

S3 File. The gene model for *RcWRKY07*. The coding region is marked with uppercase letters, above which is its deduced amino acids. The transcribed untranslated regions, including 5' UTR, intron and 3' UTR sequences, are marked with lowercase letters. The start and stop codons are blacked and the misannotated sequences “gcaa” and “GCAG” are boxed.

```

1 aatttcaggacagcacggaactaccgcaaaaccagatacatgaaagaaaaggagagagag
61 gaagaacaagaacaaaatcccatttctaacgccataaagatagaagaagagaattaa
121 aaccaaaaagcaactgccgtaaactcatgttcttattgtactaacagaaagaagaaaga
1
M A A
181 aagtggttttggtgagatacgaacaaagagaacagtaaggtttctttccaATGGCAGCA
4 E K Q A P P R P T I T L P P R P S M D T
241 GAGAAGCAAGCACCACCACGCCCTACAATAACTCTGCCCGGAGGCCATCTATGGATACC
24 L F T G G L S P G P M T L V S S F F S D
301 CTTTTCACTGGTGGACTTAGTCCGGTCCCATGACTCTTGTCTCTTCTTTTTTCTCTGAT
44 N Y L D S D S R S F S Q L L A G A M A S
361 AACTACCTGACTCTGATTCCCGTTCTTCTCTCAACTTCTCGCTGGTGCTATGGCTTCT
64 P I A R P S F F T D A S S N K Q D G L D
421 CCTATTGCAAGACCTTCCTTTTTACCGATGCCTCTTCTAACAAGCAAGACGGACTTGAT
84 N S A N L G F K Q S R P M N L V V A H H
481 AATAGTGCCAATTTGGGGTTAAGCAAAGTAGGCCTATGAATTTAGTAGTTGCTCATCAT
104 S P L F T V P P G L S P S G L L N S P G
541 TCTCCATTGTTACTGTCCCGCCTGGGTTAAGCCCTTCTGGTTTGTTAAACTCACCTGGC
124 F F S P P Q
601 TTCTTTTCTCCTCCTCAGtaattttcttgtttttggatctgaataattccttggttggtt
661 tttatgtttcgcttggtatggtatgttggtgccttcttagcaattcgggtggttagttt
721 gcgattggatggttagtgttttgattgcttatgagatttgatggattgagttttttat
781 tttttcttttgccttgttatgatcatagaaaaagatttgacctttttcctttttttt
841 ttggtgatatttattgtcaattgaaatagtttgagagtttgagagcgagaagggtgatt
901 tgggtgctccttgttggaatttgatgaaataataggctggatttttagatgagcagaatt
961 ttcggtgcttgttgattatgcaattgagaaagtataacatttatgagcttaaatattag
1021 ctcaaatatagtggttttatatgttattatgctcagtcgtgagcaaatattatcgacaa
1081 ttgaaagaaaactgaaattctttttccttgtaacacgagggagtgaggaaccctaactt
1141 gcaaacctttgcctatcttctggtgagttctgcattggaaccttttatacctagtcta
1201 caacctagcaaattatcagtttccccaggtcaggattggattacagcttcattatag
1261 caaggatgatttatttgttcttggataaaaagaagaatttgattaacacagattat
1321 ccgaagtgttgaatgtgactggtcaggtgacagcaaatggagtttggtttaataattt
1381 gattaaacaaccttccagccgtctaattcggtgactcaaagccttgcatgctcatgct
1441 tatggttaaggtagtgaataaattgacagtgcaacaataatgtgctgaaacacatgt
1501 ctttcttaggggagtaaactcatttgggtctgtaaatttaattcatgtttcctattatg
1561 ggtcttatgttttaatttctatcatacttttatttttaatttttagtacctaaattcctt
1621 ttgcatgattccttgagaaaattcaccagagatatgatgacatcatagcttgacatggat
1681 atagtattttataattttgaaaatttcaggtggtatgatgacacatcctatttcagcag
1741 gatttcttttggaaatcaatttacaagatacatagatttttgtgatacaaatcaacttgta

