

PPR position		26	25	24	23	22	21	20	19	18	17	16	15	14	13	12	11	10	9	8	7	6	5	4	3	2	1	P-value	Rank without L ₁ , L ₂ and S ₂	P-value	Rank with L ₁ , L ₂ and S ₂		
Gene name	CLB19	motifs																	P	L	S	S	P	L	S	P	L ₂	S ₂					
AGI number	At1g05750	6																	T	I	T	N	T	I	N	N	T	G					
Type	E	1'																	N	H	N	D	D	N	T	D	R	N					
Species	At	A																	0.73	0.08	0.64	0.15	0.04	0.08	0.00	0.09	0.70	0.91					
Localization	cp	C																	0.05	0.31	0.06	0.23	0.00	0.31	0.78	0.25	0.16	0.00					
ref.	1	G																	0.22	0.16	0.15	0.07	0.93	0.16	0.14	0.14	0.08						
clpP	559	Target seq		U	U	U	U	U	A	U	G	U	C	A	G	C	A	A	C	A	G	A	G	C	C	A	A		8.02E-04	1	7.75E-05	1	
		score																	0.73	0.16	0.64	0.15	0.93	0.31	0.78	0.25	0.70	0.91					
rpoA	200	Target seq		A	G	A	A	G	G	A	A	C	A	U	G	U	A	U	U	A	C	A	G	U	G	A	A		4.37E-03	3	1.80E-04	2	
		score																	0.73	0.31	0.64	0.23	0.93	0.45	0.14	0.25	0.70	0.91					
Gene name	CRR21	motifs																	P	L	S	P	L	S	P	L ₂	S ₂						
AGI number	At5g55740	6																	F	G	T	A	P	S	N	S	T	T					
Type	E	1'																	G	N	N	D	C	N	T	D	E	C					
Species	At	A																0.25	0.34	0.64	0.25	0.04	0.70	0.04	0.25	0.40	0.45						
Localization	cp	C																0.25	0.14	0.06	0.25	0.06	0.14	0.05	0.55	0.19	0.25						
ref.	2	G																0.25	0.12	0.15	0.25	0.17	0.04	0.00	0.25	0.85	0.08						
		U																0.25	0.40	0.16	0.25	0.73	0.13	0.27	0.25	0.10	0.28						
ndhD	383	Target seq		G	U	U	U	A	G	C	A	A	U	G	U	A	C	A	G	C	G	G	U	C	A	A	U	A		2.82E-05	1	1.91E-07	1
		score																0.25	0.34	0.16	0.25	0.73	0.70	0.69	0.25	0.74	0.25						
Gene name	CRR22	motifs																S	P	L	S	P	L	S	P	L ₂	S ₂						
AGI number	At1g11290	6																T	H	T	T	N	V	T	M	N	V						
Type	DYW	1'																L	V	D	D	S	L	N	T	D	N						
Species	At	A																0.45	0.25	0.40	0.09	0.05	0.25	0.64	0.04	0.11	0.00						
Localization	cp	C																0.19	0.25	0.19	0.07	0.87	0.25	0.06	0.69	0.17	0.78						
ref.	3	G																0.17	0.25	0.28	0.74	0.00	0.25	0.14	0.24	0.12	0.17						
		U																0.18	0.25	0.14	0.10	0.08	0.25	0.16	0.27	0.51	0.09						
rpoB	551	Target seq		G	A	A	A	C	A	A	A	A	U	A	U	C	U	A	U	U	C	U	A	G	U	U	C		2.28E-03	3	3.64E-04	2	
		score																0.45	0.25	0.40	0.10	0.87	0.25	0.64	0.27	0.51	0.28						
ndhD	887	Target seq		C	C	A	A	A	U	A	A	U	U	U	A	U	G	C	A	G	C	U	U	U	A	A	U						
		score																0.18	0.25	0.14	0.74	0.87	0.25	0.15	0.69	0.51	0.09						
ndhB	746	Target seq		A	A	U	U	G	G	G	U	U	C	A	G	C	U	U	U	C	C	C	U	A	G	C	C		5.58E-03	4	3.40E-03	4	
