DN365_c5_g1_i1.p1	MLQNTNMLKAFSWSLFLCAAITSRSRTGGGGY Shikimate kinase	K00891	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	11.742	11	2	8	0	2	348	38	5.81
TRINITY_DN1562_c5_g1_i3.p1	MVRHFVKGWIKNSDEILKAAVMYKQKQWVA Cell division cycle 5-like protein	K12613	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	10.889	4	3	8	0	3	866	97.6	6.76
TRINITY_DN6602_c0_g1_i2.p1	MTSTKISDSSIGGGSGGASSAMSPKKGASSAI Alpha-centractin	K16575	NA	GO:0005813^cellular_component^centrosom	15.102	12	3	8	0	3	497	52.6	7.4
TRINITY_DN2297_c1_g1_i1.p1	MKFINLALLVTAAASALKADSQEQGHLLSNARALEI Hypothetical	K09458	NA	.	13.228	8	2	8	2	2	366	40.3	4.78
TRINITY_DN3670_c0_g1_i1.p1	MYSLCKMSTLCRTVANINLKLGYRSPMKRELRSFS E3 ubiquitin-protein ligase HERC2	K11273	NA	GO:0005814^cellular_component^centriole	11.259	8	3	8	1	3	455	48.8	5.35
TRINITY_DN434_c0_g1_i7.p2	MADSSNLYTLFESAAGYALVEVVSMEIISPGTASN Nuclear protein 56	K14564	NA	.	16.456	10	3	8	3	3	527	57.9	9.07
TRINITY_DN637_c10_g1_i6.p2	MLYRFAQILSQEKRCMRSSSSWNRRSLSSCLFC Heat shock protein 75 kDa, mitochondrial	K09488	NA	GO:0005509^molecular_function^calcium ion	11.738	7	3	8	0	3	737	83.5	5.47
TRINITY_DN1089_c0_g1_i2.p1	MMVQEEIPQVNSINTDPRFPNVESYIEKFAGKKAf Acetyl-CoA carboxylase	K11262	NA	GO:0005789^cellular_component^endoplasm	11.856	5	4	8	0	4	1570	174.6	5.1
TRINITY_DN2738_c1_g1_i1.p1	MSSSLVFTPLSIFLISLFLSLQGIIITGRMKRRETG 40S ribosomal protein S8-B	K02995	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	16.133	14	2	8	0	2	223	25.2	10.43
TRINITY_DN7982_c0_g1_i2.p2	MKGKTKSTKNTKAEIAASSVNPTSANATSEAPA UDP-sugar pyrophosphorylase	K12447	NA	.	5.194	5	3	8	0	3	759	82.4	5.91
TRINITY_DN359_c11_g1_i2.p1	MINRHSYYLAIPSLVIALTRSEVHSTPTLATATPS Pentatricopeptide repeat-containing protein 1	K02093	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplast	9.322	5	2	8	0	2	666	74.1	8.32
TRINITY_DN81_c14_g1_i1.p1	MWISICLLSCLFLMESNGFTFPVTRQVSKDVQA Hypothetical	K03251	NA	.	17.243	12	2	8	2	2	306	34.8	7.12
TRINITY_DN278_c0_g1_i4.p1	QEQQHYKYQALPHHHHHHHHHHHYPTMPNA E3 SUMO-protein ligase MMS21	K22756	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	9.166	7	2	8	0	2	324	37.6	6.34
TRINITY_DN3060_c1_g1_i1.p1	MLDRALICLYFLSSPTLSFSSESSHPLNHFRRA D-2-hydroxyacid dehydrogenase	K08860	NA	GO:0031406^molecular_function^carboxylic acid	10.4	6	2	8	2	2	418	46.2	6.3
TRINITY_DN898_c3_g1_i2.p1	MGLWARYNKLEAQPILLKACTSLIGTAGDVLAC Protein SYM1	K13348	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	7.018	12	2	8	2	2	187	21.1	8.09
TRINITY_DN890_c2_g1_i2.p2	MMQHILLRTICILCLAISDALIFASISNSKVDOPYf Heme-binding-like protein At3g10130, chloroplast	K02978	NA	GO:0016021^cellular_component^integral component	7.492	10	3	8	0	3	439	48.9	8.31
TRINITY_DN1305_c0_g1_i3.p1	MPICCDNQSLAKTEFSKNLQRKDPNSRRCACVf ATP-dependent zinc metalloprotease FTSH 1, K13024		NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	15.147	3	3	8	3	3	1471	166	5.43
TRINITY_DN1865_c0_g1_i1.p1	MSKSAKTKPTNNTEEEVLVLDQVTDGDIILKQLDf Probable signal peptidase complex subunit 2	K12947	NA	GO:0005783^cellular_component^endoplasm	12.209	16	2	8	1	1	226	25.8	5.38
TRINITY_DN2410_c1_g1_i1.p1	MSGKSGAPKRNEKMIIEFKASCPMHRHKOLEY Hypothetical	K00658	NA	.	18.202	7	3	8	0	3	887	91.8	8.07
TRINITY_DN132_c1_g2_i2.p1	MRSSYLVLVSLVMVKTSNSAFFLPDFSSSTTTI NADP-specific glutamate dehydrogenase	K00262	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	13.039	9	3	8	0	3	572	62.8	7.9
TRINITY_DN756_c1_g1_i1.p1	MNNQGETTQPQAQIQIPTFPVAPLSSQQSHAIQ Phototropin-1	K08568	NA	GO:0009986^cellular_component^cell surface	11.715	7	2	8	2	2	449	49.2	5.25
TRINITY_DN568_c4_g1_i1.p1	SAFQFVSHIHIIYSFIHNQRTMTFLFISNVIIGTLf PsbP domain-containing protein 3, chloroplast	K08874	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplast	11.882	10	2	8	2	2	340	37.5	7.01
TRINITY_DN1570_c1_g1_i1.p1	HLIQRVTTADRRDICTEYTYPTIHIYSVPPGEVSSf Syntaxin-71	K08022	NA	GO:0012505^cellular_component^endomem	12.287	5	2	8	2	2	367	41.3	5.67
TRINITY_DN339_c0_g1_i4.p1	MEITNSCKVASLTHLVILFFSFHYALAFVPSKRYf Kynurenine 3-monooxygenase	K09838	NA	GO:0016021^cellular_component^integral component	16.098	8	3	8	0	3	579	64.7	8.1
TRINITY_DN950_c0_g1_i11.p1	TKIEFQRNCELEKPAHVMTMMSTTNKTAVKAYf 4-diphosphocytidyl-2-C-methyl-D-erythritol kinase	K00919	NA	GO:0016021^cellular_component^integral component	13.448	9	2	8	0	2	1058	119.2	5.15
TRINITY_DN1496_c0_g1_i1.p1	MNINEILPTEAKSQASFAAYKERHAESADTSKYWf Acetyl-coenzyme A synthetase	K01895	NA	GO:0003987^molecular_function^acetate-Co	17.464	3	3	8	3	3	653	72.5	6.57
TRINITY_DN1773_c1_g1_i1.p1	MTKNGEQKQALSEKSHYAQKFPILSFPANVYGIKf SAM50-like protein SPAC17C9.06	K17972	NA	GO:0016021^cellular_component^integral component	5.865	8	2	8	2	2	579	61.9	7.3
TRINITY_DN3456_c0_g1_i3.p1	MVFSFLTQLQEQLDFYFLSILVLISLQKQSVSTTLf Fucoxanthin-chlorophyll a-c binding protein F. K00326		NA	GO:0009535^cellular_component^chloroplast	9.0326	6	1	8	0	1	219	24.1	5.03
TRINITY_DN108_c2_g1_i3.p1	MTSTSLPIPLNYPSPQAEISFKDILALRSHPELARf SWI/SNF complex subunit SMARCC2	K11649	NA	GO:0071565^cellular_component^nBAF complex	12.121	4	3	8	0	3	1330	145.7	5.17
TRINITY_DN7853_c1_g1_i1.p1	MLNLAISYMITLLFCFGNVSFVVKSTPLGQSRLf Hypothetical	K00831	NA	.	7.853	26	2	8	2	2	151	16.7	5.91
TRINITY_DN1329_c2_g1_i2.p1	NRVKVVLYLLTSLQVCNKKRKRSLFHPf Mitogen-activated protein kinase kinase kinase	K01948	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	9.062	7	3	8	3	3	503	58.6	8.73
TRINITY_DN44_c7_g1_i1.p1	LTKLSSGRTRISTGITSSSGGGGGITRDVVSSSf family	K15333	NA	.	14.332	13	3	8	3	3	387	41.9	5.68
TRINITY_DN5_c3_g1_i3.p1	MSSIHGKPDGEMCCCLCTMEDITMESGNYVEYQVf Hypothetical	K14312	NA	.	15.768	36	3	8	0	3	149	17.3	4.81
TRINITY_DN586_c1_g1_i1.p1	MRISWTSIPTWLFSTWSPISFSDQEAEGQHDf ER membrane protein complex subunit 1	K19306	NA	GO:0072546^cellular_component^ER membrane	10.363	4	3	8	0	3	1096	120.1	6.47
TRINITY_DN2865_c0_g1_i3.p1	MFKIRKSQYRHVFCNDPKPELCHTGMPPLSTVTDGf Coronin-6	K13886	NA	.	10.722	9	2	8	0	2	448	50	6.76
TRINITY_DN876_c1_g1_i3.p2	MGAHVGVYLYKAGLSAVSYLGSSYLATGESAEFLf Aurora kinase A-A	K08850	NA	GO:0005813^cellular_component^centrosome	10.789	14	2	8	2	2	275	30.7	9.13
TRINITY_DN3591_c0_g1_i3.p1	MKILLVGLSSLLSFAQNKCCSFAFAPVIISTKSSCf Carboxyl-terminal-processing protease	K03403	NA	GO:0030288^cellular_component^outer membrane	9.045	9	2	8	0	2	505	54.5	7.58
TRINITY_DN367_c12_g1_i2.p1	MKQASSTDNDPSIANMQQDDSTLTAPPDEDFf Protein TRAUICO	K14964	NA	GO:0005634^cellular_component^nucleolus^GC	3.992	6	2	8	0	2	649	70.3	6.28
TRINITY_DN74_c3_g1_i2.p1	MSAAGHHYEVEESGIFRHEPPLPTPKNGQEFLEFf DNA-directed RNA polymerases I and III subunit	K03027	NA	GO:0005736^cellular_component^RNA polymer	12.264	8	3	8	0	3	413	46.5	5.71
TRINITY_DN98_c24_g1_i2.p1	MGQVIRMMNYDRAGNMAVASVTKLSLNDKLVf I intermediate-associated protein 30 (CIA30)	K05542	NA	.	11.801	14	2	8	2	2	204	22.3	7.4
TRINITY_DN119_c0_g1_i1.p1	CQLYHLTSLMLKVKRNKYQIKRKHKLYAEMIf Periodic tryptophan protein 2 homolog	K14558	NA	GO:0005769^cellular_component^early endosome	6.351	2	2	8	0	2	1699	188.5	7.56
TRINITY_DN1604_c1_g1_i1.p2	MPRFDLAFLLCCKACKLGSPPDNNNDSSSFYTIf DnaJ homolog subfamily B member 4	K17609	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	3.459	2	1	8	0	1	674	75.6	4.77
TRINITY_DN1986_c0_g1_i1.p1	MGGSKFVPPPTFTSNTSAGDQALTSVGRCRIFf Histidine biosynthesis bifunctional protein his K14152		NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	10.337	5	3	8	0	3	475	52.2	5.92
TRINITY_DN4756_c0_g1_i3.p1	MTSLNALWTFIQLVLYSSMTNFASSHALYTKNFf Protein tyrosine hydroxymethyltransferase 3, chloroplast	K00600	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplast	13.575	9	3	8	0	3	548	59.8	7.21
TRINITY_DN4305_c0_g1_i4.p2	MLSIAILLSSLLSSHGULTNPATNTVSGKPLVNLKf 2-dehydro-3-deoxy-D-gluconate 5-dehydrogenase	K02716	NA	GO:0102131^molecular_function^3-oxo-glutarate	9.065	12	3	8	3	3	243	27.3	5.59
TRINITY_DN2628_c0_g1_i4.p1	PDSLRRTGFGSMTDQDATHFLNSDTPQAEPSSQNIf Serine/arginine-rich splicing factor RS40	K12893	NA	GO:0016607^cellular_component^nuclear speck	8.32	9	2	8	0	2	407	47.7	8.84
TRINITY_DN2504_c0_g1_i2.p2	MDVQKLVAVIGDEDVTYGLLAGVGHRTADSNFf V-type proton ATPase subunit F	K02151	NA	.	14.246	59	4	8	4	4	115	12.9	4.91
TRINITY_DN1540_c0_g1_i1.p1	MKTSVLVLTSFATASASAKPVMVSDGVSPRRf Photosystem II lipoprotein Psb27	K08902	NA	GO:0030096^cellular_component^plasma membrane	6.768	11	2	8	2	2	182	20.3	9.63
TRINITY_DN20892_c0_g1_i1.p3	GLFGALLVLLGSWAAEELYSVESHGQAVVIEVDf Cytochrome c-552	K08738	NA	.	10.245	28	2	8	2	2	156	16.8	4.31
TRINITY_DN244_c1_g1_i1.p1	MIRLAYSLLTSSRSRPHAFCTAAFSSARISCSPTVf GTP:AMP phosphotransferase AK3, mitochondrion	K00944	NA	GO:0005758^cellular_component^mitochondrion	19.145	8	1	8	0	1	272	30.3	7.12
TRINITY_DN47_c1_g2_i2.p2	MRRLLAVLITSSCLVQSFLSLETNIVIVGSGGLCf Peroxyureidoacylate/ureidoacylate amido hydrolase	K14832	NA	.	11.558	10	3	8	3	3	344	38.9	5.44
TRINITY_DN1827_c0_g1_i3.p1	MSLTRQQQDQNTQESYNNHEEEEGEEMECf Vacuolar protein sorting-associated protein 5	K17600	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	13.939	3	3	8	0	3	1401	154.4	4.97
TRINITY_DN235_c4_g2_i2.p1	MKLSKALTVTWGTSSLGHYSYSPRMQLNDESCf UDP-sugar pyrophosphorylase 1	K12447	NA	GO:0051748^molecular_function^UTP-monophosphate	18.013	7	3	8	1	3	739	80.9	5.29
TRINITY_DN2038_c2_g1_i3.p1	MIISSLSRMLNRQAQCAIVKSLRCLATESLKVSSf Succinate dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur	K00235	NA	GO:0005743^cellular_component^mitochondrion	9.85	8	2	8	0	2	284	32.3	8.15
TRINITY_DN2821_c0_g1_i4.p1	MSGMIHLSKEFFELKAIAGESKQEDRIQRIATI AP-4 complex subunit epsilon	K12400	NA	GO:00301124^cellular_component^AP-4 adaptor	3.405	1	2	8	1	2	1051	114.6	5.67
TRINITY_DN513_c0_g1_i1.p1	MIRKLKISNAFLCSVIVAVHTAFITINVRRFRSLf Protein of unknown function (DUF4336)	K13412	NA	.	12.067	11	3	8	1	3	489	54.3	8.02
TRINITY_DN5828_c0_g1_i2.p1	VFEDSTVKTIKVEKFGPAIKTSDLAIVYKSLSENGFIf CD2-inducible proteins B/c beta carboxylic anhydride	K03321	NA	.	10.333	12	1	8	0	1	215	22.7	5.59
TRINITY_DN1412_c0_g1_i7.p1	LREVLKHNTVEKVMIEIDEMVNVSRFELPDWNf Polyamine aminopropyltransferase 1	K03678	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	7.949	7	3	8	1	3	456	52.2	4.59
TRINITY_DN2801_c0_g1_i1.p1	MLRSPSFAALAIASFVLCNSNETASCLAYSLPYTI Calmodulin, flagellar	K09498	NA	GO:0031514^cellular_component^motile cilium	4.739	4	2	8	0	2	658	72.7	5.12
TRINITY_DN1496_c2_g1_i1.p2	MMSSEROITMEVAKHKNQDDCWLIGNDKTf Cytochrome b5 isoform A	K23490	NA	.	15.917	35	3	8	0	3	132	14.3	4.87

TRINITY_DN28618_c0_g1_i1.p1	MAKTPDMDATLTKMEMGAFVDSKAMEDAFKTT Phasin protein	K02731	NA	.	.	17.719	26	2	8	1	1	149	15.6	5.4
TRINITY_DN1945_c1_g1_i4.p1	MKFSIAAMTSLMFAIASHSYASAFAPITITQYKHSNHI Acetolactate synthase, mitochondrial	K01652	NA	GO:0005948	cellular_component*acetolacta	13.66	6	3	8	0	3	808	88.1	5.91
TRINITY_DN1752_c0_g1_i2.p1	MMLVSNTPFAVILLTLLFTSSCLLVGMSNAAFHN Probable zinc metalloprotease EGY2, chloropl	K02868	NA	GO:0031969	cellular_component*chloroplas	8.557	7	3	8	0	3	750	83.1	5.87
TRINITY_DN156_c0_g1_i15.p1	MAAEI8RLTELKESKEDDVSQVRAVPRNENNR Ubiquitin-conjugating enzyme E2 27	K06580	NA	GO:0005887	cellular_component*histidinol-g	15.701	10	2	8	0	2	193	21.4	5.02
TRINITY_DN804_c4_g1_i1.p1	MVQVSEQLIWEVVNKNKCLKVNKGRTRKSGTV 60S ribosomal protein L28-1	K02903	NA	GO:0005618	cellular_component*cell wall G	4.451	15	2	8	2	2	147	16.4	10.33
TRINITY_DN42_c2_g1_i5.p1	MKIIPLLIAVAFKASSHFVPSHVSNKQCVHHTK Dapdiamide synthesis protein DdaC	K12399	NA	.	.	11.575	11	3	8	3	3	470	52.8	8.41
TRINITY_DN2968_c0_g1_i2.p1	MSPKDEEKAVKITVESTDPKEKPTGAKNSQDIK 26S proteasome non-ATPase regulatory subu	K03028	NA	GO:0005634	cellular_component*nucleus G	19.122	7	3	8	3	3	931	102.2	4.92
TRINITY_DN3081_c0_g1_i4.p1	MSTCDPKIDLNEKQDGEILVLSYFPPRTAEAGV Probable methy	K00297	NA	GO:0005829	cellular_component*cytosol GC	4.234	4	2	8	0	2	411	45.3	5.07
TRINITY_DN63_c3_g1_i1.p1	MSATDESSNKTKSGIAAALARPNLALDQPYRCARI Histidinol-phosphate aminotransferase	K00817	NA	GO:0004400	molecular_function*histidinol-c	16.058	10	4	8	0	4	380	42.2	5.26
TRINITY_DN1748_c1_g1_i2.p1	MFTKHSLSAIRSTLSSLNKRALRGNAPMTRTLFF L-threonine dehydratase catabolic TdcB	K01754	NA	GO:0004794	molecular_function*L-threonin	12.888	11	4	8	0	4	492	52.4	7.81
TRINITY_DN2027_c0_g1_i3.p1	MKYPLVASALLQATQNTAFAPSSILRPVQSLTQ Inner membrane protein ALBINO3, chloroplas	K03217	NA	GO:0009507	cellular_component*chloroplas	14.998	14	3	8	0	3	404	43.8	5.31
TRINITY_DN968_c1_g1_i6.p1	MSENIKTDKSTAIASVYLQAGPPSDTNPSSKEQ Probable valine-tRNA ligase, cytoplasmic	K01873	NA	GO:0005737	cellular_component*cytoplasm	12.858	4	3	7	0	3	1092	123.5	6.23
TRINITY_DN1472_c2_g1_i2.p1	MASINKLSVRGIRAFSPDEEQIITCFPLTIIVGAN Aldehyde dehydrogenase family 3 member H	K10866	NA	GO:0000794	cellular_component*condensec	9.678	3	3	7	3	3	1402	160.9	5.85
TRINITY_DN1732_c0_g1_i2.p1	MAKFSKSTLILLSLKLKTKASSFVNTKIQHTFTSC Anthranilate synthase	K00831	NA	GO:0004049	molecular_function*anthranilat	6.034	4	3	7	0	3	897	98.5	5.49
TRINITY_DN158_c2_g1_i3.p2	MLDSVGFIGAGMMASALMDGLIAKTIIDPSSITC Pyrroline-5-carboxylate reductase	K00286	NA	.	.	17.175	14	3	7	2	3	290	29.9	5.77
TRINITY_DN2757_c0_g1_i1.p1	MNFFLSVPLVLFQINDVLDAFVSISKSHVPSRI Hypothetical	K02973	NA	.	.	12.142	12	2	7	2	2	376	42.5	4.36
TRINITY_DN24083_c0_g1_i1.p1	MSVEQRYFSTLILLCIGQACFCASNLGVAIYSS Protein of unknown function (DUF4336)	K00600	NA	.	.	9.205	6	2	7	2	2	539	60.2	8.05
TRINITY_DN2541_c0_g1_i2.p1	MIFMFKPVWVPIUSLTIKTDFAFLTKPAFKVPRKSQE Translation factor GUF1 homolog, mitochond	K03596	NA	GO:0005743	cellular_component*mitochonc	9.951	5	3	7	0	3	718	79	5.54
TRINITY_DN2983_c0_g1_i2.p1	MTTQQSNTCLAGRALTFLLSACLWQSTQAFYIPG Transmembrane 9 superfamily member 7	K17086	NA	GO:0005737	cellular_component*cytoplasm	21.263	10	3	7	3	3	678	76.9	8.41
TRINITY_DN4219_c1_g1_i2.p1	MRYLAASVYSPLAVSSFNVDVPRFGHTSVITDIYD Hypothetical	K14682	NA	.	.	14.308	13	3	7	0	3	496	53.6	4.55
TRINITY_DN395_c1_g1_i2.p1	MKLHISAIFLSMFGSVLAFNLSPQTCRGMNSRL 20 kDa chaperonin, chloroplasmic	K04078	NA	GO:0048046	cellular_component*apoplast C	15.121	24	3	7	0	2	346	26.8	6.81
TRINITY_DN593_c3_g1_i1.p1	PATHDDEQHTQNKNYCATTKNQETGKQTNRTL Nifu-like protein 4, mitochondrial	K22074	NA	GO:0005739	cellular_component*mitochonc	9.988	10	2	7	2	2	258	39.6	6.06
TRINITY_DN702_c0_g1_i2.p1	MASTLLVNTAEAEELRLVHFLGDHDATSPFLSCE Eukaryotic translation initiation factor 3 subu	K15030	NA	GO:0016282	cellular_component*eukaryotic	9.377	10	2	7	1	2	440	49	5.38
TRINITY_DN9233_c0_g1_i1.p5	MKNPLAVKISIPYARALYDFSVENQMLHQITADL ATP synthase subunit alpha, chloroplasmic	K02111	NA	GO:0009535	cellular_component*chloroplas	5.908	12	3	7	3	3	187	21.5	9.33
TRINITY_DN2044_c0_g1_i1.p1	MIKDKNLVLYVYVATFTASQITATSSSFPLT family	K02947	NA	.	.	11.053	11	3	7	0	3	452	50.6	9.6
TRINITY_DN1869_c5_g1_i1.p1	MQRIFIVAARTRPFGSFGSSKLNLSADLATVATT 3-ketoado-CoA thiolase, mitochondrial	K07508	NA	GO:0005739	cellular_component*mitochonc	14.7	14	3	7	0	3	395	41.1	6.61
TRINITY_DN1719_c2_g1_i1.p1	MSSFIQKISWNASRATSSLLAQAKHVTKPLFFS Trifunctional enzyme subunit beta, mitochonc	K00509	NA	GO:0005783	cellular_component*endoplasr	19.237	10	2	7	0	2	473	50.8	8.44
TRINITY_DN942_c2_g1_i1.p1	MDDMNVTKMKVSELREALAKRGLPTDGLKADLV Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein U-I	K07058	NA	GO:0036464	cellular_component*mitocytolmi	17.718	27	3	7	0	3	250	27.3	8.84
TRINITY_DN366_c1_g1_i1.p1	GGFGGGRRTRRPVAGDLDLFDLEIKTAVFVG Chaperone protein DnaJ	K03686	NA	GO:0005737	cellular_component*cytoplasm	11.418	22	3	7	3	3	267	28.8	8.57
TRINITY_DN168_c3_g1_i3.p1	MTNLTSEALAKAIQAMTDTENPSLFDVTHICTDI Hypothetical	K12599	NA	.	.	12.328	10	3	7	1	3	557	60.6	5.91
TRINITY_DN4142_c0_g1_i3.p1	MVVLASIASLAQNGTKPLVSRQFIEMPRLRVEGLLA Coatomer subunit delta	K11251	NA	GO:0030126	cellular_component*COPI vesicl	5.508	4	2	7	0	2	548	59.1	5.44
TRINITY_DN112_c2_g1_i4.p2	MPHILPRFTMISGRPLVSLVLLQLRLTSSGSKG Vacuolar-sorting receptor 1	K04498	NA	.	.	8.021	7	3	7	0	3	548	60.1	5.76
TRINITY_DN487_c2_g1_i6.p2	MTDYRRRSRSDRESRPVRSFPTVGAAGVAN Phosphoglucomutase, cytoplasmic	K01835	NA	GO:0005737	cellular_component*cytoplasm	10.138	11	2	7	0	2	387	42.4	7.64
TRINITY_DN704_c5_g1_i1.p1	MSEHLDTFATVSNEDPTPHHGINTPVNIATISSI Hypothetical	K21766	NA	.	.	15.36	28	2	7	2	2	147	16.1	5.29
TRINITY_DN1236_c1_g1_i1.p1	MIIORVLTALLPLVAGISFPVSTDVNTAPLCHDTY Hypothetical	K19476	NA	.	.	12.929	18	3	7	3	3	324	35.6	9.7
TRINITY_DN3079_c0_g1_i5.p1	MQSSSGPELGRSNI VLEKITSKTDVSNRRTKIVCTL Pyruvate kinase, cytosolic isozyme	K00873	NA	GO:0005737	cellular_component*cytoplasm	6.725	5	2	7	0	1	544	58.6	5.69
TRINITY_DN3079_c0_g1_i8.p1	IGERKNMDLPGVVLDLPTLEKDIDDVNFNGKHN Pyruvate kinase	K00873	NA	GO:0005524	molecular_function*ATP bindin	8.487	11	2	7	0	3	328	35.3	6.25
TRINITY_DN27653_c0_g1_i1.p1	ADNTPPSLNKRVRLPIVVVVALIUGSSFTVTIPS Prohibitin-2	K08515	NA	GO:0005743	cellular_component*mitochonc	11.703	15	3	7	3	3	277	31.4	5
TRINITY_DN3275_c0_g1_i2.p1	MVLVLTGGNGDVGIEACKQLATKPEVTKVITCRS YlmG homolog protein 2, chloroplasmic	K01062	NA	.	.	8.352	10	3	7	0	3	334	36.5	7.5
TRINITY_DN807_c7_g2_i1.p1	NTCIGPYDKEAMTLFDYRTDHFDDDDDDDKNENI Lycopene beta cyclase, chloroplasmic/chromo	K06443	NA	GO:0009507	cellular_component*chloroplas	9.964	8	3	7	3	3	340	38.2	5.52
TRINITY_DN1346_c0_g1_i4.p1	MKVNYPIATIFSIAGOSTFTVLPSTSSSSSTTTAT 1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferas	K00655	NA	GO:0031969	cellular_component*chloroplas	11.409	10	3	7	0	3	391	43	9.73
TRINITY_DN169_c2_g1_i9.p2	MSEQDKITLISNDGQRFEVPLAVARMSAVIAGQIE E3 ubiquitin ligase complex SCF subunit scon-	K03094	NA	.	.	16.11	30	3	7	3	3	185	20.8	4.48
TRINITY_DN593_c2_g1_i2.p1	MVLFLYMLTLTAVANAFLANPSHRVNVSSCRS 2,3-bisphosphoglycerate-dependent phospho	K01834	NA	GO:0046538	molecular_function*2,3-bispho	6.373	5	2	7	0	2	313	35.5	7.58
TRINITY_DN5126_c0_g1_i1.p1	MTNFPPGKVLMLMDGVLAEVSKYRASILATCHE Imidazoleglycerol-phosphate dehydratase	K13412	NA	GO:0004424	molecular_function*imidazoleg	15.105	26	3	7	1	1	252	27.8	5.05
TRINITY_DN2002_c0_g1_i5.p1	MSYEQQATVNSDGSITFESEAAASPDSEFQNDN translocase subunit Sec66	K00284	NA	.	.	11.615	15	3	7	0	3	324	36.1	5.05
TRINITY_DN2236_c0_g1_i4.p1	EIVLRISASSNSKVIYFHYSKTAESIESNMITSLVEV Putative lipase YOR059C	K02636	NA	.	.	4.082	5	2	7	0	2	636	70.6	6.19
TRINITY_DN1020_c0_g3_i1.p1	MNSIISKTLFLFLVNNCCNHALFLTPQSFVSVK Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	K01736	NA	GO:0005737	cellular_component*cytoplasm	14.349	21	2	7	2	1	158	17.1	8.7
TRINITY_DN59_c6_g1_i1.p1	MKSLFIVSLAVLVAFAAPMPRAAISTTASMP. Hypothetical	K00428	NA	.	.	3.684	6	1	7	1	1	135	14.2	7.97
TRINITY_DN1608_c0_g1_i1.p1	MKIATLFLASSTAAFAAQHTRSFNALNMKVDI Fucoxanthin-chlorophyll a-c binding protein C	K03439	NA	GO:0009535	cellular_component*chloroplas	14.715	34	3	7	3	3	205	22	7.5
TRINITY_DN69_c0_g1_i1.p1	MTDSTHQNSSTQTPTIGGVAFHAGISSSTTAPNI Uncharacterized RNA-binding protein C328.0	K06961	NA	GO:0005737	cellular_component*cytoplasm	9.863	6	2	7	0	2	515	56.6	9.86
TRINITY_DN283_c1_g2_i4.p2	MKLPILLSFTFTWTQTCHALVVPVSPVTHKGKFI CO2-inducible proteins B/C beta carbonyic an	K08081	NA	.	.	12.19	6	1	7	1	1	231	25.8	5.92
TRINITY_DN2077_c0_g1_i2.p1	MRPLHSAVVALPLCSAASFSSTLQNRGALQT Protoporphorphyllide reductase, chloroplasmic	K00218	NA	GO:0009507	cellular_component*chloroplas	9.025	11	3	7	0	3	431	46.8	9.29
TRINITY_DN2466_c0_g1_i1.p1	MSGIGHQKNVSAASSARRRKLKRVSLFVIVTCALC PspB domain-containing protein 2, chloroplas	K17497	NA	.	.	7.999	5	2	7	0	2	466	52.4	7.05
TRINITY_DN3381_c0_g1_i1.p2	LKLEGEVRSIMFVIVSKRIINQTHMMATVIFITTVI zinc-binding	K15175	NA	.	.	8.253	14	2	7	2	2	214	23.7	6.19
TRINITY_DN139_c5_g1_i1.p1	MSSTESSQAKIEVLRPPSHWGDGKVFVPV Putative quercetin 2,3-dioxygenase PA2418	K08081	NA	GO:0046872	molecular_function*metal ion b	9.948	10	2	7	1	2	332	37	6.34
TRINITY_DN5126_c0_g1_i2.p1	MTNFPPGKVLMLMDGVLAEVSKYRASILATCHE Imidazoleglycerol-phosphate dehydratase	K13412	NA	GO:0004424	molecular_function*imidazoleg	13.792	26	3	7	1	1	252	27.8	5.11
TRINITY_DN1761_c2_g1_i1.p1	MVNLFRTRLVLTVCPLLECAWSSSSNPQKNNN Hypothetical	K10409	NA	.	.	9.24	13	3	7	1	1	234	25.8	8.16
TRINITY_DN3066_c0_g1_i1.p1	MISLRLRHSFFFAFKLRIYSLKHKLLLSIHLPSLL 5-oxoprolinase	K01469	NA	GO:0005829	cellular_component*cytosol GC	7.651	4	3	7	3	3	1409	154.2	6.29
TRINITY_DN992_c2_g1_i4.p1	MKFAFTFSPFLFASASAFITSPQTGTQRSIISNS Uroporphyrinogen decarboxylase	K01599	NA	GO:0005737	cellular_component*cytoplasm	18.346	12	3	7	0	3	412	45.6	5.76
TRINITY_DN1775_c1_g1_i4.p2	ILTFSGSSMFQIQWAFSPITTTTTTTTTTTTTTRR Dynein 1-beta heavy chain, flagellar inner arm	K22736	NA	GO:0005930	cellular_component*axoneme t	12.876	11	3	7	3	3	415	45.8	4.87
TRINITY_DN1627_c0_g1_i1.p1	FVPLPHSFIGITFLPSHHKCKSCTLLVPCYKRFLLIQ (c)-soclaurine N-methyltransferase	K03798	NA	GO:0005737	cellular_component*cytoplasm	9.194	7	3	7	1	3	459	52.8	7.88
TRINITY_DN8376_c0_g2_i1.p3	LGGGGCELSRNRCTPAWVAERDSVSKKKKKKFI Uncharacterized protein ycf39	K12586	NA	GO:0009507	cellular_component*chloroplas	6.764	10	3	7	3	3	215	23.7	9.86
TRINITY_DN99_c1_g1_i1.p1	MKTCRLSPFLALVAASSAFVPIQTNNKVTYVSR Hypothetical	K15032	NA	.	.	7.219	11	2	7	0	2	184	20.4	5.78
TRINITY_DN9252_c0_g1_i2.p1	MHRPTSSSRQTHHNGNKNKTDVFAFFSFKTKQRL Hypothetical	K01897	NA	.	.	6.124	8	2	7	2	2	446	49.5	9.04
TRINITY_DN1761_c2_g1_i2.p1	MVNLFRTRLVLTVCPLLECAWSSSSNPQKNNN Hypothetical	K10409	NA	.	.	9.211	13	3	7	1	1	240	26.4	8.16
TRINITY_DN888_c0_g1_i3.p2	MNTLISRYSLKHSLSKSTIISRCLSLKGDNCCSH 2Fe-2S ferredoxin	K22071	NA	.	.	7.841	21	2	7	0	2	182	20.2	6.27
TRINITY_DN3382_c0_g1_i2.p2	MSASVNLTKKPIVPLFGTAAATKLFKSGSKVSSAPR Glutamine-dependent NAD(+) synthetase	K01950	NA	GO:0005737	cellular_component*cytoplasm	14.479	10	2	7	2	2	175	19	4.15

TRINITY_DN850_c0_g1_i6.p1	MKHIIYHIEKNDKNEKTKRKHMSSIRKNKVTSLU UPF0187 protein At3g61320, chloroplastic	K08994	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	10.649	6	3	7	0	3	549	62.6	6
TRINITY_DN67_c2_g1_i1.p1	MGGLSKPTTPPPPTVPPQCTEKFMGTVWVIGV Temperature-induced lipocalin-1	K13354	NA	GO:0009941^cellular_component^chloroplas	9.442	14	3	7	1	1	194	22.5	8.06
TRINITY_DN1047_c0_g1_i3.p1	MAQEIPEFKLILVGGDGGVGTTFVKRHLTFGEFEK^ GTP-binding nuclear protein Ran	K07936	NA	GO:0005634^cellular_component^nucleus^G	13.808	20	3	7	2	3	214	24.6	6.8
TRINITY_DN992_c2_g1_i4.p2	MVSIQTSVLAVLVMATSTAAWTSFSSNGLQTRU Uroporphyrinogen decarboxylase	K01599	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	20.38	23	3	7	0	3	229	24.3	10.15
TRINITY_DN3035_c0_g1_i5.p1	MADKYEAMRRLSQNPCKGPGSGGGRGSGAA Prohibitin-1, mitochondrial	K17081	NA	GO:0005743^cellular_component^mitochondr	19.195	9	2	7	1	2	316	34.9	9.63
TRINITY_DN2170_c0_g1_i2.p1	NSQHHRSKTEHIFHICSSINKNTMYSRICHQSIF Hypothetical	K15032	NA	.	23.245	13	2	7	0	2	326	38.7	6.15
TRINITY_DN1531_c1_g1_i3.p1	QYLTIHKTVPSNVCNTKYFIDFLVLIYQSKNKH Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	K01802	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	7.615	12	2	7	1	1	219	24	8.46
TRINITY_DN2210_c0_g1_i4.p1	GGVRRKSRRRKFTPKGVVNTNLLQYMCCTIKLP Aspartate-tRNA ligase, cytoplasmic	K22503	NA	GO:0017101^cellular_component^aminoacyl	11.289	6	3	7	3	3	668	75.4	7.87
TRINITY_DN1268_c0_g1_i11.p3	MAPKGVNEKKQGMELKAANKAKKDAVAAEQ Coiled-coil domain-containing protein 124	K12385	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	9.116	21	3	7	2	3	271	29.9	9.52
TRINITY_DN3045_c0_g1_i1.p1	GDEAKANALLTRGREALLEDGGVVENQDGEEDG Hypothetical	K00797	NA	.	6.949	38	3	7	0	2	120	12.4	5.33
TRINITY_DN1602_c0_g1_i3.p1	RPLPDISSSQNTTTINDNNGQQQQQQQQQ Putative serine protease HhoA	K14290	NA	GO:0030288^cellular_component^outer men	7.797	7	3	7	0	3	665	73	5.5
TRINITY_DN825_c0_g1_i1.p2	MPHQRFKVEILSIQPHIEQILSDTDSVANALRR DNA-directed RNA polymerase II subunit rpb3	K22210	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	9.332	15	3	7	3	3	328	36.9	5.17
TRINITY_DN1107_c0_g3_i1.p1	MNAPERALSFLLEDNNEKQKITSADTKVSNAGT1 Probable DNA-directed RNA polymerase II subunit rpb3	K03008	NA	GO:0005665^cellular_component^RNA poly	17.195	41	2	7	2	2	127	14.2	5.99
TRINITY_DN1876_c0_g1_i4.p1	MRPLSFASFVLLVLYKLTLSFDIPNSRKHRLQ Ubiquinol oxidase 4, chloroplastic/chromopla	K17893	NA	GO:0009535^cellular_component^chloroplas	9.616	9	2	7	2	2	444	50.7	7.49
TRINITY_DN1984_c2_g1_i1.p1	MMQDKIAVIVFSITIFLTSVTSVSIHPHHDNSITP Hypothetical	K02956	NA	.	14.419	18	2	7	2	2	216	24.1	4.58
TRINITY_DN24_c1_g1_i1.p1	DFVCVYIKDFVIHMSLMLLYASRNIMKSNYPLLLSI domain	K10206	NA	.	6.294	9	3	7	3	3	363	40.9	7.52
TRINITY_DN108_c1_g2_i3.p1	MPRVATTYKECDQEKAYQSDAIFVARKRAVGS 40S ribosomal protein S11	K03998	NA	GO:0022627^cellular_component^cytosolic s	5.25	18	3	7	2	3	166	18.9	10.43
TRINITY_DN184_c3_g1_i8.p3	MLSQVTRTLSTRNTSHALLRNIIKLSSSNQGFST Signal recognition particle receptor FtsY	K03949	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	14.012	24	2	7	2	2	170	19.2	5.83
TRINITY_DN302_c4_g1_i2.p1	MGGDRDAIIVAVRCRFLPFPEIKQGNTEVSNV Chromosome-associated kinesin KIF4	K10395	NA	GO:0005694^cellular_component^chromos	15.676	7	4	7	0	4	948	105.8	5.86
TRINITY_DN332_c2_g1_i7.p1	MSDIAAVVAAAAASRGIGAGDVLWRPLGDMAI Bifunctional dihydrofolate reductase-thymidy	K13998	NA	GO:0004146^molecular_function^dihydrofol	9.741	5	3	7	0	3	551	62.1	5.78
TRINITY_DN13442_c0_g1_i1.p2	MALEGKDNENMGTTAVKLVLEALDYYPEPERAI Elongation factor Tu	K02358	NA	.	10.685	16	2	7	2	2	210	23.1	5.02
TRINITY_DN2029_c0_g1_i3.p1	MFRQAVIRLAQRESTMFHFYFGGANSRLYNTTSF Pyruvate kinase	K00873	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	14.545	7	2	7	2	2	580	63	7.56
TRINITY_DN3469_c0_g1_i1.p1	AITLGFVAIEAPEGIMSLPPRRIGKLGRIYLLRII transporting ATPase, C-terminus	K13110	NA	.	15.175	19	2	7	2	2	219	24.5	5.67
TRINITY_DN118_c1_g1_i4.p1	MQGNHPDEKTFGRWRKTESARRDDDEEDESC Riboflavin biosynthesis protein RibBA	K14652	NA	GO:0008686^molecular_function^3,4-dihydro	6.759	3	2	6	0	2	781	85.5	6.09
TRINITY_DN73_c0_g1_i3.p1	MPTYRQKTRKKRYQHYSYSLATVLAIVITLLGS: AP-1 complex subunit gamma-2	K12391	NA	.	13.132	14	2	6	0	2	379	42.3	7.49
TRINITY_DN635_c1_g1_i1.p1	MDTLKIVISIVNLLPFTSAFSGFRGNSRLFDIAVS Probable transaldolase	K00616	NA	GO:0005737^cellular_component^catalytic st	7.811	6	1	6	1	1	253	27.3	5.48
TRINITY_DN409_c2_g2_i2.p1	MDLLPGYASSDDNGEGEKEELARPHDAKT Pre-mRNA-processing factor 17	K12816	NA	GO:0071013^cellular_component^catalytic st	6.992	2	1	6	1	1	687	77.4	6.93
TRINITY_DN369_c7_g1_i3.p1	LVPHSTSLIIPSYGKRHHPPSSSSSSSSSSS Chaperone protein DnaK	K22381	NA	GO:0005524^molecular_function^ATP bindin	9.591	5	2	6	0	2	722	79.5	6.19
TRINITY_DN106_c14_g1_i2.p1	KLINSNPPAAQMKELARAKVENLIGGGAGAGAG Putative ATP-dependent Clp protease proteol	K05289	NA	GO:0009368^cellular_component^endopepti	12.69	11	2	6	2	2	265	28.6	8.24
TRINITY_DN68_c1_g1_i3.p1	MSSTHADSSPSPPPPKRKMMTTEEYNRLQJ Hypothetical	K01624	NA	.	13.588	4	1	6	0	1	501	55	8.06
TRINITY_DN1230_c7_g1_i1.p1	MTHRIVFPEDGDSEHPNIFLMSKPTQSGFSPRLK domain	K00873	NA	.	5.325	4	1	6	1	1	319	33.4	5.31
TRINITY_DN2617_c0_g1_i4.p1	MKLFNLVALVIGTSTAFAFAPASTNSARSTVINAES Hypothetical	K18749	NA	.	7.27	14	2	6	2	2	140	14.9	10.13
TRINITY_DN2239_c0_g1_i3.p1	MIDVFNYYGILTKLSSGLIHKKGTILLGLDNIAGI Small COP11 coat GTPase SAR1	K07953	NA	GO:0030127^cellular_component^COP11 vesic	5.322	7	1	6	1	1	221	25	4.54
TRINITY_DN1473_c7_g1_i2.p1	SLIGLIDRNLLENTNKNKNIISIDIRPOFSME Heat shock factor protein HSF24	K12606	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	11.203	13	3	6	2	3	480	53.5	8.4
TRINITY_DN2509_c0_g1_i3.p1	EAQAFLASGGMPSSLSSSLGTRSTATTITIG Proline-tRNA ligase	K01881	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	7.883	3	1	6	1	1	669	73.6	5.94
TRINITY_DN337_c0_g1_i2.p1	MSSGRGFSSGGGRRREGGMRGNSGGRG Eukaryotic translation initiation factor 4 gamma	K03260	NA	GO:0016281^cellular_component^eukaryotic	9.255	2	2	6	0	2	1413	157.1	7.85
TRINITY_DN441_c0_g1_i1.p1	MKAACITSGYTPDVLKIDIPKPSKSNLVRKAS 2-methylene-furan-3-one reductase	K03070	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	9.654	7	2	6	0	2	312	33.2	7.75
TRINITY_DN555_c0_g1_i8.p2	MPFAVSLSLFTPKIKMIVITRIQPKPSTLSLQK Actin-depolymerizing factor 2	K05765	NA	GO:0005783^cellular_component^endoplasm	3.769	8	2	6	0	2	192	21.7	8.5
TRINITY_DN2605_c0_g1_i5.p1	MHGNLNGRGRGTGASSVDYFRRVPRDLTEATSLC Protein disulfide-isomerase 5-4	K06965	NA	GO:0005783^cellular_component^endoplasm	8.144	5	2	6	0	2	474	54.2	7.42
TRINITY_DN1243_c2_g1_i1.p1	MSSRFITNLLAKQYELFSPKGLCKMISLNPKN Putative argmatine deiminase	K10536	NA	GO:0047632^molecular_function^argmatine d	12.298	4	1	6	0	1	423	47.7	5.25
TRINITY_DN209_c0_g1_i2.p1	MNSTRLLLFLLSLLAANSTPDDHGNISITPNY Chaperone CREG1	K13093	NA	GO:0035578^cellular_component^agmatine i	13.665	7	2	6	0	2	530	57.6	5.15
TRINITY_DN2001_c0_g1_i3.p1	MILCSLFLQLLHLSLGLAQYDNPSSSSSSKIANN 4-sulfomuconolactone hydrolase	K00284	NA	GO:0102998^molecular_function^4-sulfomuc	7.762	10	2	6	2	2	345	38.6	5.81
TRINITY_DN3179_c0_g1_i2.p1	QTLVYRITHPSIMKTFNLTIALFLSNPSINAKKAAS-adenosylmethionine carrier 1, chloroplastic,	K13238	NA	GO:0009941^cellular_component^chloropl	6.061	6	2	6	2	2	391	42.2	9.83
TRINITY_DN354_c0_g1_i1.p1	MSFTNSTKEEDKDEIAQLLSLWTSQELDAETPGD Protein ILITYHIA	K01694	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol GC	8.156	1	2	6	2	2	3034	330.3	5.83
TRINITY_DN929_c4_g1_i1.p1	MTTAEFKAKGNAALAKYQSAIEYITQAINLDC Heat shock protein sti1 homolog	K09553	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	26.449	13	3	6	3	3	592	66	5.96
TRINITY_DN1464_c0_g1_i1.p2	MITIKLVFAVILVTCGFSTVLVSTQPTARRLSFT Hypothetical	K06630	NA	.	6.19	6	1	6	1	1	271	30.9	5.39
TRINITY_DN1911_c0_g1_i1.p4	MSVHQTRFFKTKYGVVDNPNVGTPLARHYWEC tRNA pseudouridine synthase A	K01689	NA	.	4.769	8	1	6	1	1	135	15.5	5.08
TRINITY_DN3429_c1_g1_i2.p1	MKISTVSSFLWNISNGAAFTIQSCMRTGARAA Hypothetical	K23612	NA	.	10.53	24	3	6	1	3	217	24.1	5.2
TRINITY_DN1400_c2_g1_i2.p1	MSAYAPKKEAAGEESEAPKIHVRITLTSRNVNKIE 40S ribosomal protein S20	K02969	NA	GO:0022627^cellular_component^cytosolic s	3.714	10	1	6	1	1	123	13.8	9.42
TRINITY_DN10133_c0_g1_i1.p8	MSRIGLTKPIKAPGVNNTNGLDIIVKGFGLTQNC Elongation factor Tu, chloroplastic	K02358	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	6.219	12	2	6	2	2	179	19.6	9.7
TRINITY_DN1191_c2_g1_i1.p1	MMKLTLMLSLTCVMDKHINAFGIPSPFQPKMFT Hypothetical	K06207	NA	.	19.023	17	2	6	2	2	313	34.6	8.89
TRINITY_DN129_c4_g1_i1.p1	IIRLNEITHLHYLLSPELKIHMKLSLSTATVRGVP Mitochondrial acidic protein MAM33	K15414	NA	GO:0005759^cellular_component^mitochondr	14.304	7	2	6	2	2	308	34.3	5.01
TRINITY_DN2309_c0_g1_i2.p1	MRLSSILAISMISSITAFAPQMLPHTHHRVPLGI Ribosome hibernation promotion factor	K02984	NA	GO:0022627^cellular_component^cytosolic s	9.936	11	2	6	2	2	241	26.5	5.68
TRINITY_DN827_c0_g1_i3.p1	MGTLNPSPVPLDYSRLDEIVQLKVELSKPDIRLLNI Hypothetical	K12307	NA	.	15.248	3	1	6	0	1	606	68.6	5.8
TRINITY_DN815_c5_g1_i1.p2	MVRRSVLADALKTIYNAEKRGKRVILRPSCKVIK 40S ribosomal protein S15a	K02957	NA	.	5.352	15	2	6	1	2	130	14.8	9.94
TRINITY_DN2650_c0_g1_i1.p1	MPVGHTLRRFVEIKRQQLIKNLSSNCSRTAAIRS Hypothetical	K11839	NA	.	17.309	21	1	6	1	1	104	11.6	9.63
TRINITY_DN84_c3_g1_i2.p1	MAMFTSVFENVDTTKVLASLGLLVAKAALQFV Very-long-chain 3-oxoacyl-CoA reductase 1	K10251	NA	GO:0005783^cellular_component^endoplasm	8.312	7	2	6	1	2	319	35	9.43
TRINITY_DN1908_c0_g1_i3.p2	MLCFLSRNLFSIYSCFSFNLARKNTRYTYNIY Kynurenine 3-monoxygenase	K12486	NA	GO:0071949^molecular_function^FAD bindin	2.598	2	1	6	0	1	437	49.5	5.96
TRINITY_DN210_c0_g1_i1.p1	MQKQFNLISIMKAISIFSSVLISYDAFATPSCFLT Protein MET1, chloroplastic	K00624	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	7.707	5	1	6	1	1	229	24.9	9.67
TRINITY_DN2755_c0_g1_i7.p1	MKENKVTITSAASAFSIFSIYVNSFRHRS Cysteine desulfurase IscS	K04487	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	13.35	7	2	6	0	2	495	53.7	7.15
TRINITY_DN7772_c0_g1_i1.p1	RPRSFECDVWSRLKFEELFVNQIHLHNFPEDC Ubiquitin-like modifier-activating enzyme 1	K03178	NA	GO:0005813^cellular_component^centrosom	12.331	20	2	6	1	1	170	19.4	5
TRINITY_DN666_c0_g1_i4.p1	KIKRKKMTKGFVVVLYLLNLVTQHVTLALSKAPGI Hypothetical	K03283	NA	.	12.298	11	2	6	0	2	285	31.1	5.78
TRINITY_DN359_c3_g1_i3.p1	MKFQTVLLCSSLCAVSSFLPSSTGTRGGISNK Probable 6-phosphogluconolactonase	K01057	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol GC	14.678	10	2	6	2	2	318	34.2	5.59
TRINITY_DN216_c0_g1_i10.p1	MNYPPMGPPGPPMGPPGPPMGPPGPPGI Pre-mRNA-processing-splicing factor 8	K12856	NA	GO:0071013^cellular_component^catalytic st	7.745	1	2	6	0	2	2461	284.2	7.59
TRINITY_DN729_c4_g2_i1.p1	MMDRNKEYESLIINAADSNGDSHQSKTRQTAGI domain	K10357	NA	.	7.607	8	2	6	0	2	395	45.5	9.04
TRINITY_DN103_c5_g1_i1.p1	MSLSRRLGPTSTLFSGDFDFFSPSFDFAVPE 17.5 kDa class I heat shock protein	K13993	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	11.808	16	2	6	2	2	173	19.2	5.66
TRINITY_DN2711_c1_g1_i1.p1	MNTLHQSLRYIRNQSILKLRQPALQTRNGI 50S ribosomal protein L9	K00872	NA	GO:0005840^cellular_component^ribosome^	6.015	7	1	6	1	2	242	27.4	8.76

