

```

          10      20      30      40      50      60
im      ATGCGTTTATCTTCAAAGCAAACGGTCTATTGTTTCACGAAATCAAGGCTCTCTCGTCTC
      .....
TM-1    ATGCGTTTATCTTCAAAGCAAACGGTCTATTGTTTCACGAAATCAAGGCTCTCTCGTCTC
          10      20      30      40      50      60

          70      80      90     100     110     120
im      AAATCGGCTTCCCTTTGTACATCAGCTTCAAATGACGCCGAAGCCGTGGAAATCGCTTCT
      .....
TM-1    AAATCGGCTTCCCTTTGTACATCAGCTTCAAATGACGCCGAAGCCGTGGAAATCGCTTCT
          70      80      90     100     110     120

          130     140     150     160     170     180
im      ATCCTCAGTAAAAATGACTGGAAACGACTTCTTGAAACATCATCAGAATTGACAAGCAAG
      .....
TM-1    ATCCTCAGTAAAAATGACTGGAAACGACTTCTTGAAACATCATCAGAATTGACAAGCAAG
          130     140     150     160     170     180

          190     200     210     220     230     240
im      CTGAACCCAGAAATAGTTCACTCCGTTCTTCTCCAAAACCTCGATTCATGATCCCGAACGC
      .....
TM-1    CTGAACCCAGAAATAGTTCACTCCGTTCTTCTCCAAAACCTCGATTCATGATCCCGAACGC
          190     200     210     220     230     240

          250     260     270     280     290     300
im      CTTTTTCAGTTTTCTTCAACTGGGCAAGTCAGCAATCCCCGAACCCTCAAATTTGGATTCT
      .....
TM-1    CTTTTTCAGTTTTCTTCAACTGGGCAAGTCAGCAATCCCCGAACCCTCAAATTTGGATTCT
          250     260     270     280     290     300

          310     320     330     340     350     360
im      TTTTCTTTTCTAGCAGTTACTTTATGTAATTCGAAGATGTTTCGTAAAGCCACTATTGTT
      .....
TM-1    TTTTCTTTTCTAGCAGTTACTTTATGTAATTCGAAGATGTTTCGTAAAGCCACTATTGTT
          310     320     330     340     350     360

          370     380     390     400     410     420
im      TTAGACAGCATGGTTAGGACTAGAAGGCCCGTTCAGGCCATTTTGGGTTCAATTATTAGG
      .....
TM-1    TTAGACAGCATGGTTAGGACTAGAAGGCCCGTTCAGGCCATTTTGGGTTCAATTATTAGG
          370     380     390     400     410     420

          430     440     450     460     470     480
im      TGCTGGAAGGGCTATGAAGGGAATTA TGTCGGGGTTTTTCGATATTTTGATTGGTTGTTAT
      .....
TM-1    TGCTGGAAGGGCTATGAAGGGAATTA TGTCGGGGTTTTTCGATATTTTGATTGGTTGTTAT
          430     440     450     460     470     480

          490     500     510     520     530     540
im      AAGAAAATGGGTTCTTGAACGATGCTGTTTATGTTTTTTTGGGTGCTAAAGAAGTTGGG
      .....