		score																0.45	0.25	0.28	0.07	0.08	0.25	0.16	0.69	0.17	0.78						
Gene name	CRR28	motifs																	S	P	L	S	P	L	S	P	L ₂	S ₂					
AGI number	At1g59720	6																	G	N	P	N	N	Q	N	N	V	G					
Type	DYW	1'																	S	D	D	S	D	D	N	A	D						
Species	At	A																	0.25	0.09	0.04	0.13	0.09	0.25	0.15	0.08	0.27	0.09					
Localization	cp	C																	0.25	0.25	0.06	0.50	0.25	0.25	0.23	0.55	0.21	0.07					
ref.	3	G																	0.25	0.14	0.17	0.09	0.14	0.25	0.07	0.08	0.09	0.70					
		U																	0.25	0.27	0.73	0.28	0.52	0.25	0.55	0.28	0.42	0.14					
ndhB	467	Target seq		C	G	G	U	A	C	A	A	A	U	C	C	A	A	A	U	A	U	U	A	U	G	C	A		9.10E-02	11	1.16E-02	18	
		score																0.25	0.32	0.06	0.28	0.52	0.25	0.07	0.28	0.27	0.70						
ndhB	467 (-5)	Target seq		C	G	G	U	A	C	A	A	A	U	C	C	A	A	A	U	A	U	U	A	U	G	C	A		4.98E-02	9	2.02E-02	3	
		score																0.25	0.09	0.73	0.50	0.52	0.25	0.55	0.08	0.42	0.09						
ndhD	878	Target seq		U	A	A	C	G	A	U	U	U	A	A	U	A	C	U	A	U	C	U	U	G	U	A		3.82E-02	24	3.02E-02	8		
		score																0.25	0.52	0.28	0.28	0.09	0.07	0.55	0.27	0.70	0.91						
ndhB	878 (-5)	Target seq		U	A	A	C	G	A	U	U	U	A	A	U	A	C	U	A	U	C	U	U	G	U	A		8.85E-02	10	5.67E-02	10		
		score																0.39	0.08	0.73	0.25	0.50	0.55	0.25	0.70	0.47	0.70						
Gene name	CR44	motifs																L	P	P	L	S	S	S	P	L	S ₂						
AGI number	At2g45350	6																S	T	N	S	N	N	N	N	V	V						
Type	E	1'																N	D	D	D	D	N	D	D	G	R						
Species	At	A																0.34	0.04	0.09	0.25	0.15	0.14	0.15	0.08	0.09	0.27						
Localization	cp	C																0.14	0.00	0.25	0.23	0.29	0.23	0.23	0.25	0.25	0.01						
ref.	4	G																0.12	0.93	0.14	0.25	0.07	0.41	0.07	0.34	0.14	0.25						
		U																0.40	0.03	0.52	0.25	0.55	0.16	0.55	0.55	0.07	0.52						
ndhD	2	Target seq		U	U	U	G	G	A	C	C	C	U	G	G	U	G	U	A	U	C	V	N	N	V	G		1.30E-05	1	2.73E-07	1		
		score																0.40	0.93	0.52	0.25	0.59	0.55	0.34	0.52	0.25	0.91						
Gene name	LPA66	motifs																P	P	L	S	S	P	L	S	P	L ₂	S ₂					
AGI number	At5g48910	6																A	N	P	S	N	N	V	S	S	I						
Type	DYW	1'																N	N	D	E	S	N	D	N	S	R						
Species	At	A																0.17	0.08	0.04	0.25	0.13	0.08	0.25	0.25	0.00	0.09						
Localization	cp	C																0.44	0.55	0.06	0.25	0.50	0.55	0.25	0.14	0.25	0.47						
ref.	5	G																0.00	0.18	0.07	0.25	0.09	0.08	0.25	0.04	0.25	0.21						
		U																0.39	0.28	0.73	0.25	0.28	0.28	0.25	0.13	0.25	0.14						
PSBF	65	Target seq		U	G	U	U	C	A	U	G	G	A	C	U	A	G	U	A	C	C	U	A	G	C	A		6.52E-03	1	2.			

