

SUPPLEMENTARY INFORMATION

ERAMOSIA controls lateral branching in snapdragon

Chiara Mizzotti, Bianca M. Galliani, Ludovico Dreni, Hans Sommer, Aureliano Bombarely and
Simona Masiero

Figure S1. Antirrhinum wild-type inflorescence is an indeterminate raceme



(a) The Antirrhinum wild type inflorescence is an indeterminate raceme.

(b) The flowers are disposed according to a spiral phyllotaxy starting from the SAM (asterisk).

Figure S2. *ERAMOS* sequence.

M L G S S F G S S S T P H E E E E N N P
ATGTTGGGCAGCTCATTGGTTTCATCATCAACACCTCATGAAGAAGAGAAAATAATCCC

S P P N F Y D L H H H H H H H Q S F A S
TCACCACCAATTTCTACGATCTCCACCACCACCACCACCACCAGAGCTTCGCCTCT

P P I H M R Q L L I S C A E L V A R S D
CCACCAATCCACATGCGCCAGCTCCTCATCAGCTGTGCCGAGCTCGTTGCACGTTCCGAT

Y S A A H R L I A I L S S N A S P F G D
TACTCTGCCGCACACCGTCTCATCGCCATCCTCTCCTCAAACGCTCGCCCTTCGGAGAC


S T E R L V H Q F T K A L T L R L N R A
TCCACCGAGAGACTAGTCCACCAATTCACCAAAGCCCTAACCCCTCCGCCTCAACCGTGCC

S T A N T T S F M I P I I N P N T T T S
TCCACCGCAAACACTACTTCTTCATGATCCCATAATCAATCCCAACACCACCACGAGT

A N E E A L L Q S S Y L S L N Q V T P F
GCTAATGAAGAAGCCCTACTTCAGTCTCATACTTGTCACTAAACCAAGTCACACCCTTC

I R F S Q L T A N Q A I L E A I D G Q Q
ATTAGGTTTAGCCAGCTCACCGCAACCAAGCGATACTCGAAGCGATCGACGGCCAACAA

A I H I L D F D I M H G V Q W P P L M Q
GCCATCCACATACTCGATTTTCGACATCATGCACGGCGTGCAATGGCCGCGCTAATGCAG

A V A E R F P P P T  L R I T G T G K D I
GCGGTAGCCGAGCGGTTCCCTCCCCCTACCCTCCGCATAACCGGCACTGGCAAAGACATT

E I L R K T G D R L T K F A H S L G L R
GAAATCCTTCGAAAACCGGAGACCGTCTAACCAATTTGCCATTTCGTTAGGCCTAAGG

F Q F H P I T N Q D P V S I T S S V I L
TTCCAATTCACCCATAACCAACCAAGACCCCGTCTCGATAACCTCCTCCGTTATCCTC

L P D E T L A V N C V H Y L H H L L N D
CTCCCCGACGAAACCTAGCCGTAAACTGCGTGCATTATCTCCATCACTTGTTAAACGAC

R D R L R L F L H R I K A M N P R V F T
CGAGATCGCCTCCGGTGTTCCTACACCGCATTAAGGCAATGAATCCTAGGGTTTTACG

V A E R E A N H N H P L F Q Q R F L E A
GTCGCGGAGAGGAAGCAAACCAACCATCCCTTGTTCAGCAGCGGTTCCCTCGAGGCG

L D H Y A A V F D S L E A T L P P N S R
CTTGATCATTACGCGCGGTGTTCGACTCGTTGGAGGCTACGTTACCGCCTAATAGCCGA

E R M A V E Q I W F G R E I A D I V A N
GAGCGGATGGCGGTGGAGCAGATATGGTTTGGGAGAGAAATAGCGGATATTGTGGCGAAT

E G E N R R E R H E R F R S W E L V L R
GAGGGTGAGAATAGAAGAGAAAGGCATGAGAGGTTTAGATCATGGGAGTTGGTTTTAAGA

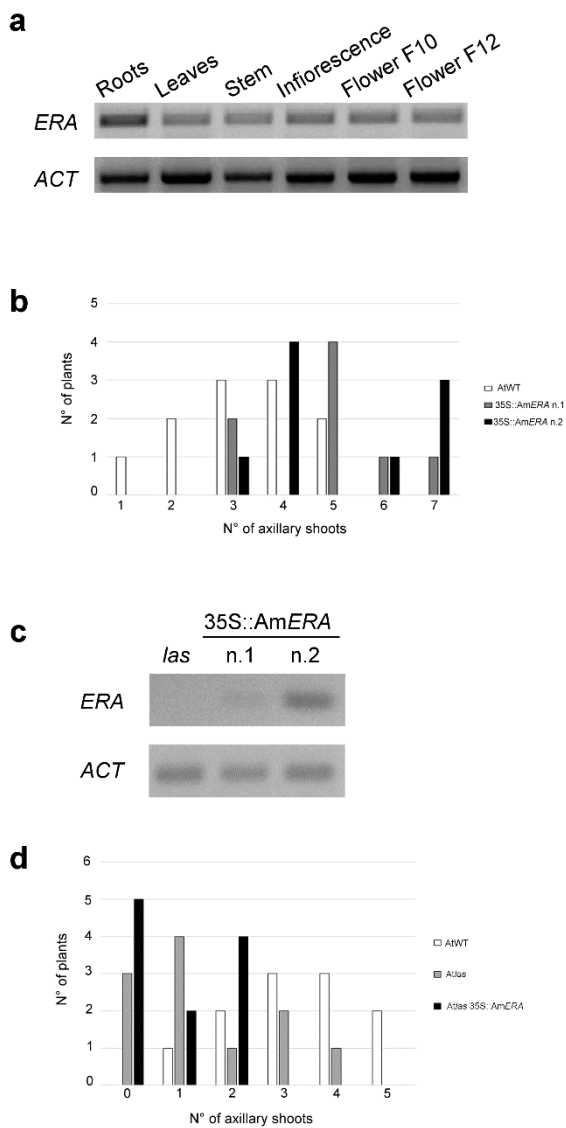
N S G F G N V P L S T F A L S Q A K L L
AATTCGGGTTTTGGGAATGTTCTTTGAGTACTTTTGCACTTTTCGCAAGCTAAGCTTTTG

L R L H Y P S E G Y Q L H V L Q D S C F
TTGAGGCTTCATTATCCTTCTGAAGGGTATCAGCTTCATGTTCTTCAAGATTCTTGCTTT

L G W Q N Q P L F S V S S W H *
TTGGGATGGCAAATCAACCCCTTTTCTCGGTTTCTTCGTGGCACTGA

Nucleotide and protein sequence of *ERA* gene. Degenerate primers used to identify the first *ERA* fragment are underlined. Black triangle indicates the insertion point of the CACTA transposon in the *era* mutant.

Figure S3. *ERAMOSA* expression pattern and its overexpression in *Arabidopsis thaliana*.



(a) The expression of *ERA* transcript analysed by semi-quantitative RT-PCR in duplicate using cDNA obtained from two different biological replicates of RNA (one of two identical results is shown). *ERA* is expressed in roots, leaves, stems and flowers at different stages of development (stages defined according to Vincent and Coen, 2004). As a control we amplified a fragment of an *ACTIN* gene.

(b) *ERA* overexpression in *Arabidopsis thaliana* Col-0 causes an increase in the number of secondary inflorescences formed at the axil of rosette leaves.

(c) The increase in lateral branching correlates with the overexpression of *ERA* transcript.

(d) *ERAMOSIA* overexpression in a *las* background is not enough to complement the *las* phenotype.

Figure S4. Multi-fasta file of protein sequences used for the phylogenetic analysis.

```
>OsGRAS-4 .
MRLVQLLVACAEAVACRD-----RA-QAAALLRE---L-QA----GAP-----VHGT-----A-FQRVASCFVQG-LADRLPL-AHPP-AL--
GPASMAF-----CIPPSSCAGR-----DGARGEALALA----YELCPYLRFHFVANACMLEAFE-----
-GESN-----VHVVDLG-MTLG-LDRGHQWRGLLDGLAARA-----SGK-----PA-----RVRVTGV-----
-----GAR-MDTMRAIGRELEAYAEGGLMY-LEFRG-INR-GLE-----SL-----HIDD-----
LGV--DAD-----EAVAINSVLELHSVV-----KESRG-----
ALNSVLQTIKRLSPRAFVLVEQDA-----GH-N-GPFFLGRFM-----EALHYAALFDAL-DA-A----LPRYDAR-----
RARVEQFHFGAEIRNVV-GC---EGA--A----R---VE-RHERADQ---WRRRMSR-AGFQSVPIK--MAAKAREWLDENAGGGG-----
YTVAEE-----KG-----CLVLGWKPKVIAASCW
>OsGRAS-5 .
RRWRRAKTACRR-----QR-----CRPARR-----A-FQRVASFFVQELLDRRASAGAGP-----
-----
CEHG-----VLH-----PA-----VVVR-----
-----EAYAEGGLMY-LEFRG-INR-GLE-----SL-----HIDD-----LGV-
-DAD-----EAVAINSVLELHSVV-----KESRG-----
ALNSVLQTIKRLSPRAFVLVEQDA-----GH-N-APFFLGRFM-----EALHYAALFDAL-DA-A----LPRYDAR-----
RARVEQFHFGAEIRNVV-GC---EGA--A----R---VE-RHERADQ---WRRRMSR-AGFQSVPIK--MAAKAREWLDENAGGDG-----
YTVADEKV-----CLVLGWKPKVIAASCW
>PaquLs .
-----MERVVTHFVDS-LAARVVQ-----
-----LXETQAASQLTAEQWLP-----HNLTDTELOGA-YLSLNQVTPFIRFTHLTANQAILEALQ-----
EWDA-----VHIVDME-IMQG---VQWPPMQALAGRA-----GGP-----P-----KIRISGV-----
-----GSA-LSLLEQTGNRLTTFAASLGLPMFEFHP-----
-----LHAAK-----
-----N-----DVV-----
-----E-----
-----
>SmLs1 .
--LRELLVECAAAVTSSD-----WH-RAIRCLVH---L-SR---AAS-----PHGD-----A-VERLAFYFSAA-LARCLCS-L-----
---SA-PCASEIRSLRLNLL-HFLEEDQPPPSFEDDLFY-----SGGAEAA-YLALNQVTPFIRFSHLSANQAILEAVD-----
NERA-----VHIVDLG-IMQG---LQWPPMQAL-----PPTLSSSSSSSTTLTIRITGT-----
-----GPS-ISLLEQTGARLRDFARTLHLD-FEFDA-VCT-TSR-----HV-VA-----S-LQ--QHLEL-
-RRG-----EALVNCMTQLHKL-----PAAHRA-----
ALPHALEFMRSICPRILTVAEKES-----EH-DLSQSFLERFL-----VTLDHAAVFDL-EA-T---LPPRSFQ-----
RLMIERLVLAKEISGIV-LE---DGG--GDDENLAVV---RHQSFGN---WRRDMEA-AGFQVPPSDFAIQAQAKLLLRHYPADG-----
YRL---LVENQ-HG-----SLFSLWHDKPLVALSTW
>SmLs2 .
--LRELLVECAASVTSSD-----WH-RAIRCLVH---L-SR---AAS-----PHGD-----A-VERLAFYFSAA-LARCLCS-L-----
---ST-PCASEIRSLRLNLL-HFLEEDQPPPSFEDDLFY-----SGGAEAA-YLALNQVTPFIRFSHLSANQAILEAVD-----
NERA-----VHIVDLG-IMQG---LQWPPMQAL-----PPTLSSSSSSSTTLTIRITGT-----
-----GPS-ISLLEQTGARLRDFARTLHLD-FEFDA-VCT-TSR-----HV-VA-----S-LQ--QHLEL-
-RRG-----EALVNCMTQLHKL-----PAAHRA-----
ALPHALEFMRSICPRILTVAEKES-----EH-DLSQSFLERFL-----VTLDHVAVFDL-EA-T---LPPRSFQ-----
RLMIERLVLAKEISGIV-LE---DGG--GDDENLAVV---RHQSFGN---WRRDMEA-AGFQVPPSDFAIQAQAKLLLRHYPADG-----
YRL---LVENQ-HG-----SLFSLWHDKPLVALSTW
>AtriLs .
QQLRQLLMTCAEHSRSD-----LQ-SAARILSL---L-SS---NSS-----PYGD-----S-TDRLVSQFVAA-LSLHLRL-----
PLPQQQQ-QS-----PRHIPPSLVTP-----QTVESS-FLSLNQITPFIRFSHLTANQAIILDALD-----
HN-S-----VHIVDLN-TMQG---VQWPPFMQAMAEF-----PHH-----GA-----TIRITGT-----
-----GPD-LSNLHRTGARLSRFAQTLGLD-FHFHP-F-L-----SNSLSDLLL-----LP-----Q-A-----
IASVAQPN-----EALAVNCVHHLVHL-----GHD-----
LPSLLRALKGNLNRVLTLSEREA-----GH-N-HPSFTERFS-----EALSHYSALFESL-EA-T---VPPSSRE-----
RMAVEQVWFGREITRVL-AN---EEEI-G---RRERERE-RHERFER---WAEMMRV-CGFEVVLSDFAVSQLRLLLRHYPSEG-----
YNL-----HLH-HD-----ACFLGWQNHPLFSVSSW
>PaLs .
AHLRNLTECAEYVGQCA-----WQ-RADRMISI---L-ST---RAS-----TRGD-----S-TERLVAQFTQA-LKIRSDL-AI-----
ARPPPQ-----PAGATE-----REIESA-YLCLNQVTPFIRFAHLTANQAILEALDT-----
DSPS-----IHVDIN-IMQG---VQWPPFMQALERP-----AGP-----PG-----HIRLTGA-----A-----IST-
-----GTD-AEALRRTGRRLERFAHTLGLR-FEFNP-WIL-----DDDISSL-----A-----IST-
-RPG-----ESLAINCVLHLLHELL-----DEAHN-----
EKLKSLVLRIRSLPKVVALAEREA-----DH-N-RPGFADRFA-----EALNHYSALFESL-EA-T---LPPRSQE-----
RLDVEQVWFGREITRVL-AL---EGH--G---R---SE-RHQRFER---WTEIMNE-CGFTSLSLSEFALSQARLLLRHYPSEG-----
YQL-----HSR-NN-----AAFLGWQNTPLFSVSSW
>AcLs .
AQMRRLLITCADFLSQSN-----FS-AAHRLVSF---L-SS---TSS-----PHGD-----S-TERLVHQFVRA-LTIRLNR-AS-----
---AS-MISSTTPSLSSCVPHFLPPASVASSSTSSGLTLELEVVEEEALLHHQLQSS-FICLNQVTPFIRFSHLTANQAILEAIE-----
GQES-----IHILDFDTIMQG---VQWPPMQAIAER-----SNP-----PN-----MIRITGI-----
-----GYD-LETLARTQRLENFAKSLGLR-FHFHP-LLL-L-----DSTSVL-----QL--S-----S-S-----ITL-
-LQE-----ETLVNVCVLYLHRLNRND-----DDYE-----
VRLFLHTIKAMNPKVVTLAEREA-----NL-N-NPLFSQRFL-----EALDHYTALFDSM-EA-T---LPPNTE-----
RLAIEQVWLGREIVDVV-SA---EGE--E---R---KE-RYERFQN---WAEKMRM-SGFSNVPLSPFAVAQAKLLLRHYPSEG-----
YQL-----HIL-ND-----SLFLGWQNHALFSVSSW
>VvLs .
```