TRINITY_DN821_c0_g1_i2.p1	MISQLRSGMNAVLQRVASLAAGKTRGLRVAA <sup>1</sup>	NADP-dependent malic enzyme	K00029	NA	GO:0005739 <sup>1</sup> cellular_component <sup>1</sup> mitochondr	6.9	4	2	6	2	2	675	74.5	8												
TRINITY_DN1474_c0_g1_i1.p1	MVFTSRVAALCGNTKIYVFAWCVLILMENVTS <sup>1</sup>	Trypsin	K12319	Trypsin	.	7.545	6	1	6	0	1	302	32.7	8.72												
TRINITY_DN2235_c0_g1_i1.p1	MKSSSATLSLFLVGAAPSARKVTITIEAFVIPSLS <sup>1</sup>	Carboxyl-terminal-processing protease	K03106	NA	GO:0030288 <sup>1</sup> cellular_component <sup>1</sup> outer men	10.071	7	3	6	0	3	820	89.5	5.53												
TRINITY_DN1397_c3_g1_i4.p2	MVEATKDLLSNPTVRTWLTHHPKQIALIDKFE <sup>1</sup>	Translation initiation factor eIF-2B subunit b	K03754	NA	GO:0005829 <sup>1</sup> cellular_component <sup>1</sup> cytosol <sup>1</sup> GC	8.711	8	3	6	0	3	486	52.9	7.87												
TRINITY_DN1532_c0_g1_i5.p1	MIDDSLDNSKITTFLFDDVDTLYDVGNGFTAHRN <sup>1</sup>	Uncharacterized protein C24811.05	K07025	NA	GO:0005829 <sup>1</sup> cellular_component <sup>1</sup> cytosol <sup>1</sup> GC	16.97	15	2	6	0	1	281	31.3	5.14												
TRINITY_DN3294_c2_g1_i4.p1	MSTSARRRLRD <sup>1</sup>	Ubiquitin-conjugating enzyme E2 2	K10573	NA	GO:0005524 <sup>1</sup> molecular_function <sup>1</sup> ATP bindin	6.428	18	2	6	0	2	152	17.5	5.15												
TRINITY_DN104_c4_g1_i1.p1	MYFNPKFVLSLLPCVILHSSAATITDDSVLAHIQ <sup>1</sup>	Senescence-specific cysteine protease SAG12	K01365	NA	GO:0005615 <sup>1</sup> cellular_component <sup>1</sup> extracellu	8.612	5	2	6	2	2	428	47.6	4.81												
TRINITY_DN3176_c0_g1_i5.p1	SSINQEEYKQLVARNGQTRNPQQQQQQQEAHFH <sup>1</sup>	Pre-mRNA-splicing factor SPF27	K01872	NA	GO:0005730 <sup>1</sup> cellular_component <sup>1</sup> nucleolus <sup>1</sup>	4.677	6	1	6	0	1	175	20.4	8.06												
TRINITY_DN3520_c5_g2_i1.p1	MFKQLFSLALVIAVQAFAPVSQTVARTATSLSI <sup>1</sup>	Hypothetical	K18953	NA	.	9.748	12	1	6	1	1	119	12.7	4.72												
TRINITY_DN2522_c0_g1_i5.p3	MGQVLRRLLEVFYTKKLIDVIVIGLENSGKTLLNVL <sup>1</sup>	Squa	K00801	NA	GO:0005789 <sup>1</sup> cellular_component <sup>1</sup> endoplasm	10.836	19	2	6	0	2	177	19.7	7.4												
TRINITY_DN7259_c0_g1_i1.p1	SAFAPVQNTNRVSSSTIQAWKDNENIGITAPTGF <sup>1</sup>	Fucoxanthin-chlorophyll a-c binding protein,	K00227	NA	GO:0009535 <sup>1</sup> cellular_component <sup>1</sup> chloroplas	23.255	29	2	6	2	2	181	19.8	4.94												
TRINITY_DN10754_c0_g1_i1.p3	GQMLAALTGMGGQTCASEVVVGGDKVNVTVREVI <sup>1</sup>	Electron transfer flavoprotein subunit alpha	K03522	NA	.	4.081	7	1	6	1	1	122	12.8	6.73												
TRINITY_DN1208_c1_g1_i11.p1	MTLYHVVTKNQKQTKRTINQSNQRNKMANMN <sup>1</sup>	DNA polymerase delta catalytic subunit	K02327	NA	GO:0043625 <sup>1</sup> cellular_component <sup>1</sup> delta DNA	7.859	2	2	6	2	2	1220	136.7	6.93												
TRINITY_DN319_c1_g1_i1.p1	MQSSSHSAAIFKTSILHLVLSWLPMLIFHAPNY <sup>1</sup>	I intermediate-associated protein 30 (CIA30)	K16465	NA	.	7.839	8	2	6	2	2	337	37.2	9.51												
TRINITY_DN25921_c0_g1_i1.p1	MVSNDFLLFRKRAFVVFVYVLSLLWVSSNLLAECI <sup>1</sup>	Hypothetical	K12235	NA	.	4.27	5	1	6	1	1	227	25.6	7.5												
TRINITY_DN1586_c0_g1_i4.p2	MKLAVAAALLVASAAAFAPAPASKASTSLKVEIE <sup>1</sup>	Fucoxanthin-chlorophyll a-c binding protein C	K01251	NA	.	10.025	38	2	6	1	1	110	11.7	6.29												
TRINITY_DN42_c2_g1_i2.p3	MMNTLNTLCLLLQLUISVTCFLLSTKSLPIRNSCF <sup>1</sup>	Heat shock factor protein 4	K12399	NA	.	5.204	3	1	6	0	1	411	46.9	7.46												
TRINITY_DN2946_c1_g1_i3.p2	MKNSTVVIWICHLLWQQRQVDAFLSRPFSISSLPP <sup>1</sup>	Cysteine desulfurase 1, chloroplastic	K11717	NA	GO:0052689 <sup>1</sup> molecular_function <sup>1</sup> carboxylic c	5.237	3	1	6	1	1	513	56.6	6.15												
TRINITY_DN71_c2_g1_i2.p1	MSIAEDNEETTTEVLPSPSTARTITDQTA <sup>1</sup>	Hypothetical	K01001	NA	.	9.479	14	2	6	1	1	207	22.7	4.67												
TRINITY_DN1101_c2_g1_i1.p1	MKLSSTSFILLAAAFNVQAFTV <sup>1</sup>	TERPRSNTLH domain	K01885	NA	.	6.587	8	2	6	2	2	288	32	5.62												
TRINITY_DN40_c0_g1_i5.p1	MPEAVVTKRFRKNP <sup>1</sup>	RRIQVIVDHPGRASV 40S ribosomal protein S24	K02974	NA	GO:0005840 <sup>1</sup> cellular_component <sup>1</sup> ribosome <sup>1</sup>	6	9	1	6	0	1	136	15.3	10.52												
TRINITY_DN562_c0_g1_i9.p1	MKVVTTSSKAQAQE <sup>1</sup>	AHLTI <sup>1</sup>	RQEQNNISVSSNYC Probable ferric reductase oxidase 1	K17087	NA	GO:0016021 <sup>1</sup> cellular_component <sup>1</sup> integral co	3.002	1	1	6	0	1	871	97.6	7.81											
TRINITY_DN701_c0_g3_i1.p2	ETPNVAADTYLPETGEGLEKEQSSVSKGNSFM <sup>1</sup>	Fucoxanthin-chlorophyll a-c binding protein,	K20178	NA	GO:0009535 <sup>1</sup> cellular_component <sup>1</sup> chloroplas	6.077	17	2	6	2	2	122	13.3	5.19												
TRINITY_DN1876_c3_g1_i1.p1	MCECDPAPLNGKVLKHFACRACKPYGSLFRVTS <sup>1</sup>	Alpha, alpha-trehalose-phosphate synthase [L	K16055	NA	GO:0005737 <sup>1</sup> cellular_component <sup>1</sup> cytoplasm	7.907	1	1	6	1	1	1086	121.1	5.94												
TRINITY_DN4088_c0_g1_i1.p1	MNKAEEEEELGNKFAA <sup>1</sup>	KDFDQAI <sup>1</sup>	HTYNAINIDF Hsp70-Hsp90 organizing protein 3	K16365	NA	GO:0005737 <sup>1</sup> cellular_component <sup>1</sup> cytoplasm	6.651	14	2	6	1	2	258	29.2	8.4											
TRINITY_DN98_c10_g1_i1.p1	MKLSAAIIISATINAFSPISRSQSRKSPVEPLYG <sup>1</sup>	Hypothetical	K12821	NA	.	3.598	8	1	6	1	1	131	13.9	8.82												
TRINITY_DN6788_c0_g1_i1.p1	MPSITYSTRGECTQKNM <sup>1</sup>	SRD <sup>1</sup>	VVMSGLAHD <sup>1</sup>	RGI Threonine synthase	K01733	NA	GO:0005737 <sup>1</sup> cellular_component <sup>1</sup> cytoplasm	9.744	5	2	6	0	2	512	57.1	7.61										
TRINITY_DN1071_c1_g1_i3.p1	MFHSSILDRNMSMLASYGLLRKSLQMRELTST <sup>1</sup>	Caffeate CoA-transferase	K03234	NA	GO:0008410 <sup>1</sup> molecular_function <sup>1</sup> CoA-transf	8.063	3	2	6	0	2	822	91.2	7.65												
TRINITY_DN10133_c0_g2_i1.p3	MSASMKYEMILLTEEFNSELK <sup>1</sup>	WAFNYAKALF ATP-dependent Clp protease ATP-binding sub	K03695	NA	GO:0009507 <sup>1</sup> cellular_component <sup>1</sup> chloroplas	3.588	10	1	6	1	1	103	12	9.7												
TRINITY_DN845_c2_g1_i2.p1	MKNNSQPNMKSDNGSHDPTMTQQSTTQ <sup>1</sup>	Probable serine/threonine-protein kinase DDI	K06182	NA	.	9.848	5	2	6	2	2	612	66.6	5.67												
TRINITY_DN2827_c0_g1_i1.p1	MNAFRGLASRLVPSV <sup>1</sup>	TRSVAGSLSSRQTVAFAPSL Cytochrome b-c1 complex subunit Rieske, mit	K00411	NA	GO:0016021 <sup>1</sup> cellular_component <sup>1</sup> integral co	10.608	12	2	6	0	2	247	26.6	7.87												
TRINITY_DN2053_c0_g1_i1.p1	MRQY <sup>1</sup>	QILTAATTFVSHDLYQAECYTHHHTN <sup>1</sup>	R Hypothetical	K01115	NA	.	15.383	11	1	6	1	1	245	27.4	5.71											
TRINITY_DN779_c3_g1_i1.p1	MIRNQYDYCSYTKH <sup>1</sup>	HELPRQ <sup>1</sup>	VIHLVLLFFHYWLV Uncharacterized protein sli0005	K07889	NA	GO:0005524 <sup>1</sup> molecular_function <sup>1</sup> ATP bindin	5.704	3	2	6	0	2	1023	114.2	6.74											
TRINITY_DN887_c4_g1_i1.p1	NTQSFTLKNPCH <sup>1</sup>	RSDVIAITTTSTPSRLRIS <sup>1</sup>	STST Protochlorophyllide reductase C, chloroplasti	K00218	NA	GO:0009507 <sup>1</sup> cellular_component <sup>1</sup> chloroplas	10.685	6	2	6	2	2	491	54.2	6.96											
TRINITY_DN1601_c0_g1_i2.p1	MTS <sup>1</sup>	YSMEALKRLSTSEEFDTALDQV <sup>1</sup>	VATAYD Exportin-1	K14290	NA	GO:0005642 <sup>1</sup> cellular_component <sup>1</sup> annulate li	12.219	4	2	6	0	2	1085	123.4	5.71											
TRINITY_DN2480_c1_g1_i3.p2	MMRNNSKRQALLAA <sup>1</sup>	VEGGGTS <sup>1</sup>	FVW <sup>1</sup>	TIALVKSM <sup>1</sup> Fructokinase	K00847	NA	.	10.2	4	1	6	0	1	417	45.3	6.68										
TRINITY_DN1100_c1_g1_i1.p1	MRLDIASMALSLA <sup>1</sup>	IFSRNV <sup>1</sup>	RTASAFSMRL <sup>1</sup>	TASSS <sup>1</sup> Glutamate--tRNA ligase, chloroplastic/mitoch	K01885	NA	GO:0009507 <sup>1</sup> cellular_component <sup>1</sup> chloroplas	6.227	3	2	6	0	2	880	97.1	5.4										
TRINITY_DN2213_c0_g1_i1.p1	MSEV <sup>1</sup>	VEAIQARTKMSSVVDKISHIV <sup>1</sup>	DNDAQITGDI Phosphoribosylaminoimidazole-succinocarbo	K01923	NA	GO:0005524 <sup>1</sup> molecular_function <sup>1</sup> ATP bindin	10.927	8	2	6	0	2	343	39.3	5.73											
TRINITY_DN3842_c1_g1_i1.p1	MNKKNKSQHTKS <sup>1</sup>	LNQSLN <sup>1</sup>	MNPVNEDESE Cleavage stimulation factor subunit 77	K16536	NA	GO:0005634 <sup>1</sup> cellular_component <sup>1</sup> nucleus <sup>1</sup> Gl	6.875	1	1	6	1	1	1204	134.4	6.21											
TRINITY_DN1922_c8_g1_i1.p1	MKKNLQTAII <sup>1</sup>	LFCLLAPQ <sup>1</sup>	TSSALEFTFPAPDKD <sup>1</sup> Hypothetical	K11644	NA	.	6.004	4	1	6	1	1	526	58.5	8.88											
TRINITY_DN1825_c0_g1_i1.p1	MSOQM <sup>1</sup>	HIKTKTTAQP <sup>1</sup>	IVRSALKLYAQGSAA <sup>1</sup> KBK ribosomal protein mL59	K02925	NA	.	4.443	6	1	6	0	1	182	20.3	10.39											
TRINITY_DN428_c0_g1_i7.p2	MSIY <sup>1</sup>	KSSYLSSRSH <sup>1</sup>	PTLSSQLV <sup>1</sup>	LVAV <sup>1</sup>	CVLGVV Uncharacterized protein sli0005	K03231	NA	GO:0005524 <sup>1</sup> molecular_function <sup>1</sup> ATP bindin	8.556	9	2	6	0	2	327	35.6	6.27									
TRINITY_DN1411_c0_g1_i1.p1	MSAG <sup>1</sup>	TYPLR <sup>1</sup>	DDTSH <sup>1</sup>	RSLSN <sup>1</sup>	NNERO <sup>1</sup>	FIRYCAT <sup>1</sup>	GFDC Exosome complex component RRP45	2.376	3	1	6	0	1	610	66.9	5.54										
TRINITY_DN5_c1_g1_i2.p1	MAST <sup>1</sup>	SDIAFVS <sup>1</sup>	SDGR <sup>1</sup>	PTSED <sup>1</sup>	PYLSN <sup>1</sup>	DYF <sup>1</sup>	PKQA Probable serine/threonine-protein kinase mp	K14312	NA	.	2	6	0	2	1873	206.2	6.81									
TRINITY_DN1804_c0_g1_i11.p1	MSITYEALSTLN <sup>1</sup>	AMFS <sup>1</sup>	DRW <sup>1</sup>	DEDS <sup>1</sup>	LDTV <sup>1</sup>	LRHF <sup>1</sup>	EGI Probable plastid-lipid-associated protein 11,	K02875	NA	.	10.471	10	2	6	0	2	305	33.5	5.6							
TRINITY_DN7004_c0_g1_i1.p1	MTSY <sup>1</sup>	FTSEAK <sup>1</sup>	MELQ <sup>1</sup>	NLLK <sup>1</sup>	SDSS <sup>1</sup>	SPAIL <sup>1</sup>	QIQDHK ER membrane protein complex subunit 2	K23563	NA	GO:0005737 <sup>1</sup> cellular_component <sup>1</sup> cytoplasm	5.823	7	2	6	2	364	41	5.54								
TRINITY_DN4105_c0_g1_i1.p1	MNMPL <sup>1</sup>	RSRSCPK <sup>1</sup>	SLPL <sup>1</sup>	VVLV <sup>1</sup>	FFIS <sup>1</sup>	VTILES <sup>1</sup>	RPANA Acetyltransferase (GNAT) family	K00573	NA	.	4.73	4	1	6	1	368	40	8.76								
TRINITY_DN14759_c0_g1_i2.p1	MS <sup>1</sup>	PSKII <sup>1</sup>	DSALAA <sup>1</sup>	RN <sup>1</sup>	LRSS <sup>1</sup>	PM <sup>1</sup>	KEITQKAMAM Superoxide dismutase [Mn], mitochondrial	K04564	NA	GO:0005759 <sup>1</sup> cellular_component <sup>1</sup> mitochondr	18.873	26	3	6	3	243	26.6	6.95								
TRINITY_DN3104_c0_g2_i1.p1	MK <sup>1</sup>	FKA <sup>1</sup>	TIASV <sup>1</sup>	LV <sup>1</sup>	VAF <sup>1</sup>	PA <sup>1</sup>	TANIV <sup>1</sup>	SLPK <sup>1</sup>	PARTI <sup>1</sup> Glutamyl-tRNA reductase	K02492	NA	GO:0008883 <sup>1</sup> molecular_function <sup>1</sup> glutamyl-tf	12.877	7	2	6	0	2	527	57.7	7.69					
TRINITY_DN223_c1_g1_i2.p1	MIR <sup>1</sup>	SLVR <sup>1</sup>	NIAT <sup>1</sup>	L <sup>1</sup>	LL <sup>1</sup>	VSS <sup>1</sup>	PSAL <sup>1</sup>	GF <sup>1</sup>	TRIP <sup>1</sup>	TAISTA ATP-dependent Clp protease proteolytic subu	K10769	NA	GO:0005737 <sup>1</sup> cellular_component <sup>1</sup> cytoplasm	7.395	4	1	6	0	1	320	35.1	6.81				
TRINITY_DN228_c0_g1_i2.p1	MS <sup>1</sup>	FL <sup>1</sup>	DL <sup>1</sup>	AG <sup>1</sup>	WAL <sup>1</sup>	SGG <sup>1</sup>	ARG <sup>1</sup>	ND <sup>1</sup>	DD <sup>1</sup>	NQ <sup>1</sup>	QQ <sup>1</sup>	QQ Probable ubiquitin conjugation factor E4	K10597	NA	GO:0005737 <sup>1</sup> cellular_component <sup>1</sup> cytoplasm	8.664	4	3	6	1	3	1196	133.3	5.76		
TRINITY_DN182_c0_g1_i2.p2	MT <sup>1</sup>	STAK <sup>1</sup>	SE <sup>1</sup>	QET <sup>1</sup>	PK <sup>1</sup>	NI <sup>1</sup>	VVE <sup>1</sup>	VD <sup>1</sup>	TRGG <sup>1</sup>	QSD <sup>1</sup>	AYR <sup>1</sup> C Hypothetical	K09667	NA	.	7.808	10	1	6	1	1	208	23.2	5.74			
TRINITY_DN326_c4_g1_i1.p1	MNI <sup>1</sup>	FLGG <sup>1</sup>	GIF <sup>1</sup>	KE <sup>1</sup>	MR <sup>1</sup>	KQ <sup>1</sup>	SQ <sup>1</sup>	IT <sup>1</sup>	QIF <sup>1</sup>	FIAC <sup>1</sup>	CVN <sup>1</sup>	HFT <sup>1</sup>	AR Nudix hydrolase 2	K10589	NA	GO:0005829 <sup>1</sup> cellular_component <sup>1</sup> cytosol <sup>1</sup> GC	15.99	5	2	6	2	2	394	44.2	6.61	
TRINITY_DN3041_c0_g1_i7.p2	MY <sup>1</sup>	FL <sup>1</sup>	MM <sup>1</sup>	QQ <sup>1</sup>	SL <sup>1</sup>	TK <sup>1</sup>	VR <sup>1</sup>	TS <sup>1</sup>	HS <sup>1</sup>	FAD <sup>1</sup>	FK <sup>1</sup>	AYE <sup>1</sup>	ADA <sup>1</sup> Hypothetical	K18532	NA	.	8.569	23	2	6	0	2	130	14.4	8.68	
TRINITY_DN2093_c0_g1_i1.p1	KK <sup>1</sup>	CG <sup>1</sup>	RP <sup>1</sup>	GG <sup>1</sup>	DS <sup>1</sup>	MA <sup>1</sup>	EPS <sup>1</sup>	RE <sup>1</sup>	IG <sup>1</sup>	PD <sup>1</sup>	KS <sup>1</sup>	LL <sup>1</sup>	VDD <sup>1</sup>	DE <sup>1</sup> PF Photosynthetic apparatus regulatory protein I	K13093	NA	GO:0003677 <sup>1</sup> molecular_function <sup>1</sup> DNA bindin	5.218	9	1	6	1	1	139	14.6	5.4
TRINITY_DN359_c0_g2_i1.p1	KE <sup>1</sup>	SE <sup>1</sup>	HP <sup>1</sup>	LP <sup>1</sup>	ML <sup>1</sup>	RV <sup>1</sup>	VPD <sup>1</sup>	GH <sup>1</sup>	STV <sup>1</sup>	PLGE <sup>1</sup>	FG <sup>1</sup>	KA <sup>1</sup>	PP <sup>1</sup> DD Ornithine decarboxylase	K02093	NA	GO:0030424 <sup>1</sup> cellular_component <sup>1</sup> axon <sup>1</sup> GO:0	10.463	9	1	6	1	1	331	36.1	4.84	
TRINITY_DN3498_c0_g1_i1.p1	MS <sup>1</sup>	SQ <sup>1</sup>	TQ <sup>1</sup>	NESS <sup>1</sup>	SP <sup>1</sup>	PK <sup>1</sup>	RK <sup>1</sup>																			



TRINITY_DN1551_c0_g1_i2.p1	MKKAALSSULFATRSSAFSPSLHTGSRFSHQSTTF Hypothetical	K14560	NA	.	11.183	20	2	6	0	2	162	17.5	7.44
TRINITY_DN177_c3_g1_i1.p1	MTTGTGPSEESNALKRTLHETGKQDPDEEHDD Hypothetical	K08994	NA	.	17.545	12	2	6	2	2	442	48.7	4.89
TRINITY_DN191_c5_g1_i1.p1	MTDRLRMKYTRHVGASRRNTSYDVTGSDTLPV- Gamma-glutamyl peptidase 3	K20179	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	8.511	8	2	6	2	2	339	38.2	5.34
TRINITY_DN574_c3_g1_i1.p1	MTTIVQEITASPVPASSTSSKSDSNKSLVFFVSSWH Glutaredoxin-3	K05605	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	10.095	17	3	6	3	3	368	41	4.93
TRINITY_DN1509_c0_g1_i3.p1	MQVALQLSLFLQLLSCVQNSLQASVFNRSFTFA oxygenase superfamily	K01834	NA	.	16.316	6	2	6	0	2	568	63.4	4.81
TRINITY_DN1987_c1_g1_i1.p1	MNSRSLHSQTSKANKNRVAAMLYLSLQANAFCA (+) efflux antiporter 3, chloroplastic	K03667	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	8.902	4	2	6	2	2	872	93.5	4.92
TRINITY_DN561_c5_g1_i1.p1	MKSSLSFLRSVAIAIGNSMVEADEFHNHYSQC Transmembrane 9 superfamily member 1	K17087	NA	GO:0005801^cellular_component^cis-Golgi n	13.745	6	3	6	2	3	682	76	7.18
TRINITY_DN1380_c3_g1_i2.p1	MTAVNALLDIDAIAADLEAKLNLAGQSSVSSGTS Tyrosine-tRNA ligase, cytoplasmic	K08568	NA	GO:0017101^cellular_component^aminoacyl-	6.992	10	2	6	1	1	266	28.7	6.37
TRINITY_DN3226_c0_g2_i7.p2	MLPLSLRAAENSPMLVELKSGETYNGRLLNCDSV UDP-N-acetylglucosamine transferase subunit K07441	K07441	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	5.071	16	2	6	0	1	168	18.7	8.66
TRINITY_DN1687_c1_g1_i1.p1	MAIHTKLSNLNINLMRQISAFILFLGLISTALAFATP-dependent Clp protease adapter protein K04079	K04079	NA	GO:0051087^molecular_function^chaperone	9.984	12	2	6	2	2	194	21.6	6.35
TRINITY_DN1066_c0_g1_i5.p1	MEPPNPLSTKDDPSQSDNLTPEIAPSQASGNTF Paired amphipathic helix protein pst1	K11644	NA	GO:0000785^cellular_component^chromatin	9.887	2	2	6	0	2	1793	199.5	5.78
TRINITY_DN1016_c0_g1_i1.p1	MTALALEFIAIHRIDTALTYTSPYEQVVASVHS: Replication protein A 70 kDa DNA-binding sub K07466	K07466	NA	GO:0005662^cellular_component^DNA replic	6.297	5	2	6	0	2	673	73.1	7.62
TRINITY_DN123_c3_g1_i1.p1	TQRASSTQTESDNVLSIESIRGVAELKILAREYA conserved protein (DUF2358)	K06067	NA	.	8.577	6	2	6	2	2	381	42.3	5.92
TRINITY_DN202_c0_g1_i2.p3	MKLSFTTFLVASLSSSTLVTCAGFYDFDWSDL Translation initiation factor elf-2B subunit alq K03239	K03239	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	9.221	12	2	6	2	2	210	23.6	4.07
TRINITY_DN4352_c0_g2_i2.p3	MQRTPAGETVIVPRNFKLLEELVESEKGHGDMAI Ubiquitin-conjugating enzyme E2 variant 1C K10704	K10704	NA	.	2.463	7	1	6	1	1	146	16.4	7.3
TRINITY_DN203_c10_g1_i1.p1	MVHTSKQNVLLLUQLTHVVVITIASMNPLMYSR Citrate/oxoglutarate carrier protein K07466	K07466	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	4.846	3	1	6	0	1	369	39.4	9.19
TRINITY_DN1059_c1_g2_i1.p1	MAPKGGKGGRRNGRATANQGKKTVTKSRGS duplication domain of Friend of PRMT1 K18663	K18663	NA	.	7.697	12	1	6	1	1	150	16.2	9.95
TRINITY_DN2062_c0_g1_i1.p1	MKLSVSRCLLVLCASQJAAKEKCAADQQQT Hypothetical	K12194	NA	.	8.238	11	1	6	1	1	138	15.2	5.34
TRINITY_DN679_c0_g1_i4.p3	MTQEQNATTCIPCESMDSLLLNLKQNALSE Putative pterin-4-alpha-carbinolamine dehydr K01724	K01724	NA	GO:0005576^cellular_component^extracellul	7.744	13	1	6	1	1	138	15.4	5.81
TRINITY_DN1202_c0_g2_i2.p1	MVIETLGGALDGLDLSDADEEERVELNQINDN U4/U6 small nuclear ribonucleoprotein Prp31 K12844	K12844	NA	GO:0015030^cellular_component^Cajal body	5.168	5	2	6	2	2	516	56.4	8.4
TRINITY_DN3_c0_g1_i1.p1	MNRMHGHSFSLGKLVFLVLLALIEYLQTSQSFAB: Ribosome biogenesis protein BRX1 homolog K00761	K00761	NA	GO:0009535^cellular_component^chloroplas	7.959	4	1	6	1	1	483	52.8	5.24
TRINITY_DN11618_c0_g2_i1.p1	ISKNKLMKSLKYFHINNIKFNVYLFQSNKHDYV NADH-ubiquinone oxidoreductase 75 kDa sub K04482	K04482	NA	GO:0005743^cellular_component^mitochonc	8.82	3	2	6	2	2	770	88.1	9.33
TRINITY_DN1484_c1_g1_i1.p1	MNPNASAWTPNPATSWTPGGFATPAPSPAPAI Eukaryotic peptide chain release factor GTP-b K03267	K03267	NA	GO:0010494^cellular_component^cytoplasm	6.742	6	2	6	0	2	605	67	5.12
TRINITY_DN168_c2_g1_i2.p1	VITLVLEIDYRLERERERTGNKSNITNTLHHCSTN Tryptophan biosynthesis protein TRP1 K12599	K12599	NA	GO:0004425^molecular_function^indole-3-yl	5.885	3	1	6	0	1	677	73.1	6.02
TRINITY_DN5603_c1_g1_i1.p1	MPTLTGETYSEKSGKDVNRNSIIAAKAVANAIRT: T-complex protein 1 subunit delta K09496	K09496	NA	GO:0005832^cellular_component^chaperonin	12.715	9	2	6	2	2	528	56.4	6.57
TRINITY_DN29132_c0_g1_i1.p1	FLTCDSPIFWQSLQEPASITMEGILLFNKHLFLFL Cytochrome c oxidase subunit 2 K02978	K02978	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	5.749	8	2	6	2	2	251	28.8	7.21
TRINITY_DN3063_c0_g1_i6.p1	MNAREKIEAPEWRDILSAAQNKDAQEIHNINN Ankyrin repeat-containing protein YGL242C K00850	K00850	NA	GO:0000781^cellular_component^chromosom	12.86	9	2	6	0	2	403	44.3	5.19
TRINITY_DN4635_c0_g1_i11.p2	MISQVFLSLSYNSKRMSPWAILLWSIFAAGEYRS Probable adenylyltransferase/sulfurtransferase K14856	K14856	NA	GO:0005634^cellular_component^nucleus^Gt	7.656	6	2	6	0	2	515	56.7	6.73
TRINITY_DN2929_c0_g2_i1.p1	MMLSLPKALTLSCSFLHLLTAVLASHSDKEQLLCL Hypothetical	K05863	NA	.	2.748	4	1	6	1	1	240	27	5.5
TRINITY_DN157_c2_g1_i2.p1	MLFDCCVDAVVGGLFDQADLTSETKQALRMIQC Hypothetical	K08022	NA	.	15.12	10	3	6	2	3	557	63.1	6.2
TRINITY_DN3629_c0_g2_i2.p1	MGOQETIAVMDNHQHTLDEQVQSNVTETASG Splicing factor 3A subunit 3 K01230	K01230	NA	GO:0071013^cellular_component^catalytic st	12.21	5	2	6	2	2	718	80.3	5.86
TRINITY_DN1502_c0_g1_i2.p1	MEPAKEPAVADHPTAGEEKSDQPKDLVPSDDPF Hypothetical	K01783	NA	.	15.589	6	3	6	3	3	582	63.7	8.97
TRINITY_DN2467_c0_g1_i1.p1	MVIATELCALESYRYPNGKLFIRRDGKPVFLGSSI 60S ribosomal protein L24 K02896	K02896	NA	GO:0022625^cellular_component^cytosolic la	10.636	22	3	6	1	3	147	16.6	11.33
TRINITY_DN3624_c0_g1_i2.p1	MVKHNMVNPNIHCKKWWHDSTRGPIKVALDQA 60S ribosomal protein L13-2 K02873	K02873	NA	GO:0005618^cellular_component^cell wall^G	2.095	4	1	6	1	1	209	23.2	10.55
TRINITY_DN10_c0_g1_i6.p1	MFKNFRRQKREKEXKLLDTEGNAISVSEPMCEM GMP-dependent protein kinase 1 K19477	K19477	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	6.989	4	2	6	2	2	789	88.8	6.68
TRINITY_DN1744_c1_g1_i2.p1	MKVFGFATSLALSTCEAFSPFYNGVRLPTTRMT: 20 kDa chaperonin, chloroplastic K04078	K04078	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	6.519	11	2	6	0	2	248	27	5.29
TRINITY_DN952_c1_g1_i2.p1	MSLAENISPCNSLIDHGTSPQQLTRQTPVKRED: Serine/threonine-protein phosphatase 2A 65 K03456	K03456	NA	.	4.63	2	1	6	1	1	721	81.2	4.61
TRINITY_DN1008_c0_g1_i3.p1	MNRVITISICLFSWFSHFSTHAFSTNGGGVAFGISE Uncharacterized monothiol glutaredoxin ycf6 K01134	K01134	NA	GO:0005623^cellular_component^cell^GO:00	12.997	9	1	6	0	1	172	19.1	6.79
TRINITY_DN455_c3_g1_i1.p1	MTNHTVAHYDPLEHTEGEERVELESPTDQQLPA Uncharacterized protein AF_0817 K10848	K10848	NA	.	12.867	3	2	6	2	2	952	105	4.46
TRINITY_DN2048_c1_g1_i1.p1	MITQRVYFLLCILASCCKVWHPNSAFVNVKVFAP: Hypothetical	K03094	NA	.	12.345	7	1	6	1	1	203	22.9	8.06
TRINITY_DN2931_c0_g1_i1.p2	MSLSLSDTSNTKPPRPSTPPGPPPNATRITPFD D-glycerate 2-kinase K11529	K11529	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	6.574	12	2	6	2	2	242	26.8	5.64
TRINITY_DN616_c2_g1_i1.p1	SASFSPKMAPHEKALIKSFQELVQKQHELEEDVRF Hypothetical	K11270	NA	.	5.882	17	2	6	2	2	236	26.8	4.7
TRINITY_DN1960_c2_g1_i1.p1	MSRETSEQEQAPGAVSQPYIVRVSRTFVYISLLTSLI Polyamine aminopropyltransferase K03495	K03495	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	4.377	3	1	6	0	1	726	80.9	5.67
TRINITY_DN2696_c1_g1_i2.p1	MTSMYDEPKASEVSLPPYPHSEGRSERGAQDPV NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 beta su K15028	K15028	NA	GO:0031966^cellular_component^mitochonc	5.197	13	1	6	1	1	108	12.6	6.79
TRINITY_DN1003_c1_g1_i2.p1	MTRKHYNFVALAAVAVLSANNIPTSHAFIGSASL Hypothetical	K20029	NA	.	11.897	22	3	6	0	3	259	28.5	9.6
TRINITY_DN3214_c1_g1_i1.p1	MRFIRCYLLYLRLQTVVRYNDTSDHVRRLRSLIMI Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 15 K11838	K11838	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	7.98	3	1	6	1	1	529	61.4	8.54
TRINITY_DN1671_c0_g1_i1.p1	MFKIAAVITSLAASAFAPSSFNGRASIAIAEK: Photosystem I chlorophyll a/b-binding protei K08907	K08907	NA	GO:0009535^cellular_component^chloroplas	9.504	6	1	6	1	1	232	23.5	4.93
TRINITY_DN1208_c6_g1_i2.p1	MEIEPMSKQTESTVLHHQDPVAVVDEDEDIETI 26S proteasome non-ATPase regulatory subu K03036	K03036	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	6.689	4	2	6	1	2	536	60.2	5.69
TRINITY_DN81_c1_g1_i1.p1	MSSFWRGQGGGRGGRGGRRGGRQFNHYSS HECT-domain (ubiquitin-transferase) K00587	K00587	NA	.	8.039	1	1	6	0	1	1047	120.8	6.98
TRINITY_DN3347_c0_g1_i3.p1	MADVSGYDPRRSVDRRLNDFLRKIGITGLDTEVI Hypothetical	K13754	NA	.	8.883	13	1	6	1	1	132	14.8	4.86
TRINITY_DN165_c3_g1_i2.p1	MADYGGAEPPVGLRLNGNHAEMMYDGHGYSI DNA-directed RNA polymerase II subunit 2 K03010	K03010	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	13.89	2	1	6	0	1	1266	142.6	6.33
TRINITY_DN1211_c2_g1_i1.p1	MKFSNICPVFLAFIPTACVAFAPLASNVQLRHEKA Thylakoid membrane protein slr0575 K17508	K17508	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	12.548	12	2	6	1	2	282	30.8	5.54
TRINITY_DN56_c3_g1_i1.p1	MFASFNDPQPEIDASTPPVAASDGNLDDLKRLA Ankyrin repeat-containing protein YCR051W K06941	K06941	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	11.731	19	2	6	2	2	156	17.3	4.44
TRINITY_DN5_c0_g1_i5.p1	MRWRKGAQQQGNPEEFPLVQLNESRAISPEG Serine/threonine-protein phosphatase 6 regu K11136	K11136	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	11.079	2	2	6	0	2	1546	171.7	6.15
TRINITY_DN1396_c0_g1_i3.p1	MFFHRKRDAGKRQVRQVDYAGKGTLLHTAIEC: 6-phosphogluconate dehydrogenase, decarbox K06158	K06158	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	13.301	3	2	6	0	2	1195	132.9	7.52
TRINITY_DN3201_c0_g1_i1.p1	MSGSFDVADPTLSRYVMTQRDRLDVLMLNALTAF Fructose-1,6-bisphosphate, cytosolic K03841	K03841	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	4.309	5	2	6	0	2	341	36.7	5.22
TRINITY_DN283_c1_g1_i1.p1	MGNKHFKCTKQPDDVIPGGVVNVTQREKLATV Calcium-dependent protein kinase 1 K08081	K08081	NA	GO:0005524^molecular_function^ATP bindin	7.801	2	1	6	1	1	812	92.7	5.77
TRINITY_DN1236_c2_g1_i2.p1	LLSALFVSVLVDKILKSKFLTPLFTGGRYFLSL Cullin-1 K03347	K03347	NA	GO:0000794^cellular_component^condensc	7.354	3	2	6	2	2	839	96.7	6.18
TRINITY_DN2931_c0_g1_i1.p1	MKRVPMRMSTRSPRCFFTAIAATQVAAAISLYI D-glycerate 2-kinase K11529	K11529	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	7.426	2	2	6	0	2	577	62.5	4.49
TRINITY_DN4516_c1_g1_i1.p1	MQHYFMARRKTSIDICRRRTPGILSRPILLAMILSL Guanylate kinase K00942	K00942	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	7.942	6	1	6	1	1	330	36.9	9.26
TRINITY_DN80_c0_g1_i9.p1	MKVESQQQANNDSWTPKRNFLVIGSLATFIAV: Hypothetical	K12879	NA	.	7.659	5	3	6	0	3	897	101	6.25
TRINITY_DN137_c0_g1_i2.p1	MMSDKLIIYISKRVRNHSNLNHTSNLIFVLIHIMI Actin cytoskeleton-regulatory complex protei K00626	K00626	NA	GO:0030122^cellular_component^AP-2 adapt	8.068	1	1	6	0	1	1317	142.7	6.02
TRINITY_DN218_c1_g1_i2.p2	GSANDNDNDRPTNKRPEYENPLYRSDDDQR Glycerol kinase K17263	K17263	NA	GO:0005524^molecular_function^ATP bindin	9.675	7	2	6	2	2	427	48.4	5.03
TRINITY_DN593_c7_g2_i2.p1	YYSQQLSNLPKFVAVLNEYNLQTVVEIISQSS Nicastin K00617	K00617	NA	GO:0005887^cellular_component^integral co	8.949	4	2	6	2	2	723	78.5	5.01
TRINITY_DN43_c1_g2_i3.p2	MADYDTRAEQELGFAPEKIEKIVDASKGDDVFLFC Proteasome activator complex subunit 4 K11840	K11840	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	7.648	12	1	6	1	1	128	14	4.98
TRINITY_DN61_c3_g1_i1.p1	MLKQLRLSSRSKIVITPCAFRSYVSRHAHPSANPA 50S ribosomal protein L1 K11275	K11275	NA	GO:0015934^cellular_component^large ribos	10.772	10	2	6	2	2	311	33.3	9.86
TRINITY_DN3305_c0_g1_i1.p1	MEQLPIASKLDVILGALGTQTLLDLPQIVVGGG Dynamain-1-like protein K17065	K17065	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	12.155	4	2	6	0	2	809	89.6	5.59

TRINITY_DN10133_c0_g1_i1.p9	MSTDLKQVNLKLNKRLENKSEKFFVERLIKSRVS Elongation factor Tu, chloroplasic	K02358	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	12.03	15	2	6	2	2	178	19.2	10.39
TRINITY_DN21802_c1_g1_i1.p1	MSNSNEYEKSHMDGGDYDEEHDNDNVADEDDI Polyadenylate-binding protein 2	K14396	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	15.457	6	1	6	1	1	284	31	6.18
TRINITY_DN812_c0_g1_i4.p1	MCKQNRISFGVILCSSFLPIQSFAFNLNSNCSRSRA Hypothetical	K01810	NA	.	11.363	14	3	6	1	3	469	51.3	5.15
TRINITY_DN4451_c0_g1_i2.p1	MDYQNEQDEEDHDKKQCCQERRSTTTADDGP Hypothetical	K17500	NA	.	6.052	4	2	6	2	2	758	84.1	6.37
TRINITY_DN59_c3_g1_i1.p1	MAEKKYQLVPPKNYSRQNTHTSQPTTIPKSIHV Cytochrome c peroxidase, mitochondrial	K00428	NA	.	11.957	6	2	6	0	2	268	29.2	5.90
TRINITY_DN2036_c0_g1_i1.p1	MVSEDDNDTQKASQPKSSHAPSLLPPLPFASSSS Conserved oligomeric Golgi complex subunit 1	K20289	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	7.428	3	2	6	2	2	960	107.3	5.01
TRINITY_DN1653_c0_g1_i1.p1	HKIPSLSLVFTGSIKMSLNDQIKELVNLGSLSDPASW Protein PYR1-3	K03062	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	8.821	9	2	6	0	2	368	40.9	7.18
TRINITY_DN1104_c0_g1_i2.p1	QHFFFLYHLKQLLTYFTIMSQPWHKPSPSHITHD Cysteine-tRNA ligase, cytoplasmic	K01883	NA	GO:0000329^cellular_component^fungal-tyr	8.429	4	2	6	2	2	671	76.5	6.42
TRINITY_DN1337_c0_g1_i2.p1	MPSSLLLSRNYYHHVTRSLYKRLQLRPLQLCN Ribosome-recycling factor	K11308	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	11308	4	1	6	0	1	402	45.3	9.1
TRINITY_DN1652_c0_g1_i1.p1	MMISFRSKFTFAYLSTALLCSLSTSNVYGGVAVWV Actin-binding protein IPP	K03262	NA	GO:0015629^cellular_component^actin cytos	9.478	7	2	6	1	1	436	46.9	4.96
TRINITY_DN144_c3_g1_i1.p1	KIHQWYVHLHLLFIYVQQQPAALKEHVQQHCURV Protein of unknown function (DUF861)	K06995	NA	.	8.488	18	2	6	2	2	170	19.4	6.71
TRINITY_DN107_c21_g1_i1.p1	MSNLQSLIYVNDGGYSPKLSVLDQLLPVPHDKIYIPIF Methylthioribose-1-phosphate isomerase	K08963	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	7.057	8	2	6	2	2	371	40.2	5.44
TRINITY_DN2765_c0_g1_i6.p1	MCSGYRLFFVGRIARILLATQSSVCAFSLQSIKVVV ATPase Der	K02953	NA	GO:0005525^molecular_function^GTP bindin	6.332	5	2	6	0	2	634	69.8	7.59
TRINITY_DN384_c3_g1_i6.p2	MADVSSFSDDKNSLLENASVSTIEADTTEMEHC EH domain-containing protein 1	K11274	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	10.82	5	2	6	0	2	669	76.4	6.3
TRINITY_DN202_c1_g1_i1.p1	MNESLDKIKMEVEAARLEVVQAEKISTVRLALRN Hypothetical	K03239	NA	.	9.451	6	2	6	2	2	427	46.6	4.56
TRINITY_DN825_c0_g1_i1.p1	MGISLQKGYLVYANICACGAWAMVLSAQISILNF DNA-directed RNA polymerase II subunit rpb3	K22210	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	6.784	3	2	6	2	2	749	82	9.23
TRINITY_DN3308_c0_g1_i1.p1	SIYFVLASLIKPYIHPSSKTELNTNRIIVIDIRQAI domain	K00868	NA	.	5.569	1	1	6	1	1	852	95.7	7.75
TRINITY_DN7231_c0_g1_i6.p1	MKIFASITLNAVLLNLPFQSSSHRQLYCNCTNSAFLTl NADPH-dependent FMN reductase ArsH	K11811	NA	GO:0010181^molecular_function^FMN bindin	7.66	7	2	6	0	2	382	42.8	8
TRINITY_DN2581_c0_g1_i1.p1	MKITLSFLLFKIISCELLFCFLSLCCQHHEVTVTAFS: Hypothetical	K08515	NA	.	7.032	4	1	6	1	1	452	49.4	8.19
TRINITY_DN1375_c2_g1_i5.p2	MILHAYMTTVFATFLSSISLGFNLHHHHHHHHH NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfu	K03941	NA	GO:0005747^cellular_component^mitochonc	5.133	9	1	6	0	1	211	23.5	5.19
TRINITY_DN405_c5_g1_i1.p1	MNLIJSTNMTAPRATVFAFCVFLVQFTINAFVA Protein LOW PSII ACCUMULATION 1, chloropl	K12183	NA	GO:0009950^cellular_component^chloroplas	12.694	7	2	6	2	2	406	44.5	8.15
TRINITY_DN2989_c0_g1_i1.p1	MGQVLSLQKLIKTVDYGGFFHYFCGKRHSPLY DNA-directed RNA polymerases I and III subu	K03626	NA	.	4.308	2	1	6	0	1	451	50.9	8.9
TRINITY_DN1960_c1_g1_i1.p1	MNSKILSNTSIGNALHLPVLIVLQLSVFRGRVP1 tRNA uridine 5-carboxymethylaminomethyl rr	K03495	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	6.473	4	2	6	2	2	810	89.1	6.99
TRINITY_DN803_c2_g1_i1.p1	MRFCSFRHHNHQYSQIKSSDNPINQINHTTV Receptor expression-enhancing protein 5	K17279	NA	GO:0071782^cellular_component^endoplasm	15.057	8	1	6	1	1	235	26.4	8.21
TRINITY_DN105_c15_g1_i1.p1	MMTSSITSPVSSSPAAAADSSSSPKNMQQQPI Protein of unknown function (DUF1336)	K02372	NA	.	9.689	1	1	6	1	1	1157	126.9	6.61
TRINITY_DN8749_c0_g1_i1.p1	MKLVQATVATSLLLLHVQEAFFAIPATGNSRNPVS Sodium/proton antiporter 1	K02879	NA	GO:0009941^cellular_component^chloroplas	21.321	6	3	6	3	3	758	81.3	5.03
TRINITY_DN328_c2_g1_i1.p1	MFSRCLIKQPDGDDDDDNKVPKTTITRGHSTMK Cysteine synthase	K13100	NA	GO:0004124^molecular_function^cysteine sy	4.079	4	2	6	0	2	546	60.4	8.13
TRINITY_DN906_c1_g1_i1.p1	MSRKPFFTFALDGNLNASLGSQLDIHLKLRPYSC Hypothetical	K14548	NA	.	2.846	3	1	6	1	1	289	33	5.95
TRINITY_DN359_c19_g1_i1.p2	SLADIAQAALTKPQQPQGNQQNQQKQQ 60 kDa lysophospholipase	K00472	NA	.	11.835	5	2	6	2	2	659	74.2	7.34
TRINITY_DN2626_c0_g1_i2.p1	MALQNQLTVEQLTILSQTLSPDAEIKKAERHLJ Exportin-2	K18423	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	11.126	3	2	6	0	2	980	109.9	5.69
TRINITY_DN1129_c0_g1_i1.p1	MTMLVYSWYHHQHPGRRNRREDSSRRRGSIAI NAD(P) transhydrogenase, mitochondrial	K00323	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	4.342	2	2	6	0	2	1212	127.3	5.94
TRINITY_DN918_c0_g1_i1.p2	MKHTVGIFFTLVLYFAEAYTYLPKVTSLSTLYSS Analog of StAr-related lipid transfer domain	K23025	NA	.	11.001	14	2	6	1	2	198	22	8.72
TRINITY_DN2860_c0_g1_i4.p1	QHTKHRRRTSQFCPLLNCMLRSVFLLLASAI Protochlorophyllide reductase B, chloroplasti	K11827	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	9.56	5	2	6	0	2	601	66.7	7.85
TRINITY_DN1288_c0_g1_i5.p1	MNSNMATTKSVLTALSWYAFIAGLHELPHIATFAS Dynein regulatory complex subunit 7	K04345	NA	GO:0005509^molecular_function^calcium ior	10.079	2	2	6	0	2	1571	175.1	8.44
TRINITY_DN1947_c0_g1_i3.p2	MSDSEKPIDENVISKYNLQCEQCYSASKISELQ Probable prefolin subunit 2	K01897	NA	GO:0016757^molecular_function^transferase	6.607	9	1	6	1	1	128	14.8	5.4
TRINITY_DN1918_c0_g1_i4.p1	MAGGRNFANPNKAGATSGFMASENFGYSAVRLL DNA-directed RNA polymerase II subunit rpb1	K03006	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	5.238	1	1	6	0	1	1813	199.2	6.05
TRINITY_DN2437_c0_g1_i7.p3	MASDDKKNMCRDIKVDKILNCCVGESGDRLTRA 60S ribosomal protein L11-2	K02868	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	6.022	12	2	6	1	2	177	20	9.48
TRINITY_DN1594_c2_g1_i2.p1	MAPKKNKTKTQKKAEDDDWALLEAEASANQ Eukaryotic translation initiation factor 5B	K03243	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	6.553	2	2	6	2	2	1017	113.7	5.17
TRINITY_DN29293_c0_g1_i1.p1	MWNSNPITAVTGTAGAPLASSNPSTTTNTN Cleavage stimulating factor 64	K14407	NA	GO:0005847^cellular_component^mRNA clea	5.538	13	1	6	1	1	143	15.3	6.14
TRINITY_DN643_c0_g1_i4.p1	MNPHSITHATLNPDIGDPTGKKPKLAKIRRLTY Probable protein phosphatase 2C 64	K03294	NA	GO:0004724^molecular_function^magnesium	6.769	4	1	6	0	1	355	38.4	5.27
TRINITY_DN2284_c0_g1_i1.p1	TPTYNSAQILLNHLAKQLHYKHYSVIGPAKVT Acyl carrier protein 2, mitochondrial	K03955	NA	GO:0005759^cellular_component^mitochonc	13.498	11	1	6	0	1	167	18.6	7.12
TRINITY_DN517_c0_g1_i6.p1	MKTKTLFLCETLATTAFIVHNNHPTVSDGRKF 5-amino-6-(5-phospho-D-ribitylamino)uracil p	K12823	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	7.053	2	2	6	0	2	1412	160.8	4.77
TRINITY_DN385_c0_g1_i3.p1	PENLKLGRDSYENKNIFAKNTKKVRLYIYPHFNH: Hypothetical	K00627	NA	.	5.321	10	1	6	1	1	149	16.4	7.33
TRINITY_DN2372_c0_g1_i2.p1	MPVTYLELENKFSYAGKQIIGPFQEFTSVIGPNGSC Structural maintenance of chromosomes prot	K06636	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	10.527	2	2	6	0	2	1308	148.1	6.42
TRINITY_DN3227_c0_g1_i3.p1	MASVEMETCPASAPFFGFMGVTLSALVFANIGAAV Y-type proton ATPase 16 kDa proteolipid sub	K02155	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	9.473	11	1	6	1	1	171	17.2	4.81
TRINITY_DN338_c1_g1_i3.p1	YNKIYFDGYKIQYDYPSEMQKTPPPFLSTCLVALL ADP-ribosylation factor-like protein 3	K15175	NA	GO:0005730^cellular_component^nucleolus^	8.331	4	2	6	2	2	707	77.7	5.05
TRINITY_DN311_c3_g1_i1.p1	MCKKTGIATMPVLRLLFCQQLLFRVSEAFSTHYR: Hypothetical	K00648	NA	.	1.99	5	1	6	1	1	256	28.2	8.84
TRINITY_DN503_c1_g1_i2.p1	MTEETNNTKVLGRKLEWAENSPALQAHKDHF Probable glutamine-tRNA ligase	K01886	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	13.51	5	2	6	0	2	719	82.5	5.91
TRINITY_DN2851_c2_g1_i1.p2	MDETMDSWTSKLGNSFPREIENLEKSSKAFLDNI Probable ADP-ribosylation factor GTPase-acti	K03000	NA	.	11.165	7	1	6	1	1	195	21.9	6.35
TRINITY_DN2361_c1_g1_i1.p1	MFVFGLMRSSILFTLQATGRTSSRSMSSSITATR. Uncharacterized protein HI_0828	K00264	NA	.	3.135	7	1	6	1	1	140	15.6	7.43
TRINITY_DN663_c2_g1_i3.p1	MNYPF63LILHTFAIASAFSSQKLSTRHITSLNVHS Hypothetical	K01312	NA	.	19.99	24	2	6	0	2	198	21.8	8.32
TRINITY_DN365_c11_g1_i1.p1	MISSLAARLLTTAIRARTSIIPLSRQLNALQITTRS5 50S ribosomal protein L4	K02926	NA	GO:0005840^cellular_component^ribosome^	11.651	7	2	6	2	2	418	46.2	9.32
TRINITY_DN1292_c3_g1_i1.p1	MISASITHALLAMSSITTESFVASIPDPMSSNTPA Hypothetical	K14319	NA	.	6.808	11	2	6	2	2	160	18	4.56
TRINITY_DN519_c0_g1_i3.p2	MSSFHPKLVVPOSKALVGLFTLRDVRTTAPAEAF Uracil phosphoribosyltransferase 1	K00761	NA	.	8.742	10	2	6	5	1	218	24	6.54
TRINITY_DN1384_c0_g1_i1.p2	MIATKPHKQAIYIITAFICLNLRPELVHVAWSF Hypothetical	K16803	NA	.	7.869	6	1	5	0	1	271	30	6.14
TRINITY_DN3532_c0_g1_i1.p1	MFKFIPTFALLTSLSSVSAFSLGPVTTTTGTANTI Probable transcriptional regulatory protein TC	K18953	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	9.523	12	2	5	2	2	290	31.2	4.81
TRINITY_DN522_c2_g1_i1.p1	MADDEGQAAQERKRRLAEWRKRQEEKAAKASE Pre-mRNA-processing ATP-dependent RNA he	K12811	NA	GO:0005634^cellular_component^nucleus^Gt	8.782	4	2	5	0	2	1015	112.4	6.1
TRINITY_DN555_c1_g1_i2.p1	MSNHLGFSNRNDSDSDSDSRYVGGISSQGC Plant UBX domain-containing protein 4	K14012	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	1.731	5	1	5	0	1	282	29.8	5.02
TRINITY_DN208_c0_g1_i1.p1	MFSSLLRVTANKHSTKLMFPVVRNMGVSSSTT NADH-ubiquinone oxidoreductase 20 kDa su	K03940	NA	GO:0005739^cellular_component^mitochonc	13.256	18	2	5	2	2	211	23.3	9.63
TRINITY_DN1819_c0_g2_i1.p1	MITLSLWTLVIAQRMSSHVLAFLNMSNCSCKQ Uncharacterized oxidoreductase YJR096W	K01191	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	11.276	8	2	5	2	2	477	52	8.62
TRINITY_DN1689_c0_g1_i2.p1	MSGDPPSQPNPSTKERTIKVPVPPAITAYLLRLI Tubulin beta chain	K07375	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	3.32	3	2	5	2	2	701	78.5	5.52
TRINITY_DN1413_c0_g1_i2.p1	TTNTAPASVAFDQHTSKAFPTPVQSCQALSGLS Adenylyl cyclase-associated protein	K17261	NA	GO:0005938^cellular_component^cell cortex	9.229	9	2	5	0	1	477	52.2	7.62
TRINITY_DN180_c1_g1_i1.p1	MNASSNVHRLAOSTGVCYPTLFPNELTIQNIQ Autophagy-related protein 11	K08330	NA	GO:1990316^cellular_component^Atg1/ULK1	10.696	2	1	5	0	1	844	93.6	5.88
TRINITY_DN958_c2_g1_i1.p1	HYWNFISAWPCFIIMYQYHPSFLPHINTSYRQ Protophye isomerase, chloroplasic	K00303	NA	GO:0031969^cellular_component^chloroplas	8.243	3	2	5	0	2	723	79.1	6.57
TRINITY_DN3177_c0_g1_i1.p1	MKLSNAIVSALLAAHASAFAPTASVKTTITANSAT Protein of unknown function (DUF3119)	K01872	NA	.	6.235	9	2	5	0	2	255	27.9	6.07
TRINITY_DN2334_c0_g1_i1.p1	MSMQDAANLAVLFFALTQPDVTVAIRNAEATLKP Probable importin subunit beta-4	K20221	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	16.624	5	2	5	0	2	1086	118	4.67
TRINITY_DN4376_c0_g1_i3.p1	MPTLLELLIULTSITSNPESAALWEANAKSGVI: Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase Mip	K02324	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	6.578	16	3	5	1	1	225	24.9	5.67

