

**Supplemental Table S3.** Phylogenetic distances between selected plant PAP and PAPhy proteins (clustal W alignment). The percent of similarity is shown in the upper triangle panel., The percent of divergence is shown in the lower triangle. Genbank protein accession numbers: HvPAPhy\_a, ACR23331; TaPAPhy\_a1, ACR23326; TaPAPhy\_a2, ACR23327; HvPAPhy\_b1, ACR23332; HvPAPhy\_b2, ACR23333; TaPAPhy\_b1, ACR23328; TaPAPhy\_b2, ACR23329; OsPAPhy\_b, ADG07931; ZmPAPhy\_b, ACR23335; *Glycine max* PAPhy\_b, AAE83899; *A. thaliana* PAP15, AF448726, *Nicotiana trunculata*, AAX71115; *Nicotiana tabacum* PAPhy, ABP96799; ZmPAP\_c, ACR23336; HvPAP\_c, ACR23334; *A. thaliana* PAP\_c, AAQ93685; *phaseolus vulgaris* PAP, CCA04644; *Phaseolus vulgaris* PAP, AB116719; Ta\_ACP, ACR23330; *Ipomea batatas* PAP, AAF19821; *G. Max* PAP, AAF60316.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22		
1		91,4	92,7	86,0	85,7	86,6	87,5	81,6	79,6	64,8	66,0	69,3	67,5	58,7	58,7	52,7	29,1	33,0	30,3	28,8	6,3	5,9	1	HvPAPhy_a
2	7,4		97,1	86,8	86,6	87,6	87,9	81,3	80,7	64,4	66,6	68,9	65,9	58,3	57,9	52,1	29,6	30,8	28,0	27,1	6,3	5,9	2	TaPAPhy_a1
3	6,8	2,8		88,5	88,3	89,8	90,1	82,6	82,1	64,9	66,8	68,9	66,7	58,9	57,8	52,5	30,4	32,8	28,0	27,1	5,7	5,0	3	TaPAPhy_a2
4	14,4	13,9	11,7		98,9	94,8	95,9	83,8	81,8	67,0	67,4	70,2	69,1	58,5	57,4	52,1	29,8	33,4	29,3	28,8	6,9	7,4	4	HvPAPhy_b1
5	15,1	14,6	12,3	0,7		94,2	95,4	83,8	81,4	66,9	67,5	70,4	68,6	58,6	57,4	52,3	29,8	33,4	29,5	28,8	6,9	8,3	5	HvPAPhy_b2
6	13,9	12,8	10,4	5,0	5,8		97,6	84,6	82,6	66,6	68,9	70,1	68,3	60,1	58,8	52,9	30,4	31,9	30,5	28,5	5,4	2,9	6	TaPAPhy_b1
7	12,8	12,3	10,0	3,8	4,6	2,3		84,9	83,1	67,5	68,3	71,2	68,8	60,6	58,9	52,7	28,3	31,9	28,9	28,8	6,6	4,4	7	TaPAPhy_b2
8	20,0	21,2	19,3	16,3	16,8	16,5	15,1		80,7	66,4	66,8	69,0	67,9	58,6	57,7	51,9	30,0	30,1	29,3	30,2	6,0	7,1	8	OsPAPhy_b
9	21,4	20,3	18,6	19,7	20,1	18,9	18,4	20,0		65,2	64,7	67,0	66,9	59,5	58,6	52,3	28,9	31,2	30,5	29,2	7,2	8,6	9	ZmPAPhy_b
10	45,8	45,5	44,9	42,2	42,1	42,6	41,1	42,6	44,2		74,1	71,9	71,1	56,7	56,5	53,6	30,2	36,2	32,0	30,4	10,2	6,5	10	AAE83899
11	42,8	43,5	42,6	39,5	39,7	38,3	38,4	42,9	45,9	29,6		71,5	71,1	59,3	59,1	58,0	29,6	33,8	30,5	31,1	9,9	8,0	11	AF448726
12	38,5	38,0	38,1	35,7	35,7	36,8	35,4	38,8	40,0	35,2	35,1		73,5	57,2	58,3	54,5	29,1	32,8	32,8	30,9	4,8	6,8	12	AAX71115
13	40,7	42,9	41,7	38,2	39,0	39,2	38,1	40,4	41,3	35,5	36,6	31,7		56,5	55,4	55,3	31,5	34,5	34,1	30,2	9,9	10,0	13	ABP96799
14	58,9	57,5	57,6	56,9	56,8	56,6	54,9	58,3	57,3	62,8	58,6	61,5	61,5		80,9	64,3	30,4	31,7	34,1	29,0	9,3	9,4	14	ZmPAP_c
15	57,9	57,6	59,0	58,7	58,5	58,7	56,9	57,7	58,2	62,5	58,0	60,1	64,1	20,8		65,4	33,0	32,3	31,0	30,4	10,8	10,9	15	HvPAP_c
16	65,4	67,5	66,2	66,1	65,9	64,6	64,4	66,2	66,8	61,7	54,5	66,7	62,2	43,3	42,2		30,1	30,1	31,6	26,6	5,1	7,4	16	AAQ93685
17	70,9	70,4	69,6	70,2	70,2	69,6	71,7	70,0	71,1	69,8	70,4	70,9	68,5	69,6	67,0	69,9		55,9	56,1	64,3	9,3	13,9	17	CAA04644
18	67,0	69,2	67,2	66,6	66,6	68,1	68,1	69,9	68,8	63,8	66,2	67,2	65,5	68,3	67,7	69,9	44,1		72,7	58,3	12,0	13,3	18	AB116719
19	69,7	72,0	72,0	70,7	70,5	69,5	71,1	70,7	69,5	68,0	69,5	67,2	65,9	65,9	69,0	68,4	43,9	27,3		54,3	11,7	15,3	19	Ta_ACP
20	71,2	72,9	72,9	71,2	71,2	71,5	71,2	69,8	70,8	69,6	68,9	69,1	69,8	71,0	69,6	73,4	35,7	41,7	45,7		9,3	9,1	20	AAF19821
21	93,7	93,7	94,3	93,1	93,1	94,6	93,4	94,0	92,8	89,8	90,1	95,2	90,1	90,7	89,2	94,9	90,7	88,0	88,3	90,7		55,0	21	AAF60316
22	94,1	94,1	95,0	92,6	91,7	97,1	95,6	92,9	91,4	93,5	92,0	93,2	90,0	90,6	89,1	92,6	86,1	86,7	84,7	90,9	45,0		22	CAC09923
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22		

