

S5 File. The gene model for *RcWRKY10*. 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 are boxed.

```

1 cacatatacccccaaccccacctttgtctttttctctctctttaaaaaagaaaccgatta
61 cgatacacaaaaattcgattccttctaaaaggaaaaaaaaagccggatataaacgtcg
121 gtatatcggcacggttttagattttatcggtttgagtttcggacactataaaattaa
1
1 M A E S
181 ttgaaaaggcaactgttttgaaactttactctctgagagagaattggcgATGGCAGAGAG
5 K S V E A L Q V Q H K R Q V D E H N D H
241 CAAGAGCGTAGAAGCTCTCCAAGTACAACATAAACGACAAGTTGATGAACACAACGACCA
25 V L E E Q E E D D D D E E E D S Q L S E
301 CGTTTTAGAAGAACAAGAAGAAGATGATGATGATGAGGAGGAGGATAGTCAACTCAGCGA
45 L D Q L G E S Q Q P E E L S S G P V E L
361 GTTAGATCAACTCGGCGAGTCGCAGCAACCCGAGGAGTTATCTAGCGGTCCAGTAGAATT
65 E A L V A V P T S T A I L E N K Q C V G
421 GGAAGCTTTAGTGGCGGTTCCGACTCCACGGCGATATTGGAGAACAAGCAGTGTGTAGg
481 taggtttttcaaaaagaattgcagagtgctcctttggaaatthaatttaattatattg
541 ttatagaaaaaaagagaagttattgtttgtttggtgagagtggaagtgtctgatctagc
85 L E D N A G L E K H V D D S E F K
601 agGTTTGGAGGATAATGCAGGTTTGGAAAAGCACGTGGATGATTCTGAATTCAGgttag
661 agaccaaaagtttttattattattatattattattatcattcatttctggctctttgctt
721 tgtttattcattatthaatttagttatttattacttttagtagttgtgttcttttgtgat
781 tttatgtctgtgcctgtttgaatctatttgaatttagtgtttagtatgcaaatgatttgt
841 ctgcgaaatgcaaatcttagagaattgatcttctgctagtagttgcatttgcctgacaga
901 tctttatttttacgttattttactttattcatttttaatttgagattgaagtgattctga
961 accgtgttttggattcattatgatatttcagttatatacttaatacaacaacatcagaaa
1021 tgtgccgactaaaggataatttgctaggaatggacttaagtttgaatthaagatgcttt
1081 atgtgctctccaaaagttaatattaacagtagacattgacacttctgggttttagtgcga
1141 tcctataaagaaaatatctaaatgctttgtctacgcggtacatgtgaatthtttcttaa
1201 agaaaagcataaatgtccatgaactgtagttgaagggtgagatcatggctaacctctaga
1261 aaacctaagattaaggaaaaacgttttggaaactgttgaaactattactgctttttaaac
1321 ttttgacaatacagtaaaagtgttccaaccgttttctatgcattgaactataagggcaat
1381 agcttttgaattgtatttgaatgaacaattgaatcaactgttttgaagggtgataaactt
1441 gtggaaatgattagacttgaatgtggaagaaaacaaaaggtgttgacatgctaggagttt
1501 ctataatcattgaccaatccttgcatttgaatgagtgaaataattattgctagtagtatt
1561 gatctaattctctaaacctttaaggatgaaagcatgcatatcaaaaacattaataaagaa
1621 tttaaaattaataatagttaaaaggattcatgcctcttctgcttctctttggagtagca
1681 ttggcggatgtatccttgaaggctctctatgggttttttctttaaaagggtaaaacttg
1741 aactgagtgatgcataacaatgttatcatcatgcattatctctcatcttttgtctaa
1801 gcatctaataaagatatgcacaaaaatcaaagcacaaaggttcactgcattgaaaaattg
1861 aaaaaataaaaagaaatatacttcaacttgtgatctttcttatgcaaaattatgggagc

