

**a** *AtAGO1* vs *AtAGO5*

*AtAGO1* target region -----CTGCTATTGTCATTCGCCGATTAATATGGATCATTA 40  
*AtAGO5* cDNA (*At2g27880*) AGCAAAGGAATGGAATTTAAGCCTCAACCTGCTATTCCGTTTCATCTCTGTCCCTGAAACATATTGAGGAAGCTCTCTCGATATCCACAAAAGGGCACCTGGTCTCCAACTGTTTCATTGTAATATGGCTGATGTCACTGGATC-----A 1947

TACGGTCAATTCGAAACGATATGTGACACCGAACTGGCATAAGTCTCTCAATGTTGCCGAAAGACATGCTTTAAGATGACCAACATACATGGCTAATGTTGCCCTGAAGATTAATGTGAAGTTGGAGGAAGAACACAGTCTT 190  
 TATGGAAAATTAATAAGCATTTGTGAACAGAAATTTGGGATTTGCTCTCAATGTTGCCAACCTAGACAAGTTAATAAAGCTTCAACAAGCATACATGAAAATGTTGCCCTTGAAGATTAATGTCAAGACTGGAGGAAACACAGTCTT 2097

GTTGATGCTCTATCTAGCCGATTCCTCTAGTCAAGTATCCACCACCAATATATTGGTGCTGATGTACCCACCTCACCTGGAGAGGATCAAGCCATCTATTGCTGCTGTTGTGCCATCTCAGGATGGCCCTGAATCACTAAA 340  
 AATGATGCTATTAGAAGAACATACCTCTTATTAAGTATGATCGTCCAACCATCATATGGTGCTGATGTACCTCACCCACGCTGGAGAGGATCAAGCTCTCTATTGCTGCTGTTGTGCCCTCTATGGACTGGCCCTGACATTAACAAA 2247

TATGCTGGATTAATTTGGCTCAAGCCATAGCCAGGCTGATTCAGGATCTGTTCAAGATGGAAGGATCCAGAAAAGTGTGCTGACTGGTGGCATGATAAAGGATTTGCTCATAGCCCTTCGTA 470  
 TACCCGAGGATTTGTTCTGCTCAAGCTCATAGCCAGAAATTTATTCAGGATCTGTTAAGCTGTTGAGGATCGAAGCTGGCTGATTCCACTCTGGTTTGATAAAGGACATTTCATAGCAATTCAGAGGCTACAGGCCAGATACCT 2397

**b** *AtAGO1* vs *AtAGO10*

*AtAGO1* target region -----CTGCTATTGTCATTCGCCGATAAATAATGATCATTAACGGTATTTGAACGATATGTGACAGTGAATCGCCATAGTCTCTCAATGTGCTCA 101  
*AtAGO10* cDNA (*At5g43810*) AGCATGTTTATCACACTCAATGAACAAAACAAAGGCAAGAGTTAGACTCTGGCTGGCAATATTAAGCTGATAAACAAGTTCACCTTATGGTGATCTTAAGAGAAATCTGTGAACGAGCTGGTTGGATATCTCAATGTGCTCA 2100

CAAAACATGCTTTAAGATGAGCAACAAATACATGGCTAATGTTCCCTTAAGATTAATGTGAAGTTGGAGGAAGAACACAGTCTTGTGATGCTATCTAAGCGAATTCCTTAGTCAAGTCCACCAGCATTAATTTGGT 251  
 CAAAACATGCTTTAAGATGAGCAACAAATATCTGGCAATGTTCCCTTAAGATTAATGTGAAGTTGGAGGAAGAACACAGTCTTGTGATGCTATCTAAGCGAATTCCTTAGTCAAGTCCACCAGCATTAATTTGGT 2250

CTGATGTTACCCACCTCACCCCTGGAGAGATTCAGCCCATCTATTTGCTGCTGTTGTGGCATCTCAAGATGGCCCTGAANTCAGTAAATATGTTGATTAAGTTTGGCTCAAGCCATAGGCAAGGCTCATTCAGATCTGTTGAAAG 401  
 CAGAGCTTACTCACCGAAGAACGGGAAAGGTCAAGCCCTTCATTTGCTGCTGTTGTGGCTCTCAAGCTGGCCCTGAANTCAGTAAATATGTTGATTAAGTTTGGCTCAAGCCATAGGCAAGGCTCATTCAGATTTGTAATAAA 2400

AGTGGAAAGATCCCTCAGAAAAGTGTGTTCACTGGTGGCATGATAAAGAGTTCCTCATAGCCCTTCCGTA 470  
 CATGGCAAGATCCCTGTTCCGGGTAAGTGTATGGCTGATGATCAAGACCTTCTTATCTCAATTAAGCAAGCAAGGGCAAAACCCCTCGAATTATCTTTATCTGATGGAGTAAGCGAAGGGCAATTCTATCAAGTTTACTCT 2550