IQMRQLLISCAELVSQSD----FS-AARRLLSI---L-SS----NSS-----PFGD-----S-TERLVHQFSAA-LSLRLSR-----
 -----YATPATSSGAM----SASANTAAADSEAFHST-YLSLNQITPFIRFSQLTANQAILEAIE-----
 GQRA-----IHILDFD-IMHG----VQWPPLMQAIAER-----CGN--LHP-----PP-----MLRITGT-----
 -----GED-LGILQRTGDRLLKFAQSLGLK-FQFHP-LLL-----RNDPTSVPL-----YL--P-----S-A-----LQL-
 -LPD-----ETLAVNCVLYLHRL--KD-----DSRD-----
 LRLFLHKIKAMEPKVVTIAEREA-----NH-N-HPLFLQRFV-----EALDHYTAVFDSL-EA-T---LPPTSRE-----
 RLAVEQIWFGREIVDIV-SA---EGD--N-----R---RE-RHERFES---WEVMLRS-SGFSNVPLSPFALSQAKLLLRHYPSEG-----
 YRL-----QII-ND-----SFFLGWQNALFSVSSW
 >TcLs .
 THMRQLLISCAELVSQSD----FP-AANRLLSI---L-SS----NSC-----LYGD-----S-TERLVHQFTKA-LSLRINR-LH-----
 ---GP-GSLMMMN-INYPIA-----AATATATAIANY--D-----IDPSLQSC-YLSLNQITPFIRFAHLTANQAILEAIV-----
 GQQS-----IHILDFD-IMHG----VQWPPLMQALAER---SANT-LHP-----PP-----MLRITGT-----
 -----GHD-LNILQRTGDRLLKFAQSLGLR-FQFHP-LLV-L-----NNDPTSVL-----NL--P-----S-T-----LTI-
 -LPD-----EALAVNCMFLYHRL--KD-----DSRD-----
 LRLFLHNKAMNPAVVTIAEREA-----NH-N-HPLFLQRFI-----EALDYYTAIFDSL-EA-T---LPPNSRE-----
 RLAVEQIWFGREIVDIV-AA---EGE--N-----R---RE-RHERLET---WEVILRS-TGFSNVPLSPFAHSQAKLLLRHYPSEG-----
 YRL-----QIL-NN-----SFFLGWQNRALFSVSSW
 >GrLs .
 LKMRQLLISCAELVSQSD----FP-AAIRLLSI---L-SS----SSS-----PSGD-----S-IERIVYQFVRA-LSLRINR-LHH-----
 HHHHGLAG-SSLMRMNDISFPI-----TSTAGPV-NY--D-----IDPSLQSC-YLSLNQITPFIRFAHLTANQAILEAIV-----
 GQQC-----IHILDFD-IMQG----VQWPPLMQALAER---SANT-HHP-----PP-----MLRITGT-----
 -----GHD-LNILHRTGDRLLKFAQSLGLR-FEFHP-LLV-L-----NEDPTWIAT-----NF--T-----S-M-----VTI-
 -LPD-----EALAVNCMLYLQRL--KD-----DSRD-----
 IRLFLHHMKALNPTVVTVAEREA-----NH-N-HPLFLQRFV-----EALDYYTAIFDSL-EA-T---LPPNSRE-----
 RLAVEQIWFGREIVDIV-AA---EGE--N-----R---RE-RHERLET---WEVILRS-SGFINVPLSPFAHSQAKLLLRHYPSEG-----
 YQL-----QIV-NN-----CFFLGWQNRPLFSVSSW
 >MeLs1 .
 IHMRQLLITCAELISQSD----FS-AAHRLISV---L-SS----GSS-----PYGD-----S-RERLVHQFVKA-LSLRLNP-----H---
 ---AA-AISCALMNIGNTTLS-VGAAG-GASSAATGDA--NV--GSLISREY-EEALQSC-YLSLNQITPFIRFSLTANQAILEAIEV-----
 GQQA-----IHILDFD-IMHG----VQWPPLMQALAER---SSNN-LSP-----PP-----VLRITGT-----
 -----GHD-LNILHRTGDRLLKFAQSLGLK-FQFHP-LLV-S-----NNDPSSL-----P-----S-A-----ITL-
 -LPD-----EVLAVNCVHYLHRL--KN-----DSRD-----
 LRIFLHRKALNPKVVTIAEREA-----NH-N-HPFFFQRFI-----EALDHYTAIFDSL-EA-T---LPPNSRE-----
 RLAVEQIWFGREIMDIV-AA---EGE--D-----R---RE-RHERFES---WEMMLRS-TGFTNVPLSPFALSQAKLLLRHYPSEG-----
 YHL-----QIL-SN-----SFFLGWQNHALFSVSSW
 >MeLs2 .
 IHMRQLLITCAELISQSD----FS-AAHRLISV---L-SA----SSS-----PYGD-----S-RERLVHQFVKA-LSLRLNP-----H---
 ---GN-AMATVLMNITNLPSS-GGGGIGSASTATVSAI-NV--GSLFTRE--SEALQSC-YLSLNQITPFIRFSLTANQAILEAIEV-----
 GQRA-----IHILDFD-IMHG----VQWPPLMQALAER---SSNT-LYP-----PP-----ALRITGT-----
 -----GHD-LNLTNRTGDRLLKFAQSLGLK-FQFHP-LLL-L-----NTDPSSL-----P-----F-A-----ITL-
 -LPD-----EALAVNCVLYLHRL--KD-----DSRG-----
 LRIFLNRIKALNPKVVTIAEREA-----NH-N-HPFFFQRFI-----EALDHYTALFDSL-EA-T---LPPNSRE-----
 RLAVEQIWFGREIMNIV-AA---DGE--D-----R---RE-RHERFES---WEMMLRS-TGFTNVPLSPFALSQAKLLLRHYPSEG-----
 YHI-----EIV-NN-----SFFLGWQSHSLFSVSSW
 >PtLs1 .
 FHTRQLLVSCADLISQSD----FS-AAQRLLSH---L-LST--YNS-----PYGD-----S-TERLVHQFVRA-LSLRLN-----H---
 RHPARST-TTAPLVFNMNISAPP-----PPPCPTTNTNNTN--RMVISYESMDQDTLQSC-YLSLNQITPFIRFSLTANQAILEAIV-----
 GQQA-----IHILDFD-IMHG----VQWPPLMQALADR---SNNT-LHP-----PP-----MLRITGT-----
 -----GHD-LSILHRTGDRLLKFAHSLGLR-FQFHP-LLL-L-----NNDPASLAL-----YL--S-----S-A-----ITL-
 -LPD-----EALAVNCVLYLHRL--MD-----DSRE-----
 LLLLHKIKALNPNVVTVAEREA-----NH-N-HLLFLQRFI-----EALDHYTALFDSL-EA-T---LPPNSKE-----
 RLSVEQIWFGREIMDIV-AA---EGE--G-----R---RE-RHQRFET---WEMMLKS-SGFSNVPLSPFALSQAKLLLRHYPSEG-----
 YQL-----QIV-NN-----SFFLGWQNHSLFSVSSW
 >PtLs2 .
 FQLRQLLVTCADLITQSD----YS-AAKRLLSI---L-SS----NSS-----PYGD-----S-IERLVYQFVRA-LSLRLDR-----
 HGIP-T-APAPHVFNINNVH-----TSPPCGT-----NN--KMLNSYDS-DQETLRSC-YLSLNQITPFIRFSLTANQAILEAVQG-----
 GQQA-----IHILDFD-IMHG----VQWPPLMQALADR---PNNT-LHP-----PP-----MLRITGT-----
 -----GHD-LNILHRTGDRLLKFAQSLGLR-FQFHP-LLL-L-----NNDPTTLAL-----YL--P-----S-A-----ITL-
 -LPD-----EALAVNCVLYLHRL--KD-----DSRE-----
 LLLFLHKIKALNPKVVTVAEREA-----NH-N-QPLFLQRFI-----EALDHYKALFDSL-EA-T---LPPNNRE-----
 RLAVEQIWFGREILDIV-AA---EGE--G-----R---RE-RHQRFET---WEMMLKS-VGFNKVPLSPFALSQAKLLLRHYPSEG-----
 YQL-----QIL-KN-----SFFLGWQNHSLFSISSW
 >PtLs3 .
 FHMRQLLVSCADLISQSD----YS-AAKRFFSI---L-SS----NSS-----PYGD-----S-TERLVHQFIRA-LSLRLN-----H---
 GHGIST-ST-APAAHVFNINNMV-----TSRPCGT-----ND--KMLISYEA-DQETLRSC-YLSLNKITPFIRFCHLTANQAILEAIV-----
 GQQA-----IHILDFD-IMHG----VQWPPLMQALAER---SNNT-LHP-----PP-----MLRITGT-----
 -----GHD-LNVLHRTGDRLLKFAQSLGLR-FHFHP-LLL-L-----NNDPTSLAH-----YL--P-----S-A-----ITL-
 -LPD-----EALAVNCVSYLHRL--KD-----DSRE-----
 LLLFLHKIKALNPKVVTVAEREA-----NH-N-HPLFLQRFI-----EALDHYTALFDSL-EA-T---LPPNSRE-----
 RLAVEQIWFGREIMDIV-AA---EGE--G-----R---RE-RHQRFET---WEMMLKS-VGFIKVPPLSPFALSQAKLLLRHYPSEG-----
 YQL-----QIL-NN-----SFFLGWRNHSLSVSSW
 >CsiLs .
 IHMRQLLISCAELFSQAD----FS-AAHRLISI---L-SA----NSS-----PYGD-----S-IERLVHQFIRA-LSLRLN-----LH---
 ---HA-NAFLMMNITTT-----TTTATLTPY-NT--TYNDRN-----ALQSC-YLSLNQITPFIRFSLTANQAILESQV-----
 GQQS-----IHILDFD-IMHG----VQWPPLMQALVERF--KNSNM-LQP-----PP-----MLRITGT-----
 -----GND-IEILQRTGERLLKFAQSLGLR-FQFHP-LLL-M-----NDDPTSAF-----YL--P-----S-A-----LTI-
 -LPD-----ETLAVNCMLFLHKL--KD-----HDTRD-----
 LRLFLHKIKALNPRVVTIAEREA-----SH-N-HPLFLQRFV-----EAVDHYGAI FDSL-EA-T---LPPNSRE-----

RLAVEQVWFGREIVEIV-AT---EGE--N---R---KE-RHERFDS---WEMILRS-CGYSNVPLSGYALSQAKLLLRHYPSEG-----
YQL-----QVL-NN-----SLFLGWQNRALFSVSSW
>CcLs .
IHMRQLLISCAELFSQSD----FS-AAHLRISI---L-SA---SSS-----PYGD-----S-IERLVHQFIRA-LSLRLN-----LH-
---HA-NATLLMMNITT-----TTTATLPY--NT--TTYNDRN-----ALQSC-YLSLNQITPFIRFSLHTANQAILESLQV-----
GQOS-----IHILDFD-IMHG---VQWPPLMQALVERF--KNSNM-LQP-----PP-----MLRITGT-----
-----GND-IEILQRTGERLLKFAQSLGLR-FQFHP-LLL-M-----NDDPTSAF-----YL--P-----S-A-----LTI-
-LPD-----ETLAVNCMLFLHKLK--KD-----HDTRD-----
LRLFLHKIKALNPRVVTIAEREA-----SH-N-HPLFLQRFV-----EAVDHYGAI FDSL-EA-T---LPPNSRE-----
RLAVEQVWFGREIVEIV-AT---EGE--N---R---KE-RHERFDS---WEMILRS-CGYSNVPLSGYALSQAKLLLRHYPSEG-----
YQL-----QVL-NN-----SLFLGWQNRALFSVSSW
>CpLs .
IHMRQLLITCAELLSRSD----FP-AAQRLLSF---L-SA---NSS-----PYGD-----S-TERLVHQFARA-LSMRITS-----HH-
---GS-GSVLMLNLNL-----NDAALPTPVINS--SLEEDRYS---STSQSC-YLSLNQITPFIRFSLHTANQAILEAIEV-----
GQQA-----IHILDLD-IMQG---VQWPPLMQALAEER--SHNS-LNP-----PP-----MLRITAT-----
-----GHD-LNMLNTTGERLFRFAQSLGIR-FSFHP-LLV-L-----NDDPASLAL-----FL-IP-----S-A-----LAI-
-LPD-----ESLAVNCVLYLHRLI--KD-----DDSRG-----
LRLLLQKIKALNPTVVTVAEREG-----NH-N-HPLFLQRFV-----DALDHYTAIFQSL-EA-T---LPPNSRE-----
RLGVEQIWFGREIVDIV-TA---QE--N---R---RE-RHERFEW---WEMMRG-AGFSNVALSPFALSQAKLLLRHYPSEG-----
YKL-----QIL-NN-----SFFLGWHNRRLFFVSSW
>StLs .
IQIRQLLISCAELISRSD----FS-AAKRLITI---L-ST---NSS-----PFGD-----S-TERLVHQFTRA-LSLRLNR-YI-----
---SS-TTNHFMTPVET-----TPTDSSSSL-----PSSLALIQSS-YLSLNQVTPFIRFTQLTANQAILEAING-----
NHQA-----IHIVDFD-INHG---VQWPPLMQALADR-----YP-----AP-----TLRITGT-----
-----GND-LDTLRRTGDRLAKFAHSLGLR-FQFHP-LYI-ANN-NR--DHDEDP-SI-----I-----S-S-----IVL-
-LPD-----ETLAINCVFYLHRLK--KD-----REK-----
LRIFLHRVKSMPKIIVTIAEKEA-----NH-N-HPLFLQRFI-----EALDYITAVFDSL-EA-T---LPPGSRE-----
RMTVEQVWFGREIVDIV-AM---EGD--K---R---KE-RHERFRS---WEVMLRS-CGFSNVALSPFALSQAKLLLRHYPSEG-----
YQL-----GVS-SN-----SFFLGWQNPPLFSISSW
>SlLs .
IQIRQLLISCAELISQSD----FS-AAKRLITI---L-ST---NSS-----PFGD-----S-TERLVHQFTRA-LSLRLNR-YI-----
---SS-TTNHFMTPVET-----TPTDSSS-----SSSLALIQSS-YLSLNQVTPFIRFTQLTANQAILEAING-----
NHQA-----IHIVDFD-INHG---VQWPPLMQALADR-----YP-----AP-----TLRITGT-----
-----GND-LDTLRRTGDRLAKFAHSLGLR-FQFHP-LYI-ANN-NH--DHDEDP-SI-----I-----S-S-----IVL-
-LPD-----ETLAINCVFYLHRLK--KD-----REK-----
LRIFLHRVKSMPKIIVTIAEKEA-----NH-N-HPLFLQRFI-----EALDYITAVFDSL-EA-T---LPPGSRE-----
RMTVEQVWFGREIVDIV-AM---EGD--K---R---KE-RHERFRS---WEVMLRS-CGFSNVALSPFALSQAKLLLRHYPSEG-----
YQL-----GVS-SN-----SFFLGWQNPPLFSISSW
>MgLs .
LQMRQLLISCAELISRSD----LS-AAHLRISI---L-SS---NSS-----PYGD-----S-TERLVHQFTRA-LSLRLTR-YT-----
---TA-AAASTSI-----ISTTIA-----GRDDALVQSS-YLSLNQVTPYIRFSQLTANQAILEAIDG-----
AHHA-----IHILDFD-IMHG---VQWPPLMQAVAER-----YP-----LP-----TLRITGT-----
-----GSD-LEILRRTGDRLAKFAHSLGLR-FQFHP-LIL-L-----PGEDPISV-----A-----S-S-----VLL-
-LPD-----ETLAVNCVHYLHRLK--RD-----RDR-----
LALFLHRKIKAMSPRVVTVAEREA-----NH-N-HPIFQQRFL-----EAVDHYAAV FDSL-EA-T---LPPNSRE-----
RLAVEQIWFGREIADIV-AA---EGE--S---R---RE-RHERFRS---WEVI-----
TL-----HII-ND-----SFFLGWQNHPLFSVSSW
>AmERA .
IHMRQLLISCAELVARSD----YS-AAHLIAI---L-SS---NAS-----PFGD-----S-TERLVHQFKA-LTLRLNR-AA-----
---TA-NTTFMIPIT-I-----NPNTTTS-----ANEALLQSS-YLSLNQVTPFIRFSQLTANQAILEAIDG-----
QQA-----IHILDFD-IMHG---VQWPPLMQAVAER-----FP-----PP-----TLRITGT-----
-----GKD-IEILRKTGDRLTFAHSLGLR-FQFHP-IT-----NQDPISI-----T-----S-S-----VIL-
-LPD-----ETLAVNCVHYLHLL--ND-----RDR-----
LRLFLHRKIKAMNPRVVTVAEREA-----NH-N-HPLFQQRFL-----EALDHYAAV FDSL-EA-T---LPPNSRE-----
RMAVEQIWFGREIADIV-AN---EGE--N---R---KE-RHERFRS---WELVLRN-SGFGNVPLSTFALSQAKLLLRHYPSEG-----
YQL-----HVL-QD-----SCFLGWQNPPLFSVSSW
>EgLs .
INTRQLLVTCAEILLSN----FA-PAHLRISI---L-SA---NSS-----PYGD-----S-TERLVHQFSRA-LSIRLHR-----
---SA-VAAAAPPNRSSLLFP-----HRSNSSTVFGFGVD--SAVRPGQSDPSALQSC-YLTLNQVTPFIRFSLHTANQAILEAID-----
GQRA-----VHIVDLD-IMHG---VQWPPLMQAIVERSTNDKNA-LLL-----PP-----TLRITGA-----
-----GHD-LEALHRTGDRLSTFAQSLGLE-FQFCP-LLL-----PHDALSVAL-----HAAIP-----S-E-----IST-
-LPD-----EALAVNCVLC LHRLL--KD-----DARE-----
LSIFLRKIKALRPRVVTVAEREA-----SH-N-HPMFLQRFV-----EALDHYTAVFDSL-EA-T---LPPSSRE-----
RLALEQAWFGREIADII-GE---EGE--G---R---LE-RHERFES---WEVLLRS-SGFGNVPLSPFALSQAKLLLRHYPSEG-----
YQL-----QVK-NS-----SVFLGWQSRALFTVSSW
>PpLs .
---MRQLLITCAELISQLD----FS-SARRLISL---L-SS---KSS-----PFGD-----S-TERLTHQFVKA-LSLRLN-----
NPNSS-S-----AALT-----AATAAASSSSNYL--LLEEDDNNNEALHSC-YLTLNQITPFIRFSLHTANQAILEAIDS-----
SHHS-----IHILDFD-IMHG---VQWPPLMQALTDRS-YNSDRTVQHP-----PP-----MLRITAT-----
-----GHS-LALLLKTGDRLLKFA NSLGLA-FHFHP-LVL-NDA--VQ---PSDIIS-----P-----S-T-----LGL-
-LPN-----EALAVNCVLYLHTLV--TD-----DSRE-----
LSLFLRKIKSLNPKVLTIANKEA-----NH-N-HPLFFNRFV-----EALHYGAVFDSL-EA-T---LPPNSRE-----
RQAVEDVWVGREIRDVV-GA---EEG--R---R---RQ-RHEKYETY--WEVMLRR-AGFENVALSPFALSQAKLLLRHYPSEG-----
YQL-----RII-ND-----SFFLGWQNRPLFSVSSW
>MdLs1 .
THLRLLITCAELISHLD----FP-SANRLISL---L-SS---NSS-----PXGD-----S-TERLTHYFVKA-LSFLRLN-----
NPNYSX-TTICPM TALTT-----AASASASSSSNYLFPMLLEEDD-NEETLHSC-YLTLNQITPFIRFSLHTANQAILEIDS-----
SHLS-----IHILDFD-IMHG---VQWPPLMQALVERS-YNSP--LHP-----PP-----TLRITAT-----

```

-----GRD-LTLLRRTGERLLRFAQSLGLA-FQFHP-LVL-NNA--AR---PSDLIS-----P-----S-T----LGL-
-HQN----EALAVNCVLYLHTLV--TD-----NH-N-NPLFFNRFV-----EALDHYGAVFESL-EA-T---LPPNSRE-----RLAVEE-
LLLFLQKIKSLNPKVFTVANKEA-----VQWPPLMQALVERS-YNSP---LHP-----PP-----TLRITAT-----
WXGREVKDGV-GV---EGE--K---R---KQ-RHERYETF---WEVVLRR-AGFENVALSPFALSQAKLLRLHYPSEG-----YQL-----
RIL-ND-----SFFLGWQNRPLFSVSSW
>MdLs2 .
THLRLLITCAELISHLD-----FP-SAHRLISL---L-SS---NSS-----PFGD-----S-TERLTHHFVKA-LCFRLNT-----
NPNYSP-TTIGPLTALTN-----AASASASSSSNYLFLPVLQEEEDNNEEALHSC-YLTNLNQTTPFIRFSLHTANQAILEAIDA-----
SHLS-----IHILDFD-IMHG---VQWPPLMQALVERS-YNSP---LHP-----PP-----TLRITAT-----
-----GRD-LSLLLRTGERLLRFAQSLGLA-FQFHP-LVL-NNT--SP---PSDLIS-----P-----S-T----LGL-
-HQN----EVLAVNCVLYLHTLV--TD-----NH-N-NHLFFNRFV-----EALDHYGAVFDSL-EA-T---LPPNSRE-----RLVVEE-
LFLFLQKIKSLNPKVFTIANKEA-----NH-N-NHLFFNRFV-----EALDHYGAVFDSL-EA-T---LPPNSRE-----RLVVEE-
WFGREIKDGV-GV---EGE--K---R---KQ-RHESYETF---WEVVLRR-VGFENVPLSPFALSQAKLLRLHYPSEG-----YQL-----
RMF-ND-----SFFLGWQNRPLFSVSSW
>FvLs .
--ARQLLIRCAELISQLD----FS-SAHGLISI---LASS---NYS-----PHGD-----S-TERLVHQFVRA-LSLRL-----
PPVAAA-PPDMARVAAAT-----GTSAASTSSA-----LSLEVTEAEEETLQSC-YLTNLNQTTPFIRFSLHTANQAILEAIDS-----
SHHA-----IHILDFD-IKHG---VQWPPLMQALVERS-YGSS---SSP-----PP-----LLRITAT-----
-----GRD-LTLLRRTGERLLRFAQSLGLT-FHFRP-IVL-LND--VA---MIDYLN-----P-----A-S-----LGL-
-FPN----EALAVNCVLYLHRL--TD-----DARD-----
LHLFLDKIRALNPKIVTVAEREA-----NH-N-SPMFLNRFV-----EAVDHYGAVFGSL-EA-T---LPPNSRE-----
RLAVEQVMWFGREIADV-AA---DDD--QG---R---KQLRHERYEN---WEMMMRR-SGFSNVPLSPFALSQAKLLRLHYPSEG-----
YQL-----HSL-KD-----SFFLGWMMNRPLFSVSSW
>CsLs .
LQMRQLLIRCAHFISQSD----FI-SAHLLSI---L-SS---NSS-----PYGD-----S-TQRLHYFSSS-LSHLL-----
-----PSSNYNSFFHH-----HHDIKIQSC-YLSLNQITPFIRFSLHTANQAILEGIE-----
ESGM-----IHVLDFD-IMHG---VQWPPLMQALADR-----FP-----SP-----MLRITAT-----
-----GVD-LNFLHKTGDRLSKFAQSLGLR-FQFHP-LLL-L-----HDRDHRV-----IP-----A-A-----LTL-
-FPD----EALAVNCVLYLHRLM--KD-----D-----
VRVLLNKIKALNPKVVTIAEKEA-----NF-N-HPLFMQRFV-----EALNHYTLFDSL-EA-T---LPPNSRE-----
RLAVEQVWFGREINDIV-SG---EVN--K---K---KQHYAERYES---WETMLKS-LGFSNIPLSPFALSQAKLLRLHYPSEG-----
YHL-----QIL-HD-----SLFLGWQNPPLFSVSSW
>RcLs .
IYMRQLLISCAELISQSD----FS-AAHRLISV---L-SS---SSS-----PYGD-----S-RER-----
-----
-----
-----
-----S-AGFNNVPLSPYALSQAKLLRLHYPSEG-----YHL-----QMI-ND-----
SFFLGWQNRALFSVSSW
>MaLs1 .
IHARQLLISCADLVHRGD----LP-AADRAISI---L-SA---AAS-----PCGD-----S-TERLIRQFCRA-LSVRVGR-V-----
-----SPSAESL-----GSLRSS-YLSFNQISPFIRFSLHTPNQAILEA-----
-----AIAERSD-----PSD-----PP-----FIRITGT-----
-----GSN-LEVLRRTGHRQLQNFASLGLG-FQFHP-LLL-----HPTSTSL-----NF-TP-----S-P-----FRL--
HPG-----ETLVVNCVLFHLKQ--KE-----GGNEDGSRD-----
LQAFRLTIRAMNPSVVTVAEREA-----SH-N-SPNFMQRFV-----EALDYYMAVFESL-EA-T---LPPTSQE-----
RLAVEQVWLQGBIEGIV-GG---EGG--G-----HE-RSER-----WENVLRD-AGFSSVQLSNFAVSQARLLRLHYPSEG-----
YQV-----ELV-RD-----SLFLGWQNRHLFSVSSW
>MaLs2 .
VNARQLLISCAELVHCGD----LP-AAERAISI---L-TA---AAA-----PYGD-----S-IDRLIRQFCRA-LSVRIGR-V-----
-----SPSAASL-----GSLQSS-YLLFNQMTPLRFSHTANQAILEA-----
-----AIADRSD-----PGD-----PP-----FIRISGT-----
-----GSS-LETLQRTGDRLRNFAHSLGLE-FQFHP-LLL-P-----PSVHSTNTSY-----NF-TP-----S-C-----LQF--
HPS-----ETLVVNCVLFHLKQ--RE-----DGNDDGSRK-----
LQAFRLTIRVMNPSVVTVAERET-----VH-S-SRSFMQRFV-----EALDYYTAVFEAL-EA-T---LPPTSEE-----
RMAVEQVWLGREIESIV-GG---EGD--G---R---RE-RHER-----WDSLMRD-AGFSSLAPSTFAVSQARLLRLHYPSEG-----
YQL-----QLV-RD-----SFLLGWHSRHLFSVSSW
>MaLs3 .
AHARQLLISCAELAHRGD----LP-AAQTASL---L-LA---TAS-----PYGD-----S-TDRLVHQFARA-LSLRVER-----
-----LLPPVDAAS-----PEALQSS-YLSFNQITPFLRFAHLTANQAILEA-----
-----RSD-----PKD-----PP-----SIRVTGT-----
-----GSN-LEVLRRTGDRLQTFADSLNLH-FQFHP-LLL-PST-----SSNPLSSTA-----DL-TS-----S-S-----FQI--
HPG-----EILAVNCVLFHLKLL--KD-----GGSDGSDH-----
LRAFQAVRAMNPVVTVAEREA-----SH-N-SPIFLQRFV-----EALDYYTAVFESL-EA-T---LPPTSRE-----
RVAVEQVWLSKEIEDVV-SR---EGD--G---R---RE-RHERFEW---WEALMRD-AGFTNLPLSPFALSQARLLRLHYPSEG-----
YQL-----QMV-RD-----SFFLGWQKSLFSVSSW
>MaLs4 .
APVRQLLVSCAELVHRGD----LP-AARHTGSL---L-LA---TAS-----PYGD-----S-TDRLVHQFARA-LSLRVDP-----
-----LFPS-VDAAS-----PEALQSS-YLSFNQITPFLRFAHLTANQAILEA-----
-----RSD-----PNN-----PP-----SIRITGT-----
-----GRN-LDVLRRTGDRLQTFADSLGLG-FEFHA-LLF-PST-----TSDPSSSTTT-----DF-TS-----S-S-----LRL--
HPG-----EILTVNVCVLFHLNLL--QD-----GGSDDSRD-----
LRAFQAVRAMNPVVTVAEREA-----NH-N-APIFFQRFM-----EALDYYTAVFESL-EA-T---LPPTSRE-----
RAAVEQVWLGREIEDVV-AR---EGE--R---R---RE-RHERFDR---WETLMRG-AGFTNLPLSPFALSQARLLRLHYPSEG-----
YQL-----HTV-RD-----SFFLGWQNKPLFSVSSW
>PdLs1 .

