

A

OSHB1	1	-----MAAAAMV-----GGSDGGFDKXGMSDXXYKVRIT-----EVELEIYIDC-----PKPSRSLR-----RECPITNLPE-----Q1KVFVNRRQRKORKESS-----LRLKDNISLH-----NKLLEMEEN-----RLKDNISLH-----RHGHQDQINT-----	137
OSHB2	1	-----MAAAAMVGGSGGDDGGYGD-----AMDSKCY-----EVELEIYIDC-----PKPSRSLR-----RECPITNLPE-----Q1KVFVNRRQRKORKESS-----LRLKDNISLH-----NKLLEMEEN-----RLKDNISLH-----RHGHQDQINT-----	137
OSHB3	1	-----MAAAAYGRERGLSSE-----EVELEIYIDC-----PKPSRSLR-----RECPITNLPE-----Q1KVFVNRRQRKORKESS-----LRLKDNISLH-----NKLLEMEEN-----RLKDNISLH-----RHGHQDQINT-----	140
OSHB4	1	-----MAAAAYAHVGQHRGKSP-----PGCPGAPV-----EVELEIYIDC-----PKPSRSLR-----RECPITNLPE-----Q1KVFVNRRQRKORKESS-----LRLKDNISLH-----NKLLEMEEN-----RLKDNISLH-----RHGHQDQINT-----	140
OSHS5	1	-----MAAAAMV-----MVAASAMADASYYKVRIT-----EVELEIYIDC-----PKPSRSLR-----RECPITNLPE-----Q1KVFVNRRQRKORKESS-----LRLKDNISLH-----NKLLEMEEN-----RLKDNISLH-----RHGHQDQINT-----	133
RLD1	1	-----MAAAVALR-----GGSDGGFDKXGMSDXXYKVRIT-----EVELEIYIDC-----PKPSRSLR-----RECPITNLPE-----Q1KVFVNRRQRKORKESS-----LRLKDNISLH-----NKLLEMEEN-----RLKDNISLH-----RHGHQDQINT-----	135
RLD2	1	-----MAAAAMV-----GGSDGGFDKXGMSDXXYKVRIT-----EVELEIYIDC-----PKPSRSLR-----RECPITNLPE-----Q1KVFVNRRQRKORKESS-----LRLKDNISLH-----NKLLEMEEN-----RLKDNISLH-----RHGHQDQINT-----	135
RE1	1	-----MAAAAMV-----MVAASAMADASYYKVRIT-----EVELEIYIDC-----PKPSRSLR-----RECPITNLPE-----Q1KVFVNRRQRKORKESS-----LRLKDNISLH-----NKLLEMEEN-----RLKDNISLH-----RHGHQDQINT-----	135
PHB	1	-----MMHMSSDMDNNESS-----PKPLGSXKVRIT-----EVELEIYIDC-----PKPSRSLR-----RECPITNLPE-----Q1KVFVNRRQRKORKESS-----LRLKDNISLH-----NKLLEMEEN-----RLKDNISLH-----RHGHQDQINT-----	133
PHB	1	-----MMHMSSDMDNNESS-----PKPLGSXKVRIT-----EVELEIYIDC-----PKPSRSLR-----RECPITNLPE-----Q1KVFVNRRQRKORKESS-----LRLKDNISLH-----NKLLEMEEN-----RLKDNISLH-----RHGHQDQINT-----	133
CNA	1	-----MAMSKCD-----KLCLGKXKVRIT-----EVELEIYIDC-----PKPSRSLR-----RECPITNLPE-----Q1KVFVNRRQRKORKESS-----LRLKDNISLH-----NKLLEMEEN-----RLKDNISLH-----YFRTDIPPS-----	124
ATBP-8	1	-----MAMSKCD-----KLCLGKXKVRIT-----EVELEIYIDC-----PKPSRSLR-----RECPITNLPE-----Q1KVFVNRRQRKORKESS-----LRLKDNISLH-----NKLLEMEEN-----RLKDNISLH-----YFRTDIPPS-----	124
ZHB-10	1	-----MAMVWVHQQRQETTSNSNSXKTHO-----LNDQYKVRIT-----EVELEIYIDC-----PKPSRSLR-----RECPITNLPE-----Q1KVFVNRRQRKORKESS-----LRLKDNISLH-----NKLLEMEEN-----RLKDNISLH-----RHGHQDQINT-----	141
ZHB-11	1	-----MAMAVEHQYQKETTSNSNSXKTHO-----LNDQYKVRIT-----EVELEIYIDC-----PKPSRSLR-----RECPITNLPE-----Q1KVFVNRRQRKORKESS-----LRLKDNISLH-----NKLLEMEEN-----RLKDNISLH-----RHGHQDQINT-----	136
ZHB-13	1	-----MSMSKCDKCTIMNGKXKVRIT-----EVELEIYIDC-----PKPSRSLR-----RECPITNLPE-----Q1KVFVNRRQRKORKESS-----LRLKDNISLH-----NKLLEMEEN-----RLKDNISLH-----RHGHQDQINT-----	126
PHPB10	1	-----MTETWKDQMDASX-----EVELEIYIDC-----HEPKCSK-----RECPITNLPE-----Q1KVFVNRRQRKORKESS-----LRLKDNISLH-----NKLLEMEEN-----RLKDNISLH-----RHGHQDQINT-----	133