```

1921 caaatgtcctaggtattcttctcttgcattcttgcgtcctactttaatgtcaatttagc
1981 cataaatgattttccataaagggttagaaagcttatataatattagcatactctctcttg
2041 aagattgccaaaatatatTTTTTtacctaggtttagggagctttattgctctgactgt
2101 tacactttacctcaatgaacctgtgttatacacgtaatttacgcttgtaagagaactaa
2161 atctcatttttcagaaattagagaccagagtatcacacctaactttaagggtccattaa
2221 aagcttcaataaaaaaaaaagaatcgaagggtgatgatccgtacagttgacctcaagcag
2281 ttctagattagagcttatttaagttgagcagtcagctctgtaagctgtaactaaaccattg
2341 tccttttagtcaagtgaggagttgttatctactatttcagaacttaggtggctctttat
2401 ctcaatcagcatcctgagctatgacaatgctttgcagcagcctgcagtaaatatggaaag
2461 aaggtttcagttggtgcatgtatggttaccattatcgacatctgagttgatacagttta
2521 agttagaacatttgcttaactttaagatagaatagggttagtatggtgttttagtttga
2581 taaaatattactaggacagtcctcttgttttgactttactatgaatgatgaatgttctttta
2641 gtactttggcgacctagctagaacaatttacatttcttattggcaaaattctcttcttg
2701 tatttcttggctgctgctagttttaaaacatttaaacattaatgtgccagattttgtgt
2761 agtgggtgtttgtgagacgtggactcacctctgacaagccaacagctgcaatctatgctt
2821 tctaaattgcactctgaactctggatgcatctgtaattctagatactgtgcattttaaat
102 E Q D G I S H P E V S G D
2881 ttgtttaaattctttaatcagGAGCAAGATGGGATTTACATCCAGAAGTTTCAGGAGA
115 V T S Q C A E A Q T Q N Q L Q S S V C P
2941 TGTAACCAGCCAATGTGCTGAAGCTCAGACCCAAAATCAACTTCAGTCTTCTGTTTGTCC
135 T S L S E L S P T S V T Q P I S S A P S
3001 AACTTCTTTGTCAGAACTTCTCCAATTCTGTTACACAACCAATATCATCTGCTCCAAG
155 P T L P E P R V S P S K F N N Y N A C I
3061 TCCAACCTACCAGAACCAAGAGTGTCCCATCGAAGTTTAATAATTATAATGCCTGCAT
175 P E A D Q Q N S S E L K S L S L P I V K
3121 ACCAGAAGCAGACCAACAAAACCTTCTGAACTGAAAAGTCTTCTCTTCCCATTTGTGAA
195 A H V L D G Y N W R K Y G Q K Q V K S P
3181 AGCATGTTCTTGATGGTTACAACCTGGCGAAAATATGGTCAGAAGCAAGTGAAGAGTCC
215 K G S R S Y Y K C T Y S D C C A K K I E
3241 TAAAGGTTCTCGAAGCTATTACAAGTGCACATATTCTGACTGTTGTGCTAAAAAGATTGA
235 C A D H S G H V I E I V N K G T H S H D
3301 ATGTGCTGATCATTGGGCCATGTAATAGAGATTGTTAATAAAGGAACACACAGTCATGA
255 P P R K N N S T R G S K V A L L S A P V
3361 TCCACCTCGAAAGAATAATAGCACAAAGGGGAAGCAAGGTTGCTTTATTATCTGCCCTGT
275 L E N S M K E H S M G M H T D S S Q S T
3421 TCTGAAAATAGCATGAAAGAACATTCCATGGGCATGCATACGGATTCAAGTCAGTCCAC
295 L F K D S I Q E T P N I S E K K R Q N S
3481 GTTGTTTAAAGATTCTATACAGGAAACACCAAATATTTCTGAAAAAAGCGGCAGAATT
315 S G S D G N G K I L I K E E H V S E P E
3541 AAGTGGCTCTGACGGGAATGGGAAAATTCTTATCAAAGAGGAGCATGTCAGTGAACCTGA
335 P K R R
3601 ACCAAAAAGAAAGtaaggtgtcccttttcttctgtctgaattgaatttttcatctgt
3661 gatgttggcactttctgatataactgtaaaaaggcagctttggatattagttgattacag
339 M K K E N L E C S G T L