TRINITY_DN4_c2_g1_i1.p1	MLRSSKAVVYAITLSPFFRFVHSLYTQTS AFLC	Pyridoxal phosphate homeostasis protein	K06997	NA	GO:0030170*cellular_function*pyridoxal p	7.962	8	2	5	0	2	383	42	6.46
TRINITY_DN887_c0_g1_i7.p3	MKKKSYDALLVVYVYLSLRITRIGCGFVVPMPFS	Probable protein phosphatase 2C 64	K10111	NA	.	11.605	6	1	5	1	1	367	41.7	5.25
TRINITY_DN1498_c1_g2_i3.p1	MSTTSITSAFFSPLRQTLQSKNSNSLATTSLGVTEI	Conserved oligomeric Golgi complex subunit 1	K02090	NA	GO:0005801*cellular_component*cis-Golgi n	9.197	2	1	5	0	1	982	108.5	7.31
TRINITY_DN345_c4_g1_i3.p1	MKPSNPNAIFILMATSLLYRVRTAFVPTSTIRRAATTT	Leucine--tRNA ligase	K15078	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	5.687	5	2	5	0	2	925	103.4	5.26
TRINITY_DN653_c0_g1_i3.p1	MLTNNKINPFKPTINIKVSTLNRLSTPPAPSPASS	Lipoyl synthase 1, mitochondrial	K03644	NA	GO:0005739*cellular_component*mitochondr	11.226	7	2	5	0	2	449	49.9	8.5
TRINITY_DN1851_c4_g1_i1.p1	MPAAKIAIQSLYGVHVKSLSEAVAKGIRETGA TCD	Protoplast secreted protein 2	K06809	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	6.302	15	2	5	2	2	203	21.8	5.76
TRINITY_DN734_c0_g1_i1.p1	MLSLHRTGQKISIRATVALTQSFNNLSIRHLSSSVQ	54S ribosomal protein L10, mitochondrial	K02876	NA	GO:0005762*cellular_component*mitochondr	15.291	16	2	5	2	2	267	29.6	10.05
TRINITY_DN2971_c0_g1_i1.p2	MRFFILVTWALRYLVPVAFAPYEGIKKSPSLMTS	dioxygenase (PhyH)	K10704	NA	.	3.616	10	1	5	0	1	207	22.6	9.42
TRINITY_DN726_c13_g2_i1.p1	MKSSLANIFVTLSRLGLEELAFAPHTKTTSSSLR	Hypothetical	K05057	NA	.	12.121	14	2	5	2	2	242	25.7	5.19
TRINITY_DN1022_c1_g1_i1.p1	MILIVKRFDLFAAILLSSSSSTCHGLSVPLRRTKE	Hypothetical	K04649	NA	.	11.601	6	2	5	0	2	506	55.1	5.3
TRINITY_DN740_c0_g1_i2.p1	MKCLASVLLAVLPVGGHTTFLHHSTQKRYGLCLTT	PAP_fibrillin	K03027	PAP_fibrillin	.	7.754	9	2	5	0	2	397	44.5	4.87
TRINITY_DN7851_c0_g1_i1.p1	MSDAIEAILNHLSTSDAVIQDTPFWAASNFDH	Phenylalanine--tRNA ligase alpha subunit, cyt	K01889	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	11.173	8	2	5	0	2	508	57.6	7.17
TRINITY_DN1369_c6_g1_i1.p1	MLRKIVKSAACNGQKLSCKNHNHKSILPATNCLY	ATP-dependent Clp protease ATP-binding sub	K03544	NA	GO:0005524*cellular_function*ATP bindin	7.83	3	2	5	2	2	789	85	6.95
TRINITY_DN3321_c0_g1_i11.p5	MKYAIVEISGQFWIESGKYNNFNRIPTELGKEILN	Protein translocase subunit SecA	K03070	NA	GO:0009570*cellular_component*chloroplas	2.915	9	1	5	1	1	105	12.4	10.29
TRINITY_DN3072_c0_g1_i2.p1	MISNYYLILLNLLVSCFIVASSKEQNEKYKRIAGGC	Farnesylcysteine lyase	K05906	NA	GO:0005764*cellular_component*lysosome'i	8.934	6	2	5	1	2	606	66.2	5.78
TRINITY_DN495_c1_g1_i2.p1	MPKPKGGGKRRNRGGDGEESKRELEFKEEGQI	Eukaryotic translation initiation factor 1A	K03236	NA	GO:0005829*cellular_component*cytosol/GC	13.002	19	1	5	0	1	140	17.8	5.72
TRINITY_DN607_c0_g1_i2.p1	MSNQKEIWSTRLQREILALSEKEDKIDGILPSFI	Hypothetical	K01255	NA	.	15.494	4	1	5	0	1	699	75.1	4.79
TRINITY_DN3553_c0_g1_i3.p1	YRIQSYGIFVLVVAQEKPTIEDDENALLVSSSPKP	Sterol 14-demethylase	K05917	NA	GO:0005783*cellular_component*endoplasm	5.357	7	2	5	0	2	587	66.1	7.49
TRINITY_DN3_c1_g1_i3.p2	MPARKNSSDSPHLLYSFINRISTLTDIDNNMISN	Serine/threonine-protein phosphatase BSU1	K00761	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	11.946	10	2	5	1	2	385	44.2	5.5
TRINITY_DN637_c1_g2_i1.p3	MDCKPFIITLFLSLVCFRSVSGQACSIYDGRSLG	Insulin-degrading enzyme	K01408	NA	GO:0016323*cellular_component*basolatera	13.978	9	2	5	2	2	491	53.4	4.84
TRINITY_DN1969_c1_g1_i1.p1	MIRFPNTAINNGMFLKYARSLNASSFMAASSD	Prostaglandin E synthase 2	K05309	NA	GO:0000139*cellular_component*Golgi mem	6.906	12	2	5	0	2	294	32.9	5.81
TRINITY_DN458_c1_g1_i4.p3	MIRPMAIQVFTTLLGIRITTTAFLHPSLRQKPA	Uncharacterized ribonuclease sl1290	K07055	NA	GO:0000178*cellular_component*exosome (	8.899	13	2	5	2	2	262	28.2	9.03
TRINITY_DN7544_c0_g2_i1.p1	HATHSLRLARTLNLSHSLVFTKPHSNLILF5NFF	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	K00134	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	5.259	6	2	5	0	1	385	42	8.28
TRINITY_DN3389_c0_g1_i1.p1	MIQVKKHLSVMMIMIHLLRSIHVDFCLSFVTRQE	Photosynthetic NDH subunit of subcomplex B	K09838	NA	GO:0009507*cellular_component*chloroplas	6.867	7	2	5	2	2	320	35.7	6.27
TRINITY_DN1717_c0_g1_i2.p1	MKFDHTFLSGLMATTALFAPVETSAFSPHHQQC	Monogalactosylacylglycerol synthase 3, chl	K03715	NA	GO:0009941*cellular_component*chloroplas	6.723	5	2	5	0	2	557	60	6.38
TRINITY_DN1957_c0_g2_i1.p7	MATKYVTLSEEHDIINTINCDDVFLDAEADNC	ATP synthase subunit beta, chloroplastic	K02112	NA	GO:0009535*cellular_component*chloroplas	6.331	46	2	5	2	2	99	10.7	4.12
TRINITY_DN1243_c1_g1_i1.p1	MSWVYLRSDRLTNTISNINMIRFKTSSNVTLFI	Protein phosphatase 2C 41	K03845	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	6.072	7	2	5	2	2	481	51.9	4.89
TRINITY_DN1562_c0_g1_i3.p1	MTPVASDDDSFSDGGYDPSYDVGPRYPVHDACI	Type-2 histone deacetylase 2	K00873	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	8.21	2	2	5	0	2	1085	118	5.57
TRINITY_DN3049_c1_g1_i3.p1	MSSPQLLIAGWNAACGYKRRASGLVALSLFLPTR	Thioredoxin reductase 3	K22182	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	6.968	4	2	5	2	1	610	66.4	6.05
TRINITY_DN2388_c1_g1_i4.p1	MKFI5HVAKILMLCSGFFGQVNSFTSQKTSISVP	Sufe-like protein 1, chloroplastic/mitochondr	K22066	NA	GO:0009507*cellular_component*chloroplas	13.152	6	1	5	0	2	340	37	6.24
TRINITY_DN190_c0_g1_i5.p1	MPRRDRSTVKAIYAKVQDFSDDDIFEDSATEGAJ	ABC transporter E family member 2	K06174	NA	GO:0071339*cellular_component*MLL1 com	7.832	2	2	5	2	2	2521	288.9	5.71
TRINITY_DN967_c0_g1_i1.p1	MKLSIASSVILLSALEIDAYISTRVINKYNIPVSPS	cyclase / dehydrase and lipid transport	K00344	NA	.	14.684	7	2	5	0	2	561	62.3	5.15
TRINITY_DN933_c0_g1_i3.p2	MYCVPRTDSCFVSRDFAFCPQRQAVEFLYSHRV	UTP-RNA uridylyltransferase 1	K01265	NA	GO:0000932*cellular_component*P-body/GC	6.751	12	2	5	0	2	299	34.3	7.12
TRINITY_DN27285_c0_g1_i1.p2	MATFKPKFSQALQADPATRRWYGIATAHLEAH	Photosystem I P700 chlorophyll a apoprotein	K02690	NA	GO:0009535*cellular_component*chloroplas	10.74	6	2	5	2	2	733	82	7.5
TRINITY_DN124_c1_g1_i7.p2	MISLVFSLMLSTGLTFPFLVCAFPILNPRQN	15-cis-phytoene desaturase, chloroplastic/chr	K02793	NA	K02793	10.2	5	2	5	0	2	118	69.2	5.77
TRINITY_DN3907_c1_g1_i1.p1	MKKRINFRKLRGTSAHRWAMLRNMVTSUHYHERI	50S ribosomal protein L17	K00311	NA	GO:0005840*cellular_component*ribosome'i	4.008	15	2	5	2	2	151	17.4	10.73
TRINITY_DN769_c1_g1_i2.p2	MSDANANYNMKEGLOPGTAVTLLDDPNLSC	protein A	K06941	NA	.	17.282	26	2	5	2	2	160	17.5	5.59
TRINITY_DN786_c0_g1_i4.p1	MIKITNYFITLAILFCIACTWKCIVAFSPSSSALL	Hypothetical	K03022	NA	.	4.005	2	1	5	0	1	565	61.1	4.53
TRINITY_DN1650_c0_g1_i1.p1	MKAMMFHRLHPTSCNNISIKVCQKRIVTFSFHV	NADH dehydrogenase (ubiquinone) complex	K03010	NA	GO:0005743*cellular_component*mitochondr	6.886	4	2	5	0	2	423	48	9.16
TRINITY_DN25653_c0_g1_i1.p1	FIYHKLPRPMSFEFDTNIPTTYDFFAEANAEDSGA	Protein translation factor SUI1 homolog	K03113	NA	GO:0003743*cellular_function*translation	2.339	11	1	5	0	2	117	13.3	8.34
TRINITY_DN1078_c1_g1_i2.p1	MNPSTRNRKRRAESQAPADEKQDPTSAVEVVSF	Far upstream element-binding protein 3	K13210	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	5.7	3	2	5	0	2	750	81.1	5.14
TRINITY_DN662_c0_g2_i1.p1	PLNLLQSALKTRSGNGWKLVEYSREGNHGENPHI	FkbM domain	K11086	NA	.	5.516	9	2	5	2	2	129	33.8	6.99
TRINITY_DN809_c0_g1_i1.p1	MKTVTYSLELLVVVGSQAFVPSVWTRGRTSLSTS	Protein of unknown function (DUF2997)	K11863	NA	.	31.968	9	1	5	0	1	222	13.5	5.54
TRINITY_DN3461_c0_g1_i1.p3	MTRGTLITLLMAYAHGQTQPKDYMGRKVSKT	Dynein assembly factor 5, axonemal	K03283	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	4.927	8	2	5	0	2	320	37	9.66
TRINITY_DN16_c6_g1_i1.p1	MVSVFGDFVKDMAGLIAVVLVLGLVMVAGQRPI	HVA22-like protein d	K02575	NA	GO:0016021*cellular_component*integral co	2.261	4	1	5	1	1	354	39.7	5.06
TRINITY_DN129_c11_g1_i1.p1	HYSS2PEKISYKIMNLSAQAFWIHIIITHNLEMSF	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 3	K05609	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	5.417	10	2	5	2	2	287	32.3	5.01
TRINITY_DN2240_c0_g1_i1.p1	MFVNSCAATLIFLVLVTANGFQLFHQTRTATQ	Hypothetical	K15280	NA	.	7.644	14	2	5	0	2	243	26	9.07
TRINITY_DN1865_c0_g1_i2.p1	YHFYKHQKIVFYHVRTLTTNTIQNMSKSAKTKPTN	Probable signal peptidase complex subunit 2	K12947	NA	GO:0005783*cellular_component*endoplasm	11.219	15	2	5	1	1	250	28.9	6.42
TRINITY_DN2638_c0_g1_i1.p1	MFQRTLLPSVINHIIVISLMTTISNNHVQAFHQSA	A1/A4/E domain	K01880	NA	.	13.296	11	3	5	1	3	533	57.9	4.96
TRINITY_DN1342_c0_g1_i3.p1	MFSLASRTSARAIKRTSMKVSAPFASFLSFRAFSA	Cold shock domain-containing protein 4	K18754	NA	GO:0005829*cellular_component*cytosol/GC	9.819	27	2	5	0	2	132	14.7	9.23
TRINITY_DN156_c0_g1_i15.p1	MSSIDNDSKRLIKTSDSTRIGISFSVDGQVKVS	Ubiquitin-conjugating enzyme E2 27	K06580	NA	GO:0005887*cellular_component*integral co	6.499	4	2	5	2	2	534	57.2	4.68
TRINITY_DN1472_c4_g1_i1.p1	MNAQVFFLLLSINHHHTVHAFTGVLPPTTVYSGS	Fructose-1,6-bisphosphatase, chloroplastic	K03841	NA	GO:0048046*cellular_component*apoplast'C	4.863	7	2	5	1	2	454	49.9	5.54
TRINITY_DN2279_c1_g1_i1.p1	MLSPSSNNNNNDDDDVYNDNADVTMTNKN	Probable E3 ubiquitin-protein ligase DDB_G0	K17871	NA	GO:0016740*cellular_function*transferase	2.104	1	1	5	0	1	2011	222.8	5.92
TRINITY_DN1220_c0_g1_i1.p1	MKTFTAVLFALIALDSNNKFSQAFAPSKASTFGL	Ribosome-recycling factor	K07208	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	4.663	7	2	5	2	2	257	28.1	7.9
TRINITY_DN1532_c0_g1_i2.p1	MIDPDLDSNKITLFDVDDDTLDVGVNGFTAHRN	Uncharacterized protein C24811.05	K07025	NA	GO:0005829*cellular_component*cytosol/GC	16.92	16	2	5	0	1	281	31.3	5.07
TRINITY_DN342_c0_g1_i4.p1	VIDPPLCIAMSQVSYSTPEQITDGRVILNTSHGPIR	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CYP57	K12737	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	9.752	11	2	5	1	2	412	46.4	6.19
TRINITY_DN7536_c0_g1_i1.p1	TAAASTLLMRPLSNAAAEIKTDGKAAATSLRSRC	Hypothetical	K21480	NA	.	5.675	9	1	5	1	1	99	10.7	8.12
TRINITY_DN923_c1_g1_i3.p1	MNFYITLIPILPSLIUSSEAFSPTTVSSQSSQLIEN	Protein of unknown function (DUF1995)	K00765	NA	.	10.157	11	2	5	1	1	365	39.9	5.21
TRINITY_DN365_c7_g2_i1.p1	MITSQHDAYVWFDRLSTDVGMVGKNSSLGI	Phosphoenolpyruvate synthase	K02870	NA	GO:0005524*cellular_function*ATP bindin	8.495	3	2	5	2	2	859	94.6	6.11
TRINITY_DN345_c0_g1_i6.p1	GSTLQNIQRTSGILNLLTDQRNLMQEKQISQ	Probable transmembrane GTPase FZO-like, ch	K16803	NA	GO:0009507*cellular_component*chloroplas	7.917	5	2	5	1	2	674	75	6.4
TRINITY_DN462_c2_g1_i1.p1	MFPARLIMTYVISVLGIAGTLPILFQKRLNFMGFF	Membrane-associated progesterone receptor	K17278	NA	GO:0044297*cellular_component*cell body (	8.94	17	2	5	2	2	238	26.7	7.18
TRINITY_DN2915_c0_g1_i4.p1	LETLNTTQPTTKAKITMLSSLKGVILFLTVHSCVA	type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase/CLD	K16290	NA	.	9.481	4	1	5	1	1	394	43.8	5.11
TRINITY_DN849_c1_g1_i1.p1	MISSNRTKLLFVSSFCYGTFLFLSLVCCCLPTTVI	phospholipase	K00472	NA	.	4.518	4	2	5	0	2	623	70	8.82
TRINITY_DN1894_c2_g1_i1.p1	MGESIASEVIAASGGAFSASALYPLEVLTKMQAI	Peroxisomal adenine nucleotide carrier 1	K15449	NA	GO:0005779*cellular_component*integral co	6.576	9	2	5	2	2	349	38.1	8.25
TRINITY_DN566_c1_g1_i1.p1	MSSNLNLNALSDPKVFTFDELLHSLPAHQTSST	COP9 signalosome complex subunit 7	K12180	NA	GO:0008180*cellular_component*COP9 sign	4.805	5	1	5	1	1	310	34.3	6.61
TRINITY_DN520_c2_g1_i1.p1	MKHPSTYANDSSATSGFHTFIYATDNYNAIC	repeat	K14570	NA	.	4.793	2	1	5	1	1	653	71.9	5.16
TRINITY_DN1813_c5_g1_i1.p1	MVIIDPPELTLLRQALNANEGADEEEMELIAYV	[NU+] prion formation protein 1	K03235	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	3.837	4	2	5	2	2	743	83.2	5.81

TRINITY_DN1983_c0_g1_i10.p3	MTMIAKRCLVIALPILKIGRIHSFSSASSVAFLPFSH Dipeptidyl aminopeptidase BIII	K03100	NA	.	8.544	10	2	5	0	2	411	46	6.4
TRINITY_DN184_c4_g1_i1.p1	MPPKRKRTEPAVSPQESKSKETKEERKRIEAQKIR Hypothetical	K03949	NA	.	6.216	5	2	5	2	2	722	80.5	8.91
TRINITY_DN419_c4_g1_i2.p1	MSTFVRLVLSAAVSLVNAFAMSLIPTVSSSSSI Ferredoxin-thioredoxin reductase catalytic ch	K15111	NA	GO:0009507*cellular_component*chloroplas	7.729	13	2	5	1	2	186	20.6	6.52
TRINITY_DN120_c3_g1_i1.p1	MEQNIIGRIQTITTAASNEAPPHMGERGQSGVGLLH 5'-AMP-activated protein kinase subunit gam	K07200	NA	GO:0006633*biological_process*fatty acid bi	3.343	3	1	5	0	1	380	42.9	6.87
TRINITY_DN430_c2_g1_i1.p1	MTAKDTSHGGAARVTRFRCSELGHEAVFMI Alpha, alpha-trehalose-phosphate synthase [L	K16055	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	7.246	2	2	5	0	2	1245	139.2	7.4
TRINITY_DN430_c3_g1_i1.p1	MROITALLIFALKMPWFAPSAKSMFLRSSNNI TLD	K16025	TLD	.	5.602	5	1	5	1	1	321	35.8	7.27
TRINITY_DN1375_c2_g1_i5.p1	MSLFHLSKSRASAVRKKVAVWVKHNTTMSALS NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfo	K03941	NA	GO:0005747*cellular_component*mitochondr	5.933	10	2	5	2	2	222	25.2	6.96
TRINITY_DN3226_c0_g2_i4.p1	MLPLLSLRAAENSPMLVELKSGETYNRLNCDVU 5n rRNA-associated 5m-like protein Lsm4	K12623	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	6.411	26	2	5	1	1	105	11.4	8.31
TRINITY_DN1853_c0_g1_i2.p1	MSDITKTSSARPTLNSVFFSIILRPFVASIQPIWK Superoxide-generating NADPH oxidase heavy	K00521	NA	GO:0016021*cellular_component*integral co	8.358	6	2	5	0	2	531	59.2	7.72
TRINITY_DN258_c1_g1_i1.p1	VQOQLKRRKTKTKRRPKTSTQHEQEQLPQEE Inositol polyphosphate 5-phosphatase E	K15104	NA	GO:0032153*cellular_component*cell divisio	1.294	1	1	5	0	1	1187	132.8	4.7
TRINITY_DN359_c4_g1_i1.p1	MRISSKIFALALIVGAAHQKSLCFAPSCYSKK Magnesium-chelatase subunit H	K03403	NA	GO:0005524*molecular_function*ATP bindin	8.399	2	2	5	2	2	1464	161.5	6.32
TRINITY_DN3357_c0_g1_i1.p1	MSSNDESSPSSSRQREVRRRRLQAEFLDLRECA DNA replication licensing factor MCM2	K02540	NA	GO:0042555*cellular_component*MCM com	4.985	4	2	5	2	2	1009	114.1	5.24
TRINITY_DN88_c3_g1_i1.p1	MERPNFYQPKSRNRYNRNRSKYLSPMTMLI UDP-glucuronic acid decarboxylase 1	K08678	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	8.594	5	2	5	1	2	511	57	6.65
TRINITY_DN29080_c0_g1_i1.p1	MYSLLQLFSLNIDQETLLNFFGLDDPNVSLNSFI Uncharacterized protein ycf90	K10753	NA	GO:0009507*cellular_component*chloroplas	9.478	4	1	5	1	1	415	49.6	8.84
TRINITY_DN923_c1_g1_i1.p1	MNFYTLIILPSILISSEAFSP7TVSSSQSSHHYAY Protein of unknown function (DUF1995)	K00765	NA	.	11.683	11	2	5	1	1	370	40.6	5.29
TRINITY_DN1568_c2_g1_i3.p1	MTTKRNSINCIDTIPVNSSSASAEKLLKSCQNH Cystathionine beta-synthase	K01697	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	7.411	4	2	5	0	2	557	61	6.92
TRINITY_DN2993_c0_g1_i1.p1	MDSHMSFFFFVLLSLLVTRSHSFSAVNSKTSINF Hypothetical	K00863	NA	.	7.533	16	5	2	2	2	247	28	6.09
TRINITY_DN47_c5_g1_i6.p1	MSHTAAYDMQIKLLMGDSDGVGKTCLLRLYANDS Ras-related protein Rab-8A	K07901	NA	GO:0031164*cellular_component*contractile	9.001	11	2	5	2	2	205	22.9	7.83
TRINITY_DN651_c0_g1_i3.p1	MCCFTKLSDDIQLWRPNFVTRFLLSIFYAWDLA Cytochrome P450 71B1	K15463	NA	GO:0020037*molecular_function*heme bind	5.964	11	2	5	2	2	414	46.6	8.56
TRINITY_DN599_c0_g1_i2.p1	MQSSISYKRTKRGGSGFGDIYLVGGANGKAVV Casein kinase I	K08959	NA	GO:0005524*molecular_function*ATP bindin	13.148	11	2	5	0	2	332	37.8	8.63
TRINITY_DN3521_c0_g1_i1.p1	MASAAVYQNTNYPSSGVPVPPQGSGGGGAPVPSDY Beta-adaptin-like protein A	K18953	NA	GO:0030131*cellular_component*clathrin ad	10.306	5	2	5	1	2	826	91.2	5.39
TRINITY_DN1557_c0_g1_i1.p1	MFRLSFLIATVGYAASLSAQPTMAFVSHVSRHT Protein PAM71-homolog, chloroplastic	K02957	NA	GO:0009507*cellular_component*chloroplas	18.474	8	1	5	0	1	341	35.8	6.43
TRINITY_DN1485_c1_g1_i6.p1	MSGHFRLLNGEMAKGEALGKIFIVGEMVSDCC factor A protein 3	K03347	NA	.	7.493	28	2	5	2	2	109	12	5.16
TRINITY_DN2669_c3_g1_i2.p1	MQYRPLLQALAAFTCLAVNCCAAPSLPEIDVDA Hypothetical	K12589	NA	.	7.275	14	2	5	2	2	228	25.2	8.84
TRINITY_DN2664_c1_g1_i3.p1	MTKDENPQAGKGIPLPKETDLFRSVVHYECKQ N-terminal acetyltransferase A complex auxiii	K02792	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	7.532	4	2	5	0	2	898	102.9	7.15
TRINITY_DN1426_c3_g1_i3.p1	MKISIKICVAFVFFLLGSGVNAAVFGILEKKYTF RNA-binding protein 42	K03839	NA	.	7.171	23	2	5	0	2	186	21.5	5.4
TRINITY_DN778_c3_g1_i1.p1	MRRILSALLIATSLGHSLEEDKRELYSARGHKWF Hypothetical	K03178	NA	.	6.702	11	2	5	2	2	343	39.5	5.2
TRINITY_DN4007_c2_g1_i1.p1	MTITTTSTATSEAREIDLAMSLQLHLKQSE Probable prefoldin subunit 5	K40797	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	6.918	18	2	5	2	2	172	19.2	8.85
TRINITY_DN4376_c0_g1_i1.p1	MPTLLFLLLTLITTSINPESAAWLEENAKKSGVIS Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase Mip	K02324	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	7.092	16	3	5	1	1	225	24.9	5.67
TRINITY_DN521_c6_g1_i1.p1	MNNSIVKNDDDPATAADFLRPEEQENPHDTPP associated domain	K08679	NA	.	9.686	3	2	5	2	2	934	107.5	5.62
TRINITY_DN1506_c0_g1_i2.p1	MSPNEPVLSSASLQEGSSSTTTATTTTCTTNA tRNA-dihydrouridine(47) synthase [NAD(P)](+)	K05544	NA	GO:0050660*molecular_function*flavin aden	9.288	5	2	5	0	2	686	76.8	7.47
TRINITY_DN406_c2_g1_i1.p1	MFKLIKTRFQRSKAKTMSKESKLIIGVAGGAS Coenzyme A disulfide reductase	K06972	NA	GO:0005623*cellular_component*cell GO:00	11.435	7	2	5	0	2	583	63.2	7.21
TRINITY_DN283_c4_g2_i1.p1	MFSKSSSTKISAPLPSFLGNHSHKESVILAVTLCLV Monoglyceride lipase	K10357	NA	GO:0005829*cellular_component*cytosol GC	2.221	2	1	5	0	1	444	49.6	6.64
TRINITY_DN1380_c2_g1_i2.p2	MRAMTMCFLRNRFTNRNTHNVPSPRKKGNTR Rhodanese domain-containing protein CG445	K14545	NA	GO:0016021*cellular_component*integral co	11.506	16	2	5	2	2	222	24.9	8.54
TRINITY_DN474_c2_g1_i1.p1	MMCTCTRHLPLVSSFAMPALLLALVLLLENYTTC Probable prolyl 4-hydroxylase 3	K01265	NA	GO:0005783*cellular_component*endoplasm	11.102	6	2	5	2	2	562	62	5.1
TRINITY_DN678_c0_g1_i4.p1	MSSEISRLTEGQSSKLSKQIFQIRDRSEADSLID) Hypothetical	K17686	NA	.	9.915	9	3	5	0	3	622	68.1	9.36
TRINITY_DN960_c0_g1_i2.p1	MHRYOQQEQQQEQQQQQQQPQHPHGVCY Protein transport protein SEC16B homolog	K13993	NA	GO:0070971*cellular_component*endoplasm	4.965	2	2	5	0	2	1921	209.6	6.61
TRINITY_DN2553_c0_g1_i1.p1	MPSYSSSTNTQSSITGRVDGIDAFLTQIESKLRQPI Hypothetical	K08678	NA	.	10.456	6	2	5	2	2	440	47.3	5.82
TRINITY_DN3406_c0_g1_i2.p1	MSDAALRNELLEIKGNPSGHOTDPKVIIEFSSKLM Malate dehydrogenase	K15276	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	7.188	5	2	5	0	2	456	49.3	5.5
TRINITY_DN98_c2_g1_i2.p1	MSHKDPEEPTPASKPAILRIHPDKKGIVAFAFSQI Formyltetrahydrofolate deformylase	K12821	NA	GO:0008864*molecular_function*formyltetra	10.858	11	2	5	2	2	297	33.9	5.63
TRINITY_DN2652_c0_g1_i1.p1	MDKYRTNRNIGQQRGSQSYTYATLKVKAALILIP Uncharacterized protein slr0005	K17743	NA	GO:0005524*molecular_function*ATP bindin	6.827	3	2	5	2	2	1020	111	5.41
TRINITY_DN1131_c1_g1_i3.p1	VRYTLLTFSFSEQASNTNIMSSIEHRLNALESMLI Hypothetical	K00789	NA	.	9.77	9	2	5	0	2	269	29.7	5.14
TRINITY_DN2274_c0_g1_i3.p1	MKSTFHWSIIILVLSQYCTFLHQYIAAPFKPSTFG Hypothetical	K00128	NA	.	7.439	2	2	5	0	2	1174	131.2	5.49
TRINITY_DN964_c0_g1_i1.p1	MTSSIMSKCLVFLATSWCKTSTFAVTIGMQPLRE Hypothetical	K00266	NA	.	9.682	13	2	5	0	2	303	32.4	4.94
TRINITY_DN610_c0_g1_i11.p1	MTTYLLVTCISLSCAVVSSFLHPTRRSPGQKW Transmembrane protein 19	K11275	NA	.	5.858	6	2	5	0	2	615	68.7	4.61
TRINITY_DN625_c2_g1_i1.p1	LESAGTSQDCTFHREGSSTAGSSSSSSSFSDDGC carboxypeptidase	K11173	NA	.	8.47	5	2	5	2	2	671	76	5.24
TRINITY_DN2197_c0_g1_i1.p1	PSPOKPKERKXKFNQSHESIIRHATSATTQERNK Hypothetical	K13303	NA	.	7.827	15	2	5	2	2	207	24.5	7.08
TRINITY_DN2083_c2_g1_i1.p1	MTSLQAVEATVSNPPGVPVATRHVDISPGVS Hypothetical	K04508	NA	.	7.062	8	2	5	2	2	388	43.4	5.88
TRINITY_DN1062_c0_g1_i1.p1	MMKEMTMNQIFESESKKDLRLKLESFTRHQSH Phosphopantothenate--cysteine ligase 2	K01922	NA	GO:0004632*molecular_function*phosphop	8.636	5	2	5	2	2	500	56.3	6.76
TRINITY_DN1818_c1_g1_i2.p1	MKVYTLLLLALTSIQNTLTAFTGSSSPLNREVSRK Uncharacterized protein slr0889	K08869	NA	GO:0005524*molecular_function*ATP bindin	6.361	7	2	5	0	2	589	65.2	8.85
TRINITY_DN3410_c2_g2_i1.p1	SILEVNGAIIAMSGKNVCGIACDKRLGAQAQTVS Proteasome subunit beta type-3	K02735	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	14.82	11	2	5	2	2	202	22.4	5.05
TRINITY_DN920_c0_g1_i1.p1	MTSNQDTQIASDQSKLQCAARDQSEDLTRQLNC ATP-dependent DNA helicase DDM1	K11644	NA	GO:000786*cellular_component*nucleosom	5.965	3	2	4	2	2	851	95.5	5.97
TRINITY_DN2045_c1_g1_i9.p1	MNKILGPDPAVMDAIGRKNVFFDIEMGEGPI Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase H	K09567	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	3.257	12	2	4	1	1	197	21.8	7.62
TRINITY_DN698_c2_g1_i1.p1	MGTIKDASNIAPKPFREDVKAIQELQKAGIEAPLL Methy	K00295	NA	GO:0005829*cellular_component*cytosol GC	7.352	11	2	4	0	2	367	41.1	7.65
TRINITY_DN202_c0_g1_i2.p1	MEESLVIQDLRRLLTGSPQPHNDLNNNNNIN Translation initiation factor elf-2B subunit alq	K03239	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	4.903	6	1	4	1	1	367	39.8	5.45
TRINITY_DN3272_c0_g2_i1.p1	MDAIKTTQVIERMITSEKTRGMKVLLDAFTQI Vacuolar protein sorting-associated protein 4	K12479	NA	GO:0010008*cellular_component*endosome	7.252	3	1	4	0	1	588	65.8	6.87
TRINITY_DN1945_c0_g1_i2.p1	MVVQGIIRPPPEIRAVADKTSFVAKNRRGFETRI Probable splicing factor 3A subunit 1	K12825	NA	GO:0071013*cellular_component*catalytic st	10.474	5	2	4	0	2	716	79.4	5.41
TRINITY_DN1242_c2_g1_i1.p1	MSASNTTEGEQTSLSFQSDITGDFSSRDIPIKVFIEDI Prefoldin subunit 3	K03038	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	5.721	12	2	4	2	2	201	22.6	5.38
TRINITY_DN627_c2_g1_i1.p1	MRSFSGGS627VQNTNANVILVSWFLVSLKNNINHS [Fructose-bisphosphate aldolase]-lysine N-me	K03403	NA	GO:0009507*cellular_component*chloroplas	4.504	3	2	4	2	2	647	72.7	6
TRINITY_DN2398_c0_g1_i1.p1	FKSNMNSFHLISISISGHGKTLFLNLFNPKSMS NIPSNAP	K10206	NIPSNAP	.	7.069	10	2	4	0	2	283	31.9	9.25
TRINITY_DN67_c0_g1_i2.p1	MSDPSSLHHIDASYSYVAVGQGNEEFHNSF associated domain	K13354	NA	.	12.573	2	2	4	0	2	1270	146.2	9.52
TRINITY_DN344_c8_g1_i1.p1	MSTRATASAGAKPPLYKIVMLGDSVGKTSVLARLT Ras-related protein Rab-13	K03363	NA	GO:0005923*cellular_component*bicellular t	5.011	9	2	4	2	2	222	24.1	6.93
TRINITY_DN1961_c0_g2_i1.p1	MLSLYFAPNSKQAIAKQASKQTLNCKFQSKYHYRIV Thioredoxin domain-containing protein	K14563	NA	GO:0005789*cellular_component*endoplasm	7.407	7	2	4	0	2	301	34.2	9.83
TRINITY_DN184_c1_g1_i3.p1	MVLDTLSEITESKQDLVLAIAIVGKSCDECTAE Acidic ribosomal protein	K10873	NA	.	8.537	43	2	4	2	2	123	11.7	3.85
TRINITY_DN1836_c0_g1_i1.p1	MRLISVIAAFVSSSHSCFAFTIHGGLSARKQSLM antioxidant enzyme	K12184	NA	.	7.669	11	2	4	2	2	399	44	5.1
TRINITY_DN364_c0_g1_i1.p2	MKLSILVAAASCLTAQAFVGSQRAPIKRISSNPALVI Arogenate dehydratase/prephenate dehydrat	K00262	NA	GO:0009507*cellular_component*chloroplas	11.635	14	2	4	1	2	237	25.6	9.79
TRINITY_DN365_c3_g1_i1.p1	MTSNAAIADTLVLSALESDFLFFLLSLPPHQIH Hypothetical	K23802	NA	.	6.013	11	1	4	1	1	211	22.7	4.63

TRINITY_DN3177_c1_g1_i1.p1	MTKSPIEISIKPIPKSVEDETEEAIPAATARGDI Phosphatidylglycerophosphate and protein	K14165	NA	GO:0005743^cellular_component^mitochondr	9.045	13	2	4	2	2	368	41	5.76
TRINITY_DN2097_c2_g1_i1.p1	MLYQLLAVATAAPIGLICAFTPVSPISRCSTSTRQLL Hypothetical	K08994	NA	.	5.459	4	1	4	1	1	498	54	5.12
TRINITY_DN701_c0_g1_i5.p4	MGNQCQTKAITSGAVAAPPASSSDQRKPREATSTP Vacuolar protein sorting-associated protein 8	K20178	NA	GO:0033263^cellular_component^CORVET cc	7.191	10	1	4	1	1	214	22.6	4.5
TRINITY_DN2104_c0_g1_i5.p1	RTLTYLFLGIIEDSDFLQIGIMATFVKAVYICCFNLI protein	K00215	NA	.	6.939	6	1	4	0	1	226	25.1	8
TRINITY_DN631_c0_g1_i1.p1	MATSPFTKLLVLYCCSATAFSFLSRSSQPVFST: Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP5	K01834	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	4.238	9	1	4	0	1	295	32	6.93
TRINITY_DN365_c1_g1_i8.p1	MSTRNLNSVIRNITGLNQVESDALKAAAGLTQED Parafibromin	K15175	NA	GO:0000943^cellular_component^retrotransj	3.849	2	2	4	2	2	1795	205.5	8.48
TRINITY_DN227_c3_g1_i1.p1	MVIPMNLTHLICIDIVHGFTMSRTMAIRSKAANSK Formate acetyltransferase	K02934	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	8.164	4	2	4	1	2	1202	133.2	6.07
TRINITY_DN3494_c0_g1_i1.p1	MSGPIEQNSSGGSPFFEDPADDPNGELPDDVP Nucleosome assembly protein 1	K11279	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	11.513	8	1	4	1	1	383	43.6	4.36
TRINITY_DN3478_c0_g1_i1.p1	DEFILTYQKTKATNRQTIQQTIVIMTQIQFNKSA ER membrane protein complex subunit 8/9 hc	K23569	NA	GO:0005783^cellular_component^endoplasm	7.967	10	1	4	1	1	282	31.6	4.84
TRINITY_DN2045_c1_g1_i7.p1	MNKILLGPDPAVMDAIGRGNKVVFDEIEMGEPGI Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase H	K09567	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	5.318	12	2	4	0	1	197	21.8	7.59
TRINITY_DN780_c1_g1_i1.p1	MKKPTRMRQPLLRVIVVLLYSIAALSSSFSAS domain	K07889	NA	.	4.194	8	2	4	2	2	355	39.9	7.56
TRINITY_DN539_c1_g1_i5.p2	MKISALAFCLPAPANAVFPSSSVYTPVRVATPGLS Probable sodium/metabolite cotransporter B	K03453	NA	.	3.343	4	2	4	2	2	413	43.5	9.47
TRINITY_DN2369_c0_g1_i1.p1	MDASSSRIRKARPPALTDSEVRHVASVDIIPSAI Mitotic spindle assembly checkpoint protein 1	K03868	NA	GO:0000777^cellular_component^condense	8.149	4	2	4	0	2	732	83.7	6.89
TRINITY_DN127_c2_g1_i1.p1	MSKLANNDNSFLSTDIRITSKAFEASVSKLDFIPAV Beta-catenin-like protein 1	K12864	NA	GO:0005654^cellular_component^nucleoplas	5.618	3	1	4	1	1	715	80.4	5.35
TRINITY_DN3462_c1_g2_i1.p1	MRDKFTFIRRAQLEAKSSQKRCVSKIAVFLASCF type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase/CLD	K13110	NA	.	2.758	4	1	4	1	1	243	27.2	5.48
TRINITY_DN898_c2_g1_i1.p1	MEAVIEQIALYAPASSKIEEKSEASKNQMQTAGC Hypothetical	K03857	NA	.	8.468	27	2	4	0	2	176	18.5	6.04
TRINITY_DN8202_c0_g1_i6.p1	MQRNLYTIKQFLESEFSLRGNISGNGPPPLAILI Se	K23266	NA	.	5.76	17	2	4	2	2	139	15.8	9.47
TRINITY_DN2187_c0_g1_i3.p1	LYHLFQRNFIFRTHYKIKVSQNKVAMIDKSLNI Hypothetical	K15171	NA	.	6.35	15	2	4	2	2	147	17.3	9.45
TRINITY_DN3307_c0_g1_i2.p1	MRLVISQHVSVGVGNKAAVPLQLLGFDDVDVH Pyridoxal kinase	K00868	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	9.281	8	1	4	0	1	297	32.8	5.86
TRINITY_DN1804_c1_g1_i1.p1	MASKKTKTPAALKLVKCGWVGARIPVPSTIIESI Tether containing UBX domain for GLUT4	K02875	NA	GO:0009898^cellular_component^cytoplasm	7.105	6	2	4	0	2	588	65.1	8.24
TRINITY_DN1374_c0_g1_i6.p1	MSTKIKRSFASHEPDERWERYCLFPPSLTLQPPNNQY DNA polymerase delta small subunit	K02328	NA	GO:0043625^cellular_component^delta DNA	10.193	5	2	4	1	2	493	53.7	5.16
TRINITY_DN480_c2_g1_i3.p1	MFYFAFTFIQSVAAVSSPAAYGVGKPSFDAW PAP_fibrillin	K04482	PAP_fibrillin	.	2.889	5	1	4	0	1	285	31.7	9.79
TRINITY_DN521_c0_g1_i1.p1	FGSTTHDRRLSFFGGQRPVADTTTTTISTLTNAI Cytochrome c6	K08906	NA	GO:0009543^cellular_component^chloroplas	7.905	24	2	4	2	2	190	20.2	7.58
TRINITY_DN1085_c2_g1_i3.p1	MKLTASTYLHLLPLSFWAFVNSLDGNFPSSSRSS Vesicle-fusing ATPase 2	K01948	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	5.878	6	2	4	0	2	673	72.6	5.33
TRINITY_DN352_c3_g1_i9.p1	MKAIPIRATASMCLITYSMVYMRNHRQYFLAN Putative DUF21 domain-containing protein At	K00001	NA	GO:0009941^cellular_component^chloroplas	15.622	3	1	4	0	1	777	86.5	6.24
TRINITY_DN2472_c0_g2_i1.p1	VGYCHNTQHEIKTKCTRSRLINQLMKLHLHLTYL Hypothetical	K12392	NA	.	5.514	13	2	4	2	2	379	42.6	5.31
TRINITY_DN2031_c1_g1_i2.p1	MLEEVHRPKSEPAEVAKAIEFFRQDFLYGGKGSJ Hypothetical	K12870	NA	.	6.392	4	2	4	0	2	933	106	8.21
TRINITY_DN3364_c0_g1_i1.p1	MARNLPTGGYLLTNPDLANERTLATFDPLKITHL Peroxisomal acyl-coenzyme A oxidase 1	K00232	NA	GO:0005782^cellular_component^peroxisom	3.472	2	2	4	2	2	687	77.1	7.25
TRINITY_DN98_c3_g1_i1.p1	MERYQMKMEIGEGTVGVYKAKDRVTGEIVALKKI Cyclin-dependent kinase 5 homolog	K04563	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	7.878	7	1	4	1	1	295	33.4	6.8
TRINITY_DN753_c0_g1_i5.p1	INKHIIISIGETMVQQLSLVILFISLTAHAFVIVI Hypothetical	K21480	NA	.	10.063	13	1	4	0	1	201	22.1	6.1
TRINITY_DN293_c3_g1_i1.p1	MNADILAMLNGSPVSNRSTESQPKTLFSKAGK Proteasomal ubiquitin receptor ADRM1	K06691	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	5.279	9	2	4	2	2	454	49	4.81
TRINITY_DN3923_c0_g1_i1.p1	MPSTYLPNGQPPLHFCARCGKHFMTCCGCGLSH Hypothetical	K00222	NA	.	6.783	16	2	4	2	2	210	23.9	6.2
TRINITY_DN2086_c0_g1_i2.p1	MNPEERKELFNWTKWQGRILTCNGQATFYTREI Hypothetical	K00357	NA	.	6.517	6	1	4	1	1	399	46.1	6.57
TRINITY_DN2218_c1_g1_i2.p1	IYPGMQFTSVFIKYMIGDRMSLNDCCYVPAWF Dolichyl-diphosphooligosaccharide-protein g	K07151	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	7.307	2	2	4	0	2	899	100.8	8.85
TRINITY_DN945_c0_g1_i6.p1	AVAVASIKQEDYCLVDLSRLKEICQNSRCSAAIC Protein purity of essence	K10691	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	1.499	0	1	4	0	1	4883	541.1	6.73
TRINITY_DN3074_c2_g1_i1.p1	SSTGTLNLAHRSVYETHLILIKSREKERERERSKL Hypothetical	K17301	NA	.	4.707	5	2	4	0	2	524	58.4	8.59
TRINITY_DN27626_c0_g1_i1.p1	APTIFCNLSILHYLVSFLVFCMLIEKMKYSLVLLTIC Hypothetical	K14298	NA	.	3.491	7	1	4	1	1	242	26.7	8.13
TRINITY_DN1995_c0_g1_i2.p1	YQSFIYTKHSINGSIMLKLYILFISALICNVSSDAI Hypothetical	K01537	NA	.	12.669	13	2	4	0	2	359	39.1	7.01
TRINITY_DN649_c0_g1_i4.p2	MKMMLPISAITHVRRRFLPCQSRYAKLISALLKQH Succinyl-CoA:3-ketoacid coenzyme A transfer	K11840	NA	.	5.309	4	1	4	0	1	529	56.9	7.39
TRINITY_DN169_c3_g1_i2.p2	MNKFISFTMASMLAKHWGNSHVASAFPIRVSIV DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 39	K03094	NA	.	7.262	4	2	4	0	2	724	78.2	9.27
TRINITY_DN653_c1_g1_i3.p1	MPAVKRNSYMSYYSYLRVLQCALSLATATDFY Dnal protein homolog	K03644	NA	GO:0005783^cellular_component^endoplasm	9.103	6	1	4	1	1	381	43	6.64
TRINITY_DN220_c7_g1_i1.p1	VDKLTGFVVGTDMGMILYQFHTVSSGSGSGGI Vacuolar protein sorting-associated protein 1	K20179	NA	GO:0005884^cellular_component^actin filam	3.534	2	1	4	0	1	939	102.7	5.86
TRINITY_DN3174_c1_g1_i1.p1	MKRALSIKQTFNSKSTSTTTLLKYDKTSKRYLHV Cysteine synthase, chloroplastic/chromoplast	K01872	NA	GO:0009570^cellular_component^chloroplas	5.926	4	2	4	2	2	992	42.6	6.8
TRINITY_DN1355_c1_g1_i1.p1	MKISHLSVLTLFGFTITTTALLSTAPSRVGDTSR Putative zinc metalloprotease slr1821	K11308	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	4.858	5	2	4	0	2	592	62.8	6.37
TRINITY_DN3744_c0_g1_i1.p1	MSNSSPTASTVNSTEKVKVNFYDESSTSISESNS Hypothetical	K18681	NA	.	9.545	11	2	4	2	2	440	48.6	6.15
TRINITY_DN1208_c4_g1_i2.p1	PHVKCQPSVEHQCTVYRVTLFDGRELNEQQLIN winged helix domain	K02327	NA	.	13.96	14	2	4	0	2	332	36.6	9.48
TRINITY_DN1842_c0_g1_i5.p1	MIHQQLVFCQCKTQLSNKASHYSYKTKRSLPLTA Probable zinc metalloprotease EGY1, chloropl	K13412	NA	GO:0031969^cellular_component^chloroplas	6.19	3	2	4	0	2	896	98.5	5.67
TRINITY_DN1245_c0_g1_i5.p1	MSESTQSHLTKDQLASLDVTKLTALTEPVSIRQATI Eukaryotic translation initiation factor 2 subu	K03242	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	13.942	9	2	4	0	2	467	50.4	8.76
TRINITY_DN107_c8_g1_i3.p1	GEQDNTSNHDALGTLLDTPMSKEEIKDLASLANC domain	K13099	NA	.	8.262	7	1	4	0	1	284	31.6	5
TRINITY_DN158_c0_g1_i1.p1	MLEKPIFISADETITTKVNLDESDSYRSCQLCWKO Hypothetical	K14001	NA	.	5.239	23	1	4	1	1	106	11.6	4.59
TRINITY_DN98_c7_g1_i5.p1	MEDDHNNQDQVQIMDNGNKKLSQYFDGCTGE Digalactosyl diacylglycerol synthase 1, chlorop	K01802	NA	GO:0009707^cellular_component^chloroplas	3.61	2	1	4	0	1	961	107.3	5.01
TRINITY_DN443_c1_g1_i1.p1	MYSRLRPPSSREFYLFFLSAFLRFVFTGTLHLS Neutral alpha-glucosidase AB	K05546	NA	GO:0005783^cellular_component^endoplasm	4.9	3	2	4	0	2	1237	141.4	5.47
TRINITY_DN3203_c0_g1_i2.p1	MAAAAGKDSSIKLVLLVAWVYAGNTPFVYVYNNK Xylulose 5-phosphate/phosphate translocato	K03841	NA	GO:0031969^cellular_component^chloroplas	4.262	9	2	4	0	2	325	34	9.04
TRINITY_DN303_c0_g1_i2.p1	MKIRPNILLIADDVGTADVPYGVWGNIVDPNL N-acetylgalactosamine-6-O-sulfatase	K01135	NA	GO:0008484^molecular_function^sulfur est	4.115	2	1	4	1	1	523	58.8	5.34
TRINITY_DN1054_c0_g1_i3.p2	MSSASSTSQIQLGFVTLSSKQPTGGGAAAAA Hypothetical	K00134	NA	.	6.444	21	2	4	0	2	195	20.7	5.6
TRINITY_DN2018_c1_g1_i2.p1	MGTCSMKNKSAVLAGDANKLEGPNSTNYNTAK Calcium-dependent protein kinase 27	K13412	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	10.155	2	1	4	0	1	1035	115.8	5.99
TRINITY_DN726_c11_g1_i1.p1	MDLSMKMFREIPSVISYHWKNSLWPMIIYSLS Stearyl-CoA desaturase 5	K00507	NA	GO:0005789^cellular_component^endoplasm	5.327	15	2	4	1	2	333	38.3	8.6
TRINITY_DN1882_c1_g1_i1.p1	MATFNDRNGRTSANTNNDNSFEEGQRAAA DNA replication licensing factor MCM6	K02542	NA	GO:0042555^cellular_component^MCM com	6.967	3	1	4	1	1	988	111.3	5.25
TRINITY_DN730_c0_g1_i2.p1	MISMFKSHELTSCKGFRYKYSARAVFRSVAFVAL Sodium/potassium/calcium exchanger Nckx3	K12391	NA	GO:0005887^cellular_component^integral co	11.667	4	1	4	0	1	660	74.2	4.82
TRINITY_DN1817_c1_g1_i5.p2	MQLLIALCILPFSHFVFPKSRLCDGRGKTQSSI Glutathione S-transferase domain-containing	K00963	NA	.	10.372	9	1	4	0	1	245	27.1	7.21
TRINITY_DN2706_c5_g1_i2.p1	MNHMPITRRRRRRRQRFPSPYLLPLLPUSFGIRMT Thioredoxin domain-containing protein 5 hon	K00266	NA	GO:0009986^cellular_component^cell surfac	9.416	12	3	4	0	3	695	78	6.28
TRINITY_DN3506_c0_g1_i5.p2	MKVYQAPVLFLLQVPCSIQAASSLRTDFMDFYDI 28 kDa ribonucleoprotein, chloroplastic	K14411	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	4.384	7	1	4	0	1	199	22.3	3.83
TRINITY_DN4645_c0_g1_i2.p1	TTGLDQGAELPWVYVLYCEQDVGGLCNHGEGV Hypothetical	K16302	NA	.	4.448	14	1	4	1	1	153	17.5	6.13
TRINITY_DN1564_c0_g1_i1.p1	MMSKQYLVAFKRRLSLSPAALNAVLLNSVNS DNA polymerase epsilon subunit B	K02325	NA	.	5.39	4	2	4	0	2	580	64.5	5
TRINITY_DN775_c2_g1_i1.p1	MLTKVAIMKANQSKLPFILMTTMSYTI RMGSSL Succinate-semialdehyde dehydrogenase [NAC	K08568	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	5.089	5	2	4	0	2	537	58.1	6.55
TRINITY_DN955_c3_g1_i2.p1	MKRATHYLLFVCLYCHNVNSFAPRFATNGRSI 2,3-bisphosphoglycerate-dependent phospho	K01834	NA	GO:0046538^molecular_function^2,3-bispho-	3.612	4	2	4	0	2	761	86.9	8.15
TRINITY_DN873_c1_g1_i3.p1	MVRKTKQMVITALLFVHSSVQVYVTLPSDNIIRI 5S ribosomal protein L17	K02879	NA	GO:0005840^cellular_component^ribosome^	4.627	10	2	4	0	2	278	31.1	10.3

