

博士論文（要約）

窒素施肥が米の成分組成および品質に与える影響の  
分子生物学的解析

東京大学大学院農学生命科学研究科

応用生命化学専攻

平成 26 年度 博士課程入学

日清食品寄付講座 味覚サイエンス研究室

緑川 景子

指導教員

東京大学大学院特任教授

朝倉 富子

# 目次

主要略語一覧	3
<b>第1章 序論</b>	<b>5</b>
はじめに	6
1.1 植物の C/N バランス調節機構	7
1.2 細胞内の炭素源・窒素源の分配制御	7
1.3 C/N シグナル伝達機構	8
1.4 糖・窒素シグナルセンサー	9
1.5 コメの品質と窒素施肥	10
1.6 本研究の目的	15
図表 (第1章)	17
<b>第2章 登熟期窒素追肥による遺伝子発現と種子成分変化</b>	<b>25</b>
2.1 緒論	26
2.2 材料と方法	27
2.3 結果	32
2.4 考察	36
図表 (第2章)	40
<b>第3章 窒素シグナル応答因子の探索</b>	<b>53</b>
3.1 緒論	54
3.2 材料と方法	56
3.3 結果	65

3.4 考察-----	67
図表 (第3章) -----	68
<hr/>	
第4章 イネ種子の胚乳細胞壁形成に関わる新規分子の機能解析	83
<hr/>	
4.1 緒論-----	84
4.2 材料と方法-----	85
4.3 結果-----	94
4.4 考察-----	98
図表 (第4章) -----	101
<hr/>	
第5章 まとめと今後の展望	111
<hr/>	
参考文献-----	115
Supplemental Table S1	
Supplemental Table S2	

## 主要略語一覽

<b>2-OG</b>	2-oxoglutaric acid
<b>ABA</b>	abscisic acid
<b>AGPase</b>	ADP-glucose pyrophosphorylase
<b>BC1L6</b>	brittle culm1-like6
<b>BE</b>	branched enzyme
<b>BK2</b>	brittle stalk 2
<b>CBM</b>	carbohydrate-binding module
<b>CesA</b>	cellulose synthase catalytic subunit-A
<b>CHPS</b>	3-((3-Cholamidopropyl)dimethylammonium)-1-propanesulfonate
<b>CK</b>	cytokinin
<b>CMC</b>	carboxymethyl cellulose
<b>DAF</b>	day after flowering
<b>DBE</b>	starch debranching enzyme
<b>DEGs</b>	differentially expressed genes
<b>DEPC</b>	diethylpyrocarbonate
<b>DIG</b>	digoxigenin
<b>DMSO</b>	dimethyl sulfoxide
<b>DTT</b>	dithiothreitol
<b>EDTA</b>	ethylenediaminetetraacetic acid
<b>ER</b>	endoplasmic reticulum
<b>F6P</b>	fructose-6-phosphate
<b>FDR</b>	false discovery rate
<b>G1P</b>	glucose-1-phosphate
<b>G6P</b>	glucose-6-phosphate
<b>GBSS</b>	granule-bound starch synthase
<b>GC-MS</b>	gas chromatography-mass spectrometry
<b>GFP</b>	green fluorescent protein
<b>GO</b>	Gene Ontology
<b>GPI</b>	glycosylphosphatidylinositol
<b>GS</b>	glutamine synthetase
<b>GST</b>	glutathione S-transferase
<b>HRP</b>	horseradish peroxidase
<b>H XK</b>	hexokinase

<b>INV</b>	invertase
<b>ITC</b>	isothermal titration calorimetry
<b>MSTFA</b>	N-methyl-N-(trimethylsilyl) trifluoroacetamide
<b>NIR</b>	nitrite reductase
<b>NRT</b>	nitrate transporter
<b>PB</b>	protein body
<b>PCA</b>	principal component analysis
<b>PFA</b>	paraformaldehyde
<b>RFP</b>	red fluorescent protein
<b>RubisCO</b>	ribulose 1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase
<b>RUBQ2</b>	rice ubiquitin 2
<b>SDS</b>	sodium dodecyl sulfate
<b>SDS-PAGE</b>	SDS-polyacrylamide gel electrophoresis
<b>SNF1</b>	sucrose non-fermenting 1
<b>SnRK1</b>	SNF1-related protein kinase 1
<b>SS</b>	starch synthase
<b>SSC</b>	standard saline citrate
<b>SUS</b>	sucrose synthase
<b>T6P</b>	trehalose-6-phosphate
<b>TPP</b>	trehalose-6-phosphate phosphatase
<b>TPS</b>	trehalose-6-phosphate synthase
<b>UDP-Glc</b>	UDP-glucose
<b><math>\alpha</math> AMY</b>	$\alpha$ -amylase
<b><math>\beta</math> AMY</b>	$\beta$ -amylase

## 第 1 章

### 序論

## はじめに

我が国の主要作物である米は、昨今の日本食ブームもあり、世界的にもますますその重要性を増している。日本の稲作の技術水準は、長年の品種改良と栽培法、農業機械、防除技術の発達などにより、世界的にみてもかなりの高水準にあるといえるが、近年の温暖化の影響により、「収量」「外観品質」「食味」の三点を全て満たした品質を安定的に得るには、さらなる技術の革新が必要となっている。また、TPPなどの自由貿易体制が推進されていく中で、国際価格競争力の強化が求められており、国土に限りがある日本の作付面積では、普通に生産しているだけでは到底太刀打ち出来なくなってしまう。そういった意味では日本の稲作技術は未だ多くの課題を残しているといえる。

収量を増加させる方法として最も一般的な手法は、幼穂形成時期以降に行われる追肥といわれる窒素施肥である。しかし、追肥はコメの収量を増大させる一方で、タンパク質含有量を高め食味等の品質を低下させることが分かってきたため、現在では推奨されていない。食味低下の原因としては、プロラミン等の貯蔵タンパク質の増加が指摘されているが、直接的に証明した研究結果はなく、またコメの食味は複数の要素から構成されているため、貯蔵タンパク質の増加だけでは説明できない。

一般に、植物は限られた栄養素を効率よく利用するため、炭素(C)と窒素(N)の代謝調節について個別のシグナリング機構に加えて、細胞内の炭素及び窒素代謝物の相対量比(C/N バランス)を感知し、環境に適応する能力を備えている。追肥による食味低下も、種子内のC/N バランス調節によりもたらされた結果と考えられるが、メカニズムの詳細は分かっていない。特に、最終産物のコメの品質は登熟期の根圏栄養状態によって決定されるが、この時期の材料の継続的供給が難しいことも研究例が少ない原因だといえる。

これまでの窒素肥料の効果は、植物体への吸収同化をターゲットとして植物栄養学や生理学の視点から長く研究されてきた。その一方で、食糧としての種子に対する窒素肥料の効果は、収穫後に構成成分を分析するといった食品科学的な視点からも研究されてきた。しかしこれらの研究では、種子の構成成分の変化がどのようなメカニズムを通してもたらされているか、構成成分の集積をどう制御するかについて、十分な知見を提供できていないのが現状である。また、構成成分のうち分析が困難な微量成分についても、窒素肥料による変動は良く分かっていない。本研究は分子生物学的な手法を用いることで、コメの登熟途上の遺伝子発現変化から収穫種子内の成分変化を予測・紐付けし、コメの生産性と品質の向上を分子レベルで目指すものである。

## 1-1 植物の C/N バランス調節機構

植物を個体レベルで見ると、光合成の場（主に葉）をソース、光合成産物を材料として生長もしくは貯蔵が行われる場（根、子実など）をシンクと捉えられる。ソース器官から輸送される光合成産物は、各シンク器官のシンク強度にしたがって分配されており、植物体中ではソース器官とシンク器官の量的・機能的なバランス関係が適切に調節されている。一般に光合成によって獲得した炭素源は、植物体の窒素栄養状態によって分配先が変更されることが知られている (Foyer et al., 2003; Scheible et al., 1997)。すなわち植物体では、利用可能な炭素 (C) と窒素 (N) の含有量比 (C/N) によって炭素・窒素代謝経路の流れが制御され、その結果として生長・形態形成が左右されることを意味している。

一般に窒素が制限された環境下での植物は、地上部が貧弱となり、地下部のバイオマスが増大する。これは葉で合成された炭素源の分配が劇的に変動した結果である。窒素飢餓状態にさらされた植物では、ソースが獲得した炭素源を自ら利用せず、おもにシンクである根へ移動させる傾向がある。高 C/低 N 状態を回避するため、光合成による糖の合成を制限するとともに、根の伸長・発根を促し、窒素の吸収を高めようとした結果と考えられる。さらに、窒素飢餓状態で根から糖の添加を行なうことで極端な高 C/低 N 状態を生じさせると、内生糖が増大し、RubisCO、クロロフィル含量の低下を引き起こす (Martin et al., 2002; Sato et al., 2009)。これは窒素の欠乏と糖添加により極端な炭素源過剰状態が実現し、これを緩和させる目的で光合成能力を低下させ、余分な炭素源の供給を遮断させたと推察できる。このように植物には環境要因の変化に対応して、炭素獲得器官である光合成葉と窒素獲得器官である根のバイオマスを変更し、適切な生長を行なうシステムが内在している。

## 1-2 細胞内の炭素源・窒素源の分配制御

植物細胞では光合成などによって合成された炭素源は、エネルギー生成、アミノ酸合成、デンプン合成、Sucrose 合成といった幅広い用途に分配される。代表的な炭素源である Glucose の分配経路を簡単に示す (Fig.1-1)。Glucose は Hexokinase (HXK) などによって、Glucose-6-phosphate (G6P) に変換され、解糖系・TCA 回路を経て ATP などのエネルギー生産に利用される (経路 1)。この経路を基本として、栄養状態の変化に応じて、TCA 回路の代謝産物である 2-Oxoglutaric acid (2-OG) がアミノ基の受容体としてアミノ酸合成へ利用される経路や (経路 2)、ADP-Glucose を経てデンプン合成に利用されたり、化学的



に安定な Sucrose として一時的な貯蔵糖になり、液胞に貯蔵される経路（経路3）へ傾く。なお、Sucrose は篩管液で運ばれる移動糖として器官間分配の役割も担う。分配先を決定する要因には、細胞内の糖濃度だけでなく利用可能な窒素の有無が影響する。窒素は地下部の根においてアンモニアまたは硝酸として吸収される。TCA 回路の中間体である 2-OG とアンモニウムは、葉緑体のグルタミン-グルタミン酸サイクル (GS-GOGAT サイクル) に利用され、2-OG を炭素骨格としてアミド基を転移させることで最終的にグルタミン酸が合成される。とくに 2-OG はエネルギー産生とアミノ酸の生成の分岐点に位置し、アミノ酸合成時における炭素骨格として働くことから、C/N バランス制御の中心的役割を担うと想定される。

### 1-3 C/N バランス制御分子

C/N バランスを制御する分子はすでにいくつかの報告がある。大腸菌では 2-OG に結合する PII タンパク質が C/N バランスのセンサーとして機能することが報告されている (Arcondéguy et al., 2001; Forchhammer, 2004)。また、GS-GOGAT サイクルで働く葉緑体型グルタミン合成酵素 (GS) である *GS2* の遺伝子発現は、培地中の窒素濃度に加えて、糖濃度や光照射条件によっても変化し、C/N による転写制御を受けることも知られている (Oliveira 1999)。また、逆に炭素骨格の貯蔵先となるデンプン合成の律速酵素である *ADP-glucosepyrophosphorylase (AGPase)* 遺伝子の発現は、高 C/低 N 条件下で促進され、細胞内 C/N を維持するようなバランス機構が働く (Scheible et al., 1997)。一方、無機窒素同化の初発反応を担う硝酸還元酵素の活性は、光合成が行われない暗条件ではリン酸化修飾とそれに伴う 14-3-3 タンパク質の結合により不活性化するという翻訳後修飾による活性制御も知られている (Lillo et al., 2004; Roberts, 2003)。さらに C/N による代謝制御は、酵素の遺伝子発現量や活性の調節だけではなく、植物の形態形成にも影響を与える。高 C/低 N 条件は根の側根形成を抑制し、これには硝酸トランスポーター *NRT2.1* が関与することが報告されている (Vidal and Gutiérrez, 2008)。また、地上部での光合成で得られた Sucrose は植物体内での長距離シグナルとなり、窒素も含めた無機栄養素の吸収器官である根の形態形成に影響を与える (Kircher and Schopfer, 2012)。以上のように、炭素同化と窒素同化系が相互に制御し合うことで、両代謝系の調和が巧妙に図られていることがわかる。

#### 1-4 糖・窒素シグナルセンサー

糖および窒素シグナルセンサーとして C/N バランスを制御する分子も存在する。糖シグナルに関しては Glucose や Fructose をリン酸化する Hexokinase がグルコースセンサーとして報告されており (Jang, 1997) (Jang 1997), その後の研究で ABA やエチレンといった植物ホルモンも含めた複数のシグナル伝達経路が統合的に関与することが明らかとなっている (Granot et al., 2014; Sheen, 2014; Moore et al., 2003; Cho et al., 2009; Karve et al., 2010; Nilsson et al., 2011; Karve et al., 2012; Kim et al., 2013)。HXK は植物以外の生物でも糖センサーとして働くことが知られており, 酵母では HXKII が Glucose 存在下で sucrose non-fermenting 1 (SNF1) の機能を抑制することが報告されている。SNF1 は哺乳類の AMP キナーゼ (5'AMP-activated protein kinase; AMPK) のオーソログであり, 細胞内のエネルギーセンサーとして機能するセリン/スレオニンキナーゼである。また, (SNF1)-related protein kinase (SnRK1) キナーゼも植物における AMPK/SNF1 のオーソログであり, エネルギーおよびストレスに対する広範なセンサーとして機能していることが明らかとなっている (Halford and Grahame Hardie, 1998; Hardie et al., 1998; Ghillebert et al., 2011; Tomé et al., 2014; Broeckx et al., 2016)。また, 植物では SnRK1 に対し, Trehalose-6-phosphate (T6P) が拮抗的に働いていることが報告されている (Schluepmann et al., 2012)。T6P は G6P および UDP-Glu から Trehalose が生合成される過程で産生される中間代謝物である。近年では細胞内の T6P が糖のシグナルセンサーとなり, デンプン量や Sucrose 量を調節している可能性も考えられている (Lunn et al., 2014; Yadav et al., 2014; Figueroa and Lunn, 2016)。

窒素のシグナル伝達に関しては, 植物ホルモンのサイトカイニンを中心としたシグナル伝達系がいくつか報告されている (Sakakibara, 2006)。また, シロイヌナズナでは硝酸トランスporter-CHL1/NRT1.1 が硝酸センサーとして機能することが報告された (Ho et al., 2009)。さらに亜硝酸還元酵素をコードする *NIR* 遺伝子のシスエレメント解析から, 硝酸誘導性の早期遺伝子発現制御に関わる転写因子である NLP (NIN-LIKE 転写因子) が同定されている (Konishi et al., 2013)。

## 1-5 コメの品質と窒素施肥

### 1-5-1 イネ種子の胚乳形成機構

イネの受精と開花はほぼ同時期に行われることから、受精後の日数を開花後日数 (Day after flowering: DAF) として表し、種子登熟過程の時間軸にすることが一般的である。イネの登熟過程を貯蔵物質の蓄積過程とともに Fig. 1-2 に示す。受粉後の子房は 7 DAF までに縦方向の伸長が完了し、その後貯蔵物質の蓄積に伴い、横方向へ肥大化する。20DAF 以降は脱水が進み、30DAF では完熟種子となる。一方、子房内部、すなわち胚乳組織での細胞について、2 DAF から 3 DAF にかけて胚嚢内では胚乳核が核分裂を繰り返して急速に増殖する。増殖した胚乳核は周囲に多くの原形質を伴い、隣接する核の周囲にある原形質と連絡し、全体として多核体の形態を示す。その後、胚乳核は胚嚢の表層に整列し、表層部を形成する。3 DAF の後半から胚の近傍で細胞壁形成が始まる。胚乳の表層部の核は並層分裂を一斉に行い、2 層になった直後に細胞壁を形成し始める。4 DAF 以降胚乳は全て細胞組織に変わり、表層部から中心部へと細胞分裂が求心的に行われ増殖する。5 DAF には胚嚢内は胚乳細胞によって埋め尽くされる。その後も細胞分裂は表層よりやや内側の組織で行われるが、7 DAF には胚乳細胞はほぼ完成する。この胚乳組織の発生・分化の過程で、胚乳組織として貯蔵物質を蓄積する準備が整うことになる。種子の貯蔵物質とは、発芽の初期生育に必須な炭素、窒素、ミネラルである (Shewry and Halford, 2002)。5 DAF 以降の種子形成過程のデンプン性胚乳では、デンプンとタンパク質を活発に合成し、それぞれデンプン粒 (Starch granule) とプロテインボディ (Protein body: PB) と呼ばれる貯蔵オルガネラに蓄積する。一方、デンプン性胚乳を取り囲むアリーロン層 (糊粉層) では、脂質、フィチン酸の合成が進み、それぞれオイルボディ (Oil body) やアリーロン顆粒と呼ばれるオルガネラに蓄積する (田中, 稲学大成・第二巻, 1990, Fig. 1-3)。

貯蔵物質が合成・蓄積されたあと、20DAF 以降に胚乳組織は中心部から外周部へと脱水が進む。デンプン性胚乳組織に存在していたミネラル成分がアリーロン層に含まれるフィチン酸 (アリーロン顆粒) に取り込まれる。この脱水過程によりデンプン性胚乳は細胞死を起こして死滅するが、アリーロン層は発芽まで休眠状態に入る。デンプン性胚乳中のデンプンはデンプン粒として、タンパク質はプロテインボディとして隔離されること、さらに脱水に伴う水分含量が低下することで、貯蔵中の分解を防いでいると考えられる。また、アリーロン層には、脂質やミネラルが貯蔵され、発芽の際に胚乳貯蔵物質を分解・利用するための分解酵素 (アミラーゼやプロテアーゼなど) を生成する場としての準備が

整う。発芽期においては、吸水・加温により休眠から目覚めて活動を再開した胚やアリュ  
ーロン層において、ジベレリン合成、ジベレリンシグナル伝達によるアミラーゼやプロテ  
アーゼが合成・分泌され、胚盤やアリューロン層に隣接する胚乳部位の貯蔵デンプンや貯  
蔵タンパク質を分解し、次代の幼植物の炭素源、窒素源として利用される。

### 1-5-2 窒素肥料と追肥の効果

窒素は植物が根から吸収する無機養分のうち最も要求量が多い元素である。根から吸収  
された無機体窒素は同化された後にアミノ酸やタンパク質、核酸、クロロフィルなど様々  
な生体物質の生合成に利用される (Fig. 1-4)。植物は硝酸イオンとアンモニウムイオンのい  
ずれも吸収して同化することができるが、好氣的条件下ではアンモニウムイオンは硝酸イ  
オンに容易に酸化されるので、多くの植物種で硝酸イオンが主たる窒素源となる。一方で、  
水田で生育するイネの場合は、水田土壌が還元状態にあるため、アンモニウムイオンを主  
な窒素源としている。根から吸収された硝酸イオンは亜硝酸イオンを経てアンモニウムイ  
オンに還元され、根から直接吸収されたアンモニウムイオンと共に、プラスチドで有機態  
窒素へと変換される (Crawford, 1995)。亜硝酸イオンとアンモニウムイオンは植物にとっ  
て毒性が強いため、低濃度に保たれており、余剰無機態窒素は硝酸イオンとして液胞に蓄  
積される。篩管を介して穂へ転流される窒素、並びに導管を介して輸送される窒素の主な  
形態はグルタミンやアスパラギンであり (Hayashi and Chino, 1990; Fukumorita and Chino,  
1982)、穂ではこれらのアミノ酸を利用して貯蔵タンパク質を合成し、胚乳に蓄積する。イ  
ネの胚乳中ではデンプンとタンパク質が活発に合成され、それぞれオルガネラに蓄積され  
る。登熟は、葉身で同化された光合成産物や先に葉鞘などに蓄えられた炭水化物、葉身を  
始めとする既存器官の老化に伴うタンパク質や核酸の分解産物などが種子へと転流して進  
行する。通常、成熟期 (収穫期) に籾に蓄積される乾物 (炭素) の 7-9 割は出穂期以降の  
光合成産物に由来する (Yoshida, 1981)。一方で、イネの穂を構成する窒素の半分以上は、  
下位葉などの老化組織からの転流に由来しており、残りが根から吸収された窒素に由来す  
ることが、重窒素を用いた研究より明らかにされてきた (Mae and Ohira, 1981)。

イネの栽培においては、開花後の追肥がコメのタンパク質含有量を増加させることから、  
これが食味低下の原因として疑われている。様々な総説でまとめられているように  
(Ohtsubo et al., 1993; Okadome, 2005; Zhou et al., 2002) タンパク質含有量が増加するほど  
パサパサとした食感になって味が悪くなる、色調や吸水性が低下して糊化・膨化が抑制さ  
れる、といった負の相関性が報告されている。しかし、これらの食味低下の要因は複合的

な要素となっており、窒素追肥によってどのようなメカニズムで引き起こされているのかは明らかになっていない。

### 1-5-3 コメの成分と食味への影響

おいしいコメは、炊飯米の外観が白く、光沢があり、粘りが強く、柔らかいとされる。コメのおいしさは、粘りや硬さといった、物理的な美味しさと、味や香りといった化学的な美味しさで評価され、その中でも物理的な要素の影響が大きいとされている。食味官能評価の項目では「外観」「香り」「味」「粘り」「硬さ」「総合」の6つで評価されており、これらとタンパク質含有率、アミロース含有率、千粒重、水分量、味度との相関がとられている。コメの成分とそれらが食味に与える影響について以下に述べる。

#### (1) 貯蔵タンパク質

「味」「粘り」「硬さ」における官能評価ではタンパク質含有率が高くなるほど味が劣り、粘りが弱く、固くなるという負の相関が得られている。コメにはタンパク質が6-8%含まれ、その溶解性に基づいて主にグルテリン、プロラミン、グロブリンに分類される (Fig. 1-5A)。イネの貯蔵タンパク質の場合、グルテリンが80%程度を占めており、プロラミンが主成分であるトウモロコシ、小麦、大麦などとは大きく異なる。

デンプン性胚乳中の主要な貯蔵タンパク質であるグルテリンは、5 DAF 頃から急速に合成が始まる (Fig. 1-2)。一方、プロラミンの合成は5 DAF から10DAFの間には徐々に増加し、10DAF以降になり急速に増加する。その結果、グルテリンは米粒内の中心部から外周部まで広く存在するのに対し、プロラミンは中心部では少なく、外周部に近いほど多くなる (Furukawa et al., 2003)。また、これらの貯蔵タンパク質は細胞内に存在する2種類のタンパク質顆粒に正確に振り分けられることが分かっており (Yamagata et al., 1982)、プロラミンはI型タンパク質顆粒 (PB-I) に、グルテリンはII型タンパク質顆粒 (PB-II) にそれぞれ別々に集積する。

プロラミンは、分子サイズ (10 kDa, 13 kDa, 16 kDa) の異なる多数のプロラミン分子種の総称であり、粗面小胞体 (rER) 上でプロラミン前駆体として翻訳され、ER 内腔に取り込まれる際にシグナル配列が除去され、成熟プロラミンとなり PB-I を形成する (Fig. 1-5B)。PB-I はオスミウム染色では年輪状の構造を示すことから、分子種ごとに発現時期が異なる可能性が考えられる (Ohdaira and Masumura, 2011)。また、PB-I は米粒の外周部に多く分布しており (Saito et al., 2008)、その疎水的性質から炊飯米の粘りを低下させる原因になる

と指摘されている。即ち、コメの表層にプロラミンが集積すると、炊飯時の吸水性が低下し、粘りが出にくくなり、硬さも増すためパサパサとした食感になるものと予想される。

## (2) 貯蔵デンプン

コメのデンプンは、アミロースとアミロペクチンに大別される。もち米はアミロペクチンが100%に対し、うるち米ではアミロースが16-20%、アミロペクチンが80-84%程度である (Fig. 1-6)。日本人に最も好まれるコメは、アミロース含量が17%前後のコメであり、コシヒカリに含まれるアミロースが15-17%であることは、コシヒカリが広く好まれる理由の一つと考えられる。アミロースは平均1000個の $\alpha$ -グルコースが $\alpha$ -1,4結合によって直鎖状に連結した分子であり、外側に親水基である水酸基(-OH)を持つが、常温では隣接するアミロースの水酸基との水素結合で絡み合い、熱水下でないと溶けない。一方で、アミロペクチンは、 $\alpha$ -1,4結合によって直鎖状に並んだグルコース20個ほどの側鎖が、 $\alpha$ -1,6結合によって枝分かれした分子である。側鎖の隙間に水分子が入って糊化し、炊飯時に粘りが強くなる特性を持つ。

アミロペクチンの側鎖の長さによって炊飯時のデンプン特性が変わることも分かっている。インディカ米では側鎖の鎖長が長いため、らせん構造が絡み合っ水分子が入りにくくなり、炊飯米の粘りが低下する。冷めた後も水分が抜けやすく、硬くなりやすい、つまり老化しやすい品種といえる。遺伝的要因以外でも、登熟期にイネが高温に曝されると、アミロペクチンの鎖長が長くなることが報告されており、このために炊飯米が老化しやすくなり、硬くなりやすくなる (Asaoka et al., 1989; Umamoto et al., 1999; Zakaria et al., 2002)。

貯蔵物質の中ではデンプンの蓄積の開始が最も早く、4 DAF から、胚乳組織の最も中心部の細胞において蓄積が始まる (Fig. 1-7)。そして、胚乳形成の進行に伴い、デンプンの蓄積は中心部から外周部へと順次移動していく。デンプンはアミロプラストと呼ばれる色素体が貯蔵オルガネラに形態変化した、特殊な顆粒に蓄積されるが、デンプンの原料であるスクロースはそのままの形では取り込まれない。胚乳デンプン合成のための炭素源である Sucrose は、葉などの光合成器官による炭素同化の結果として葉緑体に蓄えられた同化デンプンに由来する。この同化デンプンは光合成器官 (ソース器官) の細胞質において Sucrose へと変換され、篩部組織を転流して種子などのシンク器官に輸送される。玄米には背側に一本の維管束があり、登熟初期では sucrose は胚乳を包む珠心表皮を經由して、胚乳内の中心部に向かって流入し、デンプンの蓄積は背側よりも腹側の方から先に蓄積していく。デ

ンプンの合成・蓄積が進んで乳熟期に達すると、Sucrose は背部維管束から直接胚乳へ入る経路が多くなり始め、登熟期以降は背部からの流入に限定されることが観察されている。また、玄米の基部では頂端部よりも遅くデンプンが蓄積する。

転流物質の sucrose は、細胞壁内で Invertase (INV) によって加水分解され、Glucose と Fructose に分解された後に細胞質に輸送されるルートと、スクロースのまま細胞壁を通過して細胞質に供給されるルートがある。Fig. 1-8 に種子におけるデンプン合成代謝図を示す。前者は HXK で G6P 及び F6P に変換され、F6P はさらにその後、G6P に変換された後、phosphoglucomutase で Glucose-1-phosphate(G1P)になる。後者は Sucrose synthase (SUS) で代謝された後、UDP-glucose は UDP-glucose pyrophosphorylase によって G1P に、F6P は G6P を経て、G1P に変換される。両方のルートでできた G1P は AGPase によって ADP-glucose (デンプン合成におけるグルコース供与体) になる。一般的にはこの酵素がデンプン合成を律速すると考えられている(Lin et al., 1988; Müller-Röber et al., 1992)。ADP-glucose を基質とするデンプン合成は 3 種類の酵素によって触媒され、starch synthase (SS)、デンプン枝作り酵素 (branched enzyme: BE) 及びデンプン枝切り酵素 (starch debranching enzyme: DBE) が関与する。SS にはアミロペクチン合成に関わる可溶性の SS とアミロース合成に関わるデンプン粒に結合性の GBSS とがある。アミロースは GBSS によってプライマーの  $\alpha$ -1,4 鎖が伸長されて合成される。アミロペクチンは SS によって  $\alpha$ -1,4 鎖が伸長され、BE によって  $\alpha$ -1,6 結合が形成された後、DBE によって  $\alpha$ -1,6 結合が適度に加水分解されることによって合成される(Nakamura, 2002; Ball and Morell, 2003)。コメのデンプン粒は、登熟過程が進むにつれて複粒化し、大型化した複粒デンプンとして形成がすすむことが分かっている。

### (3) 細胞壁

種子内の各組織における細胞壁の機能は、形態形成、登熟過程での糖やアミノ酸などの転流経路、細胞・組織の保護、多糖類の貯蔵、種子休眠、発芽時の酵素タンパク質や加水分解産物の選択的透過など多様である(Roberts, 1990; Albersheim et al., 1994; McCann and Roberts, 1994)。食品科学の観点から考えると、胚乳細胞壁はコメの割れやすさや吸水性、細胞構造の維持による食感など、品質に大きく関わっている可能性がある。例えば、細胞壁分解酵素で処理したコメは米粉に加工しやすくなる。また、細胞壁を部分分解することで米飯が柔らかくなり、粘りが増す。一方で、細胞周辺にある貯蔵タンパク質とともに糊

化したデンプンを必要以上に膨張させない役割があり、米飯独特の食感を維持しているともされる (Shibuya and Iwasaki, 1984; Matsuyama, 1975; Kuwada and Teramoto, 2011)。

日本では、低アミロース、低タンパク質のコメの食味が好まれる傾向にあるが、アミロースとタンパク質のみでは説明がつかない例として、“低アミロース、低タンパク質のインド型米”の低食味性があげられる。渋谷らによると、これらの低アミロースのインド型米や良食味品種育成以前の低食味北海道米、酒米の一部には細胞壁にグルコマンナンを多く含むものがあるとのことであり (Shibuya and Iwasaki, 1984; Shibuya, 1985)、これらのコメの食味が好まれない原因は、細胞壁の特性に起因する可能性が考えられている。コメの細胞壁は成分含量としては少ないが、組織構造を維持するという点では重要な存在であるといえる。コメの場合、ペクチン性多糖を抽出した後に希アルカリ溶液で溶出されるヘミセルロース画分は細胞壁多糖の半分以上にも及ぶ主要画分であり、アラビノキシランが主成分である (渋谷, 1990)。コメが粒形を保ちながら均一に炊飯されるのは、細胞膜による組織構造を有しているからであるという報告やキシラナーゼ処理によるコメの胚乳細胞壁の部分分解が、米飯物性の軟化と膨張容積の増加を引き起こすという報告がある (Shibuya and Iwasaki, 1984)。

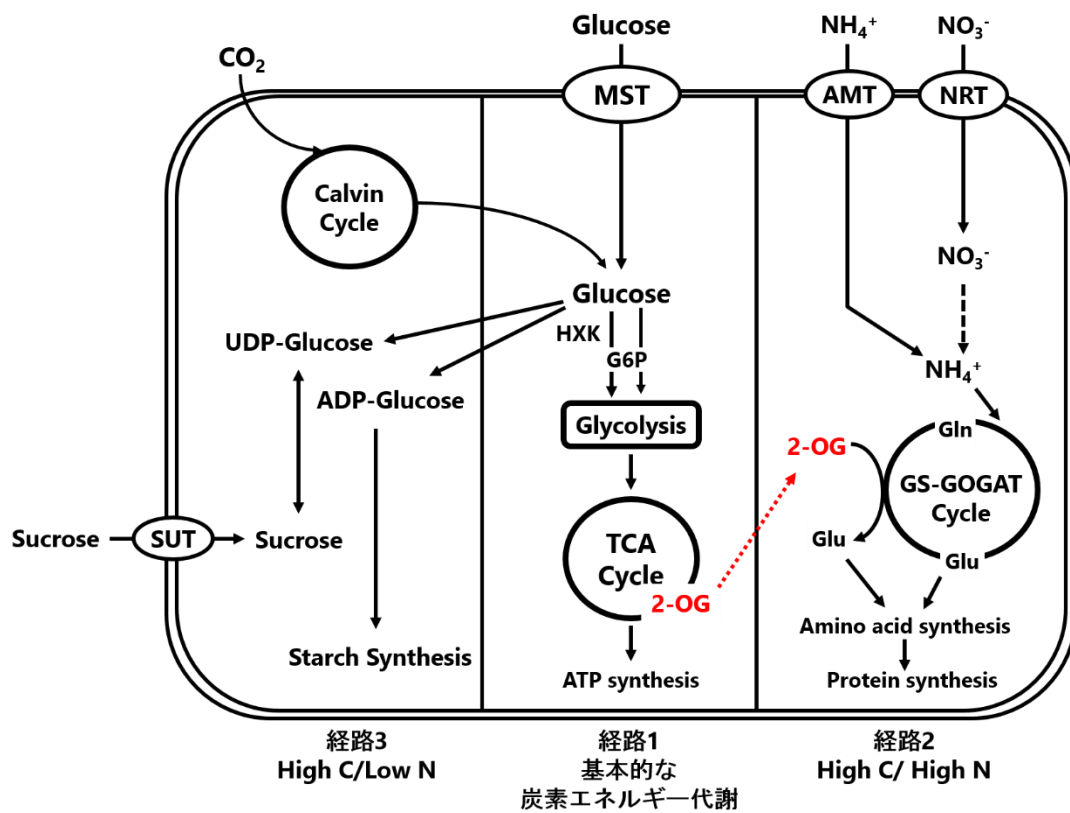
## 1-6 本研究の目的

出穂期になると植物体の大きさ、穂数、籾数が確定する。従って、この時期に追加される窒素肥料は、種子への成分蓄積へと使われる。根圏に与えられた窒素源が主に種子形成へ大きく影響を与えることが予測されることから、種子内の代謝変化や、貯蔵物質量の蓄積メカニズムを解明することが可能になると考えた。そしてこれらのメカニズムを解明することは、コメの集積物質、すなわち品質に影響を与える因子の解明にもつながる。