```

TRSCQLLIGCAELIHRAD-----YS-AARRILSL---L-SN----ISS-----PHGD-----S-TDRLVHQFTRA-LSLHIDS-L-----TH-
-----LLPPSFFSSN-----GDTLQSS-YLSLNKVTPLRFAHLTANQAI LEAVD-----
GRQS-----IHILDFD-TSHG-----VQWPPPLQAI AERSE-----PSN-----RP-----SVRITGT-----
-----GTD-LDVLHRTGDRLKAFASSLGLR-FQFHP-LHL-P-----TTNPDTSASF-----S-S-----FQP-
-HPG-----ETLAVNCTFLFLHKL--RD-----RGSDDPACK-----
LMGFLRAVKEMNPVAVTVAEREA-----NH-N-SPVFLQRFM-----EALDHYAAVFESL-EA-T----LPPKSRE-----
RQEVEEMWLGREIEDIV-GK-----EGE--E-----R-----RE-RHERFEW-----WEALMRG-RGFSSQLQSPFALTOAKLLLRHYPSEG-----
YQL-----IQMS-KN-----CLFLAWQHKPLFSVSSW
>PdLs2 .
THSCRLLI SCAELIHRAD-----YS-AARRILSL---L-SN----ISS-----PHGD-----S-TDRLVHQFARS-LSLRIDR-L-----TH-
-----LISPSLFSDN-----EDTLQSS-YLSLNKVTPLRFAHLTANQAI LEAID-----
GHR-----IHILDFD-TSHG-----VQWPPPLQAI AERSD-----PSS-----LP-----SIRITGT-----
-----GTG-LDVLRRRTGERLQAFANSLGLR-FQFHP-LYL-P-----TADPDASASL-----N-----S-S-----FQL-
-HPG-----ETLAVNCMLFLHKL--KD-----GSSDDPACK-----
LVAFHLAVKAMNPVVVTVAEREA-----NH-N-SPIFLRRFM-----EALDHYTAVFESL-EA-T----LPPKSPE-----
RLEVEQVWLGREIEDIV-GR-----EGE--G-----R-----KE-RHERFEW-----WEGLMRG-RGFSSPLSPFALSQAKLLLRHYPSEG-----
YQL-----PMS-KN-----SLFLGWQHKPLFSVSSW
>PdLs3 .
AHARQLLISCAERI HCGD-----LP-TARRTASL---L-SA----AAS-----PYGD-----S-ADRLTHQFARA-LSLRIDS--P--SR--LA-
-----SPSPSAASS-----SEALQSS-YLSLNQVTPPLRFAHLTANQAI LEALD-----
GRR-----IHILDFD-TSHG-----VQWPPPLQAI AERSN-----ADG-----PP-----SRITGT-----
-----GTD-LSVLRRTGDRLQTFAHSLGLQ-FQFHP-LL-PIS--ST--NSSPSSSTSTSI LSTTTTTTTLN-TS-----S-S-----FQL-
-HPG-----ETLAVNCVFLHKL--QDQD-----SRSEDDGSR-----
LRAFQLAVKALNPAAVTVAEREA-----SH-N-SPIFLQRFM-----EALDYITVVFESL-EA-T----LPPKSQE-----
RLAVEQVWLGREIEDIV-AW-----EGE--G-----R-----RE-RHERFAR-----WEGLMRD-AGFSNPLSPFALSQAKLLLRHYPSEG-----
YQL-----QMV-RD-----CIFLWQNKALFSVSSW
>AtLAS .
HHLRRLFTAANFVSQSN-----FT-AAQNLLSI---L-SL----NSS-----PHGD-----S-TERLVHLFTKA-LSVRINR-----
QQQDQT-AE-TVATWTTNEMTM-----SNSTVFTSSVCKE--QFLFRTK-NNNSDFESCYYLWLNQLTPFIRFGHLTANQAI LDATET-----
NDNGA-----LHILDLD- ISQG-----LQWPPMLQALAER-----SSNP-SSP-----PP-----SLRITGC-----
-----GRD-VTGLNRTGDRLTRFADSLGLQ-FQFHT-LVI-V-----EEDLAGLLL-----QI-RL-----L-A-----
LSA--VQG-----ETIAVNCVHFLHKIF--ND-----DGDM-----
IGHFLSAIKSLNSRIVTMAEREA-----NH-G-DHSFLNRF-----EAVDHYMAIFDSL-EA-T----LPPNSRE-----
RLTLEQRWFGKEILDV--AA-----EET--E-----R-----KQ-RHRRFEI-----WEEMKR-FGFVNPVIGSFALSQAKLLLRHYPSEG-----
YNL-----QFL-NN-----SLFLGWQNRPLFSVSSW
>EsLs .
HHLRRLFTAADFVSQSN-----FS-AAQNLLSI---L-SA----NSS-----PYGD-----S-TERLVHLFSKA-LSIRINR-----
QQQDPT-AE-NVATWTTNEMT-----SSTVFTSSVCKE--QFLFRTKNNNSDFESCYYLWLNQLTPFIRFGHLTANQAI LDATET-----
NGDGA-----LHILDLD- ISQG-----LQWPPMLQALAER-----SSNP-NSP-----PP-----SLRITGC-----
-----GRD-VTGLNRTGDRLTRFANSLGLQ-FQFHT-LVI-V-----EEDLAGLLL-----QI-RL-----L-A-----
LSA--VQG-----ETIAVNCVHFLHRFS--ND-----DGDM-----
IGHFLSAIKSLNPRIVTMAEREA-----NH-G-DHSFLNRFA-----EAVDHYVAIFDSL-EA-T----LPPNSRE-----
RLTLEQRWFGKEILDV--AA-----KAE--E-----R-----KQ-RHRRFEI-----WEEIMKR-FGFVNPVIGSFAFSQA KLLLRHYPSEG-----
YNL-----QFL-NN-----SLFLGWQNRPLFFVSSW
>CrLs .
HHLRRLFTAADFVSQSN-----FT-AARNLLSI---L-SL----NSS-----PYGD-----S-TQRLAHLFTKA-LSLRINR-----
LQQEQDP-----TVATCTTNEMTM-----STNSTVFTSSVCKE--QFLFRTK-NNNSDFESCYYLWLNQLTPFIRFGHLTANQAI LDATET-----
NDNGA-----LHILDLD- ISQG-----LQWPPMLQALAER-----SSSP-NSP-----PP-----SLRITGC-----
-----GRD-VTGLNRTGDRLTRFANSLGLQ-FQFHK-LVI-V-----DEDLPGLLL-----QI-RL-----L-A-----
LSA--VQG-----ETIAVNCVHFLYKFF--ND-----DADL-----
IGHFLTVIKSLNPRIVTMAEREA-----NH-G-DHSFLIRFS-----EALDHYVAIFDSL-EA-T----LPPNSRE-----
RLTLEQRWFGKEIMDV--AA-----EAT--E-----R-----KQ-RHRRFEI-----WGEMMKR-FGFVNPVIGSFALSQA KLLLRHYPSEG-----
YNL-----QFL-ND-----SLFLGWQNRLLFSVSSW
>LuLs1 .
IQVRQLIVRCSDLISQAD-----YS-SAHLRIGI---L-SA----ASS-----PYGD-----S-TQRLAHHFSSA-LSLRLSG-----
-----HLPIAVV-----DHREVASA-
YLTLNQITPFIRFTHLTANQAI LESVLLGQQPDDQGT-----IHIVDFD-IMHG-----VQWPPMLQALAER-----HP-----
PP-----SLRITGT-----GHD-PETLTRTGDRLSKFAQSLGLT-FQFHP-LL-LHA-----SAD-----
-----HL-IP-----S-A-----VTV--LPG-----ETLAVNCMFYLHRLI--NDF-----
-----QNDDYM-----IRTFLLRREMNPVVTIGEREM-----DS-----VGSGGGIGEAVEYYQRVLESLE-EE-T---
-VAPTSAD-----RAEVEGVWFSKEIKEV-NG-----G-----R-----VDHKL RW-----WSEMMTS-
VGFRNVGLSPFAVSQAKLLLRHYPSEG-----YRLDHE-DDDDGV-VS-----GLFLGWRDRPLFSLSW
>LuLs2 .
IQVRQLIVRCSDLISQAD-----YS-TAHCLIAI---L-SA----ASS-----PYGD-----S-TQRLAHHFSSA-LSLRLSR-----
-----HPRPAAV-----DHRDVASA-
YLTLNQITPFIRFTHLTANQAI LESVLLGQQPDDQGT-----IHIVDFD-IMHG-----VQWPPMLQALAER-----HP-----
PP-----SLRITGT-----GHD-PETLTRTGDRLSKFAQSLGLT-FQFHP-LL-FHA-----SAD-----
-----HL-IP-----S-A-----VTI--LPG-----ETLAVNCMFYLHRLI--NDF-----
-----QNDDYM-----IRTFLLRRVREMNPVVTIGEREM-----D-----SGGGVGEVEYYQRVFESL-EE-T---
-VAPTSVD-----RAEVEGVWFSKEIKEV-NG-----G-----R-----VDHKL RW-----WSEMMTS-
VGFRNVGLSPFAVSQAKLLLRHYPSEG-----YRLDHD-DDVEGV-VS-----GLFLGWRDRPLFSLSW
>PpatLs1 .
MQLRDLLETAQLISQCD-----WD-RARPLLQ---L-SR----RVS-----TTGD-----S-SERVASCFFEA-LATFRSR-V-----
-----SGIQINEL-----LPSRIQGSPNQE-----MISA-YLALNQVTPMRF AHLTANQAI LEALT-----
GENF-----VHIVDLE-IGHG-----IQWPLFMQALADL-----RG-----EEGYTIQHLRITGV-----
-----GQD-RDVLNRTGIRLAEFAQSINLP- FEFSP-LVQ-ISE-----HL-VP-----R-M-----LGL-
-RVG-----EAVAINCMLQLHRL-----AKGPE-----
KLISFLCMLESITPKVVTLAELEA-----SH-N-QPHFLDRFA-----EALNHYSTLFDLSDA-T----LPPTSAD-----