3721 ttttttctgcttattttatccagAATGAAGAAGGAGAATTTAGAATGTTTCAGGAACCTCTA
351 L K P G K K P K F V V H A A G D V G I S
3781 TTA AACCTGGAAAGAAGCCTAAATTTGTGGTCCATGCAGCGGGTGATGTGGGAATTTCA
371 S D G Y R W R K Y G Q K M V K G N P H P
3841 AGTGATGGATACAGATGGCGCAAGTATGGACAAAAGATGGTGAAAGGAAACCCCATCCC
391 R
3901 AGgtgcatgtttatttctttatttgttctttgcttgcattgggattttgacctggtatac
3961 taatacaaattaacatcagataatgcagtttagatgccatattaactatataatatatgca
4021 aagtgtagtttcttggtttgttctatttattatcatagtggaagaaagtatcataac
4081 gcggaaattgatttatttctctcatttttttaatgctcatgctactatggctctttctt
4141 tgtgtgcaaacatcatgctattagagatcatgttctctggatggagattttttattactct
4201 gttgcttttagattttggcaaaagcatttgaatatgaatcagctctaaaatatgcaacttc
4261 tttcttcgttataatattttgggagttgtgtcatgttccagttacaagaccaaataatt
4321 taggtgaaactgctttgttctctggagagtatttgggaaaggagtgactaaaatgggg
4381 gtctttgagattttgtgcaattgtcatgttccagttacaagagtttgtgtaccacaaat
4441 gctatgtcttttgaaggacattcactctaacagaccagtttcaaatgaatgttgatgcaa
4501 gtcctataaggacatggcttcctatgaattatggttgggtgacgagtgaggagaataatggc
4561 atttttgatagataaacttatagttggtcttctggcttctggatgaggggtacaactgaagc
4621 atttctatgaggtggcttataggaagaattgtatctcggatagctcttgaagaatagc
4681 ttttcaaatggatgtttaccagtgatatacaacaagccaagtcactcatgatttttgga
4741 tgatgagcagtgagatagatattttctcccttttattgtaaacctttgcacattactct
4801 tctcgtcctctgatgggtagcagagttcgttaaaacatttaattccaacttttgaggt
4861 caaatgcaggagtggtggccataggttctgcaatgatgatacaagagtaggtagataaaa
4921 aacaccttctttcccttttgtttcttccataaattttaggaaaattcttaattttctat
4981 gataaagggaagttcttttttcttattagaattcctgcatccctgatagaatctcaac
5041 atatttgaattgaggaagtagcatccaaggtcataatctatgtagtagctctgattatc
5101 atttctcggtccgagttagatcttccaaattcaatccagcctgtggattctgttcttttg
392 N Y Y R C T S A G
5161 tgctgatttctcactctaaacaaattgtgcagGAACTATTACAGGTGCACCTCTGCTGGA
401 C P V R K H I E T A V D N T D A V I I T
5221 TGTCAGTCCGTAAGCATATTGAAACAGCGGTGGACAACACAGATGCGGTCAATTATAACA
421 Y K G V H D H D M P V P K K R H G P P S
5281 TACAAGGGAGTACATGACCATGACATGCTGTACCCAAAAAGCGACATGGTCCGCTAGT
441 A P L V A A A A P A S M S N L Q L K K T
5341 GCTCCCCTTG TAGCTGCTGCTCCTGCTTCTATGAGCAATTTACAGCTCAAGAAAAC T
461 D T L P N Q I S S T Q W S V G K E G E L
5401 GATACATTACCGAACCAATAAGTTCAACCCAATGGTCAGTGGGAAGGAAGGTGAATTA
481 T S E T L D L G G E K E K A I E S A R T
5461 ACTAGTGAAACCTTAGACCTTGAGGGCGAGAAGGAGAAGGCCATCGAATCAGCTAGAAC T
501 L L S I G F E I K P C *
5521 CTTCTAAGCATTGGATTTGAAATCAAGCCTTGCTGAtaggtatcttttctgactatgge
5581 ataaactaaaagattctgttcttggtaaaatcacgtagttgtctagatgtgaattatc
5641 attaaattattaggtctgattgatgatggtttctttttcttctctctttcttatatt
5701 ctgettacccttttcttcttttcttcaaatcttcttcttcttctcagccttctcactc

5761 tatcatggaacagttgtatatttggtattgtacgcagcaggaagaccttgagatatg
5821 gtaagctaatagtattggaaggcggcagtcggcaccaatTTTTTTTTTctcat
5881 cttggtgggaccatttgtttcaagatctcattcaggattagtgtctgcatTTTTgc
5941 tgcgatctagaattattagaatggtagttggcagctTTaaaggTggccttTgttga
6001 gtgatgaaattggagcacggggagcaggaaacctgtcaaatatcagatctaaagaacttc
6061 cagtgtcccagtgcaaaaaggaaaaagaaaactgtaataaaaattaatgtaaggTggaa
6121 atcccaactgttcaaattggtcataagattataattagTccaagtagTtc