OSHB1	135	--LAN--DNC-SQCNNTT--	--RPNL1RASQS--LS1A--T	--KATGTAWQD--WOMH--GMKPDPGVIA	--LS1G--RDRN1FTRMIPAGGNG--VLTLY	--APPTTAAAFRPIFLRY--TIMEBGS	297
OSHB2	138	--LAN--DNC-SQCNNTT--	--RPNL1RASQS--LS1A--T	--KATGTAWQD--WOMH--GMKPDPGVIA	--LS1G--RDRN1FTRMIPAGGNG--VLTLY	--APPTTAAAFRPIFLRY--TIMEBGS	307
OSHB3	139	--LAN--DNC-SQCNNTT--	--RPNL1RASQS--LS1A--T	--KATGTAWQD--WOMH--GMKPDPGVIA	--LS1G--RDRN1FTRMIPAGGNG--VLTLY	--APPTTAAAFRPIFLRY--TIMEBGS	307
OSHB4	141	--VATT--DNC-SQTSQHQHQQP--AVI-PKQ--	--RPNL1RASQS--LS1A--T	--KATGTAWQD--WOMH--GMKPDPGVIA	--LS1G--RDRN1FTRMIPAGGNG--VLTLY	--APPTTAAAFRPIFLRY--TIMEBGS	307
OSHS5	144	--AGHAGLATATDCCG--VATT--DNC-SQTSQHQHQQP--AVI-PKQ--	--RPNL1RASQS--LS1A--T	--KATGTAWQD--WOMH--GMKPDPGVIA	--LS1G--RDRN1FTRMIPAGGNG--VLTLY	--APPTTAAAFRPIFLRY--TIMEBGS	314
RLD1	136	--LAN--DNC-SQCNNTT--	--PPNP1RASQS--LS1A--T	--KATGTAWQD--WOMH--GMKPDPGVIA	--LS1G--RDRN1FTRMIPAGGNG--VLTLY	--APPTTAAAFRPIFLRY--TIMEBGS	298
RLD2	136	--LAN--DNC-SQCNNTT--	--PPNP1RASQS--LS1A--T	--KATGTAWQD--WOMH--GMKPDPGVIA	--LS1G--RDRN1FTRMIPAGGNG--VLTLY	--APPTTAAAFRPIFLRY--TIMEBGS	298
RLV	137	--VATC--DNC-SQCNNTT--	--PPNP1RASQS--LS1A--T	--KATGTAWQD--WOMH--GMKPDPGVIA	--LS1G--RDRN1FTRMIPAGGNG--VLTLY	--APPTTAAAFRPIFLRY--TIMEBGS	298
PHV	138	--GTTT--DNC-SQVSWSQHQHQQP--NPHQHORANP1LN1PNS1A--S	--RPNL1RASQS--LS1A--T	--KATGTAWQD--WOMH--GMKPDPGVIA	--LS1G--RDRN1FTRMIPAGGNG--VLTLY	--APPTTAAAFRPIFLRY--TIMEBGS	304
PHV	134	--GTTT--DNC-SQVSWSQHQHQQP--NPHQHORANP1LN1PNS1A--S	--RPNL1RASQS--LS1A--T	--KATGTAWQD--WOMH--GMKPDPGVIA	--LS1G--RDRN1FTRMIPAGGNG--VLTLY	--APPTTAAAFRPIFLRY--TIMEBGS	304
CNA	125	--PAK--DNC-SQTSQHQHQL--	--ASINP1RASQS--LS1A--T	--KATGTAWQD--WOMH--GMKPDPGVIA	--LS1G--RDRN1FTRMIPAGGNG--VLTLY	--APPTTAAAFRPIFLRY--TIMEBGS	307
Zeb-18	128	--ZEB-18--DNC-SQTSQHQHQL--	--ASINP1RASQS--LS1A--T	--KATGTAWQD--WOMH--GMKPDPGVIA	--LS1G--RDRN1FTRMIPAGGNG--VLTLY	--APPTTAAAFRPIFLRY--TIMEBGS	293
Zeb-18	128	--ZEB-18--DNC-SQTSQHQHQL--	--ASINP1RASQS--LS1A--T	--KATGTAWQD--WOMH--GMKPDPGVIA	--LS1G--RDRN1FTRMIPAGGNG--VLTLY	--APPTTAAAFRPIFLRY--TIMEBGS	293
Zeb-11	142	--SVI--DNC-SQCNNTT--	--POSLR1RANP1LN1PNS1A--T	--KATGTAWQD--WOMH--GMKPDPGVIA	--LS1G--RDRN1FTRMIPAGGNG--VLTLY	--APPTTAAAFRPIFLRY--TIMEBGS	306
Zeb-12	137	--ATT--DNC-SQCNNTT--	--POSLR1RANP1LN1PNS1A--T	--KATGTAWQD--WOMH--GMKPDPGVIA	--LS1G--RDRN1FTRMIPAGGNG--VLTLY	--APPTTAAAFRPIFLRY--TIMEBGS	299
Zeb-12	127	--LATK--DNC-SQTSQHQHQL--	--TPRHPG1PCAS--LS1A--T	--KATGTAWQD--WOMH--GMKPDPGVIA	--LS1G--RDRN1FTRMIPAGGNG--VLTLY	--APPTTAAAFRPIFLRY--TIMEBGS	295
PPhB10	163	HQGA1GAST--LPLGPHLR--	--TPRSP1PCAS--LS1A--T	--KATGTAWQD--WOMH--GMKPDPGVIA	--LS1G--RDRN1FTRMIPAGGNG--VLTLY	--APPTTAAAFRPIFLRY--TIMEBGS	337