RIRVEQWCKMEIVNIV-AC----DGA--E-----RIV-----RHQRFEL----WRRYFHR-AGFQLLSTSRFATSQARLLLLRLHYPCDD-----
YQL----LENVD-DG-----CLLLGWQDHPFCVSSW
>PpatLs2 .
MLLRDLIVDTAQYISQCD----WE-RARPLLQV---L-RR----QVS-----STGD-----S-SERVASCFEEA-LATFRSR-V-----
-----SGTEINEL-----LSSPTQEPSSEE-----ILSA-FLALNQVTPFMRFAHLTANQALLEALT-----
GEDF-----VHIVDLD-IGHG----VQWPPFMQALADI-----RG-----EEGHTIQHLRITGV-----
-----GKD-REMLDRTGTRLAEFAQSIQLP-FEFTP-LVQ-APE-----NL-IP-----S-M-----FGL-
-RIG----EAVAFNCMLQLHQLL-----AKGSE-----
KLTSFLYMLESITPRVVTLAELEA-----SH-N-QPHFLDRFA-----EALNHYSTLFDSL-DA-T---LPPTSPE-----
RIRVEQWTKYMEIINIV-AC---DGT--E-----RTV-----RHQRCEQ---WRRFFER-AGFQLLPTSRFATSQARLLLLRLHYPCDG-----
YRL----VEDVE-DG-----CLLLGWQDRPLFCVSSW
>OsMOC1 .
PSTRDLLLLACADLLQRGD----LP-AARRAAEIV--L-AA----AAS-----PRGD-----A-ADRLAYHFARA-LALRVDAKAGHG-HV-----
-----VVGGAARPASSGA-----YLAFNQIAPFLRFAHLTANQAI LEAVD-----
GARR-----VHILDL-D-AVHG----VQWPPLLQAI AERAD----PALGP-----P-----EVVRTGA-----
-----GAD-RDTLLRTGNRLRAFARSIHLP-FHFTP-LL-SCA-TTAPHHVAGTSTGAAA-----AA-----STAAAATGLEF-
-HPD----ETLAVNCVMFLHNLG-HDE-----
LAAFLKWKVAMPVAVTIAEREA-GGGGGGG--DHID---DLPRRV-----GVAMDHYSAVFEAL-EA-T---VPPGSRE-----
RLAVEQEVLGREIEAAV-GP----SGG-----RWWRGIE-R-----WGGAARA-AGFAARPLSAFAVSQARLLLLRLHYPSSEG-----
YLV-----QEA-RG-----ACFLGWQTRPLLSVSAW
>OsGRAS-7 .
-----LVLACADLVHRGD----LD-GARRVAEA--VL-A---AAD-----PRGE-----A-GDRLAHHFARALLALRGGG-KG-----
GHG-----GGGGVVPSSAA-----YLAYIKIAPFLRFAHLTANQAI LEAAAA-----
DAGGAHRR-----VLHIVDLD-AAHG----VQWPPLLQAIADRAD----PAVGP-----PP-----EVRLTGA-----
-----GTD-RDVLRTGDRLRAFSSSLNLP-FRFHP-LIL-PC---TA--ELAADPTAA-----
LEL--HPD----ETLAVNCVFLHKLGG-DGE-----
LAAFLRWKSMNPVAVTIAERE-----GVLGGDVDDD-N-VPDELPRRV-----AAAMDYSSVFDAL-EA-T---VPPASAD-----
RLAVEQEILSREIDA AV-AA---PGAG-GG---G-----RARDFDA---WASAARA-AGLAPRPLSAFAASQARLLLLRLHYPSSEG-----
YKA-----DDDGG-RG-----ACFLRWQQRPLMSVSSW
>AtSCR .
LHLLTLLLQCAEAVSADN----LE-EANKLLE---I-SQ----LST----PYGT-----S-AQRVAAYFSEA-MSARLLN-SCL--GI---
YAALPS-----RWMPQTHSL-----KMVSA-FQVFNGISPLVKFSHTANQAIQEAFE-----
KEDS-----VHIIDL-D-IMQG----LQWPGLFHILASR-----PGG-----PP-----HVRLTGL-----
-----GTS-MEALQATGKRLSDFADKLGLP-FEFCP-LAE-KVG-----NL-DT-----E-R---LNV-
-RKR----EAVAVHWLQ--HSLY---DV-----TGSDAHT-----
LWLLQRLAPKVVTVVEQDL-----SH---AGSFLGRFV-----EAIHYYSALFDSL-GA-S---YGESEEE-----
RHVVEQQLLSKEIRNVL-AV---GGP--S---RS-----GEVKFES---WREKMQQ-CGFKGISLAGNAATQATLLLGM-FPSDG-----
YTL-----VDD-NG-----TLKLGWKDLSLLTASAW
>OsGRAS-41 .
LHLLTLLLQCAEAVSADN----LD-EAHRALLE---I-AE---LAT----PFGT-----S-TQRVAAYFAEA-MSARLVS-SCL--GL---
YAPLPN-----P-SPAAARLH-----GRVAAA-FQVFNGISPLVKFSHTANQAIQEAFE-----
REER-----VHIIDL-D-IMQG----LQWPGLFHILASR-----PGG-----PP-----RVRLTGL-----
-----GAS-MEALQATGKRLSDFADTGLGP-FEFCP-VAD-KAG-----NL-DP-----E-K---LGV-
-TRR----EAVAVHWLQ--HSLY---DV-----TGSDSNT-----
LWLIQRLAPKVVTVMEQDL-----SH---SGSFLARFV-----EAIHYYSALFDSL-DA-S---YSEDSPE-----
RHVVEQQLLSREIRNVL-AV---GGP--A---RT-----GDVKFGS---WREKLAQ-SGFRVSSLAGSAAAQAVLLLGM-FPSDG-----
YTL-----IEE-NG-----ALKLGWKDLSLLTASAW
>AtGRAS-28 .
IKLLSLLLQCAEYVATDH----LR-EASTLSE---I-SE----ICS-----PFGS-----S-PERVVAYFAQA-LQTRVIS-SYLS-GA---
CSPLSE-----K-PLTVVQS-----QKIFSA-LQTYNSVSPKFSHTANQAIQFQALD-----
GEDS-----VHIIDL-D-VMQG----LQWPALFHILASR-----PRK-----LR-----SIRITGF-----
-----GSS-SDLLASTGRRADFASLNLFP-FEFCP-IEG-IIG-----NLIDP-----S-Q---LAT-
-RQG----EAVVHWMQ--HRLY---DV-----TGNLET-----
LEILRLKPNLITVVEQEL-----SY-DDGGSFLGRFV-----EALHYYSALFDAL-GD-G---LGEESGE-----
RFTVEQIVLGTIEIRNIV-AH---GGG--R---R-----KRMK---WKEELSR-VGFRPVSLRGNPATQAGLLLGM-LPWNG-----
YTL-----VEE-NG-----TLRLGWKDLSLLTASAW
>OsGRAS-32 .
LELVRALTACADSLASGN----HE-AANYYLAR--L-GE---MAS-----PAGP-----TPMHRVAAYFTEA-LALRVVR-MWP--HM---FD-
-----IGPPRELTDDAFG-----GGDDAMA-LRILNAITPIPRFLHFTLNERLLREFE-----
GHER-----VHVIDFD-IKQG----LQWPGLLQSLAAR-----AVP-----PA-----HVRLTGV-----
-----GES-RQELQETGARLARVAAALGLA-FEFHA-VVD-RLEDV-----RL-----WMLHV-
-KRG----ECVAVNCVLAMHRL--RD-----DA-----
ALDFLGLARSTGATILLGEHEG-----GGLN-SGRWEARFA-----RALRYAAAFDAVDAA-G---LPEASFA-----RAKAEEM-
FAEIRNAV-AF---EGP--E---R---FE-RHESFAG---WRRRMEDEGGGFKNAGIGEREAMQGRMIARMFDPK-----YTV-----
QAH-----GGGGSGGEALTLRWLDQPLYTVTAW
>AtGRAS-8 .
FELVNLGTCLDAIRSRN----IA-AINHFIAR--T-GD---LAS-----PRGR-----TPMTRLIAYYIEA-LALRVAR-MWP--HI---FH-
-----IAPPREFDRTV-----EDESIGNA-LRFLNQVTPIPKFIHFTANEMLLRAFE-----
GKER-----VHIIDFD-IKQG----LQWPSFFQSLASR-----INP-----PH-----HVRLTGI-----
-----GES-KLELNETGDRLHGFAEAMNLQ-FEFCP-VVD-RLEDV-----RL-----WMLHV-
-KEG----ESVAVNCVMQMHTL--YD-----GTGA-----
AIRDFLGLIRSTNPALVLAQEAE-----EH-N-SEQLETRVC-----NSLKYYSAMFDAI-HT-N---LATDSLIM-----
RVKVEEMLFGREIRNIV-AC---EGS--H---R---QE-RHVGRFRH---WRRMLEQ-LGFRSLGVSEREVLSKMLLRMYGSDNEG-----
FFNV-----ERSDE-DNGGEGGRGGG--VTLRWSEQPLYTISAW
>OsGRAS-19 .
--ILQSLSCSRAAATD-----PG-LAAAELAS---V-RA---AAT-----DAGD-----P-SERLAFYFADA-LSRLAC-G-T-----
-----GAPPSAEPDA-----RFASDELTL-CYKTLNACPYSKFAHLTANQAI LEATG-----
AATK-----IHIVDFG-IVQG----IQWAALLQALATRP-----EGK-----PT-----RIRITGV-----

```

--PSPLL--GPQPAASLAATNTRLRDFAKLLGVD-VEFVPLLR-PVH-----EL-NK-----S-D-----FLV-
-EPD-----EAVAVNFMLQLYHLL-----GDSDE-----
LVRRVRLAKSLSPAVVTLGEYEV-----SL-N-RAGFVDRFA-----NALSYYRSLFESL-DV-A-----MTRDSPE-----
RVRVERWFMFGERIQRAV-GP---EEGA-D---R---TE-RMAGSSE---WQTLMEW-CGFEPVPLSNYARSQADLLLLWNYDSKYK-----
YSLV-----ELP-PA-----FLSLAWEKRPLLTVSAW
>AtSCL4 .
--LLKAIYDCARISDS-----PN-EASKTLLQ---I-RE---SVS-----ELGD-----P-TERVAFYFTEA-LSNRL-----S-----
---PN-SP-----ATSSS-SSS-----TEDLILS-YKTLNDACPYKFAHLTANQAIILEATE-----
KSNK-----IHIVDFG-IVQG---IQWPALLQALATRT-----SGK-----PT-----QIRVSGI-----
--PAPSL--GESPEPSLIATGNRLRDFAKVLDLN-FDFIP-ILT-PIH-----LL-NG-----S-S-----FRV-
-DPD-----EVLAVNFMLQLYKLL-----DETPT-----
IVDTALRLAKSLNPRVVTTLGEYEV-----SL-N-RVGFANRVK-----NALQFYSAVFESL-EP-N---LGRDSEE-----
RVRVERELFGRRISGLI-GP---EKTG-I---H---RE-RMEEKEQ---WRVLMEN-AGFESVKLSNYAVSQAKILLWNYNSNL-----
YSIV-----ESK-PG-----FISLAWNDLPLLTSSW
>EsSCL4-1 .
--LLRAIYDCARILESE-----SD-VAAEALVR---I-RD---SVS-----ELGD-----P-TERLGFYFTEA-LCDRLSP-----
-----DSVPKESPS-----VEEMILS-YKTLNDACPYKFAHLTANQAIILEATE-----
NSNK-----IHIVDFG-IVQG---IQWPALLQALATRS-----SGK-----PI-----QVRVSGI-----
--PAPSL--GESPEPSLIATGNRLRDFAKVLDLN-FDFIP-ILT-PIH-----SL-NG-----S-T-----FRV-
-DPD-----EVLAVNFMLQLYKLL-----DETPT-----
IVDTALRLARSLNPIVVTTLGEYEV-----SL-N-RVAFANRMR-----NALKFYSAVFESL-EP-N---LGRDSEE-----
RVRVERVLFGRRIADLV-RPGN---NKPG-N---R---SG-RMEEKEQ---WRVLMES-AGFESVKLSNYAVSQAKILLWNYNSDL-----
YTIV-----ESM-PG-----FISLAWNDLPLLTSSW
>EsSCL4-2 .
--VLKAIHDCARNLEIK-----PD-VAAETLVR---I-RE---SVS-----DSGD-----P-TERVGFYFTEA-LSKRLSS-TAK-----
---KE-TE-----SPS-----LKDFFILS-YKTLNDACPFKFAHLTANQAIILEATH-----
NSSN-----IHIVDFG-IFQG---VQWAALQALATRA-----SGK-----PA-----RIRISGI-----
--PAPSL--GDSPGMSLIATGNRLRDFAAVLDLN-VEFYF-ILT-PIH-----LL-NV-----S-S-----FRV-
-EPD-----DFLAVNFMLELYKLL-----DETAT-----
IVDNALRLARSLNPRIVTLGEYEV-----SL-N-RVEFVNRVK-----NALRFYSAVFESL-EP-N---LERDSKE-----
RLRVERVLFGRRIADLV-RPGN---NKPG-N---R---SG-RMEEKEQ---WRVLMES-AGFEPVKPSNYAVSQASLLWNYNSTL-----
YSLV-----ESE-PG-----FISLAWNDVPLLTSSW
>AtSCL7 .
--IFKAIHDIYAR---K-----PE-TKPDTLIR---I-KE---SVS-----ESGD-----P-IQRVGYFAEA-LS-----H-----
---KE-TE-----SPSSSSSS-----LEDFILS-YKTLNDACPYKFAHLTANQAIILEATN-----
QSNN-----IHIVDFG-IFQG---IQWSALLQALATRS-----SGK-----PT-----RIRISGI-----
--PAPSL--GDSPGMSLIATGNRLRDFAAIIDLN-VEFYF-VLT-PIQ-----LL-NG-----S-S-----FRV-
-DPD-----EVLVNFMLELYKLL-----DETAT-----
TVGTALRLARSLNPRIVTLGEYEV-----SL-N-RVEFANRVK-----NSLRFYSAVFESL-EP-N---LDRDSKE-----
RLRVERVLFGRRIADLV-RSDDNNKPG-T---R---FG-LMEEKEQ---WRVLMES-AGFEPVKPSNYAVSQAKILLWNYNSTL-----
YSLV-----ESE-PG-----FISLAWNDVPLLTSSW
>CrSCL4-1 .
--ILKAIYDYAR---K-----PG-TIPETLTQ---I-RE---SVS-----ELGN-----P-IERVGFYFVEA-LS-----H-----
---KE-TE-----PSPAA-SSS-----LEEFILS-YKTLNDACPYKFAHLTANQAIILEATS-----
QSQN-----IHIVDFG-IFQG---IQWSALLQALATRA-----SGK-----PT-----RIRISGI-----
--PAPSL--GDSPEPSLIATGNRLRDFAAIIDLN-VEFNP-VLT-PIQ-----LL-TG-----S-S-----FRV-
-DPD-----EVLVNFMLELYKLL-----DETAT-----
GVGTALRLARSLNPRIVTLGEYEV-----SL-N-RVEFANRVK-----NSLRFYSAVFESL-EP-N---LERDSKE-----
RQRVERVLFGRRISELV-RTGNVNIKPG-T---R---LG-LMEEKEQ---WRVLMES-AGFEPVKPSNYAVSQAKILLWNYNSTL-----
YSLV-----ESE-PG-----FISLAWNDVPLLTSSW
>CrSCL4-2 .
--ILKAIYDYAR---K-----PG-TKPEALIQ---I-RE---SVS-----ELGN-----P-IERVGFYFAEA-LS-----H-----
---KE-TE-----PSPAASSS-----LEEFILS-YKTLSDACPYKFAHLTANQAIILEATS-----
QSQN-----IHIVDFG-IFQG---IQWSALLQALATRA-----SGK-----PI-----RIRISGI-----
--PAPSL--GDSPEPSLIATGNRLRDFAAIIDLN-VEFNP-VLT-PIQ-----LL-TE-----S-S-----FRV-
-DPD-----EVLVNFMLELYKLL-----DETAT-----
GVGTALRLARSLNPRIVTLGEYEV-----SL-N-RVEFSNRVK-----NSLRFYSAVFESL-EP-N---LERDSKE-----
RSRVERVLFGRRISELV-----RMD-NG-LMEEKEQ---WRVLMES-AGFEPVKPSNYAVSQAKILLWNYNSTL-----
YSLV-----ESE-PG-----FISLAWNDVPLLTSSW
>MgSCL4 .
--ILKALIDCARLSESD-----PE-NAMASLIQ---L-QD---SVS-----RVGD-----P-VERVSYFSEA-LCSRST---R-----
---AE-KT-----STIYDTTS-----EFTLS-YKALNDACPYKFAHLTANQAIILEATE-----
KANK-----IHIVDFG-IVQG---IQWAAFLQALATRP-----SGK-----PD-----RIRISGI-----
--PAPSL--GNSPAASLFATGNRLRDFAKLLDLR-FEFD-ILT-PVH-----EL-EG-----S-S-----FRV-
-DPD-----EVLAVNFMLQLYNLL-----DESND-----
GVEDALKLAKSLNPCVVTTLGEYEV-----SL-N-RVGFHLRFK-----NGLKYTAIFESL-EP-G---LARDSPE-----
RLQAERLLGRRIAGVV-GP---EE---R---K---RE-RMEDKER---WRFLMEG-AGFQPLVFSHYAQSQAQAKILLWNYTNSF-----
YKLL-----DS-----
>SlSCL4 .
--LLKSLVECARLAESE-----PE-NVVKSLIR---L-RE---SVS-----QQGD-----P-MERVGFFLEA-LYNRLSS-C-Q-----
---AE-RT-----PSIFGTAP-----EELTSL-YKAFNDACPYKFAHLTANQAIILEATE-----
KATR-----IHIVDFG-IVHG---IQWAAFLQALATRS-----AGK-----PV-----SVRISGI-----
--PSVVL--GNSPASLLATGNRLRDFAKLLDLN-FEFEP-ILT-PVQ-----EL-NG-----S-S-----FRV-
-DPD-----EILAVNFMLQLYNLL-----DETNV-----
GVKTALSLAKSLNPSIVTLGEYEV-----NL-N-DVGFLQRFK-----NALKYSTIFESL-DP-S---LTRDSAE-----
RVQVERLILGRRIAGAV-GL---DDGG-T---R---RE-CMEDKEH---WKELMEG-AGFKPVTLSHYAMSQAQAKILLWNYNSSS-----
FGLI-----DSA-PG-----FLSLAWKDNPLLTSSW
>StSCL4 .