TM-1    AAGAAAATGGGTTCTTGAACGATGCTGTTTATGTTTTTTTGGGTGCTAAAGAAGTTGGG
          490     500     510     520     530     540

```

550 560 570

```

im      GTTTTGCCT-----TTTTAGGTGATTTGCTTAAGGTAAATAAG
       :::::::::::                               :::::::::::
TM-1   GTTTTGCCTGGTTTGGCTTGTGTAATAACTTTTTAGGTGATTTGCTTAAGGTAAATAAG
       550      560      570      580      590      600

580      590      600      610      620      630
im      TTGGATTTGTTTTGGAAGGTTTTCAATGGGATGATAGATGCTAAATTGGTGCCTGATGTT
       :::::::::::                               :::::::::::
TM-1   TTGGATTTGTTTTGGAAGGTTTTCAATGGGATGATAGATGCTAAATTGGTGCCTGATGTT
       610      620      630      640      650      660

640      650      660      670      680      690
im      TATACTTTTACCAATGTGATTAATGCTCATTGTTCGAGTAGGGGATATTGAGAAGGCCAAA
       :::::::::::                               :::::::::::
TM-1   TATACTTTTACCAATGTGATTAATGCTCATTGTTCGAGTAGGGGATATTGAGAAGGCCAAA
       670      680      690      700      710      720

700      710      720      730      740      750
im      AGGGTGTTTTATGGATATGGAGGAGAAGGGATGTAGCCCTGGTTTGGTTACTTATAATGTT
       :::::::::::                               :::::::::::
TM-1   AGGGTGTTTTATGGATATGGAGGAGAAGGGATGTAGCCCTGGTTTGGTTACTTATAATGTT
       730      740      750      760      770      780

760      770      780      790      800      810
im      ATGATTGGTGGACTGTGTAAAGCTGGTGCTGTTGATGAAGCATTGAAGTTGAAAACTCC
       :::::::::::                               :::::::::::
TM-1   ATGATTGGTGGACTGTGTAAAGCTGGTGCTGTTGATGAAGCATTGAAGTTGAAAACTCC
       790      800      810      820      830      840

820      830      840      850      860      870
im      ATGAGTCGGAAGGGTTTTCAACCCTGATGCATATACTTACAATACGGTTATTAATGGGTTT
       :::::::::::                               :::::::::::
TM-1   ATGAGTCGGAAGGGTTTTCAACCCTGATGCATATACTTACAATACGGTTATTAATGGGTTT
       850      860      870      880      890      900

880      890      900      910      920      930
im      TGTAGGCATAACAGATTTTCAAGGAAGCAAATTTGATGATGGAGGAAATGCGTTGTGCAGGC
       :::::::::::                               :::::::::::
TM-1   TGTAGGCATAACAGATTTTCAAGGAAGCAAATTTGATGATGGAGGAAATGCGTTGTGCAGGC
       910      920      930      940      950      960

940      950      960      970      980      990
im      TTAAATCCTAACCATTTTGCTTACACAGCTTTGATTGATGGGTTTCATTAAACGGGGGAGC
       :::::::::::                               :::::::::::
TM-1   TTAAATCCTAACCATTTTGCTTACACAGCTTTGATTGATGGGTTTCATTAAACGGGGGAGC
       970      980      990      1000     1010     1020

1000     1010     1020     1030     1040     1050
im      ATGGCCGAGGCTTTCCAAGTCAAGGATGAGATGGTTGCTTGTGGAATTAACCGAATGTG
       :::::::::::                               :::::::::::