まず、第2章では登熟期の窒素追肥によって引き起こされる現象を俯瞰的に捉えることを目的とし、イネ登熟種子における DNA マイクロアレイによる網羅的遺伝子発現解析を行い、遺伝子発現から種子中の代謝変動を解析した。第3章では、第2章で窒素追肥によって変動した遺伝子発現に関与する代謝産物を明らかにするため、開花後10日目の登熟種子における主要代謝産物を GC-MS により測定した。そこで絞り込んだ候補分子に関連する遺伝子について、イネ胚盤由来カルスを用いた栄養環境応答解析を行なった。第4章では窒素追肥時の DNA マイクロアレイ解析によって抽出された遺伝子のうち、主に胚乳で細胞壁合成に関与していると予想される分子の一つとして BC1L6 (Brittle Culm1-Like6) に着目



した。細胞壁はコメの割れやすさや吸水性，細胞構造の維持による食感など，品質に大きく関わっている可能性が考えられる。そこで *BCIL6* 遺伝子発現変異株を作製し，解析を行った。

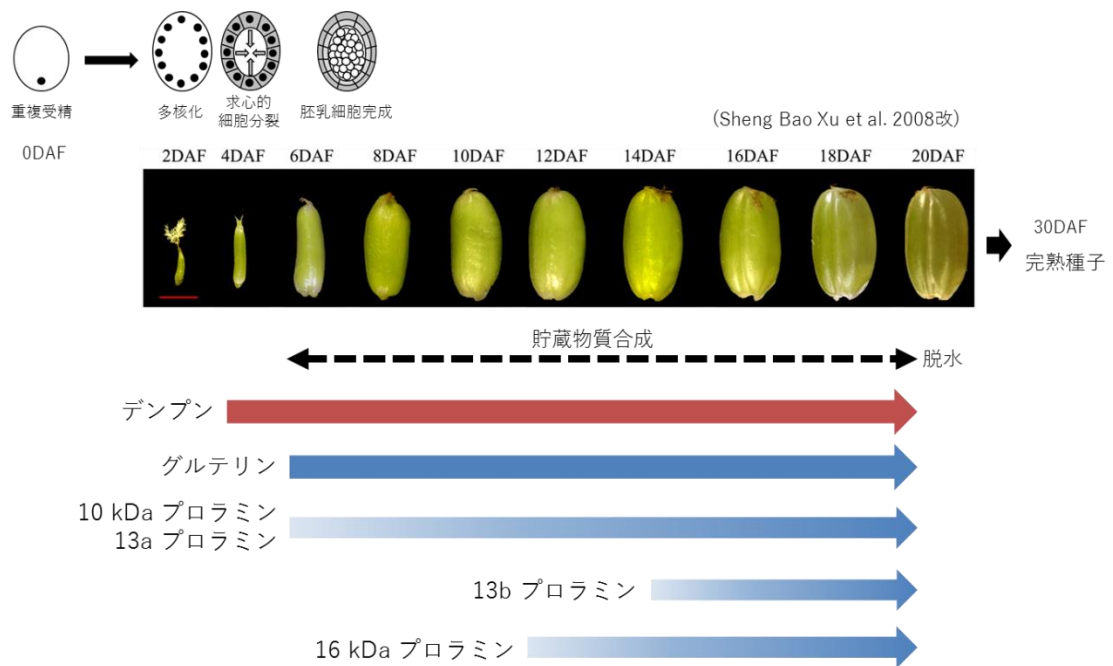


(山口 2003 より改変)

Figure 1-1 植物細胞における炭素源分配とアミノ酸合成

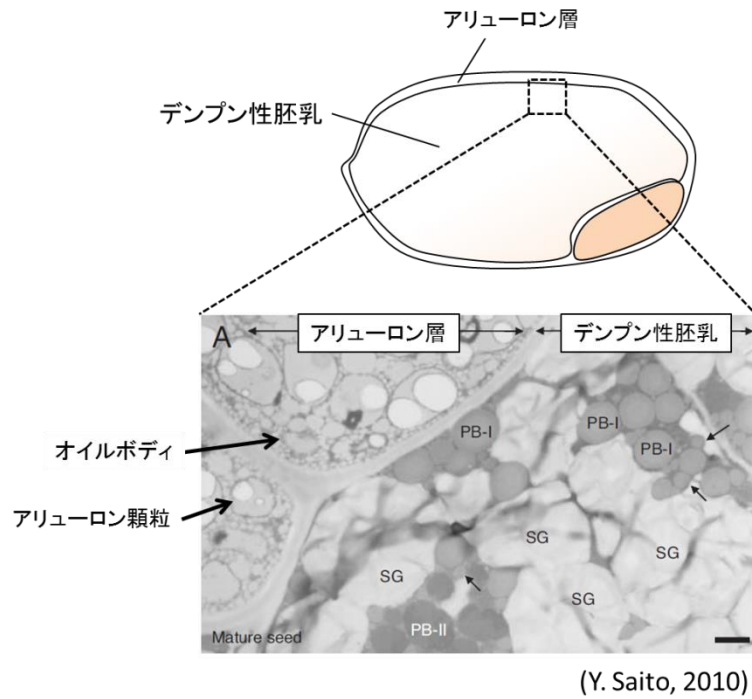
Glucose を炭素源とした場合の炭素源分配を示した。基本的な炭素エネルギー代謝を経路 1 とし、高炭素源及び窒素源の場合は TCA 回路内の代謝産物である 2-OG がアミノ基受容体となり、炭素骨格としてアミノ酸合成に利用される (経路 2)。一方で、高炭素源及び低窒素状態にあるとき、Glucose はデンプン合成や、Sucrose などの貯蔵形態となり蓄積される (経路 3)。

MST: monosaccharide transporter, NRT: nitrate transporter, AMT: ammonium transporter, HXK: hexokinase



**Figure 1-2 イネ種子の登熟過程**

イネ種子の登熟過程と貯蔵物質の貯蔵過程を示した。0-7DAF の各ステージは、胚乳組織の発生、分化過程の模式図として示した。デンプン合成は開花後4日目（4 DAF）ですでに始まっており、貯蔵タンパク質であるグルテリンは、5 DAF 頃から急速に合成が始まる。一方、プロラミンの合成は5 DAF から10DAFの間には徐々に増加し、10DAF以降になり急速に増加する。13 b プロラミン、16kDa プロラミンは登熟後期にかけて増加する。  
 (DAF: 開花後日数)



**Figure 1-3 完熟種子の胚乳組織に局在するオルガネラ**

胚乳組織は、デンプン性胚乳組織とその周囲を取り巻くアリュールン組織によって構成されている。画像は点線部分で示した箇所の透過型電子顕微鏡観察画像である。アリュールン層に局在する細胞小器官にはオイルボディ、アリュールン顆粒がある。デンプン性胚乳には PB-I, PB-II, デンプン粒が局在する。PB: Protein Body, SG: Starch Granule

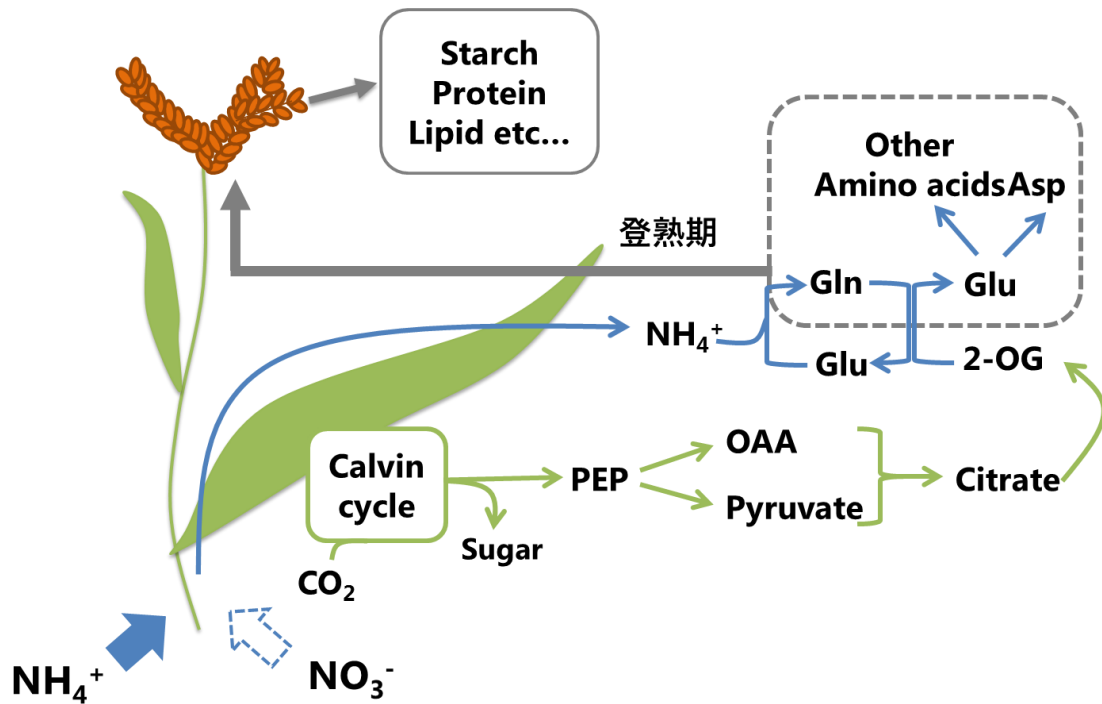
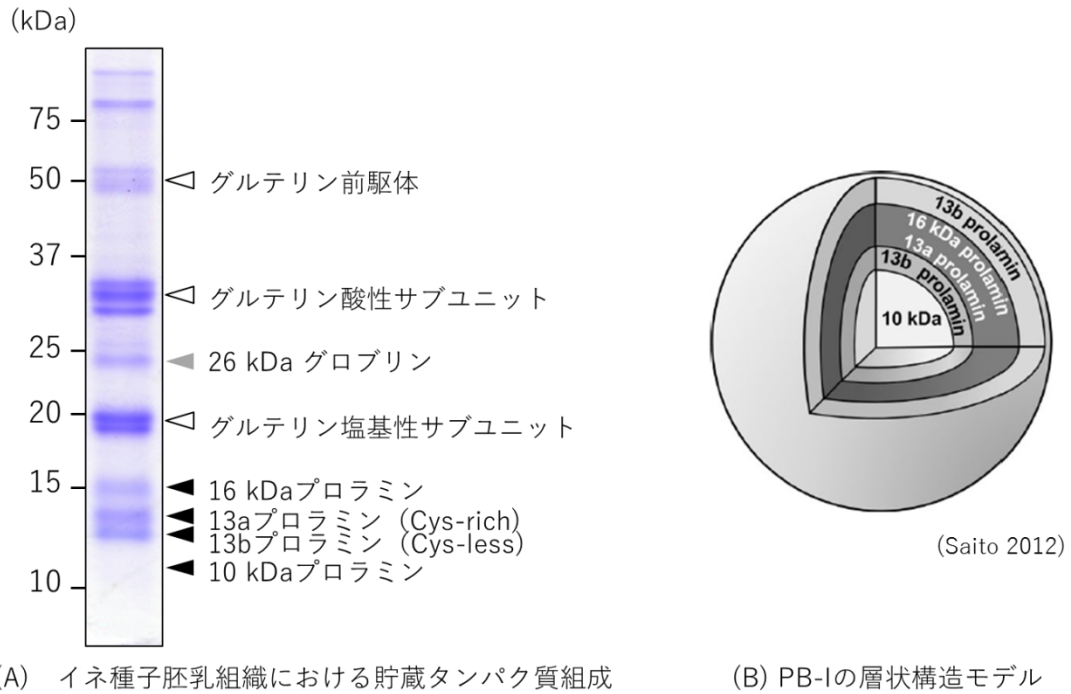


Figure 1-4 植物体の窒素応答

植物における窒素応答を模式的に示した。植物は窒素源として土壌中に含まれるアンモニウムイオンや硝酸イオンを利用する。根から吸収された無機態窒素は葉でグルタミン酸に変換され、炭素固定によって合成されたクエン酸を利用して種々のアミノ酸やその他窒素含有化合物へと変換される。登熟期になると主にグルタミンやアスパラギンなどを中心としたアミノ酸や糖が師管液によって種子へと輸送され、でんぷんやタンパク質、脂質などに変換されて貯蔵される。PEP: phosphoenolpyruvic acid, OAA: oxaloacetic acid, 2-OG: 2-oxoglutaric acid



**Figure 1-5 イネ種子の貯蔵タンパク質**

(A)イネ種子貯蔵タンパク質を SDS-PAGE により分画した。(B) 免疫蛍光法により明らかになったプロラミンの分布。中心部から 10 kDa プロラミン, 13b-1 プロラミン, 13a プロラミンおよび 16 kDa プロラミン, 最外層に 13-b プロラミンが位置して層状構造をとっている。

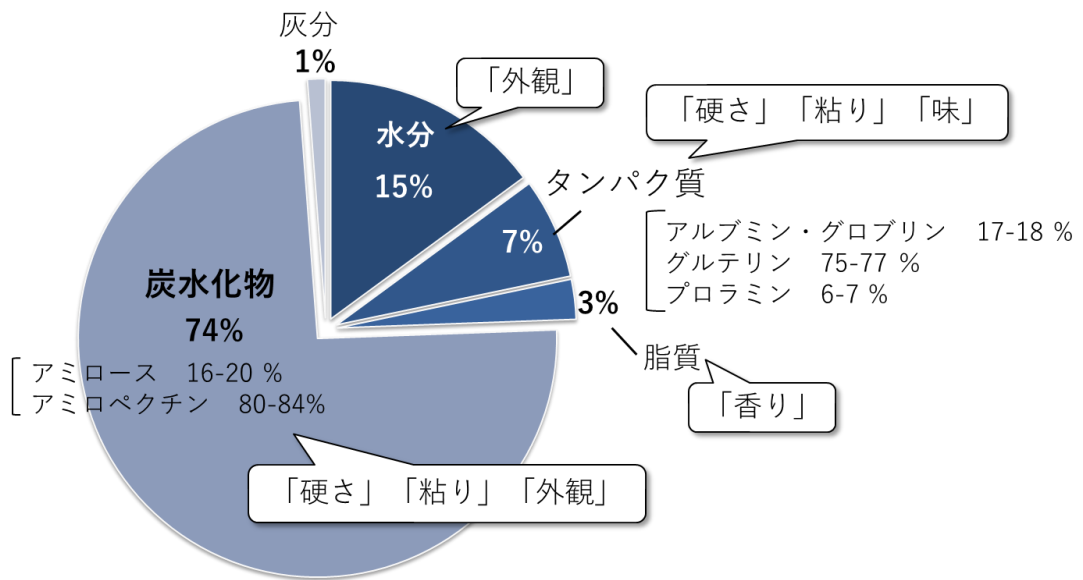
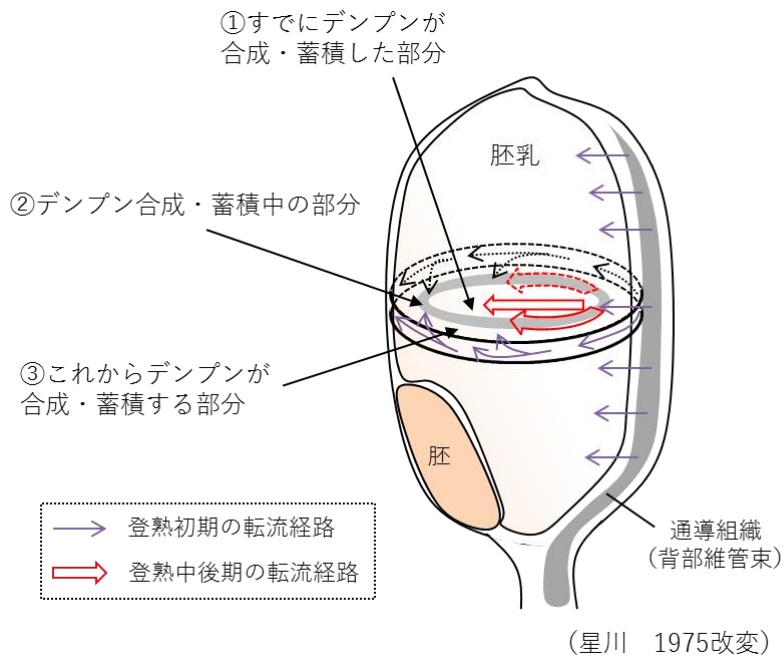


Figure 1-6 コメの成分組成と食味に与える影響

玄米 100 g あたりに含まれる食品成分, 及びそれらが与える食味の官能評価項目を示した。各値は食品データベース (<http://fooddb.mext.go.jp/index.pl>, 文部科学省) に基づく。



**Figure 1-7 光合成産物の胚乳内への転流経路とデンプン合成順序**

登熟初期では Sucrose は胚乳を包む珠心表皮を經由して、胚乳内の中心部に向かって流入する。デンプンの蓄積は背側よりも腹側の方から先に蓄積していく。デンプンの合成・蓄積が進んで乳熟期に達すると、Sucrose は背部維管束から直接胚乳へ入る経路が多くなり始め、糊熟期以降は背部からの流入に限定される。



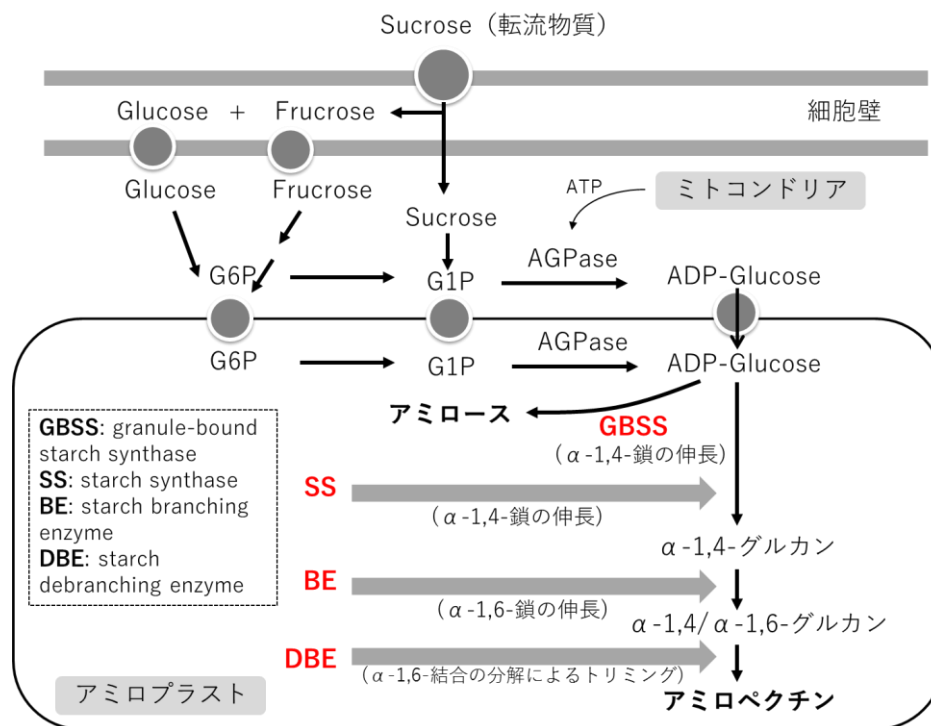


Figure 1-8 種子におけるデンプン合成代謝経路

転流物質の Sucrose は、細胞壁内で Glucose と Fructose に分解された後に細胞質に輸送されるルートと、スクロースのまま細胞壁を通過して細胞質に供給されるルートがある。両方のルートでできた G1P は AGPase によって ADP-glucose になる。ADP-glucose を基質とするデンプン合成は SS, BE, DBE の3つの酵素によって触媒される。SS にはアミロペクチン合成に関わる可溶性の SS とアミロース合成に関わるデンプン粒に結合性の GBSS とがある。アミロースは GBSS によってプライマーの  $\alpha$ -1,4 鎖が伸長されて合成される。アミロペクチンは SS によって  $\alpha$ -1,4 鎖が伸長され、BE によって  $\alpha$ -1,6 結合が形成された後、DBE によって  $\alpha$ -1,6 結合が適度に加水分解されることによって合成される。SS: starch synthase, BE: branched enzyme, DBE: starch debranching enzyme

## 第 2 章

登熟期窒素追肥による遺伝子発現と種子成分変化

本章の内容は、学術雑誌論文として出版する計画があるため公表できない。  
5年以内に出版予定。

## 第 3 章

窒素シグナル応答因子の探索

本章の内容は、学術雑誌論文として出版する計画があるため公表できない。  
5年以内に出版予定。

## 第 4 章

イネ種子の胚乳細胞壁形成に関わる新規分子の機能解析

本章の内容は、学術雑誌論文として出版する計画があるため公表できない。  
5年以内に出版予定。

## 第 5 章

まとめと今後の展望



本章の内容は、学術雑誌論文として出版する計画があるため公表できない。  
5年以内に出版予定。

## 参考文献

- Abe, N., Asai, H., Yago, H., Oitome, N.F., Itoh, R., Crofts, N., Nakamura, Y., and Fujita, N.** (2014). Relationships between starch synthase I and branching enzyme isozymes determined using double mutant rice lines. *BMC Plant Biol.* **14**: 80.
- Abe, N., Nakamura, Y., and Fujita, N.** (2013). Thermal Properties, morphology of starch granules, and crystallinity of endosperm starch in SSI and BE isozyme double mutant lines. *J. Appl. Glycosci.* **176**: 1–17.
- Albersheim, P. et al.** (1994). Structure and function studies of plant cell wall polysaccharides. *Biochem. Soc. Trans.* **22**: 374–378.
- Arcondéguy, T., Jack, R., and Merrick, M.** (2001). P(II) signal transduction proteins, pivotal players in microbial nitrogen control. *Microbiol. Mol. Biol. Rev.* **65**: 80–105.
- Asaoka, M., Okuno, K., Hara, K., Oba, M., and Fuwa, H.** (1989). Effects of Environmental Temperature at the Early Developmental Stage of Seeds on the Characteristics of Endosperm Starches of Rice (*Oryza sativa* L.). *Denpun Kagaku* **36**: 1–8.
- Ball, S.G. and Morell, M.K.** (2003). FROM BACTERIAL GLYCOGEN TO STARCH: Understanding the Biogenesis of the Plant Starch Granule. *Annu. Rev. Plant Biol.* **54**: 207–233.
- Ben-Tov, D., Abraham, Y., Stav, S., Thompson, K., Loraine, A., Elbaum, R., de Souza, A., Pauly, M., Kieber, J.J., and Harpaz-Saad, S.** (2015). COBRA-LIKE2, a member of the glycosylphosphatidylinositol-anchored COBRA-LIKE family, plays a role in cellulose deposition in arabidopsis seed coat mucilage secretory cells. *Plant Physiol.* **167**: 711–724.
- Benaroudj, N., Lee, D.H., and Goldberg, A.L.** (2001). Trehalose accumulation during cellular stress protects cells and cellular proteins from damage by oxygen radicals. *J. Biol. Chem.* **276**: 24261–24267.
- Benjamini, Y. Hochberg, Y.** (1995). Controlling the False Discovery Rate: A Practical and Powerful Approach to Multiple Testing. *J. R. Stat. Soc.* **57**: 289–300.
- Bradford, K.J., Downie, A.B., Gee, O.H., Alvarado, V., Yang, H., and Dahal, P.** (2003). Abscisic acid and gibberellin differentially regulate expression of genes of the SNF1-related kinase complex in tomato seeds. *Plant Physiol.* **132**: 1560–1576.
- Brady, S.M., Song, S., Dhugga, K.S., Rafalski, J.A., and Benfey, P.N.** (2007). Combining expression and comparative evolutionary analysis. The COBRA gene family. *Plant Physiol.* **143**: 172–187.

- Breitling, R., Armengaud, P., Amtmann, A., and Herzyk, P.** (2004). Rank products: a simple, yet powerful, new method to detect differentially regulated genes in replicated microarray experiments. *FEBS Lett.* **573**: 83–92.
- Broeckx, T., Hulsmans, S., and Rolland, F.** (2016). The plant energy sensor: evolutionary conservation and divergence of SnRK1 structure, regulation, and function. *J. Exp. Bot.* **67**: 6215–6252.
- Brown, D.M., Zeef, L.A.H., Ellis, J., Goodacre, R., and Turner, S.R.** (2005). Identification of novel genes in *Arabidopsis* involved in secondary cell wall formation using expression profiling and reverse genetics. *Plant Cell* **17**: 2281–2295.
- Burton, R.A., Shirley, N.J., King, B.J., Harvey, A.J., and Fincher, G.B.** (2004). The CesA gene family of barley. Quantitative analysis of transcripts reveals two groups of co-expressed genes. *Plant Physiol.* **134**: 224–236.
- Chen, Z., McGee, M., Liu, Q., and Scheuermann, R.H.** (2007). A distribution free summarization method for Affymetrix GeneChip arrays. *Bioinformatics* **23**: 321–327.
- Chiu, W., Niwa, Y., Zeng, W., Hirano, T., Kobayashi, H., and Sheen, J.** (1996). Engineered GFP as a vital reporter in plants. *Curr. Biol.* **6**: 325–330.
- Cho, J.-I. et al.** (2009). Role of the rice hexokinases OsHXX5 and OsHXX6 as glucose sensors. *Plant Physiol.* **149**: 745–759.
- Cho, J.-I., Kim, H.-B., Kim, C.-Y., Hahn, T.-R., and Jeon, J.-S.** (2011). Identification and characterization of the duplicate rice sucrose synthase genes OsSUS5 and OsSUS7 which are associated with the plasma membrane. *Mol. Cells* **31**: 553–561.
- Crofts, N., Abe, N., Oitome, N.F., Matsushima, R., Hayashi, M., Tetlow, I.J., Emes, M.J., Nakamura, Y., and Fujita, N.** (2015). Amylopectin biosynthetic enzymes from developing rice seed form enzymatically active protein complexes. *J. Exp. Bot.* **66**: 4469–4482.
- Crowe, J.H., Crowe, L.M., and Chapman, D.** (1984). Preservation of membranes in anhydrobiotic organisms: the role of trehalose. *Science* **223**: 701–703.
- Dai, X., You, C., Chen, G., Li, X., Zhang, Q., and Wu, C.** (2011). OsBC1L4 encodes a COBRA-like protein that affects cellulose synthesis in rice. *Plant Mol. Biol.* **75**: 333–345.
- Dai, X., You, C., Wang, L., Chen, G., Zhang, Q., and Wu, C.** (2009). Molecular characterization, expression pattern, and function analysis of the OsBC1L family in rice. *Plant Mol. Biol.* **71**: 469–481.
- Dhugga, K.S., Barreiro, R., Whitten, B., Stecca, K., Hazebroek, J., Randhawa, G.S., Dolan, M., Kinney, A.J., Tomes, D., Nichols, S., and Anderson, P.** (2004). Guar Seed  $\beta$ -Mannan

- Synthase Is a Member of the Cellulose Synthase Super Gene Family. *Science* . **303**: 363-366.
- Fabian, C. and Ju, Y.-H.** (2011). A review on rice bran protein: its properties and extraction methods. *Crit. Rev. Food Sci. Nutr.* **51**: 816–827.
- Figuroa, C.M. and Lunn, J.E.** (2016). A Tale of Two Sugars: Trehalose 6-Phosphate and Sucrose. *Plant Physiol.* **172**: 7–27.
- Forchhammer, K.** (2004). Global carbon/nitrogen control by P<sub>II</sub> signal transduction in cyanobacteria: from signals to targets. *FEMS Microbiol. Rev.* **28**: 319–333.
- Foyer, C.H., Parry, M., and Noctor, G.** (2003). Markers and signals associated with nitrogen assimilation in higher plants. *J. Exp. Bot.* **54**: 585–593.
- Fujii, S., Hayashi, T., and Mizuno, K.** (2010). Sucrose synthase is an integral component of the cellulose synthesis machinery. *Plant Cell Physiol.* **51**: 294–301.
- Fukumorita, T. and Chino, M.** (1982). Sugar , Amino Acid and Inorganic Contents in Rice Phloem Sap. *Plant Cell Physiol.* **23**: 273–283.
- Furukawa, S., Mizuma, T., Kiyokawa, Y., Masumura, T., Tanaka, K., and Wakai, Y.** (2003). Distribution of storage proteins in low-glutelin rice seed determined using a fluorescent antibody. *J. Biosci. Bioeng.* **96**: 467–473.
- Ge, L.-F., Chao, D.-Y., Shi, M., Zhu, M.-Z., Gao, J.-P., and Lin, H.-X.** (2008). Overexpression of the trehalose-6-phosphate phosphatase gene OsTPP1 confers stress tolerance in rice and results in the activation of stress responsive genes. *Planta* **228**: 191–201.
- Gentleman, R.C. et al.** (2004). Bioconductor: open software development for computational biology and bioinformatics. *Genome Biol.* **5**: R80.
- Ghillebert, R., Swinnen, E., Wen, J., Vandesteene, L., Ramon, M., Norga, K., Rolland, F., and Winderickx, J.** (2011). The AMPK/SNF1/SnRK1 fuel gauge and energy regulator: structure, function and regulation. *FEBS J.* **278**: 3978–3990.
- Granot, D., Kelly, G., Stein, O., and David-Schwartz, R.** (2014). Substantial roles of hexokinase and fructokinase in the effects of sugars on plant physiology and development. *J. Exp. Bot.* **65**: 809–819.
- Hakata, M., Kuroda, M., Miyashita, T., Yamaguchi, T., Kojima, M., Sakakibara, H., Mitsui, T., and Yamakawa, H.** (2012). Suppression of  $\alpha$ -amylase genes improves quality of rice grain ripened under high temperature. *Plant Biotechnol. J.* **10**: 1110–1117.
- Halford, N.G. and Grahame Hardie, D.** (1998). SNF1-related protein kinases: global regulators of carbon metabolism in plants? *Plant Mol. Biol.* **37**: 735–748.
- Hardie, D.G., Carling, D., and Carlson, M.** (1998). The AMP-activated/SNF1 protein kinase subfamily: metabolic sensors of the eukaryotic cell? *Annu. Rev. Biochem.* **67**: 821–855.

- Hayashi, H. and Chino, M.** (1990). Chemical Composition of Phloem Sap from the Uppermost Internode of the Rice Plant. *Plant Cell Physiol.* **31**: 247–251.
- Hirose, T., Scofield, G.N., and Terao, T.** (2008). An expression analysis profile for the entire sucrose synthase gene family in rice. *Plant Sci.* **174**: 534–543.
- Ho, C.-H., Lin, S.-H., Hu, H.-C., and Tsay, Y.-F.** (2009). CHL1 Functions as a Nitrate Sensor in Plants. *Cell* **138**: 1184–1194.
- Hochreiter, S., Clevert, D.-A., and Obermayer, K.** (2006). A new summarization method for Affymetrix probe level data. *Bioinformatics* **22**: 943–949.
- Huang, N., Koizumi, N., Reinl, S., and Rodriguez, R.L.** (1990). Structural organization and differential expression of rice alpha-amylase genes. *Nucleic Acids Res.* **18**: 7007–7014.
- Hubbell, E., Liu, W.-M., and Mei, R.** (2002). Robust estimators for expression analysis. *Bioinformatics* **18**: 1585–1592.
- Irizarry, R.A., Hobbs, B., Collin, F., Beazer-Barclay, Y.D., Antonellis, K.J., Scherf, U., and Speed, T.P.** (2003). Exploration, normalization, and summaries of high density oligonucleotide array probe level data. *Biostatistics* **4**: 249–264.
- Jang, J.C.** (1997). Hexokinase as a Sugar Sensor in Higher Plants. *Plant Cell Online* **9**: 5–19.
- Jones, M.A., Raymond, M.J., and Smirnov, N.** (2006). Analysis of the root-hair morphogenesis transcriptome reveals the molecular identity of six genes with roles in root-hair development in Arabidopsis. *Plant J.* **45**: 83–100.
- Kadota, K., Nakai, Y., and Shimizu, K.** (2009). Ranking differentially expressed genes from Affymetrix gene expression data: methods with reproducibility, sensitivity, and specificity. *Algorithms Mol. Biol.* **4**: 7.
- Kanegae, H., Miyoshi, K., Hirose, T., Tsuchimoto, S., Mori, M., Nagato, Y., and Takano, M.** (2005). Expressions of rice sucrose non-fermenting-1 related protein kinase 1 genes are differently regulated during the caryopsis development. *Plant Physiol. Biochem.* **43**: 669–679.
- Karve, A., Xia, X., and Moore, B. d** (2012). Arabidopsis Hexokinase-Like1 and Hexokinase1 form a critical node in mediating plant glucose and ethylene responses. *Plant Physiol.* **158**: 1965–1975.
- Karve, R., Lauria, M., Virnig, A., Xia, X., Rauh, B.L., and Moore, B. d.** (2010). Evolutionary Lineages and Functional Diversification of Plant Hexokinases. *Mol. Plant* **3**: 334–346.
- Kelley, L.A., Mezulis, S., Yates, C.M., Wass, M.N., and Sternberg, M.J.E.** (2015). The Phyre2 web portal for protein modeling, prediction and analysis. *Nat. Protoc.* **10**: 845–858.
- Kim, Y.M., Heinzl, N., Giese, J.O., Koeber, J., Melzer, M., Rutten, T., Von Wirén, N., Sonnewald, U., and Hajirezaei, M.R.** (2013). A dual role of tobacco hexokinase 1 in primary metabolism and sugar sensing. *Plant, Cell Environ.* **36**: 1311–1327.