```

```

--LLKSLVECARLAESE-----PE-NVVKSLIR---L-RE----SVS-----QQGD-----P-MERVGFFYLEA-LYNGLSS-C-Q-----
---AE-RT-----PSIFGTT-----EELTSL-YKAFNDACPYSKFAHLTANQAILEATE-----
KATR-----IHIVDFG-IVHG-----IQWAAFLQALATRS-----AGK-----PV-----SVRISGI-----
--PSVVL--GNSPAASLLATGNRLRDFAKLLDLN-FEFEP-ILT-PVQ-----EL-NG-----S-S-----FRI-
-DPD-----EILAVNFMLQLYNLL-----DETNV-----
GVETALSLAKSLNPSIVTLGEYEV-----NL-N-DVGFLQRFK-----NALKYYSTVFESL-DP-S-----LTRDSPE-----
RVQVERLLGRIAGAV-GL-----DDGG-T-----R-----RE-CMEDKEH-----WRELMEG-AGFKPVTLSHYAMSQAKILLWNYNYSSS-----
FGLI-----DSA-PG-----FLSLAWKDNPLLVSSW
>VvSCL4 .
--ILKALLDCARLADSE-----PD-RAVKSLIR---L-RE----SVS-----EHGD-----P-TERVAFYFSEA-LYSRVSH---Q-----
---AE-KR-----PTLFETSS-----EEFTLS-YKALNDACPYSKFAHLTANQAILEATE-----
RARK-----IHIVDFG-IVQG-----VQWAAALQALATRS-----AGK-----PA-----RIRISGI-----
--PAPAL--GKSPASSLFATGNRLRDFARLLDLN-FEFEP-ILT-PIQ-----EL-NE-----S-T-----FRV-
-DPD-----EVLAVNFMLQLYNLL-----DETPV-----
SVNAALRLAKSLNPKIMTLGEYEA-----CL-N-EVDFINRFK-----NALRYRAIFDSL-EP-N-----LARDSSD-----
RLQVERLLGRIAGVI-GP-----EPEG-T-----R-----RE-RMEDKEK-----WKFLVES-CGFESVPLSHYAVSQAKILLWNYNYSSL-----
YAI-----ESA-PG-----FLSLAWNKVPLLVSSW
>CpSCL4 .
--LFKALLDCARLAESE-----PD-RAVKSLIC---L-RE----SVS-----DQGN-----P-TERVGFYFTEA-LHSRSL---Q-----
---AE-KS-----LTIVETSC-----EDFTLS-YKALNDACPYAKFAHLTANQAILEATE-----
TASM-----IHIVDFG-IVQG-----VQWAAALQALATRT-----AGK-----PA-----RIRISGI-----
--PAPAL--GKSPGSSLLATGNRLRDFAKLLDLN-FEFEP-ILS-PIQ-----EL-NE-----A-T-----FRV-
-EPD-----EVLAVNFMLQLYNLL-----DETTA-----
AVEAALRLAKSLPKIVTLGEHEA-----SL-N-RVGFASRFN-----NALRFYAAVFESL-EP-N-----LTRDSPE-----
RLQVERLLGRIAGVI-GR-----EEPE-T-----R-----RE-RMEDKEQ-----WRVLMES-CGFDSVPLSHYAMSQAKILLWNYNYSSL-----
YSLI-----DSE-PG-----FLSLAWNEVPLLVSSW
>RcSCL4 .
--LKALLECARLAESE-----PE-RAVKSLIK---L-RE----SVC-----EHGD-----P-TERVAFYFTEA-LYSRCL---Q-----
---AE-KS-----LAMFETSS-----EEDFTLS-YKALNDACPYSKFAHLTANQAILEATE-----
GASK-----IHIVDFG-IVQG-----VQWAAALQALATRS-----AGR-----PL-----SIRISGI-----
--PAPVL--GKSPAASLLATGNRLRDFAKLLDLN-FEFVP-ILT-PIQ-----EL-NE-----S-N-----FRV-
-DPD-----EVLAVNFMLQLYNLL-----DETYG-----
AVETALKMAKSLNPEIVTLGEYEA-----SL-N-QIGYENRFK-----NALRYSAVFESL-EP-N-----LSRDSTE-----
RLQVERLLGRIAGAV-GP-----EEAG-T-----R-----RE-RIEDKEQ-----WRILMES-CGFESVALSHYAMSQAKILLWNYNYSSL-----
YSLV-----ESQ-PG-----FLSLAWNEVPLLVSSW
>MeSCL4-1 .
--LLKALLECARLAESE-----PD-KAVKSLVK---V-RE----SVS-----EQGD-----P-TERVAFYFTEA-LYSRVSQ---Q-----
---TE-RS-----LTMYETTS-----EDFTLS-YKALNDACPYSKFAHLTANQAILEATE-----
RATK-----IHIVDFG-IVQG-----VQWAAALQALATRS-----AGK-----PA-----RIRISGI-----
--PATVL--GKSPAASLFATGNRLRDFSKLLDLN-FEFEP-ILT-PIN-----EL-NE-----S-C-----FRI-
-DPD-----EVLAVNFMLQLYNLL-----DETPV-----
AVETALMAKSLNATIVTLGEYEA-----SL-N-RIGFVNRFK-----NALRYSAVFESL-EP-N-----LSRDSQP-----
RLQVEKFLGRIAGVI-GP-----EEAG-T-----R-----RE-CIEDKEQ-----WRILMES-CGFESVALSNYAMSQAKILLWNYNYSSL-----
YSLI-----ESQ-PG-----FLSLAWKEVPLLVSSW
>MeSCL4-2 .
--LLKALLECAILAESE-----PD-KAVKSLIK---M-RE----SVS-----EQGD-----P-TERVAFYFTEA-LYSRVSL---Q-----
---AE-KS-----LTIVETTC-----EEFTLS-YKTLNDACPYSKFAHLTANQAILEATE-----
SAGK-----IHIVDFG-IVQG-----VQWAAALQALATRS-----TGK-----PA-----RIRISGI-----
--PAPVL--GKSPAASLFATGNRLRDFAKLLDLN-FEFEP-ILN-PIQ-----EL-NE-----S-S-----FRV-
-DPD-----EVLAVNFMLQLYNLL-----AETPV-----
AVETALMAKSLNPRIVTLGEYEA-----SL-N-QIGYVNRFK-----NALRYFSSVFESL-EP-N-----LSRDSPE-----
RLQVEKLLGRIAGVI-GP-----EEAG-S-----R-----RE-RIEDKEQ-----WRVLMES-CGFESVALSHYAMSQAKILLWNYNYSSL-----
YSLI-----ESQ-PG-----FLSLAWKEVPLLVSSW
>TcSCL4 .
--LLKALLDCARLAESE-----PE-RAIKSLIR---L-RE----SIS-----ECGD-----P-TERVAFYFTEA-LYSRVSR---Q-----
---AE-KR-----LTILDTS-----EEFTLS-YKALNDACPYSKFAHLTANQAILEATE-----
RASK-----IHIVDFG-IVQG-----VQWAAALQALATRS-----AGK-----PT-----QIRISGI-----
--PAPVL--GKSPASSLYATGNRLRDFAKLLDLN-FEFEP-ILT-PIE-----EL-NE-----L-S-----FRV-
-DQD-----EVLAVNFMLQLYNLL-----DEAPV-----
TVETALLAKSLNPKIVTLGEYEA-----SL-N-RVGFENRFK-----NALRYSAVFESL-EP-N-----LPRDSPE-----
RIQVERLLGRIAGVI-GP-----EEVE-K-----R-----RE-RMEDKEQ-----WKNLLES-AGFETVALSHYARSQARILLWNYNYSSS-----
YSLI-----ESQ-PG-----FLSLAWNEVPLLVSSW
>GrSCL4-1 .
--LLKALLDCARLSDSE-----PE-RAIKSLVE---L-RE----SVS-----ERGD-----P-TERVAFYFTQA-LYSRVSL---P-----
---AE-KR-----LNLLETTS-----EDFTLS-YKVLNDACPYSKFAHLTANQAILEATE-----
RATK-----IHIVDFG-IVQG-----VQWAAALQALAARS-----AGK-----PT-----RIRISGI-----
--PAPVL--GSSPAPSLYATGNRLRDFAKLLDLN-FEFEP-ILT-PIK-----EL-KE-----S-C-----FRV-
-DND-----EVLAVNFMLQLYNLL-----DATPV-----
TVEAALCLAKSLNPKIVTLGEYEA-----SL-N-RVGFVNRFK-----NALRYTAVFESL-EP-N-----LPRDSPE-----
RVEVERQLLGGKIGAI-GA-----EEAE-K-----R-----RE-RMEDKEQ-----WKVLMES-AGFETVSLSHYAISQAKILLWNYNYSSS-----
YSLI-----ESK-PG-----FLTLAWKEVPLLVSSW
>GrSCL4-2 .
--LLKALLDCATLADSE-----PE-RAIKSLAK---L-KE----SVS-----EHGD-----P-TERVAFYFTEA-LHSRSLH---Q-----
---TD-QR-----LTMIEETS-----EDFTLS-YKALNDACPYSKFAHLTANQAILEATD-----
RASK-----IHIVDFG-IVQG-----VQWAAALQALATRS-----AGK-----PT-----RIRISGI-----
--PAPVL--GSTPAPSLYATGNRLRDFSKLLDLN-FEFEP-ILT-PVT-----EL-TG-----S-S-----FRV-
-DED-----EVLAVNFMLQLYNLL-----DSTPA-----
AVETALALAKSLNPKIVTLGEYEA-----SL-N-RVGFNRFK-----NALRYSAVFESL-EP-N-----LPRDSPE-----

```

```

RIQVEKHLGRKVGVI-GR----EEAG-T-----Q----RE-RMEDKEQ---WKILMEI-SGFETVTLSHYAISQAKILLWNYNYSSS-----
YSLI-----ESQ-PG-----FLSLAWNEVPLLTVSSW
>FvSCL4 .
--LLKALLDCARVIESE-----PE-RAIKSLVR---L-RE----SVS-----ERGD-----P-TERVTRFRFTEA-LYSRVSP---P-----
---PD-KT-----SAAYDGSC-----EEDFTLS-YKALNDACPYSKFAHLTANQAILEATE-----
RATK-----IHIVDFG-IVQG---VQWAALLQALATRS-----TGK-----PS-----KIRISGI-----
--PAPSL--GNSPAASLFATGNRLCEFAKLELN-FEFEP-VLT-PIQ-----EL-NE-----S-C-----FRV-
-DPD-----EFLAVNLMLQLHNL-----DESTT-----
GVEAALTAKLLNPKIVTLGEYEA-----KL-N-RVGFMSRFK-----TALKYYKAMFESL-EP-N---MARDSPE-----
RLQVERLLGRRIASV-VA---EESG-T---K---RQ-RLEDKEQ---WKFLMES-AGFEPVTLSHYAVSQAKILLWNYNYSSS-----
YSLI-----ESP-PG-----FLSLAWKEVPLLTVSSW
>MdSCL4-1 .
--LLKALLDCARLAESD-----PD-GAVKSLVR---L-RE----SIS-----DHGD-----P-TQRFVAFYFAEA-LQNRVSF-L-Q-----
---SE-KS-----F-----TTAHDTPC-----EDFTLS-YKALNDACPYSKFAHLTANQAILEATE-----
RATK-----LHIVDFG-IVQG---VQWAALLQALATRS-----TGK-----PV-----SIRISGI-----
--PAPSL--GDSPAASLIATGNRLREFAXLLELN-FEFEP-ILT-PVH-----QL-DE-----S-C-----VRV-
-DPD-----EALAVNLVQLYNLL-----DEKPT-----
AVQSALKLAKSLNPKIVTLGEYEA-----NL-N-RVGFASRFK-----NALKYYAALFESL-EP-N---MIRDSPE-----
RLKVERLLGRRIGSLV-GP---EQPG-T---K---RE-RFEDKEQ---WKYLMES-SGFEPVALSXYSVSQAKILLWNYNYSSL-----
YSLI-----ESP-PG-----FLSLWNEVPLLTVSSW
>MdSCL4-2 .
--LLKALLDCARLTESD-----TD-RAVKSLIR---L-RE----SIS-----DHGD-----P-TERVAFYFAEA-LHNRVSV-L-Q-----
---SE-KT-----F-----TTAYDTPC-----EDFTLS-YKALNDACPYSKFAHLTANQAILEATE-----
RATK-----IHIVDFG-IVQG---VQWAALLQALATRS-----TGK-----PV-----SIRISGI-----
--PAPSL--GDSPAASLFATGNRLREFAXLLELN-FEFEP-ILT-SVN-----EL-DE-----S-C-----FRF-
-EPE-----EALAVNFMLQLYNLL-----DDKPA-----
AVHSALKLAKSLNPKIVTLGEYEA-----NL-N-RVEFASRFK-----NALKYYTALFESL-EP-N---LTRDSPE-----
RLKVERLLGRRIGGLV-GP---EQSG-T---K---RE-RFEDKEQ---WKYLMES-SGFESVALSHYSVQAKILLWNYNYSSL-----
YSLI-----ESP-PG-----FLSLWSEVPLLTVSSW
>PpSCL4 .
--LLKALLDCARLAESD-----PD-RAVKSLIR---L-RE----SVS-----DRGD-----P-TERVGFYFTEA-LQSRVSS-L-Q-----
---SE-KSLA-----ATTTYDTAC-----EDFTLS-YKALNDACPYSKFAHLTANQAILEATE-----
RATK-----IHIVDFG-IVQG---VQWAALLQALATRS-----TGK-----PS-----RIRISGI-----
--PAPSL--GTSPAASLFATGNRLRDFAKLLELN-FEFEP-ILT-PVH-----EL-DE-----S-C-----FRV-
-EPD-----EALAVNLMLQLYNLL-----DETPT-----
AVQSALKLAKSLNPKIVTLGEYEA-----NL-S-RVGFSTRFK-----NALKYYTALFESL-EP-N---MTRDSPE-----
RLKVEKLLGRRIGGVV-GP---EQPG-T---K---RE-RFEDKEQ---WKYLMES-SGFEPVALSHYSVQAKILLWNYNSL-----
YSLI-----ESP-PG-----FLSLAWNEVPLLTVSSW
>LuSCL4-1 .
--LLQSLLECARLSESE-----TE-SAVKSLVK---I-RV---SAS-----EHGN-----P-TERVAYYFSEA-LYNRLSK---Q-----
---AG-ES-----FTMFETTS-----EEFTLS-YKSLNDACPYSKFAHLTANQAILEATE-----
TATK-----IHIVDFG-VVQG---VQWAALLQALATRS-----AGK-----PV-----LVRISGI-----
--PAPAL--GSSPAASLFATGKRLLDFAKLLDLN-FEFEP-ILT-PIQ-----DL-NE-----S-C-----FRV-
-EPD-----EVLTVNFMLQLFNLL-----DETTA-----
TVETALMAKSLNPRIVTLGEYEV-----SL-N-RIGYLTRFN-----NALKYYSAVFESL-EP-S---LSRDSTE-----
RLEVERMLLGRRIAGVI-GP---EPPGVV---Q---RE-RMEDREQ---WRLLMEK-CGFESVALSNYAMSQAKILLWNYNSPR-----
YSLV-----ESK-PG-----FVSLAWKEVPLLTVSSW
>LuSCL4-2 .
--LLKSLLECARLSESE-----TE-SAVKSLVK---I-RE----SVS-----EHGD-----P-TERVAYYFTEA-LYNRLSK---Q-----
---AG-EN-----FIMFETTS-----DEFTLS-YKSLNDACPYSKFAHLTANQAILEATE-----
TAAK-----IHIVDFG-VVQG---VQWAALLQALATRS-----AGK-----PA-----LVRISGI-----
--PAPAL--GSSPAASLFATGKRLLDFAKLLDLN-FEFEP-ILT-PTQ-----DL-NE-----S-C-----FRV-
-EPD-----EVLAVNFMLQLFNLL-----DESTA-----
TVETALMAKSLNPRIVTLGEYEV-----SL-N-RIGYLTRFN-----NALRYSAVFESL-EP-S---LSRDSTE-----
RLEVERMLLGRRIAGVI-GP---EPPGVV---K---RE-RMEDREQ---WRLLMEM-CGFEPVALSNYAMSQAKILLWNYNSPR-----
YSLV-----ESK-PG-----FISLAWKEVPLLTVSSW
>PtSCL4-1 .
--VLKALVECAQLVESK-----AD-QAVKSLVK---C-KD---LVS-----ENGD-----P-VERAGFYFAEG-LCRRVAV-G-E-----
---LD-VL-----KNFDQ-TS-----EEFTLS-YKALNDACPYSKFAHLTANQAILEATE-----
KASK-----IHIVDFG-IVHG---VQWAALLQALATRS-----AGK-----PV-----RIRISGI-----
--PAPVL--GKNPAASLLATGNRLLDYAKLLGLN-FEFEP-ILT-PIQ-----EL-NE-----S-C-----FRA-
-EPD-----EVLAVNFMLQLYNLL-----DESPV-----
AVETALKMAKSLNPKIVTLGEYEA-----SL-N-RVGYLTRFK-----NALRYTAVFESL-EP-N---LSRDSPE-----
RLQVERLLGQRISVV-GP---EPPG-M---R---RE-RMEDKQ---WGVLMES-SGFESVSLSHYAMSQAKILLWNYNSDL-----
YSLD-----DSQ-PG-----FLTLAWNEVPLLTVSSW
>PtSCL4-2 .
--VLKALVECAQLVESK-----AD-QAVKSLIR---F-KE---SVS-----ENGD-----P-GERVGFYFVKG-LCRRVAV-G-E-----
---LD-DL-----KNFHQTS-----EEFTLC-YKALNDACPYSKFAHLTANQAILEATE-----
KASK-----IHIVDFG-IVQG---IQWAALLQALATRS-----AGK-----PV-----RIRISGI-----
--PAPVL--GKNPAASLLATGNRLLDYAKLLDLN-FEFEP-ILT-PIQ-----EL-NE-----S-C-----FRV-
-EPD-----EVLAVNFMLQLYNLL-----GETPG-----
AVETALKMAKSLNPRIVTLGEYEV-----SL-N-RVGYLTRFK-----NALRYTAVFESL-DP-N---MSRDSQE-----
RLQVERLLGRRISGVV-GP---D--G-I---R---RE-RMEDKEQ---WRVLMES-SGFESVSLSHYAMSQAKILLWNYNSSTM-----
YSLD-----DSQ-PG-----FLTLAWNEVPLLTVSSW
>CsSCL4-1 .
--VLKVLDCARLCDSE-----PN-RAAKTLNR---I-SK---SLR-----EDGD-----P-IERVGFYFGDA-LRKRLLS-T-P-----
---MK-NCLD-----STESDANS-----EDFLLS-YKALNDACPYSKFAHLTANQAILEVTE-----
RASK-----IHIVDFG-IVQG---VQWAALLQALATRA-----TGK-----PV-----RVRISGI-----