	PPR position	26	25	24	23	22	21	20	19	18	17	16	15	14	13	12	11	10	9	8	7	6	5	4	3	2	1	P-value	Rank without L ₁ , L ₂ and S ₂	P-value	Rank with L ₁ , L ₂ and S ₂		
Gene name	OTP84	motifs									P	L	S	P	L	S	P	L	S	P	L	S	P	L	S	P	L ₂	S ₂					
AGI number	At3g57430	6								I	P	N	N	V	N	N	S	S	N	A	N	N	M	S	N	I	A						
Type	DYW	1'								D	S	N	S	N	D	D	N	K	N	D	D	N	D	N	S	N							
Species	At	A								0.25	0.04	0.14	0.05	0.34	0.15	0.09	0.34	0.25	0.08	0.25	0.15	0.08	0.11	0.70	0.08	0.00	0.91						
Localization	cp	C								0.25	0.06	0.29	0.87	0.14	0.23	0.25	0.14	0.25	0.55	0.25	0.23	0.55	0.17	0.14	0.55	0.47	0.00						
ref.	6	G								0.25	0.17	0.41	0.00	0.32	0.07	0.14	0.12	0.25	0.08	0.25	0.07	0.08	0.22	0.04	0.08	0.21	0.00						
	U									0.25	0.73	0.16	0.08	0.40	0.55	0.52	0.40	0.25	0.28	0.25	0.55	0.28	0.51	0.13	0.28	0.33	0.09						
ndhB	1481	Target seq	G	A	U	U	G	U	A	U	G	U	G	A	U	A	G	C	A	U	C	U	A	C	U	A							
	score									0.25	0.73	0.41	0.08	0.12	0.15	0.52	0.34	0.25	0.55	0.55	0.51	0.70	0.55	0.91	1.31E-03	3	5.29E-05	2					
ndhF	290	Target seq	C	U	U	U	A	U	C	G	A	U	C	A	C	U	A	C	U	C	U	A	U	U	A								
	score									0.25	0.73	0.29	0.87	0.34	0.23	0.52	0.40	0.25	0.55	0.55	0.51	0.70	0.53	0.91	2.09E-04	1	9.91E-07	1					
psbZ	50	Target seq	G	G	C	A	G	U	U	U	G	C	A	U	U	A	U	U	A	U	U	A	C	U	U								
	score									0.25	0.73	0.41	0.87	0.34	0.55	0.52	0.34	0.25	0.28	0.25	0.15	0.28	0.51	0.70	0.55	0.33	0.09	9.56E-04	2	1.45E-04	3		
Gene name	OTP85	motifs																		S	P	L	S	P	L	S	P	L ₂	S ₂				
AGI number	At2g02980	6																		A	N	P	P	N	L	T	S	L	G				
Type	DYW	1'																		D	D	N	C	N	Y	D	D	S	T				
Species	At	A																		0.08	0.09	0.04	0.25	0.08	0.20	0.09	0.11	0.20	0.23				
Localization	cp	C																		0.51	0.25	0.06	0.25	0.53	0.32	0.07	0.34	0.38	0.18				
ref.	6	G																		0.34	0.14	0.17	0.25	0.08	0.06	0.74	0.45	0.06	0.00				
	U																			0.07	0.52	0.73	0.25	0.28	0.48	0.10	0.10	0.36	0.60				
ndhD	674	Target seq	U	G	G	A	U	U	U	C	U	U	A	U	U	G	C	U	U	U	G	C	C	G	U	C	A						
	score																			0.07	0.52	0.73	0.25	0.55	0.32	0.74	0.10	0.38	0.23	3.12E-02	6	6.14E-03	3
Gene name	OTP86	motifs								P	S	P	L	S	P	L	S	P	L	S	P	L	S	P	L ₂	S ₂							
AGI number	At3g63370	6								A	G	N	P	P	N	V	N	N	T	N	T	G	N	T	L	V	T	L	V				
Type	DYW	1'								L	T	G	T	D	N	E	D	D	N	D	D	D	D	E	G	D	W	T					