TM-1   ATGGCCGAGGCTTTCCAAGTCAAGGATGAGATGGTTGCTTGTGGAATTAACCGAATGTG
       1030     1040     1050     1060     1070     1080

1060     1070     1080     1090     1100     1110
im      TTCACGTATAATGTGCTTATTGGTGGGGCTTCTAAGGCTGGTGACTTGGAGAAAGGAAAA
       :::::::::::                               :::::::::::
TM-1   TTCACGTATAATGTGCTTATTGGTGGGGCTTCTAAGGCTGGTGACTTGGAGAAAGGAAAA

```

	1090	1100	1110	1120	1130	1140
im	1120	1130	1140	1150	1160	1170
	GCTCTGTTTCGATGAGATGGTTTTGATTGGCATCGGACCTGATGCACAAACATTTAGTCTT					
	::					
TM-1	GCTCTGTTTCGATGAGATGGTTTTGATTGGCATCGGACCTGATGCACAAACATTTAGTCTT					
	1150	1160	1170	1180	1190	1200
im	1180	1190	1200	1210	1220	1230
	ATGATCCAGAGTTATTGTCGACAAGGGAATTTCTCAAGGCCCATGAATTGTTTGAAGAG					
	::					
TM-1	ATGATCCAGAGTTATTGTCGACAAGGGAATTTCTCAAGGCCCATGAATTGTTTGAAGAG					
	1210	1220	1230	1240	1250	1260
im	1240	1250	1260	1270	1280	1290
	ATGAAGGAACACAACCTTGACACCCACGATGTACACTTATAATGGTATAATTAGTGGATTA					
	::					
TM-1	ATGAAGGAACACAACCTTGACACCCACGATGTACACTTATAATGGTATAATTAGTGGATTA					
	1270	1280	1290	1300	1310	1320
im	1300	1310	1320	1330	1340	1350
	TGTCACTGTGGAGATCTTGGTCGAGCTAATTATGTTTTTGAGGCAATGATTAAGGTAGGG					
	::					
TM-1	TGTCACTGTGGAGATCTTGGTCGAGCTAATTATGTTTTTGAGGCAATGATTAAGGTAGGG					
	1330	1340	1350	1360	1370	1380
im	1360	1370	1380	1390	1400	1410
	TTGAAGCCCAACGTTGTTATGTATACAAATCTGATAAAAGGTCATATTCAGAAAAGTAGA					
	::					
TM-1	TTGAAGCCCAACGTTGTTATGTATACAAATCTGATAAAAGGTCATATTCAGAAAAGTAGA					
	1390	1400	1410	1420	1430	1440
im	1420	1430	1440	1450	1460	1470
	TTCAAGGAAGCAAGAAAGATTCTCAACAGAATGATGGAGAATGGACAAATGGCTGATATC					
	::					
TM-1	TTCAAGGAAGCAAGAAAGATTCTCAACAGAATGATGGAGAATGGACAAATGGCTGATATC					
	1450	1460	1470	1480	1490	1500
im	1480	1490	1500	1510	1520	1530
	TTTTGTTGCAATACTCTTTTAAGTGGCTTATGTAAGTCCCAAATGATGGACGAAGCAAGG					
	::					
TM-1	TTTTGTTGCAATACTCTTTTAAGTGGCTTATGTAAGTCCCAAATGATGGACGAAGCAAGG					
	1510	1520	1530	1540	1550	1560
im	1540	1550	1560	1570	1580	1590
	AGCTTCTTAGTCGAAATGGTTGACAGGGGGTTGAAGCCTAATGAAATTACCTATGGGACT					
	::					
TM-1	AGCTTCTTAGTCGAAATGGTTGACAGGGGGTTGAAGCCTAATGAAATTACCTATGGGACT					
	1570	1580	1590	1600	1610	1620
im	1600	1610	1620	1630	1640	1650
	TTAATCCATGGATATGCTAAGGCCGGGGAAATGGAGGCAGTAGAAAGGTGTTTCAGAGAG					
	::					
TM-1	TTAATCCATGGATATGCTAAGGCCGGGGAAATGGAGGCAGTAGAAAGGTGTTTCAGAGAG					
	1630	1640	1650	1660	1670	1680
	1660	1670	1680	1690	1700	1710

```

im      ATGCGTAGTTATGGTATAGCTCCAAATAATGCTATCTATACTATATTGATTAATAGCCTT
       :
TM-1   ATGCGTAGTTATGGTATAGCTCCAAATAATGCTATCTATACTATATTGATTAATAGCCTT
       1690      1700      1710      1720      1730      1740

       1720      1730      1740      1750      1760      1770
im      TGCAAAGTGGGAAATGTAACCGAGGCTCTGTGCGACATTTAGGCACATGTCTGAAAAAGGT
       :