TRINITY_DN1171_c3_g1_i1.p1	MQEQGDWVDTSLEATHGTRLSFHVWVPSRLEATR Protein transport protein SEC23	K14006	NA	GO:0030127^cellular_component^COPII vesic	6.472	3	2	4	2	2	819	89.9	6.28
TRINITY_DN695_c2_g1_i1.p1	MKVSTSTLIAMTKLARASFTLSRINVLPMFSVFTLD Tryptophan-tRNA ligase	K11835	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	7.644	10	2	4	0	2	440	49.2	7.3
TRINITY_DN1166_c4_g1_i1.p1	MGNCVFFNTSNKKLNKSSNNDIVVAGAGATTA Calmodulin	K02183	NA	GO:0005509^molecular_function^calcium ion	7.372	10	1	4	0	1	241	26.8	4.73
TRINITY_DN32_c3_g1_i1.p1	MALLK3GKVVVLAGRIVAGKKAVVVKTFDEGSDDI 60S ribosomal protein L27	K02901	NA	GO:0005840^cellular_component^ribosome	6.782	11	2	4	1	2	145	16.5	10.05
TRINITY_DN836_c0_g1_i1.p1	MFFDFGEYDGMWVDSVAKNDYVKNWDPNQPR Hypothetical	K06671	NA	.	6.832	27	1	4	1	1	99	11.2	4.75
TRINITY_DN1779_c0_g1_i1.p1	MKSSCSTIPLSPSSPTPTKITLTCQSQTPQPHSNPI Varicose-related protein	K12616	NA	GO:0000932^cellular_component^P-body GC	7.016	3	2	4	2	2	1100	120.3	5.17
TRINITY_DN1362_c0_g1_i2.p1	QTNKQIMPQVQVPSVDFPFLTNDGVMMASPPAP2 2-oxoglutarate-Fe(II) type oxidoreductase	K01915	NA	GO:0051213^molecular_function^dioxigenase	9.221	11	2	4	0	2	399	44.1	5.86
TRINITY_DN249_c0_g2_i1.p1	MNGQSSMVRSLCLPLVFFSAIFASQPKWSSSAFT Protein MAO HUZI 4, chloroplastic	K00858	NA	GO:0009941^cellular_component^chloroplast	3.289	5	1	4	1	1	299	32.5	5.31
TRINITY_DN4416_c0_g1_i1.p1	MADLTATLACQNPDTAIRTQAEALRSAAEELNYI Importin subunit beta-1	K14293	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplast	6.647	6	2	4	0	2	867	95.3	4.69
TRINITY_DN264_c2_g1_i1.p1	NIHILAVNSTKLPPNNKMRINIFQLFSLSFLSFLCHC isomerase-like	K14286	NA	.	8.936	10	2	4	2	2	222	23.8	9.52
TRINITY_DN1066_c1_g1_i1.p1	MASAGAMLTKEESEAEVREDQENKNGFRNL Probable prefoldin subunit 4	K09550	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	6.612	15	1	4	1	1	134	15.4	4.41
TRINITY_DN1378_c0_g1_i1.p2	MEAHISFRMRHGPFIPSLPLNHLHLLHLLSMTI UPF0246 protein FTW_0267	K04078	NA	GO:0005813^cellular_component^centrosome	9.527	11	2	4	1	2	365	41.7	8.95
TRINITY_DN4311_c0_g1_i1.p1	MLSVLRISPPSSQLLHRAKNVCVASQANFPSTAI N protease homolog, mitochondrial	K08675	NA	GO:0005759^cellular_component^mitochondrion	9.308	4	2	4	2	2	960	106.6	6.07
TRINITY_DN250_c0_g1_i9.p2	MASQDRTLFFSLCQSLPPSLNPPNSAAAQSSVTSV GATOR complex protein WDR24	K20408	NA	GO:0005765^cellular_component^lysosomal	13.878	12	2	4	0	2	430	47.1	5.74
TRINITY_DN216_c1_g1_i2.p1	MWNNGNGLNGFKTLAEKAAAAAENIEQGLNESV Golgin candidate 5	K20286	NA	GO:0005794^cellular_component^Golgi apparatus	5.867	3	2	4	0	2	994	113.7	4.77
TRINITY_DN750_c0_g1_i2.p1	MSEHQTGDDSRRTTAAAKTNNQQQQQQQHQH Glutathione hydrolase 2	K00681	NA	GO:0048046^cellular_component^apoplast	6.49	4	2	4	0	2	939	103.5	7.03
TRINITY_DN1850_c1_g1_i4.p1	MKLRISIKGLTYENDDLELIASFKERGVRTLPLHVH Xanthine dehydrogenase	K00106	NA	GO:0005777^cellular_component^peroxisome	4.058	1	1	4	0	1	1496	164.4	5.87
TRINITY_DN367_c0_g2_i1.p1	MTELVLSLDYAGANNVRSVNAITANGYEIEDITDI Imidazole glycerol phosphate synthase hisHF, K01663	K01663	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplast	13.258	4	1	4	0	1	561	61.5	6.15
TRINITY_DN3153_c0_g1_i1.p1	MSAALFLCRTRAGLQKPLVAGVRNTSSKAFVATTS Ribose-phosphate pyrophosphokinase	K00948	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	11.629	12	2	4	0	2	449	48.2	8.41
TRINITY_DN1782_c2_g1_i1.p1	MSATETDEKTYEERIKAVNAISQPLASKKSKHKH H/ACA ribonucleoprotein complex subunit Nr K11129	K11129	NA	GO:0031429^cellular_component^box H/ACA	7.013	18	2	4	2	2	146	15.9	9.22
TRINITY_DN1147_c0_g1_i2.p1	MNRFVTKGQFQVTELKGRPSRLSTFPQPRPN Brefeldin A-inhibited guanine nucleotide-exchange factor 3	K03033	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol GC	2.575	5	1	4	0	1	333	37	8.78
TRINITY_DN1067_c0_g1_i3.p1	MPNIVVKFISGFLATAIAIGSVAKYKPELFFKLNGSI Sulfotransferase family cytosolic member 1	K03070	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol GC	12.292	6	1	4	0	1	372	42.3	6.81
TRINITY_DN2604_c0_g1_i1.p1	MMSNSVRRLATAYFLLASRDFCFAKANENEST DnaJ homolog subfamily C member 3 homolog	K09523	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol GC	5.533	8	2	4	1	2	508	58.2	6.95
TRINITY_DN2129_c0_g1_i4.p1	MLRNLGVLVLLGSFAISAYADDSVAEDPVAKSLEDI Probable leucine-rich repeat receptor-like protein 1	K01873	NA	GO:0016021^cellular_component^integral component	6.962	3	2	4	0	2	1258	141	4.72
TRINITY_DN369_c11_g1_i2.p1	PHTTTTTKRNSSMNAKLQTEIDRLVKVDEGV CCR4-NOT transcription complex subunit 3	K12580	NA	GO:0030014^cellular_component^CCR4-NOT	9.344	2	2	4	0	2	684	78.1	6.23
TRINITY_DN1369_c5_g1_i1.p1	HVAIRTATIGNHTKTQKQMVVWYPPYPRTA Hypothetical	K21991	NA	.	5.636	29	2	4	0	2	121	13.7	10.24
TRINITY_DN1160_c1_g1_i1.p1	MALRILEKTKIYRRAELSKQSNPSETLIVAYI Protein HOMOLOG OF MAMMALIAN LYST-INT1	K21199	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	9.512	7	1	4	1	1	323	35.6	5.25
TRINITY_DN1380_c0_g1_i3.p1	MTTVNLDLIDAADLEAKLNLAGQSLSSGSAN Tyrosine-tRNA ligase, cytoplasmic	K08568	NA	GO:0017101^cellular_component^aminoacyl-tRNA synthetase	7.108	10	2	4	1	1	265	28.5	6.77
TRINITY_DN183_c0_g1_i2.p1	FLSFLSPALPFCALILYICVLIYAINTWYSTVL ATP-binding cassette sub-family B member 9	K05656	NA	GO:0005789^cellular_component^endoplasmic reticulum	4.201	5	2	4	0	2	1021	112.3	6.19
TRINITY_DN1007_c2_g1_i1.p1	ILCMLTNIHKIKORQENIIAIEQNMIELTRTFQHM Metallophosphoesterase domain-containing protein 1	K02955	NA	GO:0016787^molecular_function^hydrolase activity	6.046	4	1	4	1	1	467	53.2	6.47
TRINITY_DN228_c13_g1_i1.p1	TLLAMTSNLLSVSECIRHPSSSSSSTTQSVFID 3-mercaptopyruvate sulfurtransferase	K01011	NA	GO:0030054^cellular_component^cell junction	9.024	11	2	4	2	2	334	37	4.92
TRINITY_DN1592_c2_g1_i1.p2	LEIRIPVSSATPLETATSEQNGGQQTTCERIEGGG Hypothetical	K11718	NA	.	7.016	21	2	4	0	2	233	25.8	4.78
TRINITY_DN490_c0_g1_i1.p1	MLRDMKLVVLIATVTPSWGMLMSPVATQKSTTI Mono- and diacylglycerol lipase	K03257	NA	.	8.429	5	2	4	2	2	844	91.8	5.53
TRINITY_DN682_c0_g1_i3.p2	MFGHPQQQQQQSGDGLLGRGGFDISITNGF Serine hydroxymethyltransferase 1, mitochondrial	K00600	NA	GO:0048046^cellular_component^apoplast	7.133	12	2	4	0	2	467	48.3	5.66
TRINITY_DN1227_c0_g2_i1.p1	MKFQGHLEKNIAPDYGDPPYLNQHLGDIRILSGI Vacuolar transporter chaperone 4	K02898	NA	GO:0071944^cellular_component^cell periphery	6.743	6	2	4	2	2	735	83.5	7.01
TRINITY_DN952_c1_g1_i2.p2	MTVGSTSSIDMEDEAAQTLADKNMSSSSATSNI Serine/threonine-protein phosphatase 2A 65	K03456	NA	.	11.385	6	2	4	0	2	668	73	4.94
TRINITY_DN1361_c2_g1_i1.p1	AVAVRLQIFRYQSSERSQYKQCCTIITLYFSTPI cytochrome b561	K17890	NA	.	2.96	6	1	4	1	1	224	25	9.98
TRINITY_DN3270_c0_g1_i1.p1	MTNNEVDHGGVSAVALANTAKNSTPIHRNFI Long-chain-fatty-acid-CoA ligase 6	K01897	NA	GO:0005789^cellular_component^endoplasmic reticulum	9.004	6	2	4	0	2	685	74.7	6.79
TRINITY_DN1049_c0_g1_i3.p1	MNNTNRAATINRNMMTRIVRMMMMMSISIL Demethylphyloquinone reductase NdbB	K12859	NA	GO:0003955^molecular_function^NAD(P)H dehydrogenase	4.375	3	1	3	0	1	586	64.4	7.78
TRINITY_DN614_c1_g1_i4.p1	MPRSRSKRLVALTQTSKTRREKAGIQDVRNND mRNA turnover protein 4 homolog	K14815	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	4.451	7	1	3	0	1	228	26.3	8.51
TRINITY_DN1028_c4_g2_i1.p1	MSTEQCACAKIAIESIHGTVDGDRGMKALVVPDG D-glutamate cyclase, mitochondrial	K22210	NA	GO:0005759^cellular_component^mitochondrion	6.404	5	1	3	1	1	324	35.1	5.49
TRINITY_DN2707_c1_g1_i1.p1	MKLNEDPFFSLTSLRSLTALVLFVAFVTRRPNI Cholesterol 7-alpha-monooxygenase	K00266	NA	GO:0005789^cellular_component^endoplasmic reticulum	3.607	6	2	3	2	2	516	58.4	8.07
TRINITY_DN2948_c0_g1_i3.p1	MNLGKIITLIATLPMMAAPRDTGKWIKTSLVGNPN Hypothetical	K00264	NA	.	4.64	2	1	3	1	1	608	65.4	4.94
TRINITY_DN414_c0_g2_i3.p1	MMHVHRNLEEAGDGLADIAGTDFYSLFCGA Ammonium transporter 1 member 2	K03320	NA	GO:0005887^cellular_component^integral component	1.412	1	1	3	0	1	471	50	5.27
TRINITY_DN2573_c0_g1_i4.p1	MSVFEKSNFVLETSEQAVKVEEGAAILMGLDQI Transmembrane protein 18	K22145	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	7.083	6	1	3	0	1	242	27.1	5.17
TRINITY_DN3005_c0_g1_i1.p1	MQLKLPNLIPLVSPALQLLLGDGDFGHAFITTI Uncharacterized oxidoreductase At1g06690, Arabidopsis thaliana	K10577	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplast	2.595	1	1	3	0	1	562	60.4	6.3
TRINITY_DN443_c2_g1_i1.p1	MWSLLIWLGLTFSNSSFLFPTNPPYPRKAKRAI Hypothetical	K05546	NA	.	5.391	6	1	3	1	1	249	28.3	7.03
TRINITY_DN1432_c0_g1_i1.p1	MMMQKTLSHMIRNHLRSRVLPRAPQSSLSST Hypothetical	K08830	NA	.	6.878	5	1	3	0	1	290	33.4	7.33
TRINITY_DN3280_c0_g1_i1.p1	MAPTADVPSEMSNLSVNPTAPKGTAKRDALRAI Leucine-tRNA ligase, cytoplasmic	K01869	NA	GO:0017101^cellular_component^aminoacyl-tRNA synthetase	2.048	1	1	3	1	1	1098	124.2	5.72
TRINITY_DN837_c0_g1_i2.p1	VSSIDPLCVGVGLRPVIVIRTRKHSFHLRYETVCK Arginase-1	K01476	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	3.771	3	1	3	0	1	467	50.1	6.76
TRINITY_DN1850_c2_g1_i1.p1	MSLATSTGLSAGAGGMSMAAMAHGGPSALST Hypothetical	K00106	NA	.	2.812	2	1	3	0	1	820	89.9	5.43
TRINITY_DN2932_c0_g1_i1.p1	MARMFLKYPLLFCYSSIIVKNRNGAFAYPYGAG domain	K04646	NA	.	2.179	4	1	3	0	1	229	24.2	8.47
TRINITY_DN2010_c0_g1_i2.p1	MDSRGGRRDAPSNEPAWMERDYHDHVRDR Splicing factor U2AF 50 kDa subunit	K12837	NA	GO:0000243^cellular_component^commitment factor	3.971	3	1	3	0	1	581	64.8	5.85
TRINITY_DN1592_c0_g1_i8.p1	MTSIASSFVKPQKQFVGMMLLVLFSLLVAGGA Probable UDP-glucose-glycoprotein glucosyltransferase 1	K11718	NA	GO:0005783^cellular_component^endoplasmic reticulum	4.841	1	1	3	0	1	1735	197.9	5.35
TRINITY_DN1200_c2_g1_i10.p1	MWSIQNLSEAEAAKERLVSIGQQPQENASSVA Phosphatidylinositol 3,4,5-trisphosphate 3-phosphatase	K23334	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	3.874	2	1	3	0	1	506	56.3	8.24
TRINITY_DN1360_c0_g1_i6.p1	MILIUKRKPGLVQLSSLSSTATRIAAARTKQVFTCI Bifunctional dethiobiotin synthetase/7,8-diaminobiotin synthetase	K19562	NA	GO:0005759^cellular_component^mitochondrion	5.522	1	1	3	0	1	982	107.2	6.62
TRINITY_DN2175_c0_g1_i1.p1	FLLLRNQEDQTNAKLLFNHWSISIQSMPTLIV Hypothetical	K01188	NA	.	2.922	3	1	3	0	1	316	35.3	9.09
TRINITY_DN8869_c0_g1_i1.p1	NQKWRHDVMKLNKALATVALAGSVAAMASPAK Protein SphX	K01011	NA	GO:0005886^cellular_component^plasma membrane	4.066	7	1	3	1	1	280	29.9	4.75
TRINITY_DN2378_c1_g1_i3.p1	MRQRILSFGISLFASSLAFNCSTKSLPSLIKLYESI Hypothetical	K22804	NA	.	7.259	6	1	3	1	1	279	30.6	8.15
TRINITY_DN1327_c1_g1_i3.p1	MSSSLTSSIPVSSASEIAVQLSAGTEDNGSTEPHR Transcription initiation factor TFIID subunit 1c	K11341	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	2.844	1	1	3	0	1	608	62.9	7.91
TRINITY_DN259_c1_g1_i4.p2	MAKHHDPDLMCRKQPGVAIGRVECKCDGKCVICI PHD finger-like domain-containing protein 5B	K12834	NA	.	2.567	7	1	3	1	1	110	12.4	8.07
TRINITY_DN1608_c1_g1_i7.p2	MDIESQNSAAGSAGCALCDDKIIKLPLAIGISDHH Nucleoside diphosphate kinase 7	K00940	NA	GO:0005509^molecular_function^calcium ion	4.237	3	1	3	0	1	427	47.5	5.71
TRINITY_DN884_c1_g1_i2.p1	MDSNHVYKVEFNPFWKPLVFLPLFYKYGVIFQKI Hypothetical	K22470	NA	.	4.121	7	1	3	0	1	168	19.1	7.47
TRINITY_DN2453_c0_g1_i5.p1	MQTIYAWTATFLVSTTKAFQSLAIKNSRITLRPF Probable glutathione S-transferase DHAR2, chloroplast	K00799	NA	GO:0009941^cellular_component^chloroplast	3.028	2	1	3	0	1	593	65.6	7.33
TRINITY_DN383_c8_g1_i1.p1	SHDYPHFNKNASITPMDTGDVCIHNSCCIPQKNI Glucosidase 2 subunit beta	K08288	NA	GO:0005783^cellular_component^endoplasmic reticulum	5.592	1	1	3	1	1	895	101.1	4.86
TRINITY_DN98_c22_g1_i1.p1	LPSSSSLSVFPASSASSSSMPSTSSSSSSSSLLPI uptake, Tiki superfamily, ChaN	K12821	NA	.	3.502	3	1	3	1	1	436	48.4	5.41
TRINITY_DN859_c1_g1_i1.p1	MVSSKIDGKEIAATRIGEIKRVDLSRSPGLAVIL Bifunctional protein Fold 2	K03147	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplast	2.471	4	1	3	1	1	307	33.2	7.46

TRINITY_DN1490_c0_g1_i2.p1	MPKLTWEWSEKLSKSKYKVEAVAKKMLMELGLEE Hypothetical	K05658	NA	.	3.766	4	1	3	1	1	475	52.6	5.52
TRINITY_DN529_c0_g1_i3.p1	MLIPWLVAALLWARCTASMLQSMIVPSELSVKI Hypothetical	K10842	NA	.	4.384	3	1	3	0	1	666	75.5	9.33
TRINITY_DN726_c2_g1_i1.p1	MQPLLLLLLVLLASFSSVPSFAATGACRSFLPYSH NADH dehydrogenase-like protein YumB	K00507	NA	GO:0003955^molecular_function^NAD(P)H d	5.688	3	1	3	0	1	551	61.4	5.97
TRINITY_DN209_c0_g1_i2.p3	MSANFLFLFSFVSVTVVGGGAAGADPVRRAA Protein CRE1	K13093	NA	GO:0035578^cellular_component^azurophilic	2.35	3	1	3	1	1	324	35.6	6.86
TRINITY_DN2893_c0_g1_i4.p1	MGEEATRMMWLIGGISMUSMNMHVCLSFVFKPN Ribosomal RNA small subunit methyltransferase	K01873	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	3.72	4	1	3	1	1	525	58.4	6.06
TRINITY_DN2775_c1_g1_i1.p1	MTEVXKLSNTVGLAYATQEQPGQILTENLVIL domain	K03031	NA	.	5.216	3	1	3	1	1	576	63.7	5.33
TRINITY_DN637_c1_g2_i2.p1	MHMNFSTAVLVLVLPSPVSSLMSPOQTQTKTI Insulin-degrading enzyme	K01408	NA	GO:0016323^cellular_component^basolatera	4.204	1	1	3	1	1	1200	135.6	6.76
TRINITY_DN1236_c3_g1_i1.p1	MNYPNPLPSQQQHQQQMYYQQQQQPPPI Pleckstrin homology domain-containing prote	K03347	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	2.577	2	1	3	1	1	327	36.6	6.34
TRINITY_DN82_c17_g1_i2.p2	MNIHPSYILFVLVWYHNLGLVADVDTSASAKNI MinI-like	K14831	NA	.	5.874	4	1	3	1	1	319	36	4.7
TRINITY_DN1604_c0_g1_i14.p1	MQKNQFTFDLGPKLLTSLQKSAEPTCDVLKGDKI Tryparedoxin	K17609	NA	GO:0005623^cellular_component^cell^GO:00	2.483	5	1	3	0	1	232	25.5	8.41
TRINITY_DN369_c5_g1_i1.p1	MGAYYKMEELWRHKQSDALRFLRVRAWERYRQF 60S ribosomal protein L15-2	K02877	NA	GO:0005840^cellular_component^ribosome^	6.342	7	1	3	1	1	205	24.3	11.62
TRINITY_DN2670_c0_g1_i3.p1	MFYAEQGFANMTEPYVQFNDPTQDMMSHDI Hypothetical	K06630	NA	.	3.86	1	1	3	0	1	1344	154.4	6.57
TRINITY_DN2544_c0_g1_i1.p5	MSNPGKLAADVDEQVQNFRSIQEIQKLRNDQC B9 domain-containing protein 1	K19619	NA	GO:0016235^cellular_component^aggressome	2.996	7	1	3	1	1	136	15.3	4.79
TRINITY_DN1332_c0_g1_i1.p1	MNPFKLSCLNSNRSTVTTATDPYFDENTNESSRN Calcium-dependent protein kinase 8	K14342	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	4.344	2	1	3	0	1	678	77.7	5.66
TRINITY_DN201_c2_g1_i2.p1	MSCEETNFVVLGKSEEQDFNTNTEKERSDFEQSV PWI domain-containing protein C825.05c	K10575	NA	.	1.574	1	1	3	0	1	806	91.8	6.8
TRINITY_DN1407_c2_g1_i3.p1	ASLSATSSLPAAKRPRILLSQQQQQQQQQYYF Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CYP71	K12736	NA	GO:0005634^cellular_component^nucleus^Gt	7.538	3	1	3	0	1	749	81.5	5.69
TRINITY_DN1033_c1_g1_i1.p1	SFAFAAGRSSTVKASFSSTTKTTTTTTLLGVMTC Hypothetical	K11652	NA	.	1.914	2	1	3	1	1	575	62.6	5.39
TRINITY_DN3278_c1_g1_i1.p1	MPMLLIESIDGKNQHYRSSKINSTDVGTPKSIDEE Hypothetical	K03695	NA	.	4.515	1	1	3	0	1	1191	133.3	6.64
TRINITY_DN874_c1_g1_i1.p1	MSSIQEERDNLKVFHGDSITKAFSNGSGADNLK Type-2 histone deacetylase 2	K02879	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	1.926	1	1	3	0	1	1318	145.5	6.62
TRINITY_DN2110_c3_g1_i1.p1	IIFSMIFSMRRSSISQSHVLSFPKTRNSFVIASAI Protein of unknown function (DUF3293)	K01915	NA	.	2.008	5	1	3	1	1	267	29.8	5.26
TRINITY_DN1230_c4_g1_i1.p1	MLFNLTAAARMIQTSGLYRHLRLLGSTPTPFVA Pyruvate kinase	K00873	NA	GO:0005524^molecular_function^ATP bindin	3.144	3	1	3	0	1	584	63	7.99
TRINITY_DN2821_c2_g1_i1.p1	MNTYTDSSASSTNDANDVDGANDVGGIURISNU UPF0014 membrane protein slr1647	K14209	NA	GO:0005887^cellular_component^integral co	5.118	2	1	3	0	1	576	63.3	6.65
TRINITY_DN807_c0_g1_i1.p3	MNPLYIIFILPFAFANWQGCQQQDLSEKDGK Indoleacetamide hydrolase	K14724	NA	GO:0030956^cellular_component^glutamyl-ti	2.919	8	1	3	1	1	239	26.9	5.33
TRINITY_DN531_c1_g1_i6.p1	MDVHVGAASDPDNPVGLAHFNHEMLFLGTRKYF Insulin-degrading enzyme	K01408	NA	GO:0016323^cellular_component^basolatera	3.616	1	1	3	0	1	1020	115.4	5.77
TRINITY_DN2157_c0_g1_i4.p1	MLLSTLPLLCILPHIDSFPLTTHNSHAFLOPQSKTI Peptide chain release factor 3	K10251	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	7.303	2	1	3	0	1	634	70.7	5.22
TRINITY_DN3800_c0_g1_i1.p1	MRSQIQLFILLTSPAYKVAAVSFSSSGSKFKTI Ribosomal si	K17655	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	7.304	14	2	3	2	2	249	27	5.22
TRINITY_DN1570_c2_g1_i1.p1	MKSIWILSTSRGVDQYIAVAMALKAHGGYTV Eukaryotic translation initiation factor 3 subu	K03249	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	5.329	2	1	3	1	1	500	55.2	7.27
TRINITY_DN1380_c0_g1_i3.p1	MKNLFFKTKQAASDSSSLVTPKKHTLKTKNSPSTP Pre-mRNA-processing protein PRP40	K14545	NA	GO:0005634^cellular_component^nucleus^Gt	5.489	2	1	3	0	1	908	101.5	6.34
TRINITY_DN88_c3_g1_i2.p2	MFYSTYNTPKKHFLGRIKSLCSPNTYHNQK UDP-glucuronic acid decarboxylase 1	K08678	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	8.009	4	1	3	1	1	380	43.9	9.51
TRINITY_DN612_c1_g3_i2.p2	MGRFIVKISFLGGWIALAVALSVSAGLYLACEIAEF Protein SVP26	K00006	NA	.	3.646	5	1	3	1	1	212	23.7	8.38
TRINITY_DN2821_c0_g1_i1.p1	IKPINHPQSNIRLDATHLKLNIGDCASNTWIKANV AP-4 complex subunit epsilon	K14674	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	5.072	2	1	3	1	1	845	95.2	7.12
TRINITY_DN1559_c0_g1_i3.p1	MTPSWKTAALAAWILSNASAFSSSSSSSSSRV Chaperone protein DnaJ	K03686	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	4.14	6	1	3	1	1	189	19.9	8.91
TRINITY_DN67_c3_g1_i1.p1	MRQKPKFYVPLSFRGNMSYWWYFVLSITIMMTI Glycerol 2-dehydrogenase (NADP(+))	K13354	NA	GO:0047953^molecular_function^glycerol 2-c	1.646	2	1	3	1	1	521	59.1	6.61
TRINITY_DN154_c9_g1_i1.p1	MNMMVGHVPTVRVQNGNETSNAYSQVDADKK Hypothetical	K12591	NA	.	7.791	1	1	3	1	1	1181	130.4	7.9
TRINITY_DN230_c1_g1_i4.p1	MSTQZQPGGPSNOQAPAEQPLSLGQKWTTAI NPC1-like intracellular cholesterol transporter	K12385	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	4.797	2	1	3	0	1	898	99.3	4.61
TRINITY_DN2804_c1_g1_i1.p1	MTMDIHKRTVQAVSWAVVWLSSIIIVSAAALGE Hypothetical	K01738	NA	.	3.363	1	1	3	1	1	981	106.3	4.81
TRINITY_DN526_c3_g1_i1.p2	LSPVNQSRKLVSTPINNIRQLPILFLKKQPTKMKM Dual-specificity RNA methyltransferase RlmN	K09560	NA	GO:0005730^cellular_component^nucleolus^	3.075	2	1	3	1	1	737	82.4	8.84
TRINITY_DN512_c3_g1_i1.p1	VVQPFYSYLAPCYHINVTYIIYIFFSYYLHESINK Exocyst complex component SEC6	K13412	NA	.	6.053	1	1	3	0	1	1544	169.6	5.63
TRINITY_DN81_c3_g1_i3.p1	MPTTIITLSKMLAILMFLHFAASFTISSVKHRTLSIRI Tail Domain	K00731	NA	.	8.302	9	1	3	1	1	219	23.6	9.42
TRINITY_DN844_c1_g1_i3.p1	MAIKFVSSVSTLMMVFLYASIKSYNLMYLRNP Clef lip and palate transmembrane protein 1	K05396	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	2.002	1	1	3	0	1	825	92.5	8.91
TRINITY_DN2598_c0_g1_i2.p1	MSTNLPTANPLYTPPPMEGSGSATNDVAAAVAT Nuclear transcription factor Y subunit beta	K08065	NA	GO:0016602^cellular_component^CCAAT-bin	3.054	3	1	3	1	1	261	26.8	4.98
TRINITY_DN795_c3_g1_i1.p1	NMVPPEILGRISRDMEGDDDDDDDDDDGDC Thymus-specific serine protease	K08744	NA	GO:0005768^cellular_component^endosome	2.513	4	1	3	0	1	252	28.5	4.58
TRINITY_DN998_c0_g1_i1.p2	KHLVHLTLFLLSILRDITNNGEASNIIMLILLL Dihydroliopyl dehydrogenase	K01251	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	4.762	2	1	3	0	1	603	65.6	6.67
TRINITY_DN1515_c2_g1_i1.p1	MNQGTCSEAVATSTLSPVITYVALVLSVPTVFWI Very-long-chain 3-oxoacyl-CoA reductase 1	K14213	NA	GO:0005783^cellular_component^endoplasm	2.642	4	1	3	0	1	331	36.3	8.24
TRINITY_DN637_c1_g1_i4.p2	MNTPTSFQQQDVVIDESLQKPLQATVEELQKLE Putative purine permease C1399.01c	K23887	NA	GO:0000324^cellular_component^fungal-tyr	4.604	5	1	3	0	1	222	25.2	5.02
TRINITY_DN460_c3_g1_i4.p2	MAYTVFLCFASATGDDPTVQHYCRFGWHNLVSY GDP-L-fucose synthase	K02377	NA	.	10.05	1	1	3	0	1	370	42	6.68
TRINITY_DN1413_c0_g1_i1.p1	MGGQETALLQSTLSILQRLSCEVSSLGITPSAAA Adenylyl cyclase-associated protein	K00948	NA	GO:0005938^cellular_component^cell cortex	16.488	17	2	3	1	1	257	27.8	6.62
TRINITY_DN1577_c1_g1_i7.p2	MYYNVIIIFGIVSTGTSHSLVAAATAGKRHPQ Protein lin-49	K14001	NA	GO:0005634^cellular_component^nucleus^Gt	6.567	3	1	3	1	1	642	73.9	6.07
TRINITY_DN663_c2_g2_i3.p1	MVAHADTPARRPEYHSSPMLDSDDESIPPPPP Putative nickel insertion protein	K01312	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	2.433	1	1	3	0	1	694	75	4.7
TRINITY_DN39_c2_g1_i2.p1	IHQHKNQKPNTRNTNKKTNIAHIIHRISNTLI Electron transfer flavoprotein-ubiquinone oxi	K00311	NA	GO:0031305^cellular_component^integral co	5.087	2	1	3	0	1	700	78.4	6.51
TRINITY_DN142_c3_g1_i2.p1	MVRISKSHRKRNPVFKSCWFCVALLTVIGITGTLI Uncharacterized oxidoreductase P32A8.02	K01648	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	7.667	5	1	3	0	1	349	39.7	7.55
TRINITY_DN1902_c1_g1_i2.p1	MKFLQNDRLAQLTAQTEAKICERVINGRIEAF TM Repressor of RNA polymerase III transcription	K00837	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	5.195	4	1	3	0	1	385	42.1	5.01
TRINITY_DN3466_c0_g1_i1.p1	QVTTKNDEIAANFPNAEKQDCTISPVVLSKACR Hypothetical	K13110	NA	.	6.509	13	1	3	1	1	144	15.7	4.82
TRINITY_DN13_c0_g1_i1.p1	MLALKKREAEAKAAAAAATAHHQDTSSTNHI NEDD8-conjugating enzyme Ubc12	K10579	NA	GO:0005524^molecular_function^ATP bindin	4.628	6	1	3	1	1	268	30.1	7.47
TRINITY_DN834_c2_g1_i1.p1	MKERIHLQHCHHIFGCRLLVLLSIFHVAVAAS Cytochrome b561 domain-containing protein	K02989	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	4.671	3	1	3	0	1	426	46.7	8.87
TRINITY_DN2558_c0_g1_i2.p1	MVMQLPIKLGSLIKLITLAKPMKSVKTAFAKHLS OP43-like protein	K23166	NA	GO:0005739^cellular_component^mitochondr	3.131	6	1	3	0	1	170	19.5	9.58
TRINITY_DN303_c4_g1_i2.p1	MSSDPKQSSSTAPPVAPSRPTHASSSSQQGSSTI Regulator of nonsense transcripts 2	K14327	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	6.239	3	1	3	1	1	468	52.4	9.11
TRINITY_DN23642_c0_g1_i1.p2	MQSNQQCLTDFNVSTGSLNGNTCYMNAVLAQ Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 42	K14852	NA	GO:0004197^molecular_function^cysteine-ty	3.311	2	1	3	1	1	690	77	6.65
TRINITY_DN70_c1_g1_i1.p1	MNTFKFIMMQISQRHFAASLSLSSSSRSISD Short-chain dehydrogenase TIC 32, chloropl	K01535	NA	GO:0009706^cellular_component^chloroplas	7.917	5	1	3	1	1	379	42.1	7.52
TRINITY_DN68_c3_g1_i3.p1	KRASSSSSSSLPQATDESSKEQEESQSTLSTLSI( 5'-nucleotidase domain-containing protein 3	K12402	NA	GO:0043235^cellular_component^receptor c	6.552	2	1	3	1	1	591	67.7	5.72
TRINITY_DN1903_c0_g1_i1.p1	MVSFSAVFVILLLLEVGKVRFCRSPPIVSTFKAVS Hypothetical	K00033	NA	.	6.235	3	1	3	0	1	538	61.9	9.07
TRINITY_DN2144_c0_g1_i4.p1	MTPSPPPPPVAPPKVAASDFPYDHLKFLMIGDA Ras-related protein RABC1	K07910	NA	GO:0005794^cellular_component^Golgi appa	3.296	5	1	3	0	1	240	26.5	7.87
TRINITY_DN2836_c0_g1_i1.p1	MSLSFEPVSKPPLFLTKDRLKLSIPSSGKARKA pore component	K00022	NA	.	5.576	4	2	3	0	2	919	101.3	6.33
TRINITY_DN7596_c0_g1_i4.p1	MKTILQSLFFYSILVTSALYDQDPAVQTFFENSXDF Protein disulfide-isomerase like 2-2	K09584	NA	GO:0005783^cellular_component^endoplasm	4.741	3	1	3	0	1	471	51.7	5.2
TRINITY_DN124_c1_g1_i4.p4	MTAKKLLNLASAWLLWMIIVSTIAKSTCSFHLSH 15-cis-phytoene desaturase, chloroplastic/chl	K02293	NA	.	2.391	3	1	3	0	1	320	35.3	9.45
TRINITY_DN1896_c0_g1_i1.p1	NSSTNGTGTGTGNPKRDYGPKSERTCPCFNKV Hypothetical	K05658	NA	.	3.113	2	1	3	0	1	873	99.6	7.58
TRINITY_DN3954_c0_g2_i1.p1	MALLHSGCFIVNIAIVTHGFSSEGHTRTIPITLSG COBW domain-containing protein DDB_G027.K04078	NA	NA	GO:0005524^molecular_function^ATP bindin	3.22	2	1	3	1	1	588	65.4	5.5

TRINITY_DN2321_c3_g1_i2.p1	MIQKKIYCLALASLSSHSLVAEADEPQVGD/ 60 kDa lysophospholipase	K08869	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	4.547	3	1	3	0	1	471	52.9	6.29
TRINITY_DN4083_c0_g1_i1.p1	MTEESNTTSTIPSNVHVKHPILSHKITLRSSSTP/ Uracil phosphoribosyltransferase	K00761	NA	GO:0005525^molecular_function^GTP bindin	1.381	3	1	3	0	1	251	27.3	6.92
TRINITY_DN13471_c0_g1_i1.p1	MIKRSIWNKNAGVAGEDSTSTTTTASASNNI Hypothetical	K02355	NA	.	2.58	2	1	3	0	1	441	48.1	7.59
TRINITY_DN496_c1_g1_i4.p2	MESLLEKIYHPVLPRKIVAVPWMTSMLEFKILSMNI Hypothetical	K116493	NA	.	1.362	5	1	3	0	1	163	19.2	10.23
TRINITY_DN4291_c0_g1_i4.p1	MTTTESSINLPVQQTEANTLNPKEDAPQDQNTI 2-aminoethanethiol dioxygenase	K01076	NA	.	2.936	2	1	3	0	1	340	38	4.84
TRINITY_DN3503_c0_g1_i1.p1	MWALS3LPLFLVPHAFQMPTRYGQTFSPROYYP Hypothetical	K10249	NA	.	5.161	4	1	3	1	1	379	42.4	8.51
TRINITY_DN772_c1_g1_i1.p1	MNNSQEQSPKIKRRFRKGVFRKGGKNDKN Hypothetical	K13412	NA	.	3.769	4	1	3	1	1	248	26.7	8.09
TRINITY_DN288_c4_g1_i1.p1	MTSSVLVTAMICCCFNMSLSWCSTGSHAFVVP Hypothetical	K03004	NA	.	3.784	8	1	3	0	1	207	22	5.88
TRINITY_DN106_c19_g1_i1.p1	MKITTAATYLAIALVPSGAVAFSNPFYNNKYSAAI Dual specificity protein kinase TTK	K11498	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	7.228	2	1	3	1	1	706	75.4	9.45
TRINITY_DN91_c2_g1_i8.p2	MAYDVRNRHHGIIHQITWFQFSSFRQAPFFVKD Calcium/calmodulin-dependent protein kinas	K03872	NA	GO:0030424^cellular_component^axon^GO:0	2.268	4	1	3	0	1	380	43.1	6.54
TRINITY_DN260_c2_g1_i4.p1	MCDSCEGVIDAPSMYKGGWGNLNLYLAFVTSYSV Peptide-N(4)-(N-acetyl-beta-glucosaminyl)asp	K04482	NA	GO:0005623^cellular_component^cell^GO:00	4.541	2	1	3	0	1	655	74.2	5.24
TRINITY_DN29855_c0_g1_i1.p1	ALILSSMFTPAALAADNLPPPPVLEAQNQLNPA ATP-dependent zinc metalloprotease FTSH, c	K03798	NA	GO:0031969^cellular_component^chloroplast	4.053	5	1	3	1	1	221	23.3	4.96
TRINITY_DN995_c0_g1_i1.p1	STFDLVRRESRERERFNFIQSHPFNKSYTAKCYDII Hypothetical	K01637	NA	.	12.144	8	2	3	0	2	539	60.8	8.69
TRINITY_DN1274_c0_g1_i1.p1	MWRRLYHTNLLLLLGHHRGQRQVQGHFFLI uptake, Tiki superfamily, ChaN	K00134	NA	.	7.06	3	1	3	1	1	484	54.2	7.61
TRINITY_DN312_c2_g2_i1.p2	MTSNSKALSRLSLKAHSKYLPAAEMKSLGDAVVK Succinate dehydrogenase assembly factor 3, r	K10896	NA	.	4.497	10	1	3	1	1	126	14.2	8.82
TRINITY_DN2375_c0_g1_i1.p1	MPKVISLAHLHFLSSLLAVFVANSYYSIGTNAFVP Probable tocopherol O-methyltransferase, chl	K005928	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplast	2.563	3	1	3	0	1	374	42.1	8.65
TRINITY_DN2678_c0_g1_i1.p1	MKGSGNAQAQAARERNKQKQGKTEERRAAS/ Zinc-binding	K02358	Zinc-binding	.	3.411	14	1	3	1	1	137	14.6	9.56
TRINITY_DN513_c1_g1_i7.p2	MGSPPNRRVSTGGQKQTRLIERNMEAEERERR Diatom spindle kinesin-1	K10393	NA	GO:0043596^cellular_component^nuclear rej	5.71	3	1	3	0	1	567	64.2	6.07
TRINITY_DN2580_c0_g1_i4.p1	MAPPEAGDSLPEIDKATKVKQDENHVPLVNSS/ Multidrug resistance-associated protein 5	K15104	NA	GO:0016323^cellular_component^basolatera	4.41	1	1	3	0	1	1421	156.1	6.81
TRINITY_DN2973_c0_g1_i2.p1	MRSVINKNCCVFFLISLIVANYTTSFALHSTPLGI FAD synthase	K00953	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	7.843	2	1	3	0	1	792	88.7	5.92
TRINITY_DN1607_c2_g1_i4.p3	MLLRSLFLVCLQPLTFLPAKLPVGIINNKANLI Cathepsin Z	K08568	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	2.031	5	1	3	1	1	221	25.4	5.34
TRINITY_DN10271_c1_g1_i2.p1	MTSLQQIQGWSEKVFDEGELEIILRCHNAIVSPKI TLD	K07615	TLD	.	0.945	3	1	3	0	1	423	47.5	6.79
TRINITY_DN3141_c0_g1_i2.p2	MKFFKRRNLIIILSVAYITFTNAFLTNSNYQLSSS ATP-dependent (S)-NAD(P)H-hydrate dehydra	K17757	NA	.	4.344	2	1	3	1	1	432	47.7	5.62
TRINITY_DN652_c0_g1_i1.p1	MIRNLLEYHTQSSNKGFLTIMSLAIIITLQLSGLR Insulin-degrading enzyme	K15463	NA	GO:0016323^cellular_component^basolatera	4.228	1	1	3	0	1	1245	139.7	5.2
TRINITY_DN2665_c4_g2_i1.p1	MSRITDADLPPAATAAAAQESTTAFQLQDIYQADI Ornithine decarboxylase 1	K20792	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	5.801	7	1	3	0	1	273	29.6	5.22
TRINITY_DN1160_c4_g2_i1.p2	MTASDILIVFTVTVAQVCDLAAANKLVFSSDSYHI Polycomb group RING finger protein 3	K21891	NA	GO:0005654^cellular_component^nucleoplas	2.129	8	1	3	1	1	235	26.7	9.28
TRINITY_DN4041_c0_g1_i1.p1	MGSSOSTIVSNGESSSIVGSPNSDTSQSEDSNC protein family (UPF0203)	K01100	NA	.	6.657	10	1	3	1	1	154	17	6.33
TRINITY_DN2075_c0_g1_i5.p2	MAYYWNAMDIAIKFIADPNNEFTGYTKGW/ Elongation of very long chain fatty acids prote	K10249	NA	.	4.507	6	1	3	1	1	275	32	8.84
TRINITY_DN1868_c0_g1_i1.p1	MMTILSNNVPTSAAIAGMMITMMHTFSWQJAA Lycopene beta cyclase, chloroplast	K06443	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplast	2.225	2	1	3	1	1	379	42.8	5.88
TRINITY_DN1320_c1_g1_i1.p1	MLPMKRNPITTTIDTSTTTATPTSTTVRFSSST Myosin-12	K10357	NA	GO:0016459^cellular_component^myosin coi	3.711	1	1	3	0	1	1580	174.5	8.75
TRINITY_DN3671_c0_g1_i1.p1	MMKAQCYLSIQLLAQSLCVAFTTSHSVQHCRRF Hypothetical	K11273	NA	.	1.906	1	1	3	0	1	700	78.9	5.67
TRINITY_DN6296_c1_g1_i2.p1	MTDYITSHSSEMDELNIAAETLRAEDQLQSLCAS Conserved oligomeric Golgi complex subunit I	K20295	NA	GO:0005794^cellular_component^Golgi appa	4.274	3	1	3	0	1	628	70.4	5.87
TRINITY_DN2743_c0_g1_i3.p1	MKVSTITIALLTCVQGTCLLESKASLEADSELLND Hypothetical	K07515	NA	.	2.916	3	1	3	0	1	417	45.6	4.65
TRINITY_DN1201_c0_g1_i10.p1	IKENNIQYQYVPEEYKDNQNVKTRTEEANAVI Hypothetical	K23334	NA	.	5.275	2	1	3	0	1	738	83.7	4.97
TRINITY_DN1357_c1_g1_i2.p1	MNGNKTPKMNNDMEQGLVKEMKETENISIRISPI ABC transporter G family member 9	K09123	NA	GO:0031410^cellular_component^cytoplasm	5.123	2	1	3	0	1	629	70.3	7.93
TRINITY_DN1007_c3_g1_i1.p1	MLQARHIANLIIILLVLLFYKETTAKSRKIEDTAT N-acetylgalactosamine-6-O-sulfatase	K01134	NA	GO:0008484^molecular_function^sulfuric est	5.34	2	1	3	1	1	608	68.3	7.66
TRINITY_DN386_c0_g1_i1.p1	MRIALRHFLVSSVSSFLSEVSFQRVTRSRVQIM Homoserine kinase	K09489	NA	GO:0005524^molecular_function^ATP bindin	6.852	3	1	3	1	1	438	48.7	5.03
TRINITY_DN386_c5_g1_i1.p1	MVALVVAALVVYQVLLTMTMTVSVVAFVPTIT Thioipurine S-methyltransferase	K18422	NA	.	5.45	2	1	3	0	1	652	71.6	7.83
TRINITY_DN842_c0_g1_i8.p2	MPPPKPNNRRKNNTAVGKMSGDLSQHSSNDEP: H(+)/Cl(-) exchange transporter 7	K05016	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	1.426	1	1	3	1	1	922	101.3	6.58
TRINITY_DN1080_c0_g2_i3.p1	MQDVMRITPLGSGQEVGRSCHLIEFRGTSILLDCG Cleavage and polyadenylation specificity fact	K14403	NA	GO:0005847^cellular_component^mRNA clea	6.157	3	1	3	1	1	757	84.4	6.8
TRINITY_DN2154_c0_g1_i2.p1	CSHKQNCRCRANFALSKKHNPNTDSKLRMKV UDP-N-acetylhexosamine pyrophosphorylase	K00972	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	6.747	3	1	3	1	1	529	58.8	6
TRINITY_DN3321_c0_g1_i5.p1	MSHFHTMTKNFNQNLVLEKALMKLEIKHKQKNSY Uncharacterized protein ycf35	K03070	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplast	6.249	13	1	3	1	1	125	14.6	5.22
TRINITY_DN1889_c2_g1_i1.p1	DSFELAKDYHSIYLTSTVQKQEDWKEALQNTVLJ 26S proteasome regulatory subunit RPNS	K03035	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	6.299	7	1	3	1	1	207	23.8	6.88
TRINITY_DN1133_c2_g1_i4.p1	MNRGGGKFLRPGTAGGQPSHSESSDDDDDFGC Transcription elongation factor SPT5	K15172	NA	GO:0032044^cellular_component^DSIF comp	3.782	1	1	3	0	1	1092	119.3	5.3
TRINITY_DN1198_c0_g1_i2.p1	IICNERSKIIQSSPLLYKTYTNSLHLTQHNTATA Coiled-coil domain-containing protein 6	K00248	NA	GO:0005856^cellular_component^cytoskeleton	3.834	5	1	3	0	1	387	43.1	8.75
TRINITY_DN106_c7_g1_i1.p1	LSHLIFKINRATLKSEYTKTHTHTDPSLHTRHSKT Regulator of chromosome condensation	K11493	NA	GO:0005694^cellular_component^chromosoi	2.4	1	1	3	0	1	719	80	6.67
TRINITY_DN2516_c0_g1_i1.p1	MSHFKARRKYGACYGSLWKQHTPISTPNNLSDFKI Phosphatidylinositol 4-kinase beta 1	K19801	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	5.035	1	1	3	0	1	1592	175.1	5.3
TRINITY_DN4157_c1_g1_i2.p1	VINDGMDLKYEVNGVAEYAKNDDDDDDDDAMP deaminase 2	K01490	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	2.853	2	1	3	0	1	600	68.3	6.33
TRINITY_DN1762_c1_g1_i2.p2	MSRNSIEGAGSRFLSNDIIAVNQKLLDSIACGNF Calcium/calmodulin-dependent protein kinas	K01711	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	6.489	9	1	3	1	1	142	15.8	6.37
TRINITY_DN1271_c1_g1_i2.p1	MKHPQLKHTITAVFAAVAMKSTANAFVPSYF: domain	K17907	NA	.	5.838	4	1	3	0	1	381	40.4	8.72
TRINITY_DN1416_c2_g1_i1.p2	GLCTHSSKHLTEKNPKRESTPFKSLHHEMVFV Phosphate acetyltransferase	K03654	NA	GO:0030176^cellular_component^integral co	5.663	4	1	3	1	1	482	54.2	8.81
TRINITY_DN3268_c0_g1_i2.p1	MDPHSADLASSSSMDCSNKQHEDICPICIEQA Hypothetical	K12867	NA	.	4.611	2	1	3	0	1	508	57.5	8.41
TRINITY_DN291_c1_g1_i1.p1	LWINIQLSGYHRYFYDSTTKRKIKDLSMNTPIEESI Severin	K05768	NA	GO:0015629^cellular_component^actin cytos	7.24	4	1	3	1	1	402	45.3	5.02
TRINITY_DN676_c1_g1_i3.p2	MTTQSGTKGVPLHATFSFSGISTDVEHILDETNCI Hypothetical	K12386	NA	.	3.152	13	1	3	1	1	121	13.4	6.54
TRINITY_DN516_c1_g1_i3.p1	MHLIGKYGLAIAIMFARTSSSFVTLKNHAFRRST Aspartate-tRNA ligase, cytoplasmic	K22503	NA	GO:0017101^cellular_component^aminoacyl-	4.722	2	1	3	0	1	630	71.3	6.11
TRINITY_DN1450_c2_g1_i1.p1	MLCLRSTIVIALSVLSLQLSPSACFALQANRQPLV Protein DETOXIFICATION 47, chloroplast	K02641	NA	GO:0009941^cellular_component^chloroplast	5.633	2	1	3	0	1	550	58.2	6.67
TRINITY_DN3621_c0_g2_i2.p1	MSGIAGRTNYSDDWKKTNVLLSDEKEQEQEIMA Small glutamine-rich tetra-ricopeptide repeat	K23643	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	6.227	2	1	3	0	1	616	68.2	5.88
TRINITY_DN871_c1_g1_i1.p2	MLSSVRLRSRSAIKAQTSLSVVGPKRGYHENIVEH/ T-complex protein 1 subunit epsilon	K09497	NA	GO:0005832^cellular_component^chaperonii	19.587	17	1	3	1	1	162	17.4	8.61
TRINITY_DN2574_c0_g1_i2.p1	MTFLGNLRPIQYPLAFGVGVSTVKTASADLLVQI Mpv17 / PMP22 family	K02936	NA	.	5.929	4	1	3	0	1	413	46.1	8.8
TRINITY_DN367_c3_g1_i2.p1	MATTKPLPPSPNLQHLPHHQDSTNTSTNNT Conserved oligomeric Golgi complex subunit I	K20293	NA	GO:0000139^cellular_component^Golgi mem	2.319	1	1	3	0	1	864	94.5	5.26
TRINITY_DN2282_c0_g1_i4.p2	MSQTSKDKGFECMTLLFYFLSKQAKYRVELTKI Short-chain dehydrogenase TIC 32, chloroplast	K08582	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	5.118	3	1	3	0	1	438	48.5	8.9
TRINITY_DN11195_c1_g1_i1.p2	MADCIIRDVIRKRVQKIKKNDISTKTEGLLQACD Glutathionyl-hydroquinone reductase YqjG	K07393	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	2.789	2	1	3	1	1	557	63.5	6.21
TRINITY_DN4035_c0_g1_i3.p1	MSNKNINQSLPPLTNLVLPLTLQLTMAYAYV Nicotinate phosphoribosyltransferase 1	K00763	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	4.044	2	1	3	0	1	560	62.6	6.39
TRINITY_DN2288_c0_g1_i2.p1	MANNTFQMPRLRGLHKYTLVLSALHYCSIRWN Hypothetical	K03522	NA	.	2.826	4	1	3	1	1	434	49.5	5.01
TRINITY_DN3634_c0_g1_i1.p1	LKQNNNTFMSAPLNFKFIHSNTIQLLYTSHSDPFI Serine-threonine kinase receptor-associated f	K13137	NA	GO:0030512^biological_process^negative reg	2.543	2	1	3	1	1	411	45.5	6.68
TRINITY_DN3283_c0_g1_i2.p1	MKALISKLAITFAVPSIAAYSVGNRRVFGVTPVH CBS domain-containing protein CBSX2, chloro	K01869	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplast	3.026	4	1	3	1	1	202	22	7.25
TRINITY_DN107_c0_g1_i2.p1	MNPFMSNNIQVSNVTTSTPNMTPKPRDGTNC Vacuolar protein sorting-associated protein 4	K12196	NA	GO:0004476^molecular_function^mannose-6	4.752	3	1	3	0	1	551	61.7	5.58