```

```

--PAPSL--GDSPAASLYATGNRLSEFAKLELN- FEFQP-ILT-PIE-----NL-KE-----S-S-----FSV-
--QSD-----EVLAVNFMLQLYNLL-----DENPT-----
GVHNALRLAKSLSPHIVTLGEYEA-----SL-N-RNGFYNRFK-----NALKFYSAIFESL-EP-N-----LPRNSPE-----
RLQLERLLGRRIAGVV-GTV--EDSRRE----R----RV-RMEDKEQ---WKNLMEN-TGFEPVALSHYAISSQAKILLWNYNYSSL-----
YTLI-----ESA-PE-----FLSLAWNDVPLLTVSSW
>CsSCL4-2 .
--LLKTLIECARISESE-----PD-RAAQTLIK---L-KE----SSS-----EHGD-----P-TERVAFYFMDA-LCRRLS-----
-----
-----
-----
-----
-----LPSDS-----R-LI-----
-----
-----
>GmSCL4-1 .
--LLKALSECASLSETE-----PD-QAAESLSR---L-RK----SVS-----QHGN-----P-TERVGFYFQWA-LSRKMWG---D-----
--KE-KM-----EPSS-----WEELTLS-YKALNDACPYSKFAHLTANQAILEATE-----
NASN-----IHILDFG-IVQG---IQWAALLQAFATRA-----SGK-----PN-----KITISGI-----
--PAVSL--GPSPGSLSATGNRLSDFARLLDLN-FVFTP-ILT-PIH-----QL-DH-----N-S-----FCI-
-DPN-----EVLAVNFMLQLYNLL-----DEPPS-----
AVDTALRLAKSLNPRIVTLGEYEA-----SV-T-RVGFVNRFR-----TAFKYFSAVFESL-EP-N---LAADSPE-----
RFQVESLLGRRIAIVI-GP-----GPV-----RE-SMEDKEQ---WRVLMER-AGFESVSLSHYAISSQAKILLWNYNYSSL-----
FSLV-----ESKPPG-----FLSLAWKDVPLLTVSSW
>GmSCL4-2 .
-----
-----
-----FDQLTANQAILEATQ-----
TASN-----IHIVDFG-IVQG---IQWAALLQAFATRP-----SGK-----PN-----KIRISGI-----
--PALS--GSSPGSLSATAHRLSDFAKLLDLN-FHFTP-ILT-PIH-----QL-DR-----N-S-----FCI-
DDTN-----EALAVNFMLQLYNLL-----DEPPT-----
AVDTALRLAKSLNPKIVTLGEYEA-----SV-T-RVGFVNRFK-----TAFKYFSAVFESL-EP-N---LAADSPE-----
RFQVESLLGRRIAIVI-GP-----GSV-----R-----RE-SMEDKEQ---WRVLMER-AGFESVSLSHYAISSQAKILLWNYNYSSL-----
FSLV-----ESTPPG-----FLSLAWKDVPLLTVSSW
>PvSCL4 .
--LLKALTECASFAESE-----PD-QAAESLAR---L-RK----SVS-----QHGN-----P-TQRVGFYFCEA-LSRKIWA---E-----
--KE-KA-----EPTSTSTTTTTS-----EELTLS-YKAMNDACPYSKFAHLTANQAILEATD-----
GAAN-----IHILDFG-IVQG---IQWAALLQAFATRS-----SGK-----PN-----KIKISGI-----
--PAIAL--GASPGSLSATGNRLSEFAKLLDLN-FEFTP-ILT-PIH-----HL-DH-----N-S-----FCI-
-DPD-----EALAVNFMLQLYNLL-----DEPPT-----
AVDTALRLAKSLNPKIVTLGEYEA-----SL-T-RVGFVNRFK-----TAFNYFSAVFESL-DP-N---LPADSPE-----
RFQVESLLGRRIIDAVI-GP-----GPA-----RE-SMEDREQ---WRVLMER-AGFESVSLSHYAVSQAKILLWNYGYSSL-----
FSLV-----ESTPPG-----FLSLAWKDVPLLTSSW
>MtSCL4 .
--LLKTLTEIASLIETQK-----PN-QAIETLTH---L-NK----SIS-----QNGN-----P-NQVRSFYFSA-LTNKITA---Q-----
--SS-----IASSNSSTT-----WEELTLS-YKALNDACPYSKFAHLTANQAILEATE-----
GSNN-----IHIVDFG-IVQG---IQWAALLQAFATRS-----SGK-----PN-----SVRISGI-----
--PAMAL--GTSPVSSISATGNRLSEFAKLLGLN-FEFTP-ILT-PIE-----LL-DE-----S-S-----FCI-
-QPD-----EALAVNFMLQLYNLL-----DENTN-----
SVEKALRLAKSLNPKIVTLGEYEA-----SLTT-RVGFVERFE-----TAFNYFAAFESL-EP-N---MALDSPE-----
RFQVESLLGRRIIDAVI-GV-----RE-RMEDKEQ---WKVLMEN-CGFESVGLSHYAISSQAKILLWNYNYSSL-----
YSLV-----ESQ-PA-----FLSLAWKDVPLLTSSW
>CcSCL4 .
--LTKALIDCARLVESE-----PD-KAVKSLVR---L-RG----SVC-----AHGN-----P-TERVAYYFTEA-LYKRLTQ---R-----
--AE-KS-----ITTLEANC-----EDCILS-FKTLNDACPYSKFAHLTANQAILEATE-----
NASH-----IHIVDFG-IVQG---IQWSFLLQALANRP-----TGK-----PV-----KVRISGI-----
--PAPAL--GKSPAASLLATGDRRLREFAGSLSLN-LEFEP-ILI-PIR-----KL-RA-----S-S-----FRV-
-DPN-----EALVVNFMLQLNSLL-----DDNRL-----
AVENALQMAKSLNPNVVTLAIEYEA-----NL-N-RTGFLARFK-----NALKYYTAVFESL-EP-N---MTTDSDE-----
RFQVERQILGPRIANLL-AP---EKQG-A---K---RE-RVEDIEN---WRIFMEN-SDFEGIPFSHYALSQAIEILLWNYNYSSL-----
FTLN-----QSH-DN-----LLTSLWKKVPLLTSSW
>CsiSCL4 .
--LTKALIDCARLVESE-----PD-KAVKSLVR---L-RG----SVC-----AHGN-----P-TERVAYYFTEA-LYKRLTQ---R-----
--AE-KS-----ITTLEANC-----EDCILS-FKTLNDACPYSKFAHLTANQAILEATE-----
NASH-----IHIVDFG-IVQG---IQWSFLLQALANRP-----TGK-----PV-----KVRISGI-----
--PAPAL--GKSPAASLLATGDRRLREFAGSLSLN-LEFEP-ILI-PIR-----KL-RA-----S-S-----FRV-
-DPN-----EALVVNFMLQLNSLL-----DDNRL-----
AVENALQMAKSLNPNVVTLAIEYEA-----NL-N-RTGFLARFK-----NALKYYTAVFESL-EP-N---MTTDSDE-----
RFQVERQILGPRIANLL-AP---EKQG-A---K---RE-RVEDIEN---WRIFMEN-SDFEGIPFSHYALSQAIEILLWNYNYSSL-----
FTLN-----QSH-DN-----LLTSLWKKVPLLTSSW
>EgSCL4 .
--LLKALLDCARVSESD-----PE-LAAKTLAR---L-RE----SAS-----ERGD-----P-AERVAFYFSDA-LHSRLSL-D-----
-----GSPIASSTS-----PEEFTLS-YKALNDACPYSKFAHLTANQAILEATE-----
KASK-----IHIVDFG-IVQG---VQWAALLQALATRS-----TGK-----PD-----RIRISGI-----
--PARAL--GENPAPSLATGNRLREFAKLLDLN-FEFVP-ILD-PTD-----SL-DA-----A-S-----FRV-
-DPD-----EDLAVNFMLQLYNLL-----GETSA-----
AVDAALRLSKSLGPKIVTLGEYEA-----SL-N-RAPYPARFK-----NALAYYAAVFESL-EP-N---MSRDSLQ-----
RREVERLLGRRIIVRSV-GPEAP-PGTG-A---E---RE-RMEDKEQ---WRALMER-AGFEAVPLSHYAVSQAKILLWNYKYSEL-----
YSLQ-----DSP-PG-----FLSLAWNKAPLLTVSAW
>AcSCL4-1 .

```



```

CSLLKSLLLCARISDSE-----PE-KAIKTLNR---L-RE----SVS-----ERGD-----S-TERVAFYFSEA-LFSRISS---K-----
---SL-KN-----FPTFDSNS-----EFLLS-YKALNDACPYSKFAHLTANQAIILEATE-----
SANQ-----IHIVDFG-IVQG---LQWAALLQALATRS-----SGK-----PT-----LIRISGI-----
--PAPAL--GKSPAASLIATGNRLREFAELLELN-IQFEP-ILT-PIE-----EL-NE-----S-S-----FRV-
-NSD-----EVLAVNFMLQLYNLL-----GETTL-----
AVEKALKLAKSLNPKVLTGLGEYEV-----SL-N-RVEYYDRFK-----NAMKYSAVFESL-EP-S----LERDSED-----
RLQVERLILGRRIMSVV-GP---GEGS-M---R---RE-RMEEKEE---WKNLIES-CGFETAVSHYAVSQADILLWNYNYSSK-----
YSLV-----ESP-PG-----FLSLCWNGTPLLTVSSW
>AcSCL4-2 .
CSLLKSLLLCARISDSE-----PE-KAIKTLNR---L-RE----SVS-----ERGD-----S-TERVAFYFSEA-LFSRISS---K-----
---SL-KN-----FPTFDSNS-----EFLLS-YKALNDACPYSKFAHLTANQAIILEATE-----
SANQ-----IHIVDFG-IVQG---LQWAALLQALATRS-----SGK-----PT-----LIRISGI-----
--PAPAL--GKSPAASLIATGNRLREFAELLELN-IQFEP-ILT-PIE-----EL-NE-----S-S-----FRV-
-NSD-----EVLAVNFMLQLYNLL-----GEITL-----
AVEKALKLAKSLNPKVLTGLGEYEV-----
-----
-----
>MaSCL4-1 .
--LLESLLDCARIADSD-----PD-LAAKSLIH---V-RE----SAS-----ESGD-----P-TERVAFYFAEA-LYRRLHG-----
---AQRKHHS-----YPSTAAAPPSCSSSS-----FDSSPEDFTLC-YKALNDACPYSKFAHLTANQAIILEATE-----
SAAR-----IHIVDFG-IMQG---VQWAALLQALATRP-----SGK-----PS-----RVRISGI-----
--PAPAL--GAAAAASLAATGNRLRDFAAILLDLDFEFDP-ILT-PIS-----EL-SA-----S-T-----FRV-
-DPE-----ETLAVNFMLQLCHLL-----GDSPE-----
PVERVLRVAKSLGPRVVTLGEYEA-----SL-N-RAAFLEFR-----TALAYAAVFDL-DP-A---MQRDSAE-----
RARVERLLFGRRILGVV-GPG---DEQ---I---R---RE-RMEANAE---WRAVMEQ-CGFETVPLSNYAVSQAKLLWNYNYSSK-----
YTLS-----DSA-PV-----FLSLAWGDRPLLTVSSW
>MaSCL4-2 .
--LLESLLDCARLADGD-----PD-LAAKSLIH---V-RE----SAS-----VLGD-----P-TERVAFYFAEA-LNRRLLG-----
---DQ-KDHS-----HPST-----VAVFNDACPYSKFAHLTANQAIIVEATE-----
SAAR-----IHIVDFG-IIQG---IQWAALLQALATRP-----RGK-----PS-----RVRVSGI-----
--PAPML--GAAPAASLTATGNRLRDFAAILLDLDFEFDP-ILT-PIA-----EL-TV-----S-C-----FRI-
-DSD-----EVLAVNFMLQLYHLL-----ADSPE-----
SVERVLGIKSLVPRVVTLGEYEA-----SV-N-RGRFVERFK-----AALAYAAVFDL-DP-A---IRRDSAE-----
RAQMERVLLGPRILGAV-GAG---DGPN-----R---RE-RMEAKEE---WRAVMER-CGFEPVPSNFVAVSQAKLLWNYDYSSK-----
YAVL-----DSA-PG-----FLTLAWGDRPLLTVSSW
>MaSCL4-3 .
--LLESLLQCARLADSD-----PH-LATKSLIH---V-RE----SAS-----ELGD-----P-TERVAFYFAEA-LHRRLLG-----
---AQRKH-----PLPTSAPQPPSLDSSP-----EFTLTC-YKVLNDACPYFKFAQLTANQAIIEATE-----
SAGR-----IHIVDFG-IVQG---VQWPSLLQALATRP-----SGK-----PS-----KVRISGI-----
--PAPALG-GAAIATSLAATGNRLRDFAAILLDLDFEFDC-ILT-PIP-----EI-AA-----S-T-----FRV-
-DPD-----ELVVVNFMLQLSOLL-----GDSPE-----
PVERVLRVAKSLGPRILTLAEYEA-----SL-N-HAGFVDRFG-----AALGHYAAVFESL-EP-A---MGRDAVE-----
RARMERVLIGHRILEAV-GPF---EGQN-----R---RV-RMAPKEE---WRAVMER-CGFSSVPLSNYAVSQAKLLWNYNYSSR-----
YTLL-----DSP-PP-----CLTLAWGDRPLLTVSSW
>PaSCL4 .
--LLHSLLDCAKIVDTE-----PE-RAGQSVAY---L-QS---IAS-----QHGD-----P-TQRIVFHADA-LAKRLSK-G-----
---IE-QK-----P-QFSSDECS-----KSFEGLTLA-YKALNDACPYSKFAQLTGNQAIILEAMD-----
KAEK-----IHIVDFG-IVQG---VQWAALLHAFATRP-----GGK-----PQ-----KIKITGI-----
--PAPTL--GQNPTSSLLATGKRLTEFAKLLDLE-FEFCP-VSK-HMS-----EV-EL-----S-T-----LKI-
-EQD-----ECIAVNFMLQLYNLL-----GDSPE-----
PLVKILKLAHALSPKVVTLGEYEA-----YL-N-ACHFQVFR-----NALDYFSAFFDSM-EPTN---MSRDCAE-----
RLNVEKLFFAEKIMGIV-----AFEGAE-----R---KT-RLEGRDQ---WRILMES-AGFKFTNLSHYAKSQARILL---YNYCEG-----
YSLQ-----ESS--G-----FLSLAWQTRPLLTVSAW
>AtriSCL4 .
--LLLSLVDAARTVHSD-----PG-HAAASLAE---L-RR---SAP-----DSGS-----P-TERLVSYFAEA-LIERLDP-T-----
-----GHPVAQFSA-----EESTLC-YKALNDACPFKFAHLTANQAIILEAME-----
TADS-----IHIVDFG-IVQG---VQWAALLQALATRP-----AGK-----PA-----KIRISGI-----
--PAPSL--GSNPAPSLAATGNRLCDFAKLLELN-FEFSP-VPC-SIE-----DV-ME-----G-D-----LRR-
-ADG-----EFVAVNFMLQLHRLV-----DEKME-----
KVARALRVAKALKPKVVTLGEYEL-----GL-N-RGDFMGRLS-----RALRYYGAMFECL-EA-G---MGRACKE-----
RERVERVIGRRIAGAV-----K---N---TE-RMEERCI---WREEIER-AGFVGLGLSHYAVSQARMLLWNYDYSSS-----
YSLI-----EAG-PG-----FLTLAWKDQPLLTVSAW
>PpatSCL4 .
VHLVHLLLECATQIEKN-----QH-LAVSTLCR---L-RD---LSS-----PLGD-----P-MQRVAAYFCDA-LTKRIAR-G-K-----
---GE-AD-----P-GVLEAPHNSPK-----A-CQVLNEACPYMKFAHLTANQAIILEAVK-----
GCES-----VHILDFG-I THG---IQWAALLQAFASLP-----KKQP---PP-----KVRITGIS-----
VNNPA-----SESASLSVLATGKRLQSF AEHLNVE-FEFCPVILV-SME-----DF-TP-----E-S-----
IQL--NPD---EKTVANFMLQLHEML-----DEEGS-----
PSILRLLRSVISLSPALVTLTEHDA-----AL-N-RPEFRPRFM-----DALHFYCALFDSL-DS-T---MPRCHD-----
RLNVENNYFAKQIENIV-----ANEGVD---R---TE-RYECTET---WIRIMET-VGFTLVPLSHYAYSQAQQLLWQF--CDS-----
FRLQ-----RPS--G-----CIALAWQDRSLITVSAW
>SmSCL4-1 .
-QLVQLLVSCLDDEMSESGQ---AS-PAMDKLAT---L-KA---MAS-----SSGN-----A-VEKCAWYFSSG-LEARLHR-RGG-----
---DD-HS-----DG-DDEEESPSSSP-----NKAEAIAMA-YKTLTDACPYLKF AHLTANQAIILEATD-----
GAPK-----IHIVDYG-TMQG---VQWAALFQAFATWP-----AKNP---SPR-----SLRITGI-----
--PSPHL--GSNPAPAMLATQRRRTDFAKLLGVD-FQFCP-ILE-PIR-----DF-QP-----SQS-----LRT-
-DPD-----EVLAVNFVLQALQL-----PA-----
PALKRAFSLVQRLNPRIVTVAEYEA-----N--N-GASLRDQLA-----SNARFYSSVFESL-DV-A---LPGDDPQ-----

