

SEED Rank3	S1	SE	S2	SE	S3	SE	S4	SE	S5	SE	S6	SE
Ribulosebiphosphatecarboxylase(EC4.1.1.39)	1.67	0.18	1.42	0.24	2.26	0.28	1.73	0.36	2.01	0.43	1.87	0.37
NAD-dependentglyceraldehyde-3-phosphatedehyd(EC1.2.1.12)	5.75	1.01	4.21	0.81	4.59	0.65	3.20	0.48	3.83	0.57	3.66	0.52
NADPH-dependentglyceraldehyde-3-phosphatedehyd(EC1.2.1.13)	21.67	14.33	3.78	1.94	4.92	2.68	6.43	3.11	9.14	4.57	7.06	3.64
Fructose-bisphosphatealdolaseclassI(EC4.1.2.13)	1.72	0.41	1.27	0.27	1.02	0.17	0.96	0.26	1.11	0.34	0.98	0.26
Fructose-1,6-bisphosphatase,typeI(EC3.1.3.11)	0.94	0.44	0.52	0.10	0.62	0.10	0.50	0.13	0.54	0.15	0.58	0.15
Branched-chainaminoacidaminotransferase(EC2.6.1.42)	0.46	0.07	0.32	0.04	0.37	0.05	0.24	0.02	0.24	0.02	0.25	0.02
Branched-chainacyl-CoAdehydrogenase(EC1.3.99.12)	1.02	0.75	0.31	0.09	0.41	0.11	0.34	0.13	0.29	0.13	0.34	0.13
Inositoltransportsystemsugar-bindingprotein	0.66	0.29	1.57	1.01	0.70	0.34	0.25	0.15	0.22	0.10	0.23	0.13
Myo-inositol2-dehydrogenase1(EC1.1.1.18)	0.66	0.49	1.46	1.27	1.57	1.22	0.28	0.14	0.34	0.20	0.37	0.22
PredictedmaltoasetransporterMalT	0.33	0.17	0.52	0.33	0.28	0.16	0.17	0.03	0.17	0.04	0.18	0.04
Carbonicanhydrase(EC4.2.1.1)	0.72	0.08	0.88	0.12	0.90	0.09	0.45	0.04	0.43	0.03	0.51	0.04
Manganesesuperoxidedismutase(EC1.15.1.1)	1.62	0.67	3.73	1.69	4.70	2.11	0.97	0.31	0.93	0.28	1.18	0.40
Nitrate/nitritetransporter	5.12	3.34	3.41	0.89	2.89	0.90	1.98	0.79	2.23	0.81	2.32	0.81
Ammoniumtransporter	1.18	0.45	0.88	0.13	0.72	0.10	0.63	0.12	0.65	0.15	0.67	0.14
ammonium/methylammoniumpermease	0.34	0.11	0.36	0.25	0.32	0.15	0.74	0.39	0.79	0.52	0.67	0.48
Nitritereductase[NAD(P)H]largesubunit(EC1.7.1.4)	1.73	0.43	2.02	0.50	1.49	0.32	0.50	0.09	0.56	0.10	0.59	0.10
Allantoicase(EC3.5.3.4)	0.40	0.34	1.19	1.16	0.82	0.48	0.22	0.09	0.16	0.06	0.24	0.08
GlutamateN-acetyltransferase(EC2.3.1.35)/ N-acetylglutamatesynthase(EC2.3.1.1)	0.56	0.31	0.80	0.65	0.96	0.60	0.29	0.12	0.37	0.17	0.38	0.20
Acetylnithineaminotransferase(EC2.6.1.11)	0.44	0.22	0.73	0.51	0.78	0.38	0.31	0.10	0.32	0.11	0.35	0.15
Argininosuccinatesynthase(EC6.3.4.5)	0.75	0.21	0.49	0.10	1.05	0.49	0.55	0.11	0.57	0.13	0.56	0.12
GlutaminesynthetasetypeII,eukaryotic(EC6.3.1.2)	1.06	0.29	0.79	0.26	0.69	0.18	0.83	0.18	0.81	0.19	0.85	0.19
GlutaminesynthetasetypeIII,GlnN(EC6.3.1.2)	0.71	0.23	0.60	0.10	0.76	0.09	0.38	0.06	0.44	0.08	0.46	0.08
Cyanatehydratase(EC4.2.1.104)	0.84	0.38	0.23	0.17	0.76	0.30	0.21	0.15	0.29	0.22	0.21	0.14
Alkalinephosphatase(EC3.1.3.1)	1.02	0.24	1.05	0.34	1.27	0.29	0.50	0.08	0.55	0.09	0.53	0.09
Sodium-dependentphosphatetransporter	1.05	0.26	2.10	0.65	2.99	0.85	0.51	0.07	0.61	0.08	0.68	0.10
PhosphonateABCtransporter(TC3.A.1.9.1)	0.36	0.25	0.47	0.37	0.60	0.23	0.13	0.08	0.16	0.08	0.16	0.08
OligopeptideABCtransporter,OppA(TC3.A.1.5.1)	0.22	0.08	0.14	0.06	0.19	0.08	0.09	0.03	0.15	0.05	0.14	0.07
PhosphateABCtransporter,PstS(TC3.A.1.7.1)	0.53	0.20	0.47	0.10	0.60	0.12	0.25	0.06	0.28	0.06	0.31	0.06
Probablelow-affinityinorganicphosphatetransporter	3.96	2.16	0.74	0.27	1.06	0.40	1.09	0.54	1.28	0.64	1.20	0.59
NADHdehydrogenase[ubiquinone]Fe-S3(EC7.1.1.2)(EC1.6.99.3)	6.11	5.15	0.87	0.51	1.23	0.98	1.87	1.62	1.96	1.78	1.88	1.66
ATPsynthaseB'chain(EC3.6.3.14)	1.68	1.08	0.45	0.29	0.69	0.13	0.62	0.23	0.63	0.21	0.57	0.22

Table 4

Eukaryote counts transformed to transcripts per kilobase million (TPM), mean TPM per enzyme (Rank3) in sample columns (S1-S6), with standard errors (SE).