TRINITY_DN4179_c0_g2_i1.p2	MFGASMIALTAVQCMSMNUNLNTGSSSYPTNAFY Putative 2-dehydropantoate 2-reductase	K20472	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	5.286	7	1	3	1	1	232	25.8	7.8
TRINITY_DN2011_c0_g1_i1.p1	TNKQTKNQTKNQTKNQTKMSFLPALDFP Isoleucine-tRNA ligase, cytoplasmic	K01870	NA	GO:0005829*cellular_component*cytosol GC	2.959	1	1	3	0	1	1189	134.8	5.8
TRINITY_DN98_c16_g1_i1.p1	MASARCLAPLVRVSVATRSIQSLRGGASPLPPI Hypothetical	K12821	NA	.	1.528	10	1	3	1	1	126	13.4	8.54
TRINITY_DN2356_c0_g1_i3.p1	KKTENTTKRNTQVNSKIRQTSDFDRFQIALYFIF Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase MINDY	K01309	NA	GO:0005829*cellular_component*cytosol GC	7.294	3	1	3	0	1	543	60.6	5.22
TRINITY_DN310_c1_g1_i1.p5	MFTSDQKPYIVNPPSPVDDCISLRIRDYLMASGIT: Deoxyuridine 5'-triphosphate nucleotidohydri	K16185	NA	GO:0004170*molecular_function*dUTP diph	4.69	10	1	3	1	1	131	14.3	9.31
TRINITY_DN128_c3_g1_i1.p1	MHRFTQQYRPPSNPREHIQRNLARSALQRKRL Hypothetical	K11308	NA	.	2.598	3	1	3	0	1	578	65.9	8.09
TRINITY_DN3338_c0_g1_i1.p1	MTPAPQQTQAKTITAGVTSQAQVPIERTTPWTLGF Serine/threonine-protein kinase CTR1	K08341	NA	GO:0005789*cellular_component*endoplasm	10.437	6	2	3	2	2	702	77.7	7.69
TRINITY_DN1494_c0_g1_i2.p1	MAAKGGFTAHISQASEADKRAVLSRAPSAIKSHSV Hypothetical	K01892	NA	.	4.886	2	1	3	1	1	994	110.8	6.34
TRINITY_DN2957_c0_g1_i1.p1	MKMGPRMTFLLYSVSNILLMLTLQYANGFSIPKVE: Hypothetical	K02922	NA	.	5.079	5	1	3	0	1	319	35.5	5.27
TRINITY_DN238_c0_g1_i10.p2	MCIPSRTYDKHRAIQLKVSMAKGVSLFLSLTITLY Probable cation-transporting ATPase 13A4	K02956	NA	GO:0016021*cellular_component*integral co	2.995	1	1	3	0	1	1007	112.4	8
TRINITY_DN82_c20_g1_i1.p1	MSMPHYNTLSSSSSSMSSTLSTSTISIREHENV Hypothetical	K14831	NA	.	2.942	2	1	3	1	1	573	63.2	8.79
TRINITY_DN1493_c1_g1_i4.p1	MRCFTLLSLIMELFKSTNAQYNLQAHLISIGDIHF Hypothetical	K01892	NA	.	5.925	5	1	3	0	1	388	43.3	6.93
TRINITY_DN685_c0_g1_i4.p1	HPFSAFLSPFTQSTNNCTLLGNKHKPVCMLAL Iron-sulfur cluster assembly 2 homolog, mitoc	K22072	NA	GO:0005759*cellular_component*mitochonc	2.762	4	1	3	0	1	318	34.4	6.52
TRINITY_DN4231_c0_g1_i1.p1	MKQGSSENSRISNVLFLYLFLSGLISSTCAAFLEI Protein of unknown function (DUF1415)	K14411	NA	.	7.884	3	1	3	0	1	628	70.5	4.73
TRINITY_DN365_c3_g2_i1.p1	PVNATTIRAKIPFVQHNVDPAPVFCYEETHVQ Probable methionine-tRNA ligase	K23802	NA	GO:0005829*cellular_component*cytosol GC	6.242	5	1	3	1	1	304	32.6	8.24
TRINITY_DN455_c1_g1_i11.p2	MMYLSIIRDVSSCLLYLLCKYCRALIRLRYCLLSFIR CRAL-TRIO domain-containing protein C23B6.	K01092	NA	GO:0005886*cellular_component*plasma me	4.147	10	1	3	0	1	206	22.9	5.99
TRINITY_DN1173_c1_g1_i2.p1	MNIEPSLSDENNAPTVAIVGCGPGMGFFLHALA Dimethylalanine monooxygenase [N-oxide-for	K01698	NA	GO:0005789*cellular_component*endoplasm	3.173	2	1	3	0	1	594	67.9	5.03
TRINITY_DN1224_c0_g1_i3.p2	MSKLTNKVGDKALDVVIVCGMGPKRGMGWYHL Hypothetical	K02865	NA	.	8.168	4	1	3	0	1	365	40.4	5.2
TRINITY_DN3525_c0_g1_i2.p1	YSTMTKVASTKQEGSDLLSPDKSTTTAAATAASDV low temperature requirement A protein (LtrA	K18953	NA	.	5.459	2	1	3	0	1	644	71.7	6.64
TRINITY_DN2335_c2_g1_i1.p1	MMTKRLQLQIQGVTLRLFGKFLHFAGFPQAS Kinesin light chain	K01624	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	2.558	3	1	3	1	1	523	58.8	6.35
TRINITY_DN4481_c0_g1_i3.p1	MSPKEELKSTMMKNEMNGKRKSDQLTPEDEHS UPF0073 inner membrane protein YqfA	K10685	NA	GO:0016021*cellular_component*integral co	2.944	3	1	3	0	1	639	71.3	7.15
TRINITY_DN2447_c0_g1_i3.p1	MFNILLFSSLISGLYKFTTAFLLAKSMPHSTCI GPI ethanolamine phosphate transferase 3	K05288	NA	GO:0005789*cellular_component*endoplasm	3.751	1	1	3	0	1	1022	114.8	7.00
TRINITY_DN1254_c1_g1_i2.p1	MSGALPRRIVKETQLRIADPVAGISATPYADNLR Ubiquitin-conjugating enzyme E2 36	K10580	NA	GO:0005634*cellular_component*nucleus GC	5.163	12	1	3	1	1	154	17.2	7.94
TRINITY_DN476_c2_g1_i1.p1	TRLRLTAFHNHSIMPINLSRSVTRAAALLSSKRGLF Probable monothiol glutaredoxin 2	K07390	NA	GO:0005623*cellular_component*cell GC:00	7.216	11	1	3	1	1	169	18.8	7.46
TRINITY_DN2493_c2_g1_i1.p1	LSKMRHLIALSLSTLFTKASTSPTTIKTSFFRIS resistance protein/Dioxygenase superfamily	K22685	NA	.	4.468	5	1	3	0	1	235	26	7.3
TRINITY_DN383_c7_g1_i1.p1	MHTVWVRNLNAVFFGLSALLGFLSAAIKIGHNSI Signal peptidase complex subunit 3A	K12948	NA	GO:0005618*cellular_component*cell wall GC	4.489	8	1	3	1	1	179	20.4	9.38
TRINITY_DN170_c0_g1_i8.p3	MSLVNVSTVLSSTDGVSHDTETEIKPSAALSQQQ tRNA(Ile)-lysidine synthase	K15042	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	8.162	8	1	3	1	1	226	25.3	5.24
TRINITY_DN1551_c1_g1_i3.p1	HSCFAGISIEQRPSYSSQNSNTLSLSIQYHTHTI Mesencephalic astrocyte-derived neurotroph	K22556	NA	GO:0005783*cellular_component*endoplasm	3.527	6	1	3	0	1	209	23.7	8.06
TRINITY_DN139_c0_g2_i1.p1	MNHSRSEVIQKTASGGGGSSSIASINGKAEI Hypothetical	K10865	NA	.	4.641	2	1	3	0	1	945	109	5.31
TRINITY_DN447_c1_g1_i13.p2	MMHLKFFQFPYPTIRLVISQTKARKMSKAELYCVH Imporin subunit alpha	K00927	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	5.758	9	1	3	1	1	140	16.1	8.59
TRINITY_DN1373_c1_g1_i8.p2	MNGSTAAATPPADPTTTTTSIASTSSTTKSVTND Spermidine synthase	K00797	NA	GO:0005741*cellular_component*mitochonc	4.895	3	1	3	0	1	403	43.6	4.48
TRINITY_DN2292_c0_g1_i1.p1	MSQEHTSRIIRRIIGFIVSSHAIYSHLLPLTHVSLA domain	K01915	NA	.	3.111	5	2	3	0	2	765	85.8	4.78
TRINITY_DN2915_c1_g1_i1.p1	TYIRTVLRQIHANALHGSAHTVQLKTKTMQSKAV Receptor-type adenylate cyclase	K16290	NA	GO:0016021*cellular_component*integral co	5.326	2	1	3	0	1	934	104.6	5.57
TRINITY_DN1126_c1_g1_i3.p1	MVGQNPDKSALSFRQTDLLEASREEGNAVEE Hypothetical	K02133	NA	.	5.372	1	1	3	0	1	1438	163.5	5.07
TRINITY_DN689_c2_g1_i4.p1	MSISSTARSLPVITGGIRVSPALPIVDSPPNATEK Poly(A) polymerase	K14376	NA	GO:0005847*cellular_component*mRNA clea	2.394	3	1	3	1	1	608	68.7	8.5
TRINITY_DN73_c0_g1_i2.p6	TKPTKSSKQNDLLLEDIFSSSGTSQANKNETKSC AP-1 complex subunit gamma-2	K12391	NA	.	7.399	7	1	3	1	1	261	27.2	6.33
TRINITY_DN344_c0_g2_i1.p1	MMTISAAAMPPLDTLQQLPFTQLFVSVLHVVS Aldehyde dehydrogenase 22A1	K03125	NA	GO:0005783*cellular_component*endoplasm	3.249	2	1	3	0	1	613	67	7.08
TRINITY_DN1739_c0_g1_i5.p2	KEEEERLTTEEAARKEEERAAAGGCSMLKKEE Hypothetical	K00262	NA	.	2.765	8	1	3	0	1	124	14	4.39
TRINITY_DN4035_c0_g1_i4.p1	MSKIEIMSNSMTNQTEPTLFRDSETRTMPNSV Hypothetical	K00763	NA	.	1.581	2	1	3	1	1	363	41.6	7.4
TRINITY_DN80_c0_g1_i7.p2	MTHSLVPATTENNIALSFREKKNLHCRSSSSI Hypothetical	K12789	NA	.	3.88	2	1	3	0	1	676	74.7	7.99
TRINITY_DN1113_c0_g1_i4.p1	MTSSTGLGGKGTLLIDPQRDFHDGGS LAVPNAS Hypothetical	K04563	NA	.	2.981	6	1	3	1	1	298	33.5	6.83
TRINITY_DN459_c0_g1_i1.p1	MFHLSVLRSHHLQYHHHPTSKRVGRNRFEYPC Quinone-dependent D-lactate dehydrogenase	K07055	NA	GO:0031234*cellular_component*extrinsic co	4.716	2	1	3	1	1	759	83	8.65
TRINITY_DN967_c1_g1_i3.p3	MKSLSLFAIASCIYAYAEPRSIQNDSGTKVEI Peroxisomal membrane protein 2	K00344	NA	.	7.095	9	2	3	0	2	448	49.6	5.15
TRINITY_DN1779_c0_g2_i2.p1	MKLNCTKIWLFTAFYIVFPLVSPFGFIHAGNVAP Canalicular multispecific organic anion transp	K12616	NA	GO:0016324*cellular_component*apical plas	4.978	1	1	3	0	1	1563	171.8	8.94
TRINITY_DN2377_c0_g1_i2.p1	YNYKIRDTHIHSNLISFIAVLLSSILFAFTPINGESN Hypothetical	K02937	NA	.	2.689	9	1	3	0	1	171	19.5	5.22
TRINITY_DN523_c0_g1_i1.p1	MKVMHSTVIAFLFFVGIQANRNLRLCLDPNTVI Hypothetical	K10908	NA	.	2.344	2	1	3	1	1	465	52.8	4.75
TRINITY_DN322_c1_g1_i1.p1	MQNKLEKTMSSKNMKDEGKEHGKKTSSQYE Chaperone protein dnaK2	K00228	NA	GO:0005524*molecular_function*ATP bindin	4.154	3	1	3	1	1	584	64.3	7.25
TRINITY_DN13_c1_g1_i1.p1	MSQSIHIEALTRKXVHRSSAMMSLMLVFLIIPNV Hypothetical	K10579	NA	.	5.41	6	1	3	0	1	300	33.4	8.7
TRINITY_DN1929_c1_g1_i1.p1	MKQETEPQRSLSEERQKFKPGSIRRIKLNHFLTYA Structural maintenance of chromosomes prot	K22803	NA	GO:0030054*cellular_component*cell junctio	2.47	2	1	3	0	1	1122	129.3	7.12
TRINITY_DN914_c0_g1_i10.p1	MATARFNCLAQKQKTAIHHCSSVIRPLCRSFQSL 2,3-bisphosphoglycerate-dependent phospho	K01834	NA	GO:0046538*molecular_function*2,3-bispho	5.687	5	1	3	0	1	398	46.3	9.03
TRINITY_DN634_c6_g1_i1.p1	MSIPPEHDNRFRKHHIITGAGGNFGREGYIFGLF 3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] reductase	Fab K15181	NA	GO:0102131*molecular_function*3-oxo-gluta	2.7	3	1	3	1	1	295	31.5	6.64
TRINITY_DN815_c6_g1_i1.p1	MTKEGQPVRLVNGAILGYKRLRNQYNSTSLIKII 60S ribosomal protein L35a-2	K02917	NA	GO:0022625*cellular_component*cytosolic li	3.897	10	1	3	1	1	112	12.5	10.39
TRINITY_DN973_c0_g1_i3.p1	MPEINQPSATHSKSRRTKSPSPSAALPAGYLISC General transcription factor IIH subunit 5	K10845	NA	GO:0005730*cellular_component*nucleolus	1.609	14	1	3	0	1	102	11.5	6.55
TRINITY_DN1468_c1_g1_i1.p1	MPPYGEPDWATPGASTSGAPEVTSVSNVTGQG associated protein	K11353	NA	.	2.207	8	1	3	0	1	196	21.6	7.08
TRINITY_DN1152_c0_g1_i8.p2	MVSSQDKRIDGEDAAGGQRORSQVQFSPQDMEF Hypothetical	K02896	NA	.	1.374	3	1	3	0	1	318	36.7	5.38
TRINITY_DN474_c0_g1_i1.p1	MKSVASKYLRIQHNSKINHLCTKRKSSVYNASTSSF Methionine aminopeptidase 1B, chloroplast	K01265	NA	GO:0009507*cellular_component*chloroplas	3.866	5	1	3	0	1	387	42.4	7.06
TRINITY_DN12722_c0_g1_i1.p1	RINHPEEVVLDQKINNVILDFDDKKRIALGIKQLS 30S ribosomal protein S1	K07238	NA	GO:0005840*cellular_component*ribosome	4.485	13	1	3	1	1	126	14.2	4.89
TRINITY_DN3666_c0_g1_i1.p1	MLCPMSMMVVNLRLWIFPMILIAFPFTRAQSF Hypothetical	K03686	NA	.	8.311	3	1	3	1	1	503	55.9	5.63
TRINITY_DN579_c0_g1_i3.p2	MSHLTEELRKRKSQIQDKKAKHITFNKDAEKSFPT Mitochondrial intermediate peptidase, mitoc	K01410	NA	GO:0009507*cellular_component*chloroplas	6.885	4	1	3	0	1	388	44	8.85
TRINITY_DN1515_c1_g1_i5.p2	MADKITLTPFYSMGLNTYKIPKDLFRQNRDLITRL Xaa-Pro dipeptidase	K14213	NA	.	2.216	4	1	3	1	1	527	59.2	5.63
TRINITY_DN1005_c1_g1_i10.p1	MVNKSSSSSTLSDNASLALQRECCASLVERNEHSTI Hypothetical	K01191	NA	.	2.616	1	1	3	0	1	754	84.8	9.06
TRINITY_DN1673_c0_g1_i6.p1	MTTLEAIGYTTAACGSI AFTFAFFAVAVRTRSYNI exocytosis, associated with Golgi transport	K00600	NA	.	2.064	2	1	3	0	1	1029	114.9	7.24
TRINITY_DN2844_c0_g1_i4.p1	IHSIRINTNEHKTTQPKEYIQSTMGLAATIIGGIGS Hypothetical	K02995	NA	.	3.508	9	1	3	1	1	110	12.2	9.63
TRINITY_DN3248_c0_g1_i7.p2	MSSLLVHNKTSFSPNAVQLSFLFISNVIQAFSPVIN SPX and EXS domain-containing protein 1	K09660	NA	GO:0005794*cellular_component*Golgi appa	7.544	3	1	3	1	1	446	50.2	9.96
TRINITY_DN1392_c4_g1_i1.p1	NIYSKVPVPSNHLCDQFCATVSNMTMSTNERNNSJ Hypothetical	K03248	NA	.	4.076	4	1	3	1	1	346	38.2	4.89
TRINITY_DN10133_c0_g1_i1.p3	MTLNNLYIKLCKSEKESGSMYGQFNSLRPGQGI Elongation factor Tu, chloroplast	K02358	NA	GO:0009507*cellular_component*chloroplas	6.429	5	1	3	1	1	313	35.1	5.43
TRINITY_DN3079_c1_g1_i2.p1	MKEKEHMLVTGHVDSKGSTATGHLIYKLGIDKF Elongation factor 1-alpha	K03231	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	2.396	3	1	3	0	1	490	54.5	8.46

TRINITY_DN440_c0_g1_i1.p1	MSSDLLYHSHLLLFKSWWISSHFYSLSHTHTSNK: Probable sulfate transporter MT1781	K15333	NA	GO:0005887^cellular_component^integral co	2.165	2	1	3	0	1	488	50.9	8.81
TRINITY_DN2508_c0_g1_i2.p2	MSNLDMNAPTLLTCSSESCSSSSSTSSSPRGE L-cysteate sulfo-lyase	K01951	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	7.85	4	1	3	0	1	411	44.3	7.12
TRINITY_DN20152_c0_g1_i1.p1	INLEQTPVAMPNDALKFVQQLAENKNKILFVGTKR: 30S ribosomal protein S2	K06947	NA	GO:0015935^cellular_component^small ribos	1.683	4	1	3	1	1	177	19.9	7.4
TRINITY_DN1674_c3_g1_i1.p1	MFSLFSLGKISQVPPGFLLLLVVPSINRYKLYNIV: intrinsic protein	K01188	NA	.	3.689	4	1	3	1	1	279	30.7	8.21
TRINITY_DN18_c1_g2_i1.p1	MNMSKRWYFLVATIVISVRTCECFLIQPRFNGNF: Hypothetical	K17732	NA	.	1.825	4	1	3	1	1	285	32.8	5.26
TRINITY_DN112_c0_g1_i3.p1	MNMFSLVASLMLVLLVWVTPPTNVVQKNFV: Prolyl 4-hydroxylase 2	K00472	NA	GO:0005783^cellular_component^endoplasm	3.521	6	2	3	0	2	565	63.8	5.91
TRINITY_DN574_c0_g1_i1.p1	MRSNDAIPVWEKRYRPTLQEVSHQTEVSTLTNA: Replication factor C subunit 4	K10755	NA	GO:0005663^cellular_component^DNA replic	3.716	3	1	3	0	1	392	43.4	6.57
TRINITY_DN790_c1_g1_i3.p1	MMEAARHISEEARILLSRLTGPDIAGHLTVLQNL: ARF guanine-nucleotide exchange factor GNO	K16569	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	3.866	1	1	3	0	1	1618	181.5	5.82
TRINITY_DN3130_c1_g1_i2.p1	MMNSIQFSTRKAIALLSLLSNLVVYSSMSF: Transmembrane emp24 domain-containing p	K14965	NA	GO:0005789^cellular_component^endoplasm	2.673	4	1	3	1	1	261	29.4	7.2
TRINITY_DN2018_c0_g1_i1.p1	MKFTSTIVASAILATTQTASAFSPNAPLSPSTHHC: 4-hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate re	K03527	NA	GO:0051539^molecular_function^4 iron, 4 su	2.344	2	1	3	0	1	469	52.7	5.82
TRINITY_DN444_c4_g1_i1.p1	MSKSANIAAAGHALWANIPKVNTELFAITYGLIT: Trafficking protein particle complex subunit 3	K20302	NA	GO:0033106^cellular_component^cis-Golgi n	4.711	7	1	3	0	1	203	22.5	4.67
TRINITY_DN507_c2_g2_i2.p1	RIAQDGSSLSLSLSPHPTSPNYQQITNSATVTN: Eukaryotic translation initiation factor 3 subu	K03250	NA	GO:0016282^cellular_component^eukaryotic	6.838	3	1	3	0	1	561	64.3	5.88
TRINITY_DN2709_c0_g1_i1.p1	MKYIIFITILYNIYTAAMSSSTSDQRIQFKTTPDA: Sterol-4-alpha-carboxylate 3-dehydrogenase,	K00266	NA	GO:0005783^cellular_component^endoplasm	4.763	5	1	3	1	1	413	46.6	8.5
TRINITY_DN3441_c0_g1_i2.p1	MLLIUKGTAVTSFVSTFRGPLFFVGSFSLPQQLLF: 14 kDa zinc-binding protein	K03363	NA	GO:0003824^molecular_function^catalytic ac	7.119	7	1	3	0	1	237	26.1	9.1
TRINITY_DN1610_c0_g1_i1.p1	MIIMKFIQSTLVSSVSSICAFSSLLSNVGTGKVPK: PEMT/PEM2 methyltransferase family protei	K00784	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	4.518	3	1	3	1	1	378	42.3	9.55
TRINITY_DN3084_c3_g1_i2.p1	MSYFLYSTGITIRPQQRFLYRPFYSSSSSSSSSC: NADPH:adrenodoxin oxidoreductase, mitocho	K18914	NA	GO:0005739^cellular_component^mitochonc	6.194	3	1	3	1	1	627	69.3	7.46
TRINITY_DN1002_c6_g2_i1.p1	MFFRRKNKFKASIPKGGDYYAEEGQYDSEEVET: Hypothetical	K20029	NA	.	5.163	3	1	3	1	1	422	47	4.6
TRINITY_DN2377_c4_g1_i1.p2	MFIFPKSHRIAVFKLYFSEGVLVKKDVTVSATHPHIEI: 40S ribosomal protein S10	K02947	NA	.	2.251	11	1	3	0	1	138	15.6	9.69
TRINITY_DN390_c0_g1_i3.p3	MIIRTLILLSLALLVNGFSHQRTGIIQLLPATS: Hypothetical	K00311	NA	.	6.285	6	1	3	0	1	255	27.7	5.27
TRINITY_DN934_c1_g1_i1.p1	MKRSNTIFWLVAVKALGATQVDSFYFPAVVAAT: Hypothetical	K01265	NA	.	4.21	5	1	3	1	1	321	36.3	4.85
TRINITY_DN1598_c0_g1_i1.p1	MIKATALTWIFIFWLDRVLSFSSPSQSHPLASH: Proteasome subunit beta type-7-B	K02739	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	2.831	2	1	3	0	1	451	49.7	5.27
TRINITY_DN20482_c0_g1_i1.p2	MKTIDSMKVKKNITIRVHYKGLTDGQLFDSSEGI: FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	K09568	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	6.111	24	2	3	2	2	145	16	4.53
TRINITY_DN2361_c0_g1_i1.p1	MHVLEDSAIFAALQEDVIGQSTGRKKRVMQTI: Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase B	K00264	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	3.629	5	1	3	1	1	287	32	5.76
TRINITY_DN1323_c0_g2_i1.p1	ITNDMDGGSTGAVKMDWKEVIGLRLVLTCSSE: Hypothetical	K14846	NA	.	6.299	8	1	3	0	1	170	18.9	7.84
TRINITY_DN2522_c0_g1_i4.p1	MSSNNWNNGNSMQQDFMEKDTVLDYDVKV: Squa	K00801	NA	GO:0005789^cellular_component^endoplasm	7.746	3	1	3	0	1	692	78.3	6.2
TRINITY_DN1942_c0_g1_i1.p2	MFKQNHMSYSELGEDLNFDTSVVKKIEPENADF: Leishmanolysin-like peptidase	K15113	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	1.304	4	1	3	0	1	324	37	6.61
TRINITY_DN2377_c2_g1_i2.p1	MRAEKEPKIGLKQPQKKGKQLAPLDGGTFLNPI: Hypothetical	K01889	NA	.	5.522	6	1	3	0	1	235	26.3	4.97
TRINITY_DN2236_c2_g1_i1.p1	MDFSTQRALESQKRNPLSPRVQSLAQSLGT: repeat	K15979	NA	.	5.899	3	1	3	0	1	815	91	5.41
TRINITY_DN218_c0_g1_i11.p2	MSESSIASLKKTEHYDKERYMATSDLCEALKKH: Cullin-associated NEDD8-dissociated protein	K17263	NA	GO:0016303^molecular_function^1-phospha	4.407	1	1	3	0	1	1464	160.4	5.16
TRINITY_DN2976_c0_g1_i1.p2	MKQKIRFDGLDVAAMTAQIRSSLGHKLANVDG: Nuclear export mediator factor NEMF	K02641	NA	GO:0005634^cellular_component^nucleus^Gt	7.669	1	1	3	0	1	1335	148.6	7.62
TRINITY_DN911_c0_g1_i1.p1	TAQFYRSRREPRIQRKKEPKQKINKAYIARGQHS: Dolichyl-diphosphooligosaccharide-protein g	K07151	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	8.233	2	1	3	0	1	936	106	9.17
TRINITY_DN373_c4_g1_i1.p1	MTDIPNPKTETIRQVMTVEYQIALSSHKSQDEEE: Arsenite methyltransferase	K03025	NA	GO:0030791^molecular_function^arsenite m	6.077	7	1	3	0	1	301	32.4	5.28
TRINITY_DN3389_c1_g1_i1.p1	MIPLTSNLSLRVVTWAAIPLVLLFPYMSSSLHG: Protein PAM68, chloroplastic	K09838	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	3.932	5	1	3	0	1	311	34.8	7.5
TRINITY_DN3125_c0_g1_i2.p1	MIPQSIYHALCLSFALAFSSQAAGSSHHSSPFY: Ubiquitin-like modifier-activating enzyme 1	K03178	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	3.158	1	1	3	0	1	1231	136.6	5.91
TRINITY_DN1029_c2_g1_i1.p1	MSLPYSDSQDDKDNLANAAANMQQQRNRI: Hypothetical	K00624	NA	.	5.967	1	1	3	1	1	1173	130.7	6.96
TRINITY_DN1249_c0_g1_i4.p2	MLEHKASAIMKFLVHLLPLAVFAAAATPQRT: UDP-glucose 4-epimerase 5	K01784	NA	GO:0009031^cellular_component^anchored i	1.909	2	1	3	0	1	392	43.1	5.38
TRINITY_DN22894_c0_g1_i1.p2	EGPVRODNRGRDMLDAAAPYPRKLAQYHDSMF: 50S ribosomal protein L5	K07937	NA	.	4.224	9	1	3	1	1	115	12.8	9.57
TRINITY_DN2680_c0_g1_i4.p1	MTMSVSNPPPLPNDGRKSTDIIMVTRTTTTH: complex component 7 (COG7)	K02094	NA	.	2.734	2	1	3	0	1	1115	123.5	5.36
TRINITY_DN1869_c1_g1_i1.p1	MKHFAFLFLLANARAQLPSLNTAFVPSASPTESF: 50S ribosomal protein L9	K06443	NA	GO:0005840^cellular_component^ribosome^i	3.559	5	1	3	0	1	258	27.7	9.44
TRINITY_DN91_c0_g1_i3.p2	MVDLIAEEKQSVRIYQPMQVMTGLVLEDF: Probable xyloglucan galactosyltransferase	GT K19001	NA	GO:0000139^cellular_component^Golgi mem	2.995	3	1	3	1	1	329	36.7	6.25
TRINITY_DN21_c3_g1_i3.p1	MHKYRMLGIAGLDFSKRVASAKQKRNLFAGGI: Carnitine O-acyltransferase, mitochondrial	K00624	NA	GO:0005743^cellular_component^mitochonc	3.394	3	2	3	0	2	828	92.5	8.8
TRINITY_DN1670_c1_g1_i1.p1	MTDTKDQPTGTVKDSINDKANKEEVAVAKQDD: Hypothetical	K06669	NA	.	4.849	9	2	3	0	2	496	53.7	5
TRINITY_DN2655_c0_g1_i1.p1	MLRNSATRLFNIAKPAQAKASITAAITNTTRVATN: Ubiquinone biosynthesis O-methyltransferase	K06207	NA	GO:0008425^molecular_function^2-polypren	1.62	3	1	3	0	1	284	32.7	9.95
TRINITY_DN12190_c0_g1_i1.p1	RVALRQTQGEVEIMYAPGKDGVSWSFKSRYEM: Aldehyde dehydrogenase	K00128	NA	GO:0004029^molecular_function^aldehyde d	3.89	3	1	3	1	1	491	53.7	5.47
TRINITY_DN3497_c0_g1_i1.p1	MEDLTVNTPVTPVGNPSNIKTSFKSLMVRVSVTK: Major facilitator superfamily domain-containi	K11279	NA	.	2.697	1	1	3	0	1	802	84.8	9.66
TRINITY_DN1682_c0_g1_i1.p1	KYIYKINLITRMTDSLQSSFQRIQISEEDLNKIECAE: GPN-loop GTPase 1	K06883	NA	GO:0005874^cellular_component^microtubu	4.31	4	1	3	0	1	393	43.6	5.11
TRINITY_DN3005_c2_g1_i1.p1	MVQIVKRRKKGSFIRGLRLIRIILVSGVLLCLYL: FkbM domain	K10577	NA	.	3.68	3	1	3	0	1	335	38.5	6.61
TRINITY_DN82_c7_g1_i3.p1	MAPFLVSCRLILNIVYVTLFASVHVLSSSQHGI: Acyltransferase	K14831	NA	Acyltransferase	5.244	3	1	3	0	1	414	46.1	9.69
TRINITY_DN473_c2_g1_i3.p1	MDETSQEWRSTLNATLNRLLSQYLNLRAASSEHI: Iocus protein 5 subunit 22 of Mediator compl	K22842	NA	.	1.93	9	1	3	0	1	139	15.5	4.45
TRINITY_DN218_c1_g1_i11.p1	MERNFTTKRTQNVMTSCQMSPKHQSTHSILCT: Glycerol kinase	K17263	NA	GO:0005524^molecular_function^ATP bindin	3.755	1	1	3	0	1	675	74.8	5.3
TRINITY_DN3582_c0_g1_i1.p1	MKFRPRLVSLAVLSSSIDAFSPVTIQRHSISKYTRQ: Glutamyl-tRNA reductase-binding protein, chl	K01662	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	9.04	5	1	3	1	1	352	39	5.64
TRINITY_DN25_c1_g1_i1.p1	MSYAYLFKYIIGDGSVGVKSCLLQFTDKRFPVHD: GTP-binding protein YPTC4	K07877	NA	GO:0005886^cellular_component^plasma me	3.45	7	1	3	0	1	208	23.2	7.5
TRINITY_DN113_c1_g1_i1.p1	MMFRNIAIILVACLSSDAFVPTRSLMMPKVPTL: ADP_ ATP carrier protein 2, chloroplastic	K03301	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	6.163	3	1	3	0	1	509	62.1	9.28
TRINITY_DN22144_c0_g1_i1.p1	QRSLQNFDDIGPREMRPEPIIRFSGLKCAAKVNN: Fumarate hydratase 1, mitochondrial	K01679	NA	GO:0005739^cellular_component^mitochonc	2.213	6	1	3	0	1	265	22.6	8.95
TRINITY_DN400_c2_g1_i6.p2	IGNPFFQNLSDVASTLASSLGGQTTSSSSSSSV: Glutathione S-transferase DHAR2	K00799	NA	.	2.898	2	1	3	0	1	504	56.5	5.54
TRINITY_DN682_c2_g1_i2.p1	MPPASVLSPLAVPPTSREGTFEFASFDAINDGVH: Hypothetical	K08515	NA	.	8.168	8	1	3	0	1	211	24	7.5
TRINITY_DN3369_c0_g1_i2.p1	FTNDNDPHLPMTFFPHDHPHETAAATTAATN: Probable prolyl 4-hydroxylase 3	K13525	NA	GO:0005783^cellular_component^endoplasm	5.339	3	1	3	0	1	475	54.7	6.55
TRINITY_DN3285_c1_g1_i1.p1	MSASLKPVIETLEGNRHRLTDEEAFAISLGGDF: Anthranilate phosphoribosyltransferase, chlo	K00766	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	3.377	4	1	3	1	1	355	37.2	5.34
TRINITY_DN302_c9_g1_i1.p1	MKGPHSLLLIQQVATSHAFRPKNNPATKSWLSI: Protein MSP1	K10395	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	2.294	1	1	3	0	1	1452	160.2	5.38
TRINITY_DN93_c0_g1_i1.p1	MSLNNQKFKTILGGDDPVLKAMFANVVSVVVR: Synaptic vesicle membrane protein VAT-1 hor	K00863	NA	GO:0048037^molecular_function^cofactor bi	3.566	2	1	3	1	1	467	51	6.61
TRINITY_DN266_c4_g1_i4.p1	SSSSTSSSNVRMVFCSQRPMEKIQEILSRELGI: ATP-dependent RNA helicase SrmB	K07513	NA	GO:0005524^molecular_function^ATP bindin	4.807	7	1	3	0	1	233	25.6	7.5
TRINITY_DN3256_c0_g1_i16.p1	MSNPIDTDFVTSDLEPGLDVTLDPIVEEDTIKNI: Hypothetical	K08912	NA	.	6.894	2	1	3	1	1	702	77	3.95
TRINITY_DN171_c8_g1_i2.p1	HQEMPDQLKFLNDAGLQKVKDELSTPKVYESI: Hypothetical	K11599	NA	.	3.876	6	1	3	1	1	232	26.2	5.22
TRINITY_DN20235_c0_g1_i1.p1	MKATQKGTFLIEMIVVAIGLAAVAIPAYQEVG: Fimbrial protein	K00235	NA	GO:0009289^cellular_component^pilus^GO:0	2.463	6	1	3	1	1	136	13.5	4.04
TRINITY_DN1242_c1_g1_i2.p2	DRPKQTPHLSTHKMNSNESDESPISVAPLGDIR: 26S proteasome non-ATPase regulatory subu	K03038	NA	GO:0005643^cellular_component^nuclear po	8.902	5	1	3	0	1	373	41.5	6.93
TRINITY_DN359_c14_g1_i8.p1	KQEPPTSSLVITTAATTTAATTTTTTTTKPTDAI: Histone H1-II	K20293	NA	GO:0000786^cellular_component^nucleosor	4.077	1	1	3	0	1	1357	152.1	7.42
TRINITY_DN2321_c1_g1_i3.p2	MVDYDDESQYLLEAGRRHHPVSPQTSSDIET: carboxyl methyltransferase	K14556	NA	.	4.172	5	1	3	1	1	390	43.4	5.08

TRINITY_DN8774_c1_g1_i1.p1	MSNFLKDKTAIVTGGSSGTGKAIAKALLTSGCNVFI Dehydrogenase/reductase SDR family membe	K09480	NA	GO:0047886*molecular_function*farnesol de	4.5	5	1	3	1	1	266	28.4	5.94
TRINITY_DN1704_c0_g1_i1.p1	MSEIKLDKQVYQRMGKLYAAFQKKNKGAWGQAI FACT complex subunit SPT16	K08770	NA	GO:0035101*cellular_component*FACT com	6.294	2	1	3	0	1	1076	122.8	4.97
TRINITY_DN571_c0_g1_i1.p1	MGIVGYLLFIHPFLVIGSISDKVLPQLQNAVSSVIFGI Probable prolyl 4-hydroxylase 7	K00058	NA	GO:0005783*cellular_component*endoplasm	4.549	3	1	3	1	1	709	78.8	5.48
TRINITY_DN123_c2_g1_i2.p1	MSTQQRVSYFYHPEVGHFYGPSHPMKPHRLKLA Probable histone deacetylase 1-B	K06067	NA	GO:0000785*cellular_component*chromatin	5.094	3	1	3	1	1	438	49.2	5.49
TRINITY_DN2509_c0_g1_i1.p1	EAQAFLAASSGGMPSSLSLGGTRSTATTTTTIG Prolinase-tRNA ligase	K01881	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	2.909	3	1	3	1	1	667	73.5	5.95
TRINITY_DN29_c2_g1_i2.p1	MANNQGYVYDDLNNVSLCPKWAPVLFGGVIAA V-type proton ATPase 16 kDa proteolipid sub	K02155	NA	GO:0016021*cellular_component*integral co	7.204	6	1	3	0	1	206	21	8.13
TRINITY_DN352_c7_g1_i2.p1	MSTSNANGSANSKSGSSNDGSPMMNSQPTIVI ABC transporter C family member 2	K03083	NA	GO:0016021*cellular_component*integral co	4.18	1	1	3	0	1	1415	156.5	7.28
TRINITY_DN17935_c0_g1_i1.p2	MPSYATPKDQLFVLHVDVLIKQSDIPQYGGLEAD 3-methylmercaptopyropionyl-CoA dehydrogen	K00253	NA	.	5.591	5	1	3	1	1	239	25.5	4.74
TRINITY_DN3296_c0_g1_i1.p1	MSEKAFPLADADLTIADLDLVQATNRYKTKKGA1 13 kDa ribonucleoprotein-associated protein	K12845	NA	GO:0031428*cellular_component*box C/D sr	2.187	8	1	3	1	1	123	13.4	6.07
TRINITY_DN12099_c0_g1_i1.p1	MQAMQGGPPYGGPVMVLNQKTQRQTGRQQLS T-complex protein 1 subunit gamma	K09495	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	3.188	2	1	3	0	1	560	62.1	5.85
TRINITY_DN2315_c0_g1_i4.p1	MMHARNKRGEGERKKNHWHILPRISLRFIFPLF Glutathione S-transferase class-mu 26 kDa isc	K00799	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	2.408	2	1	3	1	1	370	42	6.33
TRINITY_DN1095_c0_g1_i2.p1	MYALLSLIRNRDWFSTFHPNNSRMLVSRGLIMSTI domain	K02641	NA	.	4.079	2	1	3	0	1	593	68.1	7.36
TRINITY_DN2235_c1_g1_i1.p1	MKIFSIAYILSTATAFGFAPSLKAPSNRVATSLNM/ Cytochrome b6-f complex iron-sulfur subunit	K02636	NA	GO:0033115*cellular_component*cyanelle th	4.519	6	1	3	1	1	212	22.9	7.3
TRINITY_DN271_c1_g1_i1.p1	AAMAESSPPSEKLTNLITSETPTVPKETSEAAAN/C Tyrosine-tRNA ligase 1, cytoplasmic	K01866	NA	GO:0005829*cellular_component*cytosol GC	5.793	2	1	3	0	1	773	85.7	5.6
TRINITY_DN530_c3_g1_i1.p2	ISSSTKMAAIRFASSPPPLPTTVTDETAATSMLI 9,11-endoperoxide prostaglandin H2 reducta	K06963	NA	.	2.722	4	1	3	1	1	436	49	7.05
TRINITY_DN3605_c0_g1_i2.p1	MTVGDQKQIFVCLVSNVSDHDLQASRKAIILQ/ Hypothetical	K23288	NA	.	5.301	11	1	3	1	1	123	14	5.08
TRINITY_DN1677_c1_g1_i1.p1	PSPHRPMNSRNSQIQGTQYHNLTRTLFKQKQINQYQ Splicing factor U2af small subunit B	K12836	NA	GO:0005681*cellular_component*spliceosom	3.45	5	1	3	1	1	345	41	9.25
TRINITY_DN285_c0_g1_i2.p1	MTQLPTLNLDDIEMSQKHFLESTANWVVPGFVL Putative tyrosine phosphatase 197R	K00731	NA	GO:0004725*molecular_function*protein tyr	7.504	6	1	3	0	1	240	26.6	4.73
TRINITY_DN941_c1_g1_i4.p1	MTGRGRGRGNDGRFRGGRRGRRGRRGRRQ/ DNA topoisomerase 3-beta	K03165	NA	GO:0005634*cellular_component*nucleus GC	5.903	1	1	3	0	1	1234	137.1	9.16
TRINITY_DN1426_c8_g1_i1.p1	LDCIYKIDCVLIQNTNTQEEFVHQMCNAYVYP/ Ras-related protein Rab-7a	K07897	NA	GO:0097208*cellular_component*alveolar la	6.352	3	1	3	1	1	442	49.5	8.38
TRINITY_DN1314_c0_g1_i2.p1	KKIVCKTLQLTQTHAHTNAMSFLALIFATVILV/ Palmitoyl-protein thioesterase 1	K01074	NA	GO:0030424*cellular_component*axon GC	3.858	3	1	3	0	1	433	49.6	6.55
TRINITY_DN504_c1_g1_i1.p1	MTSKAEIDNLLSTRNRYSATIIPQLEVFVVQASGNS Eukaryotic translation initiation factor 3 subu	K15028	NA	GO:0005829*cellular_component*cytosol GC	2.624	4	1	3	1	1	246	27.4	5.08
TRINITY_DN1230_c1_g2_i1.p2	MSKKRKRISQPPPPQPEEEKESNNNDYTDH/ DCN1-like protein 1	K17822	NA	GO:0005829*cellular_component*cytosol GC	5.351	4	1	3	1	1	292	33.4	4.98
TRINITY_DN598_c3_g1_i8.p1	MSHVTYLSSSSSSQRLLSLIIHITTVLQGLGRN/ Methionine-tRNA ligase	K14442	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	2.563	1	1	3	0	1	812	90.2	5.91
TRINITY_DN2802_c0_g1_i6.p1	HFQNSRDFTSSYGEDEEEEEEYDDDDDD/ Hypothetical	K05658	NA	.	4.148	2	1	3	1	1	528	60.3	6.84
TRINITY_DN1726_c0_g1_i1.p1	MGSTMAKSYPKPCVMGDSVMSKKAHGTSHP/ Hypothetical	K03070	NA	.	9.415	30	2	3	0	2	179	20.1	7.09
TRINITY_DN975_c1_g1_i4.p1	MPLLSNVFNRSFSSKNSVTHRVSYHHHN/ Pseudouridine-metabolizing bifunctional prot	K16329	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	4.446	1	1	3	0	1	712	75.2	6.84
TRINITY_DN1257_c2_g1_i1.p1	MINIRNITFCITSMPLLESTLGFVSGNSVRKITTS Hypothetical	K14677	NA	.	5.021	10	1	3	1	1	180	20.1	4.88
TRINITY_DN142_c4_g1_i1.p1	RSQKNTPKRSGLFSLNIGYLFNRQMRNLRYNFL/ Protein of unknown function (DUF1824)	K01648	NA	.	3.344	8	2	3	2	2	272	30.5	5.73
TRINITY_DN2219_c1_g1_i1.p1	MSSICRIVGKYRLRITFFPVVSLNYSRPFKSA/ Glycerol-3-phosphate dehydrogenase, mitoch	K00111	NA	GO:0009331*cellular_component*glycerol-3-	4.098	2	1	3	1	1	752	83.8	6.68
TRINITY_DN8100_c0_g1_i1.p1	KSLNLLNSTRNQRKLPVFYFSSSKLKYKQKKK/ DNA-directed RNA polymerase subunit beta	K00232	NA	GO:0009507*cellular_component*chloroplas	1.529	1	1	3	1	1	1058	120.8	8.92
TRINITY_DN5718_c1_g1_i1.p1	MADEHKSQEYDQPEAKEIYAKLYPPYFKGIPRFYDI Adenine phosphoribosyltransferase 2	K00759	NA	GO:0005829*cellular_component*cytosol GC	4.714	6	1	3	0	1	219	24	5.45
TRINITY_DN634_c3_g1_i3.p1	MASSAKVTFLEDIFENTALNPDGKFKFETVNRIAA/ DNA-directed RNA polymerases II and V subu	K03016	NA	GO:0005736*cellular_component*RNA polyr	5.884	12	1	3	1	1	146	16.1	5.14
TRINITY_DN152_c1_g1_i4.p1	MSEIEKSTFGNGGREGVDFRQDSSHVHMIVTI/ Non-histone chromosomal protein 6	K09839	NA	GO:0000790*cellular_component*nuclear ch	5.257	4	1	3	0	1	540	59	9.26
TRINITY_DN754_c0_g1_i3.p1	PKKSLQCLSTLYSFPSSQTRAFYTSDFRPVYNSV/ conserved protein (DUF2358)	K21480	NA	.	5.128	4	1	3	0	1	307	35.2	9.33
TRINITY_DN2852_c4_g1_i7.p1	MPLESCMILLNDSQYMRNGDYLPRLSAQQDA/ 26S proteasome non-ATPase regulatory subu	K03029	NA	GO:0005829*cellular_component*cytosol GC	5.129	4	1	3	0	1	457	48.9	4.41
TRINITY_DN3975_c0_g1_i1.p1	MSPQHVHQHEVMTCKQWVEEMKLLSDKKLVR Hypothetical	K13431	NA	.	7.797	8	1	3	1	1	212	24	7.15
TRINITY_DN895_c0_g1_i1.p2	MCIASSHQNDQKERVMDAIIPTLPKDSTGLPPV/ Kelch-like protein 6	K23281	NA	GO:0005829*cellular_component*cytosol GC	6.234	3	1	3	1	1	596	66.3	4.83
TRINITY_DN254_c0_g1_i1.p1	MSMGSRYSINRAANACCRSLYHGGSSQHYGM/ Cytochrome c oxidase assembly protein COX1	K02258	NA	GO:0032592*cellular_component*integral co	6.601	13	2	3	2	2	362	40.8	7.2
TRINITY_DN2497_c0_g1_i2.p1	MNPHTHLRLRRRRNRQSLSGVCRNFHALVTL/ Protein of unknown function (DUF760)	K11887	NA	.	4.461	4	1	3	0	1	391	43.4	5.67
TRINITY_DN632_c12_g2_i2.p1	DMKTTTSSSTYSSTRASVAPSAETPPTKVAASF Protein ApaG	K22101	NA	.	7.758	13	1	3	1	1	203	21.6	6
TRINITY_DN1687_c0_g1_i1.p1	MKGIEKLEKSMGITPEAIPAKPNVSCVVRMGNLI/ Protein TCP17	K04079	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	6.813	10	1	3	1	1	153	16.3	5.26
TRINITY_DN1106_c1_g2_i1.p1	MSAAAARRRQLAAKAALATDTPSEKLSLSSPT/ Protein of unknown function (DUF410)	K00134	NA	.	5.972	4	1	3	1	1	412	44.8	7.77
TRINITY_DN969_c3_g1_i1.p1	MKTTSLITLVAAMATVEGFAPQSITARVNTNLI/ Magnesium-protoporphyrin O-methyltransfer	K03428	NA	GO:0046406*molecular_function*magnesium	6.115	6	1	3	0	1	264	29.4	7.74
TRINITY_DN235_c0_g1_i2.p1	MGSNVSSLRQHQHNNQQTSSLSSSNAKISTVE/ Cytochrome c oxidase assembly factor 7 hom	K00967	NA	.	6.19	4	1	3	1	1	469	52	5.62
TRINITY_DN1571_c1_g1_i2.p2	MARLSHVFVSLFATNTAAAFAPAAPVKLTSTTAF Hypothetical	K03249	NA	.	6.207	8	1	3	0	1	153	16.8	6.38
TRINITY_DN35_c2_g1_i1.p1	MSTNSITTTKAVNQLLIILLIISDLGCLNILSSKRL/ tRNA (guanine(9)-N1)-methyltransferase	K15445	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	2.333	3	1	3	1	1	397	45.8	8.03
TRINITY_DN7942_c0_g1_i4.p1	SSSSSSSSSSSSSSSSSSSIAVGGCVLGTSLCKQL/ Protein YeeZ	K08744	NA	GO:0005829*cellular_component*cytosol GC	4.607	4	1	3	0	1	302	32.1	6.77
TRINITY_DN2930_c0_g1_i1.p1	QSTTNASPHCISLNFQLIMLITLNCSSSSRLFKKS Hydroxyacylglutathione hydrolase	K01069	NA	GO:0008800*molecular_function*beta-lactar	4.349	5	1	3	1	1	337	37.5	7.25
TRINITY_DN409_c5_g1_i1.p1	MTAGRLNYWGPENDRPYKVEGPCITRTINAYAVG/ family	K12816	NA	.	1.827	4	1	3	1	1	200	21.2	8.27
TRINITY_DN281_c3_g1_i4.p1	MSSIKMLGHARRRFLTASSLSTTRCQNAACVFLN/ Glutamine-fructose-6-phosphate aminotrans	K00820	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	8.602	3	1	3	0	1	724	78	7.37
TRINITY_DN2290_c1_g1_i3.p1	MRSISTRIPSLFARVTFNNGVSRLLFSAFTPLAR/ Proline iminopeptidase	K07937	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	5.257	2	1	3	0	1	753	83.8	8.44
TRINITY_DN2566_c0_g1_i4.p1	MNSSSPSSSHASMDLRVHLIKAAIVYMIQFLAL Hypothetical	K00025	NA	.	5.062	4	1	3	1	1	442	50.2	4.86
TRINITY_DN4847_c0_g1_i1.p1	MQOQFKSDLQSNQAVLSAGVVKDDSTKTSPTAT/ region leucine zipper	K04523	NA	.	4.996	4	1	3	0	1	527	57.8	4.73
TRINITY_DN507_c6_g1_i3.p1	MSQCKMPSDLQVKAIPGNDKCCDCCGMKHPQV/ Probable ADP-ribosylation factor GTPase-acti	K03301	NA	GO:0005829*cellular_component*cytosol GC	6.693	3	1	3	0	1	470	49.4	8.56
TRINITY_DN1217_c0_g1_i1.p1	MIWHSIILRAVAILTCAAVPATRSFTRLHSHYS/ Epoxide hydrolase 4	K02732	NA	.	4.516	1	1	3	0	1	1017	111.4	5.64
TRINITY_DN860_c1_g1_i1.p1	MWFCPLDGLTLQIQPANNAGSTSASSNFVCS/ DNA-directed RNA polymerase III subunit RPC	K03019	NA	GO:0005730*cellular_component*nucleolus	8.683	15	1	3	1	1	115	12.8	5.36
TRINITY_DN21840_c0_g1_i1.p1	MNTNLYSTKAKLQSKYHYFGILLIIVDSARGVIRI Hypothetical	K01834	NA	.	5.563	5	1	3	1	1	314	34.1	4.88
TRINITY_DN27277_c1_g1_i1.p1	MTRIQMLAGASTSGQKXHLRLLTGRLLSGCV/ Mycinamicin V1 2'-O-methyltransferase	K06897	NA	GO:0000287*molecular_function*magnesium	1.405	3	1	3	1	1	334	36.8	6.92
TRINITY_DN2868_c0_g1_i2.p1	MITTNASDQNIETHKPHYVYTAGTLGSSAPSSSL/ Phototropin-1A	K03039	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	7.62	4	1	3	0	1	377	41	5.26
TRINITY_DN1658_c0_g1_i2.p1	MSTTYIQNRVEIFRGVPRFHPDFSLFAQANS Hypothetical	K02993	NA	.	6.969	3	1	3	0	1	557	62.4	4.7
TRINITY_DN4526_c0_g1_i1.p1	MGOQSSSTSSPSSSSSPALPEYGNPNYGLT/ Protein of unknown function DUF302	K01255	NA	.	5.852	8	1	3	0	1	170	17.7	5.07
TRINITY_DN834_c0_g1_i3.p1	MSTNGEQQTDFDLFSHNIGEDTGRDNHVRK/ Phosphatidylinositol 4-phosphate 5-kinase 8	K20989	NA	GO:0016308*molecular_function*1-phosphat	5.391	3	1	3	0	1	441	50	7.15
TRINITY_DN2747_c1_g1_i4.p1	MAVAHLKMKKFLVLIQFIJFSACAAATTARAFF/ Calcium-transporting ATPase, endoplasmic re	K01537	NA	GO:0005783*cellular_component*endoplasm	8.729	2	1	3	0	1	1144	124	7.25
TRINITY_DN619_c0_g1_i2.p2	MAESMCIIRIKRNQTFFRITSKASSISIKNEIDALS Hypothetical	K06678	NA	.	4.6	15	1	3	1	1	102	11.3	5.21
TRINITY_DN231_c0_g2_i1.p1	MSQYLHQIRRRPAPQFALHCKAHLIPNTSP/ Transcription factor GTE10	K13348	NA	GO:0005634*cellular_component*nucleus GC	6.305	1	1	3	0	1	1499	168.6	5.58
TRINITY_DN1515_c1_g1_i5.p4	MLHLFNFTLLAVQSSIDRRPKSSTAESYKGLLS/ Xaa-Pro dipeptidase	K14213	NA	.	4.239	5	1	3	1	1	350	39.2	5.06