```

RITAERLFFGREITKSL-----V---EG-T-----N---CE-CPEKQRE---WQRCIDG-AGLWSAALSHYTVSQARLLLLWLYNKSEN-----
FTLL-----QG--PG-----SLSLGLWLGTSIVTVSAW
>SmSCL4-2 .
-QLVQLLVSCLDMMESGQ-----AS-SAMDKLAT---L-KA---MAS-----SSGN-----A-VEKCAWYFSSG-LEARLHR-RGG-----
---ND-HS-----DGDDDEEEESPSSP-----NKAEAIAMA-YKTLTDACPYLKFAHFTANQALLEATD-----
GAPK-----IHIVDYG-TMQG---VQWAAFLQAFATWP-----AKNP---SPR-----SLRITGI-----
--PSPHL--GSNPAPAMLATQRRLTDFAKLLGVD-FQFCP-ILE-PIR-----GGP-----DF-QP-----SQS-----LRT-
-DPD-----EVVAVNFVLQALQ-----PA-----
PALKRAFSLVQRLNPRIVTVAEYEA-----N--N-GASLRDQLA-----SNARFYSSVFESL-DV-A---LPGDDAQ-----
RITAERLFFGREITKSL-----V---EG-T-----N---CE-CPEKQRE---WQRCIDG-AGLWSAALSHYTVSQARLLLLWLYNKSEN-----
FTLL-----QG--PG-----SLSLGLWLGTSIVTVSAW
>OsGRAS-28 .
VRMIALLMECAAAAMSVGN-----LA-GANGALLE---L-SQ---MAS-----PYAA-----SCGERLVAYFARA-MAARLVG-SWV-----
-----GVVAPMAPPPS-----CGAINAA-FRALYVAVFARLAYLACNQAI LEAFH-----
GKRL-----VHIVDLD-VVPGG--ALQWLSLLPALAARP-----GGP-----P-----VIRVTGF-----
-----GMS-ASVLHDTGNQLAGLARKLCMF-FEFYA-VAK-RPG-----DADAVA-----DM-----PG-R-----
-RPG-----EAVAVHWLR--HAMY--DA-----AGDDGAS-----
MRLVWRLEPAAVTLVEQER--AHGGGG---G-HGRFLDRFV-----SALHHYSAVFDAM-GA-SR---PDGEDAS-----
RHIAEHGVLGREIANVL-AV---GGP--A---R---SS-GREGPGS---WREVLAR-HGFAHAGGGGGGRAQ---LVAAACPGGLG-----
YTVAGDH-----DG-----TVRLGWKGTPLYAVSAW
>OsGRAS-1 .
IRLVHLLMSCAGAI EAGD---HA-LASAQLAD---SHAALAAVS---AASG-----IGRVAVHFTTA-LSRRLFP-S-----
-----PVAPPTTDAEHAF---L-----YHHFYEACPYLKFAHFTANQAI LEAFH-----
GCDH-----VHVIDFS-LMQG---LQWPALIQALALRP-----GGP-----P-----FLRITGI-----
GPPSP-T--GRD---ELRDVGLRLADLARSVRVR-FSFRGVAAN-SLD-----EV-RP-----W-M---LQI-
-APG-----EAVAFNSVLQHLRL-----GDPAD-----
QAPIDAVLDCVASVRPKIFTVIEQEA-----DH-N-KTGFLDRFT-----EALFYSAVFDLDA---ASASGGA-----
GNAMAEAYLQREICDIV-CG---EGA--A---R---RE-RHEPLSR---WRDLRTR-AGLSAVPLGSLNALRQARMLVGLF-SGEG-----
HSV-----EEA-DG-----CLTLGWHGRPLFSASAW
>AtRGA .
VRLVHALMACAEAIQNN-----LT-LAEALVKQIGCL-----AVS---QAGA-----MRKVATYFAEA-LARRIYR-----
-----LSPPQNQIDHCLSD---TL-----QMHFYETCPYLKFAHFTANQAI LEAFH-----
GKKR-----VHVIDFS-MNQG---LQWPALMQALALRE-----GGP-----P-----TFRLTGI-----
GPPAPDN-----SDHLHEVGCKLAQLAEAIHVE-FEYRGFVAN-SLA-----DL-DA-----S-M---LEL-
-RPSD---TEAVAVNSVFEHLKLL-----
GRPGGIEKVLGVVQKIKPVI FTVVEQES-----NH-N-GPVFLDRFT-----ESLHYSTLFDLDA-EG-----VPNSQDK-----
VMSEVYLGKQICNLV-AC---EGP--D---R---VE-RHETLSQ---WGNRFGS-SGLAPAHLGSNAPKQASMLLSVFNSSGQ-----YRV--
---EES-NG-----CLMLGWHTRPLITTSAW
>OsGRAS-13 .
LRLHLLMAAAEALS GPHK---SRE-LARVILVR---L-KE---MVSHTASANAAA-----SNMERLAAHFTDA-LQGLLDG-SHP-----
-----VGGSGRQAAAAASHHH-----AGDVLTA-FQMLQDMSPYMKFGHFTANQAI LEAVS-----
GDRR-----VHIVDYD-IAEG---IQWASLMQAMTSRA-----DGVP---AP-----HLRITAVSRS-----
GG-----G--GARAVQEAGRRLSFAFAASIGQP-FSFGQCRLD-SDE-----RF-RP-----A-T-----
VRM--VKG---EALVANCVLHQAAAT-----TTIRRTG-----
SVASFLSGMAALGAKLVTVVEE EGEAEKDDGDSAGDAA-AGGFVRQFM-----EELHRYSAVWDSL-EA-G---FPTQSRV-----
RGLVERVILAPNIAGAV-----S---R-A-YRGVDGEGRCG---WGQWMRG-SGFTAVPLSFCFNHSQARLLLLGLF--NDG-----
YTVE-----ETG-PN-----KIVLGWKARRLMSASVW
>AtGRAS-23 .
LRLVHLLVAAAADASTGANK---SRE-LTRVILAR---L-KD---LVS-----PGDR-----TNMERLAAHFTNG-LSKLE-----
-----RDSVLCPPQHRD-----DVYDQADVISA-FELLQNMSPYVNFYLTATQAI LEAVK-----
YERR-----IHIVDYD-INEG---VQWASLMQALVSRN-----TGPS---AQ-----HLRITALSRA-----
TN-----GKKSVAAVQETGRRLTAFADSIGQP-FSYQHCKLD-TNA-----F-ST-----S-S-----
LKL--VRG---EAVVINCLMLHLPFS-----HQTPS-----
SVISFLSEAKTLNPKLVTLVHEE-----VGLMG-NQGFLYRFM-----DLLHQFSAIFDSL-EA-G---LSIANPA-----
RGFVERVFIGPWVANWL-----T---RIT-ANDAEVESFAS---WPQWLET-NGFKPLEVSTNRCQAKLLLLSLF--NDG-----
FRVE-----ELG-QN-----GLVLGWKSRRLVSASFVW
>OsGRAS-6 .
LCLIHLLLNCAAAAAGR-----LD-AANAALAH---I-AS---LAA-----PDGD-----A-MQRVAAAFAEA-LARRALR-AWP--GL--
CRALLL-----PRASPTP-----AEVAAA-RRHFLDLCPPFLRLAGAAANQS I LEAME-----
SEKI-----VHVIDLG-GADA---TQWLELHLLAARP-----EGP-----P-----HLRLTSV-----
-----HEH-KELLTQTAMALTKEAERLDVP-FQFNP-VVS-RLD-----AL-DV-----E-S-----LRV-
-KTG---EALAICSSLQLHCLLASDDD-----AAA-----VAGGDKERRSPESGLS---
PSTSRADAF LGALWGLSPKVMVAEQEA-----SH-N-AGLTERFV-----EALNYAALFDCL-EV-G---AARGSVE-----
RARVERWLLGEEIKNIV-AC---DGG--E---R---RE-RHERLER---WARRLEG-AGFGRVPLSYALLQARRVAQ-----
GLGCDGFKVREE-----KG-----NFFLCWQDRALFSVASW
>AtSCL3 .
LYLIHLLLT CANHVASGS-----LQ-NANAAL EQ---L-SH---LAS---PDGD-----T-MQRIAA YFTEA-LANRILK-SWP--GL--
YKALNA-----TQTRTNVNSEI IHV-RRLFFEMFPILKVS YLLTNRAI LEAME-----
GEKM-----VHVIDLD-ASEP---AQWLALQAFNSRP-----EGP-----P-----HLRITGV-----
-----HHQ-KEVLEQMAHRLIEEA EKLDIP-FQFNP-VVS-RLD-----CL-NV-----E-Q-----LRV-
-KTG-----
EALAVSSVLQHTFLASDDDLMRKNCALRFQNNPSGVLDLQRLVMMSHGSAEARENDMSNNNGYSPSGDSASSLPLPSSGRDTSFLNAIWGLSPKVMVVT
EQDS-----DH-N-GSTLMERLL-----ESLYTYAALFDCL-ET-K---VPRTSQD-----RIKVEKMLFGEEIKNII-SC---EGF--
E---R---RE-RHEKLEK---WSQRIDL-AGFNVPLSYAMQLQARRLLQ-----GCGFDGYRIKEE-----SG-----
CAVICWQDRPLYSVSAW
>OsGRAS-26 .
VLMVSLRISIAAFLADGT-----CQM QVNDGLSC---V-VD---LAG-----GDADGGVGEGRS-AQRLASAFAEA-LALRFIL-PCD--GV--
CRSLHL-----TRAPPPP-----AVSAA-RQGFRAMCPFVRLAAAAANLS IAEVME-----