- Kircher, S. and Schopfer, P.** (2012). Photosynthetic sucrose acts as cotyledon-derived long-distance signal to control root growth during early seedling development in *Arabidopsis*. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* **109**: 11217–11221.
- Konishi, M. et al.** (2013). *Arabidopsis* NIN-like transcription factors have a central role in nitrate signalling. *Nat. Commun.* **4**: 1617.
- Kotake, T., Aohara, T., Hirano, K., Sato, A., Kaneko, Y., Tsumuraya, Y., Takatsuji, H., and Kawasaki, S.** (2011). Rice Brittle culm 6 encodes a dominant-negative form of CesA protein that perturbs cellulose synthesis in secondary cell walls. *J. Exp. Bot.* **62**: 2053–2062.
- Kuroda, M., Kimizu, M., and Mikami, C.** (2010). A simple set of plasmids for the production of transgenic plants. *Biosci. Biotechnol. Biochem.* **74**: 2348–2351.
- Kuwada, H. and Teramoto, A.** (2011). Texture and Fine Structure of Cooked Brown Rice. *J. Cook. Sci. Japan* **44**: 137–144.
- Li, S., Ge, F.-R., Xu, M., Zhao, X.-Y., Huang, G.-Q., Zhou, L.-Z., Wang, J.-G., Kombrink, A., McCormick, S., Zhang, X.S., and Zhang, Y.** (2013). *Arabidopsis* COBRA-LIKE 10, a GPI-anchored protein, mediates directional growth of pollen tubes. *Plant J.* **74**: 486–497.
- Li, Y., Qian, Q., Zhou, Y., Yan, M., Sun, L., Zhang, M., Fu, Z., Wang, Y., Han, B., Pang, X., Chen, M., and Li, J.** (2003). BRITTLE CULM1, Which Encodes a COBRA-Like Protein, Affects the Mechanical Properties of Rice Plants. **15**: 2020–2031.
- Lillo, C., Meyer, C., Lea, U.S., Provan, F., and Oltedal, S.** (2004). Mechanism and importance of post-translational regulation of nitrate reductase. *J. Exp. Bot.* **55**: 1275–1282.
- Lin, T.P., Caspar, T., Somerville, C., and Preiss, J.** (1988). Isolation and Characterization of a Starchless Mutant of *Arabidopsis thaliana* (L.) Heynh Lacking ADPglucose Pyrophosphorylase Activity. *Plant Physiol.* **86**: 1131–1135.
- Liu, F., Romanova, N., Lee, E.A., Ahmed, R., Evans, M., Gilbert, E.P., Morell, M.K., Emes, M.J., and Tetlow, I.J.** (2012). Glucan affinity of starch synthase IIa determines binding of starch synthase I and starch-branching enzyme IIb to starch granules. *Biochem. J.* **448**: 373–387.
- Liu, L., Shang-Guan, K., Zhang, B., Liu, X., Yan, M., Zhang, L., Shi, Y., Zhang, M., Qian, Q., Li, J., and Zhou, Y.** (2013). Brittle Culm1, a COBRA-like protein, functions in cellulose assembly through binding cellulose microfibrils. *PLoS Genet.* **9**: e1003704.
- Lu, C.-A., Lin, C.-C., Lee, K.-W., Chen, J.-L., Huang, L.-F., Ho, S.-L., Liu, H.-J., Hsing, Y.-I., and Yu, S.-M.** (2007). The SnRK1A protein kinase plays a key role in sugar signaling during germination and seedling growth of rice. *Plant Cell* **19**: 2484–2499.

- Lunn, J.E., Delorge, I., Figueroa, C.M., Van Dijck, P., and Stitt, M.** (2014). Trehalose metabolism in plants. *Plant J.* **79**: 544–567.
- Mae, T. and Ohira, K.** (1981). The Remobilization of Nitrogen Related to Leaf Growth and Senescence in Rice Plants (*Oryza sativa* L.). *Plant Cell Physiol.* **22**: 1067–1074.
- Maleki, S.S., Mohammadi, K., Ji, K., Maleki, S.S., Mohammadi, K., and Ji, K.** (2016). Characterization of Cellulose Synthesis in Plant Cells. *Sci. World J.* **2016**: 1–8.
- Martin, T., Oswald, O., and Graham, I.A.** (2002). Arabidopsis seedling growth, storage lipid mobilization, and photosynthetic gene expression are regulated by carbon:nitrogen availability. *Plant Physiol.* **128**: 472–481.
- Matsuyama, N.** (1975). The Effect of Ample Nitrogen Fertilizer on Cell-Wall Materials and its Significance to Rice Blast Disease. *Japanese J. Phytopathol.* **41**: 56–61.
- McCann, M.C. and Roberts, K.** (1994). Changes in cell wall architecture during cell elongation. *J. Exp. Bot.* **45**: 1683–1691.
- Midorikawa, K., Kuroda, M., Terauchi, K., Hoshi, M., Ikenaga, S., Ishimaru, Y., Abe, K., and Asakura, T.** (2014). Additional nitrogen fertilization at heading time of rice down-regulates cellulose synthesis in seed endosperm. *PLoS One* **9**: e98738.
- Mitsui, T., Yamaguchi, J., and Akazawa, T.** (1996). Physicochemical and Serological Characterization of Rice  $\alpha$ -Amylase Isoforms and Identification of Their Corresponding Gene. **110**: 1395-1404.
- Moore, B., Zhou, L., Rolland, F., Hall, Q., Cheng, W. H., Liu, Y. X., Hwang, I., Jones, T., and Sheen, J.** (2003). Role of the Arabidopsis Glucose Sensor HXK1 in Nutrient, Light, and Hormonal Signaling. *Science.* **300**: 332-336.
- Müller-Röber, B., Sonnewald, U., and Willmitzer, L.** (1992). Inhibition of the ADP-glucose pyrophosphorylase in transgenic potatoes leads to sugar-storing tubers and influences tuber formation and expression of tuber storage protein genes. *EMBO J.* **11**: 1229–1238.
- Nakamura, Y.** (2002). Towards a better understanding of the metabolic system for amylopectin biosynthesis in plants: rice endosperm as a model tissue. *Plant Cell Physiol.* **43**: 718–725.
- Nakamura, Y., Francisco, P.B., Hosaka, Y., Sato, A., Sawada, T., Kubo, A., and Fujita, N.** (2005). Essential amino acids of starch synthase IIa differentiate amylopectin structure and starch quality between japonica and indica rice varieties. *Plant Mol. Biol.* **58**: 213–227.
- Nilsson, A. et al.** (2011). Two novel types of hexokinases in the moss *Physcomitrella patens*. *BMC Plant Biol.* **11**: 32.

- Nishi, A., Nakamura, Y., Tanaka, N., and Satoh, H.** (2001). Biochemical and genetic analysis of the effects of amylose-extender mutation in rice endosperm. *Plant Physiol.* **127**: 459–472.
- Ohdaira, Y. and Masumura, T.** (2011). Analysis of Storage Protein Distribution in Rice Grain of Seed-Protein Mutant Cultivars by Immunofluorescence Microscopy. *Plant Prod. Sci.* **14**: 219–228.
- Ohtsubo, K., Kobayashi, A., and Shimizu, H.** (1993). Quality Evaluation of Rice in Japan. *Japan Agric. Res. Q.* **2**: 95–101.
- Okadome, H.** (2005). Application of instrument-based multiple texture measurement of cooked milled-rice grains to rice quality evaluation. *Japan Agric. Res. Q.* **39**: 261–268.
- Parker, J.S., Cavell, A.C., Dolan, L., Roberts, K., and Grierson, C.S.** (2000). Genetic interactions during root hair morphogenesis in Arabidopsis. *Plant Cell* **12**: 1961–1974.
- Paul, M.J., Primavesi, L.F., Jhurrea, D., and Zhang, Y.** (2008). Trehalose Metabolism and Signaling. *Annu. Rev. Plant Biol.* **59**: 417–441.
- Pellny, T.K., Lovegrove, A., Freeman, J., Tosi, P., Love, C.G., Knox, J.P., Shewry, P.R., and Mitchell, R.A.C.** (2012). Cell walls of developing wheat starchy endosperm: comparison of composition and RNA-Seq transcriptome. *Plant Physiol.* **158**: 612–627.
- Persson, S., Wei, H., Milne, J., Page, G.P., and Somerville, C.R.** (2005). Identification of genes required for cellulose synthesis by regression analysis of public microarray data sets. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* **102**: 8633–8638.
- Ranjhan, S., Litts, J.C., Foolad, M.R., and Rodriguez, R.L.** (1991). Chromosomal localization and genomic organization of  $\alpha$ -amylase genes in rice (*Oryza sativa* L.). *Theor. Appl. Genet.* **82**: 481–488.
- Roberts, K.** (1990). Structures at the plant cell surface. *Curr. Opin. Cell Biol.* **2**: 920–928.
- Roberts, M.R.** (2003). 14-3-3 Proteins find new partners in plant cell signalling. *Trends Plant Sci.* **8**: 218–223.
- Roudier, F., Schindelman, G., DeSalle, R., and Benfey, P.N.** (2002). The COBRA family of putative GPI-anchored proteins in Arabidopsis. A new fellowship in expansion. *Plant Physiol.* **130**: 538–548.
- Rudolph, A.S. and Cliff, R.O.** (1990). Dry storage of liposome-encapsulated hemoglobin: A blood substitute. *Cryobiology* **27**: 585–590.
- Saito, Y., Nakatsuka, N., Shigemitsu, T., Tanaka, K., Morita, S., Satoh, S., and Masumura, T.** (2008). Thin frozen film method for visualization of storage proteins in mature rice grains. *Biosci. Biotechnol. Biochem.* **72**: 2779–2781.
- Saito, Y., Shigemitsu, T., Yamasaki, R., Sasou, A., Goto, F., Kishida, K., Kuroda, M., Tanaka, K., Morita, S., Satoh, S., and Masumura, T.** (2012). Formation mechanism of the



- internal structure of type I protein bodies in rice endosperm: relationship between the localization of prolamin species and the expression of individual genes. *Plant J.* **70**: 1043–1055.
- Sakakibara, H.** (2006). CYTOKININS: Activity, Biosynthesis, and Translocation. *Annu. Rev. Plant Biol.* **57**: 431–449.
- Sato, T. et al.** (2009). CNI1/ATL31, a RING-type ubiquitin ligase that functions in the carbon/nitrogen response for growth phase transition in *Arabidopsis* seedlings. *Plant J.* **60**: 852–864.
- Scheible, W.R., Gonzalez-Fontes, A., Lauerer, M., Muller-Rober, B., Caboche, M., and Stitt, M.** (1997). Nitrate Acts as a Signal to Induce Organic Acid Metabolism and Repress Starch Metabolism in Tobacco. *Plant Cell* **9**: 783–798.
- Schluempmann, H., Berke, L., and Sanchez-Perez, G.F.** (2012). Metabolism control over growth: a case for trehalose-6-phosphate in plants. *J. Exp. Bot.* **63**: 3379–3390.
- Schneider, R., Hanak, T., Persson, S., and Voigt, C.A.** (2016). Cellulose and callose synthesis and organization in focus, what's new? *Curr. Opin. Plant Biol.* **34**: 9–16.
- Sheen, J.** (2014). Master regulators in plant glucose signaling networks. *J. Plant Biol.* **57**: 67–79.
- Shewry, P.R. and Halford, N.G.** (2002). Cereal seed storage proteins: structures, properties and role in grain utilization. *J. Exp. Bot.* **53**: 947–958.
- Shibuya, N.** (1990). Chemical structure of cell walls of rice grain and grain quality. *Nippon Shokuhin Kogyo Gakkaishi* **37**: 740–748.
- Shibuya, N.** (1985). Comparative Studies on Cell Wall Preparations from Rice Bran, Germ, and Endosperm. *Cereal Chem.* **62**: 252–258.
- Shibuya, N. and Iwasaki, T.** (1984). Effect of cell wall degrading enzymes on the cooking properties of milled rice and the texture of cooked rice. *J. Jap. Soc. Food. Sci. Tech.* **31**: 656–660.
- Shigemitsu, T., Saito, Y., and Morita, S.** (2012). Separation and Identification of Rice Prolamins by Two-Dimensional Gel Electrophoresis and Amino Acid Sequencing. *Biosci. Biotechnol. Biochem.* **76**: 594–597.
- Singer, M.A. and Lindquist, S.** (1998). Thermotolerance in *Saccharomyces cerevisiae*: the Yin and Yang of trehalose. *Trends Biotechnol.* **16**: 460–468.
- Suzuki, R. and Shimodaira, H.** (2006). PvcLust: an R package for assessing the uncertainty in hierarchical clustering. *Bioinformatics* **22**: 1540–1542.
- Takano, M., Kajiya-Kanegae, H., Funatsuki, H., and Kikuchi, S.** (1998). Rice has two distinct classes of protein kinase genes related to SNF1 of *Saccharomyces cerevisiae*, which are differently regulated in early seed development. *Mol. Gen. Genet.* **260**: 388–394.

- Tanaka, K., Murata, K., Yamazaki, M., Onosato, K., Miyao, A., and Hirochika, H.** (2003). Three Distinct Rice Cellulose Synthase Catalytic Subunit Genes Required for Cellulose Synthesis in the Secondary Wall. *Plant Physiol.* **133**: 73–83.
- Tanaka, Y., Hayashida, S., and Hongo, M.** (1975). The relationship of the feces protein particles to rice protein bodies. *Agric. Biol. Chem.* **39**: 515–518.
- Taylor, N.G., Howells, R.M., Huttly, A.K., Vickers, K., and Turner, S.R.** (2003). Interactions among three distinct Cesa proteins essential for cellulose synthesis. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **100**: 1450–1455.
- Tomé, F., Nägele, T., Adamo, M., Garg, A., Marco-Llorca, C., Nukarinen, E., Pedrotti, L., Peviani, A., Simeunovic, A., Tatkiewicz, A., Tomar, M., and Gamm, M.** (2014). The low energy signaling network. *Front. Plant Sci.* **5**: 353.
- Uemura, T., Ueda, T., Ohniwa, R.L., Nakano, A., Takeyasu, K., and Sato, M.H.** (2004). Systematic analysis of SNARE molecules in Arabidopsis: dissection of the post-Golgi network in plant cells. *Cell Struct. Funct.* **29**: 49–65.
- Umemoto, T., Terashima, K., Nakamura, Y., and Satoh, H.** (1999). Differences in Amylopectin Structure Between Two Rice Varieties in Relation to the Effects of Temperature During Grain-Filling. *Starch - Stärke* **51**: 58–62.
- Umemoto, T., Yano, M., Satoh, H., Shomura, A., and Nakamura, Y.** (2002). Mapping of a gene responsible for the difference in amylopectin structure between japonica -type and indica -type rice varieties. *TAG Theor. Appl. Genet.* **104**: 1–8.
- Vidal, E.A. and Gutiérrez, R.A.** (2008). A systems view of nitrogen nutrient and metabolite responses in Arabidopsis. *Curr. Opin. Plant Biol.* **11**: 521–529.
- Wang, L., Guo, K., Li, Y., Tu, Y., Hu, H., Wang, B., Cui, X., and Peng, L.** (2010). Expression profiling and integrative analysis of the CESA/CSL superfamily in rice. *BMC Plant Biol.* **10**: 282.
- Wu, Z., Irizarry, R.A., Gentleman, R., Martinez-Murillo, F., and Spencer, F.** (2004). A Model-Based Background Adjustment for Oligonucleotide Expression Arrays. *J. Am. Stat. Assoc.* **99**: 909–917.
- Yadav, U.P., Ivakov, A., Feil, R., Duan, G.Y., Walther, D., Giavalisco, P., Piques, M., Carillo, P., Hubberten, H.M., Stitt, M., and Lunn, J.E.** (2014). The sucrose-trehalose 6-phosphate (Tre6P) nexus: Specificity and mechanisms of sucrose signalling by Tre6P. *J. Exp. Bot.* **65**: 1051-1068.
- Yamagata, H., Sugimoto, T., Tanaka, K., and Kasai, Z.** (1982). Biosynthesis of storage proteins in developing rice seeds. *Plant Physiol.* **70**: 1094–1100.

- Yoshida, S.** (1981). Growth and development of the rice plant. Fundamentals of rice crop science, T. Matsuo, K. Kumazawa, R. Ishii, K. Ishihara, and H. Hirata, eds (Food and Agriculture Policy Research Center: Tokyo), pp. 1–61.
- Zakaria, S., Matsuda, T., Tajima, S., and Nitta, Y.** (2002). Effect of High Temperature at Ripening Stage on the Reserve Accumulation in Seed in Some Rice Cultivars. *Plant Prod. Sci.* **5**: 160–168.
- Zhang, B., Deng, L., Qian, Q., Xiong, G., Zeng, D., Li, R., Guo, L., Li, J., and Zhou, Y.** (2009a). A missense mutation in the transmembrane domain of CESA4 affects protein abundance in the plasma membrane and results in abnormal cell wall biosynthesis in rice. *Plant Mol. Biol.* **71**: 509–524.
- Zhang, Y., Primavesi, L.F., Jhurrea, D., Andralojc, P.J., Mitchell, R.A.C., Powers, S.J., Schlupepmann, H., Delatte, T., Winkler, A., and Paul, M.J.** (2009b). Inhibition of SNF1-related protein kinase1 activity and regulation of metabolic pathways by trehalose-6-phosphate. *Plant Physiol.* **149**: 1860–1871.
- Zhou, Z., Robards, K., Helliwell, S., and Blanchard, C.** (2002). Composition and functional properties of rice. *Int. J. Food Sci. Technol.* **37**: 849–868.

Supplemental Table 1 追肥群で発現減少したプローブ一覧

■: Trehalose biosynthetic process, ■: Cell wall organization/Cell wall biosynthesis, ■: Cellular amino acid biosynthetic process, ■: Related to storage substances

Probe ID	FDR	rank	RAP-DB ID	RAP-DB annotation
Os.9138.1.S1_at	0.0000	1	Os09g0535500	Similar to RING-H2 finger protein ATL1R (RING-H2 finger protein ATL8).
Os.11520.1.S1_at	0.0000	2	Os05g0217000	Protein of unknown function DUF1070 family protein.
Os.28030.1.S1_s_at	0.0000	3	Os06g0696400	Similar to Xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase protein 24 precursor (EC 2.4.1.207) (At-XTH24) (XTH-24) (Meristem protein 5) (MERI-5 protein) (MERI5 protein) (Endo-xyloglucan transferase) (Xyloglucan endo-1,4-beta-D-glucanase). XTH11
Os.10091.1.S1_at	0.0000	4	Os03g0302800	Conserved hypothetical protein.
Os.1478.1.S1_at	0.0000	5	Os03g0307300	nicotianamine synthase, putative, expressed.
Os.18517.1.S1_at	0.0000	6	Os05g0419500	KH domain containing protein.
Os.49999.1.S1_x_at	0.0000	7	Os03g0301200	Similar to COBRA-like protein 7 precursor.
OsAffx.13550.1.S1_s_at	0.0000	8	Os03g0808200	UDP-glucuronosyl/UDP-glucosyltransferase family protein.
Os.7902.1.S1_at	0.0000	9	Os06g0683400	Similar to EF-hand Ca <sup>2+</sup> -binding protein CCD1.
Os.19742.1.S1_at	0.0000	10	Os10g0510000	Actin [ <i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)].
Os.4683.1.S1_at	0.0000	11	Os05g0469600	Pyruvate decarboxylase isozyme 1.
Os.6656.1.S1_at	0.0000	12	Os02g0285300	DREPP plasma membrane polypeptide family protein.
Os.47778.1.A1_s_at	0.0000	13	Os04g0412300	Glycoside hydrolase, family 17 protein.
Os.28448.1.S1_at	0.0000	14	Os09g0514500	Hypothetical protein.
OsAffx.25281.1.S1_at	0.0000	15	Os03g0409400	Similar to Mps one binder kinase activator-like 1B (Mob1 homolog 1B) (Mob1 alpha) (Mob1A) (Protein Mob4B). Splice isoform 2.
Os.26547.1.S1_at	0.0000	16	Os05g0143500	Similar to Blast and wounding induced mitogen-activated protein kinase.
Os.5156.1.S1_s_at	0.0000	17	Os03g0741700	Zinc finger, RING-type domain containing protein.
Os.10390.1.S1_at	0.0000	18	Os03g0762500	Conserved hypothetical protein.
Os.55523.1.S1_at	0.0000	19	Os01g0880100	Conserved hypothetical protein.
Os.50807.1.S1_at	0.0000	20	Os06g0219900	Similar to Phi-1 protein.

Os.34478.1.S1_at	0.0000	21	Os07g0689800	Heat shock protein DnaJ, N-terminal domain containing protein.
Os.5025.1.S1_at	0.0000	22	Os02g0189400	Nitrate-induced NOI family protein.
Os.38052.1.S1_at	0.0000	23	Os07g0109400	Conserved hypothetical protein.
Os.52699.1.S1_at	0.0000	24	Os04g0647900	Leucine rich repeat, N-terminal domain containing protein.
Os.4683.2.S1_at	0.0000	25	Os01g0611000	Similar to Unidentified precursor.
Os.28030.1.S1_at	0.0000	26	Os06g0696400	Similar to Xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase protein 24 precursor (EC 2.4.1.207) (At-XTH24) (XTH-24) (Meristem protein 5) (MERI-5 protein) (MERI5 protein) (Endo-xyloglucan transferase) (Xyloglucan endo-1,4-beta-D-glucanase).
Os.50783.1.S1_x_at	0.0000	27	Os06g0329200	Nucleic acid-binding, OB-fold domain containing protein.
Os.33722.1.S1_at	0.0000	28	Os01g0736100	UDP-glucuronosyl/UDP-glucosyltransferase family protein.
<b>Os.9592.1.S1_at</b>	<b>0.0000</b>	<b>29</b>	<b>Os07g0604300</b>	<b>Similar to Phytochelatin synthetase (Fragment) Protein BRITTLE CULM1-like 6 COBRA. (BC1L6)</b>
Os.15803.1.S1_at	0.0000	30	Os02g0732200	U box domain containing protein.
Os.37842.1.S1_at	0.0000	31	Os01g0271200	Putative multifunctional amino acid-tRNA ligase.
Os.11558.1.S1_at	0.0000	32	Os01g0270300	Similar to Cationic peroxidase isozyme 40K precursor.
Os.49591.1.S1_at	0.0001	33	Os03g0152000	Heavy metal transport/detoxification protein domain containing protein.
Os.12725.1.S1_at	0.0001	34	Os06g0160700	Similar to Starch synthase I, chloroplast precursor (EC 2.4.1.21) (Soluble starch synthase 1) (SS1).
Os.55181.1.S1_at	0.0001	35	Os09g0572500	Similar to Beta-1,4-mannan synthase.
Os.37620.1.S1_at	0.0001	36	Os01g0763900	X8 domain containing protein.
Os.9860.1.S1_at	0.0001	37	Os07g0616800	Sucrose synthase 3 (EC 2.4.1.13) (Sucrose-UDP glucosyltransferase 3). (SUS3)
Os.51658.1.S1_at	0.0001	38	Os06g0707300	Protein of unknown function DUF295 family protein.
OsAffx.30132.1.S1_x_at	0.0001	39	Os09g0514500	Hypothetical protein.
Os.50554.1.S1_at	0.0001	40	Os07g0194500	Oxidation reduction, Prolyl 4-hydroxylase, alpha subunit domain containing protein.
Os.9194.1.S1_at	0.0000	41	Os02g0757100	Similar to Phi-1 protein.
Os.3875.1.S1_at	0.0000	42	Os01g0217000	Protein of unknown function DUF231, plant domain containing protein.
Os.9534.1.S1_at	0.0000	43	Os01g0880800	Similar to Acyl-[acyl-carrier-protein] desaturase, chloroplast precursor (EC 1.14.19.2) (Stearoyl-ACP desaturase).
Os.21394.1.S1_at	0.0000	44	Os02g0437200	Similar to SNAP-34.

Os.6304.1.S1_at	0.0000	45	Os08g0402500	Conserved hypothetical protein.
Os.5163.1.S1_at	0.0000	46	Os02g0739100	Actin cytoskeleton organization Formin-like protein 16.
OsAffx.24542.1.S1_x_at	0.0000	47	Os02g0528500	Nucleic acid-binding, OB-fold domain containing protein.
Os.54841.1.S1_at	0.0000	48	Os05g0586500	Amino acid transporter, transmembrane family protein.
Os.5403.1.S1_at	0.0000	49	---	---
Os.25606.1.S1_at	0.0000	50	Os09g0417600	Regulation of transcription WRKY transcription factor 76.
Os.51991.1.S1_at	0.0000	51	Os02g0597300	Hypothetical protein.
OsAffx.27621.1.S1_s_at	0.0000	52	Os06g0247000	Similar to Avr9/Cf-9 rapidly elicited protein 231.
Os.5431.1.S1_at	0.0000	53	Os04g0586500	Conserved hypothetical protein.
Os.7637.1.S1_at	0.0001	54	Os07g0119400	Oxidation reduction, Similar to Pectinesterase like protein.
OsAffx.13437.1.S1_at	0.0001	55	Os03g0710700	Conserved hypothetical protein.
Os.6965.1.S1_at	0.0001	56	Os03g0310800	Similar to Hypersensitive reaction associated Ca <sup>2+</sup> -binding protein.
Os.18428.1.S1_at	0.0001	57	Os07g0162900	Esterase/lipase/thioesterase domain containing protein.
Os.8233.1.S1_at	0.0001	58	Os01g0748600	Protein kinase domain containing protein. Ankyrin-kinase-like.
Os.55671.1.S1_at	0.0001	59	Os06g0652200	Hly-III related proteins family protein.
OsAffx.23351.2.S1_at	0.0002	60	---	---
Os.24051.2.S1_at	0.0002	61	Os04g0412300	Glycoside hydrolase, family 17 protein.
Os.9445.1.S1_at	0.0002	62	Os04g0635100	Conserved hypothetical protein.
Os.6727.1.S1_at	0.0002	63	Os05g0277500	Similar to Germin-like protein subfamily 2 member 4 precursor.
Os.56065.1.S1_s_at	0.0002	64	Os11g0585200	Conserved hypothetical protein.
Os.24493.1.A1_at	0.0002	65	Os08g0481100	Conserved hypothetical protein.
Os.41074.1.S1_at	0.0002	66	Os06g0521000	Homeodomain-like containing protein.
Os.48041.1.A1_at	0.0002	67	Os02g0770100	Conserved hypothetical protein.
Os.46836.1.S1_at	0.0002	68	Os10g0531900	Regulation of transcription, DNA-dependent Similar to BZIP-like protein.
Os.34462.1.S1_at	0.0002	69	Os01g0848700	Small GTPase mediated signal transduction.

Os.8815.1.S1_at	0.0002	70	Os11g0210500	Oxidation reduction, Alcohol dehydrogenase 2.
Os.26380.1.S1_at	0.0003	71	Os01g0757600	Conserved hypothetical protein.
Os.16915.1.S1_at	0.0003	72	Os03g0159100	Similar to Protein kinase APK1B, chloroplast precursor (EC 2.7.1.-).
Os.5675.1.S1_at	0.0003	73	Os03g0815700	KH domain-containing protein SPIN1.
Os.49086.1.S1_at	0.0003	74	Os03g0687700	rRNA N-glycosidase(EC 3.2.2.22).
Os.25316.2.S1_x_at	0.0003	75	Os03g0773600	Kinesin, motor region domain containing protein.
Os.36472.2.S1_at	0.0004	76	Os03g0825600	Conserved hypothetical protein.
Os.4784.1.S1_at	0.0004	77	Os09g0483500	Calcium-binding EF-hand domain containing protein.
Os.49726.1.S1_at	0.0004	78	Os11g0152500	CEN-like protein 2, putative, expressed, Phosphatidylethanolamine-binding protein.
Os.11263.1.A1_at	0.0004	79	Os11g0282300	Protein of unknown function DUF1685 family protein.
Os.25308.1.A1_at	0.0005	80	Os01g0850000	Conserved hypothetical protein.
Os.14365.1.S1_at	0.0005	81	Os03g0646100	Similar to Plastid division protein ftsZ1 precursor.
Os.7053.1.S1_at	0.0005	82	Os01g0874700	emp24/gp25L/p24 family protein.
Os.7692.1.S1_at	0.0005	83	Os04g0645100	Tetratricopeptide-like helical domain containing protein.
Os.11272.1.S1_at	0.0005	84	Os02g0581200	Conserved hypothetical protein.
Os.7916.1.S1_at	0.0005	85	Os01g0805900	Tubulin beta-2 chain (Beta-2 tubulin).
Os.12153.1.S1_at	0.0005	86	Os02g0721700	Conserved hypothetical protein
Os.36122.2.S1_at	0.0006	87	Os01g0600500	HAD-superfamily subfamily IB hydrolase, hypothetical 1 protein.
Os.53612.1.S1_at	0.0005	88	Os06g0255900	Exo70 exocyst complex subunit family protein.
Os.48064.1.S1_at	0.0005	89	Os09g0439200	ZIM domain containing protein.
OsAffx.27459.2.S1_s_at	0.0006	90	Os06g0142300	Early nodulin 93 ENOD93 protein family protein.
Os.54928.1.S1_at	0.0006	91	Os01g0812100	Harpin-induced 1 domain containing protein.
Os.10829.1.S1_at	0.0007	92	Os01g0134500	Similar to Delta-7-sterol-C5(6)-desaturase (EC 1.3.3.-) (Delta-7-C-5 sterol desaturase) (Delta7-sterol-C5-desaturase).
Os.9547.1.S1_at	0.0007	93	Os08g0374800	Putative UDP-glucose 4-epimerase.
Os.9581.1.S1_a_at	0.0007	94	---	---

Os.49180.1.S1_at	0.0008	95	Os05g0586400	Conserved hypothetical protein.
Os.25564.1.S1_at	0.0008	96	Os02g0696500	Concanavalin A-like lectin/glucanase domain containing protein.
Os.32267.1.S1_at	0.0009	97	Os01g0769700	Similar to Resistance protein candidate (Fragment).
Os.51422.1.S1_at	0.0009	98	Os04g0644900	C2 domain containing protein.
Os.34647.1.S1_at	0.0009	99	Os05g0576800	Similar to Blast and wounding induced mitogen-activated protein kinase.
Os.17196.1.A1_s_at	0.0009	100	Os11g0118600 Os12g0117800	Protein of unknown function DUF1191 family protein.
Os.9464.1.A1_at	0.0009	101	Os01g0108800	Protein of unknown function DUF936, plant family protein.
Os.37798.1.S1_at	0.0010	102	Os01g0212700	Zinc finger, RING-type domain containing protein.
Os.26472.1.S1_at	0.0010	103	Os04g0482300	DNA-dependent BTB domain containing protein.
Os.8314.1.S1_at	0.0011	104	Os04g0689500	Conserved hypothetical protein.
Os.1597.1.S1_at	0.0011	105	Os01g0711600	Protein of unknown function DUF778 family protein.
Os.26469.1.S1_at	0.0011	106	Os03g0773000	Protein of unknown function DUF1005 family protein.
Os.52260.1.S1_at	0.0011	107	Os03g0787000	Vesicle-mediated transport, Putative syntaxin.
Os.24261.1.S1_at	0.0011	108	Os03g0275900	Similar to Spotted leaf protein 11 (Spotted leaf11) (Cell death-related protein SPL11).
Os.56356.1.S1_at	0.0011	109	Os11g0523700	Similar to Transcription factor ICE1 (Inducer of CBF expression 1) (Basic helix- loop-helix protein 116) (bHLH116) (AtbHLH116).
Os.24025.1.S1_s_at	0.0012	110	Os11g0124900	Glycosyl transferase, family 8 protein.
Os.52646.1.S1_at	0.0012	111	Os05g0127500	Oxidation reduction, Similar to Leucoanthocyanidin dioxygenase-like protein.
Os.50329.1.S1_s_at	0.0012	112	Os08g0472800	Oxidation reduction, Cytochrome P450 family protein.
Os.26698.1.S1_a_at	0.0012	113	Os01g0303800	Universal stress protein (Usp) family protein.
Os.5657.2.S1_at	0.0012	114	Os03g0158700	Similar to P69C protein.
Os.10389.1.S1_at	0.0012	115	Os03g0760700	Similar to Aspartate-semialdehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.11) (Fragment).
Os.4940.1.S1_at	0.0012	116	Os06g0683600	Conserved hypothetical protein.
Os.10394.2.S1_at	0.0012	117	Os08g0532700	Similar to Peroxidase 55 precursor (EC 1.11.1.7) (Atperox P55) (ATP20a).
Os.35024.1.S1_at	0.0013	118	Os01g0498300	Protein of unknown function DUF563 family protein.



