

Probe ID	Symbol/description	Correlations												
		IPRs	cZRP	iPR	tZR	cZR	cZ	cZRPcOG	cZRcOG	cZOG	IAA	GA9	GA19	ABA
Abscisic acid signaling														
Os_55612.1.S1_at	OsPYL/RCAR4	n.s.	-0.677	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_46585.1.S1_at	OsPYL/RCAR10	0.849	0.721	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	-0.746	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_53951.1.S1_at	OsPYL/RCAR5	-0.792	-0.849	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	0.697	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_52518.1.S1_at	OsPP2C53	n.s.	-0.693	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_18094.2.S1_a_at	OsPP2C50	n.s.	-0.741	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_27906.1.S1_a_at	OsPP2C09	n.s.	-0.676	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	-0.710
OsAfx_23594.1.S1_at	OsPP2C06	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	0.682	n.s.	0.834	0.811	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
OsAfx_27219.1.S1_at	OsPP2C49	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	0.670	n.s.	0.970	0.690	n.s.
Os_12646.1.S1_at	SnRK2 family, subclass I	0.891	0.779	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_10746.1.S1_a_at	SnRK3 family, subclass I	0.740	n.s.	n.s.	n.s.	0.688	n.s.	0.854	0.762	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_3401.1.S1_at	SnRK2 family, subclass II	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	0.816	n.s.
Os_12645.1.S1_at	SnRK2 family, subclass II	n.s.	-0.667	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_10334.1.S1_at	SnRK2 family, subclass III	0.802	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	0.716	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_54299.1.S1_at	ABF-like bZIP transcription factor	0.890	0.877	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_11781.1.S1_at	ABF-like bZIP transcription factor	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	-0.685	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_15711.1.S1_at	ABF-like bZIP transcription factor	n.s.	-0.725	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_42200.1.S1_at	ABF-like bZIP transcription factor	n.s.	n.s.	0.732	n.s.	n.s.	0.757	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_4111.1.S1_a_at	ABF-like bZIP transcription factor	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	0.682	n.s.	0.746	0.783	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_37925.1.S1_a_at	ABF-like bZIP transcription factor	0.837	0.792	0.757	n.s.	n.s.	0.672	0.779	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_49497.1.S1_at	ABF-like bZIP transcription factor	0.752	0.849	n.s.	0.717	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	0.864	n.s.
Auxin signaling														
Os_10149.1.S1_x_at	OsAFB2	n.s.	n.s.	0.686	n.s.	0.723	n.s.	0.911	0.738	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_10149.2.S1_at	OsAFB2	n.s.	n.s.	0.787	n.s.	0.773	0.721	0.918	0.762	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_22269.1.S1_at	OsARF1	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	0.926	0.712	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_22269.2.S1_x_at	OsARF1	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	0.705	n.s.	0.923	0.788	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_63671.1.S1_at	OsARF2	0.663	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_63672.1.S1_x_at	OsARF2	0.708	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_34249.1.S1_at	OsARF3	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	0.712	n.s.
Os_34249.2.S1_at	OsARF3	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	0.670	n.s.	0.686
Os_34249.2.S1_x_at	OsARF3	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_11696.1.S1_a_at	OsARF4	-0.786	-0.826	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	0.711	n.s.	n.s.	n.s.
Os_11696.1.S1_at	OsARF4	-0.757	-0.807	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	0.726	n.s.	n.s.	n.s.
Os_11696.2.S1_x_at	OsARF4	-0.689	-0.725	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	0.721	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_25597.1.S1_at	OsARF6	n.s.	n.s.	0.709	n.s.	0.761	0.884	0.882	0.755	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_21860.1.S1_at	OsARF7	0.828	0.724	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_71772.1.S1_a_at	OsARF12	0.714	0.662	0.845	0.714	0.802	0.762	0.908	0.822	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_50772.1.S1_at	OsARF14	0.899	0.847	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	0.709	n.s.
Os_11036.1.S1_at	OsARF15	n.s.	n.s.	0.742	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	0.901	n.s.
Os_22750.1.S1_at	OsARF17	0.697	n.s.	0.938	0.685	0.713	0.818	0.845	0.675	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_22735.1.S1_at	OsARF18	0.841	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_10817.3.S1_x_at	OsARF23	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	0.690	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_18308.1.S1_at	OsARF24	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	0.748	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_22272.1.S1_at	OsARF25	0.696	n.s.	0.804	0.666	0.787	0.705	0.949	0.813	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_19952.1.S1_at	OsiAA2	n.s.	n.s.	0.883	n.s.	n.s.	0.806	0.846	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_12733.3.S1_x_at	OsiAA3	n.s.	0.689	0.757	0.736	0.826	0.732	0.815	0.824	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_8585.1.S1_at	OsiAA13	0.886	0.947	n.s.	0.669	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	0.768	n.s.
Os_4822.1.S1_at	OsiAA15	0.686	0.732	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	0.762	n.s.
Os_8928.1.S1_at	OsiAA17	0.787	0.795	0.696	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	0.711	n.s.	n.s.
Os_7687.1.S1_at	OsiAA19	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	0.700	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
OsAfx_15562.1.S1_s_at	OsiAA21	0.954	0.841	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_49428.1.S1_at	OsiAA21	0.964	0.777	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Cytokinin signaling														
Os_16444.1.S1_at	Ahp1	0.722	0.683	0.927	0.694	0.713	0.800	0.849	0.676	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_16444.1.S1_s_at	Ahp1	n.s.	n.s.	0.924	n.s.	n.s.	0.850	0.795	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_8117.1.S1_at	OsRR1	0.702	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	0.694	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_23942.1.A1_at	OsRR2	n.s.	n.s.	0.709	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_24952.1.S1_at	OsRR6	n.s.	n.s.	0.760	n.s.	0.670	0.794	n.s.	0.732	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_11949.1.S1_at	OsRR21	-0.750	-0.824	n.s.	-0.768	-0.714	n.s.	n.s.	-0.732	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_19406.1.S1_at	OsRR22	0.664	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_27847.1.S1_at	OsRR24	n.s.	-0.701	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_49428.1.S1_at	OsRR26	n.s.	n.s.	0.800	n.s.	n.s.	0.734	0.816	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Gibberellin signaling														
Os_34401.1.S2_at	GID2	0.800	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	-0.804	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.
Os_4494.1.S1_at	SLR1	0.819	0.805	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.