TRINITY_DN1472_c0_g1_i1.p2	MMSRKNRLLISVFLTLVTLFKNSIGGEIVSLNDAT Thioredoxin domain-containing protein	K07937	NA	.	6.051	6	1	3	0	1	223	24.8	8.88
TRINITY_DN262_c0_g1_i2.p1	MFPKAIILINILATCSNLFLVGTFCQTASITRSSSTSS Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase C	K15505	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	5.949	6	1	3	0	1	201	21.6	9.16
TRINITY_DN2850_c0_g1_i9.p1	MLNKKLLSLLVNTSGTSGVGSFLNAPLSTLSSIVAK Phosphoserine phosphatase 1	K00731	NA	GO:0004647*molecular_function*phosphose	1.435	3	1	3	0	1	315	34.1	7.02
TRINITY_DN1885_c0_g1_i1.p1	MLLP2IASLNSTNSAPSPSEGITTIISHHPLQGESF Dapdamide A synthase	K02542	NA	GO:0005524*molecular_function*ATP bindin	4.336	2	2	3	0	2	1000	109.8	6.35
TRINITY_DN11226_c0_g1_i1.p1	FVPSLSMSINVASNLKGDNITDDAVIECMNRPDC Hypothetical	K09494	NA	.	9.483	17	1	3	1	1	99	10.4	4.78
TRINITY_DN1254_c3_g1_i2.p2	MFTNIAQVFLSPFYKQCHGLSLPFTSFKTRSTVA Probable glutathione S-transferase DHAR1, cy	K00799	NA	.	3.177	6	1	3	0	1	294	33.9	7.37
TRINITY_DN88_c5_g1_i1.p3	MRISIFALATVAISQAASDAVYTRPKWLNLSLPSV Hypothetical	K08678	NA	.	2.015	2	1	3	1	1	299	34.3	9.82
TRINITY_DN961_c1_g1_i7.p1	MPISQSLSNVSAELFKAATSHWSNHNIGGGS LN THO complex subunit 1	K12878	NA	GO:0005634*cellular_component*nucleus*Gt	1.584	1	1	3	0	1	1339	148.8	5.22
TRINITY_DN1160_c0_g1_i1.p2	MWDERYSEEGYVSTPEPNDFLASQCDKLPNSKI UPF0187 protein S11024	K08994	NA	GO:0016021*cellular_component*integral co	7.001	19	2	3	2	2	196	21.8	5.47
TRINITY_DN1889_c4_g1_i2.p1	MDPNCVIVPEDEVEISDKLWMEQLQFINLHPETT Nuclear transcription factor Y subunit C-4	K08066	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	2.894	3	1	3	0	1	262	29.8	5.43
TRINITY_DN912_c2_g1_i1.p1	HKRYKVIIVIIITLSYLSYNSASIFISICISGYFVSKSVTI Catalase	K03781	NA	GO:0005777*cellular_component*peroxisom	3.355	3	1	3	1	1	635	71.5	7.91
TRINITY_DN1705_c1_g1_i3.p1	MPFGSGDKKKKAAAPAAKTVDPHYLDDEPEVC Probable 26S proteasome regulatory subunit	K00231	NA	GO:0005829*cellular_component*cytosol*GC	2.721	2	1	3	0	1	557	61.4	7.49
TRINITY_DN1320_c0_g1_i1.p2	MQVCQTVEQQTSSNNKQERMSSSDNYAGRLSDY NAD-dependent protein deacetylase sirtuin-6	K11416	NA	.	4.976	5	1	3	1	1	345	38.9	7.37
TRINITY_DN1715_c1_g1_i9.p2	MTTLKLSLTLNPPRRVPIEISSESPKLFKVASEA Sodium/hydrogen exchanger 5	K15275	NA	GO:0005768*cellular_component*endosome	3.05	2	1	3	0	1	471	50.5	5.94
TRINITY_DN1467_c0_g1_i3.p1	MSVRPNLPIQEMPPGGYATLDVARIFPKRGPJ NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha s	K11353	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	3.11	7	1	3	0	1	133	15.3	9.66
TRINITY_DN144_c2_g1_i1.p1	MITNTPPLNLNLRNCQAILKQKLSLSTLESKYGTI FK506-binding protein 5	K02960	NA	GO:0003755*molecular_function*peptidyl-pr	7.372	9	1	3	1	1	217	24.5	6.19
TRINITY_DN2270_c0_g1_i1.p1	MSEFTNSNNTMSRNNAKEEPSGFSDHHRNAI Proteasome subunit beta type-7	K02739	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	5.454	4	1	3	0	1	308	33	6.5
TRINITY_DN3823_c1_g1_i2.p1	MCQITETRRRVIVAGIAGPAGLLCASLLERNND Kynurenine 3-monooxygenase	K00486	NA	GO:0005741*cellular_component*mitochonc	3.403	2	1	3	1	1	506	57.6	7.24
TRINITY_DN2706_c1_g1_i1.p1	MKRSSSTLCLLIALLLFGKSAIVAHDTAAAAAEAI Hypothetical	K00266	NA	.	2.893	4	1	3	0	1	231	26.5	4.61
TRINITY_DN1623_c0_g1_i3.p1	MNALIRLPRSTKISVPYKATGSWHQFLKNWHGS Elongation factor G-2, mitochondrial	K02355	NA	GO:0005739*cellular_component*mitochonc	9.736	3	1	3	0	1	751	83.4	6.04
TRINITY_DN1193_c0_g1_i1.p1	KQNKSTIENIVFVSESHNIIYITPSNVTSDFTM family	K01895	NA	.	5.458	2	1	3	0	1	567	63.2	5.43
TRINITY_DN1349_c0_g1_i3.p2	MKQNLRSRDPALFIHKFHLTLALLCLISITSDAFS DNA annealing helicase and endonuclease ZR	K14440	NA	GO:0043596*cellular_component*nuclear rej	4.207	6	1	3	0	1	315	35.1	8.29
TRINITY_DN1678_c2_g1_i1.p1	MGNKASHEFDGCTTLGVRVLGVQPNPASRAGLI Golgi reassembly-stacking protein 2	K10413	NA	GO:0005789*cellular_component*endoplasm	3.199	3	1	3	1	1	344	37.6	4.56
TRINITY_DN3912_c0_g1_i1.p1	MASSGSGYDLASSTFPDGRIFQVYASKAVDNAC Proteasome subunit alpha type-3	K02727	NA	GO:0048046*cellular_component*apoplast*G	3.597	4	1	3	0	1	268	29.8	5.14
TRINITY_DN1660_c2_g1_i2.p1	MKVIVLSPVLSAFSTSPQLQKSEFSSSQLQHS Hypothetical	K12852	NA	.	1.854	5	1	3	1	1	144	16.1	7.99
TRINITY_DN545_c0_g1_i5.p1	MAKTTNTDHPSSQDKQHHVFNPDVAVRV Serine/threonine-protein kinase STY46	K11836	NA	.	3.824	2	1	3	0	1	606	67.3	6.51
TRINITY_DN2029_c0_g1_i3.p2	QVCGLSSTIVNKAVPSLKDGM DYVVLGSSDLVVS Pyruvate kinase	K00873	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	6.642	5	1	3	0	1	381	42.3	5.44
TRINITY_DN1931_c1_g1_i1.p1	MLKRFISLVSALLSPLNVSQRTLLPKSNTKLDLSI Probable formate transporter	K17428	NA	GO:0016021*cellular_component*integral co	7.18	5	1	3	1	1	309	32	9.35
TRINITY_DN1321_c2_g1_i3.p1	MTCLFSFFATNCMLFYFRIQTRVLQLLLLVLPFF Hypothetical	K10357	NA	.	5.921	6	1	3	0	1	295	32.9	4.77
TRINITY_DN10271_c0_g1_i2.p2	MSSYLHTPAGNFRFAKILIAEYNSVPISIPDFDAT Elongation factor 1-gamma-B	K09415	NA	.	6.111	9	1	3	0	1	214	23.8	5.41
TRINITY_DN408_c2_g1_i2.p1	MAPNKNDEQPDPDDLLCNFLVESSQHRIC glycine-rich domain-containing protein 2	K02326	NA	GO:009734*biological_process*auxin-activa	5.892	2	1	3	0	1	619	69.7	5.69
TRINITY_DN1985_c0_g1_i2.p1	MEDEQSPVSLITLQNNPVPDPLPHGWIMHKRS domain	K02956	NA	.	3.551	13	1	3	1	1	101	11.7	4.7
TRINITY_DN1582_c2_g1_i6.p1	MAKTKASTSAPKVAVIGGGVSLSCAWHLHANIT Tuberculoostearic acid methyltransferase UfaA	K13412	NA	GO:0008168*molecular_function*methyltran	5.91	1	1	3	0	1	1035	116.5	7.03
TRINITY_DN2377_c1_g1_i4.p1	LQPQMSKFLKIPGLYAVNREMTSAATYLRRRPI Phenylalanine-tRNA ligase, chloroplastic/mitr	K01889	NA	GO:0009507*cellular_component*chloroplas	6.777	3	1	3	0	1	439	50.3	6.3
TRINITY_DN608_c0_g1_i4.p1	MVALNIRVIALLMCLQDNYALYCNQAFLIQHKSVM kynurenine-oxoglutarate transaminase	K00816	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	4.427	3	1	3	0	1	589	65.6	5.66
TRINITY_DN1971_c1_g1_i1.p1	MKLKFLQKLNRENVTIELKNGTVISGTVVGVDAT Small nuclear ribonucleoprotein Smd1b	K11087	NA	GO:0071013*cellular_component*catalytic st	4.919	16	1	3	1	1	114	12.2	11.44
TRINITY_DN2955_c0_g1_i3.p1	PPHQRTIFFAFLHSQYQLNPKSVIIFYLFLLSIPQITTI E3 ubiquitin-protein ligase RNF126	K04079	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	3.267	2	1	3	0	1	501	55.7	5.57
TRINITY_DN265_c0_g1_i2.p1	MLYSKVLFPALSLQMLITVPTVHAAKQTRSSWF Cell surface glycoprotein 1	K02145	NA	GO:0005618*cellular_component*cell wall*G	4.475	2	1	3	0	1	922	96.8	4.42
TRINITY_DN1133_c0_g1_i1.p1	MGSTKYLYTICCFFLASRPLGVYCLVPPNPPGG Glutathionyl-hydroquinone reductase PcpF	K07393	NA	GO:0004364*molecular_function*glutathione	3.022	5	1	3	0	1	386	43.4	7.81
TRINITY_DN1082_c0_g1_i1.p1	MQRPDGSSSSLPSPPNMTNTRAPTNLHRPAT phosphoesterase	K14403	NA	.	4.038	2	1	3	1	1	840	93.2	6.06
TRINITY_DN2423_c1_g1_i2.p1	MVNRNFATIALLPSGQALSPLPPCNKPSRLKSLA DNA gyrase subunit B, mitochondrial	K07901	NA	GO:0005694*cellular_component*chromosoi	4.918	3	1	3	1	1	797	86.7	6.3
TRINITY_DN1917_c2_g1_i1.p1	MISSRNKRIATRSIGVWAVVIFLITSTPVSIARPAI Hypothetical	K02875	NA	.	5.383	3	1	3	1	1	596	65.5	6.33
TRINITY_DN2241_c0_g1_i2.p1	MVSFGRIFLSHFTFNRIPIRPFKLSPPNSLALLPF NAD(P)H-hydrate epimerase	K17759	NA	GO:0005739*cellular_component*mitochonc	1.898	3	1	3	0	1	417	46.2	7.42
TRINITY_DN4383_c0_g1_i2.p1	GTFRRLFKHQIIFRPLSVFQTSLLAFLPSPYLM Hypothetical	K14297	NA	.	3.437	5	1	3	0	1	288	31.8	7.12
TRINITY_DN212_c1_g1_i1.p2	MLPLTSLQHEEVEVASYDDHDSLQSHVPTPLPVF Hypoxanthine DNA glycosylase	K21777	NA	GO:0097507*molecular_function*hypoxanth	2.606	6	1	3	1	1	220	23.6	6.54
TRINITY_DN91_c3_g1_i9.p1	MKPNGTIDNADSDPDESDVDFEGIDQEDDNDY Probable chromatin-remodeling complex ATP	K11654	NA	GO:0016589*cellular_component*NURF com	3.63	1	1	3	0	1	1117	128.7	7.03
TRINITY_DN2385_c0_g1_i1.p1	MGRYSSVQTYSDQQRNTSTTYEQERATGGTLQTE PRKR-interacting protein 1 homolog	K16732	NA	GO:0005730*cellular_component*nucleolus*	3.999	8	1	3	0	1	232	26.5	5.1
TRINITY_DN804_c2_g1_i1.p1	MNTVTDTTTTSTINEKLIUAVMGATGAQQGAVIC NmrA-like family domain-containing protein 1	K12880	NA	GO:0005634*cellular_component*nucleus*Gt	1.896	2	1	3	0	1	338	37.2	5.03
TRINITY_DN27303_c0_g1_i1.p1	MKRKRVSRSLWDKARNPNTNRLAIFKAILYELQP conserved domain (SAYSvFN)	K02690	NA	.	3.314	6	1	3	1	1	293	33.4	9.89
TRINITY_DN1026_c0_g1_i3.p1	MHKMSNFKTSASLKLQAPTKTSVAFATSSSDNP U3 small nucleolar RNA-associated protein 15	K14549	NA	GO:0005783*cellular_component*endoplasm	3.855	2	1	3	1	1	654	71.5	8.44
TRINITY_DN2566_c0_g1_i5.p1	MNSSSPSSHASMSLDRHLIIKAAIYYMIQFLAL Hypothetical	K00025	NA	.	4.499	4	1	3	1	1	442	50.2	4.83
TRINITY_DN634_c4_g3_i1.p1	MVPPASHRKYVSDQRKCKCSVALAGISVLFPLVVM UDP-glucuronate:xylan alpha-glucuronosyltra	K00658	NA	GO:0005794*cellular_component*Golgi appa	5.897	2	1	3	1	1	958	109.2	6.39
TRINITY_DN1023_c1_g1_i1.p1	MSEKTKQRGAAASGKHKRVSAGLPAVAIVINCAD 60S ribosomal protein L23	K02894	NA	GO:0022625*cellular_component*cytosolic li	5.947	12	1	3	0	1	165	17.3	10.21
TRINITY_DN782_c0_g1_i7.p1	MIPNSSRMYYTSRLLVCHRRHSRTSKSYHDGVSF resistance protein/Dioxygenase superfamily	K03885	NA	.	6.998	6	1	3	0	1	276	30.6	7.59
TRINITY_DN2138_c0_g1_i3.p2	METKIETVSNAPTESDRIKLFIANRDGVHVEICL Hypothetical	K00284	NA	.	2.665	10	1	3	0	1	141	15.2	5.6
TRINITY_DN8881_c0_g1_i1.p1	AIKMFATVWSAAVAALLLSAATQSFYEGARS Hypothetical	K22071	NA	.	2.694	4	1	3	0	1	191	21.8	9.66
TRINITY_DN4146_c0_g1_i1.p1	MRFSVLSNSGAILFTTSLVPPYSATFVDFVDFSSG Inner membrane ALBINO3-like protein 2, chlo	K03217	NA	GO:0009535*cellular_component*chloroplas	7.489	3	1	3	0	1	486	54.3	5.25
TRINITY_DN13981_c0_g1_i4.p1	LADAALKMLAVDVMHPELGVVTSSTACARCYF Hypothetical	K08246	NA	.	4.86	7	1	3	0	1	152	16.6	4.59
TRINITY_DN160_c0_g3_i3.p2	MGVTKETIRPGNGQRPKRGDTVQVHYGTLSDG Ubiquitin-conjugating enzyme E2 22	K10583	NA	GO:0005524*molecular_function*ATP bindin	5.53	13	1	3	1	1	107	11.6	6.05
TRINITY_DN4007_c0_g1_i3.p1	MNSSDTDLHYPNLVDHCHIGAASNTKNAPPNVT domain	K12624	NA	.	9.234	13	1	3	1	1	134	14.9	5.14
TRINITY_DN953_c0_g1_i1.p1	MTTVIRGGVGGGSSSSISAATAPSNAMKTSFL Hypothetical	K02132	NA	.	5.341	4	1	3	0	1	415	45	7.14
TRINITY_DN302_c6_g1_i2.p1	MGVMFNEPQWADLMFFVIFAAFLIKVIFSCYAK Hypothetical	K10395	NA	.	6.018	2	1	3	1	1	548	60.8	7.3
TRINITY_DN504_c3_g1_i2.p1	MDAIQLRNLFCVCKDGLGSSSILYDPSFTARFYKI Hypothetical	K15028	NA	.	2.577	2	1	3	0	1	414	46.6	8.04
TRINITY_DN2593_c3_g1_i1.p1	MLKFFTDIGLVLVVASFVPSGALFTSTTIIGGSRV Hypothetical	K10949	NA	.	4.151	3	1	3	1	1	333	36.6	7.23
TRINITY_DN4616_c0_g1_i1.p1	MEPTTSNNGEVGPNQIQTINNSNVSTGGDSSI Serine/threonine-protein phosphatase PP1	K06269	NA	GO:0032154*cellular_component*cleavage fi	5.848	4	1	3	0	1	410	45.2	4.77
TRINITY_DN3858_c1_g1_i1.p1	MPVYNFKMNPVPTATELIDIVLTRQRRPTVVH Inosine nucleolar GTP-binding protein 1	K06943	NA	GO:0016020*cellular_component*membrane	4.638	2	1	3	0	1	707	80.6	8.91
TRINITY_DN859_c2_g1_i1.p1	MRIEFRICLWFLFCWNCSQAFITITISRFASRLLL Probable triphosphate pyrophosphatase	K03147	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	4.1	7	1	3	0	1	277	30.8	7.39

TRINITY_DN1160_c5_g1_i1.p1	MKSFITLGLYLIAIISSAAVFCPRHSVSSSTRSIGP/ Uroporphyrinogen-III synthase, chloroplast	K01719	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	5.074	3	1	3	1	1	350	38.1	7.99
TRINITY_DN919_c2_g1_i2.p1	MTINESPVKIVSEYELQSSNPTLLSRIAEAFSGGETC Hypothetical	K14416	NA	.	5.707	5	1	3	0	1	413	46.1	5.2
TRINITY_DN1212_c0_g1_i3.p2	MARHGDISSSEDTVGVCFYQPMRLRHTTEQVM Aliphatic amidase	K17508	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	7.964	5	1	3	0	1	358	39.6	4.89
TRINITY_DN2432_c0_g1_i5.p2	MKINKSALAAAFATVCSARAFSINSPRNGGQKVIAT Peptide methionine sulfoxide reductase A3	K02910	NA	.	3.483	5	1	3	0	1	287	31.5	8.31
TRINITY_DN1301_c1_g1_i1.p1	MITITLFLIUVVYLVGGTLLLPKADAFITVGTQPQR domain	K00029	NA	.	6.088	3	1	3	0	1	440	48.7	5.11
TRINITY_DN2736_c0_g1_i2.p1	MSSTVALDNKPSLKTAQLNAIHRMLLNNDTPGS Sec1 family domain-containing protein 1	K19998	NA	GO:0005801^cellular_component^cis-Golgi n	7.879	3	1	3	0	1	695	75.6	7.05
TRINITY_DN2319_c0_g1_i3.p2	MSSEGTPIHGFIQNKGPSTDDNSPNAQKGS Exportin-7	K18460	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	5.619	1	1	3	0	1	1087	120.7	8.07
TRINITY_DN109_c0_g1_i1.p1	MVSPRVSTLLSHSTRRINGANALATACRLQSSA Hypothetical	K02735	NA	.	3.208	6	1	3	1	1	263	28.8	9.23
TRINITY_DN632_c2_g1_i2.p1	QQQQQALSSSSSSSRMKRYPHNDSLQATAK Conserved oligomeric Golgi complex subunit 1	K20291	NA	GO:0000139^cellular_component^Golgi mem	4.459	2	1	3	0	1	889	97.3	5.48
TRINITY_DN362_c4_g1_i2.p1	SSSSSSSVFMVKKGDFNSFTQPVKDKDRQKSTS Ribulose-1,5 biphosphate carboxylase/oxyge	K23288	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	3.677	2	1	3	0	1	539	59.3	5.49
TRINITY_DN161_c0_g3_i1.p1	MSFDSSDLLSEGSQSHVQDEAVNDAPPFSFHGYLD Hypothetical	K00326	NA	.	7.041	0	1	3	1	1	3995	449.7	4.94
TRINITY_DN868_c0_g1_i1.p1	MSSTSSDEVQTDAIRNQGRVNGLFRACMDAIRI Hypothetical	K19469	NA	.	5.39	4	1	3	1	1	288	32.4	6.42
TRINITY_DN1806_c2_g1_i3.p1	TSSNNNSHDQDKDNGQDYGKLNQRDLQJ DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 35	K13116	NA	GO:0005524^molecular_function^ATP bindin	3.247	1	1	3	0	1	730	81.8	5.68
TRINITY_DN200_c2_g1_i2.p1	MTFMEKVKKASRLSDVTGAKTMLKADIQFLEREIK Hypothetical	K00213	NA	.	1.517	6	1	3	1	1	143	16	6.21
TRINITY_DN1613_c0_g1_i1.p1	MRVLSLFLAAIASFGQALAPPSSSTRRAFLVQAT Hypothetical	K00784	NA	.	2.052	7	1	3	1	1	116	11.9	9.88
TRINITY_DN5633_c0_g1_i2.p1	VGFSDFYLEKGLALGSDIVFELDLVDPKLASATG: DNA-directed RNA polymerase I subunit rpa2	K03002	NA	GO:0005730^cellular_component^nucleolus	4.714	6	1	3	0	1	319	34.9	8.31
TRINITY_DN731_c0_g1_i4.p2	MDFEESLAPKCYRIASLQTVGAVNADSSIDQLL Lateral signaling target protein 2 homolog	K07300	NA	GO:0046872^molecular_function^metal ion b	4.642	5	1	3	0	1	250	28.3	5.62
TRINITY_DN879_c0_g1_i1.p1	MSETKNRNPIDDSAMTSRIFYSNASATNGASSEJ Hypothetical	K01613	NA	.	7.169	4	1	3	0	1	540	58	5.2
TRINITY_DN1385_c0_g1_i3.p1	SKVKQRDKQSRTPUSYKYSSIYAINMNLKFLF Protein disulfide-isomerase-like protein Eh5e	K16803	NA	GO:0005783^cellular_component^endoplasm	3.359	7	1	3	1	1	220	25.6	5.97
TRINITY_DN1946_c0_g1_i5.p1	QIIILTRYFPFILVELIDCLHYSFSYFHPFMMHSLL Hypothetical	K02154	NA	.	1.838	3	1	3	0	1	538	58	5.58
TRINITY_DN1363_c1_g1_i2.p1	MKVSSIALTGVSVFATNQLVPLHAFSLQSQGYL Phytoene synthase, chloroplastic	K02291	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	2.87	3	1	3	1	1	553	62.5	5.09
TRINITY_DN344_c15_g1_i1.p1	MGALLGKPKLEVLREKNRMINRAIRELDERVA Charged multivesicular body protein 2a homc	K12191	NA	GO:0000815^cellular_component^ESCRT III c	2.704	4	1	3	1	1	240	26.3	6.56
TRINITY_DN478_c0_g1_i2.p1	MKALAFKHAAFSAQCQNPLVASHRIMAAFSS Ubiquinone/menaquinone biosynthesis C-me	K01586	NA	GO:0043333^molecular_function^2-octapren	2.829	5	1	3	0	1	322	35.7	5.81
TRINITY_DN155_c4_g1_i1.p1	MSDSDEEMRSIADQEDFAPYLSQQSIAAKTLF Single-stranded DNA-binding protein	K05292	NA	GO:0035097^cellular_component^histone m	4.92	1	1	3	0	1	2350	264	5.19
TRINITY_DN215_c0_g2_i1.p1	MTSISLDTTASIPSLSTCIYNASGPRTGSGOALSIA Dihydroorotate dehydrogenase A (fumarate)	K00226	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	6.227	10	1	3	1	1	125	12.9	4.7
TRINITY_DN3391_c0_g1_i1.p1	MNNVSYGYMNAKNSVLRFPFGKYALDIPFP Hypothetical	K09838	NA	.	2.835	2	1	3	0	1	616	67.9	5.86
TRINITY_DN5533_c0_g1_i14.p1	MKLRPSSLSLAISIIASHYSPFVGRSSAGGR domain	K06630	NA	.	2.881	2	1	3	0	1	678	74	6
TRINITY_DN1484_c2_g1_i2.p1	MTMDMTDPAVKRMKPNPEDSSNLERPTSPES Transcription factor E2F7	K09391	NA	GO:0016607^cellular_component^nuclear sp	5.755	3	1	3	0	1	722	80.3	5.31
TRINITY_DN2055_c5_g1_i1.p1	MAFKYITHEFIHDMTTLVPKKNMTELPQIKAT Hypothetical	K03023	NA	.	2.926	4	1	3	1	1	405	45.3	7.52
TRINITY_DN919_c1_g1_i2.p1	MSRHRNRNMCEDDYDYEDDYDEYWESEE HBS1-like protein	K14416	NA	GO:0005525^molecular_function^GTP bindin	5.306	2	1	3	0	1	700	76.6	7.55
TRINITY_DN3060_c2_g1_i2.p1	MIQLPVTLESKGIHUISNQINAILRRILLDLSAC Hypothetical	K08860	NA	.	7.568	1	1	3	0	1	2043	228	6.77
TRINITY_DN1255_c2_g1_i1.p1	MDDNDDNDELKLVDRSLNGKWVLDNRNGHPSVI Hypothetical	K03163	NA	.	2.807	10	1	3	1	1	200	22.6	5.1
TRINITY_DN1622_c0_g1_i2.p2	MKKAATTNQQQVIREAYHAGSWYEDHPTQLDJ Protein MEMO1	K06990	NA	.	3.048	4	1	3	0	1	339	37.9	6.8
TRINITY_DN531_c0_g1_i1.p1	MSHPQLTPYSMLAKSLTIDEMRALHRQALSEA Vps51/Vps67	K10735	Vps51/Vps67	.	6.2	1	1	3	0	1	1098	121.7	5.36
TRINITY_DN1192_c0_g1_i2.p1	MEAGARWISDTGGDAWILCEVSRTRATHLNVV Myosin-6	K10357	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	2.928	1	1	3	0	1	1600	180.7	8.48
TRINITY_DN1423_c0_g1_i1.p1	MRYPTAAVPTSAATAAATATTTTTTIRIGLCV Hypothetical	K09415	NA	.	2.853	6	1	3	0	1	231	24.6	9.7
TRINITY_DN818_c0_g3_i1.p3	MQRPDARHWKEAEFKQLDHTERDKMYGKPCPRI Retrovirus-related Pol polyprotein from trans	K18914	NA	GO:000943^cellular_component^retrotrans	1.817	2	1	3	0	1	328	37.6	8.22
TRINITY_DN13054_c0_g6_i1.p1	NTSQSKTPNLRTKMEAEKQDVSGLGANFPERQP Probable aquaporin PIP-type 7a	K13024	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	2.311	6	1	3	0	1	303	32.5	8.98
TRINITY_DN143_c1_g1_i1.p1	MKIFSSILITLHNNHSTIVEAKDWEYQETMWNLC Hypothetical	K08869	NA	.	1.238	2	1	3	0	1	435	48.6	5.34
TRINITY_DN708_c0_g1_i1.p1	MKWLNRVGGNSIARTKTLPRVHSIAPPLGGGALIF Hypothetical	K07238	NA	.	3.081	2	1	3	0	1	775	86.9	5.01
TRINITY_DN1293_c5_g1_i1.p1	KNNKNGKNAPTFSAAAGVESSDEAPQQQEEATP-binding cassette sub-family F member 1	K06184	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	4.245	2	1	3	1	1	860	97.8	5.96
TRINITY_DN741_c0_g1_i2.p2	MFKVPKRKSIVKLRSSDSDNDAEEATRHGGDI Phospholipase A-2-activating protein	K14018	NA	GO:0030054^cellular_component^cell junctio	2.34	2	1	3	0	1	809	91.8	5.14
TRINITY_DN2150_c0_g1_i1.p1	MPSQLESKNRRKSTMTVMALMTTAPAAARAFN Valine--tRNA ligase, chloroplastic/mitochondr	K01873	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	8.523	2	1	3	0	1	1030	117	5.82
TRINITY_DN23277_c0_g1_i1.p1	NLETSCTVWLSTTGEQQLPNNGRKNQIPLVDSKII Hypothetical	K02960	NA	.	1.875	13	1	3	1	1	116	13.5	7.62
TRINITY_DN1099_c0_g1_i6.p1	MKTTAILLSLITVSPAVGGPFHKPSFTASPSLSAL: Polyubiquitin	K07753	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	13.085	7	1	3	0	1	261	28.9	6.43
TRINITY_DN2713_c0_g1_i1.p1	MICDRRNALATLLCILYGSAAATSFAFPTSSTFLPLPS Energy-dependent translational throttle prote	K17498	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	2.949	2	1	3	1	1	672	73.7	6.35
TRINITY_DN768_c1_g1_i1.p1	MMKHITFSILFLSIIKIDAFSPQPYLHHRKTCGN Hypothetical	K13421	NA	.	3.71	10	1	3	0	1	196	21.6	4.92
TRINITY_DN1143_c1_g1_i2.p1	MMLSGNRAIHDTLSKTVDLEIHAELASVLEDIVI Hypothetical	K02984	NA	.	6.946	2	1	3	1	1	612	68.3	4.93
TRINITY_DN1768_c0_g1_i2.p1	MSSAQPOESWAWLGLLKWSLTYVDGTVPSESP Hypothetical	K09562	NA	.	2.536	5	1	3	0	1	430	48.8	4.83
TRINITY_DN1561_c1_g1_i1.p1	MSEEEKPANANEGCVSPSSQAQKASACEGCPNQ Cytosolic Fe-S cluster assembly factor NBP35	K00873	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol GC	3.666	5	1	3	0	1	379	40.6	5.21
TRINITY_DN1319_c0_g1_i1.p1	MSKGNDTQKHTSDNKHESSEIRPSAIARMIRHAE Hypothetical	K08081	NA	.	1.477	3	1	3	1	1	506	57	6.29
TRINITY_DN2545_c0_g1_i2.p1	MTSCVEKYGNKVESFITRIFGQVGNVSTKPRQTI NPC intracellular cholesterol transporter 1	K12385	NA	GO:0005783^cellular_component^endoplasm	4.539	2	1	3	1	1	920	99.7	4.81
TRINITY_DN5980_c0_g1_i3.p2	MNHSTPNSSPTHKRQEPKLSGVPFGLHPLAFLPC u6 snRNA-associated Sm-like protein Lsm1	K12620	NA	.	5.52	9	1	3	0	1	184	20.9	5.58
TRINITY_DN582_c0_g1_i4.p2	TLFCFYKLLFIHNCQMTMAKCLLLIGFPLVACAF: PADR1 (NUC008) domain	K12825	NA	.	3.203	3	1	3	0	1	405	43.7	7.56
TRINITY_DN944_c1_g1_i10.p1	MDYNTPDNDGYEYCDIENDEFQSYDSDRSEVI Reticulocyte-binding protein 2 homolog a	K07152	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	1.482	2	1	3	0	1	653	74.6	4.82
TRINITY_DN3924_c0_g1_i1.p1	MLTSSVMILYIVLHFIVQVWVSGSPSRPSPKQI Hypothetical	K06222	NA	.	4.022	4	1	3	1	1	408	45.6	6.6
TRINITY_DN44_c0_g1_i4.p1	MKTSISFLAGAAIVLGGVITAFAPSSSTRRLARSSI Fucoxanthin-chlorophyll a-c binding protein,	K04718	NA	GO:0009535^cellular_component^chloroplas	9.448	7	1	3	0	1	244	25.7	5.05
TRINITY_DN1548_c1_g1_i1.p1	MATSDKYDRQLRWGANGQRKLAECVVLINAT: NEDD8-activating enzyme E1 regulatory subu	K04532	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	6.192	2	1	3	1	1	609	67.8	4.91
TRINITY_DN129_c7_g1_i1.p1	MKLNKSGQSSSLTIPSSSSFLFLVVEVFSL RFP-TM, chloride channel	K01895	NA	.	4.164	2	1	3	1	1	674	76.3	7.87
TRINITY_DN2615_c0_g1_i2.p1	MSHNPLLGSRISLUKNNIRYEGTLYLINEADATVAL Protein sum2	K18749	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	4.486	5	1	3	0	1	311	34	6.83
TRINITY_DN1881_c0_g1_i1.p1	MIRYTTVHQCTTQTVHLYIQIMNQSNEMLKKS Phagocyte signaling-impaired protein	K17973	NA	GO:0005764^cellular_component^lysosome	3.458	1	1	3	0	1	1264	142.5	6.05
TRINITY_DN367_c2_g1_i2.p1	MSTIPNPPSSINPNTDHPIWNLKKQYAPPLGKRIVI Type II inositol 3,4-bisphosphate 4-phosphata	K02719	NA	GO:0016316^molecular_function^phosphatic	6.055	1	1	3	0	1	1315	143.2	7.37
TRINITY_DN1416_c1_g2_i1.p1	NNNNNNNSNRNSTSHYSPMILPDTFPHTKAA Hypothetical	K03654	NA	.	4.129	5	1	3	1	1	208	23.9	9.16
TRINITY_DN140_c0_g1_i4.p3	MKCRVSYLAMSRLISUSPAAMLSQGRTRQVMAF Dolichyl-phosphate beta-glucosyltransferase	K00729	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	4.106	4	1	3	1	1	316	35.8	9.29
TRINITY_DN2475_c0_g1_i4.p1	MGTNKHTRKAKASVDEKILRLSTPSRDLLESLAVS Mitochondrial fission 1 protein	K17969	NA	GO:0031307^cellular_component^integral co	2.578	9	1	3	0	1	164	18	8.12
TRINITY_DN2984_c1_g1_i1.p1	MTSQPTHTQTTSDRQKARQEAARASQLPPE Pre-mRNA-splicing factor SLU7	K12819	NA	GO:0071013^cellular_component^catalytic st	2.804	3	1	3	1	1	651	73.5	8.6
TRINITY_DN460_c14_g1_i1.p1	HKIYQCQLKQAKTNTRTQDQTNNIOPNGNHA Hypothetical	K13754	NA	.	3.806	4	1	3	1	1	434	47.8	9.18

TRINITY_DN1615_c0_g1_i4.p3	MKTMRNLSLITUVLNTRHLVIGDNYNSTRVSVA Ataxin-2 homolog	K03265	NA	.	1.269	1	1	3	1	1	460	51.4	9.55
TRINITY_DN2290_c1_g1_i2.p1	MRSISTRIPSLFLARVFNNGVSRFLFAFTPTLAR Proline iminopeptidase	K07937	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	4.087	2	1	3	1	1	753	83.8	8.19
TRINITY_DN1943_c0_g1_i1.p1	MKSMILFKIVTSPSLIAIMFNLVSYGGGGVTSFT Hypothetical	K10847	NA	.	2.664	7	1	3	1	1	191	21.8	4.79
TRINITY_DN374_c0_g1_i1.p1	MHKMLSLIFLYMLFALLIRKADSSMSGTSLAGDF Polyamine oxidase 6	K18681	NA	GO:0048046*cellular_component*apoplast	4.264	3	2	3	2	1	653	74.3	5.12
TRINITY_DN722_c2_g1_i1.p1	MLSKSPSPISLRFVGFVFFLSTGTSFTLNI Arogenate dehydrogenase 2, chloroplastic	K15227	NA	GO:0009507*cellular_component*chloroplast	5.156	3	1	3	1	1	470	52.5	5.57
TRINITY_DN2220_c0_g1_i1.p1	MKQSEFHNNVIAFSTVGGIFLQGRMRLLLFTI Acetyltransferase (GNAT) family	K00111	NA	.	2.474	3	1	3	0	1	418	46.7	8.91
TRINITY_DN2253_c0_g1_i2.p1	PILYPRCVTHIINSTMTDKPGITDVAANADTSK COP9 signalosome complex subunit 5	K09613	NA	GO:0008180*cellular_component*COP9 signalosome	4.367	4	1	3	0	1	409	45.6	5.73
TRINITY_DN38_c0_g1_i15.p1	MLFQLFTRIAQPTLHCHNFMLRRALVTDTLISVIG Probable NADH dehydrogenase	K03885	NA	GO:0003954*cellular_component*NADH dehydrogenase	4.558	4	1	3	0	1	474	52.9	9.04
TRINITY_DN1734_c0_g1_i9.p1	MVEWAENLKKQQQKEQASTQNDGTSLSN-Hypothetical	K10580	NA	.	1.499	1	1	3	0	1	2422	274	6.76
TRINITY_DN1740_c0_g1_i1.p1	MIFKFGKXGLTANNATRQTSAKMSRNSNAQ SRSF protein kinase 2	K08832	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	6.363	2	1	3	1	1	1039	116.2	6.87
TRINITY_DN3150_c0_g1_i2.p1	MSSYRTLHRHNQDDAAADTAGILSDSGRRDLSS WD repeat-containing protein 61	K00819	NA	GO:0016593*cellular_component*Cdc73/Paf1 complex	8.156	4	1	3	1	1	465	50.6	6.62
TRINITY_DN15624_c1_g1_i1.p1	MQLCTIIISVAIFITSSSAFTPTSLAFSSARRPIS: Peroxyureidoacrylate/ureidoacrylate amidohydrolase	K00128	NA	GO:0016811*cellular_component*hydrolase activity	5.668	4	1	3	0	1	293	30.8	5.25
TRINITY_DN112_c3_g1_i1.p1	HHAADPEEGGADDDDEEERGNQDNNNNTI Methionine aminopeptidase 2B	K01265	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	1.807	6	1	3	1	1	296	33.1	5.49
TRINITY_DN1166_c0_g2_i1.p1	MAPANADQNRRLQRHLHNDIQESSDDQAMT5 Acyl-lipid (7-3)-desaturase	K12418	NA	GO:0016021*cellular_component*integral component	5.054	3	1	3	1	1	469	54	8.91
TRINITY_DN735_c2_g1_i1.p1	MARDNQAMKRQVESDVSVASTESEPTYSYH 3-ketoacyl-CoA synthase 2	K07376	NA	GO:0016021*cellular_component*integral component	6.685	3	1	3	1	1	544	61.2	9.14
TRINITY_DN34_c0_g2_i3.p1	MHYHSIKTTWVILUQLFPFQIASPQLLHGRLVQR Probable protease SohB	K09838	NA	GO:0016021*cellular_component*integral component	2.647	1	1	3	0	1	1047	118.5	5.58
TRINITY_DN82_c21_g1_i1.p1	MTSISQIAKHLLRPFILVCLIFNFSAALHKLLKLTIC Probable phosphatase SPBPB21E7.02c	K14831	NA	GO:0003824*cellular_component*catalytic activity	3.055	5	1	3	1	1	361	40.9	8.94
TRINITY_DN129_c22_g1_i1.p1	MSLLETLGLDIVDLDIQGSPLLCKNLKLAKSRYT Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CYP59	K12735	NA	GO:0005829*cellular_component*cytosol	5.468	3	1	3	1	1	556	63.9	9.09
TRINITY_DN3435_c1_g1_i1.p1	MEDLQSQIKFLKHEPSSLDSESEDFYQLLNDKDC ABC transporter F family member 3	K06158	NA	GO:0005829*cellular_component*cytosol	4.991	2	1	3	1	1	857	96.5	5.36
TRINITY_DN2017_c0_g1_i2.p2	SNNYFAYMSIQLLFLVLIACCGMQGTAFTMPGC Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP15-2	K05648	NA	GO:0005829*cellular_component*cytosol	2.42	10	1	3	0	1	195	22.1	5.31
TRINITY_DN598_c0_g1_i3.p1	MKSXNPKRNNNTSSRSKRTPLPSSSSRTKNRN DExH-box ATP-dependent RNA helicase DExH1	K14442	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	3.24	1	1	3	0	1	1355	149.9	6.55
TRINITY_DN344_c12_g1_i1.p1	MNLLRNVLGVALTFYGAKAFPTRRNGLSAKSFL5 Lipase 1	K01893	NA	GO:0009279*cellular_component*cell outer surface	8.312	4	1	3	1	1	392	41.4	5.22
TRINITY_DN305_c1_g1_i4.p3	MSNLSTSDERFLDAQEISLLAQEGLIQRPSVKAHL Calyculin-binding protein	K04507	NA	.	4.962	5	1	3	0	1	269	30.3	6.6
TRINITY_DN2380_c1_g1_i4.p1	MTDLTDLHTDHNQPTAAAAMTIKPKFLNDPTI Putative 3,4-dihydroxy-2-butanone kinase	K00863	NA	GO:0005829*cellular_component*cytosol	4.9	2	1	3	0	1	659	68.5	5.14
TRINITY_DN2114_c1_g1_i2.p1	PGPTRQLLSYSFYTSRFASSTNVHTFSHRNHTSK 26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 1	K03037	NA	GO:0005829*cellular_component*cytosol	8.432	3	1	3	0	1	469	53	6.65
TRINITY_DN1775_c0_g1_i1.p1	MHGTFERLPSKSNLLELNPARKAYEGDDTASRC Vacuolar iron transporter 1.2	K22736	NA	GO:0016021*cellular_component*integral component	2.783	4	1	3	0	1	281	31.1	4.61
TRINITY_DN1843_c0_g1_i3.p1	MLKFRHLSTCIVALVAAGEILGFHAHAFASFSINYL General transcription factor IIH subunit 2	K03142	NA	GO:0046872*cellular_component*metal ion binding	3.496	3	2	3	2	2	525	57.5	5.5
TRINITY_DN1783_c0_g1_i6.p1	MSSSIESTWDLRCDSPRLSVAVDIAPISGASLTGSSC Vam6/Vps39-like protein	K20183	NA	GO:0030897*cellular_component*HOPS complex	2.017	1	1	3	0	1	1593	172.6	6.39
TRINITY_DN23407_c0_g1_i1.p1	LYIIYIYVSYFYHITPTICFDGFSFFVPTCCMSF Hypothetical	K12391	NA	.	2.738	8	1	3	1	1	112	13.1	6.27
TRINITY_DN2289_c0_g1_i2.p1	MFRQLASSLDMYRKVPDLEGTGRGSFISLGA Protein disulfide-isomerase 5-4	K18468	NA	GO:0005783*cellular_component*endoplasmic reticulum	7.183	3	1	3	0	1	547	63.1	6.23
TRINITY_DN3310_c0_g1_i1.p1	MVDIYKKNHLVSAATMFSNLTNSSFRLLAI CMP-sialic acid transporter	K15272	NA	GO:0005794*cellular_component*Golgi apparatus	3.28	3	1	3	1	1	376	41.2	8.91
TRINITY_DN950_c0_g1_i4.p2	MQLSALTFFYLPLPSVAKFVQNDITFSHHQCGNR 4-diphosphocytidylyl-2-C-methyl-D-erythritol kinase 1	K00919	NA	GO:0016021*cellular_component*integral component	4.854	4	1	3	0	1	359	40	5.33
TRINITY_DN1437_c4_g1_i2.p1	MKTNMSNASHHNKLKQLTSLKNSYFALRHGQS Glucosyl-3-phosphoglycerate phosphatase 2	K03066	NA	GO:0005829*cellular_component*cytosol	4.887	6	1	3	0	1	243	27.6	6.37
TRINITY_DN2328_c0_g1_i2.p1	MPAGSFFMFKSTFTSLVILASNPFFQRSTFVS5 4-nitrophenylphosphatase	K02960	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	4.05	3	1	3	0	1	407	45.3	5.29
TRINITY_DN919_c0_g1_i2.p1	MEDVDPSVTSSETSLFVEVEVFQLISLVSVDNS: Tubulin-specific chaperone D	K21767	NA	GO:0005912*cellular_component*adherens junction	2.607	1	1	3	0	1	1334	148.8	6.67
TRINITY_DN193_c2_g1_i5.p2	MSSNYDPFAEAFSSPAPAPQPPAAAPEPKA repeats (many copies)	K10891	NA	.	2.726	3	1	3	0	1	635	69	8.05
TRINITY_DN3168_c0_g1_i1.p1	MSAVTAGYDTPCVYPVGYMGAAECMIANLVG V-type proton ATPase 16 kDa proteolipid subunit 1	K02155	NA	GO:0016021*cellular_component*integral component	4.961	5	1	3	1	1	207	20.9	5.95
TRINITY_DN3_c11_g1_i1.p1	MQPKFELSDFRFWNPQCKNFIEDVDFKFSKNPS Hypothetical	K01952	NA	.	3.416	5	1	3	1	1	329	38.2	5.59
TRINITY_DN1823_c0_g1_i5.p1	MTRTKPTPIHHNTARDYDLRPSVSTLLPNPHKQ associated domain	K02183	NA	.	7.23	6	2	3	0	2	880	101.7	5.71
TRINITY_DN713_c1_g1_i6.p1	MKGYVQAQRKKGKSTVFKAHTRTRKGAVKLRIDY 60S ribosomal protein L8	K02938	NA	GO:0022625*cellular_component*cytosolic ribosome	2.306	3	1	3	0	1	257	27.8	5.54
TRINITY_DN697_c0_g1_i2.p2	MNIWIHENSLLNNIMTTRPITFSFWVYVCGRNR ATP-dependent DNA/RNA helicase DHX36	K00164	NA	GO:0030424*cellular_component*axon	3.176	2	1	3	1	1	616	68.5	6.77
TRINITY_DN5718_c0_g1_i2.p1	FTKTRNIHNTMSLLKLIQSSKIQLASAVSFATLTA Hypothetical	K03231	NA	.	2.134	2	1	3	0	1	649	72.6	9.26
TRINITY_DN1639_c1_g1_i1.p1	MANMMYHTAYLILLLLVLVLRPHAQDDQTTTGF1 Kallikrein-14	K01312	NA	GO:0005576*cellular_component*extracellular matrix	3.229	4	1	3	0	1	375	39.5	4.78
TRINITY_DN29912_c0_g1_i1.p1	KNTMYPEIAPMKEELVAGFNQLTTPDVEDQA UPF0403 protein CHU_0972	K02958	NA	.	4.937	14	1	3	1	1	140	15.3	5.87
TRINITY_DN2521_c0_g1_i1.p1	MLFGGTYFAAFVFTSISSQNDNYSVAHQSRH: Hypothetical	K14411	NA	.	5.844	3	1	3	0	1	559	62.3	4.94
TRINITY_DN3621_c0_g1_i1.p1	MNSKNPNGVALSADAYPANSILELTSNPNDEVQGG Protein LSM12	K23643	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm	5.417	10	1	3	0	1	194	21.1	8.13
TRINITY_DN2725_c0_g1_i2.p1	MERRPKRYLRNPYSQASRSSLRALTIIVAVISVSLGF Hypothetical	K07508	NA	.	2.834	4	1	3	1	1	467	52.7	6.89
TRINITY_DN2600_c1_g1_i1.p4	MNCITFGPVKTCASGLVIAAALICPGAAYAGKKKEI Protein of unknown function (DUF1800)	K01792	NA	.	2.542	8	1	3	1	1	110	11.2	9.58
TRINITY_DN68_c2_g1_i13.p2	MISSEFVLSPRGDITLSKMYRTRPEVGAHERSHTEI AP-4 complex subunit mu	K12402	NA	.	4.426	2	1	3	1	1	523	57.3	7.84
TRINITY_DN2950_c3_g1_i1.p1	MKLCAKLFATVTVACTFNHSEARAAPKQPSALTY Putative sodium-coupled neutral amino acid transporter	K04345	NA	GO:0016021*cellular_component*integral component	3.936	3	1	3	1	1	483	50.2	9.33
TRINITY_DN6088_c0_g1_i1.p1	MAKSEMKNDFELLDLDDLPQTQDATNEQDGGEE Hypothetical	K18106	NA	.	2.306	3	1	3	1	1	265	30.3	9.7
TRINITY_DN1573_c1_g1_i1.p1	LITHKKQKTFILUJPMYINILSYLLHSLHSSNTIK Hypothetical	K12403	NA	.	3.44	3	1	3	0	1	444	50.2	5.3
TRINITY_DN8_c4_g1_i3.p1	MNCEIMKNIIFLLLIQVPTSSSEAFSPQINSRPNK PAP_fibrillin	K12879	PAP_fibrillin	.	2.189	3	1	3	1	1	294	33	4.69
TRINITY_DN1349_c0_g1_i2.p2	MKQNLSRPDALFHKFLIHTLALLLCLITSSDAFS: DNA annealing helicase and endonuclease ZR	K14440	NA	GO:0043596*cellular_component*nuclear envelope	3.87	6	1	3	0	1	315	35.2	8.29
TRINITY_DN4839_c0_g2_i1.p1	MFIKHCGALSRLPVMRPTRRVAVATTTTTNNII [Pyruvate dehydrogenase (acetyl-transferring)]	K00898	NA	GO:0005739*cellular_component*mitochondrion	7.407	5	1	3	0	1	322	36.5	9.6
TRINITY_DN851_c0_g1_i4.p2	MTHYQDKPHKHALPAGKVTRRRVRFFQTDINRI ABC transporter B family member 26, chloroplast	K01589	NA	.	5.219	2	1	3	0	1	828	92.4	9.29
TRINITY_DN369_c4_g1_i1.p2	MVHTFLRACSVLLLSVIVDFASPIYHLLLSVSI: Hypothetical	K02883	NA	.	2.258	3	1	3	0	1	276	29.8	7.34
TRINITY_DN1078_c0_g1_i1.p1	MIDSVTIISKGRVLYFSYVSHSANTISRDLDTI Hypothetical	K15687	NA	.	2.088	5	1	3	0	1	282	32.4	5.59
TRINITY_DN7786_c1_g1_i1.p1	MGTGSGKTFVNC EAALPPPPPPESMSPSP1 porin	K15158	NA	.	8.467	4	1	3	0	1	397	41.9	5.32
TRINITY_DN668_c2_g1_i1.p1	MITMFRVFSFARCRSLTRTLFSNRRNVEKELPCFQI Quinolinate synthase, chloroplastic	K03517	NA	GO:0009507*cellular_component*chloroplast	7.63	3	1	3	1	1	570	62.1	7.06
TRINITY_DN1535_c0_g1_i1.p1	MTPMASQRASLNRIQPEQHHQDPYNGDQRQ: Pumilio domain-containing protein C6G9.14	K03781	NA	GO:0005829*cellular_component*cytosol	3.256	1	1	3	0	1	1040	112.8	7.37
TRINITY_DN988_c0_g2_i18.p2	MQZTFPLQLLVRETVGGWVDPDTQLEFHSTVPI Beta-glucan synthase-associated protein KREI	K07374	NA	.	3.751	3	1	3	0	1	600	67.2	5.55
TRINITY_DN858_c0_g1_i1.p1	MFEDDDALMAELRAISNKSXSSRFDEEDTNYI Hypothetical	K16803	NA	.	6.619	4	1	3	0	1	314	35	5.15
TRINITY_DN2238_c0_g1_i3.p2	MLILTEAQVRKLTIESCIAANRLALGALRSTKSKG: Uncharacterized cyclodeaminase	K01880	NA	GO:0005886*cellular_component*plasma membrane	9.547	4	1	3	1	1	379	40.4	6.44
TRINITY_DN758_c0_g1_i4.p1	MKPRGLGNLNNRIGCFILILCTIDRQCFSWAF Dehydrogenase/reductase SDR family member 1	K19801	NA	GO:0005783*cellular_component*endoplasmic reticulum	3.091	3	1	3	0	1	498	53.8	7.62
TRINITY_DN3719_c0_g1_i1.p1	MENQIQEAIKLDVGRALFVSVSQTGLGQSEK: COP9 signalosome complex subunit 4	K12178	NA	GO:0030054*cellular_component*cell junction	4.784	4	1	3	1	1	420	46.9	5.12
TRINITY_DN1645_c1_g1_i2.p1	MRRNIPYITILASSAFSQSVLHLSPTNKDHARC: Uncharacterized membrane protein sli0875	K14286	NA	GO:0016021*cellular_component*integral component	4.42	3	1	3	1	1	337	35.8	8.16