Os.5347.1.S1_x_at	0.0013	119	Os01g0717700	EGF-like, alliinase domain containing protein.
Os.10659.1.S1_s_at	0.0013	120	Os07g0442800	Conserved hypothetical protein.
Os.49998.1.S1_at	0.0013	121	Os01g0110700	Putative phosphoenolpyruvate carboxylase.
Os.16862.1.S1_at	0.0013	122	Os03g0117300	Beta-glucanase family protein.
OsAffx.26443.1.S1_s_at	0.0013	123	---	---
Os.11639.1.S1_at	0.0014	124	Os06g0143400	Similar to Acyl-ACP thioesterase (Fragment).
Os.9073.1.S1_at	0.0015	125	Os01g0783700	Similar to EF-hand Ca <sup>2+</sup> -binding protein CCD1.
Os.8908.1.S1_at	0.0015	126	Os02g0773200	Universal stress protein (Usp) family protein.
Os.8233.1.S1_s_at	0.0015	127	Os01g0748600	Protein kinase domain containing protein.
Os.49054.1.S1_at	0.0016	128	Os04g0382400	Conserved hypothetical protein.
Os.18640.1.S1_at	0.0016	129	Os09g0364800	Heavy metal transport/detoxification protein domain containing protein.
Os.35111.1.S1_at	0.0018	130	Os03g0263000	Similar to TINY-like protein.
OsAffx.31409.1.S1_s_at	0.0018	131	Os11g0622150	Universal stress protein (Usp) family protein.
Os.4346.1.S1_at	0.0018	132	Os06g0160200	Similar to Lanatoside 15'-O-acetylerase precursor.
Os.25167.1.S1_a_at	0.0019	133	Os10g0396300	Similar to MOB1.
Os.8914.1.S1_at	0.0019	134	Os03g0302200	Zinc finger, RING-type domain containing protein.
Os.12642.1.S1_at	0.0020	135	Os08g0540400	Similar to Calcium-dependent protein kinase.
Os.7085.2.S1_x_at	0.0019	136	Os07g0674100	UDP-glucuronic acid decarboxylase.
Os.31191.1.S1_at	0.0020	137	Os07g0448400	Similar to Plasma membrane integral protein ZmPIP2-6.
Os.20201.1.S1_at	0.0019	138	Os02g0787800	Activation of protein kinase C activity by G-protein coupled receptor protein signaling pathway.
Os.50495.1.S1_at	0.0020	139	Os08g0451600	RNA-dependent DNA replication.
Os.7053.1.S1_s_at	0.0020	140	Os01g0874700	Emp24/gp25L/p24 family protein.
Os.16044.1.S1_at	0.0020	141	Os02g0513100	Similar to MtN3 protein precursor.
Os.5549.1.S1_at	0.0020	142	Os07g0225300	NAC domain-containing protein 67, NAC3.
Os.9709.2.S1_at	0.0021	143	Os08g0160500	Cellulose synthase family protein. OsCslF6

Os.10829.2.S1_x_at	0.0021	144	Os01g0134500	Similar to Delta-7-sterol-C5(6)-desaturase (EC 1.3.3.-) (Delta-7-C-5 sterol desaturase) (Delta7-sterol-C5-desaturase).
Os.49715.1.S1_at	0.0021	145	Os03g0301400	Exonuclease domain containing protein.
OsAffx.2874.1.S1_at	0.0021	146	Os02g0566800	Glycosyl transferase, family 31 protein.
Os.6187.1.S1_at	0.0021	147	Os04g0541500	Activation of protein kinase C activity by G-protein coupled receptor protein signaling pathway.
Os.16151.1.S1_at	0.0021	148	Os03g0221800	Conserved hypothetical protein.
Os.34982.1.A1_at	0.0021	149	Os04g0249600	Rhodanese-like domain containing protein.
OsAffx.14412.2.S1_s_at	0.0021	150	Os04g0635100	Conserved hypothetical protein.
Os.5041.1.S1_at	0.0022	151	Os04g0604600	Hypothetical protein.
Os.55435.1.S1_at	0.0021	152	Os04g0422500	Conserved hypothetical protein.
Os.30200.1.S1_at	0.0021	153	Os11g0704800	Similar to Membrane protein.
OsAffx.4061.1.S1_at	0.0021	154	Os04g0505300	Conserved hypothetical protein.
Os.46898.1.S1_at	0.0022	155	Os10g0456600	Small GTPase mediated signal transduction.
Os.22886.1.A1_at	0.0022	156	Os01g0147900	Triosephosphate isomerase, cytosolic (EC 5.3.1.1) (TIM) (Triose- phosphate isomerase).
Os.52799.2.S1_at	0.0022	157	Os08g0128000	Galactose oxidase, central domain containing protein.
Os.17133.1.S1_at	0.0023	158	---	---
Os.5396.1.S1_a_at	0.0023	159	Os04g0433600	Protein of unknown function DUF668 family protein.
Os.6092.1.S1_at	0.0023	160	Os02g0661100	Similar to Trehalose-6-phosphate phosphatase (TPP1).
Os.57301.1.S1_at	0.0023	161	Os02g0758200	Conserved hypothetical protein.
Os.24261.2.S1_at	0.0023	162	Os03g0275900	Similar to Spotted leaf protein 11 (Spotted leaf11) (Cell death-related protein SPL11).
Os.5133.1.S1_at	0.0023	163	Os02g0234300	U box domain containing protein.
Os.57196.1.S1_at	0.0024	164	Os04g0462600	Dynein light chain, type 1 family protein.
Os.12399.1.S1_at	0.0024	165	Os09g0494200	Similar to Chitinase-like protein (EC 3.2.1.14).
Os.428.1.S1_at	0.0023	166	Os03g0766600	Conserved hypothetical protein.
Os.12700.1.S1_at	0.0024	167	Os10g0516400	Conserved hypothetical protein.
Os.50198.1.S1_at	0.0024	168	Os12g0592900	Hypothetical protein.

Os.8724.1.S1_at	0.0024	169	Os07g0561300	Cyclin-like F-box domain containing protein.
OsAffx.24557.1.S1_at	0.0025	170	Os02g0539900	WD40-like domain containing protein.
Os.11120.1.S1_at	0.0026	171	Os03g0182800	Similar to Ethylene responsive element binding factor3 (OsERF3).
Os.49825.1.S1_at	0.0026	172	Os01g0256800	Conserved hypothetical protein.
Os.16013.1.S1_at	0.0026	173	Os01g0840300	WUSCHEL-related homeobox 5. OsWOX5.
OsAffx.15193.1.S1_at	0.0026	174	Os05g0591600	Similar to Lysine decarboxylase-like protein.
Os.11677.1.S1_x_at	0.0026	175	Os05g0123200	IQ calmodulin-binding region domain containing protein.
OsAffx.17259.1.S1_s_at	0.0026	176	Os08g0402500	Conserved hypothetical protein.
Os.7355.1.S1_at	0.0027	177	Os02g0228900	Similar to Auxin-responsive protein IAA18 (Indoleacetic acid-induced protein 18).
Os.24926.1.S1_at	0.0028	178	Os03g0333200	Similar to Resistance protein candidate (Fragment).
Os.46462.1.S1_at	0.0027	179	Os10g0112600	Nonaspanin (TM9SF) family protein.
Os.6872.2.S1_at	0.0027	180	Os04g0592400	t-snare domain containing protein.
Os.47251.1.S1_at	0.0028	181	---	---
Os.18164.1.S1_at	0.0027	182	Os04g0192766	Hypothetical protein.
Os.38162.1.S1_at	0.0027	183	Os12g0503200	Similar to Translation Initiation Factor IF-2P.
Os.11626.1.S1_at	0.0028	184	Os04g0660500	Protein kinase-like domain containing protein.
Os.55093.1.S1_at	0.0027	185	Os03g0136500	Conserved hypothetical protein.
Os.16248.1.S1_at	0.0028	186	Os02g0806400	Conserved hypothetical protein.
Os.11147.1.S1_at	0.0029	187	Os07g0558900	---
Os.48104.1.A1_s_at	0.0029	188	Os03g0748900	RNA-binding region RNP-1 (RNA recognition motif) domain containing protein.
Os.25125.1.A1_at	0.0029	189	Os03g0788700	Beta-Ig-H3/fasciclin domain containing protein.
Os.51930.1.S1_at	0.0029	190	Os09g0298500	Zinc finger, RING-type domain containing protein.
Os.45959.1.S1_at	0.0029	191	Os01g0547000	Similar to LRR19.
Os.16956.1.S1_s_at	0.0029	192	Os01g0534900	Similar to Hv711N16.16 (Fragment).
Os.8899.1.S1_at	0.0029	193	Os05g0504766	Similar to Polyubiquitin protein (Fragment).

Os.27874.2.S1_x_at	0.0029	194	Os05g0562800	Protein of unknown function DUF679 family protein.
Os.50648.1.S1_at	0.0029	195	Os06g0646900	Similar to Homogentisic acid geranylgeranyl transferase.
Os.14828.1.A1_s_at	0.0029	196	Os09g0369400	Trehalose-6-phosphate phosphatase 7. (TPP7)
Os.37067.1.S1_at	0.0032	197	Os10g0521900	Rhomboid-like protein family protein.
Os.31293.1.S1_at	0.0033	198	Os01g0930500	Conserved hypothetical protein.
Os.52519.1.S1_at	0.0033	199	Os11g0144500	Zinc finger, RING-type domain containing protein.
Os.12000.1.S1_at	0.0034	200	Os01g0949300	EF-Hand type domain containing protein.
Os.47765.1.S1_at	0.0035	201	Os05g0528000	Similar to RbohAOsp (Fragment).
Os.9824.1.S2_at	0.0035	202	Os05g0474600	Similar to Aldose reductase-related protein (EC 1.1.1.21).
Os.2329.1.S1_a_at	0.0035	203	Os01g0639900	Similar to Carbonic anhydrase, chloroplast precursor (EC 4.2.1.1) (Carbonate dehydratase).
Os.47897.1.S1_at	0.0035	204	Os11g0432800	---
Os.7228.1.S1_at	0.0035	205	Os02g0756200	Similar to Phi-1 protein.
Os.28030.2.A1_at	0.0035	206	Os06g0696400	Similar to Xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase protein 24 precursor (EC 2.4.1.207) (At-XTH24) (XTH-24) (Meristem protein 5) (MERI-5 protein) (MERI5 protein) (Endo-xyloglucan transferase) (Xyloglucan endo-1,4-beta-D-glucanase).
Os.5583.1.S1_at	0.0037	207	Os03g0305400	Universal stress protein (Usp) family protein.
Os.49654.1.S1_at	0.0037	208	Os03g0301700	Similar to Calmodulin-binding protein phosphatase.
Os.22831.1.S1_at	0.0037	209	Os03g0710000	Protein of unknown function DUF292, eukaryotic domain containing protein.
Os.12392.1.S1_at	0.0038	210	Os03g0806800	Conserved hypothetical protein.
OsAffx.3595.1.S1_at	0.0039	211	Os03g0741700	Zinc finger, RING-type domain containing protein.
Os.3808.4.S1_x_at	0.0039	212	Os01g0186900	Conserved hypothetical protein.
Os.26828.1.A1_at	0.0042	213	Os11g0448000	Surface protein from Gram-positive cocci, anchor region domain containing protein.
Os.625.1.S1_at	0.0041	214	Os01g0192600	Ndr family protein.
Os.8885.1.S1_at	0.0042	215	Os11g0703400	Snf7 family protein.
Os.51815.2.S1_at	0.0042	216	Os02g0528100	Protein of unknown function DUF662 family protein.
Os.12013.1.S1_at	0.0043	217	Os07g0479200	Similar to SL15-like (Fragment).

Os.50598.1.S1_at	0.0044	218	Os12g0127200	Harpin-induced 1 domain containing protein.
Os.16257.1.S1_at	0.0044	219	Os01g0885200	Conserved hypothetical protein.
Os.42285.1.S1_x_at	0.0045	220	Os01g0799500	DNA glycosylase family protein.
Os.9892.1.S1_a_at	0.0045	221	Os01g0875500	Beta-galactosidase 3.
Os.11403.1.S1_at	0.0045	222	Os06g0665500	Amidase, hydantoinase/carbamoylase family protein.
Os.24473.1.A1_s_at	0.0046	223	Os11g0133800 Os12g0131200	Zinc finger, DHHC-type domain containing protein.
Os.22468.1.A1_at	0.0047	224	---	---
Os.22480.1.S1_at	0.0048	225	Os02g0567200	Protein phosphatase 2C-like domain containing protein.
Os.12751.1.S1_at	0.0047	226	Os02g0715300	Conserved hypothetical protein.
Os.7744.1.S1_at	0.0048	227	Os06g0297700	Conserved hypothetical protein.
Os.5045.1.S1_at	0.0047	228	Os01g0127600	Similar to Bowman-Birk type proteinase inhibitor D-II precursor (IV).
Os.26443.1.S1_at	0.0048	229	Os01g0961200	CBS domain containing protein.
Os.10416.1.S1_at	0.0048	230	Os01g0834900	Hypothetical protein.
Os.23220.1.S1_at	0.0048	231	Os05g0436900	Zinc finger, DHHC-type domain containing protein.
Os.14006.1.S1_at	0.0049	232	---	---
Os.12201.1.S1_at	0.0051	233	Os09g0451000	Similar to 1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase 1 (EC 1.14.17.4) (ACC oxidase 1) (Ethylene-forming enzyme) (EFE).
Os.4453.1.S1_at	0.0052	234	Os06g0125200	Protein of unknown function DUF581 family protein.
Os.32457.2.S1_at	0.0052	235	Os01g0174600	Zinc finger, CCCH-type domain containing protein.
Os.15008.1.S1_at	0.0053	236	Os05g0429400	Cellular retinaldehyde binding/alpha-tocopherol transport family protein.
Os.5404.3.S1_a_at	0.0053	237	Os01g0835500	Similar to Respiratory burst oxidase protein.
Os.48105.1.A1_at	0.0054	238	Os06g0266800	GASR7 - Gibberellin-regulated GASA/GAST/Snakin family protein precursor, expressed.
OsAffx.7264.1.S1_at	0.0054	239	Os11g0512200	No apical meristem (NAM) protein domain containing protein.
Os.43946.3.S1_x_at	0.0054	240	Os03g0269300	Acid phosphatase/vanadium-dependent haloperoxidase family protein.
Os.8824.1.S1_at	0.0055	241	Os01g0814400	Conserved hypothetical protein.

Os.10982.1.S1_at	0.0054	242	Os02g0686700	Protein of unknown function DUF581 family protein.
Os.38804.1.S1_at	0.0054	243	Os01g0794500	Eukaryotic translation initiation factor SU11 family protein.
Os.50007.1.S1_at	0.0054	244	Os05g0459300	Conserved hypothetical protein.
Os.4857.1.S1_at	0.0055	245	Os03g0837100	Probable cellulose synthase A catalytic subunit 5 [UDP-forming]. OsCESA5
Os.834.1.S1_a_at	0.0055	246	Os01g0629400	NLI interacting factor domain containing protein.
Os.56267.1.S1_at	0.0056	247	Os06g0265400	DNA-dependent Similar to Transcription factor HBP-1b(C38) (Fragment).
Os.7862.1.S1_at	0.0057	248	Os03g0241900	Similar to Senescence-associated protein 12.
OsAffx.19101.1.S1_at	0.0057	249	Os11g0512100	Conserved hypothetical protein.
Os.25846.1.S1_at	0.0059	250	Os02g0178600	Similar to E3 ubiquitin ligase EL5 (EC 6.3.2.-).
Os.24612.1.A1_at	0.0060	251	Os05g0141700	Phosphoglycerate/bisphosphoglycerate mutase family protein.
Os.32736.1.S1_at	0.0060	252	Os03g0780800	Fatty acid hydroxylase domain containing protein.
OsAffx.17497.1.S1_s_at	0.0060	253	Os02g0483500	Putative quercetin 3-O-glucoside-6"-O-malonyltransferase.
Os.28127.1.S1_at	0.0061	254	Os03g0231700	Similar to Squalene monooxygenase 2 (EC 1.14.99.7).
Os.9684.1.S1_at	0.0062	255	Os06g0589500	Conserved hypothetical protein.
OsAffx.26670.1.S1_at	0.0062	256	---	---
Os.38093.1.S1_at	0.0063	257	Os04g0614700	Conserved hypothetical protein.
Os.5797.1.S1_at	0.0064	258	Os07g0560300	Armadillo-like helical domain containing protein.
Os.12667.1.S1_at	0.0064	259	Os06g0589600	Protein kinase-like domain containing protein.
Os.55550.1.S1_at	0.0064	260	Os02g0702100	Conserved hypothetical protein.
OsAffx.23485.1.S1_at	0.0064	261	Os01g0517800	Protein of unknown function DUF597 family protein.
OsAffx.3179.1.S1_s_at	0.0065	262	Os03g0194500	Mitochondrial import inner membrane translocase, subunit Tim17/22 family protein.
Os.9009.1.S1_x_at	0.0066	263	Os10g0407200	Protein of unknown function DUF962 family protein.
Os.2225.1.S1_at	0.0066	264	Os04g0531100	C2 calcium/lipid-binding region, CaLB domain containing protein.
OsAffx.22181.1.S1_s_at	0.0066	265	Os01g0278000	VQ domain containing protein.
Os.1986.1.S1_at	0.0066	266	Os01g0738300	Protein kinase-like domain containing protein.

Os.45975.1.S1_a_at	0.0066	267	Os03g0389900	Cyclin-like F-box domain containing protein.
Os.10926.1.S1_at	0.0066	268	Os07g0252400	Probable cellulose synthase A catalytic subunit 6 [UDP-forming]. OsCESA6
Os.23734.1.A1_at	0.0068	269	Os11g0169800	Similar to Long-chain-fatty-acid--CoA ligase 4 (EC 6.2.1.3) (Long-chain acyl-CoA synthetase 4) (LACS 4).
Os.51873.1.S1_at	0.0068	270	Os11g0480000	Disease resistance protein family protein.
OsAffx.15372.1.S1_x_at	0.0068	271	Os06g0219400	Protein of unknown function DUF246, plant family protei.
Os.24924.1.S1_at	0.0068	272	Os03g0556600	Curculin-like (mannose-binding) lectin domain containing protein.
Os.13708.1.S1_at	0.0068	273	Os03g0246500	Protein of unknown function DUF869, plant family protein.
Os.25104.1.S1_x_at	0.0068	274	Os02g0760200	C2 calcium/lipid-binding region, CaLB domain containing protein.
OsAffx.15339.1.S1_at	0.0069	275	Os06g0198500	Protein of unknown function DUF985 family protein.
OsAffx.16339.1.S1_s_at	0.0069	276	Os07g0296900	Conserved hypothetical protein.
Os.26380.2.S1_x_at	0.0069	277	Os01g0757600	Conserved hypothetical protein.
Os.8188.1.S1_s_at	0.0069	278	Os07g0673400	Universal stress protein (Usp) family protein.
Os.18178.1.S1_at	0.0069	279	Os03g0127500	b-ZIP transcription factor 25.
Os.7912.1.S1_at	0.0069	280	Os03g0764100	Zinc finger transcription factor ZF1.
Os.49675.1.S1_at	0.0071	281	Os05g0332300	Similar to CBL-interacting protein kinase 2.
Os.15874.1.A1_at	0.0072	282	Os03g0820400	Similar to ZPT2-13.
Os.23468.1.A1_at	0.0071	283	Os09g0452900	Glycosyl transferase, family 31 protein.
Os.57244.1.S1_at	0.0071	284	Os05g0484700	Protein of unknown function DUF295 family protein.
Os.15969.1.S1_a_at	0.0072	285	Os03g0330300	Viral attachment protein, fibre shaft repeat containing protein.
Os.7794.1.S1_at	0.0072	286	Os10g0528400	Glutathione S-transferase, N-terminal domain containing protein.
Os.6671.2.S1_x_at	0.0072	287	Os05g0476700	Similar to Arm repeat protein.
Os.24358.1.A1_at	0.0074	288	Os02g0176700	Similar to Potential calcium-transporting ATPase 9, plasma membrane-type (EC 3.6.3.8) (Ca(2+)-ATPase isoform 9).
Os.54736.1.S1_at	0.0074	289	Os02g0768000	Conserved hypothetical protein.
Os.48184.1.A1_at	0.0075	290	Os07g0586200	Similar to Esterase precursor (EC 3.1.1.-) (Early nodule-specific protein homolog) (Latex allergen Hev b 13).
Os.34982.1.A1_x_at	0.0077	291	Os04g0249600	Rhodanese-like domain containing protein.

OsAffx.2460.1.S1_x_at	0.0077	292	Os01g0949400	Similar to Phytochromobilin synthase precursor.
OsAffx.26266.1.S1_at	0.0077	293	Os04g0380800	Conserved hypothetical protein.
Os.51258.1.S1_at	0.0080	294	Os02g0125000	Conserved hypothetical protein.
Os.5532.1.S1_at	0.0080	295	Os05g0496500	Similar to Latex-abundant protein.
Os.50518.1.S2_at	0.0080	296	Os02g0281200	Similar to NBS-LRR protein (Fragment).
Os.9080.1.S1_at	0.0081	297	Os03g0183800	Similar to Leucine-rich repeat transmembrane protein kinase 1 (Fragment).
Os.5288.1.S1_a_at	0.0081	298	Os02g0802700	Probable monogalactosyldiacylglycerol synthase 3, chloroplastic.
Os.7757.1.S1_at	0.0082	299	Os02g0297600	Protein of unknown function DUF707 family protein.
Os.27915.1.S1_at	0.0082	300	Os02g0134200	Protein of unknown function DUF1645 family protein.
Os.49127.1.S1_at	0.0082	301	Os09g0463300	Protein of unknown function DUF547 domain containing protein.
Os.12968.1.S1_at	0.0082	302	Os06g0220600	Conserved hypothetical protein.
Os.7692.1.S2_at	0.0082	303	Os04g0645100	Tetratricopeptide-like helical domain containing protein.
OsAffx.5568.1.S1_at	0.0083	304	Os07g0573900	Conserved hypothetical protein.
Os.23257.1.A1_at	0.0082	305	Os06g0164400	Basic helix-loop-helix dimerisation region bHLH domain containing protein.
Os.18321.1.S1_at	0.0083	306	Os02g0668100	Polyprenyl synthetase family protein.
Os.46070.1.S1_x_at	0.0082	307	Os10g0118900	Conserved hypothetical protein.
Os.12013.1.S1_a_at	0.0083	308	Os07g0479200	Similar to SL15-like (Fragment).
Os.31344.1.S1_at	0.0083	309	Os01g0858900	Glycosyl transferase, family 29 protein.
Os.8688.1.S1_a_at	0.0083	310	Os07g0445600	Conserved hypothetical protein.
Os.49711.1.S1_at	0.0083	311	Os08g0452500	Auxin responsive SAUR protein family protein.
Os.25122.1.S1_at	0.0084	312	Os06g0320300	HMG-I and HMG-Y, DNA-binding domain containing protein.
Os.16047.1.S1_at	0.0086	313	Os01g0929200	Protein kinase-like domain containing protein.
Os.49731.1.S1_at	0.0087	314	Os02g0324700	Conserved hypothetical protein.
Os.8899.1.S1_x_at	0.0087	315	Os05g0504766	Similar to Polyubiquitin protein (Fragment).
Os.10870.1.S1_at	0.0088	316	Os02g0755400	Similar to RNA recognition motif-containing protein SEB-4.



Os.50596.1.S1_at	0.0090	317	Os04g0483000	Ubiquitin domain containing protein.
Os.49519.1.S1_at	0.0090	318	Os03g0670700	Similar to Glycine-rich RNA-binding, abscisic acid-inducible protein.
Os.54891.1.S1_at	0.0092	319	Os02g0288100	Similar to Pectinesterase (EC 3.1.1.11) (Fragment).
Os.16607.1.S1_at	0.0093	320	Os08g0131200	Plant lipid transfer protein/Par allergen family protein. /Non-specific lipid-transfer protein.
Os.5214.1.S1_at	0.0094	321	Os05g0386900	Reticulon family protein.
Os.14198.1.S1_at	0.0096	322	Os01g0834100	Conserved hypothetical protein.
Os.197.2.S1_x_at	0.0097	323	Os01g0256800	Conserved hypothetical protein.
OsAffx.13544.1.S1_at	0.0098	324	Os03g0803600	Glycosyl transferase, family 31 protein.
Os.4627.1.S1_x_at	0.0099	325	Os07g0678600	CBL-interacting protein kinase 2 (EC 2.7.11.1) / CIPK2.
Os.7939.1.S1_at	0.0099	326	Os05g0584600	AAA ATPase domain containing protein.
Os.8837.1.S1_at	0.0098	327	Os02g0542400	Conserved hypothetical protein.
Os.51954.1.S1_at	0.0098	328	Os01g0750600	Pistil-specific extensin-like protein family protein.
Os.25104.2.S1_at	0.0099	329	Os02g0760200	C2 calcium/lipid-binding region, CaLB domain containing protein.
Os.6055.1.S1_at	0.0100	330	Os08g0345700	Putative pyrophosphate-dependent phosphofructokinase alpha subunit.
OsAffx.31572.1.S1_at	0.0100	331	Os11g0138600	Phosphoglycerate mutase domain containing protein.
Os.50275.1.S1_at	0.0100	332	Os01g0796700	Zinc finger, RING-type domain containing protein.
Os.54871.1.S1_at	0.0101	333	Os08g0502400	Beta-Ig-H3/fasciclin domain containing protein.
OsAffx.11507.1.S1_at	0.0101	334	Os01g0665900	Conserved hypothetical protein.
Os.12288.1.S1_at	0.0101	335	Os08g0237000	Xyloglucan endotransglycosylase/hydrolase protein 8 precursor (EC 2.4.1.207) (End-xyloglucan transferase) (OsXTH8) (OsXRT5) (OsXTH17).
Os.12742.1.A1_at	0.0101	336	Os11g0571900	Targeting for Xklp2 family protein.
OsAffx.23168.1.S1_at	0.0101	337	Os01g0185500	Protein of unknown function DUF1637 family protein.
Os.9424.1.S1_at	0.0102	338	Os04g0455600	Conserved hypothetical protein.
Os.12738.1.S2_a_at	0.0104	339	Os01g0681900	Glutamate synthase 1 [NADH], chloroplastic /NADH dependent Glutamate Synthase precursor (EC 1.4.1.14).
OsAffx.4214.1.S1_x_at	0.0103	340	Os04g0689500	Conserved hypothetical protein.

Os.23303.1.A1_at	0.0104	341	Os03g0377700	Cellulose synthase-like A5. OsCslA5
Os.25470.1.S1_at	0.0105	342	Os01g0380800	Cyclin-like F-box domain containing protein.
Os.41024.1.S1_x_at	0.0106	343	Os01g0534900	Similar to Hv711N16.16 (Fragment).
Os.8890.1.S1_at	0.0106	344	Os03g0748900	RNA-binding region RNP-1 (RNA recognition motif) domain containing protein /Putative arginine-rich protein.
Os.17509.1.S1_at	0.0109	345	Os02g0738600	Endoglucanase 7.
Os.49505.1.S1_at	0.0108	346	Os03g0345300	Conserved hypothetical protein Desiccation-related protein PCC13-62, putative, expressed.
Os.39505.1.S1_at	0.0108	347	Os02g0734400	Caleosin related family protein.
Os.11499.1.S1_at	0.0108	348	Os08g0525000	Ras GTPase family protein. / Putative GTP-binding protein(RAB11G).
Os.23932.1.A1_at	0.0109	349	Os04g0477300	No apical meristem (NAM) protein domain containing protein.
Os.16437.1.S1_at	0.0109	350	Os03g0212200	Leucine-rich repeat, typical subtype containing protein.
Os.11122.1.S1_at	0.0110	351	Os08g0480200	2OG-Fe(II) oxygenase domain containing protein.
Os.2427.1.S1_at	0.0111	352	Os11g0210100	Plant peroxidase family protein.
OsAffx.22270.1.S1_x_at	0.0111	353	Os03g0188600	Conserved hypothetical protein.
Os.23411.1.S1_at	0.0112	354	Os02g0639600	Similar to MLD (Degenerative spermatocyte homolog 1, lipid desaturase) (Migration-inducing gene 15 protein) (Sphingolipid delta 4 desaturase protein DES1).
Os.9009.1.S1_at	0.0113	355	Os10g0407200	Protein of unknown function DUF962 family protein.
Os.24105.1.A1_at	0.0114	356	Os11g0197400	Protein of unknown function DUF803 family protein.
Os.25298.1.S1_at	0.0115	357	Os07g0681700	Glycosyl transferase, family 8 protein.
Os.27911.1.S1_at	0.0115	358	Os01g0745700	Similar to GATA transcription factor 3 (AtGATA-3) / Putative AG-motif binding protein-4.
Os.9713.2.S1_at	0.0114	359	Os05g0595300	Similar to CONSTANS-like protein.
Os.6115.1.S1_at	0.0117	360	Os01g0514700	CLV1 receptor kinase-like protein / Protein kinase domain containing protein.
Os.23549.1.S1_a_at	0.0117	361	Os02g0637800	Protein of unknown function DUF639 family protein.
Os.7940.1.S1_at	0.0123	362	Os06g0531900	Lipolytic enzyme, G-D-S-L family protein.
Os.9696.1.S1_at	0.0122	363	Os08g0503200	Glycerophosphoryl diester phosphodiesterase family protein.
Os.28489.1.S1_at	0.0122	364	Os01g0718000	Zinc finger, A20-type domain containing protein /Zinc finger A20 and AN1 domain-containing stress-associated protein 2 / SAP2.