Species	At	A								0.25	0.25	0.25	0.04	0.15	0.08	0.25	0.15	0.09	0.40	0.15	0.04	0.20	0.25	0.04	0.20	0.23							
Localization	cp	C								0.25	0.25	0.25	0.06	0.23	0.55	0.25	0.23	0.19	0.23	0.00	0.25	0.23	0.00	0.32	0.25	0.00	0.38	0.18					
ref.	6	G								0.25	0.25	0.25	0.17	0.07	0.08	0.25	0.07	0.14	0.28	0.07	0.93	0.00	0.25	0.93	0.06	0.00							
	U									0.25	0.25	0.25	0.73	0.55	0.28	0.25	0.55	0.52	0.14	0.55	0.03	0.25	0.55	0.03	0.48	0.25	0.03	0.36	0.60				
rps14	80	Target seq	A	A	A	A	A	A	A	U	A	U	A	C	A	U	G	A	U	G	A	C	G	U	C	A							
	score									0.25	0.25	0.25	0.73	0.23	0.08	0.25	0.55	0.52	0.28	0.15	0.03	0.25	0.23	0.93	0.48	0.25	0.93	0.20	0.60	9.20E-03	2	1.35E-03	1
Gene name	RARE1	motifs																	P	L	S	P	L	S	P	L ₂	S ₂						
AGI number	At5g13270	6																	N	Q	N	T	T	T	S	T	S	T	I	D			
Type	DYW	1'																	S	S	N	P	N	K	D	E	N						
Species	At	A								0.05	0.25	0.14	0.35	0.40	0.45	0.04	0.25	0.64	0.73	0.40	0.06	0.73	0.00	0.09									
Localization	cp	C								0.87	0.25	0.29	0.21	0.19	0.19	0.07	0.25	0.06	0.13	0.19	0.00	0.05	0.47	0.07									
ref.	7	G								0.00	0.25	0.41	0.22	0.12	0.04	0.14	0.00	0.25	0.41	0.14	0.22	0.74	0.93	0.09	0.00								
	U									0.08	0.25	0.16	0.22	0.14	0.18	0.03	0.25	0.16	0.14	0.14	0.10	0.00	0.33	0.14									
accD	794	Target seq	A	A	A	U	G	A	G	U	C	A	G	A	A	G	A	U	C	G	A	G	C	A	G	C							
	score									0.87	0.25	0.41	0.35	0.40	0.45	0.93	0.25	0.64	0.14	0.85	0.73	0.21	0.07	6.03E-05	1	2.50E-04	1						
Gene name	YS1	motifs																P	L	S	P	L	S	P	L ₂	S ₂							
AGI number	At3g22690	6																N	P	N	T	V	S	L	T	V	G						
Type	DYW	1'																D	D	N	N	D	G	T	N	D	E						
Species	At	A								0.09	0.04	0.14	0.73	0.34	0.70	0.09	0.20	0.25	0.14	0.09	0.11	0.09	0.04	0.27	0.91								
Localization	cp	C								0.25	0.06	0.29	0.05	0.14	0.23	0.04	0.25	0.25	0.29	0.25	0.17	0.07	0.00	0.21	0.00								
ref.	8	G								0.14	0.17	0.41	0.22	0.12	0.04	0.14	0.00	0.25	0.41	0.14	0.22	0.74	0.93	0.09	0.00								
	U									0.10	0.52	0.14	0.18	0.10	0.09	0.16	0.52	0.54	0.48	0.18	0.52	0.36	0.09	0.42	0.09								
rpoB	338	Target seq	G	U	U	U	G	A	C	A	U	G	U	U	A	U	A	G	C	A	U	G	U	U	U	U	A						
	score									0.09	0.73	0.41	0.73	0.34	0.13	0.52	0.32	0.25	0.29	0.52	0.51	0.74	0.93	0.27	0.91	1.03E-03	1	1.63E-05	1				
Gene name	AHG11	motifs																S	P	L	S	S	S	P	L	S	P	L ₂	S ₂				