TRINITY_DN114_c9_g1_i2.p1	MPDKRITLVRHYATKSRSPVKTGGRLVAQVI 60S ribosomal protein L34	K02915	NA	GO:0022625^cellular_component^cytosolic lo	2.255	7	1	3	1	1	109	12.1	11.08
TRINITY_DN2106_c0_g1_i8.p1	GTKEKVRTEANMQPSGDHQNLVEAEEAAFDH Hypothetical	K22913	NA	.	3.138	5	1	3	0	1	268	30.9	4.88
TRINITY_DN2771_c1_g1_i1.p1	PVKKPIFRKLEQLLAVSVFSSSSSSSLKLDKDFYH Putative thylakoid lumen peptidyl-prolyl cis-tr	K08776	NA	GO:0031977^cellular_component^thylakoid l	2.964	3	1	3	1	1	476	51.9	5.02
TRINITY_DN1978_c0_g1_i1.p1	MNTKMQSLIKTLVLVLLPFCEFGDFQMFKFPV NAD(P)H-binding	K13421	NA	NAD(P)H-bindir .	3.818	4	1	3	0	1	397	43.3	5.55
TRINITY_DN3141_c3_g1_i1.p1	MLPRKHPISYKTTTTTTTTTTQTLTISFVAAVA Hypothetical	K09493	NA	.	5.753	6	1	3	1	1	202	22.5	6.43
TRINITY_DN2070_c1_g1_i7.p1	MNSLNLCLNCFPECHHSFSTLVRCLVLYFCITLFSI Hypothetical	K12604	NA	.	7.223	3	1	3	0	1	423	47.3	5.86
TRINITY_DN388_c0_g1_i4.p1	MSEDIKQKIEAEAMARTQKNKATNYHIGTLKAK Developmentally-regulated GTP-binding prote	K06944	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	3.786	5	1	3	0	1	376	42	8.12
TRINITY_DN3799_c0_g1_i1.p1	MVTQDSITAAATAAAYIAAAFYLNHHQPTNRNGL Glutathione S-transferase 3	K12900	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	2.371	5	1	3	1	1	308	34.4	7.52
TRINITY_DN1529_c0_g1_i1.p1	MISTIRCYRRMHLASNHCNQRIHRVFLSFRDGL Glutamate synthase large subunit-like protein	K03942	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	2.191	2	1	3	1	1	610	66.9	8.32
TRINITY_DN1296_c0_g1_i4.p1	MASRDLTAAFIERRTAHLRKRGEVVGSGSGRM Syntaxin-42	K08489	NA	GO:0012505^cellular_component^endomem	2.387	3	1	3	0	1	317	35.3	8.34
TRINITY_DN3586_c1_g1_i1.p1	MIIWKLLPEPGGTIRRLIRIRKEMFEHSLDKQSKS I intermediate-associated protein 30 (CIA30)	K18159	NA	.	6.736	5	1	3	1	1	324	36.6	8.27
TRINITY_DN774_c0_g1_i13.p1	SQNRISVQNLVLYSSIASISLIMIFKPTALLMFLI Phosphomethylpyrimidine synthase, chloropl	K03142	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	3.434	2	1	3	1	1	683	76.4	5.86
TRINITY_DN1742_c0_g1_i1.p1	MNTNTQHLKLVFLLWAFEISGFSVTLKTSNYSAI Hypothetical	K02355	NA	.	4.727	8	1	3	0	1	143	15.6	8.12
TRINITY_DN638_c0_g1_i1.p1	MKVQLKALISLITFFFVSPALGPPAAISAQETESVQ Prolyl 4-hydroxylase subunit alpha-1	K00472	NA	GO:0005783^cellular_component^endoplasm	4.726	3	1	3	0	1	577	64.5	4.54
TRINITY_DN1407_c1_g1_i1.p1	MRIYKPALAAVLSFASISQVSNANIPYGGSGSSVC domain	K00600	NA	.	4.77	9	1	3	0	1	361	41	4.59
TRINITY_DN2329_c0_g1_i1.p2	VVGVHFHGFESIKVFVKITLNKRGYQDITVTRFYTGT DNA excision repair protein ERCC-1	K17943	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	1.521	5	1	2	0	1	372	41.1	7.46
TRINITY_DN178_c0_g1_i1.p1	CKTGCVNLPHSNFKIKMKKSGIAYRPTDFGLQLEL Hypothetical	K01953	NA	.	2.919	3	1	2	0	1	294	32.5	9.88
TRINITY_DN3261_c0_g1_i2.p1	MAPVAKKVSALFYQTQHLKGKDELGCTMGQAAP Probable chromatin-remodeling complex ATP	K11654	NA	GO:0016589^cellular_component^NURF com	2.041	1	1	2	1	1	1517	175.2	7.11
TRINITY_DN850_c0_g1_i1.p2	MVSIQNMTSFATSAPLMMLLVSRTTQEVSGLLN Inositol monophosphatase 3	K08994	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	5.386	5	1	2	0	1	465	50.8	6.11
TRINITY_DN1615_c0_g1_i4.p2	MKSATRNVAWSKPLAAPPKGDGKRPVNMVREER Ataxin-2 homolog	K03265	NA	.	4.924	3	1	2	0	1	793	86.3	7.03
TRINITY_DN460_c13_g1_i1.p1	MTFYIICLLVLTSCSTTLTHAFQHASFVFAIRPSA Probable adenylate kinase 5, chloroplasti	K13754	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	3.085	5	1	2	1	1	586	64.9	5.83
TRINITY_DN343_c0_g1_i1.p1	MCQNTITKNQNMNSQVKNQNHDEPIPSVFGF Aldo-keto reductase family 1 member A1	K00002	NA	GO:0016324^cellular_component^apical plas	4.008	6	2	2	2	2	794	88.3	5.2
TRINITY_DN344_c6_g1_i1.p2	MKASDILCAVGLLSTHLSAFTIHRKDFNSRILNVA hydrolases family 18	K03363	NA	.	5.586	7	1	2	1	1	284	31.6	6.61
TRINITY_DN2446_c0_g1_i1.p1	MLNKLISLCLIIIFVGRASFMEGSDRSRFSISNV FK506-binding protein 2	K00161	NA	GO:0005783^cellular_component^endoplasm	1.377	4	1	2	0	1	188	19.8	7.83
TRINITY_DN460_c5_g1_i1.p1	HQSDNSNLFHQQEQEKOSKLSNRQEGGGGGG Phycoerythrobilin:ferredoxin oxidoreductase	K05294	NA	GO:0050897^molecular_function^cobalt ion l	2.957	10	1	2	0	1	249	27.8	5.83
TRINITY_DN1909_c0_g1_i2.p1	MFGINRLLSSLNPKYDMADIYYWRDSIQSDIDVV Novel plant SNARE 11	K08494	NA	GO:0009504^cellular_component^cell plate^C	1.279	5	1	2	1	1	276	31.2	5.33
TRINITY_DN4732_c0_g2_i2.p1	TNEKRTKYTSLHFSLLLSYIMHYNCQIMSCKIM Hypothetical	K02139	NA	.	1.631	6	1	2	0	1	355	40.3	5.94
TRINITY_DN382_c2_g1_i1.p1	MNRVVSFRHSSFMQTKRIGLTVLSRGLSLSLT Pentatricopeptide repeat-containing protein	K22139	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	2.692	1	1	2	0	1	1167	131.7	6.15
TRINITY_DN612_c4_g1_i2.p1	MNQNPYQSSSRFLPGRGEQPPPHYTLGINSDDI Uncharacterized acyltransferase CST26	K14786	NA	GO:0005783^cellular_component^endoplasm	2.567	3	1	2	0	1	585	62.9	8.35
TRINITY_DN1043_c2_g1_i3.p1	MESDDTKDLSKGIQPIKRINDPANSDLSLEMQGI Hypothetical	K08819	NA	.	3.817	5	1	2	0	1	528	59.1	8.12
TRINITY_DN2426_c0_g1_i2.p1	MMKSRLLFLFTLTLTPASTFVLAADKPPSSKTPSAL Mechanosensitive ion channel protein 1, mitc	K10046	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	2.749	3	1	2	0	1	471	52.5	9.63
TRINITY_DN1845_c0_g4_i1.p1	MASYRRDADANRNLFGSTSSSSSRPTKSSNLR NSF attachment protein, SNAP	K17508	NA	.	5.422	4	1	2	1	1	516	56.4	5.07
TRINITY_DN302_c4_g2_i6.p1	MSSTALPAKNPKRQFQDVVTFEFPALPTLSQA Hypothetical	K10395	NA	.	2.673	4	1	2	1	1	618	71	6.34
TRINITY_DN1495_c1_g1_i2.p2	MEFQRDYPYPLYKDENLVFNDFGRRKLKLVSTX Peroxiredoxin-like 2A	K20029	NA	.	4.494	22	1	2	1	1	111	13	8.78
TRINITY_DN3647_c0_g1_i1.p2	MFVDYTFDAYKAVGFKSFTEVDKDVVKEVKMM Hypothetical	K07238	NA	.	4.147	20	1	2	1	1	111	12.6	4.64
TRINITY_DN21710_c0_g1_i1.p1	FFFFPSSLFCFLJUMTHKNLQHLFNSAIFKRM Anamorsin homolog	K22746	NA	GO:0005758^cellular_component^mitochondr	2.832	3	1	2	1	1	292	32.6	5.35
TRINITY_DN1957_c0_g2_i1.p2	MNSNLLVXYCFMVKNKQQTIENLHKFFKFDLU ATP synthase subunit beta, chloroplasti	K02112	NA	GO:0009535^cellular_component^chloroplas	3.297	9	1	2	1	1	132	15.2	10.35
TRINITY_DN5817_c0_g1_i1.p2	MQDNIQRDNIVGSRFSNYFWSFLTIGLFLLA Photosystem I assembly protein Ycf4	K12825	NA	GO:0009535^cellular_component^chloroplas	3.373	7	1	2	1	1	181	20.5	9.28
TRINITY_DN887_c1_g1_i1.p1	TVQDTCVAVHAINQAKMSQHRMFAFQVCSCH Sirohydrochlorin ferrochelatase, chloroplasti	K01011	NA	GO:0050897^molecular_function^cobalt ion l	3.952	4	1	2	1	1	500	55.9	6.65
TRINITY_DN893_c2_g1_i2.p1	MSTNKTWQPFAYGLVATVATHILLPVVSRINT tRNA (guanosine(18)-2'-O)-methyltransferase	K14683	NA	GO:0009020^molecular_function^tRNA (guar	1.634	3	1	2	0	1	471	53.2	8.28
TRINITY_DN91_c7_g1_i1.p1	MSKVRAAHLKHITERNSPRISRTGQVTLTPALAP Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase NIMA-inte	K09578	NA	GO:0005576^cellular_component^extracellul	2.649	9	1	2	1	1	114	12.9	6.93
TRINITY_DN3446_c0_g1_i2.p1	MVAIKGCSKRIEVSLYPKFSSKGGQRLKAFI Probable manganese-transporting ATPase PD	K14950	NA	GO:0005783^cellular_component^endoplasm	5.263	2	1	2	0	1	1573	175.4	6.58
TRINITY_DN5874_c0_g1_i7.p1	MKGSFCFLIFSFCVGLHALQCSQPSNSFHNYC Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP16-3	K16302	NA	.	1.394	7	1	2	0	1	243	27	7.46
TRINITY_DN254_c1_g1_i1.p1	MGPCCSCFKPLTRETLEKASAPETNPFSSISRC Hypothetical	K02258	NA	.	4.459	11	1	2	1	1	210	23.5	4.78
TRINITY_DN3846_c0_g1_i1.p1	GAVASLGGEGSAAVAKEEETVVDASGESHERLI Dihydrodipolyllysine-residue acetyltransferase	K00627	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	6.857	11	1	2	1	1	206	20.6	4.21
TRINITY_DN2521_c1_g1_i1.p1	MVNSWTEKQAKKEFEINKMLDTGGDNINYEGT ABC transporter F family member 1	K06185	NA	GO:0005886^cellular_component^plasma me	2.12	2	1	2	0	1	688	78.2	5.82
TRINITY_DN1502_c0_g1_i1.p1	MQDHRKTQGTNADVGGSGGGTEYSTKAPAKII Ribulose-phosphate 3-epimerase	K01783	NA	.	4.806	4	1	2	0	1	637	70.1	4.86
TRINITY_DN564_c1_g1_i1.p1	MVAHRHIFATFILLGLVASTLGAHSGSRSSATLSP Solute carrier family 35 member B1	K15275	NA	GO:0030176^cellular_component^integral co	5.785	7	1	2	1	1	408	42.8	9.86
TRINITY_DN710_c2_g1_i2.p1	SLNWRETESRQLIRIRKHLFVLRNQRQITMTNCC ATP-dependent 6-phosphofructokinase 3	K00850	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	3.626	2	1	2	0	1	590	64.5	8.18
TRINITY_DN611_c0_g1_i8.p1	MCLATSSSTTNTQSTSRPSTPEEGEEQQEKI Glycerol-3-phosphate dehydrogenase 1-like p	K00006	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	9.07	5	1	2	0	1	424	46.7	6.47
TRINITY_DN375_c8_g1_i1.p1	KEKHMSALSPHSSLLDLKASQQTANNNSSSN Hypothetical	K03348	NA	.	8.078	10	1	2	1	1	367	40	7.03
TRINITY_DN4196_c1_g1_i1.p1	MQGFVAVPVPTAPPANNQRQQQQYPSFS Hypothetical	K12399	NA	.	2.467	3	1	2	0	1	385	43.8	5.48
TRINITY_DN91_c9_g1_i1.p1	MSTTTFPHYHNLHVQYIQSLASKIDSPSYEGAVTEI Probable geranylgeranyl transferase type-2 su	K05956	NA	GO:0005968^cellular_component^Rab-protei	5.264	6	1	2	1	1	410	45.2	4.75
TRINITY_DN2816_c0_g1_i1.p1	MSSRFSSLLIASTFGLIACCFTFSFPTNYGTGGIL Protein of unknown function (DUF3598)	K08679	NA	.	2.973	4	1	2	0	1	461	50.8	4.87
TRINITY_DN2279_c2_g1_i2.p1	MSVKITNNTEVRELTRERIGHASHIRGLGLDDALE RuvB-like 2	K11338	NA	GO:0031011^cellular_component^Ino80	3.588	2	1	2	1	1	495	54.9	5.1
TRINITY_DN1188_c0_g1_i20.p5	MFFLPCLPLYMVRFFYDAMICGISSITSLRKTATII AP-2 complex subunit alpha-2	K11824	NA	GO:0005814^cellular_component^centriole^C	3.555	11	1	2	0	1	235	25.4	7.34
TRINITY_DN220_c3_g1_i2.p2	MINQTSPAIPVINDISPLYDGSNPKLVANQIGRACED 2-oxoglutarate-Fer(II) type oxidoreductase hxn	K08794	NA	GO:0005789^cellular_component^endoplasm	5.413	7	1	2	0	1	319	36.1	5.54
TRINITY_DN193_c10_g1_i1.p1	MSEVTFNIAAALQSRREKVTDKKESIAKFESAKEC domain	K10891	NA	.	3.739	2	1	2	1	1	1213	134.2	7.4
TRINITY_DN1197_c0_g1_i3.p1	MMAELTPMRLITLVIALWTKAVYFHSHTKMYP5F Fe-5 cluster assembly factor HCF101, chloropl	K02901	NA	GO:0009570^cellular_component^chloroplas	5.889	3	1	2	0	1	819	91.2	7.2
TRINITY_DN1134_c5_g1_i1.p1	GARRPISNISRASSTVLHKKDDDDGKGSNQI Frataxin homolog, mitochondrial	K19054	NA	GO:0005759^cellular_component^mitochondr	1.765	3	1	2	0	1	235	26.6	5.49
TRINITY_DN3104_c3_g1_i1.p1	MKPIPAVLICASVPATIVHSAFHQPLYKINNGARST DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 50	K03349	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	5.166	4	1	2	1	1	607	67.7	9.1
TRINITY_DN2593_c1_g1_i1.p1	MKSLVISTALVIAVSTFVSSQYETYSRRLNLD Thioredoxin domain-containing protein 5	K10949	NA	GO:0035578^cellular_component^azurophilic	5.38	5	1	2	1	1	459	50.6	5.12
TRINITY_DN2531_c0_g1_i1.p1	NRYTDTNAPLSSSTMHLLVLRQLQQQQQQQF Hypothetical	K04382	NA	.	1.727	2	1	2	1	1	421	46.6	6.12
TRINITY_DN648_c1_g1_i1.p1	MMTNTINATRPKAVVISASSGIGQCAQLAQI Oxidoreductase lepF	K02993	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	3.324	6	1	2	1	1	345	37.3	9.21
TRINITY_DN821_c3_g1_i1.p1	MNLCSAIVCIAYALQSHAFSHVTSTFLATT Hypothetical	K00029	NA	.	3.602	6	1	2	1	1	169	18.5	8.57
TRINITY_DN4305_c0_g2_i1.p1	MSGNIKADGTVTAAGNNGVCIPTAEKNAQFRKL Probable ADP-ribosylation factor GTPase-acti	K12493	NA	GO:0005829^cellular_component^extracell^GC	3.708	6	1	2	0	1	372	39.8	8.84
TRINITY_DN574_c4_g1_i1.p1	MILIVYQGIIVLAFISFLLYKRMWRKDEAKVNI Probable diphthine methyl ester synthase	K00586	NA	.	1.754	2	1	2	1	1	324	37.4	7.59

TRINITY_DN2462_c2_g1_i4.p1	MMNNNGGQYKEVTFAAASPLNNGEPIPLVEVGG	Hypothetical	K06617	NA	.	4.176	3	1	2	0	1	914	101	5.41
TRINITY_DN1343_c1_g1_i1.p1	MHFRTRHSSLRQPHRSALVVSSTTTTSSRTSYYFY	[Pyruvate dehydrogenase (acetyl-transferring)	K00898	NA	GO:0005739^cellular_component^mitochondrion	1.847	2	1	2	0	1	619	70.3	7.43
TRINITY_DN1397_c3_g1_i2.p1	MDFQTLNRKQVYVCSNLSVSKAPVIRLLLLLLL	(Translation initiation factor eIF-2B subunit beta	K03754	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol	3.195	5	1	2	0	1	540	59.8	7.08
TRINITY_DN2205_c2_g1_i1.p1	MSEKQNPITISDDEASSKLVEQSQPVDEAGVDI	Hypothetical	K06965	NA	.	1.689	3	1	2	0	1	563	62.2	5.82
TRINITY_DN2505_c0_g1_i1.p1	PGNFAGGNTASVTVGGGAGLVQPETSDASTYGI	signal receptor	K02937	NA	.	7.45	10	1	2	1	1	286	31.2	4.36
TRINITY_DN1889_c0_g1_i3.p2	MVLAELGGKLRQSLAKLTLTSSLDLALSLGGISI	Dendritic recognition particle 54 kDa protein	K07195	NA	GO:0034451^cellular_component^centriole	4.979	4	1	2	0	1	524	57.7	8.91
TRINITY_DN373_c3_g1_i1.p1	MEYHYHYTIRPAWTVAAALTLFLATVTVAFAPT	Parvalbumin beta	K03025	NA	GO:0005509^molecular_function^calcium ion	2.146	1	1	2	0	1	540	59.1	4.75
TRINITY_DN325_c1_g1_i2.p1	TVAPYYVYKQLEVHSPFLVCRQTYIFSDTSTYLPNI	Hypothetical	K09660	NA	.	1.455	6	1	2	1	1	155	17.5	5.92
TRINITY_DN850_c0_g2_i2.p1	DSGSGSATISDFGNNQDQTDNDDNNNNNNNNE	Protein of unknown function (DUF1995)	K08994	NA	.	7.402	9	1	2	0	1	299	32.6	6.08
TRINITY_DN3004_c0_g2_i2.p1	MRDRQLLRKQVTVFVNGLLPSSFENQSQDLTLC	Nuclear pore complex protein Nup133	K10577	NA	GO:0000940^cellular_component^condensed chromosome	1.365	1	1	2	1	1	1267	140.9	5.69
TRINITY_DN1327_c1_g1_i6.p2	MGNSTCNSTKSNPSSDSTDNKNHNDNLASIKPV	Transcription initiation factor TFIID subunit 14	K11341	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	3.433	12	1	2	0	1	252	27.8	5.6
TRINITY_DN715_c2_g1_i2.p1	MATSSQANHVEMAEQVMNQANQAMTHVSA	family protein	K15275	NA	.	3.838	10	1	2	0	1	213	23.1	7.5
TRINITY_DN1160_c3_g1_i1.p1	HKIKQNSHTSPVSRVHPPQNLHKITQQSLVIMKI	Hypothetical	K00627	NA	.	5.143	5	1	2	1	1	396	43.4	5.49
TRINITY_DN82_c8_g1_i1.p1	EKEKKNRITGRRTYKHFTHQVGMFLTRFFGT	Glutaredoxin-C4	K03676	NA	GO:0005783^cellular_component^endoplasmic reticulum	1.557	6	1	2	1	1	141	16.2	9.85
TRINITY_DN359_c0_g1_i1.p1	GGGKNDKNGDVSSTAQGTSAHAVTAGSSTATI	domain of cleavage stimulation factor subunit 2	K20293	NA	.	2.135	4	1	2	1	1	291	29.4	9.09
TRINITY_DN120_c8_g2_i1.p1	MASSSQGMVWHHYVNLNQHNYHLLVLAISCI	Thioredoxin V, chloroplast	K14859	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplast	2.505	5	1	2	0	1	350	38.1	6.44
TRINITY_DN1703_c0_g1_i3.p1	MKVATPRLYLGTMTFGWTQSSVDESVAKAM	Aflatoxin B1 aldehyde reductase member 2	K08770	NA	GO:0005794^cellular_component^Golgi apparatus	2.836	3	1	2	1	1	364	40.3	6.8
TRINITY_DN441_c1_g1_i8.p1	MPTINVIPATIFIAVNTCHVSSFLYKTRLPNRY	Uncharacterized protein sl0005	K08869	NA	GO:0005524^molecular_function^ATP binding	3.188	3	1	2	1	1	795	88.3	5.5
TRINITY_DN1979_c0_g1_i3.p1	TTTTKSFLENRFVLIIFYFLUTYILVSTKILHV	Putative ribosomal RNA large subunit methyl transferase 1	K02989	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	1.553	1	1	2	0	1	886	99.1	7.74
TRINITY_DN1136_c0_g1_i6.p1	MKQLFRPHGFYHQLTTPSVVVFLLFCSPVSSQ	Hypothetical	K13207	NA	.	1.885	7	1	2	1	1	194	21.6	6.43
TRINITY_DN68_c4_g1_i1.p1	QKQKQKQNNRVVTFDEGDMDFIEDDDDDI	Transcription elongation factor SPT6	K11292	NA	GO:0005654^cellular_component^nucleolus	2.161	1	1	2	0	1	1762	200.8	5.1
TRINITY_DN727_c0_g1_i2.p2	MEVLKSGDPAVLNTNIEVMNLSKRRTQTEPQLN	Hypothetical	K00297	NA	.	1.591	7	1	2	1	1	198	22.5	4.59
TRINITY_DN344_c0_g1_i7.p1	MQQYNEPLNFGSLTRNKKVPAVTVQIVPREFR	Transcription initiation factor TFIID subunit 11	K03125	NA	GO:0005669^cellular_component^transcription	6.084	2	1	2	0	1	1474	166.2	9.09
TRINITY_DN2403_c0_g1_i1.p1	MNYYKNVSVMMKLYMATCPLYWNFLLRSSAI	Uncharacterized protein slr0245	K11407	NA	GO:0016787^molecular_function^hydrolase activity	4.24	3	1	2	0	1	562	62.5	7.03
TRINITY_DN1_c5_g1_i1.p1	SVMKFPSTILLSTPKLIKQNTLNLNLEIVTLTQV	Transcription initiation factor IIF subunit beta	K03139	NA	GO:0005634^cellular_component^nucleus	1.491	2	1	2	1	1	351	39.1	9.95
TRINITY_DN105_c11_g1_i1.p1	MKLAISLTSVTFAMFVPSQTSHNAFATMTSS	3-hydroxyacyl-(acyl-carrier-protein) dehydratase	K02372	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	2.18	4	1	2	1	1	216	23.1	6.54
TRINITY_DN203_c0_g1_i2.p2	MIRQHPIYFFIALCCTCLCVSSSFQRPALNKKV	Protein-lysine N-methyltransferase	K14404	NA	.	9.358	7	1	2	0	1	318	35.5	6.77
TRINITY_DN372_c0_g1_i6.p1	MKIWPENDPKRQSFNLNCLDSLFPYMGELDKG	ABC transporter C family member 2	K10878	NA	GO:0016021^cellular_component^integral component	5.516	2	1	2	0	1	1380	154.2	7.66
TRINITY_DN124_c0_g1_i1.p1	MRHFLHHLIVIVIASNLFISTVALTAKTNNNSG	Hypothetical	K03686	NA	.	4.081	12	1	2	1	1	178	19.2	8.37
TRINITY_DN3823_c0_g2_i1.p1	MGLKIGDIPLLADLRLSMGHGDKLCICDCNFF	Fucose mutarotase	K14803	NA	GO:0042806^molecular_function^fucose biosynthesis	2.435	16	1	2	1	1	158	17.3	5.3
TRINITY_DN1857_c0_g1_i10.p1	MGNVSVSPGNDEDKKQPKVYDFSSAGKTIG	PsbB mRNA maturation factor Mbb1, chloroplast	K03696	NA	.	2.203	1	1	2	0	1	1085	120.9	6.99
TRINITY_DN199_c1_g1_i3.p1	MKTALFIILFATLSLHAEAAKLNIDTKRYAKICQ	MDIS1-interacting receptor like kinase 2	K03667	NA	GO:0016021^cellular_component^integral component	2.73	3	1	2	0	1	331	37.5	9.9
TRINITY_DN82_c22_g1_i1.p1	MPSFKPSTILLSLRQSAFPCPTFHAIATSVQHR	Nifu-like protein 2, chloroplast	K14831	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplast	4.756	11	1	2	1	1	239	25.9	4.88
TRINITY_DN697_c2_g1_i1.p1	KTNLTLNHSQQTNKQSIQKQRFIMPMLASSVS	Guanosine deaminase	K00164	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	5.084	8	1	2	1	1	274	29.8	7.24
TRINITY_DN3099_c0_g1_i1.p1	KLLSKDQLPIHLETRLFKYSSKMFANVFAASLL	Fruit protein pKIW502	K02908	NA	GO:0016491^molecular_function^oxidoreductase activity	4.065	7	1	2	1	1	357	38.4	6.24
TRINITY_DN2273_c0_g1_i2.p1	MDSHSLPYKEKSDICIGSGRFLRAVLVPAVAA	Hypothetical	K08967	NA	.	1.49	2	1	2	0	1	1064	119.2	6.42
TRINITY_DN470_c0_g1_i4.p1	MKYFIQLAYLACSSITQSTEFAPGIPASFTWP	ERO1-like protein beta	K13511	NA	GO:0005789^cellular_component^endoplasmic reticulum	3.68	7	1	2	0	1	410	46.7	4.83
TRINITY_DN2512_c0_g1_i5.p1	MRLRNHLLSFHSLTHAQFNGINKIKEKIDGTYDQNN	Hypothetical	K11654	NA	.	9.34	14	1	2	0	1	171	19.1	4.68
TRINITY_DN701_c1_g1_i1.p1	MVKENRSWVAVAPESHAKDDDLPKVTPAQTF	Probable chromatin-remodeling complex ATPase 1	K20178	NA	GO:0016589^cellular_component^NURF complex	4.168	1	1	2	0	1	1588	183.1	7.83
TRINITY_DN55_c0_g1_i1.p1	NQIDSFMAVITCQHLLYPATLPSANQLSLSYNV	Glucose-repressible alcohol dehydrogenase trk18740	K18740	NA	GO:0030014^cellular_component^CCR4-NOT complex	6.982	4	1	2	0	1	482	54.6	5.31
TRINITY_DN1105_c0_g2_i1.p1	MPNEYLDCRRQDIQREQLLLLLLHNNKLLKRN	Glutamate--cysteine ligase	K11204	NA	GO:0017109^cellular_component^glutamate biosynthesis	1.284	1	1	2	1	1	1038	117.4	6.68
TRINITY_DN2864_c0_g1_i6.p1	MKGNSKIFALFALITFALFRKRKRKYWEEEEEEDV	1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase	K03526	NA	GO:0016847^molecular_function^1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase	2.304	2	1	2	1	1	531	59.8	7.64
TRINITY_DN1906_c1_g1_i2.p1	MKFTSNLVAICVALTINVKGFAPHSIPSNKSVGI	Probable acyl-activating enzyme 16, chloroplast	K01897	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplast	1.936	1	1	2	0	1	801	87.4	7.99
TRINITY_DN213_c3_g1_i1.p1	QQAHGINSVRVLVQCVDVRDANKMCAEVKYTV	Peroxisomal 2,4-dienoyl-CoA reductase	K13237	NA	GO:0005777^cellular_component^peroxisome	2.713	9	1	2	1	1	256	27.5	6.89
TRINITY_DN2406_c1_g1_i1.p1	MKEQERILKLEQLKNEVDADFLLDPQHRTLF	Hypothetical	K03030	NA	.	4.838	2	1	2	1	1	1256	139.6	6.99
TRINITY_DN1611_c0_g2_i1.p1	MRLLYLCPYLYLISPCFALPPTFHGSPRRTARH	phosphatase superfamily (branch 1)	K00784	NA	.	3.144	4	1	2	0	1	606	66.9	4.92
TRINITY_DN2390_c0_g2_i2.p2	MEQSEDDRVLVQLTLRVSFTVYKPPMATSGC	Adaptin ear-binding coat-associated protein 2	K02932	NA	.	3.671	9	1	2	1	1	281	31.1	5.21
TRINITY_DN2067_c2_g1_i2.p1	MHNHNQKVSFMPDPRAKNRKIFASVKQRAKQAS	Small subunit processome component 20 hor	K14772	NA	GO:0030686^cellular_component^90S preribosome	1.434	0	1	2	0	1	3069	347.1	7.42
TRINITY_DN1382_c1_g1_i1.p1	MNHSFDDFIUHLPLGAKLSADTYHREMERIQMI	Hypothetical	K14559	NA	.	1.514	7	1	2	1	1	197	22.1	9.6
TRINITY_DN3318_c0_g1_i2.p1	MKTCCILSSIIASAAAFVAPNKNKNSFSTSTAMN	Chlorophyll a-b binding protein L1818, chloroplast	K14689	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplast	3.234	10	1	2	1	1	230	24.9	7.06
TRINITY_DN732_c0_g1_i3.p1	MRLTLLTSISALHASAAYGPIVVAANEFFSESTGIT	Hypothetical	K07901	NA	.	2.801	2	1	2	0	1	925	102.4	4.49
TRINITY_DN311_c2_g1_i2.p1	MKLPSTAFPLASTCSTLAFQPSSFLGRNTYKTH	3-oxoacyl-(acyl-carrier-protein) synthase 3	K00648	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	5.8	6	1	2	1	1	404	42.3	5.34
TRINITY_DN2206_c0_g1_i1.p1	MQSEGRNMNDSFTRKVLVYKTNVKGESGAYN	Auxilin-related protein 1	K11279	NA	GO:0009504^cellular_component^cell plate formation	4.409	4	1	2	1	1	515	56.1	9.73
TRINITY_DN71_c4_g1_i2.p1	MDVDSYQSQEEYEYSDDEDDASEQDPEC	E3 ubiquitin-protein ligase dbf4	K11968	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	3.747	3	1	2	0	1	592	68.1	5.03
TRINITY_DN2977_c0_g1_i1.p2	MNNYFIKYCTASLRNHNMRRIIVALLAVELVSYSF	Mitotic checkpoint protein BUB3.1	K02180	NA	GO:1990298^cellular_component^bub1-bub2 complex	3.43	7	1	2	0	1	242	27.2	8.51
TRINITY_DN1187_c1_g1_i7.p3	MVTXSTMNARYMRNMPILDDDTDSLDRSLVA	Hypothetical	K13525	NA	.	2.447	11	1	2	1	1	118	13.4	7.34
TRINITY_DN636_c0_g1_i1.p1	MKPQGEDFETYNIRRWGSSSWTQHLKKEGRKSG	thioredoxin domain	K17790	NA	.	3.229	9	1	2	1	1	178	20.6	5.47
TRINITY_DN974_c1_g1_i2.p1	MIAATMPSVPELNPVTAHSAPPISDQCDCAAYHS	Serine/threonine-protein kinase STY8	K02927	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol	2.351	4	1	2	1	1	426	48.7	7.94
TRINITY_DN1364_c0_g1_i1.p1	MKHTHKYLFIMASACSSQSAFAPCSPSPRIQVPR	membrane protein (DUF2214)	K08678	NA	.	2.075	3	1	2	0	1	297	32.3	7.59
TRINITY_DN677_c6_g1_i1.p1	MSHPEDNHHHETSGSSKLVTVLKLIASGALLVSIVT	Hypothetical	K19469	NA	.	2.42	1	1	2	1	1	746	83.6	6.38
TRINITY_DN12_c1_g1_i3.p1	NTKHLPLEGFLVSLTDSLRAHMHQQQQQQG	Hypothetical	K00139	NA	.	1.506	7	1	2	0	1	261	29.2	6.15
TRINITY_DN453_c1_g1_i3.p1	MKRNTNRQSHSHSLDSFSCNTATAATSTST1	family 92	K00472	NA	.	2.574	2	1	2	0	1	863	99	6.42
TRINITY_DN1689_c1_g1_i1.p2	MSVDVSYKVGVLVSLDCEKCKSGKQRACKIF	Adenylyl-sulfate kinase	K00860	NA	GO:0004020^molecular_function^adenylylation	7.433	13	1	2	1	1	188	19.8	5.34
TRINITY_DN263_c3_g1_i1.p1	MPASIAIDTWHQHRSTSTSRGPAQGQRQQE	Adenosine deaminase	K16488	NA	GO:0030054^cellular_component^cell junction	6.48	5	1	2	1	1	451	50.9	6.1
TRINITY_DN1006_c0_g1_i3.p1	MSVITLILLIINYSREAFSIPSASPLYSENKPF	ACR, COG1678	K02955	NA	.	3.035	6	1	2	0	1	420	46.7	4.6
TRINITY_DN238_c3_g1_i1.p1	LLSRLLSSSHSLQSSTQSTQJFNNTMATFGT	hydrolase (FSH1)	K02956	NA	.	4.021	5	1	2	1	1	433	48.3	6.95
TRINITY_DN1584_c0_g1_i3.p1	MQLHKTQAFRALRRAIPQGKSGVPTMGALHD	Pantothenate synthetase	K01918	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	1.55	2	1	2	0	1	284	31.7	5.86



TRINITY_DN1665_c0_g1_i5.p2	MTKQYAWLIRYKGETPLVENDGPFDSIDPDTGI Chromodomain-helicase-DNA-binding protein	K23978	NA	GO:0071339*cellular_component*cellular	MLL1 com	7.095	13	1	2	1	1	238	26.3	4.79
TRINITY_DN25525_c0_g1_i1.p2	DIVRLISEKNEPEWMTDWRQLQAYERWLQKEEP UPOF0051 protein sir0074	K22985	NA	.		5.352	14	1	2	1	1	178	20.2	4.67
TRINITY_DN3127_c0_g1_i1.p1	MPLPIITVARLSGDLPLVASFANSGGEDLSLQKQ 25.3 kDa vesicle transport protein	K08517	NA	GO:0005783*cellular_component*endoplasm		8.093	10	1	2	1	1	240	27	9.47
TRINITY_DN21848_c0_g1_i1.p1	AIYAGIPDSVPCTVNNKVCASGMKALSLAQQSLAC Acetyl-CoA acetyltransferase, mitochondrial	K00626	NA	GO:0005739*cellular_component*mitochondr		2.385	8	1	2	1	1	243	26.1	5
TRINITY_DN4106_c0_g1_i1.p1	MKVFHYEDNKDMSLHKSLITLPPKWLQGPFTKL Cysteine and histidine-rich domain-containing	K00573	NA	GO:0046872*cellular_component*metal ion b		3.506	7	1	2	1	1	323	35.8	6.06
TRINITY_DN2606_c1_g1_i1.p2	NTLLFCRAVKMFVIAIRHLNLSRSLGNIQTCRHR* Nitrate reductase [NADH]	K10534	NA	GO:0020037*cellular_component*heme bind		5.144	3	1	2	0	1	770	84.6	6.14
TRINITY_DN1334_c1_g1_i1.p2	MNQQQQQSKNDQYSSSTLRWDWVHRQLSLAV Glutathione S-transferase C-terminal domain-	K03754	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm		1.542	9	1	2	0	1	204	23.4	5.02
TRINITY_DN9280_c0_g1_i1.p1	PSKDDPPLLSIRGGLNCKTVKIPRVGYSFYKTDPMI Hypothetical	K07213	NA	.		2.789	20	1	2	1	1	114	12.3	8.13
TRINITY_DN25619_c0_g1_i1.p1	RTAVGSGFSAFNTAPHDLAGAALNVALVERAGVE Acetyl-CoA acetyltransferase	K00626	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm		7.789	11	1	2	1	1	227	24.2	6
TRINITY_DN1316_c0_g1_i3.p2	MITSCHIFLLMTVSNVAFSGVIVKGRSRSVNRNFR* Protein YjdM	K01900	NA	GO:0009507*cellular_component*chloroplas		6.596	13	1	2	0	1	171	18.4	8.34
TRINITY_DN271_c0_g1_i3.p1	MQRHEHTQRVVAIGKSGQGTDNATYKSYNIFNI Putative phospholipid-transporting ATPase 9	K14802	NA	GO:0000139*cellular_component*Golgi merr		3.295	1	1	2	0	1	1745	195.1	7.25
TRINITY_DN561_c3_g1_i1.p2	MTLCLRHSHFAKHSVSKVLHFFQNNLPSVVTC Peptide chain release factor 1	K09642	NA	GO:0005739*cellular_component*mitochondr		1.517	2	1	2	1	1	458	50.5	5.97
TRINITY_DN1252_c1_g1_i1.p1	MSQRPSPQHNYDDAATALIELAGENNHEKVGAG Heat shock factor protein	K01847	NA	GO:0005829*cellular_component*cytosol*GC		4.706	4	1	2	0	1	516	57.5	8
TRINITY_DN1022_c0_g1_i8.p1	MTRLIVRGGEVKGSILEADEAERSLHSIQGETSII Cell surface glycoprotein 1	K04649	NA	GO:0005618*cellular_component*cell wall*G		6.779	2	1	2	0	1	1455	156.3	4.86
TRINITY_DN1643_c0_g1_i1.p1	MSLSEIFRDIPIPADGSHPVCCIDYPTFEFEAAHG Protein farnesyltransferase/geranylgeranyltra	K05955	NA	GO:0005953*cellular_component*CAAX-prot		7.55	6	1	2	1	1	347	40.4	5.62
TRINITY_DN1936_c0_g1_i1.p1	MAKTFNMTLVSYLFLVYIPCCCLGGFATRRCPE: DExH-box ATP-dependent RNA helicase DExH	K08678	NA	GO:0009507*cellular_component*chloroplas		2.599	1	1	2	0	1	1284	142.3	5.69
TRINITY_DN2335_c0_g2_i3.p1	MPKRSALFVALATFHTVHGVLPGVPHFSKFEGL Transmembrane 9 superfamily member 7	K17086	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm		1.474	2	1	2	1	1	665	76	8.1
TRINITY_DN4272_c0_g2_i3.p3	MNTFFSPILVIVLVAASNVLMFYLGKFTTTLETTT Elongation factor 1-alpha	K03231	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm		8.466	7	1	2	0	1	301	33.7	6.59
TRINITY_DN22_c1_g1_i1.p1	MSPDLKINAVLGCMMMGQEHISYMEKYQIHV Putative UDP-kanosamine synthase oxidoreduct	K02132	NA	GO:0016491*cellular_component*oxidoreduc		1.312	3	1	2	0	1	467	53.2	6.38
TRINITY_DN955_c0_g1_i1.p1	MFLHYLLLVFVIALAASDGSNDPDLITKYPLVSV domain	K02938	NA	.		2.203	2	1	2	0	1	442	50.4	5.29
TRINITY_DN512_c6_g1_i1.p1	MVMVKLQLLSCCCIAALFVAQPKGALAFSPGALG Foldase protein PrsA	K13412	NA	GO:0005886*cellular_component*plasma me		1.823	5	1	2	1	1	169	18.6	8.09
TRINITY_DN44_c5_g1_i1.p1	MKGSIDDTPIHHTAPGDNDASDKSNAPTLRTHI Trafficking protein particle complex subunit 8	K20305	NA	GO:0031410*cellular_component*cytoplasm		1.311	1	1	2	0	1	1728	193.1	7.88
TRINITY_DN2349_c0_g1_i5.p1	MSSPTDLDPARPNSNIQSGKRESMANVDSKITP* Neurobeachin	K00967	NA	.		4.345	1	1	2	0	1	3050	338.1	6.23
TRINITY_DN489_c1_g1_i1.p1	MDHLEEQLEAEALAAIDFYFEIKSSSPDDTNOQ E3 ubiquitin-protein ligase RNF25	K09391	NA	GO:0005829*cellular_component*cytosol*GC		4.719	5	1	2	1	1	314	35.9	4.32
TRINITY_DN614_c3_g1_i1.p1	EQFCWAMEAVYSRAFKGDFGLDAAAAGGGGG Hypothetical	K03341	NA	.		3.397	12	1	2	0	1	190	19.7	5.15
TRINITY_DN1562_c3_g1_i1.p1	MTIPLDHDTTAAAAAGAESLTOQPKRRRRQGGmRNA decapping complex subunit 2	K12613	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm		1.46	2	1	2	0	1	700	78.5	5.34
TRINITY_DN2495_c1_g1_i6.p2	MIKSFAYVLLTSLATFTPTTKNIASSGNRFKTC Zinc transporter zip7-1	K14713	NA	GO:0005623*cellular_component*cell*GO:00		1.326	3	1	2	1	1	287	33.4	7.33
TRINITY_DN2883_c0_g1_i1.p3	MISSLSLRTVARRGAAISLGTTSVGVAAVTAAYATE Uncharacterized protein sll1770	K20405	NA	.		1.889	1	1	2	1	1	635	72	7.39
TRINITY_DN956_c5_g1_i3.p1	MMMRMMITATTTTLQKVLQPLSKQLTPMKIVR Septum site-determining protein MinD	K01437	NA	GO:0005886*cellular_component*plasma me		5.217	8	1	2	0	1	326	35.6	5.81
TRINITY_DN2782_c0_g1_i1.p1	MNSLSDFSHSTKMFVSRRRCLSLMLTSMHTFR Zinc phosphodiesterase ELAC protein 1	K00784	NA	GO:0005829*cellular_component*cytosol*GC		2.125	2	1	2	0	1	705	78.6	8.02
TRINITY_DN3243_c0_g1_i3.p1	MCVIVNFFLCLFSFDFDSDFRDTRFVRLLLQNTV* Mannose-P-dolichol utilization defect 1 prote	K09660	NA	.		4.965	3	1	2	0	1	602	67.6	5.02
TRINITY_DN5313_c0_g1_i8.p1	QTTTLAPTAKTKAPSVGPPSQDTSFNWTDAAAG Hypothetical	K01408	NA	.		1.264	3	1	2	0	1	232	23.8	4.96
TRINITY_DN300_c0_g1_i5.p1	MDEMWKYRNERNYKRDVSPHSLLEEDTDGYA domain	K20301	NA	.		1.572	2	1	2	1	1	645	73.4	7.02
TRINITY_DN2479_c0_g1_i1.p1	MNLTRIATSLKNQRSIVTYSYSSVSSITRPAKTII ATP synthase subunit alpha	K01939	NA	GO:0005886*cellular_component*plasma me		3.912	2	1	2	1	1	741	79.7	6.33
TRINITY_DN1035_c0_g1_i1.p1	MPLPKIKELISADLUPHEGGFFTEYRSGSDPMI Uncharacterized protein YML079W	K03234	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm		2.135	6	1	2	1	1	238	27.1	5.5
TRINITY_DN98_c29_g1_i1.p1	VDMNELSVDACLNFNDEEGQGGGGGGGEEIWS EARP-interacting protein homolog	K23289	NA	GO:0016567*biological_process*protein ubiq		1.391	2	1	2	1	1	486	52.6	4.78
TRINITY_DN63_c6_g1_i1.p1	MFSSTSCYKNFRFLTAFAGPLAVSILVTDATSI F-box protein At1g70590	K00812	NA	.		2.309	4	1	2	1	1	349	39.5	7.37
TRINITY_DN872_c5_g1_i1.p1	MAQVVTQKVPSTVHMQKSEGLPLSVLTRSDN Vacuolar protein-sorting-associated protein 3	K20182	NA	GO:0033263*cellular_component*CORVET cc		4.722	3	1	2	1	1	757	85.2	6.2
TRINITY_DN2660_c0_g1_i10.p2	MMTFIQSPRVVWSLLFLQJSGKVDADALLLSRPP: CO2-inducible proteins B/C beta carboxylic an	K07513	NA	.		2.176	4	1	2	0	1	329	37.2	7.49
TRINITY_DN3904_c0_g1_i1.p1	GTAASAAINPEVDDGSSSTASFSDDAIHANAIDA Hypothetical	K00311	NA	.		3.385	24	1	2	1	1	107	10.8	4.75
TRINITY_DN3184_c1_g1_i1.p1	MKINLPAALLFVLSNARSFSMTAPKTYLTDIPMG. Aspartate aminotransferase, mitochondrial	K14455	NA	GO:0005759*cellular_component*mitochondr		7.971	6	1	2	0	1	431	47.7	6.47
TRINITY_DN415_c3_g1_i1.p1	MTMPACLRLYHVSLGRVDRYLSSSWGTTFRFPFI Dihydroliopollysine-residue acetyltransferase	K14292	NA	GO:0005759*cellular_component*mitochondr		6.232	10	1	2	1	1	241	27.1	5.01
TRINITY_DN1070_c0_g1_i3.p1	MHMGSHSHHHHHDHDTMNMNQQQQQQCC Metal tolerance protein 2	K07151	NA	GO:0016021*cellular_component*integral co		5.95	6	1	2	0	1	520	56.9	7.08
TRINITY_DN1478_c1_g1_i6.p1	MSNRVCHFKLVLLGDAAGVSKCLVVRVDFEFFF Ras-related protein Rab-5B	K07889	NA	GO:0005769*cellular_component*early endo		12.317	12	1	2	0	1	194	21.6	5.71
TRINITY_DN554_c2_g1_i1.p1	MFRISIKFILPKACCSSTCQHAVRNLSDYGNKVWN Uncharacterized protein YtoQ	K17292	NA	.		1.64	4	1	2	0	1	203	22.5	7.53
TRINITY_DN1020_c3_g1_i1.p1	MHHSTMFCTAIIITLSIVFKATANAFVTPQVTSYLV Hypothetical	K09565	NA	.		5.636	9	1	2	1	1	241	26.8	8.72
TRINITY_DN7951_c1_g1_i1.p1	MVYVFNSTCGEFTIVMGRDKYENEDIKYGLPEDV Coiled-coil domain-containing protein 25	K18192	NA	.		6.783	10	1	2	1	1	214	25.4	6.8
TRINITY_DN861_c0_g1_i7.p2	MAVKQRKGNKNIKAIDGKSDTKNDSSYNADKDI Sodium/potassium/calcium exchanger Nckx3i	K02937	NA	GO:0016021*cellular_component*integral co		5.615	6	1	2	1	1	442	50.3	9
TRINITY_DN936_c1_g1_i4.p1	PGALKCGVESTISNPPYKSIYKDPSTNRITTVVGSF Hypothetical	K13517	NA	.		1.292	6	1	2	1	1	100	11.4	10.26
TRINITY_DN938_c0_g1_i19.p1	MGGSECSHCNKMFLSFCPFAFLASSAAAYTLU Uridylate kinase	K13800	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm		1.88	5	1	2	1	1	281	31.3	7.58
TRINITY_DN391_c1_g1_i2.p1	MNVQEYFIPPLQEDMGHAYGNLLEYGENINLVT 3-ketodihydrospingosine reductase	K04708	NA	GO:0005783*cellular_component*endoplasm		2.095	3	1	2	0	1	428	47.5	7.23
TRINITY_DN1663_c0_g1_i1.p1	MKFHKSCNISLAILVASLWEICFANNILNLSLQS Derlin-1	K11519	NA	GO:0005789*cellular_component*endoplasm		1.31	4	1	2	1	1	374	41.1	9.85
TRINITY_DN4645_c0_g1_i1.p1	TTGLDQGAELPWTVQLYCEQDVGGLCGHEGV Hypothetical	K16302	NA	.		5.181	14	1	2	1	1	153	17.5	5.96
TRINITY_DN10332_c0_g2_i1.p1	MARSRRSAVSRPSVSTSSRRPVSTTTQOPATI Mitochondrial intermembrane space cysteine	K11652	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm		5.187	17	1	2	1	1	156	16.3	8.87
TRINITY_DN2341_c1_g1_i1.p1	QSFTSPSKIEDRDKTLNSQNRILHSHKMITMISQ ATP-dependent protease subunit HsIV	K01419	NA	GO:0009376*cellular_component*HsIUV prot		2.349	5	1	2	1	1	307	33.3	8.35
TRINITY_DN1908_c0_g1_i1.p4	MMTMSLFILMITVFRKTHSFVTHRLHQSLRITFS* Kynurenine 3-mono-oxygenase	K12486	NA	GO:0071949*cellular_component*FAD bindin		7.104	15	1	2	1	1	156	17.9	4.94
TRINITY_DN1064_c0_g1_i3.p2	MTNISSTHSVDRNPRGYEWRPSLYEIEQSLAD Phospholipase A1-iggamma3, chloroplasmic	K08568	NA	GO:0008703*cellular_component*5-amino-6-		2.778	5	1	2	1	1	467	53.1	5.83
TRINITY_DN273_c0_g1_i3.p1	MEYSFPYVVSFFSARFVLPFAKMKVVTLSLFA Hypothetical	K02690	NA	.		7.751	9	1	2	0	1	292	31.4	5.01
TRINITY_DN1450_c0_g1_i4.p1	MGPSSPSAAGEGVKGVSHWLQTFMKEIKNY Probable myosin light chain kinase DDB_G027	K01278	NA	GO:0005929*cellular_component*cilium*GO:		6.753	4	1	2	1	1	573	64.4	5.45
TRINITY_DN1393_c0_g1_i2.p2	MSSQHLRCLFPEPIKRRKQNTHPWILEEDSDII Pentatricopeptide repeat-containing protein /	K02737	NA	GO:0009507*cellular_component*chloroplas		6.351	4	1	2	0	1	641	72.9	5.64
TRINITY_DN1069_c0_g1_i4.p1	MSHVADSQREADSWSKVGNRHMAAEKEDAYT Protein transport protein Sec61 subunit alpha	K10956	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm		5.917	4	1	2	0	1	606	67.5	5.43
TRINITY_DN84_c8_g1_i1.p1	MNLISRPILIALACYNLSSSEAFVVGSTSANASYSS Hypothetical	K09510	NA	.		4.776	10	1	2	1	1	253	27.4	5.27
TRINITY_DN1427_c4_g1_i2.p1	MSQNNSSNYHGLAKIVEAADGDISSVHSLTNI TPR-like repeat	K03108	NA	.		7.074	3	1	2	0	1	784	86.7	8.5
TRINITY_DN132_c7_g1_i1.p1	MQTTMRFMTRTIAVTLSCIVLATPTNSFVSPVTS Pentafunctional AROM polypeptide	K13830	NA	GO:0005737*cellular_component*cytoplasm		1.278	1	1	2	0	1	857	94.8	5.57
TRINITY_DN1214_c1_g1_i1.p1	LTNKESTYIIYFMRHLFTLSFIYTFARFPYITLAV Methyltransferase-like 26	K02929	NA	.		6.402	8	1	2	0	1	368	40.5	7.3
TRINITY_DN4088_c1_g1_i1.p1	MPIMDNMLMGTYGLTIGIACILLKDSLFKEKTA NADH-cytochrome b5 reductase 2	K00326	NA	GO:0016021*cellular_component*integral co		3.068	5	1	2	1	1	307	34.6	8.63
TRINITY_DN1710_c2_g1_i1.p1	MSADAIEIRGNPQDKAGPFFSVLYNAVRSNTQVLII Small nuclear ribonucleoprotein Sm D2	K11096	NA	GO:0071013*cellular_component*catalytic st		2.376	14	1	2	1	1	112	12.5	9.88