Os.16446.1.S1_at	0.0123	365	Os06g0326000	HMG-I and HMG-Y, DNA-binding domain containing protein.
Os.31233.2.S1_at	0.0123	366	Os01g0266400	Conserved hypothetical protein.
Os.52742.1.S1_at	0.0123	367	Os05g0199100	Conserved hypothetical protein.
Os.51815.2.S1_x_at	0.0123	368	Os02g0528100	Protein of unknown function DUF662 family protein.
Os.12248.1.S1_at	0.0123	369	Os07g0585500	Conserved hypothetical protein.
Os.51150.1.S1_s_at	0.0123	370	Os06g0604000	Similar to Ethylene response factor 1.
Os.14848.1.S1_at	0.0124	371	Os06g0695600	Zinc finger, RING-type domain containing protein.
Os.8808.1.S1_at	0.0129	372	Os02g0699300	Similar to ADP-ribosylation factor-like protein.
Os.54145.1.S1_at	0.0130	373	Os04g0673700	Conserved hypothetical protein.
Os.11407.1.S1_at	0.0130	374	Os04g0671200	Similar to Suppressor of presenilin 5 (P110b homolog).
Os.6091.1.A1_at	0.0131	375	Os07g0259700	Similar to PRLI-interacting factor G (Fragment).
Os.19183.1.S1_at	0.0131	376	Os01g0143900	Conserved hypothetical protein.
Os.37742.1.S1_at	0.0130	377	Os03g0755100	ABC transporter B family member 25 / OsABCB25.
Os.7279.2.S1_at	0.0133	378	Os10g0195100 Os12g0417000	En/Spm-like transposon proteins family protein / Putative plant transposon protein family protein.
Os.54680.1.S1_at	0.0132	379	Os08g0210500	Non-protein coding transcript, unclassifiable transcript.
Os.3373.1.S1_at	0.0133	380	Os05g0129300	DNA-dependent Basic/leucine zipper protein.
Os.53407.1.S1_at	0.0134	381	Os08g0158600	Similar to Cell wall invertase (EC 3.2.1.26).
Os.18006.1.S1_a_at	0.0137	382	Os01g0958200	Quinonprotein alcohol dehydrogenase-like domain containing protein.
Os.37622.1.S1_at	0.0137	383	Os01g0895200	DOMON related domain containing protein.
OsAffx.13359.1.S1_at	0.0138	384	Os03g0655100	Protein of unknown function DUF1637 family protein.
Os.6143.1.S1_s_at	0.0139	385	Os03g0124300	Conserved hypothetical protein.
Os.14624.1.S1_a_at	0.0139	386	Os01g0834200	ATP synthesis coupled proton transport.
OsAffx.13398.1.S1_at	0.0139	387	---	---

Os.49536.1.S1_at	0.0143	388	Os08g0199400	Similar to Stearoyl-acyl carrier protein desaturase (EC 1.14.99.6) / Acyl-[acyl-carrier-protein] desaturase 6, chloroplastic / Stearoyl-ACP desaturase 6 (EC 1.14.19.2).
Os.24548.1.A1_at	0.0143	389	Os02g0170900	Lytic transglycosylase, catalytic domain containing protein.
Os.7348.1.S1_at	0.0143	390	Os08g0498400	Similar to Caffeoyl-CoA 3-O-methyltransferase (Fragment).
Os.15593.1.S1_at	0.0144	391	Os03g0263900	Calcium-binding EF-hand domain containing protein.
Os.20359.1.S1_at	0.0145	392	Os09g0512800	Similar to Neural Wiskott-Aldrich syndrome protein (N-WASP).
Os.15800.1.S1_x_at	0.0150	393	Os09g0421500	Conserved hypothetical protein.
Os.7832.1.S1_at	0.0149	394	Os03g0121200	Similar to Peroxidase 1.
OsAffx.15019.1.S1_s_at	0.0157	395	Os05g0466700	Conserved hypothetical protein.
OsAffx.5581.1.S1_at	0.0159	396	Os07g0587300	Conserved hypothetical protein.
Os.7911.1.S1_at	0.0161	397	Os01g0369700	Similar to Glutathione S-transferase GST 8 (EC 2.5.1.18).
OsAffx.27459.3.S1_x_at	0.0165	398	Os06g0142350	---
Os.10830.1.S1_at	0.0167	399	Os08g0524800	Similar to TA1 protein (Fragment) / BHLH transcription factor(GBOF-1)-like.
Os.19385.1.S1_at	0.0172	400	Os01g0727500	Protein of unknown function DUF584 family protein.
Os.28109.1.S1_at	0.0172	401	Os12g0145700	Pyruvate kinase family protein (EC 2.7.1.40).
Os.11747.1.S1_at	0.0173	402	Os05g0135800	Similar to Pto kinase interactor 1.
Os.38177.1.S1_at	0.0173	403	Os01g0841500	Similar to C-myb-like transcription factor (Fragment).
Os.8681.1.S1_at	0.0176	404	Os04g0586100	Protein of unknown function DUF581 family protein.
Os.14932.1.S1_at	0.0178	405	Os07g0690400	Similar to Calmodulin-binding protein phosphatase.
Os.24882.1.S1_s_at	0.0179	406	Os02g0185500	Cytochrome P450 family protein.
Os.11730.1.S1_at	0.0179	407	Os05g0287800	Conserved hypothetical protein.
Os.20810.1.S1_at	0.0179	408	Os01g0769000	Conserved hypothetical protein.
Os.17718.1.S1_at	0.0190	409	Os05g0471000	Similar to Ser-thr protein kinase (Fragment).
OsAffx.26384.4.S1_at	0.0189	410	Os04g0586000	Protein of unknown function DUF581 family protein.
Os.4627.2.S1_at	0.0192	411	Os07g0678600	Similar to Serine/threonine protein kinase / CBL-interacting protein kinase 2 (EC 2.7.11.1) / CIPK2.

Os.11708.1.S1_at	0.0192	412	Os03g0203800	Cyclin-like domain containing protein / Cyclin-D5-3 / CYCD5-3.
OsAffx.27459.3.S1_at	0.0196	413	Os06g0142350	---
Os.11385.1.S1_a_at	0.0197	414	Os11g0545300	Ubiquitin-dependent protein catabolic process Peptidase C19, ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 2 family protein.
Os.8775.1.S1_at	0.0199	415	Os07g0249200	Similar to Vesicle-associated membrane protein 724 (AtVAMP724) (SYBL1-like protein).
OsAffx.24158.1.S1_at	0.0201	416	Os02g0176700	Similar to Potential calcium-transporting ATPase 9, plasma membrane-type (EC 3.6.3.8) (Ca(2+)-ATPase isoform 9).
Os.4387.1.S1_at	0.0201	417	Os01g0261200	No apical meristem (NAM) protein domain containing protein.
Os.6302.1.S1_x_at	0.0202	418	Os05g0430300	Protein of unknown function DUF668 family protein.
Os.53722.1.S1_at	0.0203	419	Os03g0426800	Ubiquitin domain containing protein.
Os.152.1.S1_at	0.0202	420	Os11g0104400 Os12g0104400	Similar to W-3 fatty acid desaturase (Fragment) /Fatty acid acyl-CoA desaturase family protein.
Os.17445.1.S1_s_at	0.0203	421	Os03g0388500	Similar to Anther ethylene-upregulated protein ER1 (Fragment).
Os.47982.1.A1_at	0.0202	422	Os01g0177900	ABC-2 type transporter domain containing protein.
Os.10553.1.S1_s_at	0.0202	423	Os01g0867900	Protein of unknown function DUF502 family protein.
Os.10737.1.S1_at	0.0204	424	Os05g0269500	Conserved hypothetical protein.
Os.6053.1.S1_at	0.0204	425	Os02g0678400	dTDP-4-dehydrorhamnose reductase family protein.
Os.32679.1.S1_at	0.0204	426	Os07g0626500	Protein kinase-like domain containing protein.
Os.37337.1.S1_a_at	0.0204	427	Os01g0513100	Hypothetical protein.
Os.37225.1.S1_at	0.0204	428	Os07g0462200	Protein of unknown function DUF1218 family protein.
Os.49731.1.S1_s_at	0.0204	429	Os02g0324700	Conserved hypothetical protein.
Os.26805.2.S1_at	0.0205	430	Os03g0279400	Similar to Arginine biosynthesis bifunctional protein argJ 1 [Includes: Glutamate N-acetyltransferase (EC 2.3.1.35) (Ornithine acetyltransferase) (Ornithine transacetylase) (OATase); Amino-acid acetyltransferase (EC 2.3.1.1) (N-acetylglutamate synthase) (AGS)] [Contains: Arginine biosynthesis bifunctional protein argJ1 .
Os.32752.2.S1_s_at	0.0205	431	Os01g0824600	CBL-interacting protein kinase 11 (EC 2.7.11.1).
Os.27492.1.S1_s_at	0.0206	432	Os10g0167700	Conserved hypothetical protein.
Os.19014.1.S1_at	0.0206	433	Os01g0338600	Conserved hypothetical protein.

Os.38505.1.S1_x_at	0.0206	434	Os03g0766100	Plant lipid transfer/seed storage/trypsin-alpha amylase inhibitor domain containing protein.
Os.10159.1.S1_at	0.0208	435	Os03g0844100	Similar to Pti1 kinase-like protein.
Os.12297.1.S1_at	0.0209	436	Os06g0591600	Similar to Hemoglobin Hb2.
Os.27861.1.S2_a_at	0.0209	437	Os09g0419100	Hypothetical protein.
Os.11344.1.S1_s_at	0.0215	438	Os05g0554000	Conserved hypothetical protein.
Os.33471.1.A1_at	0.0216	439	Os08g0495500	TRAF-like domain containing protein.
OsAffx.2784.1.S1_s_at	0.0216	440	Os02g0493050	Tetratricopeptide-like helical domain containing protein.
Os.56075.1.S1_at	0.0218	441	Os03g0126900	Conserved hypothetical protein.
Os.5287.1.S1_at	0.0219	442	Os03g0646400	Conserved hypothetical protein.
Os.6055.3.S1_x_at	0.0219	443	Os08g0345700	Putative pyrophosphate-dependent phosphofructokinase alpha subunit.
Os.7207.1.S1_at	0.0220	444	Os03g0622500	Hypothetical protein.
Os.11440.1.S1_at	0.0220	445	Os03g0436400	Similar to A.thaliana gene induced upon wounding stress.
Os.27861.1.S1_a_at	0.0224	446	Os09g0419100	Hypothetical protein.
Os.4929.1.S1_at	0.0223	447	Os06g0663200	Similar to Protein kinase APK1B, chloroplast precursor (EC 2.7.1.-).
Os.50220.1.S1_at	0.0225	448	Os08g0164800	RNA-dependent DNA replication.
Os.23095.1.S1_at	0.0227	449	---	---
Os.47980.1.S1_at	0.0227	450	Os04g0169500	Protein of unknown function DUF668 family protein.
Os.16001.1.S1_at	0.0226	451	Os04g0505300	Conserved hypothetical protein.
Os.7285.1.S1_at	0.0226	452	Os05g0518600	Similar to SL-TPS/P(TPS1).
Os.10061.1.S1_at	0.0227	453	Os07g0583600	Chitin indusible gibberellin responsive gene 2.
Os.26828.2.S1_at	0.0227	454	Os11g0448000	Surface protein from Gram-positive cocci, anchor region domain containing protein.
Os.17240.1.S1_at	0.0227	455	Os05g0405900	WD40-like domain containing protein.
Os.6258.1.S1_a_at	0.0228	456	Os01g0856500	Auxin mediated signaling pathway Auxin transporter-like protein 1.
Os.54156.1.S1_x_at	0.0229	457	Os01g0867600	Putative UDP-glucose:sterol glucosyltransferase / Similar to UDP-glucose:sterol glucosyltransferase (EC 2.4.1.173).
Os.1445.1.S1_at	0.0230	458	Os01g0160100	Putative pyruvate decarboxylase.

OsAffx.12874.1.S1_at	0.0232	459	Os03g0259700	Protein of unknown function DUF1630 family protein.
Os.3049.1.S1_at	0.0233	460	Os10g0554100	Oxysterol-binding protein family protein.
OsAffx.3864.1.S1_x_at	0.0232	461	Os04g0297800	Conserved hypothetical protein.
Os.5542.1.S1_at	0.0232	462	Os02g0649800	Similar to Cytochrome B5 homolog (Fragment).
Os.47960.1.S1_at	0.0232	463	Os11g0148400	Conserved hypothetical protein.
Os.37113.1.S1_at	0.0232	464	Os01g0829100	Major sperm protein domain containing protein.
Os.28078.1.S1_at	0.0234	465	Os01g0936800	PapD-like domain containing protein.
Os.27524.2.S1_at	0.0235	466	Os12g0126800	Regulation of nuclear pre-mRNA protein domain containing protein.
Os.11429.1.S1_at	0.0237	467	Os01g0143800	Mitochondrial glycoprotein family protein.
Os.49256.1.S1_at	0.0238	468	Os08g0243100	4'-phosphopantetheinyl transferase domain containing protein.
Os.34819.1.S1_at	0.0242	469	Os07g0407700	Hypothetical protein.
Os.30696.1.S1_at	0.0243	470	Os01g0198500	Conserved hypothetical protein.
Os.8949.1.S1_at	0.0245	471	Os08g0339200	Protein of unknown function DUF516 family protein.
Os.2998.1.S1_at	0.0246	472	Os10g0579100	Protein of unknown function DUF221 domain containing protein.
Os.25560.1.S1_at	0.0248	473	Os02g0645100	Kinesin, motor region domain containing protein / Putative kinesin heavy chain.
Os.7028.1.S1_at	0.0248	474	Os02g0681200	Zinc finger, RING-type domain containing protein.
Os.54420.1.S1_x_at	0.0248	475	Os01g0276900	Conserved hypothetical protein.
Os.55555.1.S1_at	0.0249	476	Os03g0646400	Conserved hypothetical protein.
Os.6254.1.S1_at	0.0252	477	Os02g0190500	Putative leucine-rich repeat transmembrane protein kinase / Protein kinase domain containing protein.
OsAffx.18871.1.S1_at	0.0254	478	---	---
Os.12788.1.S1_at	0.0253	479	Os01g0210600	Protein of unknown function DUF538 family protein.
Os.54020.2.S1_x_at	0.0254	480	Os03g0244600	Similar to AUX1-like protein.
OsAffx.21616.1.S1_s_at	0.0254	481	---	---
Os.53158.1.S1_at	0.0260	482	Os11g0648100	Kinesin, motor region domain containing protein.
OsAffx.6495.1.S1_at	0.0260	483	Os09g0539500	SKP1 component family protein / ubiquitin-dependent protein catabolic process.

Os.11548.1.S1_at	0.0259	484	Os03g0762400	Similar to Peroxidase2 precursor (EC 1.11.1.7).
Os.6990.1.S1_at	0.0264	485	Os09g0513600	Similar to Serine/threonine-protein kinase PBS1 (EC 2.7.1.37) (AvrPphB susceptible protein 1).
Os.25227.1.S1_s_at	0.0266	486	Os01g0736400	Aminotransferase, class I and II domain containing protein.
Os.37255.1.A1_at	0.0266	487	Os06g0141600	Early nodulin 93 ENOD93 protein family protein.
Os.14216.1.S1_at	0.0271	488	Os01g0976700	Similar to Protein phosphatase 2C-like protein.
Os.27805.1.S1_at	0.0271	489	Os03g0684400	Magnesium transporter MRS2-A, chloroplastic / MRS2-A.
Os.51595.1.S1_at	0.0271	490	Os01g0652300	Similar to Lipase-like protein.
Os.51174.1.S1_at	0.0271	491	Os03g0239000	Glycoside hydrolase, family 16 domain containing protein.
Os.55498.1.S1_at	0.0270	492	---	---
Os.9137.1.S1_at	0.0272	493	Os12g0581700	Conserved hypothetical protein.
Os.23656.1.A1_at	0.0273	494	Os04g0672300	Conserved hypothetical protein.
Os.9127.1.S1_a_at	0.0273	495	Os06g0194900	Sucrose synthase 2 (EC 2.4.1.13).
Os.10798.1.S1_at	0.0273	496	Os03g0266800	Protein kinase-like domain containing protein.
Os.27951.1.S1_at	0.0273	497	Os08g0116900	Similar to Avr9 elicitor response-like protein.
Os.14624.1.S1_x_at	0.0274	498	Os01g0834200	ATP synthesis coupled proton transport.
Os.4616.1.S1_at	0.0273	499	Os02g0712400	Similar to AP2 domain containing protein RAP2.9 (Fragment).
Os.47357.1.A1_at	0.0273	500	Os03g0169900	Conserved hypothetical protein.
OsAffx.25696.1.S1_s_at	0.0273	501	Os03g0741600	Prenylated rab acceptor PRA1 family protein.
Os.33750.1.S1_at	0.0276	502	Os01g0781600	Conserved hypothetical protein.
Os.51187.1.S1_at	0.0276	503	Os10g0437000	Glycosyl transferase, family 14 protein.
OsAffx.8617.1.S1_at	0.0276	504	---	---
Os.13911.1.S1_at	0.0277	505	Os03g0766100	Plant lipid transfer/seed storage/trypsin-alpha amylase inhibitor domain containing protein.
Os.16220.1.A1_at	0.0283	506	Os06g0130400	Similar to 1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase (EC 4.4.1.14) (Fragment).
Os.5920.1.S1_at	0.0283	507	Os01g0726100	Pollen Ole e 1 allergen and extensin domain containing protein.
Os.54415.1.S1_at	0.0284	508	Os04g0591300	Conserved hypothetical protein.



Os.21326.1.S1_at	0.0285	509	Os05g0511400	Similar to Protein kinase GhCLK1 (Fragment).
Os.5182.1.S1_at	0.0290	510	Os02g0644200	Protein of unknown function DUF125, transmembrane family protein.
Os.6764.1.S1_at	0.0291	511	Os04g0635600	Conserved hypothetical protein.
OsAffx.30138.1.S1_at	0.0291	512	---	---
Os.19277.1.S1_at	0.0291	513	Os07g0133500	Protein of unknown function DUF1005 family protein.
OsAffx.17989.1.S1_at	0.0293	514	Os09g0513600	Similar to Serine/threonine-protein kinase PBS1 (EC 2.7.1.37) (AvrPphB susceptible protein 1).
Os.26817.1.S1_at	0.0295	515	Os10g0561300	Similar to Monosaccharid transporter / Hexose carrier protein HEX6, putative, expresse.
Os.37217.1.S1_at	0.0296	516	Os03g0822400	Conserved hypothetical protein.
Os.52657.1.S1_at	0.0296	517	Os04g0504700	Conserved hypothetical protein.
Os.47950.1.S1_at	0.0302	518	Os04g0606500	Conserved hypothetical protein.
Os.21300.2.S1_at	0.0304	519	Os01g0612500	Phospholipase/Carboxylesterase family protein.
Os.11608.1.S1_at	0.0304	520	Os01g0741900	Auxin-responsive protein IAA6.
Os.43143.1.S1_at	0.0305	521	Os01g0495900	Similar to CRS2-associated factor 1.
Os.34960.1.S1_at	0.0308	522	Os07g0691300	Wound-induced WI12 family protein.
Os.20645.1.S1_at	0.0309	523	Os07g0200000	Conserved hypothetical protein.
Os.17189.1.S1_at	0.0308	524	Os05g0516800	Putative GTP-binding protein RIC2 / small GTPase mediated signal transduction.
Os.46881.1.S1_at	0.0308	525	Os10g0544600	Fibrillarin family protein.
Os.7212.1.S1_at	0.0309	526	Os10g0162400	Protein of unknown function DUF869, plant family protein.
Os.27595.1.S2_at	0.0309	527	Os08g0341700	Similar to Phosphatidylinositol transfer-like protein II.
OsAffx.27550.1.S1_at	0.0309	528	Os06g0205600	MscS Mechanosensitive ion channel family protein.
Os.8275.1.S1_at	0.0311	529	Os05g0567800	Similar to Integral membrane protein.
Os.20775.1.S1_at	0.0314	530	Os09g0501600	Similar to MYC1.
Os.12636.1.S1_at	0.0315	531	Os11g0121400 Os12g0121100	Similar to Protein kinase APK1A, chloroplast precursor (EC 2.7.1.-).
OsAffx.17989.1.S1_s_at	0.0315	532	Os09g0513600	Similar to Serine/threonine-protein kinase PBS1 (EC 2.7.1.37) (AvrPphB susceptible protein 1).

Os.12769.1.S1_at	0.0315	533	---	---
Os.27495.1.A1_at	0.0317	534	Os03g0356638	Pleckstrin-like domain containing protein.
Os.38305.1.A2_a_at	0.0316	535	Os09g0248000	Protein of unknown function DUF516 family protein.
Os.15830.1.S1_at	0.0316	536	Os05g0475400	Similar to Alanine:glyoxylate aminotransferase-like protein (Fragment).
Os.49605.1.A1_at	0.0320	537	Os03g0806700	Protein of unknown function DUF868, plant family protein.
Os.14624.1.S1_at	0.0321	538	Os01g0834200	ATP synthesis coupled proton transport.
Os.26261.1.S1_at	0.0321	539	Os01g0876400	Galactose-binding like domain containing protein.
Os.5101.1.S1_at	0.0322	540	Os05g0223000	Similar to Calmodulin-related protein (Fragment).
Os.16785.1.S1_at	0.0327	541	Os10g0377800	Similar to Pyridoxamine 5-phosphate oxidase.
Os.26359.1.S1_a_at	0.0328	542	Os02g0775400	Similar to Kinesin heavy chain-like protein (Fragment).
Os.6764.2.S1_at	0.0328	543	Os04g0635400	Conserved hypothetical protein.
OsAffx.14373.1.S1_s_at	0.0331	544	Os04g0610400	Similar to AP2 domain containing protein RAP2.6 (Fragment).
Os.7521.1.S1_at	0.0331	545	Os06g0223800	Armadillo-like helical domain containing protein.
Os.9025.1.A1_s_at	0.0331	546	Os01g0909500	Zinc finger, C2H2-type domain containing protein.
Os.53969.1.S1_at	0.0330	547	Os03g0349200	Similar to Cyclin-dependent protein kinase-like protein.
OsAffx.121.1.S1_s_at	0.0332	548	Os10g0452500	Similar to Glycine-rich protein precursor.
Os.9704.1.S1_at	0.0332	549	Os01g0228500	Harpin-induced 1 domain containing protein.
OsAffx.11145.1.S1_s_at	0.0337	550	Os01g0318400	Conserved hypothetical protein.
Os.33391.1.S1_at	0.0339	551	Os01g0756700	Similar to Potassium channel (Fragment) / Potassium channel KAT3.
Os.56033.1.S1_at	0.0339	552	Os04g0481800	Membrane bound O-acyl transferase, MBOAT family protein.
Os.25372.1.S1_at	0.0339	553	Os05g0512400	Conserved hypothetical protein.
Os.2623.1.S1_at	0.0339	554	Os01g0851700	Similar to Cytosolic starch phosphorylase (Fragment) / Phosphorylase (EC 2.4.1.1).
Os.39997.2.S1_a_at	0.0340	555	Os01g0384450 Os09g0122500	Hypothetical protein.
Os.50534.1.S1_at	0.0340	556	Os04g0410600	Similar to Purple acid phosphatase.

Os.12692.1.S1_x_at	0.0343	557	Os03g0726100	Similar to Tubulin alpha-1 chain (Alpha-1 tubulin).
Os.10176.1.S1_at	0.0344	558	Os07g0208500	Cellulose synthase A8 (OsCESA8).
Os.8064.1.S1_at	0.0343	559	Os04g0602500	Similar to Pectin acetylerase.
OsAffx.5572.1.S1_at	0.0343	560	Os07g0577300	Glycoside hydrolase, family 17 protein.
OsAffx.5291.1.S1_s_at	0.0343	561	Os07g0213600	Plant lipid transfer/seed storage/trypsin-alpha amylase inhibitor domain containing protein.
Os.1991.1.S1_at	0.0345	562	---	---
Os.54189.1.S1_at	0.0345	563	Os12g0277400	U box domain containing protein.
Os.16683.1.S1_at	0.0346	564	Os11g0129700	Similar to AP2-1 protein (Fragment).
Os.4739.1.S1_at	0.0346	565	Os08g0408200	Similar to GAMYB-binding protein (Fragment).
Os.10382.1.S1_at	0.0347	566	Os07g0176200	Tesmin/TSO1-like, CXC domain containing protein.
Os.10034.1.S1_at	0.0346	567	Os07g0624700	UMP/CMP kinase a (EC 2.7.1.48).
Os.50196.1.S1_x_at	0.0349	568	Os08g0496000	Cytochrome oxidase assembly family protein / Putative cytochrome c oxidase subunit 15(COX15) homolog isoform 1.
Os.4179.1.S1_at	0.0349	569	Os02g0528200	Branching enzyme-3 precursor (BEI1b) (EC 2.4.1.18).
Os.18599.1.S1_at	0.0349	570	Os03g0793800	Plant lipid transfer/seed storage/trypsin-alpha amylase inhibitor domain containing protein.
Os.33208.1.S1_at	0.0348	571	Os03g0264000	ASC1-like protein 3 (Alternaria stem canker resistance-like protein 3).
Os.47410.1.S1_at	0.0351	572	Os07g0581000	Protein of unknown function DUF250 domain containing protein.
Os.18247.1.S1_a_at	0.0351	573	Os03g0254900	Zinc finger, RING-type domain containing protein.
OsAffx.17970.1.S1_at	0.0350	574	Os09g0484200	Conserved hypothetical protein.
Os.167.1.S1_at	0.0350	575	Os06g0178900	Vacuolar H <sup>+</sup> -pyrophosphatase (EC 3.6.1.1) (Ovp2).
Os.39876.1.S1_at	0.0352	576	Os04g0568700	Similar to Heat stress transcription factor Spl7 (Heat shock transcription factor) (Heat shock factor RHSF10)
OsAffx.16829.1.S1_s_at	0.0352	577	Os08g0142900	Conserved hypothetical protein.
Os.54684.1.S1_at	0.0351	578	Os03g0301800	Similar to Kinesin-like polypeptides 9 (Fragment).
Os.51173.1.S1_at	0.0351	579	Os11g0195800	Conserved hypothetical protein.
Os.54488.1.S1_at	0.0355	580	Os09g0369500	Conserved hypothetical protein.
Os.329.1.S1_at	0.0360	581	Os04g0650300	Hypothetical protein.

Os.22730.1.S1_at	0.0360	582	Os03g0267200	Low molecular mass heat shock protein Oshsp17.7. / 17.7 kDa class I heat shock protein.
Os.11919.1.S1_at	0.0362	583	Os01g0934100	C2 calcium/lipid-binding region, CaLB domain containing protein.
OsAffx.27248.1.S1_x_at	0.0363	584	Os05g0477900	Similar to Nonspecific lipid-transfer protein 1 (LTP 1) (Major allergen Pru d 3).
Os.49105.1.S1_at	0.0363	585	Os02g0668000	MscS Mechanosensitive ion channel family protein.
Os.12692.1.S1_at	0.0365	586	Os03g0726100	Similar to Tubulin alpha-1 chain (Alpha-1 tubulin).
Os.10861.1.S1_at	0.0366	587	Os11g0183900	Similar to Aspartic proteinase Asp1 precursor (EC 3.4.23.-) (OsAsp1) (Nucellin- like protein).
Os.53095.1.S1_at	0.0365	588	Os04g0561900	Peptidase S9A, prolyl oligopeptidase family protein.
Os.16303.3.S1_x_at	0.0365	589	Os01g0625200	Kinesin, motor region domain containing protein.
OsAffx.26856.1.S1_at	0.0365	590	Os05g0215300	UDP-glucuronosyl/UDP-glucosyltransferase family protein.
Os.54145.2.S1_at	0.0367	591	Os04g0673700	Conserved hypothetical protein.
Os.8294.1.S1_at	0.0372	592	Os02g0186500	Similar to Protein kinase-like protein.
Os.24496.1.S1_at	0.0373	593	Os01g0236000	Conserved hypothetical protein.
Os.7347.1.S1_at	0.0373	594	Os03g0837800	Endoplasmic reticulum ERp29-type, C-terminal domain containing protein.
Os.7705.1.S1_at	0.0373	595	Os04g0635500	Similar to Wound induced protein (Fragment).
OsAffx.2883.1.S1_at	0.0374	596	---	---
Os.27242.1.S1_at	0.0379	597	Os04g0616501	---
Os.16456.1.S1_at	0.0381	598	Os07g0438600	Proteinase inhibitor, propeptide domain containing protein.
Os.10894.1.S1_s_at	0.0384	599	Os03g0780600	Tubulin beta-1 chain (Beta-1 tubulin).
Os.55015.1.S1_at	0.0389	600	---	---
Os.47982.1.A1_x_at	0.0390	601	Os01g0177900	ABC-2 type transporter domain containing protein.
OsAffx.5056.1.S1_x_at	0.0390	602	Os06g0589600	Protein kinase-like domain containing protein.
OsAffx.14928.1.S1_at	0.0390	603	---	---
Os.12074.1.S1_at	0.0390	604	Os07g0195100	Similar to Ras-related protein ARA-3.
Os.16036.1.S1_at	0.0389	605	Os11g0198200	Conserved hypothetical protein.
Os.14092.1.S1_at	0.0389	606	Os02g0667100	Conserved hypothetical protein.

Os.7371.1.S1_s_at	0.0391	607	Os03g0114800	Protein of unknown function DUF791 family protein.
Os.15463.1.S1_x_at	0.0393	608	Os03g0334700	Similar to Potential phospholipid-transporting ATPase VB (EC 3.6.3.1).
Os.37773.1.S1_at	0.0393	609	Os03g0267000	Low molecular mass heat shock protein Oshsp18.0 / 18.1 kDa class I heat shock protein.
Os.52787.1.S1_at	0.0399	610	Os05g0584516	Hypothetical protein.
Os.17797.1.A1_at	0.0399	611	Os02g0669500	Protein of unknown function DUF241, plant family protein.
Os.18081.1.S1_at	0.0400	612	Os06g0712500	Similar to Glycosyltransferase QUASIMODO1 (EC 2.4.1.-).
Os.14979.1.S1_at	0.0399	613	Os03g0808100	Cellulose synthase A2 (OsCESA2).
Os.51807.1.S1_at	0.0399	614	---	---
Os.55543.1.S1_at	0.0404	615	---	---
Os.2694.1.S1_at	0.0406	616	Os04g0511200	EFA27 for EF hand, abscisic acid, 27kD.
Os.24868.2.S1_x_at	0.0415	617	Os01g0715400	Glycoside hydrolase family 13 protein.
Os.20060.1.S1_at	0.0419	618	Os03g0149800	Similar to RING-H2 finger protein ATL1D.
Os.38638.4.S1_s_at	0.0418	619	Os06g0142400	Early nodulin.
Os.20211.1.S1_at	0.0421	620	Os10g0510700	Similar to Calcium-dependent protein kinase-related kinase (Fragment).
Os.5878.1.S1_at	0.0421	621	Os08g0305300	Protein prenyltransferase domain containing protein.
Os.42688.1.S1_x_at	0.0423	622	Os01g0875500	Similar to Beta-galactosidase (EC 3.2.1.23).
Os.24799.1.S1_at	0.0429	623	Os03g0852000	Conserved hypothetical protein.
Os.27178.1.S1_s_at	0.0431	624	Os04g0637000	Similar to Basic leucine zipper protein (Liguleless2).
Os.21902.1.S1_at	0.0430	625	Os09g0456100	Remorin, C-terminal region domain containing protein.
Os.953.1.S2_at	0.0431	626	Os01g0730300	Trehalose-6-phosphate synthase 3. (TPS3)
Os.51654.1.S1_at	0.0432	627	Os06g0679500	Similar to Avr9 elicitor response-like protein.
Os.52799.1.S1_at	0.0432	628	Os08g0128000	Galactose oxidase, central domain containing protein.
Os.11802.1.S1_at	0.0432	629	Os03g0726500	Conserved hypothetical protein.
Os.16810.1.S1_at	0.0435	630	Os03g0211400	Calmodulin-binding, plant family protein.
Os.10473.1.S1_at	0.0437	631	Os12g0443500	Similar to UDP-glucose 6-dehydrogenase (EC 1.1.1.22) (UDP-Glc dehydrogenase) (UDP-GlcDH) (UDPGDH).

Os.49571.1.S1_at	0.0436	632	Os03g0261800	Conserved hypothetical protein.
Os.22714.1.A1_at	0.0436	633	Os07g0572300	Protein of unknown function DUF868, plant family protein.
Os.28087.1.S1_s_at	0.0435	634	Os10g0539900	Tonoplast monosaccharide transporter 1 (TMT1).
Os.10468.1.S1_at	0.0435	635	Os03g0724600	Conserved hypothetical protein.
Os.9666.1.S1_at	0.0435	636	Os09g0267600	Snf7 family protein.
Os.27657.1.A1_at	0.0436	637	Os04g0588600	ABC transporter, transmembrane region, type 1 domain containing protein.
Os.49658.1.S1_at	0.0435	638	Os05g0534400	Similar to Calcineurin B-like protein 4 (SALT OVERLY SENSITIVE 3 protein).
Os.45894.1.S1_x_at	0.0435	639	Os01g0283600	Similar to Cinnamoyl-CoA reductase (EC 1.2.1.44).
Os.36472.1.S1_x_at	0.0437	640	Os03g0825600	Conserved hypothetical protein.
Os.16408.1.S1_at	0.0438	641	Os03g0295300	Conserved hypothetical protein.
Os.46548.2.S1_at	0.0442	642	---	---
OsAffx.25891.1.S1_at	0.0442	643	---	---
Os.7650.1.S1_at	0.0441	644	Os03g0251800	Similar to Possible OmpA family member precursor.
Os.9892.2.S1_at	0.0441	645	Os01g0875500	Similar to Beta-galactosidase (EC 3.2.1.23).
Os.26384.1.S1_at	0.0442	646	Os09g0465600	Similar to Glucose-6-phosphate isomerase-like protein (Fragment).
Os.17079.1.S1_at	0.0442	647	Os04g0680800	Mlo-related protein family protein.
Os.53048.1.S1_at	0.0444	648	Os02g0143200	Armadillo-like helical domain containing protein.
Os.49166.1.S1_s_at	0.0446	649	Os08g0397800	Conserved hypothetical protein.
Os.50940.1.S1_a_at	0.0448	650	Os07g0148400	DNA integration.
Os.23635.1.S1_at	0.0447	651	Os01g0847100	Conserved hypothetical protein.
Os.6670.1.S1_at	0.0447	652	Os03g0704700	Oxysterol-binding protein family protein.
Os.24952.1.S1_at	0.0451	653	Os04g0673300	A-type response regulator 6.
Os.12187.1.S1_at	0.0452	654	Os11g0213600	Peptidase S10, serine carboxypeptidase family protein.
Os.23377.1.A1_s_at	0.0452	655	---	---
Os.11627.1.S1_at	0.0453	656	Os01g0673500	Similar to Katanin p60 ATPase-containing subunit A1 (EC 3.6.4.3) (Katanin p60 subunit A1) (p60 katanin). Splice isoform 2.