B

<i>OSHB1,2,5</i>	P G M K P G P D	
<i>OSHB3,4</i>	V G M K P G P D	
<i>OSHB1</i>	5'	CCTGGGATGAAGCCTGGTCCGGAT 3'
<i>OSHB2</i>		CCTGGGATGAAGCCTGGTCCGGAT
<i>OSHB3</i>		GTTGGGATGAAGCCTGGTCCGGAT
<i>OSHB4</i>		GTTGGGATGAAGCCTGGTCCGGAT
<i>OSHB5</i>		CCTGGGATGAAGCCTGGTCCGGAT
<i>mir166</i>	3'	CCCCUUACUUCGGACCAGGU 5'
<i>OSHB1m</i>	5'	CCTGGCATGAAACCAGGACCCGAT 3'
<i>OSHB3m</i>		GCTGGCATGAAACCAGGACCCGAT
<i>OSHB5m</i>		CCTGGCATGAAACCAGGACCCGAT
<i>OSHB1m,5m</i>	P G M K P G P D	
<i>OSHB3m</i>	V G M K P G P D	

Figure S1. See next page.

Figure S1. Alignment of Class III HD-Zip proteins, and nucleotide and amino acid sequences at *miR166*-binding site of *OSHB1–OSHB5* genes. A, Alignment of Class III HD-Zip proteins in several angiosperms and moss. The continuous, dashed and double lines indicate HOX, bZIP and START domains, respectively. 100% and more than 50% identical amino acids are colored in black and gray, respectively. B, Alignment of *miR166* binding site in *OSHB* and mutant-version of *OSHB* (*OSHBm*) genes. Top to bottom; wild-type amino acid sequences at *miR166*-binding site, cDNA sequences of wild-type *OSHB* gene, *miR166* sequences, cDNA sequences of *OSHBm* genes and mutant protein sequences. Vertical lines indicate complementary mRNA sequence to *miR166*. Mutated nucleotides are colored in gray.