```

1801 aggattgtaatgggaaacacggttaaaattagggttgtaaatgagatttaccctacctg
1861 gagaaatgtaattcttttctgggtcctggaaagatgtaacttatgtttttgtttgtttt
1921 tccttaacttagttgaattctattaatattataattgtgcctgataaagagatgggcttc
1981 caacctaattaaatgaacgaatacttgagaggaaacactctattctggcaacatttggt
2041 gtgatggactgatgctgcttgaaccatattattgagcaatgacttgaaactggaagtga
130 S P F G M S H Q Q A L
2101 gacatttttttctatattataattgcagAGTCCTTTTGAATGTCCCACCAGCAAGCCTT
141 A Q V T A Q A A L A A Q N H M H L Q A Q
2161 GGCACAGGTTACAGCCCAAGCTGCACTAGCTGCCAAAATCATATGCACTTGAAGCGCA
161 Y Q P A P V S A S T E L L T R Q P S F T
2221 GTATCAACCTGCTCCAGTATCAGCTTCCACAGAGTTATTGACTCGGCAGCCCTCCTTAC
181 P G E A S Q L Q M L P S T S E P H N S M
2281 TCCTGGTGAAGCTTACAGCTACAGATGCTTCCCTCAACGTCTGAACCTCATAATCCAT
201 V E A S D L S H S D R K Q Q P P L A V D
2341 GGTGGAAGCATCAGACCTCTCTATTCTGATAGGAAACAACAACCTCCTCTGCTGTTGA
221 K P S D D G Y N W R K Y G Q K P I K G S
2401 TAAACCGAGTGATGATGGCTACAACCTGGCGCAAATATGGGCAGAAGCCAATTAAGGGCAG
241 E Y P R S Y Y K C T H L N C P V K K K V
2461 CGAATATCCGCGGAGTTATTACAAATGTACACATCTGAATTGCTGTCAAAAAAAGGT
261 E R S S D G Q I T E I I Y K G L H S H E
2521 TGAGCGTTCTAGTGATGGCCAAATAACTGAGATCATCTATAAAGGCTTGCACAGTCATGA
281 Q P Q P N K R A K D S S D Q N G S T S S
2581 GCAGCCTCAGCCTAATAAACGTGCAAAAGATAGTAGTGACCAAAATGGAAGTACAAGTTC
301 Q A K P E P G S L S Q A G N I N K S N E
2641 TCAGGCTAAGCCTGAACCTGGTTCCTATCTCAAGCTGGTAATATAAACAAATCGAATGA
321 T F P A H S V H G M E Q E P T Q A N T E
2701 AACCTTTCCTGCTCATTCACTGATGGGATGGAGCAGGAACCTACTCAAGCGAACACAGA
341 L P G S S D S E E A G E M R A E D G N E
2761 ACTACCTGGTCAAGTGACAGTGAGGAAGCAGGTGAAATGAGAGCAGAAGATGGAAACGA
361 D E P N P K R R
2821 GGATGAACCAACCCGAAAAGAAGgcaaggttaggaatttttcagtaaatgtagtcataac
369 Q T D V
2881 tggcttttcccccttattttctgaaaatatctaaccgagtgtagGCAGACAGATGT
373 G T S E V A L P H K T V T E P K I I V Q
2941 TGGGACATCTGAGGTTGCTTTACCACACAAGACAGTCACAGAACCAAAAATCATTGTGCA
393 T R S E V D L L D D G Y R W R K Y G Q K
3001 AACAAGAAGTGAAGTTGATCTATTAGATGATGGCTACAGGTGGCGCAAGTATGGCCAGAA
413 L V K G N P H P R
3061 GCTGGTGAAGGGAATCCTCATCCAAGgtgatcaattgattattgctttataggtctttt
3121 gcctctagtggtttttgatgtctaggtggatttttagggagtttctaaagataatactt
3181 gcaattacaatgtcaatcacagaaatccatctttattgccttcactatgaagtctgaaga
3241 gtttctagtaggagaacaaaatacaaccgtctacaaaattccagagttttaccttat
3301 caaatgacctgtcatatgatgccaagaattattgttttgaaagtttgcgatgagaatcccc
3361 cgcaagatgaccccgagtttgccacttttgaaattaccctataatgagtacaataatga

3421 aaagtttctcgaagactcaaaatgtcctataaccttcattcagaaccctccccttgcccta
3481 gagatttaattgtgcagtttccccataacctctttaaatatgagagccattagctcaaca
3541 ctataccatagccatgatcttatgtttttgtccatctgctcttcttgacacttgctat
3601 tacttgccaaatgtattcttgcacgtctgtaaaatggcttaaatatcttaccttttagaa
3661 tctgttcattatgaaaatcttctctttaaatctgtaagaccttcttgcaatcgacggc
3721 atcttctaagagagttttccatccactttatcatcatcattattattgtttttctta
3781 aatattaatgattattattattatcattatctcaattacctagtttgtagtgaatTTTT
3841 tttttggttatagctattgctttctatttagggctatatttgccactaaatcagggtat
3901 tgttgttttcttatattcttggccaacatcctatTTTctcccccttcttggaatatata
3961 tatatatatatatatctgtgtattttagcttatctTTTTgcttttggtgtataa
4021 gacaaattacttcacatttgattctcctcttcttagcatctatgccatatttgagtatgg
4081 ttattatttttgaatcacatgcaactgggtggtgaaatctctagattttagctagtgattg
4141 gcaaggaataacttatagtttcatgccgtctatatatatatatggttaacttttatgtgc
4201 ggggtttgaccgtttgccctttgagacattaatcctatattcatttctggttggtgtcg
4261 gactaaatagaattgtttaaatTTTgatatcagctctcttTgaaacttgataaccaatgac
4321 aatgatatcagagagggagagagagagagacagagttttgccctaattttgcccata
4381 tatcaagattgttttataatcttctatatctctggcaatgatatgcctattctctggttc
4441 tggaaatctgtcaaatttaagttcctattaagcttccaatattttggttattctatcat
422 S Y
4501 agatattgcttgctttctgggagtttcatttctaagtacttattatatgaaatGAGCT
424 Y K C T S A G C N V R K H V E R A A A D
4561 ATTACAAATGCACTAGTGCTGGGTGCAATGTCCGTAAGCATGTTGAGAGAGCTGCAGCAG
444 P K A V V T T Y E G K H N H D V P A A R
4621 ACCCTAAAGCTGTGGTAACCACATATGAGGGAAAACATAATCATGATGTTCTCCTGCAGCTA
464 N S S H N T A N N S A L Q L K P Q K V V
4681 GAAACAGTAGCCATAACACAGCCAACAACAGTGCACTACAATTGAAACCTCAAAGGTGG
484 A E K H P F L F G N N D K R P V L L Q L
4741 TGGCTGAGAAGCATCCTTTCCTCTTTGGGAACAATGACAAAAGACCAGTACTTCTACAAC
504 K E E E I A V *
4801 TGAAAGAAGAGGAAATCGCAGTATAAatgctctgcttaaaactgctagagaactataagg
4861 atgactccagccaactaacctggtagaatgaagaagagaggaaagtcttttgaaagtgg
4921 gagaccttggtggttttggttctttttcattttggtgctttttctttttttttttttt
4981 tttttgtttgttttacctttttgaatgaaatgtagttgtaattgttgctgctgcacatg
5041 ttaacaatttgatacataacatttttactacagttatgtaaaattaaatttagaag