Os.10951.1.S1_at	0.0453	657	Os01g0265200	3'-Phosphoadenosine 5'-Phosphosulfate Transporter1 (OsPAPST1).
Os.19388.1.S1_at	0.0454	658	Os03g0854100	Similar to ARF GAP-like zinc finger-containing protein ZIGA2 (Fragment).
Os.7043.1.S1_at	0.0454	659	Os12g0541700	Similar to Rapid alkalization factor 2.
Os.21836.1.S1_at	0.0455	660	Os01g0647700	Epoxide hydrolase family protein.
Os.11046.1.S1_at	0.0455	661	Os06g0592500	Similar to Ethylene-responsive transcriptional coactivator.
Os.11781.1.S1_at	0.0458	662	Os02g0766700	b-ZIP transcription factor 23 (OsbZIP23, OsAREB1).
Os.41248.1.S1_at	0.0457	663	Os01g0327000	Conserved hypothetical protein.
Os.28068.1.S1_at	0.0462	664	Os04g0530200	Conserved hypothetical protein.
Os.12821.1.S1_at	0.0464	665	Os03g0279200	Similar to Histone H2A.
Os.54466.1.S1_at	0.0464	666	Os04g0681600	Protein of unknown function DUF580 family protein.
Os.51952.1.S1_x_at	0.0464	667	Os09g0419500	Zinc finger, RING-type domain containing protein.
Os.13994.1.S1_at	0.0467	668	Os01g0725900	Pollen Ole e 1 allergen and extensin domain containing protein.
Os.27988.1.A1_at	0.0467	669	Os04g0509300	Protein of unknown function DUF283 domain containing protein.
Os.48959.1.S1_at	0.0468	670	Os03g0332900	Protein kinase-like domain containing protein.
OsAffx.27480.1.S1_at	0.0469	671	Os06g0164400	Basic helix-loop-helix dimerisation region bHLH domain containing protein.
Os.47982.2.S1_x_at	0.0469	672	Os01g0177900	ABC-2 type transporter domain containing protein.
Os.51604.1.S1_at	0.0470	673	---	---
Os.8225.1.S1_at	0.0471	674	Os03g0266100	LIM, zinc-binding domain containing protein.
Os.7393.1.S1_at	0.0472	675	Os07g0112700	Cupredoxin domain containing protein.
Os.10894.1.S1_at	0.0473	676	Os03g0780600	Beta-tubulin 7 (OsTUB7, TUBB7, pTUB22).
Os.6363.1.S1_at	0.0475	677	Os10g0524600	Proteinase inhibitor, propeptide domain containing protein.
Os.46462.2.S1_x_at	0.0481	678	Os10g0112600	Nonaspanin (TM9SF) family protein.
Os.26698.4.S1_s_at	0.0482	679	Os01g0303800	Universal stress protein (Usp) family protein.
Os.7470.1.S1_at	0.0485	680	Os04g0550700	Conserved hypothetical protein.
Os.11396.1.S1_at	0.0485	681	Os01g0908700	Similar to Hnrpa2b1-prov protein.

Os.10010.1.S1_at	0.0487	682	Os11g0587500	RabGAP/TBC domain containing protein.
Os.53645.1.S1_at	0.0489	683	Os09g0345700	Conserved hypothetical protein.
Os.5547.1.S1_s_at	0.0498	684	Os01g0742500	Hexokinase-6.
Os.22341.1.S1_at	0.0498	685	Os01g0357900	Similar to RALF.
Os.5388.1.S1_at	0.0497	686	Os02g0643000	Similar to VAP27.



Supplemental Table 2 追肥群で発現上昇したプローブ一覧

■: Photosynthesis, light harvesting, ■: Trehalose biosynthetic process, ■: Carbon fixation, ■: Cell wall organization, ■: Cellular amino acid biosynthetic process, ■: Related to storage substances.

Probe ID	FDR	rank	RAP-DB ID	RAP-DB annotation
Os.16037.1.S1_at	0.0000	1	---	---
OsAffx.4277.1.S1_s_at	0.0000	2	Os05g0179900	UDP-glucuronosyl/UDP-glucosyltransferase family protein
Os.20396.1.A1_at	0.0000	3	Os02g0456150	11-S plant seed storage protein family protein.
Os.34729.1.S1_at	0.0000	4	Os07g0691600	Similar to Alcohol dehydrogenase (Fragment).
Os.20396.1.A1_s_at	0.0000	5	Os02g0456150	11-S plant seed storage protein family protein.
Os.12277.1.S1_at	0.0000	6	Os06g0131300	Arginine decarboxylase 1 (OsADC1, ARGDC, ADC)
Os.12986.1.S1_at	0.0000	7	Os04g0526800	GRAM domain containing protein
OsAffx.2749.1.S1_at	0.0000	8	Os02g0456150	11-S plant seed storage protein family protein
Os.51791.1.S1_at	0.0000	9	Os03g0165900	Tetratricopeptide-like helical domain containing protein
OsAffx.17895.1.S1_s_at	0.0000	10	---	---
Os.36350.1.A1_at	0.0000	11	Os04g0173300	Hypothetical protein
Os.55155.1.S1_at	0.0000	12	Os02g0249500	Hypothetical protein.
Os.39764.1.S1_at	0.0000	13	Os11g0239800	---
OsAffx.26461.1.S1_at	0.0000	14	Os04g0528000	Protein of unknown function DUF789 family protein
Os.39764.1.S1_x_at	0.0000	15	Os11g0239800	---
Os.55368.1.S1_at	0.0000	16	Os05g0145100	Conserved hypothetical protein
Os.16203.1.S1_at	0.0000	17	Os01g0977300	Similar to MYB-related protein.
OsAffx.26050.37.S1_s_at	0.0000	18	Os01g0791600 Os05g0427800 Os12g0207600	Similar to Ribulose biphosphate carboxylase large chain precursor (EC 4.1.1.39) (Rubisco large subunit)
Os.15271.1.S1_s_at	0.0000	19	---	---
Os.4742.1.S1_at	0.0001	20	Os07g0137900	Similar to Grb10 interacting GYF protein 2

Os.51479.1.S1_at	0.0001	21	---	---
Os.10255.1.S1_s_at	0.0001	22	---	---
Os.7016.1.S1_at	0.0001	23	Os03g0304800	Lg106-like family protein
Os.49281.1.S1_s_at	0.0001	24	Os06g0317200	Similar to Homeobox protein Hox-D11 (Hox-4.6) (Hox-5.5).
Os.14745.2.S1_at	0.0001	25	Os11g0644700	Conserved hypothetical protein
Os.26517.1.S1_at	0.0001	26	Os02g0671100	Protein of unknown function DUF295 family protein
OsAffx.19111.1.S1_s_at	0.0001	27	Os11g0521500	Similar to Acyl carrier protein, chloroplast precursor (ACP) (ACP05) (Clone 29C08).
Os.27290.1.A1_at	0.0001	28	Os06g0172800	Raffinose synthase family protein
Os.8502.2.S1_a_at	0.0001	29	Os05g0329300	---
OsAffx.31140.1.S1_at	0.0001	30	Os11g0451700	Similar to Dehydrin DHN1 (M3) (RAB-17 protein)
OsAffx.5287.1.S1_s_at	0.0001	31	Os07g0207400	Similar to RF12 protein (Fragment).
Os.51848.1.S1_x_at	0.0001	32	Os10g0450900	Similar to Glycine-rich cell wall structural protein 2 precursor
Os.26511.1.S1_at	0.0002	33	Os04g0583200	Conserved hypothetical protein
Os.26516.1.S2_s_at	0.0002	34	Os10g0431000	Similar to DNA-binding protein-like
Os.16042.1.S1_at	0.0002	35	Os05g0551500	Protein of unknown function DUF1639 family protein.
Os.28301.1.S1_at	0.0002	36	Os07g0147500	Similar to Photosystem II 10 kDa polypeptide, chloroplast precursor [AK062172/AK120691]
Os.9172.2.S1_at	0.0002	37	Os02g0115700	Catalase isozyme A (EC 1.11.1.6) (CATA1, Cat A1*, OSCAT-A, Cat2, CatA1, CAT-A, OsCatA)
OsAffx.12121.1.S1_at	0.0002	38	Os02g0296400	Cell differentiation proteins, Rcd1-like family protein
Os.5534.1.S1_at	0.0002	39	Os07g0243150	Conserved hypothetical protein
Os.23143.1.S1_at	0.0002	40	Os09g0491740	Auxin Efflux Carrier family protein.
OsAffx.4971.1.S1_at	0.0002	41	Os06g0498150	Hypothetical protein.
Os.19764.1.S1_at	0.0002	42	Os01g0185200	Putative tRNA-glutamine synthetase
Os.16112.1.S1_s_at	0.0002	43	Os06g0498150	Hypothetical protein.
Os.53090.1.S1_at	0.0002	44	Os05g0369500	Exo70 exocyst complex subunit family protein.
OsAffx.26050.2.S2_x_at	0.0002	45	Os01g0791033	Similar to Ribulose bisphosphate carboxylase large chain precursor (EC 4.1.1.39) (Rubisco large subunit).

Os.22946.1.S1_at	0.0003	46	Os06g0715400	Calcium-dependent protein kinase CPK1 adapter protein 2-like.
Os.7622.1.S1_at	0.0003	47	Os04g0527000	GRAM domain containing protein.
Os.11327.1.S1_at	0.0003	48	Os03g0291500	Asparagine synthase domain containing protein.
Os.22197.1.S1_at	0.0004	49	Os06g0306600	Esterase/lipase/thioesterase domain containing protein Putative esterase.
OsAffx.32328.1.S1_at	0.0004	50	Os04g0238700	Similar to Photosystem II reaction center H protein (Photosystem II 10kDa phosphoprotein) (PSII-H).
OsAffx.30673.1.S1_at	0.0004	51	Os10g0489000	GRAM domain containing protein.
Os.4742.1.S2_at	0.0004	52	Os07g0137900	Similar to Grb10 interacting GYF protein 2.
Os.52448.1.S1_x_at	0.0004	53	Os03g0793100	Glycosyl transferase, family 43 protein.
OsAffx.32299.1.S1_at	0.0005	54	---	---
Os.30528.1.S1_at	0.0005	55	Os08g0412800	Protein of unknown function DUF1262 family protein.
Os.25447.2.S1_at	0.0005	56	Os05g0588800	Similar to Yarrowia lipolytica chromosome D of strain CLIB99 of Yarrowia lipolytica.
Os.24100.1.A1_at	0.0005	57	Os07g0272800	Hypothetical protein.
Os.9153.1.S1_at	0.0005	58	Os02g0119200	Putative adenosine monophosphate binding protein.
Os.13737.1.S1_s_at	0.0005	59	Os02g0296400	Cell differentiation proteins, Rcd1-like family protein.
Os.55252.1.S1_at	0.0005	60	Os04g0581800	Heavy metal transport/detoxification protein domain containing protein.
Os.38205.1.S1_at	0.0006	61	Os01g0786800	---
OsAffx.16671.1.S1_at	0.0006	62	Os07g0604100	Conserved hypothetical protein.
Os.338.1.S1_x_at	0.0006	63	Os03g0289100	Autophagy associated gene 1B (OsATG1b). (OSK35)
Os.12366.1.S1_x_at	0.0006	64	Os03g0146100	Tonoplast intrinsic protein 1;1 (OsTIP1;1, TIP1-1, rTIP1).
Os.50013.1.S1_at	0.0006	65	Os10g0417800	Protein of unknown function DUF506, plant family protein Uncharacterized plant-specific domain TIGR01615 family protein, expressed.
Os.11997.1.S1_at	0.0006	66	Os07g0684100	Thioredoxin-like 1-1, chloroplastic.
Os.7822.1.S1_at	0.0006	67	---	---
Os.11573.2.A1_a_at	0.0008	68	Os11g0707000	Similar to Ribulose-bisphosphate carboxylase activase (EC 6.3.4.-) (Fragments).
Os.9642.1.S1_at	0.0008	69	Os03g0704200	Zinc finger, MYND-type domain containing protein.

Os.20863.1.S1_at	0.0008	70	Os01g0848900	Conserved hypothetical protein.
Os.30993.1.S1_at	0.0008	71	Os07g0226200	Conserved hypothetical protein.
Os.7513.1.S1_at	0.0008	72	Os11g0605500	Acyl-CoA dehydrogenase, middle and N-terminal domain containing protein.
Os.7660.1.S1_at	0.0008	73	Os07g0530400	Conserved hypothetical protein, F-box domain containing protein-like.
OsAffx.19953.2.S1_at	0.0008	74	Os12g0524700	Ribosomal protein L16.
OsAffx.24369.1.S2_at	0.0008	75	---	---
Os.51784.1.S1_at	0.0008	76	Os02g0467200	Conserved hypothetical protein.
OsAffx.10837.1.S1_at	0.0009	77	---	---
Os.28218.1.S1_x_at	0.0010	78	Os12g0291400	Rubisco small subunit 5 (RbcS5, OsRBCS5).
Os.54759.1.S1_at	0.0010	79	Os05g0428600	Similar to HSP70 precursor Putative Luminal binding protein.
Os.12165.1.S1_at	0.0011	80	Os07g0509800	Similar to APS reductase (Fragment) Probable 5'-adenylylsulfate reductase 1, chloroplastic.
Os.49281.1.S1_at	0.0011	81	Os06g0317200	Similar to Homeobox protein Hox-D11 (Hox-4.6) (Hox-5.5).
Os.7947.1.S1_x_at	0.0010	82	Os05g0375400	(1,3;1,4)-beta-glucanase.
Os.20334.1.S1_at	0.0010	83	Os05g0218100	Conserved hypothetical protein.
OsAffx.11947.1.S1_at	0.0011	84	Os02g0184600	Cytochrome P450 family protein.
Os.8697.1.S1_at	0.0011	85	Os01g0612600	Protein of unknown function DUF1644 family protein.
Os.52448.1.S1_at	0.0011	86	Os03g0793100	Glycosyl transferase, family 43 protein.
Os.20230.1.S1_at	0.0011	87	Os11g0592000	Pathogenesis-related protein 4c (OsPR4c).
Os.7947.1.S1_a_at	0.0011	88	Os05g0375400	(1,3;1,4)-beta-glucanase.
Os.12735.1.S1_at	0.0011	89	Os11g0671000	Similar to Dormancy-associated protein Auxin-repressed protein-like protein ARP1, putative, expressed.
Os.17915.1.S1_at	0.0011	90	Os06g0283400	Phosphatidylinositol 3- and 4-kinase, catalytic domain containing protein.
Os.27671.1.S1_at	0.0011	91	Os03g0283100	Similar to In2-1 protein Glutathione S-transferase GSTZ5.
Os.53275.1.S1_at	0.0012	92	Os05g0176700	Conserved hypothetical protein.
Os.42764.1.S1_at	0.0011	93	Os01g0915200	Similar to Cystatin. Cysteine proteinase inhibitor 4.
Os.96.1.S1_at	0.0011	94	Os01g0264700	Cellular retinaldehyde binding/alpha-tocopherol transport family protein.

OsAffx.27759.1.S1_at	0.0011	95	---	---
Os.28438.4.S1_s_at	0.0012	96	Os01g0501800	Similar to Photosystem II oxygen-evolving complex protein 1 (Fragment).
Os.23677.1.S1_at	0.0012	97	Os01g0775300	TRAF-like domain containing protein. Meprin and TRAF homology domain-containing protein-like.
Os.1082.1.S1_a_at	0.0012	98	Os01g0304000 Os05g0355500	Similar to Ribosomal protein L29.
Os.11718.1.S1_at	0.0013	99	Os12g0123500	Similar to Apyrase precursor (EC 3.6.1.5) (ATP-diphosphatase) (Adenosine diphosphatase) (ADPase) (ATP-diphosphohydrolase).
OsAffx.32257.1.S1_x_at	0.0013	100	---	---
Os.2245.1.S1_at	0.0013	101	Os05g0506000	Similar to MS5-like protein (Fragment).
Os.7.3.S1_x_at	0.0013	102	Os06g0134000	Similar to 40S ribosomal protein S20.
Os.6590.1.S1_at	0.0015	103	Os03g0343900	Photosystem II protein PsbX family protein.
Os.11961.1.S1_at	0.0015	104	Os05g0454500	Conserved hypothetical protein.
OsAffx.32299.1.S1_x_at	0.0015	105	---	---
Os.23421.1.S1_at	0.0015	106	Os12g0578200	Similar to Chorismate mutase, chloroplast precursor (EC 5.4.99.5) (CM-1).
Os.165.1.S1_at	0.0015	107	Os12g0555500	Probenazole-inducible protein PBZ1 / Pathogenesis-related gene 10A.
Os.9361.1.S1_s_at	0.0015	108	Os01g0666900	Similar to 60S ribosomal protein L18a.
Os.12096.3.S1_x_at	0.0015	109	Os11g0106700 Os12g0106000	FERRITIN 1 (OsFER1, OsFer1) / FERRITIN 2 (OsFER2).
Os.1851.1.S1_at	0.0015	110	Os02g0510200	Acetolactate synthase 1 (OsALS).
Os.7.1.S1_a_at	0.0015	111	Os06g0134000	Similar to 40S ribosomal protein S20.
Os.14565.1.S1_at	0.0016	112	Os07g0224000	Ribosomal protein L24E family protein.
Os.6423.1.S1_at	0.0017	113	Os08g0503000	Conserved hypothetical protein.
Os.9200.1.S1_at	0.0017	114	Os02g0478700	Ribosomal protein S27.
Os.46842.1.S1_at	0.0017	115	Os10g0466800	Conserved hypothetical protein
Os.12096.4.S1_s_at	0.0017	116	Os11g0106700 Os12g0106000	FERRITIN 1 (OsFER1, OsFer1) / FERRITIN 2 (OsFER2)

Os.17979.1.S1_at	0.0017	117	Os02g0244100	GRAIN WEIGHT 2 (OsGW2)
Os.55282.1.S1_x_at	0.0017	118	Os09g0478400	Conserved hypothetical protein.
Os.37834.1.S1_a_at	0.0018	119	Os04g0679400	Similar to Ripening-associated protein (Fragment).
Os.15471.1.S1_at	0.0018	120	Os07g0638100	ToIB, C-terminal domain containing protein.
Os.14248.1.S1_at	0.0018	121	Os03g0180100	Protein of unknown function DUF1677, plant family protein.
Os.53141.1.S1_s_at	0.0018	122	Os09g0292900	Galactose oxidase, central domain containing protein / inhibitor for brown furrows1, F-box protein 310 (IBF1, OsFBX310).
Os.26109.1.S1_x_at	0.0019	123	Os05g0329100 Os05g0329200 Os05g0329400 Os05g0330600	Prolamin PPROL 14E / cysteine-poor 13kDa prolamin, Cys-poor 13-kDa prolamin (CysP13, CpP13).
Os.22594.1.S1_at	0.0019	124	Os01g0124601	---
Os.55509.1.S1_at	0.0020	125	Os08g0441100	CBL-interacting protein kinase 6 (OsCIPK06, CIPK6).
Os.12005.1.S1_at	0.0020	126	Os03g0798600	40S ribosomal protein S15, putative, expressed.
Os.8439.1.S1_at	0.0020	127	Os03g0692700	Similar to Pherophorin-S precursor.
Os.52948.1.S1_at	0.0020	128	Os01g0540800	Conserved hypothetical protein.
Os.55322.1.S1_at	0.0021	129	Os11g0185100	Hypothetical protein.
Os.11573.5.A1_x_at	0.0021	130	Os11g0707000	Similar to Ribulose-bisphosphate carboxylase activase (EC 6.3.4.-) (Fragments).
Os.7.1.S1_x_at	0.0023	131	Os06g0134000	40S ribosomal protein S20.
Os.5869.1.S1_a_at	0.0022	132	Os04g0457000	Similar to Chlorophyll a/b-binding protein CP24, photosystem II (Fragment) / light-harvesting protein CP24, PSII CP24.
Os.49563.3.S1_x_at	0.0023	133	Os02g0639800	Zinc finger, RING-type domain containing protein.
OsAffx.28714.1.S1_x_at	0.0023	134	Os07g0509800	Probable 5'-adenylsulfate reductase 1, chloroplastic.
Os.12313.1.S1_at	0.0023	135	Os12g0189400	Similar to Photosystem I reaction centre subunit N, chloroplast precursor (PSI- N).
Os.33341.2.S1_at	0.0024	136	Os01g0645900	Conserved hypothetical protein, Sulfate transporter protein-like.
OsAffx.27759.1.S1_x_at	0.0025	137	---	---

Os.6288.1.S1_at	0.0025	138	Os08g0412700	Protein of unknown function DUF1262 family protein.
Os.7962.1.S1_a_at	0.0025	139	Os08g0200300	Similar to Photosystem II 10 kDa polypeptide (Fragment).
Os.12096.3.S1_a_at	0.0026	140	Os12g0106000	FERRITIN 2 (OsFER2).
Os.26610.1.S1_x_at	0.0027	141	Os07g0615500	Protein of unknown function DUF581 family protein.
Os.19524.1.S1_at	0.0026	142	Os08g0205900	Similar to Viroid RNA-binding protein (Fragment).
Os.39533.1.A1_x_at	0.0027	143	Os04g0398900	Conserved hypothetical protein.
Os.49301.1.A1_at	0.0027	144	Os10g0408700	Similar to GAMYB-binding protein (Fragment).
Os.55197.1.S1_at	0.0027	145	Os06g0341300	Seed maturation protein domain containing protein.
Os.338.1.S2_a_at	0.0028	146	Os03g0289100 Os08g0484600	SnRK1b protein kinase OSK35 / Autophagy associated gene 1B (OsATG1b).
OsAffx.19559.1.S1_at	0.0028	147	Os12g0189700	Tetratricopeptide-like helical domain containing protein.
Os.18257.1.S1_at	0.0028	148	Os07g0209100	Similar to Seed imbibition protein (Fragment).
Os.28382.1.S1_at	0.0029	149	Os03g0383800	Nucleotide-binding, alpha-beta plait domain containing protein.
Os.5503.1.S1_at	0.0029	150	Os03g0663800	Cupin region domain containing protein.
Os.11186.1.S1_at	0.0031	151	Os03g0203200	Esterase/lipase/thioesterase domain containing protein.
Os.38814.1.S1_at	0.0031	152	Os02g0111700	translation Ribosomal protein L37.
Os.9193.1.S1_s_at	0.0032	153	Os11g0127900 Os12g0124200	40S ribosomal protein S16.
Os.26748.1.S1_at	0.0033	154	---	---
Os.11357.1.S1_at	0.0033	155	Os09g0520700	Similar to RNA helicase.
Os.28218.1.S1_at	0.0034	156	Os12g0291400	Similar to Petunia ribulose 1,5-bisphosphate carboxylase small subunit mRNA (clone pSSU 51), partial cds. (Fragment) / Rubisco small subunit 5 (RbcS5, OsRBCS5).
OsAffx.16823.1.S1_at	0.0034	157	Os08g0137250	Fertilization-Independent endosperm (Protein FERTILIZATION-INDEPENDENT SEED 3) (OsFIE1).
Os.26610.1.S1_at	0.0034	158	Os07g0615500	Protein of unknown function DUF581 family protein.
Os.12203.1.S1_at	0.0034	159	Os05g0346300	Similar to 40S ribosomal protein S7.
Os.11497.1.S1_at	0.0035	160	Os05g0557000	Similar to 60S ribosomal protein L37a.

Os.37700.1.S1_at	0.0034	161	Os10g0550100	Conserved hypothetical protein.
Os.55282.1.S1_at	0.0035	162	Os09g0478400	Conserved hypothetical protein.
Os.8937.1.S1_at	0.0035	163	Os10g0494000	Protein of unknown function DUF789 family protein.
Os.56361.1.S1_at	0.0035	164	Os12g0283100	DNA polymerase, beta-like region domain containing protein.
Os.4714.2.S1_x_at	0.0035	165	Os07g0109500	Ribosomal protein L13 family protein.
Os.46450.1.S1_at	0.0035	166	Os10g0491000	Plant Basic Secretory Protein family protein.
Os.28216.2.S1_a_at	0.0034	167	Os07g0562700	Similar to Type III chlorophyll a/b-binding protein (Fragment) / Type III chlorophyll a/b-binding protein, PSII Cab type III
Os.4725.1.S1_at	0.0035	168	Os01g0100700	Similar to 40S ribosomal protein S5-1.
OsAffx.20082.1.S1_at	0.0036	169	Os05g0103800	Conserved hypothetical protein.
Os.46422.1.S1_at	0.0036	170	Os07g0435300	Photosystem I reaction centre subunit IV/PsaE family protein.
Os.12735.1.S1_s_at	0.0036	171	Os11g0671000	Similar to Dormancy-associated protein.
Os.54804.1.S1_at	0.0038	172	Os02g0130200	Virulence factor, pectin lyase fold family protein.
Os.28133.1.S1_x_at	0.0039	173	Os12g0291100	Rubisco small subunit 3 (RbcS3, OsRBCS3).
Os.52655.1.S1_x_at	0.0040	174	Os02g0223300	Conserved hypothetical protein.
Os.7612.1.S1_at	0.0040	175	Os03g0823400	Similar to Bowman-Birk type trypsin inhibitor (WTI).
Os.13965.1.S1_at	0.0040	176	Os01g0382400	Similar to Pathogenesis-related protein PRB1-2 precursor, Putative pathogenesis-related protein.
Os.53828.1.S1_at	0.0040	177	Os08g0529000	Probable auxin efflux carrier component 4 (PIN4).
Os.9459.1.S1_at	0.0041	178	Os04g0598200	Similar to 60S ribosomal protein L12.
Os.4684.1.S1_at	0.0040	179	Os01g0686800	Guanine nucleotide-binding protein beta subunit-like protein (GPB-LR).
OsAffx.12705.1.S1_at	0.0040	180	Os03g0109500	Similar to 40S ribosomal protein S17-4.
Os.18173.1.S1_at	0.0040	181	Os06g0319700	Similar to 60S ribosomal protein L31.
OsAffx.17895.1.S1_at	0.0040	182	---	---
OsAffx.10786.1.S1_at	0.0040	183	---	---
Os.338.1.S2_x_at	0.0040	184	Os08g0484600	SnRK1b protein kinase OSK24 / Autophagy associated gene 1C (OsATG1c).



Os.51929.1.S1_at	0.0040	185	Os10g0450900	Similar to Glycine-rich cell wall structural protein 2 precursor.
Os.39014.1.S1_at	0.0041	186	Os05g0556900	Ribosomal protein L35Ae family protein.
Os.35815.1.S1_at	0.0042	187	Os01g0111100	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, cyclophilin type domain containing protein.
Os.57025.1.S1_at	0.0042	188	Os03g0639400	Plant invertase/pectin methylesterase inhibitor domain containing protein.
Os.26748.1.S1_x_at	0.0042	189	---	---
Os.338.2.S1_x_at	0.0043	190	Os08g0484600	SnRK1b protein kinase OSK24 / Autophagy associated gene 1C (OsATG1c).
OsAffx.31295.1.S1_at	0.0043	191	Os11g0546500	Galactosyl transferase family protein.
Os.56880.1.S1_at	0.0043	192	Os01g0542700	DNA-binding domain containing protein / b-ZIP transcription factor 04 (OsbZIP04, OsbZIP4).
Os.31893.1.S1_at	0.0042	193	Os01g0297700	Protein of unknown function DUF6, transmembrane domain containing protine.
Os.46135.1.S1_s_at	0.0042	194	Os10g0355100 Os10g0527100	ATPase, F0 complex, subunit A family protein.
Os.10339.1.S1_at	0.0045	195	Os03g0141200	Similar to Beta-amylase PCT-BMYI (EC 3.2.1.2).
Os.5869.3.S1_x_at	0.0045	196	Os04g0457000	Similar to Chlorophyll a/b-binding protein CP24, photosystem II (Fragment).
Os.10136.1.S1_at	0.0045	197	Os05g0560000	Photosystem I subunit (PsaH).
Os.52573.1.S1_at	0.0045	198	Os09g0536400	Similar to Thaumatin-like protein 1 precursor.
OsAffx.6703.1.S1_s_at	0.0050	199	---	---
Os.12460.2.S1_x_at	0.0051	200	Os03g0424500	Similar to 40S ribosomal protein S19-2.
Os.43203.1.S1_x_at	0.0051	201	Os08g0514800	Conserved hypothetical protein.
Os.1501.1.S1_at	0.0051	202	Os07g0182000	bZIP transcription factor 58, rice seed b-Zipper 1 / OsbZIP58.
Os.17370.2.S1_x_at	0.0051	203	Os04g0226400	Regulator of chromosome condensation/beta-lactamase-inhibitor protein II domain containing protein.
Os.49582.1.S1_at	0.0051	204	Os02g0684400	Conserved hypothetical protein.
Os.34731.1.S1_at	0.0051	205	Os02g0583900	Conserved hypothetical protein.
Os.25453.1.A1_at	0.0051	206	Os03g0764600	Homeodomain-like containing protein.
Os.26522.1.S1_at	0.0052	207	Os04g0238700	Similar to Photosystem II reaction center H protein (Photosystem II 10kDa phosphoprotein) (PSII-H).
Os.28438.1.S1_x_at	0.0052	208	Os01g0501800	Putative 33kDa oxygen evolving protein of photosystem II.

Os.37812.1.S1_s_at	0.0052	209	Os11g0621300	Protein of unknown function DUF1399 family protein.
Os.37909.1.S1_at	0.0054	210	Os05g0344200	Conserved hypothetical protein.
Os.13026.1.S1_at	0.0054	211	Os06g0157700	Heading date 3A (HD3A)
Os.51599.2.S1_at	0.0054	212	---	---
Os.31430.1.S1_at	0.0055	213	Os07g0242000	Conserved hypothetical protein.
Os.1978.1.S1_at	0.0058	214	Os01g0113200	Similar to LRK14.
OsAffx.27508.100.S1_s_at	0.0058	215	---	---
Os.46618.1.S1_at	0.0059	216	Os10g0565200	Similar to Beta-amylase PCT-BMYI (EC 3.2.1.2).
Os.5498.1.S1_at	0.0059	217	Os07g0608500	Similar to Ribosomal protein S3 (Fragment).
Os.27520.8.S1_x_at	0.0059	218	Os12g0186600	Conserved hypothetical protein.
Os.22696.2.S1_x_at	0.0059	219	Os11g0168200	60S ribosomal protein L3.
Os.57454.1.S1_x_at	0.0059	220	Os03g0818400	Similar to 40S ribosomal protein S23 (S12).
Os.37717.1.A2_s_at	0.0059	221	Os05g0247100	Similar to Chitinase (EC 3.2.1.14) III C00481-rice (EC 3.2.1.14).
Os.18462.1.S1_at	0.0061	222	Os03g0423300	Similar to Stearoyl-acyl carrier protein desaturase (EC 1.14.99.6) (Fragment).
Os.14139.1.S1_at	0.0061	223	Os04g0382300	Similar to SNF1-related protein kinase regulatory gamma subunit 1 (AKIN gamma1) (AKING1). / cystathionine b-synthase domain containing protein OsCBSCBS3.
Os.23560.1.S1_at	0.0061	224	Os04g0543900	glutamate dehydrogenase 2 (OsGDH2).
OsAffx.12759.1.S1_s_at	0.0061	225	Os03g0166000	Alba, DNA/RNA-binding protein family protein.
Os.56339.1.S1_at	0.0061	226	Os05g0556800	Protein of unknown function DUF250 domain containing protein.
Os.22638.1.S1_x_at	0.0062	227	Os03g0295800	Gamma interferon inducible lysosomal thiol reductase GILT family protein.
Os.7926.1.S1_at	0.0061	228	Os11g0482000	Similar to 40S ribosomal protein S5-1.
Os.55500.1.S1_at	0.0062	229	Os08g0521600	Ethylene Response Factor 115 (OsERF#115, OsERF115, AP2/EREBP#110, AP2/EREBP110).
Os.34147.1.S1_at	0.0062	230	Os01g0209500	RNA-binding region RNP-1 (RNA recognition motif) domain containing protein.
Os.20863.2.S1_x_at	0.0063	231	Os01g0848900	Conserved hypothetical protein.
Os.46941.1.S1_s_at	0.0063	232	Os06g0698748	Conserved hypothetical protein.