TM-1   TGCAAAGTGGGAAATGTAACCGAGGCTCTGTGCGACATTTAGGCACATGTCTGAAAAAGGT
       1750      1760      1770      1780      1790      1800

       1780      1790      1800      1810      1820      1830
im      GTGCTCCCAGACATAAAGACTTACACTGCACTCATCCACGGCCTTGCAGCAAATGGTAGA
       :
TM-1   GTGCTCCCAGACATAAAGACTTACACTGCACTCATCCACGGCCTTGCAGCAAATGGTAGA
       1810      1820      1830      1840      1850      1860

       1840      1850      1860      1870      1880      1890
im      ATTAATGATGCAATGCAACTGTTCTCTCAACTTGATGAAAAGGGTATAGTGCCTGATGTA
       :
TM-1   ATTAATGATGCAATGCAACTGTTCTCTCAACTTGATGAAAAGGGTATAGTGCCTGATGTA
       1870      1880      1890      1900      1910      1920

       1900      1910      1920      1930      1940      1950
im      TTCACTTATACTTCTCTCATTTCTGTCTTTTCTAAGCTTGGTGATATGGAGGCTGCTCTC
       :
TM-1   TTCACTTATACTTCTCTCATTTCTGTCTTTTCTAAGCTTGGTGATATGGAGGCTGCTCTC
       1930      1940      1950      1960      1970      1980

       1960      1970      1980      1990      2000      2010
im      AACCTTTATGATAAGATGTGTCAAAGGGCATTGCTCCTAATATTGTTACATATAATGCA
       :
TM-1   AACCTTTATGATAAGATGTGTCAAAGGGCATTGCTCCTAATATTGTTACATATAATGCA
       1990      2000      2010      2020      2030      2040

       2020      2030      2040      2050      2060      2070
im      ATGATTGATGGTCTGTGTAAGTTAGGTGACACCGAGAAAGCTAGGAGGGTGTTTAATGAA
       :
TM-1   ATGATTGATGGTCTGTGTAAGTTAGGTGACACCGAGAAAGCTAGGAGGGTGTTTAATGAA
       2050      2060      2070      2080      2090      2100

       2080      2090      2100      2110      2120      2130
im      ATCGCACAGAGAGGCTTGGCACCTAATGTCAAGAGTTATTCTATAATTATAGATGGATAT
       :
TM-1   ATCGCACAGAGAGGCTTGGCACCTAATGTCAAGAGTTATTCTATAATTATAGATGGATAT
       2110      2120      2130      2140      2150      2160

       2140      2150      2160      2170      2180      2190
im      TGCAAATCTGGAAATTTAACTGAGGCATTTTCAGTTACTGGATAAAAATGCCCTCAAAGGGT
       :
TM-1   TGCAAATCTGGAAATTTAACTGAGGCATTTTCAGTTACTGGATAAAAATGCCCTCAAAGGGT
       2170      2180      2190      2200      2210      2220

       2200      2210      2220      2230      2240      2250
im      GTTCCACCTGATAGTTTTACTTATTGTGCCCTTATTGACGGATGCTGTAAAGGAGGAGAA
       :
TM-1   GTTCCACCTGATAGTTTTACTTATTGTGCCCTTATTGACGGATGCTGTAAAGGAGGAGAA

```

	2230	2240	2250	2260	2270	2280
im	2260	2270	2280	2290	2300	2310
	TTGGACAAGGCGCTCTCTTTGTTTTCTGAAATGTTGCAGAAGGGTTTTGATCCCACCTCT					
	::					
TM-1	TTGGACAAGGCGCTCTCTTTGTTTTCTGAAATGTTGCAGAAGGGTTTTGATCCCACCTCT					
	2290	2300	2310	2320	2330	2340
im	2320	2330	2340	2350	2360	2370
	TCTTTCAATGCATTGATCAATGGGTTATGCAAGACGGGGAAACCAAATGAAGCTATGAGG					
	::					
TM-1	TCTTTCAATGCATTGATCAATGGGTTATGCAAGACGGGGAAACCAAATGAAGCTATGAGG					
	2350	2360	2370	2380	2390	2400
im	2380	2390	2400	2410	2420	2430