AGI number	AT2g44880	6																T	N	T	T	N	L	T	N	L	G						
Type	E	1'																D	D	S	D	T	N	K	D	K	N						
Species	At	A								0.09	0.09	0.40	0.45	0.09	0.00	0.64	0.09	0.20	0.45	0.09	0.20	0.91											
Localization	mt	C								0.07	0.25	0.19	0.19	0.07	0.25	0.19	0.00	0.25	0.32	0.19	0.25	0.38	0.00										
ref.	9	G								0.74	0.14	0.28	0.17	0.74	0.14	0.15	0.14	0.00	0.17	0.14	0.06	0.00	0.00										
	U									0.10	0.52	0.14	0.18	0.10	0.09	0.16	0.09	0.15	0.24	0.12	0.48	0.18	0.52	0.36	0.09								
nad4	376	Target seq	G	G	A	A	A	G	U	C	A	U	A	U	A	G	C	A	U	C	U	C	U	A	U	A							
	score									0.25	0.13	0.50	0.34	0.70	0.13	0.25	0.14	0.08	0.36	0.60	0.49	0.62	0.16	0.14	0.42	0.25	0.17	8.					

	PPR position	26	25	24	23	22	21	20	19	18	17	16	15	14	13	12	11	10	9	8	7	6	5	4	3	2	1	P-value	Rank without L, L2 and S2	P-value	Rank with L, L2 and S2			
Gene name	OTP72	motifs									L	S	P	L	S	P	L	S	P	L	S	P	L	S	P	L	S2							
AGI number	At3g13880	6								K	N	N	A	N	N	G	T	N	S	S	T	S	T	S	L	T								
Type	DYW	1'							C	N	D	Q	D	T	D	N	S	D	D	E	F	D	N	N	H									
Species	At	A							0.25	0.14	0.09	0.25	0.15	0.04	0.25	0.64	0.05	0.25	0.06	0.35	0.25	0.09	0.73	0.20	0.25									
Localization	mt	C							0.25	0.29	0.25	0.23	0.69	0.25	0.06	0.87	0.25	0.00	0.21	0.25	0.07	0.13	0.38	0.25										
ref.	25	G							0.25	0.41	0.14	0.25	0.07	0.00	0.25	0.15	0.00	0.25	0.85	0.22	0.25	0.74	0.00	0.06	0.25									
	U								0.25	0.16	0.52	0.25	0.55	0.27	0.25	0.16	0.08	0.25	0.10	0.22	0.25	0.10	0.14	0.36	0.25									
rpl16	440	Target seq	G	A	U	U	G	C	U	C	G	U	G	U	G	C	C	A	C	G	G	G	A	C	A	A	3.58E-05	2	5.00E-05	2				
	score									0.25	0.41	0.52	0.25	0.55	0.69	0.25	0.64	0.87	0.25	0.85	0.22	0.25	0.07	0.73	0.20	0.25								
Gene name	MEF2S	motifs								S	P	L	S	P	L	S	P	L	S	P	L	S	P	L	S2									
AGI number	At3g25060	6								R	N	T	S	T	L	T	G	V	T	N	A	V												
Type	DYW	1'							G	D	D	D	D	N	T	D	D	D	D	S	A													
Species	At	A							0.25	0.09	0.40	0.06	0.04	0.20	0.45	0.25	0.25	0.09	0.09	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25									
Localization	mt	C							0.25	0.25	0.19	0.00	0.00	0.32	0.19	0.25	0.25	0.07	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25									
ref.	26	G							0.25	0.14	0.28	0.85	0.93	0.00	0.17	0.25	0.25	0.74	0.14	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25									