TRINITY_DN860_c1_g2_i1.p1	MSNTSTSTDDKEMTPDERLNLYRERGFIVETAED domain	K03019	NA	.	2.804	4	1	2	0	1	361	40.4	5.03
TRINITY_DN609_c2_g1_i1.p1	MSTELKAKRSAALEEKRRRLLEEKARRNQSRSDSN Cytoplasmic dynein 1 intermediate chain 2	K10415	NA	GO:0005813^cellular_component^centrosom	6.981	4	1	2	0	1	668	72.3	5.85
TRINITY_DN82_c9_g1_i1.p1	KEGGSOTDMGVVWGGSGLKIIIEHVSGKLVTVQDL Signal recognition particle receptor subunit al	K13431	NA	GO:0005789^cellular_component^endoplasm	4.089	6	1	2	0	1	333	35.6	9.45
TRINITY_DN648_c0_g3_i2.p1	MYILCNIIHGHSIYPTHAHTQATPEEFLTVAEELRL 40S ribosomal protein S7	K02993	NA	GO:0005813^cellular_component^centrosom	5.449	11	1	2	0	1	198	22.5	9.1
TRINITY_DN2353_c0_g1_i3.p1	MVFKEKTLDLVKIGRASKRDALTALYSIAEIKSEINS AP-3 complex subunit delta-1	K12396	NA	GO:0030123^cellular_component^AP-3 adap	2.738	2	1	2	1	1	1281	141.2	7.5
TRINITY_DN4574_c0_g1_i2.p1	MVSNANAGLQSPPTNTTSSNIGNPDIADNMKS: Protein MEI2-like 2	K02957	NA	GO:0003723^molecular_function^RNA bindin	4.471	2	1	2	1	1	947	104.7	6.7
TRINITY_DN2505_c1_g1_i4.p1	MSTQPLDDTQQEIEFKVKLIKLNQAARGNGTSH Eukaryotic peptide chain release factor subun	K03265	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	3.902	6	1	2	1	1	463	51.9	5.15
TRINITY_DN1114_c1_g1_i1.p1	MSALLQATQASQHNKVVLYIFLTFATFSVFSFIMDI Hypothetical	K03320	NA	1.505	5	1	2	1	1	382	43.7	7.59	
TRINITY_DN24_c3_g1_i2.p1	MLFKIFTSLSSTISVSVFCVAIGGVVTLFARPHV Hypothetical	K12026	NA	.	1.502	4	1	2	0	1	254	28.3	7.2
TRINITY_DN2466_c0_g1_i1.p3	MKRLLVHILMHNWCITLSTVSCLLNGAAAFPSI PsbP domain-containing protein 2, chloroplas	K17497	NA	.	4.437	7	1	2	0	1	309	34.6	8.53
TRINITY_DN139_c4_g1_i1.p1	MDDQDKQISNRNWSLESKYVITGSGRIGINGILRA Tropinone reductase homolog At5g06060	K08081	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	11.699	11	1	2	1	1	268	29.2	6.98
TRINITY_DN848_c1_g1_i1.p1	FLYLSSLCTASSHIIIMASFIHILSIHLERASNNTA Probable dihydrofolate synthetase	K16815	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	2.686	3	1	2	1	1	795	88.6	6.74
TRINITY_DN2248_c4_g1_i5.p1	STSAPASSAITSSAWADFMMDEGFSGGGGSS: Protein RCC2	K04487	NA	GO:0034506^cellular_component^chromosom	3.046	4	1	2	1	1	544	57.7	6.99
TRINITY_DN802_c0_g1_i1.p2	MKVWYNNYHWRLLPRRTVAIISCFLLLIIFLPSRQ Hypothetical	K14455	NA	.	1.459	3	1	2	1	1	608	64.3	8.85
TRINITY_DN1185_c0_g1_i2.p2	MKSSTSKRTSLPSSASSVLSPLPWSFVPLMRVV Kinesin-like protein KIF3B	K11498	NA	GO:0005694^cellular_component^chromosom	1.46	2	1	2	0	1	805	88.3	4.88
TRINITY_DN305_c0_g1_i1.p1	MPTFRSRPRRLHNRQKEDEGFSNFQPDVAIVNTT Hypothetical	K02949	NA	.	3.829	3	2	2	0	2	1611	183.6	5.44
TRINITY_DN558_c1_g2_i1.p1	MNPIRSFAAGLYFAFTVLTYYTETAMGFSPIAQV: Indole-3-glycerol phosphate synthase	K01609	NA	GO:0004425^molecular_function^indole-3-gl	3.521	1	2	1	2	1	378	40.4	4.93
TRINITY_DN2066_c0_g1_i1.p1	MLAYSPTSPFTSNHVSSATGLLSMLTEPSPLRK 26S proteasome non-ATPase regulatory subu	K03032	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	2.041	1	1	2	0	1	1040	114.7	5.16
TRINITY_DN2210_c0_g1_i4.p2	MGTLYTSLVDKQTEEGEDLCAVPVAVGWVVDV Aspartate--tRNA ligase, cytoplasmic	K22503	NA	GO:0017101^cellular_component^aminoacyl	2.516	4	1	2	1	1	453	50	5.16
TRINITY_DN217_c0_g1_i2.p1	MNQLALTLLATLNLHPSNGFIVANNPQTISRAI Hypothetical	K02218	NA	.	1.989	3	1	2	0	1	698	81.7	4.23
TRINITY_DN45_c0_g1_i4.p1	MEDSANNLPGPLFVHVHWNNGGAPRNADSF Bromodomain and WD repeat-containing DDI	K03843	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	2.568	1	1	2	0	1	2241	253.1	6.42
TRINITY_DN1150_c6_g1_i1.p1	MPSAFIKAPEPACGGGAATFASCVIHPMDLAKV Mitochondrial dicarboxylate/tricarboxylate tr	K15104	NA	GO:0005618^cellular_component^cell wall^G	3.328	4	1	2	0	1	306	32.8	9.1
TRINITY_DN209_c1_g2_i1.p1	MLFTTKSFLDGIWTCIWLGSRISEYILSRHSKYI Nucleolar GTP-binding protein 1	K13093	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	2.856	2	1	2	0	1	598	66.4	6.86
TRINITY_DN2281_c0_g1_i1.p1	MFGCIPSKPKHAKPKVKNYNSSEISSYQSQPHLEE Peroxyureidoacrylate/ureidoacrylate amidohy	K16054	NA	GO:0016811^molecular_function^hydrolase i	6.914	9	1	2	0	1	250	28	5.87
TRINITY_DN2791_c1_g2_i1.p1	FIHNLIQAQLPFLTYLQYHIEELNQMMIKFYISSSSN DnaJ-like chaperone JEM1	K00589	NA	GO:0005783^cellular_component^endoplasm	2.693	1	1	2	0	1	669	75.5	8.57
TRINITY_DN968_c0_g1_i1.p1	RLEQSSHLDKFFARQFKSQTHILYHIPGSVATYI WASH complex subunit 4	K18465	NA	GO:0005769^cellular_component^early endo	2.483	1	1	2	0	1	1408	158.9	6.52
TRINITY_DN4346_c0_g2_i1.p2	MSVIKPDLSDPKLRAKLAKMGHNYGEPAPPI Cytochrome b6	K02635	NA	GO:0009535^cellular_component^chloroplas	1.575	4	1	2	1	1	160	17.7	8.16
TRINITY_DN488_c2_g1_i1.p1	MTMLKPNSYMIHRYTNCIWLFFLFCYGNVNC Hypothetical	K21918	NA	.	3.17	4	1	2	1	1	636	69.6	6.14
TRINITY_DN1007_c0_g1_i2.p2	MHTTVKHTSRRLVIKASMINLILPVLGTALH Serine/threonine-protein kinase RIO3	K02955	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	1.478	3	1	2	1	1	427	47	7.58
TRINITY_DN1651_c0_g1_i3.p1	IQRSGLVLSILLQLFLVLLAFIHFYDKTASLMSD Putative transcription factor C16C4.22	K11254	NA	GO:0008622^cellular_component^epsilon DN	8.299	9	1	2	1	1	245	27	4.68
TRINITY_DN587_c7_g1_i1.p1	MAKALLTJIFILVLYSHAFPTPTFRKNVKSNTA Protein COFACTOR ASSEMBLY OF COMPLEX C	K16302	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	6.795	9	1	2	0	1	269	30	5.73
TRINITY_DN790_c0_g1_i14.p3	MLRCLVSGFHSHRACVFNKRVRTKLLFNRRHQ L-galactono-1,4-lactone dehydrogenase, mito	K16569	NA	GO:0005813^cellular_component^centrosom	2.382	3	1	2	1	1	519	58	6.19
TRINITY_DN1088_c0_g1_i1.p1	MMTALAIALIAIVNKSQGLDVLDPYIECAPLVI Hypothetical	K07374	NA	.	7.076	6	1	2	0	1	391	42.9	4.34
TRINITY_DN5397_c0_g1_i2.p1	MKTIISLALSTLILLSPHLLVNASGAAAAANA Mitochondrial phosphate carrier protein	K10601	NA	GO:0031305^cellular_component^integral co	5.95	7	1	2	0	1	338	35.6	8.68
TRINITY_DN928_c0_g1_i1.p1	MTSTFSNQQQQLRIGIALVVEVEGKFKLFRY Hypothetical	K07213	NA	.	1.266	2	1	2	1	1	725	81.2	6.38
TRINITY_DN1833_c1_g1_i3.p1	MPITNSPRCCLLFGYHQKQLHSPRGLITAIACLSS Dipeptidyl aminopeptidase B1	K01354	NA	GO:0008239^molecular_function^dipeptidyl-	4.802	2	1	2	0	1	844	95.4	5.35
TRINITY_DN2045_c0_g2_i4.p1	MSSNPTKTTTPVATPSADPTSTTTTENQEKPKSFI Nuclear pore complex protein Nup153	K01304	NA	GO:0031965^cellular_component^nuclear m	4.329	2	1	2	1	1	1394	144.5	9.01
TRINITY_DN14353_c0_g4_i1.p1	AATVTAPEGTAFSTSGAGLDLWVSFPMTSVGRLE Hypothetical	K10754	NA	.	6.021	12	1	2	1	1	193	20.6	3.66
TRINITY_DN415_c5_g1_i1.p1	PFIEGLEGGITETTGDSDTSTTTTTTTTAGYNP Proteinaceous RNase P 2	K14292	NA	GO:0005634^cellular_component^nucleus^Gt	5.873	4	1	2	0	1	567	64	5.53
TRINITY_DN14597_c0_g1_i1.p1	FNLHAMRTIFTAIALFVGHSAYAQGCTDLFIEYCI Tail Domain	K03106	NA	.	4.03	9	1	2	1	1	227	24.3	4.26
TRINITY_DN981_c1_g1_i1.p1	MYRMSGGKNQGESGMEILCRKCDKRKOWISVNIY 50S ribosomal protein L25	K06287	NA	GO:0005840^cellular_component^ribosome^i	3.272	5	1	2	0	1	397	45.2	7.49
TRINITY_DN191_c7_g1_i1.p1	MNQNQVQPIFAFSTQGNKFDADLDSDIFAEYL Phototropin-1A	K20179	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	3.27	4	1	2	0	1	516	56.7	6.47
TRINITY_DN47_c1_g2_i2.p3	MNYSRTRCAEPAEYVFKDLRHTLIJIDMQRDLFPI Peroxyureidoacrylate/ureidoacrylate amidohy	K14832	NA	.	2.75	8	1	2	1	1	221	24.2	6.15
TRINITY_DN2956_c0_g1_i1.p1	MSHSSLAQLASLHSKNTSSRKQSDSIRGIHHS: Uncharacterized protein At3g06530	K14550	NA	GO:0030686^cellular_component^90S prerib	1.337	0	1	2	1	1	2381	262.2	5.94
TRINITY_DN21890_c0_g1_i1.p3	VGRGLRVLGRPLMNPMPKGTVPDVAKAVNEIK 50S ribosomal protein L1	K02641	NA	.	1.605	6	1	2	1	1	118	12.7	9.57
TRINITY_DN2493_c4_g1_i1.p1	MKFEYLRLPALSLLFFVGLTSLAYNDAAAAAAGD Hypothetical	K22685	NA	.	1.56	2	1	2	0	1	416	46.2	4.78
TRINITY_DN249_c3_g1_i1.p1	MLSEKIDNYFELTARGNTILTEFRGAVATFLTMAYI Adenine/guanine permease AZG1	K06901	NA	GO:0016021^cellular_component^integral co	3.173	4	1	2	0	1	532	56.9	4.69
TRINITY_DN450_c2_g1_i2.p1	MSQTLFFKMMNSMRSLSKTIITTSAFRHQYFAI 2,4-dienoyl-CoA reductase	K13210	NA	GO:0008670^molecular_function^2,4-dienoyl	6.306	3	1	2	1	1	849	93.7	7.77
TRINITY_DN521_c2_g2_i1.p1	MFHFLRSLQRQSGEHSNDHAPAEAAAAA AVAA Hypothetical	K08906	NA	.	3.322	2	1	2	1	1	551	62.9	5.68
TRINITY_DN576_c0_g2_i1.p1	MVRVLLFFIRVNLPPSKNITTEKEKRRGRNMT 60S acidic ribosomal protein P2	K00413	NA	.	3.841	3	1	2	0	1	672	75.6	8.51
TRINITY_DN1237_c2_g1_i1.p1	MRLPTAAASULLQRSRVHAGVAFISPLSSQVAW UMP-CMP kinase	K13800	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	2.826	6	1	2	0	1	444	48.7	6.02
TRINITY_DN2679_c0_g1_i1.p1	HTIELFSFHYHCLLFIVDQATNGIYSYKDIHFD Elongation factor P	K02356	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	4.544	8	1	2	1	1	267	29.5	6.02
TRINITY_DN391_c0_g2_i2.p2	MALTGQSSPPPTPVNSTPGGTSFSAQKPRQNT Copia protein	K15042	NA	GO:0000943^cellular_component^retrotrans	6.963	6	1	2	1	1	389	43.3	7.72
TRINITY_DN1876_c2_g1_i2.p1	QEMEAAQNWCQYLINTSLARLHSHKHMVKGTI Tubulin-folding cofactor E	K21768	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	2.397	4	1	2	1	1	657	74.4	6.16
TRINITY_DN999_c0_g1_i8.p2	MQSLLENLEEKRLERLKRVTSELIELSHGDSGLG Diacylglycerol O-acyltransferase 1	K09486	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	3.406	3	1	2	0	1	747	85.8	8.47
TRINITY_DN3385_c2_g1_i1.p1	HAENAEKRITKNNHNTKSIYHLSIDHTDPTIH: 5'-phosphate oxidase	K11339	NA	.	1.295	2	1	2	0	1	399	44.4	8.18
TRINITY_DN188_c0_g1_i1.p1	MVKEDIKDKDRYNEKLMQEAKEKKWDQDEEI Tetratricopeptide repeat protein 4 homolog	K06027	NA	.	5.813	4	1	2	1	1	540	62.5	5.92
TRINITY_DN2980_c0_g1_i1.p1	MKTASUALIIVSPSAAAAGSGSSFTGSSVKAQAKH Hypothetical	K01113	NA	.	1.596	4	1	2	0	1	157	17	9.73
TRINITY_DN54_c0_g1_i2.p1	MGATSKRRDPQLSRGGNTKHATTKTEKISRTEF Hypothetical	K2551	NA	.	2.551	3	1	2	0	1	668	74	5.6
TRINITY_DN1454_c1_g1_i3.p1	MINTKLRKLGFCGADDVSPRELALVFNVSYPVEFC Hypothetical	K20195	NA	.	4.136	8	1	2	0	1	260	28.7	5.17
TRINITY_DN11091_c0_g1_i1.p1	IFNLKSKGFSVNSKELDAIAESADISKAAGRALDA DNA-binding protein HU-beta	K02915	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	3.504	14	1	2	1	1	100	10.4	10.07
TRINITY_DN2242_c2_g2_i4.p1	MAQITTRNKGCCLVNWDPCCSSVNTLKGSTT Hypothetical	K01514	NA	.	3.913	5	1	2	0	1	404	45.5	8.1
TRINITY_DN2824_c1_g1_i3.p1	NTPITRNNNSNMITMTTKHKHYSTIFILSLLVYV Hypothetical	K06013	NA	.	2.708	2	1	2	0	1	809	93.3	5.94
TRINITY_DN2188_c0_g2_i9.p1	MNLSLFGITATVNAITPKTINTAIHCSKTFVFVF Putative deoxyribonuclease TATDN1	K03424	NA	GO:0005634^cellular_component^nucleus^Gt	1.396	3	1	2	0	1	434	48.9	7.37
TRINITY_DN723_c0_g1_i1.p1	MTEAPESMIVSFGAFFNLRFAIDIVTAAKTED ABC transporter B family member 25, mitochc	K02927	NA	GO:0005829^cellular_component^cytosol^GC	8.276	2	1	2	0	1	901	99.5	6.93
TRINITY_DN774_c0_g1_i13.p2	DNIFLCSKEVPPYFLTSLTFIIFLPLFRCTNQISNOI Phosphomethylpyrimidine synthase, chloropl.	K03147	NA	GO:0009507^cellular_component^chloroplas	2.704	3	1	2	1	1	560	61.2	7.71
TRINITY_DN27383_c0_g1_i1.p1	KKKCRSKSIRAHGMSRIALVDDRNLTSVSMTI Transcriptional regulatory protein Chv1	K02995	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	3.189	7	1	2	0	1	248	28.6	6.6

TRINITY_DN442_c1_g1_i1.p1	MMQMLTILLVSVISMTKMFAGAFCRYSSSTTTSGSC	phosphatase superfamily (branch 1)	K11981	NA	.	1.538	6	1	2	1	1	355	39.4	5.73
TRINITY_DN4709_c1_g1_i3.p1	MTSNGSSPMYVIRKDRSRAVSFDKITSRTKLCYGC	Ribonucleoside-diphosphate reductase large	K10807	NA	GO:0005971*cellular_component+ribonucleo	4.265	3	1	2	0	1	798	89.5	6.8
TRINITY_DN132_c1_g1_i1.p1	MIRTIINHKHFFSRHILASLKNETVEAITWRSYNC	Probable low-specificity L-threonine aldolase	K01620	NA	GO:0005829*cellular_component+cytosol GC	2.017	3	1	2	0	1	393	43.1	7.08
TRINITY_DN1684_c0_g1_i2.p1	MKHLRIINLLSVLNAAFGTPAVRLPSHVTVQS	membrane protein (DUF2061)	K06883	NA	.	3.187	8	1	2	1	1	252	28.2	9.89
TRINITY_DN416_c0_g1_i2.p1	MTSKNRLISLALHRLPHLTNALEELDRATRSKQLI	Hypothetical	K01490	NA	.	4.769	8	1	2	0	1	280	31.9	5.41
TRINITY_DN3050_c0_g1_i1.p1	MILSAVSPSSILAVVNGSSSRILIQCYDAKVALGS	Hypothetical	K04507	NA	.	7.269	7	1	2	1	1	444	48.8	5.02
TRINITY_DN825_c1_g1_i1.p1	MIHITISNQSSISLIVPSCPYYVLLYSQHKLLVHWCII	Prolyl 4-hydroxylase subunit alpha	K22210	NA	GO:0005737*cellular_component+cytoplasm	1.881	2	1	2	1	1	416	46.4	7.31
TRINITY_DN3855_c1_g1_i3.p1	MCVSYTLHLTLTVRFVFLFKKNKNNAIDKSGIWI	Phosphatidylinositol 4-kinase	K19801	NA	GO:0005737*cellular_component+cytoplasm	7.09	2	1	2	0	1	1221	139.3	6.55
TRINITY_DN444_c1_g4_i2.p2	MSWYFTSINSHENTNPKPHVDINFSNDSLSIS	UDP-glycosyltransferase TURAN	K03842	NA	GO:0005783*cellular_component+endoplasmr	3.431	5	1	2	1	1	434	48.7	5.88
TRINITY_DN959_c0_g1_i4.p1	MSGSLRRVTSSVASQLLRRKASSTCSRNPSTSVT	30S ribosomal protein S18, chloroplasti	K12734	NA	GO:0009507*cellular_component+chloroplas	5.112	6	1	2	0	1	487	54.3	8.02
TRINITY_DN119_c0_g1_i7.p2	MKFNYLHRLCGSSYGTPNATNSASSADGGNILYI	Periodic tryptophan protein 2 homolog	K14558	NA	GO:0005769*cellular_component+early endo	4.808	3	1	2	1	1	907	100.6	6.52
TRINITY_DN1959_c1_g1_i7.p1	MVWVSKNYFIFTLMLLSTLCLQQAALQVLSLQVVF	H/ACA ribonucleoprotein complex subunit ga	K01210	NA	.	3.962	3	1	2	0	1	637	70.8	5.5
TRINITY_DN957_c0_g1_i1.p1	LKEAEELDDLLDASSGIFPSDLPKQDYELSQVLVP	Protein of unknown function DUF262	K09272	NA	.	3.055	16	1	2	1	1	144	16.7	4.96
TRINITY_DN2431_c0_g1_i3.p1	MGNADDNQSTSDLNDRSSRSKRKGLDLNGSN	Hypothetical	K01834	NA	.	1.476	3	1	2	1	1	315	35.2	5.43
TRINITY_DN1447_c0_g1_i3.p1	MKLVHVVFAFVQSVHSQCQAFAPPHVFRFTSTSF	Uncharacterized protein At5G03900, chloropl	K00059	NA	GO:0009941*cellular_component+chloroplas	2.03	1	1	2	0	1	549	61	5.48
TRINITY_DN1619_c1_g1_i4.p1	MSSLNTICRGVAVNHRNIFIRVNSQTKAAVIASSL	Hypothetical	K01409	NA	.	1.514	4	1	2	0	1	181	20.8	9.03
TRINITY_DN2887_c0_g1_i3.p1	MIFFRGLLAVLNNVDFSSNSFNGPLCAISSCF	UPF0187 protein At3G61320, chloroplasti	K08994	NA	GO:0009507*cellular_component+chloroplas	1.357	3	1	2	0	1	460	52.2	9.03
TRINITY_DN3511_c0_g1_i1.p1	MTNNEPVIWRHSASGACVTVHPFGATITSYINAKG	Glucose-6-phosphate 1-epimerase	K01792	NA	GO:0005737*cellular_component+cytoplasm	4.71	9	1	2	1	1	301	33.2	5.16
TRINITY_DN216_c2_g1_i1.p1	MALIDDDYYQDGFENYKSTTTDPGPMVMVGVSLI	Protein DETOXIFICATION 16	K20286	NA	GO:0016021*cellular_component+integral co	2.072	2	1	2	0	1	853	93.8	5.12
TRINITY_DN722_c1_g1_i1.p1	MTFLRPLRLLVAAVTLVWERRVAFHTHPIRI	Hypothetical	K15181	NA	.	8.508	3	1	2	1	1	845	93.3	5.27
TRINITY_DN174_c2_g1_i2.p1	MNQNQTVGSRVLEFAYDATKGIKLRQISNEPRE	DNA repair protein RAD16	K02984	NA	GO:0031463*cellular_component+Cul3-RING	3.515	0	1	2	0	1	222	250.7	7.77
TRINITY_DN741_c0_g1_i2.p1	EKRKRKISSCCLSFILFHFNPNSIRSTSFDTRFLA	Phospholipase A-2-activating protein	K14018	NA	GO:0030054*cellular_component+cell junctic	3.902	1	1	2	0	1	917	99.5	6.34
TRINITY_DN476_c0_g1_i1.p1	MNIIFTFTIALHSRFTQSSFQIPQLSPLAFSNTRS+	DNA-(apurinic or apyrimidinic site) lyase, chlo	K00600	NA	GO:0042644*cellular_component+chloroplas	4.412	2	1	2	0	1	586	66	8.91
TRINITY_DN1556_c3_g1_i2.p1	MMRFAFLALVAGSANAFTHHDSVLVRPFPFSIR	Uncharacterized oxidoreductase At1G06690, c	K00626	NA	GO:0009507*cellular_component+chloroplas	2.224	2	1	2	1	1	437	48.3	8.02
TRINITY_DN1620_c1_g1_i3.p3	MVQIVCTGGKASMLPKVSIQQLLAQTNTPSVLI	Endonuclease G, mitochondrial	K01173	NA	GO:0005887*cellular_component+integral co	1.478	4	1	2	0	1	278	30.8	4.81
TRINITY_DN528_c3_g1_i1.p1	MRSLSLUMVMMIMITICLSKQIIMROKSLHLQI	Receptor-like protein kinase	K03801	NA	GO:0016021*cellular_component+integral co	2.696	2	1	2	1	1	682	74.6	8.88
TRINITY_DN1369_c2_g1_i1.p1	MAFAFPVYLVHNCSSIPSCQRFLPGCVGNDI	Chlorophyll a-b binding protein CP29.2, chlori	K21991	NA	GO:0009507*cellular_component+chloroplas	1.782	2	1	2	0	1	468	53.2	4.68
TRINITY_DN229_c3_g1_i1.p1	MEFTTYYTIGRCCNNMAFLTASFVVMYMMASV	30S ribosomal protein S1	K07937	NA	GO:0005840*cellular_component+ribosome	1.73	5	1	1	0	1	393	44.5	8.68
TRINITY_DN229_c7_g1_i2.p1	MIQQTLLVLLVAVRSTVHFSSAFSPSTTAAQLI	ATP-dependent Clp protease adapter protein	K07937	NA	GO:0030163*biological_process+protein cata	1.247	13	1	1	0	1	200	21.6	7.42
TRINITY_DN1028_c0_g1_i3.p1	MVATILKQVTSLSLSPGGSSSDGNAINNDPATC	tRNA pseudouridine(31) synthase	K03320	NA	GO:0016021*cellular_component+integral co	1.205	2	1	1	0	1	1006	113.5	6.8
TRINITY_DN11519_c0_g1_i1.p1	FTRSSTHTNEAAMVLKTELCRFSGAKIVPGRGIRFI	60S ribosomal protein L24	K02896	NA	GO:0005840*cellular_component+ribosome	1.617	7	1	1	1	1	175	19.9	10.71
TRINITY_DN1227_c0_g1_i2.p1	MKEAKLEYVEAIMTYGNPTLKAELQALDRTPVR	domain	K02898	NA	.	1.446	3	1	1	0	1	881	99.3	8.05
TRINITY_DN1470_c1_g1_i4.p1	MTISYPLAEIAKADNDMDKFLAVYPMRLRDEMLTH	Farnesyl diphosphate synthase	K00787	NA	GO:0005737*cellular_component+cytoplasm	4.185	3	1	1	1	1	362	42	5.07
TRINITY_DN970_c1_g1_i7.p2	MLGNVSPKSEKDGKGGKSRMSADKASSPSKK	Ribosomal RNA processing protein 1 homolog	K03005	NA	GO:0005829*cellular_component+cytosol GC	1.751	1	1	1	0	1	515	56.6	9.57
TRINITY_DN743_c2_g1_i2.p1	MHQILSLVLTVMUPLALSASFLLTTRIPRLRQGGI	Hypothetical	K15272	NA	.	2.448	13	1	1	0	1	258	28.5	6.13
TRINITY_DN3016_c1_g1_i1.p1	MIVGYSLSPGGLLFPWHIGALAGLYHNVLDSDNI	1-acylglycerol-3-phosphate O-acyltransferase	K11135	NA	GO:0005737*cellular_component+cytoplasm	1.934	6	1	1	1	1	312	35	5.43
TRINITY_DN124_c4_g1_i2.p2	MVKAYEIRDKTDKELLSDTLNRKELSDLVKAVVTG	60S ribosomal protein L35	K02918	NA	.	1.455	11	1	1	1	1	121	13.7	10.9
TRINITY_DN2301_c1_g1_i1.p1	MLRYPTFSILTQFHTLVLSCSQNYSTFTSSSQI	Glutathionyl-hydroquinone reductase YqJG	K07393	NA	GO:0005737*cellular_component+cytoplasm	2.32	7	1	1	1	1	376	43.1	6.92
TRINITY_DN1923_c0_g1_i2.p1	MKDTLAVQEHSPLHPSGDNPPANSTTNGESF	Lid2 complex component lid2	K04646	NA	GO:0016020*cellular_component+membrane	1.775	1	1	1	0	1	1544	173.2	6.57
TRINITY_DN632_c1_g1_i1.p1	MLTDTMEPTCGSSISNELALQLEEKETNEVVM	For nuclear transport of RNA pol II C-terminu	K15015	NA	.	1.499	1	1	1	0	1	1391	155	5.92
TRINITY_DN11024_c0_g8_i1.p1	TRQCPMAAPPAYNDLRGRGPTKVDMPDGGWAI	Cytochrome P450-SU2	K03470	NA	GO:0020037*molecular_function+heme bind	1.82	5	1	1	1	1	326	37.4	5.15
TRINITY_DN56_c0_g2_i1.p1	MVFYNNNTIGNRPTLSLQTKPSKRTSPSPCCCI	Carbonyl reductase [NADPH] 1	K03671	NA	.	1.479	2	1	1	1	1	482	55.1	7.88
TRINITY_DN2014_c0_g1_i4.p1	AGGGRNRGGGRNMMEGNNVIEQEHEDEDEQ	Putative vacuolar protein sorting-associated p	K00033	NA	GO:0019898*cellular_component+extrinsic ce	1.672	1	1	1	1	1	3141	349.8	6.65
TRINITY_DN600_c0_g1_i2.p1	MIKINHIRQTFTHLPRRIPFIFRMSSSSGEQAPTI	Arginine-hydroxylase NDUFAF5, mitochondri	K18162	NA	GO:0005743*cellular_component+mitochondr	1.275	8	1	1	1	1	359	40	5.34
TRINITY_DN327_c1_g1_i3.p1	MSSARSTPIYLIAWFLFLAPESTRSLPHVHGVTI	Flavin-containing monooxygenase FMO GS-O:	K16569	NA	GO:0050660*molecular_function+flavin aden	1.441	2	1	1	1	1	538	60.4	6.43
TRINITY_DN181_c2_g1_i1.p1	HCGVLYHSCALSVLFCQQEQQQQQREQYD	Hypersensitive-induced response protein 4	K11303	NA	.	2.255	1	1	1	0	1	963	108.3	5.99
TRINITY_DN25544_c0_g1_i1.p1	TEDQEWOQTEAENGLELLEFNSSEKGVPEMFGFPI	zinc binding domain	K00814	NA	.	1.253	5	1	1	1	1	224	25.8	6.64
TRINITY_DN98_c1_g2_i8.p2	MGRKLRRIENASEGIDQPSTWETNPDLNVSVK	Probable serine/threonine-protein kinase DDI	K12821	NA	GO:0005829*cellular_component+cytosol GC	2.673	2	1	1	0	1	611	66.8	6.1
TRINITY_DN3213_c0_g1_i9.p1	MALKLFCFIVASVSIISVNSFAFLNNGVPAACRMFS	Hypothetical	K01626	NA	.	1.951	8	1	1	0	1	169	18.4	9.41
TRINITY_DN31_c1_g1_i2.p1	MLMISLFFQFLPLVPRRFSPTALTSTVFPFLRYPC	Hypothetical	K12847	NA	.	1.755	4	1	1	0	1	799	88.5	6.43
TRINITY_DN888_c1_g1_i3.p1	MIGRSPNVFGTFSSSCPLQQPSSFFHCKSQGIMX	Hypothetical	K12401	NA	.	1.437	2	1	1	0	1	1010	112.7	7.83
TRINITY_DN2088_c1_g1_i1.p1	MSTKLNEFENATVGMTVGGIEVLCLQPFNYAKNV	Mitochondrial glycine transporter YMC1	K00620	NA	GO:0016021*cellular_component+integral co	2.435	9	1	1	1	1	268	28.9	8.87
TRINITY_DN5939_c1_g1_i1.p1	MTTSKLSDAKAFVPSQLKASAAVWTPKSVVT	Eukaryotic translation initiation factor 4G	K03260	NA	GO:0003743*molecular_function+translation	1.57	1	1	1	0	1	874	95.9	7.88
TRINITY_DN1172_c0_g1_i2.p1	MRIQVIFCLFSFGVFANAFYIPHALPTFCRLVGKTS	I intermediate-associated protein 30 (CIA30)	K01623	NA	.	1.607	6	1	1	1	0	303	33.7	8.19
TRINITY_DN2653_c0_g1_i1.p1	CEPKTSHKKQYKTERRPRTNKNKNETMKRFTLF	NADP-reducing hydrogenase subunit HndD	K06207	NA	GO:0051537*molecular_function+2 iron, 2 su	2.23	4	1	1	1	1	536	59.5	7.53
TRINITY_DN119_c0_g1_i3.p3	MLSFQHFILASTLHSCAAFVSRYSYSSLPHTRVEYS	Periodic tryptophan protein 2 homolog	K14558	NA	GO:0005769*cellular_component+early endo	1.73	11	1	1	1	1	259	28.3	7.37
TRINITY_DN465_c1_g1_i7.p1	MDNQNFDDPLRSNPLSQQTVHVPYEEQQGDRP:	DnaJ homolog subfamily C member 13	K09533	NA	GO:0035577*cellular_component+azurophil i	1.328	1	1	1	0	1	2968	335.2	6.13
TRINITY_DN445_c2_g1_i1.p1	MLLLIITGVIPACENYTKSQCHLCEDFLKRPTTTP:	Proteasome subunit alpha	K17500	NA	GO:0005737*cellular_component+cytoplasm	1.568	5	1	1	1	1	394	43.4	7.21
TRINITY_DN1473_c1_g1_i2.p1	LLQITDIVITRPTDRPHRTDIHYIMKRSKCSGK	Protein of unknown function (DUF1517)	K03848	NA	.	1.309	2	1	1	0	1	536	58.1	9.28
TRINITY_DN2755_c0_g1_i4.p3	MARGTDTNEICVKNKSRMEHRLMLQLNLVQI	Cysteine desulfurase	K04487	NA	GO:0031071*molecular_function+cysteine de	2.052	14	1	1	1	1	139	15.3	9.39
TRINITY_DN1502_c1_g1_i3.p1	MTQMSLRLMEYTRRTSDHSLTHVSGGGSSSS	Pentatricopeptide repeat-containing protein /	K01783	NA	GO:0016020*cellular_component+membrane	1.722	1	1	1	0	1	883	99.3	7.59
TRINITY_DN65_c0_g1_i2.p1	MVVYIQNAASAANGHLNSRPRKRWVRSFSL	26S proteasome regulatory subunit 7	K03061	NA	.	1.239	2	1	1	0	1	1501	165.2	4.7
TRINITY_DN1660_c0_g1_i1.p1	MTKTFFPFLSLAISLANCGIANGAHAFVLRGTETI	NiRu-like protein 1, chloroplasti	K17267	NA	GO:0009507*cellular_component+chloroplas	2.481	8	1	1	0	1	432	47.7	4.92
TRINITY_DN281_c1_g1_i2.p1	MFKYISYIVTSVAFPLLNAAYFNCHALQIKPARGLI	Hypothetical	K05643	NA	.	1.531	1	1	1	0	1	771	86.9	5.08
TRINITY_DN363_c0_g1_i6.p1	MMNAFTKLYNLLMLLMVVVVVSVYSLSLSTTTTI	Hypothetical	K03094	NA	.	1.237	2	1	1	0	1	478	54.4	5.33
TRINITY_DN1348_c0_g1_i2.p1	MMSRSMFLGSLILFAAVSCKAYSFPVSKIAITYSF	Protein of unknown function (DUF3007)	K02355	NA	.	1.843	12	1	1	1	1	186	20.9	5.63
TRINITY_DN28396_c0_g1_i1.p1	KAFGLEHYGAKVTCLSQDFKELTKHFEAKSIAGF	Oxygen-evolving enhancer protein 1, chloropl	K02716	NA	GO:0009535*cellular_component+chloroplas	1.272	16	1	1	1	1	141	15.2	8.25



TRINITY_DN1866_c1_g1_i2.p1	MLSTVRNSRRTLRLSLSKPLSLLPLYDNANHLQTHV Proline dehydrogenase 1, mitochondrial	K00318	NA	GO:0005759^cellular_component^mitochondrion	1.488	3	1	1	0	1	594	67.9	6.76
TRINITY_DN1509_c0_g1_i2.p2	MNYSGKHNNHNSLLSGKATPRSSSASSCHCFDSSIR Hypothetical	K01834	NA	.	1.853	6	1	1	0	1	349	39.9	7.56
TRINITY_DN3194_c0_g1_i1.p1	MWFSSALIPTLFLUSRTTLAFSPSLHHVDQHSSVFP: Uroporphyrinogen decarboxylase	K03783	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	1.97	5	1	1	0	1	414	45.6	5.86
TRINITY_DN4230_c0_g1_i8.p1	MSYNHQQHNNKTKTSSEAIKVVVRVPLSSKEIQI Kinesin-like protein KIF3A	K14411	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	1.376	2	1	1	0	1	744	83.7	8.53
TRINITY_DN1244_c4_g1_i1.p1	MSSVKSAKRRKADDGTAQTPANTSVGHMIEPASI H/ACA ribonucleoprotein complex subunit 4	K11131	NA	GO:0031429^cellular_component^box H/ACA	1.326	2	1	1	1	1	488	54.1	9.42
TRINITY_DN741_c3_g1_i2.p1	MVLTDRQRSDLHAGIYEYLRSEQEGYFEEAADALA Lissencephaly-1 homolog	K16794	NA	GO:0005737^cellular_component^cytoplasm	1.934	4	1	1	1	1	480	52.4	7.17





TRINITY_DN455_c3_g1_i1.p1	MTNHTAVHYDPLEHTEEGEERVELSDPTDSDQLPNYGVPOGSSLTAAAPG SGSGDPDAAARVGGPGLSPRKKALYGVSVFAVAGFAGGLAALQSKS RGRVDDRVVGGPPASISVFSVLSYFNESLDYDQCCDLEDLAEIELG NITIDNAAHHSFNYYWYDYVCRGGGTCQIPMDHILMEVAMRE DVDSAPPDEKSSVSGGDESPGNTNQVGGVDEADLVSDGTHVFAA YADRWVWADNGLLSKTVPTDEDEGIPCLSMASRDLTEADOTWL KNQGLKQVGDALDTMYTGESRPEITGETDRLQVLEKFFECSSVTP SPEGAKCYENPPYFMWWSRNSPEPTISLMLHDGKLVVASSEYSRVD QDSTILRNQKSTRVFDVSPQPIDGVSPILTLSRKKDFGTYKTKARSIGQY VHVITDNLLETLSRNLSPRNEEFKMNTEYKSEAYITLDTAESLNLTL SEUIHDPSGDDCTKAKVALMKAADESNSTVPSFTLSALRTLVLVH SFDVSGVATTGVSVEYVATSSGFLPMQSYTSNVMSSKLVIAGESYV QNSNDGNWDEHTVFLVNLANDTSPESGVDPGSLNQFSMDHYFDE NTQEDYLRVATTTWGRWGLNDTVWGGTQSSQESQVTVLKGSSSLEKV GGVNGIGMGERIYAVRFVGERAFVTFMQIDPFTLDMSPDNPRVVG LKPFSNHLHPNEDLVLACGNNTEDGWIDGLQSLFVSFSPRYR QYVETSSMSDADQYEHARVLPESKLLRLLVLSVGGSTDFATSFDFG VYVDVDSRDFSKFNISHVNPKADCYCWSRDELSPSLVFNAGVMTLK ASETTPLTASGHDSAEHLRLKSKYQWVAFFVFGGYFMAHSRKYCYSTVK QQCLMNEAGYSALVSEMDTVFMGTIYAGINISGKLGDTSPFTVLISGIFGS GMCLFLMNSLWVDFEGFHTLGNFLFLGVYFDFQSTGGPVCTAWM GNHFCDEKSNRGLFLGLWTCQYCGDITAACTAVYLKAGTYWAWLF IPAVTNFSWGLTMRLLADPVDIGITDVRARMKNAKKAAGELDDSG PAPITYAGALRPMVAQYAFAGFKLTNVLVFLWYFLGKHFDPVTANLI AALYSVGMMPGGIIVGFSDFLFGRRATVIGFMSCLVFLGFSQNSL GPTALLMLGIMGLVGGPNITSAVAADLASHPSVKNKNSLGTVTGLN CGSITASIGLLAVGLQAAGVSWVMFLIGTACTGLTLLMSTKYSEFPF	Uncharacterized protein AF_0817	12.867	3	2	2	6	2	2	952	105	4.61	1.49	0.57	2.95E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	3
TRINITY_DN1972_c1_g1_i3.p1	ASSETTPLTASGHDSAEHLRLKSKYQWVAFFVFGGYFMAHSRKYCYSTVK QQCLMNEAGYSALVSEMDTVFMGTIYAGINISGKLGDTSPFTVLISGIFGS GMCLFLMNSLWVDFEGFHTLGNFLFLGVYFDFQSTGGPVCTAWM GNHFCDEKSNRGLFLGLWTCQYCGDITAACTAVYLKAGTYWAWLF IPAVTNFSWGLTMRLLADPVDIGITDVRARMKNAKKAAGELDDSG PAPITYAGALRPMVAQYAFAGFKLTNVLVFLWYFLGKHFDPVTANLI AALYSVGMMPGGIIVGFSDFLFGRRATVIGFMSCLVFLGFSQNSL GPTALLMLGIMGLVGGPNITSAVAADLASHPSVKNKNSLGTVTGLN CGSITASIGLLAVGLQAAGVSWVMFLIGTACTGLTLLMSTKYSEFPF	Putative glycerol-3-phosphate transporter 3	17.394	12	3	16	2	3	469	50.6	6.62	1.58	0.66	7.27E-05	1.62	0.69	9.66E-05	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	4
TRINITY_DN10819_c0_g1_i3.p1	ISRRLPASSLSLSSLSRSPSSPLPTTYTGGIULPNSRDESHNLIIRA QALRAHINKENKNTIMKLAVALAALTAASAQAPMTTSLGKKAAPA KKKAVKAPVSSGASPADAWANSVSKALFARAPATLDGTMLDGDFGDP LGFSTVPGVWFTGIQGRNGOIGNLWYREALIHQAQAVVGIAPG LFGTLPGNEWGTGDAYSNLNLEAFSQVPLAQLQIFLMSYLEVRRNIKE EGENYMPGLRIGDQEGRWNPGLDYSPEAYEKRLQELKRLAMIGVF GLWQAQASGQVGTQGAALTPDYAAKAGYFEG	Chlorophyll a-b binding protein 6A, chloro:	60.913	22	6	74	1	6	348	37.4	9.01	1.52	0.60	1.83E-04	1.52	0.60	3.17E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	4
TRINITY_DN27285_c0_g1_i1.p2	MATKPKFSQALADQDPATRRIRYGTATADLEADHGEMTENLYKIFASH FGHLAIFLWTAGNLHVAVGGNEEQWAKPKTKPIAHSWDPHFGEA LKAIFKNGTYRNLNFSQYQWNYTIGRTNDELYSASGLLSSLLFAG WHLHQPFRPPLSWFKNRSRLNHLSELGYSLAWTGHVHLALPASR GHHVGDWDLFTTTPHPAAGLTFHTGNWTVYAENDPATHTLYTSEGAGT AILTLFGFHPQTQSLWLTDLAHLQALIAVFIAGHMRYTFIGHGNMKEI LDAHRPPGRLGAGHVGLFETTNLSMLQLALASLGVATSLAQHMY ALTPYALSKDFTEAALYTHHQYAGFLMVGAFAHGFVRYDPELNK NNVLARMLHKEAISHLWASLFGHTLGLYHNDTVVAFGQPEKQJLFE PIFAEYQAAGKAVYEFNLLSSSTPATVAGNQJLPWLEANNKND LFLKIGDPDFVHHAIALGLHVTALLLVKGDARSGKLPDKKDFGYSFPC DGRPGGTCDSADWAFYLAAMFWMLNITGWTFYHWHKMTIHWGG NPGQDESNNIMGWRDLWLNESPLNGNPFGRMNLVSWAWWIFL GHLIWAATGFMLSHWRQYVQELIETLVWAHERPLANLRWRDKPVLSI VQARLVGLVHFSVGYLTYAFAVIASTSGKFG	Photosystem I P700 chlorophyll a apoprotein	10.74	6	2	5	2	2	733	82	7.5	0.00	0.00	0.00	1.75	0.81	1.30E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	4
TRINITY_DN4346_c0_g2_i1.p1	MKGKVDWFERLEQAIADISQYVPHVNFICGGVITFLVQVATG FAMTFYRPSVDVAFASVEYIMTSYNGWLRHSVHWSAMVMMVM LHFRVYLTGDFKPRELTVTGVLAVTVTSFGVTGYSLPWQVGFWA CKVGTGVAAPVPGELVLRVGGESVGSQTLTRYSAHFVPLAAAVLM	Cytochrome b6	16.47	16	2	10	2	2	215	23.9	8.6	0.00	0.00	0.00	1.65	0.72	1.94E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	4
TRINITY_DN2316_c1_g1_i3.p2	MKVSAAILVQSQNVYGFSLFRASIGPRAVTVTSAGMKVHHQAS TIRATRSKLQMSQTSVAPSPENSALFEFGIGKARDYKARLSYKSDITDG LNVQCLAATLFLFACLAVAVFGGLYSTATNGAIGTIEVMSIACGMIA LFSGQPLTHGSTGVLAVACLQAGKAMNLPFLYAWTGLWTSAILFLS SVTSASNLVKYLRFTDEIFVSTIFVVEAVSDIAGFTSPASTLKALLTSLI ASVTYGSATVKGRLRNTVYFTKSRINNSINFAPITGVGSLRSARLARLHGA EALLPALAPAKQITTSGRPVLPMLDLPWVWARFASFLMATVLLFD QNTVRLVWNPYRMEGRKRNLDGMDADMVSLTAFQSVGFPM LVAATVRSISHVRLSKFDKQGHSSIEQVITGLSHALIGSCVFAKPRYLLT QVPLPVMGLFMVIGSALPGNEMERYKGFQKQSIKRSQRVSSVPTGV TNLFTMIQVACLGAMFVWVSSPIGVLPVVIAMLSRFLGLEKGIKEY MTAIGQQRERGLDVLDDWKKDRFVVGWSGLLFTFAYLAVGGWM TGTFVTSWYHGLASSYLEGCNFTAATVSPANSVHSGLLWGPDAQG DFTRWCQIGGLWTFVALHGAFGLIGCLRQFEARLIRGIRPNIAAFSGPIA VFSVFLYPLGQASWFFAFSGVAIFRFLFLOGFHWNWTLNPFHMMGV AGILGGALLCAIHGATVENTLEDGDAANTFRAFPTQSEETYSMTANRF WSQIFGVAFSNKRWLHFFMLVPTGLWTSIGVGLALNRAYDFVSQEL RAEEDPEFETPYTKNHLDEGRAWMSADQPHENFVPEELPRGNAL	solute carrier protein 4 family	8.046	4	3	8	0	3	579	62.2	9.69	0.00	0.00	0.00	1.63	0.70	1.44E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	4
TRINITY_DN8376_c0_g3_i1.p2	MTAIGQQRERGLDVLDDWKKDRFVVGWSGLLFTFAYLAVGGWM TGTFVTSWYHGLASSYLEGCNFTAATVSPANSVHSGLLWGPDAQG DFTRWCQIGGLWTFVALHGAFGLIGCLRQFEARLIRGIRPNIAAFSGPIA VFSVFLYPLGQASWFFAFSGVAIFRFLFLOGFHWNWTLNPFHMMGV AGILGGALLCAIHGATVENTLEDGDAANTFRAFPTQSEETYSMTANRF WSQIFGVAFSNKRWLHFFMLVPTGLWTSIGVGLALNRAYDFVSQEL RAEEDPEFETPYTKNHLDEGRAWMSADQPHENFVPEELPRGNAL	Photosystem II CP43 reaction center protein	40.697	21	6	50	6	6	351	39.1	5.71	0.00	0.00	0.00	1.62	0.70	3.13E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	4
TRINITY_DN401_c0_g1_i7.p1	MSPRDQKSVDPQKVLGQLSNAELPDAQKVFLOPAQPVWRGLMKD VRSTLFTFKKEEMTNFNQRITAVSLMFTIAPLTFGAVGYSNTEFNIGAV ETILATAWVGVFFLFSFGMPMCVGGTGPVLMITTVYDLSKNIGVPVPLTFY AWVYSWTFVTTTTAFDLTRYVLAIRTFDIDIFALVGTITVAVSPPGG GLLYLDPNKHSDPKNVGEYVWYKATLSSLGISATTTGTFTRGLKTS PYFCNQTVRNSHDFAVTIAVWVSLKCVGFQFDVETAGLVNPKAFEPFT CCTADCTYWPDCPDVAFAAGTRSWFAKMFQDNKDWIAFAAGPAL LAFVLYLDNGITWHLYSPRNLQHGDSYNWDLFNGFCNLGILLGLP WLVAATVPCVHNLNTEKDNKNGVLYQETRLTYFFSHVGLSLFLGA	Sodium-driven chloride bicarbonate exchange	21.284	11	4	14	0	2	484	53.7	6.43	0.00	0.00	0.00	1.62	0.69	3.43E-02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	4
TRINITY_DN25492_c0_g1_i1.p1	MALPWYRVHTVNDPGRILIAVHLMHTALVAGWAGSSMALVYLAADFDS DPVLPMPWRQGMFVPMFMTRLGITSWGGVSGITGESVANGVSEFG VALSHILSGMCLAAIWHVWYDLELFRDPTGEPALDKPFIHFLSG LLCFGFAHVTGLFGPVGWSDAYGITGVQVPVAPVAGADGFPNPNP GIAAHHAAGIFGIFGIFLTPRPPQRLYRLARMGNIEVLSSSIAVFFAAF VTSGTMWYGAATPELGPTRYQWDSYVQGEIERQVETSISEGLSESQA WSRIPDKLAFYDYDNAPKAGGLRAGPMKNGDGAIAEWLGHPIFRDKEG RELTVRMPAFETFPVLDKDGIRADPFRRAKSESQVQVYVDFGG KLNQOTFKDAPTVKFKARKAQLEVEEFDRTSLESDQFVRSRPGWYTG HANFALLFFGHVHGGRTRIFRDVYTGGAETVQVEGFAQLGDKSTXK	Photosystem II CP47 reaction center protein	73.353	23	12	75	12	12	509	56.4	7.05	0.00	0.00	0.00	1.56	0.64	3.17E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	4





TRINITY_DN365_c7_g2_i1.p1	MTTSQHDAYVWFFDRSRDVMGVGKNSLSEQMQLAQYGIPIVPPG Phosphoenolpyruvate synthase FATTSKAYWHIESTGLKFKVISELLEKDKKALADVGRTRIKAVSSAPLSP DLEAACDFYRQLCERCKDDLSVAVRSSATAEDLEPEASAGQQTLYNIRG DHDLQACRDCYASLFDRAITRYNEKGFHDNEVALSIGIQMARSDRGA SGVMFTIDTEIYGFVWVLIWASVGLGENVVGTVSPDFIYKPTLKEGTK PILRKKIGEKETMTLTRGAGATVWIDTPKRRRRFCHJDDHNLVATWAK KIEHYSERKGTMTMDIEWAKDGTGLYVQARPETVQSDQNGAQLIY KLSEKNPKPLVYTGTSVQKILHGEVCIWDAHDIASFKGCLLVEITOPD WVPMKQAAGVITDHHGRTCHAIVSRELVAVVGTIATEKLQNGQH VTLLCDGSDVGIYEGSLYKIVTDLKDPETKVMUNADPDSALRWWR LPIDIGLCRMFTYVHVKAHPMALAHEKIDPEVRIKEMELTRHYATP AEYMVETLARGLTIAMAYPKTVIVMSDFKTNEYASLLGADFEPEEN PMIGFRGASYYSPRYQDGFALCKAIVREVLGLTNVIMPFRTLSEAD RLEVIMANYGLKRADDQVYVMECEIPSNVLAKEFAQDFDGFSGSNDLT QLTLGIDRDNEMLAELYDERNEAVLTLRSVSTAKECGKVKYICGQAPSDH PGFAELSDAGIDSVSLNPDVSLVPRQRLAAEAYKYGHSGKAGNKVLRLA NVEKFKCALIKYVDFVWVMTYINERKAKRFAVQVADHGCQ	8.495	3	2	5	2	2	859	94.6	6.11	0.62	-0.68	1.18E-02	0.00	0.00	0.00	0.671	-0.58	2.44E-02	7
TRINITY_DN1080_c0_g2_i4.p2	MMQSLCSFISLIGLHSAVAQCNDHHPHENGHYGVVAGLSQLVAVD Cleavage and polyadenylation specificity factor SVHGQKLPNATWARGYYPYGQNLVCSGRNCFAPCDQAPGCPQFFNTH CSILKFCPEGATADQVWELPNFEATEKDFSNVALGTMGTNPITGFR EYVFEEDHELSEYFASQEGCANGORIAVQKIDFTLADOCGELTTPRIRN CDTIFRQPSMILGEPCRTAFVNSCLSVLIEGECODTGTCLSKFDFNHIEG KAKELNRRQCDSIPILCYNEIDGKGTDMGQGSNKLCTHTCSAGTELS PFAISWPKCTSLDGGKGTGCGFLSRVDSYECDFCSLCPGNIDNHWPPAQ FRLSAGLETNKPNNPNKPTVQTSAGKARIQTYTVMMLFILLSLSLGL	21.361	15	3	11	1	3	404	43.9	5.12	0.62	-0.69	3.04E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN1708_c0_g1_i5.p4	MSKTFNSAVLDSDDSEPTVAPAPAKDQAEKTEEYKERRPNNDIBNT O-acetyl-L-homoserine sulphydrylase KGRGPRVARDKRTYDRSGTGRGKVEYKGGGGRNHWSDNEARK NEGPDVDESTVPVATEAEATEPVEEPPVVEEKKTMTEELYASKAK VAGEGLGAKKEKTVVNEFGSKEAHVVEEDFLVMGTGKTRKRVNKK EVQKLDVNFRAVSTGPRRRDDKRGEGEGRGEGRGDRRRNRDRG	25.678	31	5	21	3	5	278	30.2	9.6	0.61	-0.72	4.56E-04	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN457_c1_g1_i1.p1	MGKFGIGNTSFRKKMASFKDEELARKAEETSAAEAPEVPTADVIV Hypothetical DEVAERVVEEVYADDAAAGDKWKLMTALKKSCCWGGAEESKASF IKM	16.84	37	2	9	2	2	103	11.3	5.68	0.58	-0.79	8.86E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2846_c0_g1_i1.p1	MKYTYLFQSVVPLSCSILLWHTNLVASFPISSLRLPNFSFTVSTKISH Hypothetical RRHSQVNSLKPAAQPLDCKGALARELLIDATSSPKLDIYGGGSAAGA NIRNAGDCIAQAAASCRFKTGAELVCEMREGATCLIEAVDHLKAVNDA QVDGMMLDKKCIENDLMPGKGGCKLEAAGAMITRETVVYIGKLVGA GEDLGLQALGVQKHPDLEERTSGQRMVLYAADKMKKEAGNMLMGVEQQ	14.445	18	3	10	0	3	265	28.4	7.36	0.57	-0.81	1.50E-03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN815_c1_g1_i4.p1	MLSLTRVAVSRITSIAPKAASVGLRSFAGNLDNAKRREEDRYIKSKE Hypothetical HEDYKRAASAGSQPMSAEELAAKRAHDAVDAEAFELSKTGCKVKDET VFALAAWKIKK	9.986	24	2	11	2	2	115	12.5	9.01	0.00	0.00	0.00	0.67	-0.58	6.64E-04	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN2448_c0_g1_i1.p1	MVKISAARCVLIVSNAHVSFSPRSCLRNLGSKNVPVDSRRRTSGANLK Hypothetical MEDPGLFANTGIGFDGLWGTNEVIEVIEGKALNDGLRYLRNRTKEAE VGRGLNLPFTVNLPLIGETYLGPVKEVIEALGATSNSEARQNEKLL AIAKAREAKIGVKGPGAEIRKVDKYGPRVYGLSGGIFYADQLSSDKEP MGGFNMKSGQVWVPEVVKGNVGGTKGWGKKGQTVDLGPKAKD	22.34	25	3	12	3	3	250	26.8	9.66	0.00	0.00	0.00	0.64	-0.65	2.76E-03	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN12081_c0_g2_i1.p1	AEELLGLTLEAKELNDLEEKIGIPAAAVAVAGPAAGDAGGAAEEKDDF 50S ribosomal protein L7/L12 DVILVSGDKKINWKEVRAITGLGLKEKELVEAGGKAVKAAKPAEAEEK KKIFFAAGVDFK	5.491	14	2	12	1	1	118	12	4.73	0.00	0.00	0.00	0.63	-0.67	1.66E-02	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN3041_c0_g1_i7.p2	MYPFLMMQQQSLTKRVTSFADFKAKEYADAVADVAKRPVDVSIYP Hypothetical DAAAALAYEKSDKSLTADFADKAYEADAVADVAKRPVDVSIYPDAAAKLA	8.569	23	2	6	0	2	130	14.4	8.68	0.00	0.00	0.00	0.62	-0.69	1.21E-03	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN482_c1_g1_i3.p2	VFKSNKI TFADFKAKYFAAVADIAKRS N-alpha-acetyltransferase 11 MMLASTALISTSAKAFAPATFGRVQSSSLMAEIDYDFGRNGVYPA AGDGGGGTGTGAVSNDRWYPTGTPVQVYSPGASDNGEENWSEAV STVSLDKAEDTLKAFKAAFKIDAFATSPYGFITKEAAMDVEVSKM GVGAEI FATRNH VTMETI HDHDAKKEEKEKA	48.146	47	5	38	5	5	185	19.5	4.91	0.00	0.00	0.00	0.57	-0.81	2.75E-04	0.00	0.00	0.00	7
TRINITY_DN28618_c0_g1_i1.p1	MAKTPDMTATLKEMMGAFVDSKAMEDAFKTTATLNELSHVALEAAEK Phasin protein STEISAKWTKDLAKLGDMSKAKTEPADYAKAMTDFASAQAEVAENMA AFEAEAKVQMDTVLMLMAAGKDFSEDATAAANKATSATAAAKATAA AK	17.719	26	2	8	1	1	149	15.6	5.4	4.37	2.13	1.21E-03	0.00	0.00	0.00	5.687	2.51	8.82E-04	8
TRINITY_DN13442_c0_g1_i1.p2	MALEGGDONEMGTAVKVLVLDYDYPERAIDQPLMPEIDVFSISGR Elongation factor Tu GTVVTGRVERGLIKTQDEVEIGIRDQKTKCTGVEMFRKLLDEGRAGENI GALLRGTKRDDVERGQVLAVPGSTPHKTFCEVYVLSKEEGGRHPTFFKG YRQPFYRTTDTVGSCELPGEVMPGDNVKMSVTLAPIAMEDGLRFA IDEGGT	10.685	16	2	7	2	2	210	23.1	5.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	1.712	0.78	2.65E-03	9