	CTGTTAGAAGACATGGCCAGTAACTGTATTACACCAAACCATAGAACCTATAACAATCCTA					
	::					
TM-1	CTGTTAGAAGACATGGCCAGTAACTGTATTACACCAAACCATAGAACCTATAACAATCCTA					
	2410	2420	2430	2440	2450	2460
im	2440	2450	2460	2470	2480	2490
	ATTGATTATCACAGCAAGGCAGGAAGGATGGAAGAAGCCGAAATTCTCTTTTTGGAGATG					
	::					
TM-1	ATTGATTATCACAGCAAGGCAGGAAGGATGGAAGAAGCCGAAATTCTCTTTTTGGAGATG					
	2470	2480	2490	2500	2510	2520
im	2500	2510	2520	2530	2540	2550
	CAAAGGAGGAATCTGGTTCCGAATGTTGTAACCTACAACCTTGCTTTTACATGGTTACTAC					
	::					
TM-1	CAAAGGAGGAATCTGGTTCCGAATGTTGTAACCTACAACCTTGCTTTTACATGGTTACTAC					
	2530	2540	2550	2560	2570	2580
im	2560	2570	2580	2590	2600	2610
	AGATTAGGGAGGAAAGCAGAGATGTTTGATCTTTTCGAGTCCATGGCTGCAAAAGGGGTT					
	::					
TM-1	AGATTAGGGAGGAAAGCAGAGATGTTTGATCTTTTCGAGTCCATGGCTGCAAAAGGGGTT					
	2590	2600	2610	2620	2630	2640
im	2620	2630	2640	2650	2660	2670
	GAACCTGATGAAATTATTTATCGTCTTATTGCTAATGCTTACTTGGAAGAAAATAGTTTG					
	::					
TM-1	GAACCTGATGAAATTATTTATCGTCTTATTGCTAATGCTTACTTGGAAGAAAATAGTTTG					
	2650	2660	2670	2680	2690	2700
im	2680	2690	2700	2710	2720	2730
	ATTGGAATGTTGAAGCTGTTGGATGAAATTCTAGTGAAGGATGTTGTGTTTCGATAAAAAT					
	::					
TM-1	ATTGGAATGTTGAAGCTGTTGGATGAAATTCTAGTGAAGGATGTTGTGTTTCGATAAAAAT					
	2710	2720	2730	2740	2750	2760
im	2740	2750	2760	2770	2780	2790
	CCCCTTTTCTGCTGCTGGACGCTGTATGCAAAAGAGAGGAGTTTTCGGAAGTTCCAAAG					
	::					
TM-1	CCCCTTTTCTGCTGCTGGACGCTGTATGCAAAAGAGAGGAGTTTTCGGAAGTTCCAAAG					
	2770	2780	2790	2800	2810	2820
	2800	2810	2820	2830	2840	2850

```

im      TCACTTGAAGAAATGGCAGAACAAGGACTTAAGCTCAGTCCAATTACATGTCACAAGCTT
      .....
TM-1    TCACTTGAAGAAATGGCAGAACAAGGACTTAAGCTCAGTCCAATTACATGTCACAAGCTT
      2830      2840      2850      2860      2870      2880

      2860      2870      2880      2890      2900      2910
im      GTTCATGGTTTTTCATGATAAGGGAAATCCAGAGAAAGCAGAATGGATTCTTGAGAGCTTG
      .....
TM-1    GTTCATGGTTTTTCATGATAAGGGAAATCCAGAGAAAGCAGAATGGATTCTTGAGAGCTTG
      2890      2900      2910      2920      2930      2940

      2920      2930      2940      2950      2960      2970
im      GTCCGGTTCGGATGGATTCCAAACACCACCCTGTGAATAGCATTATTGATAAAGAAAAT
      .....
TM-1    GTCCGGTTCGGATGGATTCCAAACACCACCCTGTGAATAGCATTATTGATAAAGAAAAT
      2950      2960      2970      2980      2990      3000

      2980      2990      3000      3010      3020      3030
im      GATGTTGCAAACCTGGAGAGCCCTAACAATTCTCCCAAGCAAGCAACGTGCGGAGTTGCT
      .....
TM-1    GATGTTGCAAACCTGGAGAGCCCTAACAATTCTCCCAAGCAAGCAACGTGCGGAGTTGCT
      3010      3020      3030      3040      3050      3060

      3040      3050
im      TGTCAAGTGTA
      .....
TM-1    TGTCAAGTGTA
      3070

```

**Figure S2** Alignment of *im* and TM-1 alleles of PPR Gh\_ A03G0489. Primer locations for CFBid0001 are highlighted.