	U								0.25	0.52	0.14	0.10	0.03	0.48	0.18	0.25	0.25	0.10	0.52	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25									
nad1	308	Target seq	U	U	U	U	G	A	U	U	A	U	G	G	U	A	G	U	A	U	G	U	C	A	G		4.62E-02	76	4.11E-02	73				
	score									0.25	0.52	0.28	0.85	0.03	0.20	0.18	0.10	0.25	0.10	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25									
nad1	308 (-5)	Target seq	C	U	U	U	G	A	U	U	A	U	G	G	U	A	U	G	U	A	U	G	U	C	A		3.02E-01	4	1.20E-03	3				
	score									0.25	0.09	0.14	0.85	0.93	0.48	0.45	0.25	0.25	0.74	0.52	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25									
Gene name	PpPPR_56	motifs								L	S	P	L	S	P	L	S	P	L	S	P	L	S	P	L	S2								
AGI number	Phypa_1694	6								V	N	N	M	T	T	V	T	N	L	T	N	V	N											
Type	DYW	1'							N	S	N	D	N	D	N	D	D	D	D	D	N	D	D	D	D									
Species	Pp	A							0.34	0.13	0.08	0.11	0.09	0.73	0.25	0.09	0.09	0.20	0.64	0.09	0.27	0.09												
Localization	mt	C							0.14	0.50	0.55	0.17	0.07	0.05	0.27	0.05	0.25	0.07	0.25	0.32	0.06	0.25	0.21	0.07										
ref.	28	G							0.12	0.09	0.08	0.22	0.74	0.22	0.25	0.74	0.14	0.00	0.15	0.14	0.09	0.70												
	U								0.40	0.28	0.28	0.51	0.10	0.00	0.25	0.10	0.20	0.52	0.48	0.16	0.52	0.42	0.14											
nad3	eU2305	Target seq	U	A	U	U	A	U	U	G	A	U	U	G	G	A	A	G	U	C	A	C	C	U		1.81E-04	1	2.69E-04	1					
	score									0.40	0.28	0.28	0.22	0.74	0.03	0.25	0.74	0.52	0.32	0.64	0.25	0.21	0.14	0.24	0.14									
nad4	eU2725	Target seq	U	U	U	U	U	A	U	A	U	A	G	G	U	A	U	A	G	A	C	G	G	U	A	U	U	1.14E-03	2	1.72E-03	2			
	score									0.40	0.13	0.28	0.11	0.74	0.73	0.25	0.74	0.14	0.48	0.64	0.52	0.21	0.14	0.44	0.14									
Gene name	PpPPR_71	motifs								P	L	S	P	L	S	P	L	S	P	L	S	P	L	S	P	L	S2							
AGI number	Phypa_1813	6								P	V	N	N	L	T	N	L	T	M	T	S	I	N	N	V	G								
Type	DYW	1'							D	N	T	S	D	D	N	D	D	D	D	D	D	D	D	D	D	T								
Species	Pp	A							0.25	0.34	0.00	0.05	0.20	0.09	0.08	0.20	0.09	0.04	0.11	0.09	0.11	0.08	0.15	0.08	0.27	0.23								
Localization	mt	C							0.25	0.51	0.55	0.31	0.23	0.25	0.31	0.07	0.55	0.32	0.07	0.55	0.20	0.07	0.34	0.31	0.23	0.55	0.21	0.18						
ref.	29	G							0.25	0.12	0.14	0.00	0.74	0.08	0.00	0.74	0.93	0.22	0.74	0.45	0.16	0.07	0.08	0.09	0.00	0.00								
	U								0.25	0.40	0.09	0.48	0.10	0.28	0.48	0.10	0.25	0.51	0.10	0.31	0.10	0.10	0.45	0.55	0.28	0.42	0.60							