Os.12624.1.S1_s_at	0.0063	233	Os07g0558400	Chlorophyll a/b-binding protein.
Os.4726.1.S1_at	0.0063	234	Os07g0184300	Similar to 40S ribosomal protein S15 (Fragment).
Os.31975.1.S1_at	0.0063	235	Os05g0195200	Zinc finger, CCCH-type domain containing protein.
Os.21319.1.S1_at	0.0063	236	Os09g0243200	Zinc finger, RING-type domain containing protein.
Os.17804.2.S1_at	0.0063	237	Os07g0172900	Similar to Integral membrane protein.
Os.40031.3.S1_x_at	0.0063	238	---	---
OsAffx.1892.1.S1_x_at	0.0063	239	---	---
OsAffx.32317.1.A1_at	0.0064	240	---	---
Os.26509.1.S1_s_at	0.0064	241	Os01g0792400	Similar to Photosystem I assembly protein ycf4.
Os.1224.1.S1_at	0.0064	242	Os01g0238500	Branched-chain amino acid aminotransferase-like.
Os.18480.1.S1_at	0.0066	243	Os11g0233400	Conserved hypothetical protein.
Os.9172.2.S1_x_at	0.0067	244	Os02g0115700	Catalase isozyme A (EC 1.11.1.6) (CAT-A).
Os.1316.1.S1_a_at	0.0066	245	Os01g0803200	Cysteine proteinase inhibitor-I (Oryzacystatin-I).
Os.9363.2.S1_x_at	0.0066	246	Os04g0605900	Similar to 60S ribosomal protein L7-2.
Os.51828.2.S1_at	0.0067	247	Os05g0122600	Prefoldin domain containing protein.
Os.6389.1.S1_at	0.0067	248	Os01g0155800	Conserved hypothetical protein.
Os.4663.1.S1_at	0.0067	249	Os01g0131600	Similar to AP2 domain containing protein RAP2.6 (Fragment).
Os.17804.2.S1_x_at	0.0067	250	Os07g0172900	Similar to Integral membrane protein.
Os.11218.1.S1_at	0.0067	251	Os07g0638400	Similar to 1-Cys peroxiredoxin.
OsAffx.11871.1.S1_s_at	0.0067	252	Os02g0122600	EF-Hand type domain containing protein.
Os.27994.1.A1_at	0.0067	253	Os03g0310400	Enoyl-CoA hydratase/isomerase domain containing protein.
Os.29093.1.S1_at	0.0068	254	Os07g0249800	Similar to IAA-amino acid hydrolase 1 (EC 3.5.1.-).
Os.12181.1.S1_s_at	0.0069	255	Os11g0242800	light-harvesting protein ASCAB9-A, PSII CP26, PSII Lhcb5.
Os.9816.1.S1_a_at	0.0070	256	Os11g0637700	RNA-binding region RNP-1 (RNA recognition motif) domain containing protein.
Os.11517.1.S1_at	0.0070	257	Os08g0156800	Putative ribosomal protein L34.

Os.56873.1.S1_at	0.0070	258	Os03g0377600	Zinc finger, RING-type domain containing protein.
Os.23566.1.A1_at	0.0070	259	---	---
OsAffx.32333.1.A1_at	0.0072	260	---	---
Os.28216.3.S1_x_at	0.0071	261	Os07g0562700	Similar to Type III chlorophyll a/b-binding protein (Fragment).
Os.4748.1.S1_at	0.0072	262	Os02g0489400	40S ribosomal protein S8.
Os.53796.1.S1_at	0.0073	263	Os04g0413900	Protein of unknown function DUF584 family protein.
Os.1382.1.S1_at	0.0073	264	Os05g0207300	Similar to 60S ribosomal protein L11-2 (L16). Splice isoform 2.
OsAffx.32229.1.S1_x_at	0.0073	265	Os10g0526301	NAD(P)H-quinone oxidoreductase chain 3, chloroplast (EC 1.6.5.-) (NAD(P)H dehydrogenase, chain 3) (NADH-plastoquinone oxidoreductase chain 3).
Os.22631.2.S1_s_at	0.0075	266	Os07g0523100	Similar to 60S ribosomal protein L44.
Os.7499.1.S1_at	0.0075	267	Os07g0107300	Plant disease resistance response protein family protein.
OsAffx.32280.1.S1_at	0.0075	268	---	---
Os.28300.2.S1_a_at	0.0076	269	Os09g0482100 Os09g0482400 Os09g0482610	---
Os.51493.1.S1_at	0.0076	270	---	---
Os.46208.1.S1_x_at	0.0078	271	Os10g0527100	Chloroplast ATP synthase a chain precursor (EC 3.6.3.14) (ATPase subunit IV).
Os.7458.1.S1_a_at	0.0078	272	Os08g0155400	Similar to Nitrate/chlorate transporter.
Os.5517.1.S1_at	0.0081	273	Os06g0507001	---
Os.24307.1.S1_at	0.0082	274	Os10g0536500	Conserved hypothetical protein.
Os.6786.1.S1_a_at	0.0082	275	Os10g0555900	Beta-expansin 3 (OsEXPB3).
Os.27756.1.S1_at	0.0082	276	Os06g0710300	Uncharacterized protein UPF0114 family protein.
Os.46050.1.A1_x_at	0.0083	277	Os07g0629500	Conserved hypothetical protein.
Os.12220.1.S1_at	0.0085	278	Os04g0413600	Similar to 40S ribosomal protein S14 (Clone MCH2).
Os.19158.1.S1_at	0.0086	279	Os11g0256000	Acetolactate synthase, small subunit family protein.
Os.57472.1.S1_x_at	0.0085	280	Os08g0135900	Similar to Tryptophan synthase beta chain 1 (EC 4.2.1.20) (Orange pericarp 1) (Fragment).

OsAffx.32258.1.S1_x_at	0.0087	281	Os01g0792400	Similar to Photosystem I assembly protein ycf4.
Os.57446.1.S1_x_at	0.0087	282	Os07g0546700	Similar to 60S ribosomal protein L38.
Os.13884.1.S1_at	0.0087	283	Os04g0408700	Similar to DNA-binding protein S1FA1.
Os.27875.1.S1_at	0.0088	284	Os10g0416800	Similar to Chitinase 2 (EC 3.2.1.14) (Tulip bulb chitinase-2) (TBC-2).
Os.55380.1.S1_at	0.0088	285	Os06g0681200	Cupredoxin domain containing protein.
Os.11498.1.S1_at	0.0091	286	Os01g0752300	Similar to 60S ribosomal protein L18a-1.
Os.26509.1.S1_x_at	0.0091	287	Os01g0792400	Similar to Photosystem I assembly protein ycf4.
Os.6625.1.S1_x_at	0.0091	288	Os09g0451500	Protein disulfide isomerase-like 2;3
Os.11556.1.S1_at	0.0092	289	Os07g0677300	Peroxidase GX9 (POXgX9).
Os.4622.1.S1_at	0.0092	290	Os07g0208000	Similar to 40S ribosomal protein S15A.
Os.12697.1.S1_at	0.0094	291	Os10g0548600	Beta-expansin precursor.
OsAffx.32232.1.A1_at	0.0094	292	---	---
Os.38506.1.S1_s_at	0.0095	293	Os07g0173700	Similar to 40S ribosomal protein S18.
Os.38485.1.S1_at	0.0097	294	Os03g0386500	Trehalose-6-phosphate phosphatase 9. (TPP9)
Os.1503.1.S1_at	0.0097	295	Os06g0662200	Rice seed B-zipper 5 (b-ZIP transcription factor 52) / OsbZIP52. negative regulator
Os.11582.1.S1_s_at	0.0097	296	Os03g0598800 Os05g0274700	Similar to 60S ribosomal protein L15.
OsAffx.6093.1.S1_at	0.0101	297	Os08g0513600	Conserved hypothetical protein.
Os.26477.1.S1_x_at	0.0104	298	Os03g0821633	RNA-directed DNA polymerase (Reverse transcriptase) domain containing protein.
Os.30203.2.S1_at	0.0108	299	Os01g0604000	Conserved hypothetical protein.
OsAffx.14148.1.S1_at	0.0110	300	Os04g0432200	Protein of unknown function DUF1605 domain containing protein.
Os.1327.1.S1_at	0.0110	301	Os02g0651900	Conserved hypothetical protein.
Os.53764.1.S1_at	0.0110	302	Os03g0317000	Similar to High-glucose-regulated protein 8-like.
Os.28438.2.S1_a_at	0.0110	303	Os01g0501800	Photosystem II subunit (PsbO).
Os.22374.1.S1_a_at	0.0110	304	Os06g0669700	Similar to Myb-related protein.

Os.12129.1.S1_a_at	0.0109	305	Os02g0818000	cystathionine b-synthase domain containing protein OsCBSX3.
OsAffx.29659.2.S1_s_at	0.0110	306	Os08g0559200	Similar to Ribosomal protein S25 (40S ribosomal 25S subunit).
Os.6823.1.S1_at	0.0111	307	Os01g0840700	Similar to 60S ribosomal protein L36.
Os.57556.1.S1_x_at	0.0111	308	Os03g0670700	GLYCINE-RICH RNA-BINDING PROTEIN 3 (OsGRP3).
Os.51009.1.S1_x_at	0.0110	309	Os02g0777100	uDENN domain containing protein.
Os.57447.1.S1_x_at	0.0111	310	Os09g0573100	Ubiquitin domain containing protein.
OsAffx.8708.1.S1_at	0.0112	311	---	---
OsAffx.22955.2.S1_s_at	0.0114	312	Os10g0355100 Os10g0527100	ATPase, F0 complex, subunit A family protein.
Os.27833.1.S1_at	0.0115	313	Os12g0514000	Similar to Sorbitol transporter.
Os.4417.1.S1_at	0.0115	314	Os09g0294000	Similar to Bifunctional aspartokinase/homoserine dehydrogenase 2, chloroplast precursor (AK-HD 2) (AK-HSDH 2) [Includes: Aspartokinase (EC 2.7.2.4); Homoserine dehydrogenase (EC 1.1.1.3)].
Os.54936.1.S1_at	0.0116	315	Os03g0790500	Esterase/lipase/thioesterase domain containing protein.
Os.46900.1.S1_at	0.0119	316	Os10g0451900	Conserved hypothetical protein.
Os.313.1.S1_a_at	0.0120	317	Os02g0730000	Mitochondrial aldehyde dehydrogenase ALDH2a.
Os.47922.1.S1_x_at	0.0120	318	Os12g0613500	Lissencephaly type-1-like homology motif domain containing protein.
Os.29998.1.S1_at	0.0120	319	Os05g0391000	Conserved hypothetical protein.
Os.12357.1.S1_at	0.0121	320	Os01g0723200	Similar to 40S ribosomal protein S19-like.
Os.57496.1.S1_x_at	0.0123	321	Os06g0342200	Similar to Eukaryotic translation initiation factor 1A (EIF-1A) (EIF-4C).
Os.1606.1.S1_at	0.0123	322	Os04g0659300	Protein of unknown function DUF26 domain containing protein.
Os.2971.1.S1_at	0.0126	323	Os03g0369100	Plant lipid transfer/seed storage/trypsin-alpha amylase inhibitor domain containing protein.
OsAffx.22955.1.S1_x_at	0.0126	324	Os04g0235600 Os10g0355100 Os10g0527100	ATP synthase B chain (EC 3.6.3.14) (ATPase subunit I).
Os.9074.1.S1_s_at	0.0126	325	Os03g0121700	Similar to Nascent polypeptide-associated complex alpha subunit-like protein 3

				(NAC-alpha-like protein 3) (Alpha-NAC-like protein 3).
Os.7941.2.S1_s_at	0.0127	326	Os01g0600900	Chlorophyll a-b binding protein 2, chloroplast precursor (LHCII type I CAB-2) (LHCP).
Os.8203.1.S1_at	0.0127	327	Os10g0148100	Protein of unknown function DUF1210 family protein.
Os.8353.1.S1_at	0.0128	328	Os01g0916400	Similar to Selenium binding protein.
Os.12460.1.S1_x_at	0.0128	329	Os03g0424500	Translation 40S ribosomal protein S19.
OsAffx.32170.1.S1_at	0.0128	330	Os12g0630200	Thaumatococcus, pathogenesis-related family protein.
Os.12264.1.S1_a_at	0.0132	331	Os03g0227800	Hypothetical protein.
Os.8015.1.S1_at	0.0135	332	---	---
Os.4986.1.S1_at	0.0136	333	Os02g0785800	Similar to Ribosomal protein L35A.
Os.26553.1.S1_s_at	0.0137	334	Os02g0224100	Probable protein phosphatase 2C 12.
OsAffx.32254.1.S1_x_at	0.0137	335	Os12g0524700	Mitochondrial 60S ribosomal protein L16.
Os.55233.1.S1_at	0.0137	336	---	---
Os.28133.1.S1_s_at	0.0140	337	Os12g0291100	Rubisco small subunit 3.
Os.8655.1.S1_at	0.0140	338	Os06g0513781 Os06g0513862 Os06g0513943 Os06g0514800 Os06g0515301	defense response. Thionin Osth1.
Os.12350.1.S1_s_at	0.0140	339	Os11g0634500	Ribosomal protein S14 family protein.
Os.25998.1.S1_at	0.0140	340	Os05g0329100 Os05g0329200 Os05g0329400 Os05g0330600	Prolamin PPROL 14E / cysteine-poor 13kDa prolamin, Cys-poor 13-kDa prolamin (CysP13, CpP13).
Os.54685.1.S1_at	0.0140	341	Os11g0239900	Hypothetical protein.
Os.12391.1.S1_a_at	0.0143	342	Os02g0790500	Trehalose-6-phosphate synthase 5.
Os.17889.2.S1_at	0.0144	343	Os05g0541000	Conserved hypothetical protein.
Os.12713.1.S1_at	0.0144	344	Os06g0320500	Similar to Light-harvesting complex I (Fragment).

Os.8178.1.S1_at	0.0145	345	Os11g0592200	Pathogenesis-related gene 4.
Os.12851.1.S1_at	0.0145	346	Os01g0249200	Similar to Nectarin 1 precursor (EC 1.15.1.1) (Superoxide dismutase [Mn]).
OsAffx.2538.1.S1_at	0.0144	347	Os02g0171500	Gamma thionin family protein.
OsAffx.32189.1.S1_x_at	0.0145	348	Os03g0821633	RNA-directed DNA polymerase (Reverse transcriptase) domain containing protein.
Os.20169.1.S1_at	0.0144	349	Os06g0538400	Conserved hypothetical protein.
Os.17909.1.S1_a_at	0.0144	350	Os12g0183100	Similar to Branched chain alpha-keto acid dehydrogenase E1-alpha subunit (Fragment).
OsAffx.28697.1.S1_at	0.0145	351	Os07g0497500	Similar to MYB transcription factor.
Os.51086.1.S1_x_at	0.0148	352	Os08g0119800	Similar to Photosystem II core complex proteins psbY, chloroplast precursor (L- arginine metabolising enzyme)(L-AME) [Contains: Photosystem II protein psbY-1 (psbY-A1); Photosystem II protein psbY-2 (psbY-A2)].
Os.7408.1.S1_at	0.0149	353	Os05g0425700	Similar to F-box protein AtFBL5.
Os.5507.1.S1_at	0.0148	354	Os12g0167900	60S ribosomal protein L3.
Os.52612.1.S1_s_at	0.0150	355	Os12g0168800	Similar to AG-motif binding protein-2.
Os.10736.1.S1_at	0.0150	356	Os06g0147100	Conserved hypothetical protein.
OsAffx.16825.1.S1_s_at	0.0151	357	Os08g0138900	Conserved hypothetical protein.
Os.8507.1.S1_at	0.0151	358	Os09g0526700	Similar to UDP-glucose 4-epimerase (EC 5.1.3.2) (Galactowaldenase) (UDP-galactose 4-epimerase).
Os.8273.1.S1_s_at	0.0152	359	Os07g0616600	Similar to 40S ribosomal protein SA (p40) (Laminin receptor homolog).
Os.46822.1.S1_at	0.0153	360	Os10g0550400	Conserved hypothetical protein.
Os.57343.1.S1_at	0.0153	361	Os02g0733900	Conserved hypothetical protein.
Os.38447.1.S1_s_at	0.0153	362	Os06g0166400	Similar to TINY-like protein (AP2 domain containing protein RAP2.10) (Fragment).
Os.12460.1.S1_at	0.0153	363	Os03g0424500	Similar to 40S ribosomal protein S19-2.
Os.11049.1.S1_at	0.0155	364	Os03g0807800	Similar to 40S ribosomal protein S2 (Fragment).
Os.6381.1.S1_at	0.0158	365	Os08g0517700	Oxysterol-binding protein family protein.
OsAffx.1892.1.S1_at	0.0160	366	---	---
Os.51018.1.S1_at	0.0160	367	Os05g0494100	Histone-fold domain containing protein.



Os.5601.1.S1_at	0.0159	368	Os09g0498500	---
Os.5378.1.S1_at	0.0159	369	Os01g0773700	Photosystem II subunit (PsbW).
Os.46661.1.S1_s_at	0.0160	370	Os10g0483900	Conserved hypothetical protein.
Os.22277.1.S1_at	0.0160	371	Os07g0529000	isocitrate lyase.
Os.37554.1.S1_at	0.0162	372	Os07g0668600	Conserved hypothetical protein.
Os.12388.1.S1_x_at	0.0162	373	Os11g0167800	Similar to Anth (Pollen-specific desiccation-associated LLA23 protein).
Os.9437.1.S1_at	0.0162	374	Os01g0159500	Hypothetical protein.
Os.33184.1.S1_at	0.0163	375	Os01g0716500	SAM (and some other nucleotide) binding motif domain containing protein.
Os.40563.1.S1_x_at	0.0163	376	Os01g0358400	Similar to 40S ribosomal protein S4.
Os.45407.1.S1_s_at	0.0166	377	Os01g0140500	Similar to 60S ribosomal protein L26B.
Os.12785.1.S1_at	0.0168	378	Os10g0564300	Similar to 60S ribosomal protein L27.
Os.51883.1.S1_at	0.0168	379	Os03g0656800	Similar to 3-glucanase.
Os.10134.1.S1_at	0.0168	380	Os11g0220800	Similar to 60S ribosomal protein L10 (QM protein homolog).
OsAffx.23005.1.S1_at	0.0172	381	Os06g0133200	Conserved hypothetical protein.
Os.46677.1.S1_at	0.0173	382	Os10g0430900	Protein kinase domain containing protein.
Os.6345.1.S1_at	0.0173	383	Os06g0561000	Similar to Myo-inositol oxygenase.
Os.5724.1.S1_at	0.0173	384	Os06g0208800	lysM domain-containing GPI-anchored protein 1 precursor, putative, expressed.
OsAffx.32268.1.S1_x_at	0.0173	385	Os04g0234750	Ribosomal protein S12, bacterial and chloroplast form family protein.
Os.16761.1.S1_at	0.0176	386	Os07g0267300	Hypothetical protein.
Os.12192.1.S1_a_at	0.0178	387	Os03g0836200	Similar to RNA-binding protein RZ-1.
Os.40001.1.A1_at	0.0179	388	---	---
Os.2209.1.S1_at	0.0178	389	Os08g0189300	Similar to Oxalate oxidase (Fragment).
Os.54794.1.S1_at	0.0179	390	Os11g0536000	Conserved hypothetical protein.
Os.52655.1.S1_at	0.0178	391	Os02g0223300	Conserved hypothetical protein.
Os.37611.2.S1_x_at	0.0179	392	Os01g0191100	Similar to Acidic ribosomal protein P2a-4 (Fragment).

OsAffx.5825.1.S1_at	0.0179	393	---	---
Os.18318.1.S1_at	0.0180	394	Os03g0199100	Protein of unknown function DUF677 family protein.
Os.49074.1.A1_at	0.0181	395	---	---
Os.46876.1.S1_at	0.0181	396	Os10g0562000	Conserved hypothetical protein.
Os.16797.1.S1_at	0.0181	397	Os02g0179500	Hly-III related proteins family protein.
Os.10803.1.S1_at	0.0185	398	Os03g0293500	Pyruvate decarboxylase isozyme 2
Os.26516.1.S1_a_at	0.0185	399	Os10g0431000	Similar to DNA-binding protein-like.
OsAffx.32204.1.S1_x_at	0.0185	400	Os04g0234750 Os04g0237800	Ribosomal protein S12, bacterial and chloroplast form family protein.
Os.13907.1.S1_at	0.0187	401	Os02g0248800	Similar to Glutelin type-B 2 precursor.
Os.16083.1.S1_at	0.0187	402	Os10g0561000	Conserved hypothetical protein.
Os.7890.2.S1_x_at	0.0188	403	Os08g0435900	Similar to LHC I type IV chlorophyll binding protein (Fragment).
Os.12296.1.S1_at	0.0188	404	Os03g0592500	Similar to Photosystem II type II chlorophyll a/b binding protein (Fragment).
Os.8502.4.S1_at	0.0188	405	Os05g0329300	Prolamin PPROL 14E.
Os.12596.1.S1_at	0.0188	406	Os04g0473400	Similar to 60S ribosomal protein L6-B (L17) (YL16) (RP18).
Os.11078.1.S1_a_at	0.0188	407	Os07g0544800	Similar to Oxygen-evolving enhancer protein 3-2, chloroplast precursor (OEE3) (16 kDa subunit of oxygen evolving system of photosystem II) (OEC 16 kDa subunit) (Ferredoxin-NADP reductase binding protein) (BP).
OsAffx.4276.1.S1_s_at	0.0188	408	Os05g0176000	Fibrillarlin family protein.
Os.17294.1.S1_a_at	0.0189	409	Os03g0409100	---
Os.10912.1.S1_at	0.0190	410	---	---
Os.11168.1.S1_x_at	0.0190	411	Os02g0797200	Similar to 60S ribosomal protein L39.
Os.9188.1.S1_x_at	0.0190	412	Os08g0542100	Ribosomal protein L7, eukaryotic form family protein.
Os.57447.1.S1_at	0.0190	413	Os09g0573100	Ubiquitin domain containing protein.
Os.11043.2.S1_at	0.0190	414	Os09g0413500	---

Os.1465.1.S1_at	0.0193	415	Os01g0190000	Taurine catabolism dioxygenase TauD/TfdA family protein.
OsAffx.5142.1.S1_x_at	0.0196	416	---	---
Os.53765.1.S1_at	0.0197	417	Os03g0669000	Similar to RNA helicase (Fragment).
Os.4176.1.S1_at	0.0198	418	Os03g0826500	Anthranilate synthase alpha-subunit 1.
Os.4663.1.S2_at	0.0198	419	Os01g0131600	Ethylene response factor 108.
Os.1433.2.S1_at	0.0198	420	Os02g0616600	Conserved hypothetical protein.
Os.28214.2.S1_x_at	0.0202	421	Os06g0336200	Tonoplast intrinsic Protein 2;2.
Os.20608.1.S1_at	0.0201	422	---	---
Os.53403.1.S1_at	0.0202	423	Os08g0508700	Similar to EIL3.
Os.22789.1.A1_at	0.0202	424	Os10g0397900	Hypothetical protein.
Os.52330.1.S1_at	0.0205	425	Os09g0565700	Prephenate dehydratase domain containing protein.
Os.16042.1.S2_at	0.0205	426	Os05g0551500	Protein of unknown function DUF1639 family protein.
Os.27254.1.S1_s_at	0.0206	427	Os03g0162500	Protein of unknown function DUF506, plant family protein.
Os.11975.2.A1_at	0.0209	428	Os01g0910900	Conserved hypothetical protein.
Os.47405.1.A1_s_at	0.0210	429	Os05g0368300	Similar to 40S ribosomal protein S4, X isoform (Single copy abundant mRNA protein) (SCR10).
Os.19995.1.S1_at	0.0213	430	Os05g0417700	Conserved hypothetical protein.
OsAffx.23594.1.S1_at	0.0216	431	Os01g0583100	Protein phosphatase 2C family protein.
Os.7140.1.S1_at	0.0217	432	Os11g0267000	GUN4-like domain containing protein.
Os.53192.1.S1_s_at	0.0221	433	Os02g0821800 Os05g0176000	Similar to Fibrillarlin (Fragment).
Os.9405.1.S1_at	0.0223	434	Os04g0502300	Similar to 40S ribosomal protein S11.
Os.7974.1.S1_at	0.0225	435	Os08g0560900	Similar to Photosystem I reaction center subunit II, chloroplast precursor (Photosystem I 20 kDa subunit) (PSI-D).
Os.28300.2.S2_a_at	0.0227	436	Os09g0482400 Os09g0482610	Heat shock protein 81-3.
OsAffx.3970.1.S1_at	0.0235	437	---	---

Os.53141.1.S1_at	0.0236	438	Os09g0292900	Galactose oxidase, central domain containing protein.
Os.28216.2.S1_s_at	0.0237	439	Os07g0562700	Type III chlorophyll a/b-binding protein.
OsAffx.23162.2.S1_at	0.0237	440	Os01g0180900	Prolyl 4-hydroxylase, alpha subunit domain containing protein.
Os.10333.1.S1_at	0.0237	441	Os07g0119300	Twin-arginine translocation pathway signal domain containing protein.
Os.10818.1.S1_at	0.0237	442	Os01g0102700	Translocon-associated beta family protein.
Os.6305.1.S1_at	0.0242	443	Os08g0430700	Similar to UVB-resistance protein-like.
Os.15267.1.S1_at	0.0242	444	Os04g0662100	Similar to Ribosomal protein-like.
OsAffx.32206.1.S1_x_at	0.0243	445	Os04g0240100	RNA polymerase Rpb1, domain 5 containing protein.
Os.8273.1.S1_at	0.0244	446	Os07g0616600	Similar to 40S ribosomal protein SA (p40) (Laminin receptor homolog).
Os.9363.2.A1_at	0.0248	447	Os04g0605900	Similar to 60S ribosomal protein L7-2.
Os.5735.1.S1_at	0.0248	448	Os10g0463200	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase family protein, expressed.
Os.8544.1.S1_at	0.0248	449	Os08g0441500	Similar to Cinnamoyl-CoA reductase.
Os.27916.1.S1_at	0.0250	450	Os06g0208700	Putative tyrosine phosphatase family protein.
Os.12393.2.S1_at	0.0250	451	Os08g0104600	Ferredoxin I, chloroplast precursor (Anti-disease protein 1).
Os.12854.1.S1_at	0.0255	452	Os05g0373700	Similar to Nascent polypeptide-associated complex alpha subunit-like protein 3 (NAC-alpha-like protein 3) (Alpha-NAC-like protein 3).
Os.54370.1.S1_at	0.0254	453	Os03g0693700	Similar to Oxalate oxidase 1 (EC 1.2.3.4) (Germin).
Os.49642.1.S1_x_at	0.0254	454	Os06g0130800	Histone H5 family protein.
Os.56133.1.S1_at	0.0255	455	Os03g0133600	Similar to Adenosine monophosphate binding protein 1 AMPBP1.
Os.8991.1.S1_at	0.0255	456	Os05g0552300	Similar to Guanine nucleotide-binding protein beta subunit-like protein (GPB-LR) (RWD) Receptor for activated C kinase 1B (RACK1B).
Os.9577.1.S1_at	0.0255	457	Os01g0539900	Conserved hypothetical protein.
OsAffx.16839.1.S1_s_at	0.0255	458	Os08g0151400	Similar to Small nuclear ribonucleoprotein homolog.
Os.53266.1.S1_at	0.0254	459	Os03g0730000	Lecithin:cholesterol acyltransferase family protein.

Os.15252.2.S1_a_at	0.0255	460	Os07g0187200	FAD linked oxidase, N-terminal domain containing protein. Probable D-2-hydroxyglutarate dehydrogenase, mitochondrial.
Os.13477.1.S1_at	0.0256	461	Os02g0100100	Protein disulfide isomerase-like 1;4.
OsAffx.30647.1.S1_x_at	0.0257	462	Os10g0467000	Conserved hypothetical protein.
Os.51718.1.S1_at	0.0256	463	Os11g0454200	Responsive to ABA gene 16B.
Os.4982.1.S1_at	0.0256	464	Os02g0103700	Similar to 60S ribosomal protein L9 (Gibberellin-regulated protein GA).
Os.5470.1.S1_at	0.0257	465	Os02g0804150	---
Os.12627.1.S1_at	0.0258	466	Os07g0141400	Similar to 23 kDa polypeptide of photosystem II.
Os.12290.1.S1_at	0.0258	467	Os08g0130500	60S acidic ribosomal protein P0.
Os.28438.4.S1_x_at	0.0257	468	Os01g0501800	Similar to Photosystem II oxygen-evolving complex protein 1 (Fragment).
OsAffx.27559.1.S1_x_at	0.0258	469	Os01g0948200	GRAS transcription factor domain containing protein.
Os.52922.1.S1_at	0.0258	470	Os05g0494800	Conserved hypothetical protein.
Os.11305.1.S1_at	0.0258	471	Os12g0478100	GRAM domain containing protein.
Os.5311.1.S1_at	0.0260	472	Os08g0506700	Flowering BHLH 1.
Os.8300.1.S1_at	0.0260	473	Os02g0815001	Similar to 60S ribosomal protein L37 (G1.16).
Os.1310.1.S1_a_at	0.0259	474	Os11g0113700 Os12g0113500	CBL-interacting protein kinase 15 (OsCIPK15).
Os.51683.1.S1_at	0.0260	475	Os06g0539400	Amino acid/polyamine transporter I family protein.
Os.47898.1.A1_at	0.0261	476	Os05g0574900	Slender Rice like 2 (OsSLRL2).
Os.12061.1.S1_s_at	0.0263	477	Os07g0229900	Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45 family protein.
Os.55256.1.S1_at	0.0263	478	Os10g0467000	Conserved hypothetical protein.
Os.8767.1.S1_x_at	0.0263	479	Os03g0796501	Similar to 60S ribosomal protein L4 (L1).
Os.14023.2.S1_at	0.0263	480	Os06g0103400	Nucleic acid-binding, OB-fold domain containing protein.
OsAffx.25614.1.S1_at	0.0265	481	Os03g0682200	Similar to Argonaute-like protein (Fragment).Protein argonaute 12 (AGO12) .
Os.20371.1.A1_at	0.0266	482	---	---

Os.20333.1.S1_at	0.0266	483	Os02g0799600	Conserved hypothetical protein.
Os.11481.1.S1_s_at	0.0266	484	Os08g0516900	Conserved hypothetical protein.
Os.5606.1.S1_at	0.0266	485	Os07g0564100	UDP-glucuronosyl/UDP-glucosyltransferase family protein.
Os.10732.1.S1_s_at	0.0268	486	Os03g0306800	Similar to CP12 (Fragment).
Os.14899.1.S1_at	0.0278	487	Os03g0688200	Conserved hypothetical protein.
Os.4804.1.S1_at	0.0278	488	Os06g0166400	Ethylene response factor 7.
Os.46185.1.S1_x_at	0.0279	489	Os02g0796900 Os02g0797200	60S ribosomal protein L39-1.
Os.4779.1.S1_at	0.0281	490	Os07g0150200	40S ribosomal protein S12.
Os.11528.1.S1_at	0.0282	491	Os02g0699600	60S ribosomal protein L12.
Os.426.1.S1_at	0.0283	492	Os04g0430100	Similar to 40S ribosomal protein S10-1.
Os.49233.1.S1_at	0.0284	493	---	---
Os.8043.1.S1_at	0.0284	494	Os03g0719400	Esterase/lipase/thioesterase domain containing protein.
Os.7920.1.S1_at	0.0285	495	Os06g0654900	Conserved hypothetical protein.
Os.2216.1.S1_at	0.0287	496	Os01g0810300	Similar to Calmodulin-like protein.
Os.22000.1.S1_at	0.0290	497	Os06g0726200	Chitinase 1.
Os.37318.1.S1_at	0.0290	498	---	---
Os.51482.1.S1_at	0.0291	499	Os07g0168800	Zinc Finger Protein 177.
Os.11168.1.S1_at	0.0293	500	Os02g0797200	60S ribosomal protein L39-2.
OsAffx.32228.1.A1_x_at	0.0294	501	---	---
Os.1660.1.S1_at	0.0294	502	Os01g0112500	Conserved hypothetical protein.
Os.5518.1.S1_at	0.0293	503	Os12g0575000	Protein of unknown function DUF1118 family protein.
Os.24470.1.A1_at	0.0295	504	Os08g0246000	Hypothetical protein.
Os.27102.1.S1_x_at	0.0294	505	Os04g0115700	Conserved hypothetical protein.
OsAffx.23005.1.S1_x_at	0.0294	506	Os06g0133200	Conserved hypothetical protein.