Figure S1. Correlations between hormone-related compounds and hormone-signaling genes.
 Plant hormone-related compounds detected in all organs tested are selected. Microarray probes representing ‘Present’ as flag information in all samples tested are selected. Pearson product-moment correlation coefficients are indicated and highlighted in red (positive) or blue (negative) where they are significant ($\alpha=0.01$). n.s., not significant.

A

ID	Desc.	Flw	PBr	InN I-top	InN I-bsl	Nod I	Nod II	FLB-tip	FLB-mid	FLB-bsl	FLS-top	FLS-bsl	FLB	LB-2	LB-4
IAA	Indole-3-acetic acid LOC_Os05g07720 - allin lyase precursor, putative, expressed	1675.00	161.71	277.64	127.49	178.72	173.91	38.79	37.47	52.38	59.97	57.71	23.96	23.03	24.54
Os_13941_1_S1_s_at	Os05g0169300 - Pyridoxal phosphate-dependent transerase, major region, subdomain 1 domain containing protein. (Os05t0169300-01). Similar to Tryptophan aminotransferase. (Os05t0169300-02)	856.8	30.4	26.0	29.6	20.3	45.1	9.5	31.3	33.0	11.4	25.8	26.1	13.7	27.4
Os_13941_1_S1_x_at	LOC_Os01g12490 - flavin monooxygenase, putative, expressed Os01g0224700 - YUCCA-like gene 4. Flavin monooxygenase-like enzyme. Auxin biosynthesis. (Os01t0224700-01)	148.6	10.4	5.3	3.6	2.1	19.7	11.6	12.4	7.8	9.6	9.7	24.0	3.5	3.1
Os_22585_1_S1_at	LOC_Os03g061120 - anthranilate synthase component I-1, chloroplast precursor, putative, expressed Os03g0826500 - Anthranilate synthase alpha 1 subunit. (Os03t0826500-01)	5292.9	5.2	24.7	30.3	33.0	27.5	241.1	91.2	163.0	10.9	13.6	131.7	279.7	424.9
Os_4176_1_S1_at	LOC_Os04g38950 - class I glutamine amidotransferase, putative, expressed Os04g0463500 - Similar to Anthranilate synthase beta chain. (Os04t0463500-01)	370.5	298.8	204.5	118.9	256.4	336.2	157.0	115.3	113.0	117.1	231.3	94.7	108.9	136.7
Os_6876_1_S1_at	LOC_Os04g38950 - class I glutamine amidotransferase, putative, expressed Os04g0463500 - Similar to Anthranilate synthase beta chain. (Os04t0463500-01)	3539.1	2918.0	1198.3	313.0	1022.4	1518.1	2942.0	1911.9	2603.8	1240.3	613.5	2874.6	1272.0	3173.3
OsAffx_31989_1_S1_at		227.7	195.0	7.5	6.1	6.6	5.0	19.6	5.1	7.4	7.5	4.8	65.2	5.5	8.7

B

ID	Desc.	Flw	PBr	InN I-top	InN I-bsl	Nod I	Nod II	FLB-tip	FLB-mid	FLB-bsl	FLS-top	FLS-bsl	FLB	LB-2	LB-4
IAAsp	Indole-3-acetyl-L-aspartic acid	979.50													
IATrp	Indole-3-acetyl-L-tryptophan	11.21													
Os_11798_1_S1_at	LOC_Os07g40290 - OsGH3.8 - Probable indole-3-acetic acid-amido synthetase, expressed Os07g0592600 - Similar to Indole-3-acetic acid-amido synthetase GH3.3 (EC 6.3.2.-) (Auxin- responsive GH3-like protein 3) (AtGH3-3). (Os07t0592600-01)	5503.3	163.3	20.9	194.2	90.7	224.7	429.0	73.2	103.2	103.1	92.3	227.7	102.7	1192.8

Figure S2. Heat map tables of IAA and IAA-biosynthetic genes (A) and IAAsp, IATrp, and the IAA-amino acid synthase family gene *OsGH3-8* (B). Heat map coloring is based on fold-change.