ccmFC	eU1225Fu	Target seq	U	A	G	A	G	U	G	U	C	C	C	A	C	G	G	U	G	C	U	C	C	U	U		4.11E-05	1	8.58E-07	1				
	score									0.25	0.40	0.78	0.87	0.32	0.09	0.55	0.20	0.74	0.93	0.51	0.74	0.34	0.45	0.23	0.55	0.42	0.60							
ccmFC	eU1225Ff	Target seq	U	A	G	A	G	U	G	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U	U		4.11E-05	1	4.15E-05	1				
	score									0.25	0.40	0.09	0.87	0.32	0.09	0.55	0.20	0.74	0.93	0.51	0.74	0.34	0.45	0.23	0.55	0.42	0.60							
Gene name	PpPPR_77	motifs	L	S	P	L	S	P	L	S	P	L	S	P	L	S	P	L	S	P	L	S	P	L	S2									
AGI number	Phypa_1918	6	V	L	N	I	N	N	I	T	N	L	N	N	N	N	N	N	N	N	N	N	N	V	G									
Type	DYW	1'	D	D	N	D	D	D	D	N	D	G	N	D	D	D	D	D	D	V	D	D	N	D	T									
Species	Pp	A	0.25	0.08	0.08	0.08	0.15	0.08	0.09	0.08	0.20	0.15	0.25	0.20	0.15	0.09	0.25	0.15	0.35	0.25	0.15	0.08	0.27	0.23										
Localization	mt	C	0.25	0.51	0.55	0.31	0.23	0.25	0.31	0.07	0.55	0.32	0.23	0.25	0.23	0.21	0.25	0.23	0.55	0.25	0.20	0.00	0.25	0.16	0.07									
ref.	27	G	0.25	0.34	0.08	0.16	0.07	0.14	0.16	0.74	0.00	0.07	0.25	0.07	0.05	0.14	0.22	0.25	0.07	0.22	0.25	0.07	0.08	0.09	0.00	0.14	0.70							
	U	0.25	0.07	0.28	0.45	0.55	0.52	0.45	0.10	0.28	0.48	0.55	0.52	0.25	0.55	0.22	0.25	0.55	0.28	0.25	0.47	0.52	0.00	0.14										
cox2	eU1370RW	Target seq	C	A	A	U	U	A	C	U	A	U	G	A	C	U	G	A	C	U	A	U	G	A	C	U		1.22E-04	3	2.58E-02	2			
	score									0.25	0.08	0.45	0.55	0.09	0.31	0.10	0.08	0.48	0.23	0.20	0.15	0.25	0.55	0.25	0.32	0.25	0.70	0.14						
cox3	eU733RW	Target seq	A	C	U	U	G	C	U	U	G	A	U	G	A	C	G	C	U	G	C	U	G	C	U	A		1.33E-02	1	3.22E-03	1			
	score									0.25	0.51	0.28	0.45	0.55	0.14	0.16	0.07	0.28	0.48	0.55	0.25	0.20	0.15	0.22	0.55	0.08	0.25	0.47	0.52	0.14	0.70			
Gene name	PpPPR_78	motifs	P	L	S	P	L	S	P	L	S	P	L	S	P	L	S	P	L	S	P	L	S	P	L	S2								
AGI number	Phypa_1926	6	F	M	N																													

	PPR position	26	25	24	23	22	21	20	19	18	17	16	15	14	13	12	11	10	9	8	7	6	5	4	3	2	1	P-value	Rank without L, L2 and S2	P-value	Rank with L, L2 and S2
Gene name	OGR1	motifs																	P	P	P	L	S	P	L2	S2					
AGI number	OS12g17080	6																	S	T	G	V	N	N	L	G					
Type	DYW	1'																	D	N	N	N	T	D	N	D					
Species	Os	A																	0.11	0.73	0.17	0.34	0	0.09	0.2	0.09					
Localization	mt	C																	0.34	0.05	0.44	0.14	0.78	0.25	0.38	0.07					
ref.	31	G																	0.45	0.22	0	0.12	0.34	0.14	0.06	0.7					