OsAffx.23032.1.S1_at	0.0294	507	Os01g0106500	Conserved hypothetical protein.
Os.21763.1.S1_at	0.0294	508	Os03g0577000	Similar to Ribosomal protein S3 (Fragment).
OsAffx.2593.1.S1_s_at	0.0300	509	Os02g0226200	HAD-superfamily subfamily IB hydrolase, hypothetical 1 protein Putative phosphatase, orphan 1.
Os.52902.1.S1_at	0.0300	510	Os07g0589000	Lateral organ boundaries, LOB domain containing protein.
Os.11276.1.S1_at	0.0302	511	Os03g0341100	Similar to 60S ribosomal protein L18.
Os.18498.1.S1_at	0.0301	512	Os08g0480800	Similar to TaWIN2. 14-3-3-like protein GF14-A G-box factor 14-3-3 homolog A.
OsAffx.1957.1.S1_at	0.0302	513	Os01g0174000	b-ZIP transcription factor 1.
Os.11335.3.S1_x_at	0.0303	514	Os01g0720700	Similar to Serine acetyltransferase.
Os.54215.1.S1_x_at	0.0304	515	Os07g0301200	Similar to RNA helicase (Fragment).
Os.8502.5.S1_x_at	0.0304	516	Os05g0328333 Os05g0329100 Os05g0329200 Os05g0329400 Os05g0330600 Os07g0219300 Os07g0219400 Os07g0220050	Prolamin PPROL 14E / Cys-poor 13-kDa prolamin (CysP13, CpP13).
Os.10166.1.S1_at	0.0304	517	Os04g0494100	Chitinase 5.
Os.11487.1.S1_s_at	0.0306	518	Os01g0860300	Ribosomal protein L1 family protein.
Os.52635.1.S1_at	0.0306	519	Os03g0591000	---
Os.56873.1.S1_x_at	0.0306	520	Os03g0377600	Conserved hypothetical protein.
Os.24639.1.S1_at	0.0307	521	Os03g0372700	Low temperature viability protein family protein.
OsAffx.29486.2.S1_x_at	0.0308	522	---	---
Os.11787.1.S1_at	0.0308	523	Os07g0100200	Similar to PDX1-like protein 4.
Os.26532.1.S1_a_at	0.0308	524	Os01g0834500 Os01g0834601	Similar to 40S ribosomal protein S23 (S12).
Os.36162.1.S1_s_at	0.0312	525	Os01g0825800	Amino acid/polyamine transporter II family protein.
Os.8316.1.S1_at	0.0316	526	Os07g0622100	Similar to Ribosomal protein s6 RPS6-2.

Os.32496.1.S1_at	0.0316	527	Os04g0578700	MscS Mechanosensitive ion channel family protein.
Os.14261.1.S1_at	0.0317	528	Os03g0187000	Conserved hypothetical protein.
Os.15246.1.S1_at	0.0316	529	Os02g0260700	Similar to GAMYB-binding protein (Fragment).
Os.5830.1.S1_at	0.0317	530	Os03g0326500	Similar to Thioredoxin-like 1.
Os.43236.1.S1_at	0.0317	531	Os08g0420700	Conserved hypothetical protein.
Os.6125.1.S1_at	0.0317	532	Os03g0405500	Similar to PDI-like protein.
Os.34729.2.S1_x_at	0.0319	533	Os07g0691600	Similar to Alcohol dehydrogenase (Fragment).
Os.30832.1.S1_at	0.0322	534	Os07g0657100	Glyoxalase/extradiol ring-cleavage dioxygenase domain containing protein. Glyoxalase family-like protein.
Os.53043.1.S1_at	0.0326	535	Os01g0112100	Conserved hypothetical protein.
Os.5851.1.S1_at	0.0329	536	Os04g0669800	Methylthioribose kinase 1.
Os.13510.1.S1_at	0.0329	537	Os06g0210100	emp24/gp25L/p24 family protein.
Os.8646.1.S1_at	0.0329	538	Os05g0103100	Translocon-associated beta family protein.
Os.7890.1.S1_a_at	0.0329	539	Os08g0435900	Similar to LHC I type IV chlorophyll binding protein (Fragment).
Os.49460.1.S1_at	0.0330	540	Os02g0463500	Peptidase S10, serine carboxypeptidase family protein.
OsAffx.23589.1.S1_s_at	0.0332	541	Os01g0580800	Conserved hypothetical protein.
Os.26532.2.S1_x_at	0.0332	542	Os01g0834601	---
OsAffx.14458.1.S1_x_at	0.0336	543	Os04g0674000	Conserved hypothetical protein.
Os.49356.1.S1_at	0.0337	544	Os08g0184300	Conserved hypothetical protein.
Os.11944.1.S1_at	0.0337	545	Os09g0369000	Ethylene response factor 50.
Os.48078.1.S1_at	0.0337	546	Os05g0256000	Similar to TGF-beta receptor-interacting protein 1.
OsAffx.32279.1.S1_at	0.0343	547	---	---
Os.7075.1.S1_at	0.0344	548	Os03g0389700	Phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase 1, chloroplastic.
Os.6595.1.S1_a_at	0.0345	549	Os03g0323200 Os07g0656500	Magnesium-chelatase subunit ChlH, chloroplastic.
Os.33777.1.S1_at	0.0347	550	Os08g0559200	Similar to Ribosomal protein S25 (40S ribosomal 25S subunit).



Os.6674.1.S2_a_at	0.0349	551	Os10g0105400	Conserved hypothetical protein.
Os.2348.1.S1_a_at	0.0349	552	Os03g0752800	MADS box gene14 / Protein APETALA1-like B.
Os.4378.2.S2_a_at	0.0350	553	Os05g0155500	Importin subunit alpha-1b.
Os.9698.1.S1_at	0.0350	554	Os04g0118100	Similar to Chloroplast Toc64-2.
Os.11104.1.S1_at	0.0350	555	Os02g0591700	Similar to Candida glabrata strain CBS138 chromosome L complete sequence.
Os.3927.3.S1_x_at	0.0351	556	Os01g0253900	Lipase, class 3 family protein.
Os.338.3.S1_x_at	0.0351	557	Os03g0289100	Autophagy associated gene 1B.
Os.14842.1.S1_at	0.0352	558	Os09g0446800	Similar to Formate--tetrahydrofolate ligase (EC 6.3.4.3) (10-formyletrahydrofolate synthetase) (FHS) (FTHFS).
Os.57160.1.S1_at	0.0353	559	Os06g0686800	Conserved hypothetical protein.
Os.11159.1.S1_at	0.0355	560	Os01g0721900	Similar to Nuclear RNA binding protein B (Fragment).
OsAffx.24733.1.S1_s_at	0.0355	561	Os02g0670500	Rapid ALkalinization Factor family protein.
Os.53670.1.S1_at	0.0356	562	Os05g0247800	Glycoside hydrolase, family 18 protein.
OsAffx.5142.1.S1_at	0.0362	563	---	---
Os.4660.1.S1_s_at	0.0364	564	Os03g0206400	Conserved hypothetical protein.
Os.12593.1.S1_s_at	0.0364	565	Os08g0473600	Alpha-amylase isozyme 3E precursor (EC 3.2.1.1) (1,4-alpha-D-glucan glucohydrolase).
Os.10959.1.S1_at	0.0366	566	Os12g0292400	Similar to Petunia ribulose 1,5-bisphosphate carboxylase small subunit mRNA (clone pSSU 51), partial cds. (Fragment).
Os.18672.1.S1_s_at	0.0369	567	Os02g0541300	Similar to Histidine decarboxylase (Serine decarboxylase).
Os.12012.1.S1_at	0.0370	568	Os10g0392400	ZIM domain containing protein.
Os.12234.2.S1_s_at	0.0372	569	Os06g0219500	Similar to Heat shock 22 kDa protein, mitochondrial precursor.
Os.27457.1.S1_at	0.0374	570	Os04g0119200	Conserved hypothetical protein.
Os.39995.1.S1_x_at	0.0378	571	Os03g0561415	Conserved hypothetical protein.
OsAffx.19242.1.S1_x_at	0.0378	572	---	---
Os.49674.1.S1_at	0.0378	573	Os02g0506500	ThiF family domain containing protein, putative, expressed.

Os.24305.1.A1_at	0.0378	574	Os04g0458800	Hypothetical protein.
Os.8735.1.S1_at	0.0377	575	Os05g0517200	Trehalose-6-phosphate synthase 6.
Os.23208.1.S1_at	0.0377	576	Os04g0620700	RNA-binding region RNP-1 (RNA recognition motif) domain containing protein.
OsAffx.25190.1.S1_x_at	0.0378	577	Os03g0345700	Conserved hypothetical protein.
Os.26770.2.S1_x_at	0.0377	578	Os04g0235600	ATP synthesis coupled proton transport.
Os.13102.1.S1_at	0.0380	579	Os01g0762000	Patatin family protein.
Os.18416.1.S1_at	0.0381	580	Os07g0670600	PUA domain containing protein.
Os.37851.2.S1_s_at	0.0396	581	Os01g0743300	Protease-associated PA domain containing protein.
Os.25899.2.S1_s_at	0.0395	582	Os01g0709500	Similar to Serine/threonine-protein kinase PBS1 (EC 2.7.1.37) (AvrPphB susceptible protein 1).
Os.10138.2.S1_a_at	0.0397	583	Os03g0182600	Ribosomal protein S2 family protein.
Os.5313.1.S1_at	0.0397	584	Os08g0192900	RNA-binding region RNP-1 (RNA recognition motif) domain containing protein.
OsAffx.25767.1.S1_s_at	0.0401	585	Os03g0808500	Plant lipid transfer protein/Par allergen family protein.
Os.32459.1.S1_at	0.0403	586	Os01g0123900	Similar to Bowman-Birk type proteinase inhibitor (EBI).
Os.31022.1.S1_at	0.0406	587	Os06g0110200	Late embryogenesis abundant (LEA) group 1 family protein.
Os.46856.1.S1_at	0.0406	588	Os10g0138600	Cyclin-like F-box domain containing protein.
Os.53705.1.S1_at	0.0406	589	Os06g0661500	Conserved hypothetical protein.
Os.9741.2.S1_x_at	0.0407	590	Os11g0147150	Hypothetical protein.
Os.46610.1.S1_x_at	0.0409	591	---	---
Os.9024.1.S1_at	0.0409	592	Os02g0595400	Conserved hypothetical protein.
Os.11425.1.S1_at	0.0411	593	Os07g0180900	Ribosomal protein L4/L1e family protein.
Os.52150.1.S1_x_at	0.0411	594	Os04g0543900	Similar to Glutamate dehydrogenase (EC 1.4.1.3) (GDH).
Os.4666.1.S1_at	0.0412	595	Os10g0517500	Cys/Met metabolism PLP-dependent enzyme family protein, expressed .
Os.29800.1.S1_x_at	0.0411	596	Os01g0702900 Os02g0771500	Sucrose-phosphate synthase (EC 2.4.1.14).
Os.411.1.S1_a_at	0.0412	597	Os01g0867300	b-ZIP transcription factor 12 (OsbZIP12).

Os.16068.3.S1_at	0.0416	598	Os02g0707900	Universal stress protein (Usp) family protein.
Os.9330.1.S1_x_at	0.0420	599	Os02g0626100	Phenylalanine ammonia-lyase.
OsAffx.12823.1.S1_s_at	0.0420	600	Os03g0210600	Conserved hypothetical protein.
Os.51691.1.S1_s_at	0.0420	601	Os08g0177300	HSA domain containing protein.
Os.18512.1.S1_at	0.0422	602	Os03g0166000	Alba, DNA/RNA-binding protein family protein.
Os.11043.1.S1_x_at	0.0424	603	Os09g0413500	Similar to 60S ribosomal protein L34.
OsAffx.3606.1.S1_s_at	0.0424	604	Os03g0751600	Heavy metal transport/detoxification protein domain containing protein.
OsAffx.23355.1.S1_s_at	0.0423	605	Os01g0338100	Conserved hypothetical protein.
Os.46386.1.S1_s_at	0.0424	606	Os06g0608700	Similar to Fructose-bisphosphate aldolase, cytoplasmic isozyme (EC 4.1.2.13).
Os.34818.1.S1_x_at	0.0423	607	Os02g0204500	ENT domain containing protein.
Os.54655.1.S1_at	0.0423	608	Os05g0347400	Protein of unknown function DUF640 domain containing protein.
Os.5562.1.S1_at	0.0425	609	Os04g0600200	Alternative oxidase 1A.
Os.53403.1.S1_s_at	0.0425	610	Os08g0508700	Similar to EIL3.
Os.43170.1.S1_at	0.0427	611	Os08g0159800	Zinc finger, CCCH-type domain containing protein.
Os.53614.1.S1_at	0.0430	612	Os02g0755900	Similar to Glucosyltransferase (Fragment).
OsAffx.29994.1.S1_s_at	0.0438	613	Os09g0402100	PF1 protein.
OsAffx.31339.1.S1_s_at	0.0438	614	Os11g0579800	Gar1 protein RNA-binding region family protein.
Os.1386.1.S1_a_at	0.0439	615	Os09g0568400	Similar to 60S ribosomal protein L40 (CEP52)
Os.39933.1.S1_at	0.0440	616	Os06g0114650	Similar to IlnK protein (EC 2.7.1.12) (Fragment)
OsAffx.6477.1.S1_s_at	0.0444	617	Os09g0514600	Adrenodoxin family protein.
OsAffx.19095.1.S1_at	0.0443	618	Os11g0506800	IQ calmodulin-binding region domain containing protein.
OsAffx.2770.1.S1_s_at	0.0444	619	Os02g0478600	Similar to 40S ribosomal protein S15A.
Os.4690.1.S1_at	0.0444	620	Os12g0406200	Similar to 40S ribosomal protein S3a (CYC07 protein).
Os.24642.1.S1_at	0.0443	621	Os04g0492600	Anticodon-binding domain containing protein.
Os.12597.1.S1_at	0.0443	622	Os03g0115200	---

Os.9741.2.S1_at	0.0443	623	Os11g0147150	Hypothetical protein.
Os.18374.1.A1_at	0.0443	624	Os09g0376300	Conserved hypothetical protein.
Os.8945.1.S1_at	0.0448	625	Os06g0594400	Cyclin-like F-box domain containing protein.
Os.17506.1.S1_at	0.0448	626	Os10g0463800	Conserved hypothetical protein.
Os.37611.1.S1_at	0.0453	627	Os01g0191100	Similar to Acidic ribosomal protein P2a-4 (Fragment).
Os.12094.1.S1_a_at	0.0453	628	Os02g0543000	Abscisic acid-stress-ripening-inducible 1 protein.
Os.38797.1.S1_at	0.0453	629	Os06g0550000	Similar to 60S ribosomal protein L11-2 (L16). Splice isoform 2.
Os.12393.2.S1_x_at	0.0453	630	Os08g0104600	Ferredoxin I.
Os.51775.1.S1_x_at	0.0453	631	Os12g0147200	Conserved hypothetical protein.
Os.17985.1.S1_s_at	0.0461	632	Os03g0776400	Conserved hypothetical protein.
Os.7988.1.S1_s_at	0.0461	633	Os11g0171300	Chloroplast Aldolase.
Os.1082.2.S1_at	0.0462	634	Os01g0304000	Similar to Ribosomal protein L29.
OsAffx.12774.1.S1_s_at	0.0462	635	Os03g0175200	Mitochondrial substrate carrier family protein.
Os.4867.1.S1_at	0.0462	636	Os08g0518800	Similar to Class III chitinase homologue (OsChib3H-h) (Fragment).
OsAffx.1874.1.S1_at	0.0462	637	---	---
Os.9738.1.S1_at	0.0463	638	Os01g0896800	Eukaryotic ribosomal protein L5 family protein.
Os.10290.1.S1_at	0.0463	639	Os05g0491100	Similar to Calmodulin.
Os.51503.1.S1_at	0.0465	640	Os05g0581000	Conserved hypothetical protein.
Os.9021.4.S1_at	0.0464	641	Os11g0188850	Hypothetical protein.
Os.18335.3.S1_x_at	0.0468	642	Os11g0171300	Chloroplast aldolase.
Os.12250.1.S1_at	0.0468	643	Os03g0851000	Similar to Transcription factor homolog BTF3-like protein.
OsAffx.6066.1.S1_s_at	0.0473	644	Os08g0490600	Beta-Ig-H3/fasciclin domain containing protein.
Os.12362.1.S1_at	0.0477	645	Os03g0576700	Similar to 60S ribosomal protein L13 (BBC1 protein homolog).
Os.3663.1.S1_at	0.0478	646	Os01g0292200	CBL-interacting protein kinase 1.
Os.10590.1.S1_s_at	0.0479	647	Os08g0104400	Conserved hypothetical protein.

Os.15252.1.S1_a_at	0.0478	648	Os07g0187200	FAD linked oxidase, N-terminal domain containing protein.
Os.26588.1.S1_x_at	0.0478	649	Os04g0240100	RNA polymerase Rpb1, domain 5 containing proteinng protein.
Os.8879.1.S1_at	0.0480	650	Os06g0645400	Aminoacyl-tRNA synthetase, class 1a, anticodon-binding domain containing protein.
Os.39973.1.S1_s_at	0.0479	651	Os03g0820500	Actin-depolymerizing factor 3.
Os.11625.1.S1_at	0.0479	652	Os08g0366200	Protein of unknown function DUF1313 family protein.
Os.5444.1.S1_at	0.0479	653	Os08g0500200	Conserved hypothetical protein.
OsAffx.7112.1.S1_at	0.0481	654	Os11g0255200	Conserved hypothetical protein.
Os.7876.1.S1_at	0.0482	655	Os02g0162500	Similar to 40S ribosomal protein S14.
Os.9579.1.S1_at	0.0483	656	Os02g0102700	Similar to AGL157Cp.
Os.5001.1.S1_at	0.0484	657	Os08g0556000	Similar to YTH domain protein 2 (High-glucose-regulated protein 8) (NY-REN-2 antigen) (CLL-associated antigen KW-14).
Os.20910.1.S1_at	0.0483	658	Os02g0523800	Inositol polyphosphate kinase family protein.
AFFX-OS-5.8SrRNA_at	0.0482	659	---	---
Os.20336.1.S1_at	0.0482	660	Os05g0567400	Ribosomal RNA methyltransferase RrmJ/FtsJ domain containing protein.
Os.11615.1.S1_at	0.0484	661	Os02g0523500	TUDOR protein with multiple Snc domains, putative, expressed.
Os.51343.1.S1_at	0.0484	662	Os03g0204900	Similar to TATA-binding protein associated factor 2N (RNA-binding protein 56) (TAFII68) (TAF(II)68)
Os.52234.1.S1_at	0.0484	663	Os02g0121500	Conserved hypothetical protein.
Os.37882.1.S1_at	0.0487	664	Os09g0507800	60S ribosomal protein L7a.
Os.52552.1.S1_at	0.0490	665	Os06g0329300	Conserved hypothetical protein.
Os.56337.1.S1_at	0.0493	666	Os11g0297800	Similar to Beta-D-xylosidase.
Os.11915.1.S1_at	0.0495	667	Os02g0753800	Similar to Annexin p35.
OsAffx.7183.1.S1_s_at	0.0495	668	Os11g0428800	Plastocyanin-like domain containing protein.
Os.27821.1.S1_s_at	0.0496	669	Os02g0539100	Similar to Digalactosyldiacylglycerol synthase 1.
Os.9197.1.S1_at	0.0497	670	Os02g0534800	Similar to 40S ribosomal protein S14 (Clone MCH2).
Os.9700.1.S1_at	0.0500	671	Os08g0377500	Protein of unknown function DUF599 family protein.

Os.11021.2.S1_x_at	0.0499	672	Os05g0169100	Similar to 60S ribosomal protein L10 (QM protein homolog).
Os.22465.1.S1_at	0.0499	673	Os04g0543950	Hypothetical protein.
Os.26930.1.S1_x_at	0.0499	674	Os04g0150300	Conserved hypothetical protein.

## 謝辞

研究室に所属してから5年間、多くの方々の御指導、御鞭撻を賜り博士論文を提出するに至りました。ここに深く感謝の意を表します。

朝倉富子 特任教授には、研究員からの2年間、また博士課程に進学してからの3年間に亘って御指導頂きました。本研究を実施するにあたり素晴らしい環境を提供して頂き、何より私が再び研究現場に戻れる最高のチャンスを与えて下さいました。大学を離れて、ブランクのある私に声をかけて下さり、常に親身になって御指導頂いたこと、心より深く感謝申し上げます。

農業・食品産業技術総合研究機構中央農業研究センター北陸拠点 黒田昌治博士には、研究遂行にあたり、サンプルの提供のみならず、多くの助言とご協力を賜りました。また本論文執筆にあたり、大変丁寧な御指導を賜りました。心より御礼申し上げます。

本研究科 寄付講座 阿部啓子 特任教授には、研究生活全般にあたり、多くの助言とご協力を賜りました。また、卒業後の進路についても親身に相談にのって頂きました。心より厚く御礼申し上げます。石丸喜朗 特任准教授には、本研究遂行にあたり、貴重なアドバイスやアイデアを頂きました。心より厚く感謝申し上げます。

東京大学生物生産工学研究センター・環境保全工学研究室 岡田憲典准教授、宮本皓司博士（現・帝京大学）には、イネ培養細胞への形質転換方法を御指導頂きました。また、同研究室の松澤淳氏には ITC の解析方法を教えて頂きました。京都府立大学 増村威宏教授、佐生愛 学術研究員にはコメ切片を使った抗体染色方法を御指導頂きました。福井県立大学 平修准教授には MALDI-TOF-MS によるイメージング解析をして頂きました。東京大学大学院理学系研究科 上田貴志准教授（現基礎生物学研究所 教授）には蛍光タンパク質発現用ベクター及びシロイヌナズナ培養細胞 Deep cell を分譲して頂きました。また、本研究遂行にあたり、東京農業大学 田村倫子准教授にも多くの御指導と助言を賜りました。

また、研究室の皆様方のおかげで、大変楽しく、充実した研究生活を送ることができました。感謝申し上げます。

そして最後に、長い間、常に精神的にも経済的にも大きく支え続けてくれた両親、兄弟、夫に心から感謝致します。

2016年12月22日

## 論文の内容の要旨

応用生命化学専攻  
平成 26 年度博士課程入学  
氏名 緑川 景子  
指導教員 朝倉 富子

## 論文題目

窒素施肥が米の成分組成および品質に与える影響の分子生物学的解析

### 1 研究の背景と目的

出穂期以降の窒素追肥は、コメの収量を増加させる一方で食味を低下させる。そのようなコメでは、プロラミン等の貯蔵タンパク質が増加しており、これが食味低下の原因との指摘がある。しかし、それを直接的に証明した研究結果はなく、また粘りや硬さ、甘みや香りといった食味構成要素の変化全てを貯蔵タンパク質の増加で説明することはできない。一般に、植物は限られた栄養素を効率よく利用するため、炭素 (C) と窒素 (N) のバランス調節機構を有し、栄養状態により炭素源の分配先を調節する。追肥による食味低下も、種子内部で C/N バランスの調節が起きた結果としてもたらされると考えられるが、メカニズムの詳細はわかっていない。そこで本研究では、登熟期の窒素追肥に応答した遺伝子発現変動を網羅的に解析することによって、追肥により変動する種子成分とそれに関与する分子群を見出すことを目的とした。

### 2 登熟期窒素追肥の網羅的遺伝子発現と成分変化

本研究では追肥時期を出穂時に設定し、種子内の遺伝子発現を DNA マイクロアレイにより網羅的に解析した。これは、追肥以前にイネ植物体の大きさおよび籾数を確定させることで、追肥による根圏窒素増加の影響が、より直接的に種子の遺伝子発現に及ぶようにするためである。



DNA マイクロアレイに供するサンプルの選定のために登熟途上の種子の窒素含有量を測定したところ、開花後7日目ですでに追肥群とコントロール群で差がみられた。これは、追肥の効果が7日目ですでに現れた結果と推定されたが、この時期は成分の集積が始まったばかりであり、遺伝子発現と含有量の関係性を解析することは難しい。そこで、開花後10日目以降5日ごとに登熟途上の種子を採取し、それらのうち貯蔵物質の合成が盛んでデンプン粒などの貯蔵顆粒が一定量形成されている開花後15日目の種子を用いてDNA マイクロアレイ解析を行った。その結果、有意に発現変動した遺伝子群として炭素固定(Rubisco)、光合成(chlorophyll binding protein)、アミノ酸合成、貯蔵タンパク質合成(13 kDa Cys-poor prolamin)、細胞壁合成(SUS3, CesA など)、トレハロース合成(TPP, TPS)、デンプン合成・代謝(SS1, BEIIb,  $\alpha$ -Amy,  $\beta$ -Amy)などに関連する遺伝子群が抽出された(図)<sup>(1)</sup>。

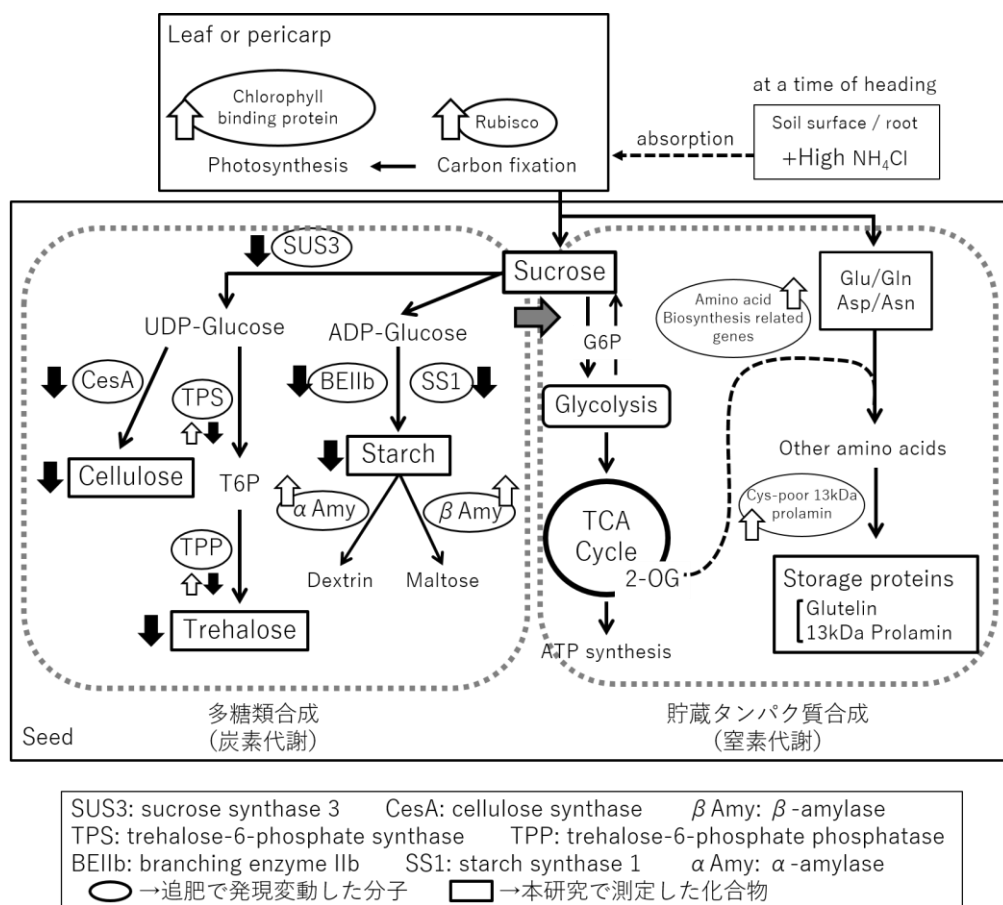


図 登熟種子における追肥の効果

次に、完熟種子の成分を分析し、遺伝子発現変動と相関するかを解析した。種子の窒素含有量は追肥区で高くなり、これはアミノ酸合成関連遺伝子の発現が上昇した結果と考えられる。ただし、胚乳の遊離アミノ酸は追肥群、コントロール群ともに極めて低い含有量であったことから、

追肥によって増加した種子内のアミノ酸は、そのほとんどがタンパク質合成に用いられていることが示唆された。SDS-PAGE により種子タンパク質を解析したところ、貯蔵タンパク質であるグルテリンと Cys-poor 13 k Da プロラミンの顕著な増加がみられた。一方で、細胞壁合成に関連する遺伝子群の発現が減少したことを受け、種子細胞壁の構成成分である  $\beta$  グルカン量をカルコフロー染色により評価した。その結果、追肥群において  $\beta$  グルカン含量が有意に減少しており、細胞壁のセルロースが減少していることが示唆された。またデンプン合成関連の遺伝子は発現低下し、分解関連の遺伝子群が発現上昇したことから、追肥によりデンプン蓄積量の低下が予想された。そこで、各群における総デンプン量を測定したところ、追肥群がコントロール群に対し有意に減少していた。種子重量が追肥によって増えていなかったことを考え合わせると、登熟期の窒素追肥によって種子貯蔵物質の総量は増加せず、貯蔵タンパク質が増加する分、デンプンや細胞壁といった多糖類の蓄積が減少することが明らかとなった (図)。

DNA マイクロアレイの結果では、追肥群で多糖類合成に関連する遺伝子群が発現低下していたことから、多糖類合成の炭素源となる sucrose 量の減少が予想された。即ち、開花後 15 日目の遺伝子発現変動は、それ以前の時期での種子内の sucrose 含有量の低下によりもたらされた可能性を予想し、開花後 10 日目の各群におけるイネ種子の sucrose 量を GC-MS により測定した。その結果、種子内の sucrose 含有量は追肥群とコントロール群では有意な差は見られなかった。sucrose はアミノ酸合成の炭素骨格としても利用されることから、多糖類の合成低下の原因は、種子内で貯蔵タンパク質合成に割られる炭素源が増加した結果によるものと結論付けた。さらにその他の主要な代謝産物について測定した結果では、解糖系で消費されるリン酸化糖 (G6P, F6P) やアミノ酸合成経路への分岐点である 2-OG 合成過程の citric acid や isocitric acid も追肥群で増加傾向にあり、炭素源の分配先が窒素集積側へ大きく傾いていることを示していた。さらにその後の解析で、種子内の窒素量に応答して炭素源の分配先を制御する因子として、TPP や SnRK1b が候補として挙げられた。

### 3 新規胚乳細胞壁合成関連遺伝子の機能解析

細胞壁はコメの割れやすさや吸水性、細胞構造の維持による食感など、品質に大きく関わっている可能性がある。しかし、胚乳で細胞壁が占める割合は重量の 1%程度と少なく、簡便に分析する方法もないことからほとんど研究が行われてこなかった。DNA マイクロアレイ解析では、セルロース合成酵素など細胞壁合成に関与する酵素の多くが窒素追肥で発現低下する遺伝子として検出されており、種子内の細胞壁もまた C/N バランス調節機構に組み込まれて質的变化を起こすことが示唆された。検出された遺伝子の中で、主に胚乳で細胞壁合成に関与している新規

分子として BC1L6 (Brittle Culm1-Like6) に着目した。BC1L6 のホモログである BC1 は“鎌いらず遺伝子”として知られており、BC1 を欠損させた株は茎が折れやすく、矮性を示す。また、BC1L6 は C 末端側に GPI アンカードメインを有する GPI アンカー型タンパク質である。GPI アンカー型タンパク質は、細胞膜中の脂質ラフトにつなぎ止められており、細胞表層に位置することから、BC1L6 は他の細胞膜に局在する細胞壁合成酵素と協働して、胚乳細胞壁の合成制御に関与しているのではないかという仮説を立てた。そこでまず BC1L6 を発現抑制したイネ胚盤由来カルスを作製し、プロトプラストを単離した。カルコフロー染色により再形成された細胞壁の蛍光強度を観察したところ、変異株において蛍光が減退することが判明した。さらに BC1L6 ノックアウト株であるレトロトランスポゾン挿入株 (Tos ライン) の  $\beta$  グルカン量も減少が認められた。次に、BC1L6 の細胞内局在を確認するため、RFP 融合 BC1L6 タンパク質をシロイヌナズナ根由来の培養細胞 Deep cell で発現させたところ、BC1L6 も細胞膜に局在することが明らかとなった。また *in situ* hybridization 法により、BC1L6 の組織内での発現部位を経時的に解析したところ、登熟期後半の外周部に特に強く発現していた。種子の登熟は内側から外側に向かってすすむ。種子の細胞数は登熟初期で決定付けられることから、BC1L6 は登熟後期の貯蔵物質蓄積に伴う細胞肥大化のための細胞壁合成に関与している可能性が示唆された。BC1L6 は多糖類との結合が予測されるドメイン (CBM: carbohydrate-binding module) を有していた。CBM はアミノ酸配列に基づいて CBM1 から CBM80 までのファミリーに分類されているが、BC1L6 の持つ CBM はキシラン主鎖やセルロースに結合能を持つ CBM2 に最も近いと推定された。以上の結果から、BC1L6 は胚乳中の細胞壁合成にあたり、 $\beta$ -グルコシド結合の伸長に関わる分子シャペロンのような働きを担っている可能性が示唆された。

#### 4 まとめ

本研究は、窒素追肥がコメのタンパク質合成を増強する一方で、デンプン・細胞壁といった多糖類の合成・集積経路を抑制するというトレードオフの関係を明らかにした。また、BC1L6 の欠損変異体では  $\beta$  グルカン含有量が減少していた。今後この変異体を用いてコメの品質に果たす細胞壁の機能を明らかにすることで、コメの品質制御に関する更なる知見が得られるものと期待される。

(1) **K. Midorikawa**, M. Kuroda, K Terauchi, M. Hoshi, S. Ikenaga, Y. Ishimaru, K. Abe, and T. Asakura, Additional nitrogen fertilization at heading time of rice down-regulates cellulose synthesis in seed endosperm. PLOS ONE. 9(6): e98738 (2014).