		U																	0.1	0	0.39	0.4	0.09	0.52	0.36	0.14					
cox2	167	Target seq	C	U	U	C	C	U	U	A	U	U	C	U	G	A	U	U	U	U	G	G	U	U	U	C	G				
		score																	0.45	0.22	0.39	0.40	0.09	0.52	0.38	0.70	2.44E-02	48	3.86E-03	12	
cox3	572	Target seq	A	G	U	A	G	C	A	A	C	C	G	U	U	U	U	A	C	U	G	C	U	C	U	A	G				
		score																	0.45	0.22	0.44	0.40	0.78	0.52	0.20	0.70	2.44E-03	5	4.70E-04	1	
nad4	458	Target seq	A	A	A	G	C	U	U	U	C	U	G	U	C	G	A	A	C	U	G	C	U	U	C	A					
		score																	0.45	0.73	0.39	0.14	0.14	0.25	0.38	0.70	7.05E-02	70	2.67E-02	71	
ccmC	1457	Target seq	C	G	A	U	C	U	U	A	C	U	C	A	U	C	A	A	A	U	G	G	C	A	C	U	A				
		score																	0.45	0.22	0.44	0.40	0.09	0.25	0.36	0.09	1.88E-03	4	2.46E-03	5	
ccmC	401	Target seq	A	A	U	U	U	G	U	G	A	A	U	U	U	C	U	A	A	U	G	A	U	C	G	C	G				
		score																	0.45	0.22	0.44	0.40	0.78	0.25	0.36	0.09	8.02E-03	9	3.01E-03	6	
nad2	416	Target seq	A	A	U	G	A	U	C	G	C	C	G	U	G	U	U	C	U	G	C	A	U	G	C	U	G				
		score																	0.45	0.22	0.44	0.34	0.78	0.52	0.38	0.09	5.34E-04	2	3.20E-03	9	
nad4	433	Target seq	G	C	A	U	G	C	U	G	G	A	U	C	U	C	U	A	U	U	C	U	A	U	C	U	A				
		score																	0.34	0.73	0.39	0.12	0.78	0.52	0.06	0.70	8.02E-03	10	7.97E-03	20	
nad4	458ue	Target seq	A	A	A	G	C	U	U	U	C	U	G	U	C	G	A	A	C	U	G	G	C	U	C	C	U	A			
		score																	0.10	0.73	0.39	0.40	0.78	0.52	0.20	0.14	5.77E-03	6	5.20E-03	15	

Gene name	MPR25	motifs																S	P	L	S	P	L	S	P	L	S	P	L	S	P	L2	S2							
AGI number	Os04g51350	6																A	N	S	N	N	V	S	N	L	N	N	T	S	N	A	T	T	L	C				
Type	E	1'																P	D	T	N	T	D	N	D	P	D	D	G	D	T	N	S	D	T	N				
Species	Os	A																0.25	0.09	0.25	0.14	0.04	0.25	0.70	0.09	0.20	0.15	0.09	0.40	0.06	0.04	0.34	0.45	0.04	0.20	0.91				
Localization	mt	C																0.25	0.25	0.25	0.29	0.69	0.25	0.14	0.25	0.32	0.23	0.25	0.19	0.00	0.69	0.14	0.19	0.00	0.38	0.00				
ref.	32	G																0.25	0.14	0.25	0.41	0.00	0.25	0.04	0.14	0.00	0.07	0.14	0.28	0.85	0.00	0.12	0.17	0.93	0.06	0.00				
		U																0.25	0.52	0.25	0.16	0.27	0.25	0.13	0.52	0.48	0.55	0.52	0.14	0.10	0.27	0.40	0.18	0.03	0.36	0.09				
nad5	1580	Target seq	C	A	A	A	C	U	A	A	U	A	C	C	U	A	U	U	C	U	G	U	U	U	A	G	U	A												
		score																0.25	0.52	0.25	0.29	0.69	0.25	0.70	0.52	0.48	0.23	0.52	0.28	0.10	0.27	0.40	0.45	0.93	0.36	0.91	4.17E-04	3	1.96E-05	2

Figure S3