AERA-----VVHVVDLGGGVDA-----NQWVELVRLVAARP-----GGP-----PG-----LLRLTVV-----
-----NES-EDFLSAVAAYVAEAQRDLDS-LQFHP-VLS-SIE-----EL-SATATGSIGS-R-----LVV-
-IPG-----QPLAVVANLQIHRLLAFFDY-----VD-----GVAS-----RRPAEQSGSSQHTMTT--
ATKTKADALLRAIRDNLNPKLVLTENEA-----DH-N-VAELGARVW-----NALNYAALFDAL-EA-SSTPPAAVPPHE-----
RACVERWVLGEEIKDIV-VR-----ETG-----R-----RE-RHETLGR---WAERMVA-AGFSPVTA-
RALASTETLAQQMVAAGGGGAGAVLRAAHG-----GGC-----FPVICWCDVPVFSVSTW
>OsGRAS-12 .
GDLKQVIAACGKAVDENS-----WYRDLLISE--L-RN---MVS-----ISGE-----P-MQRLGAYMLEG-LVARLSS-TGH--AL--
YKSLKC-----KEPTSFELMSY-MHLLYEICPFFKFGYMSANGAIAEAVK-----
GENF-----VHIIDFQ-IAQG---SQWATMIQALAARP-----GGP-----P-----YLRITGI-----
DDSNS----AHARGGLDIVGRRLFNIAQSCGLP-FEFNA-VPA-ASH-----EVMLE-----H-----LDI-
-RSG----EVIVVNFAYQLHHTP-----DESVG-----
IENHRDRILRMVKGLSPRVVTLVEQEA-----NT-N-TAPFFNRYL-----ETLDYYTAMFEAI-DV-A----CPRDDKK-----
RISTEQHCVARDIVNLI-AC-----EGA--E-----R---VE-RHEPFGK---WRARLSM-AGFRPYPLSALVNNTIKKLLDSYHSY-----
YKLEER-----DG-----ALYLGWKNRKLIVVSSAW
>AtSCL13 .
LDLKEVLVEAARAVADGD----FA-TAYGFLDV---L-EQ---MVS-----VSGS-----P-IQRLGTYMAEG-LRARLEG-SGS--NI--
YKSLKC-----NEPTGRELSY-MSVLYEICPYWKFAYTTANVEILEAIA-----
GETR-----VHIIDFQ-IAQG---SQYMFLIQLAKRP-----GGP-----P-----LLRVTGV-----
DDSQS----TYARGGGLSLVGERLATLAQSCGVP-FEFHDAIMS-----GCKVQRE-----H-----LGL-
-EPG----FAVVVNFYVVLHHP-----DESVS-----
VENHRDRLLHLIKSLSPKLVTLVEQES-----NT-N-TSPFLSRFV-----ETLDYYTAMFESI-DA-A----RPRDDKQ-----
RISAEQHCVARDIVNMI-AC-----EES--E-----R---VE-RHEVLGI---WRVRMM-AGFTGWVSTSAFAAASEMLKAYDKN-----
YKLGGH-----EG-----ALYLFWKRRPMATCSVW
>OsGRAS-2 .
VDLETLIHCQAQSVATDD----RR-SATELLKQ---I-RQ---HAH---ANGD-----G-DQRLAHCFFANG-LEARLAG-TGS--QI--
YKNYTI-----TRLPCTDVLKA-YQLYLAACPFFKISHYFANQTI LNAVE-----
KAKK-----VHIVDYG-IYYG---FQWPCLIQRLSNRP-----GGP-----P-----KLRIITGI-----
DTPQP---GFRPAERTEETGRYLSDYAQTFNVP-FEFQA-IAS-RFE-----AVRME-----D-----LHI-
-EED---EVLIVNMFKFKNLN-----DESVVAE-----
SPRNMALKTIRKMNPHVFIHGVVNG-----SY-N-APFFVTRFR-----EALFHYSALFDML-ET-N----IPKDNEQ-----
RLLESALFSREAINVI-SC-----EGL--E-----R---ME-RPETYKQ---WQVRNQR-VGFKQLPLNQDMMKRAREKVR-CYHKD-----
FII-----DED-NR-----WLLQGWKGRILFALSTW
>OsGRAS-46 .
VDLHTLIHCAQAVATSD----RR-SATELLKQ---I-KQ---NSS-----ARGD-----A-TQRLACCFAEG-LEARLAG-TGS--QV--
YKSLVA-----KCTSTVDLKA-YKLFAAACCIKVSFIFSNKTI L DAVA-----
GRRK-----LHIVDYG-LSYG---FQWPGLPKCLSERE-----GGP-----P-----EVRIITGI-----
DFPQP---GFRPADQIEETGRRLSNCARQFGVP-FRFQA-IAA-KWE-----TVRRE-----D-----
LHLDREEEEEEEVVLVNVNCLHFLNALQ-----DESVVVD--
SPSPRDMVLNNIRDMPHVQCVVNG-----AY-G-APFFLTRFR-----ETLFFYSQFDML-DA-T----IPRDNDE-----
RLLIERDILGRWALNVI-AC-----EGA--D-----R---VD-RPETYKQ---WLVNRH-AGLTQLPLQPQVVELVRDKVKKLYHKD-----
FVI-----DVD-HN-----WLLQGWKGRILYAMSTW
>OsGRAS-48 .
VDLHNLHCAQAVATSD----RR-SATELLKQ---I-KQ---HSS-----AWGD-----A-GQRLAHCFAEQ-LEARLAG-TGS--QV--
YQSLMS-----QRTSVVDFLKA-YRLYMEACCKKVAVFVSNKTI Y DAVA-----
GRRK-----LHIVDYG-LSYG---FQWPGLRELAARR-----GGP-----P-----EVRIITGI-----
DLPQP---GFRPDQIEETGRRLSRYADELQVP-FKFGH-IAATKKE-----SVRRE-----E-----LGE-
AEED---EVLVVISLCHFRNVM-----DESLQED-
SSRSPRDEVLGNIRMRPDMVFIHGIMNG-----AY-G-ATYFLTRFR-----EALYAAAQFDLL-DA-T----VGRESHE-----
RMLVERDIFGRAALNVI-AC-----EGA--E-----R---VE-RPEMYKQ---WQARNQR-AGLRQLPLNPQVVRVLVDKVRDKYHKD-----
FVV-----DED-QR-----WLLHRWKGRVLYALSTW
>AtGRAS-1 .
VDFRLLTLCAQSVSAGDKI-----TADDLLRQ---I-RK---QCS-----PVGD-----A-SQRLAHFFANA-LEARLEGSTGT--
MIQSYDSISS-----KKRTAAQILKS-YVFLSASPFTLIYFFSNKMI L DAAK--
-----DASV-----LHIVDFG-ILYG---FQWPFIQHLSKSN-----PGLR-----KLRIITGI-----
-----EIPQH---GLRPTERIQDTGRRLTEYCKRFGVP-FEYNA-IASKNWE-----TIKME-----E-----
-FKI--RPN---EVLAVNAVLRFKNLR---DVI-----PG-----
EEDCPRDGFLKLIRDMNPNVFLSSTVNG-----SF-N-APFFTTRFK-----EALFHYSALFDLF-GA-T----LSKENPE-----
RIHFEGEFYGREVMNVI-AC-----EGV--D-----R---VE-RPETYKQ---WQVRMIR-AGFKQKQVVEAELVQLFREKMKKWGYHKD-----
FVL-----DED-SN-----WFLQGWKGRILFSSSCW
>AtSHR .
KWADSVLLEAARAFSDKD----TA-RAQQILWT---L-NE---LSS-----PYGD-----T-EQKLASYFLQA-LFNRTG-SGER-----
CYRTMVTAAA-T-----EKTCSEFSTRKT-VLKFQEVSPWATFGHVAANGAILEAVD-----
-GEAK-----IHIVDIS-----S-TFCTQWPTLLEALATRS-D-----DTP-----HLRLTTVVVA-----
NKFVND-----QTASHRMKEIGNRMEKFARLMGVP-FKFNI-IHH-----VGDLEF-----DL-NE-----
LDV--KPD---EVLAINCVGAMHGIA-----
SRGSPRDAVISSFRRLRPRIVTVVEEADLVE-----EEGFDDEFLRGFG-----ECLRWFRCFESW-EE-S---FPRTSNE-----
RLMLERA-AGRAIVDLV-AC-----EPS--D-----S---TE-RRETARK---WSRRMRN-SGFGAVGYSDEVADVRALLRRYKEG-----
WSMVQCP---DAA-----GIFLCWRDQPVVWASAW
>OsGRAS-15 .
RWAAQLMECARAVAGRD----SQ-RVQQLMWM---L-NE---LAS-----PYGD--V-----DQKLASYFLQG-LFARLTT-SGPR-----
TLRTLATASD-----RNASFDSTRRT-ALKFQELSPWTFPGHVAANGAILESFLA--
AAAGAAASSSSSSSTPPTRLHILDLS-----NTFCTQWPTLLEALATRSSD-----DTP-----HLSITTVV-----
-----PTAAP--SAAQVRMREIQRLKFAFLMGVP-FSFRA-VHH-----SGDLADL-----DL-----A-A-----
LDL--REGG--ATAALAVNCVNALRGVA-----
RGRDAFVASLRRLEPRVTVVVEEADLAAPEAD-ASSEADTDAAFVKVFG-----EGLRFFSAYMDSL-EE-S---FPKTSNE-----RLSLERA-
VGRAIVDLV-SC---PAS--Q---S---AE-RRETAAS---WARRMRS-AGFSPAAFSEVDVRSLLRRYKEG-----
WSMRDAGGATDDA-AG-----AAAAGFLAWKEQPVVWASAW

```

>AtGRAS-14 .
SVIEQLFNAAELIGTTGNNNGDHTVLAQGILAR---L-NHH-LNTSS-----NHKS-----P-FQRAASHIAEA-LLSLIHN-----
-----ESSPLITPENLILR-----IAA-YRSFSETSPFLQFVNFTANQSIILESCNES-----
GFDR-----IHIIDFD-VGYG---GQWSSLMQELASGV-----GRRR--NRAS-----SLKLTVF-----
APPS---TVSDEFELRFTTEENLKTFAEVKIP-FEIEL-LSV-----EL-----LLNPAY--WPLSL-
-RSSE--KEAIAVNLV-----NSVAS-----
GYLPLILRFLKQLSPNIVVCSDRGC-----DR-N-DAPFPNAVI-----HSLQYHTSLLLES-DA-N-----QNQDDSS-----
IERFWVQPSIEKLL-----M---K-----RHRWIERS-PPWRILFTQ-CGFSPASLSQMAEAQAECLLQR-----N--
PVRGFHVVEKR-----QS-----SLVMCWQRKELVTVSAW
>AtSCL15 .
EDFIEDLIRVDCVESDE-----LQ-LAQVVLSR---L-NQ---RLRS-----PAGR-----P-LQRAAFYFKEA-LGSFLTG-----
-----SNRNPIRLSSW-----SEIVQRIRA-IKEYSGISPIPLFSHFTANQAILDLSL-----
SQSSS-----PF--VHVVDVE-IGFG---GQYASLMREITEKSV-----SGG-----FLRVTAUV-----
-----AEECAVETRLVKENLTQFAAEMKIR-FQIEF-VLMKTFE-----ML-----SFK---AIRF-
-VEG-----ERTVVLISPAIFRRL-----
SGITDFVNNLRVSPKVVVFDSEG-----WTEIAG-SGSFRREFV-----SALEYTMVLES-DA-A---APPGLV-----
KKIVEAFVLRPKISA AV-----ETAA-D---R-----RHTGEMT---WREAFCA-AGMRPIQLSQFADFQAECLLEKAQ-----
VRGFHVAKR-----QG-----ELVLCWHGRALVATSAW
>OsGRAS-45 .
DSLSDLLLAGAEAVEAGDSI-----LASVAFSR---L-DD---FLS--GIPENGA-----ASSFDRLAYHFDQ-LSRSMSS-AST-----
-----GCYQPEPLPSGNMLV-----HQIIQELSPFVKFAHFTTNQAILDAI-----
GDMD-----VHVVDLN-IGEG---IQWSSLSMDLAR-----CGGK-----SFRLTAITTY-----
-----ADCHASTHTVRLLESEFADSLLELP-FQYNS-ICV-HNED-----EL-HAFFEDCKGS-----VIV-
-SCD---TTSMYKSLSTLQSSL-----
LVCVKLQPKLVVTIEEDL---VRIGG---VSP-S-SASFVEFFF-----EALHHTTVFESM---ASC--FIGSSYE----
PCLRLVEMELLPRIQDFV---VKYGSV-----RVEANASEVL-----EGFMACELSACNIAQARMLVGLFN-----
RVFGVVE-----KG-----RLALCWKSRPLISVSVW
>OsGRAS-8 .
QQLDELAAAAKATEAGNSV-----GAREILAR---L-NQ---QLP-----PLGK-----P-FLRSASYLREA-LLLALAD-SHH--GV-----
-----SSVTP-----LDVALKLA-A-YKSFSDLSPVLQFANFTATQALLDEIG-----
GTAT-----SCIHVIDFD-LGVG---GQWASFLQELAHHRAA-----GGVTL---P-----LLKLTAFVST-----
-----ASHHPLELHLTQDNLSQFAADLGIP-FEFNA-VSLDAFN-----PG-----EL--I-----S-----
-STGD---EVVAVSLPVGCSARA-----
PPLPAILRLVKQLSPKIVVAIDHGA-----DR-A-DLSFSQHFL-----NCFQSCVFLDLSL-DA-AG---IDADSAC-----
KIERFLIQPRVHDMV---L-G-----RHKVHKA--IAWRSVFAA-AGFKPVPSPNLAEAQADCLLKRQV---VR-----
GFHVEK-----CG-----AALTLYWQRGELVSISSW
>OsGRAS-14 .
RWAEQLLNPCAVAVEAGN---LS-RVQHLYFYV---L-GE---LES---FSGD-----A-NHRLAAHGLRA-LARWLPA-----AVGP-----
---AA-AAV-----RVPPCSEPTTAFAA-----AEPRLFRAS-LIRFHEVSPWFALPNALANAAIAQASTCG--
AAGATPR-----PLHVVDLG-VSHG---VQWPTLLES-TRQP-----GGRA---PP-----SVRLTVVG---P-
GATATSPVAPFSASPPGYD-----FSPHLLRYAKSINLD-LRIS-----R-----AA-----TL-DD---A-----
---VPG---DDG---EALVVCLQFRLLGHA-----AEE-----
RREVLKARKGLNPELVVL---SEL-----DS-G-VGVVGGDGG-----SAAGEFAARLELL-WR-F---LESTSAAFKGDV---
EERRLEAEAGAILAADVAAGE--G---R-----EG---WRERMAA-AGFEEAPFGAEAVESARSLLRKYDSE-----
WEMSAP---SPA-AA-----AVALRWKQPVVFCSLW
>AtGRAS-16 .
RWAEKLLNPCALAITASN---SS-RVQHLYCV---L-SE---LAS---SSGD-----A-NRRLAAGFLRA-LQHHLSS---S-SVS-----
-----SSFVPVTFAS-----AEVKMFQKT-LLKFYEVS PWFALPNMANSAILQILAQDP-----
KDKK-----D-LHIIDIG-VSHG---MQWPTLLEALSCLL-----EGPP---P-----RVRITVISDL-----
TADIFPSVGPYPGYN-----YGSLLGFARSLKIN-LQIS---VLD-----KL-----QL-----
IDT--SPH---ENLIVCAQFRLHHLK-----H--
SINDERGETLKAVRSIRPKGVVLCENNGE-----CSS---SADFAAGFS-----KKLEYVVKFLDST-SS-G---FKEENSE-----
ERKLMGEATKVLNAGDMNEGK--E---K-----WYERMRE-AGFFVEAFEDAVDGAKSLLRKYDNN-----WEIRME-----
---DG-----DTFAGLMWKGEAVSFCSLW
>OsGRAS-22 .
TTSRQLLSEAAAAIADGH---NE-TAATHLTA---L-KR---AAN-----SRGD---V-----EQRLVAMVAA-LSSRIGQ-TASVPDICG---
-----GETRAG-SQLLHDISPFCRLALHAANVAIVDAV-----
GDHRA---IHLVDFD-VSAP-----QHADLIRCLAARRL-----PGT-----SLKVTAV-----
TDPASPF--TQSVTATLH---LQKLAERAGID-YRFKM-VSC-----RAG-----EI-EA-----S-K---LGC-
-EAG---EALAVNLAFALSHVP-----DESVS-----
PANPRDEILRRVRALGPQVVALVEQEL-----NS-N-TAPLTTRFT-----DACAHYGAILESL-DA-T---IPRESAE-----
RARAEAA-LGGRAANAV-AR---EGA--D---R---LE-RCEVFGK---WRSRFGM-AGFRPVALGPGIADQVLARQGPVAAG-----
FAVKAE-----NG-----VLRGWMGRVVTVASAW
>AtSCL8 .
VCSRQTVMEIATAIAEGK---TE-IATEILAR---V-SQ---TPNL---ERNS-----EKLVDVMVAA-LRSRIAS-----PV-----
-----TELYGKEHLIS-TQLLYELSPCFKLGFEAANLAILDAADNND---
GMMI-----PHVIDFD-IGEG---GQYVNNLRTLSTRR-----NGKSQSQNSP-----VVKITAVANNVYGLV---
-----DDGGEERLKAAGDLSQLGDRLGIS-VSFNV-VTSLRLG-----DLNRE-----S-----LGC-
-DPD---ETLAVNLAFKLYRVP-----DESV-----
TENPRDELRRVKGLKPRVTVLVEQEM-----NS-N-TAPFLGRVS-----ESCAPYGALESV-ES-T---VPSTNSD-----
RAKVEEG-IGRKLNAV-AC---EGI--D---R---IE-RCEVFGK---WRMRMSM-AGFELMPLSEKIAESMKSGRGNRVHPG-----
FTVKED-----NG-----GVCFGWMGRALTVASAW

```

The entire GRAS sequence was used for the alignment while the sequences upstream and downstream of the conserved LHRI and SAW domains, respectively, have been removed.

Figure S5. Phylogenetic reconstruction revealed the absent of ERAMOSA in legumes.



Phylogenetic tree containing all available ERAMOSAs orthologues verifies that ERA cannot be found in the Leguminosae family. In order to avoid an ungainly tree, genes similar to ERA have not been included in the analysis. The phylogenetic tree has been constructed using PhyML software; the scale bar indicates number of substitutions per site.

Table S1. List of primers used in this study.

Primers		Sequence
Degenerate primers	OL135-ERAf	5'-CARTGGCCNCCNYTNATGCA-3'
	OL136-ERAr	5'-TGRTTYTGCCANCCNARRAA-3'
Genotyping	Am1-f	5'-ACAAGCCATCCACATACTCG-3'
	Am2-WTr	5'-AACACCGCCGCGTAATGATC-3'
	Am9-mutr	5'-TCTTGGGACATAGGTTTTATGCGACAGAT-3'
Semi-Q RT-PCR	Am7-ERAf	5'-TGAAGAAGCCCTACTTCAGTCC-3'
	Am12-ERAr	5'-TCGAGTATGTGGATGGCTTG-3'
	Ve21-ACTf	5'-GCCAAAGCAGTGATCTCTTTGCTC-3'
	Ve33-ACTr	5'-CACTCCTGCCATGTATGTCGCTAT-3'
In situ	Am1-ERAf	5'-ACAAGCCATCCACATACTCG-3'
	Am2-ERAr	5'-AACACCGCCGCGTAATGATC-3'
	Am5-ERAr	5'-taatacactactatagggAACACCGCCGCGTAATGATC-3'
	Am39-STMf	5'-TCTCAACAAGGGTTTTTCAGAC-3'
	Am40-STMr	5'-GCTGCTTCTTCTAGCCTCGA-3'
	Am41-STMr	5'-taatacactactatagggGCTGCTTCTTCTAGCCTCGA-3'
Cloning	Am59-ERAf	5'-ggggacaagttgtacaaaaaagcaggcttcATGTTGGGCAGCTCATTTGG-3'
	Am60-ERAr	5'-ggggaccactttgtacaagaaagctgggtTCAGTGCCACGAAGAAACCG-3'
	Am67-INCOF	5'-ggggacaagttgtacaaaaaagcaggcttcATGGCTAGGGAGAAGATCCAGATC-3'
	Am68-INCOF	5'-ggggaccactttgtacaagaaagctgggtTCAGTTTCAGCCAGAGTATGG-3'
	Am69-SQUAf	5'-ggggacaagttgtacaaaaaagcaggcttcATGGGGAGAGGGAAAGTACAACCTG-3'
	Am70-SQUAr	5'-ggggaccactttgtacaagaaagctgggtTCATGCAGCAAAGCATCCAAGATG-3'

Table S2. Locus/sequence ID of LATERAL SUPPRESSOR sequences used for the construction of the phylogenetic tree in Fig. 5.

	Clade	Subfamily	Species	Locus/sequence ID	Database	References
Ppat Ls1	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Physcomitrella patens</i>	Pp1s116_166V6	Phytozome	
Ppat Ls2	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Physcomitrella patens</i>	Pp1s240_118V6	Phytozome	
Ppat SCL4	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Physcomitrella patens</i>	Pp1s362_33V6	Phytozome	
Sm Ls1	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Selaginella moellendorffii</i>	scaffold_17:651,163..652,533 (reverse orientation)	Phytozome	
Sm Ls2	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Selaginella moellendorffii</i>	84560	Phytozome	
Sm SCL4-1	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Selaginella moellendorffii</i>	scaffold_78:396,615..398,099	Phytozome	
Sm SCL4-2	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Selaginella moellendorffii</i>	122435	Phytozome	
Paqu Ls	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Pteridium aquilinum</i>	EST_lrc34288		2
Pa Ls	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Picea abies</i>	MA_10255g0010	Congenie.org	
Pa SCL4	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Picea abies</i>	MA_10435790g0010	Congenie.org	
Atri Ls	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Amborella trichopoda</i>	AmTr_v1.0_scaffold00061.21	Amborella Genome Database	
Atri SCL4	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Amborella trichopoda</i>	AmTr_v1.0_scaffold00059.32	Amborella Genome Database	
Pd Ls1	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Phoenyx dactylifera</i>	PDK_30s827291c009		3
Pd Ls2	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Phoenyx dactylifera</i>	PDK_30s722381c002		3
Pd Ls3	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Phoenyx dactylifera</i>	PDK_30s772531c007		3
Ma Ls1	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Musa acuminata</i>	GSMUA_Achr1G09360_001	Genoscope/Cirad	
Ma Ls2	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Musa acuminata</i>	GSMUA_Achr7G16880_001	Genoscope/Cirad	
Ma Ls3	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Musa acuminata</i>	GSMUA_Achr1G19470_001	Genoscope/Cirad	
Ma Ls4	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Musa acuminata</i>	GSMUA_AchrUn_randomG25630_001	Genoscope/Cirad	
Ma SCL4-1	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Musa acuminata</i>	GSMUA_Achr3G30530_001	Genoscope/Cirad	
Ma SCL4-2	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Musa acuminata</i>	GSMUA_AchrUn_randomG22160_001	Genoscope/Cirad	
Ma SCL4-3	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Musa acuminata</i>	GSMUA_Achr4G07320_001	Genoscope/Cirad	
Os MOC1	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Oryza sativa</i>	LOC_Os06g40780	Phytozome	4
OsGRAS-7	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Oryza sativa</i>	LOC_Os02g10360	Phytozome	5
OsGRAS-19	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Oryza sativa</i>	LOC_Os03g51330	Phytozome	5
Ac Ls	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Aquilegia coerulea</i>	Aquca_045_00170	Phytozome	

Ac SCL4-1	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Aquilegia coerulea</i>	Aquca_010_00478	Phytozome	
Ac SCL4-2	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Aquilegia coerulea</i>	Aquca_013_00373	Phytozome	
Vv Ls	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Vitis vinifera</i>	GSVIVG01014862001	Phytozome	
Vv SCL4	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Vitis vinifera</i>	GSVIVG01018975001	Phytozome	
Rc Ls	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Ricinus communis</i>	28966.t000014	Phytozome	
Rc SCL4	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Ricinus communis</i>	29634.t000102	Phytozome	
Me Ls1	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Manihot esculenta</i>	cassava4.1_022846m.g	Phytozome	
Me Ls2	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Manihot esculenta</i>	cassava4.1_022511m.g	Phytozome	
Me SCL4-1	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Manihot esculenta</i>	cassava4.1_003937m.g	Phytozome	
Me SCL4-2	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Manihot esculenta</i>	cassava4.1_003952m.g	Phytozome	
Lu Ls1	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Linum usitatissimum</i>	Lus10032882.g	Phytozome	
Lu Ls2	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Linum usitatissimum</i>	Lus10027123.g	Phytozome	
Lu SCL4-1	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Linum usitatissimum</i>	Lus10041740.g	Phytozome	
Lu SCL4-2	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Linum usitatissimum</i>	Lus10024014.g	Phytozome	
Pt Ls1	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Populus trichocarpa</i>	Potri.001G473200	Phytozome	
Pt Ls2	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Populus trichocarpa</i>	Potri.015G008300	Phytozome	
Pt Ls3	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Populus trichocarpa</i>	Potri.012G020200	Phytozome	
Pt SCL4-1	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Populus trichocarpa</i>	Potri.007G026300	Phytozome	
Pt SCL4-2	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Populus trichocarpa</i>	Potri.005G123800	Phytozome	
Mt SCL4	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Medicago truncatula</i>	Medtr4g077760 and Medtr4g077750	Phytozome	
Pv SCL4	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Phaseolus vulgaris</i>	Phvul.011G020600	Phytozome	
Gm SCL4-1	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Glycine max</i>	Glyma12g02060	Phytozome	
Gm SCL4-2	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Glycine max</i>	Glyma11g09761	Phytozome	
Cs Ls	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Cucumis sativus</i>	Cucsa.041490	Phytozome	
Cs SCL4-1	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Cucumis sativus</i>	Cucsa.201400	Phytozome	
Cs SCL4-2	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Cucumis sativus</i>	Cucsa.127390	Phytozome	
Pp Ls	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Prunus persica</i>	ppa025834m.g	Phytozome	
Pp SCL4	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Prunus persica</i>	ppa003124m.g	Phytozome	
Fv Ls	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Fragaria vesca</i>	gene01184-v1.0-hybrid	Phytozome	
Fv SCL4	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Fragaria vesca</i>	gene14780-v1.0-hybrid	Phytozome	

Md Ls1	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Malus domestica</i>	MDP0000159341	Phytozome	
Md Ls2	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Malus domestica</i>	MDP0000389025	Phytozome	
Md SCL4-1	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Malus domestica</i>	MDP0000256486	Phytozome	
Md SCL4-2	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Malus domestica</i>	MDP0000575908	Phytozome	
At LAS	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Arabidopsis thaliana</i>	AT1G55580	Phytozome	6
At SCL4 (AtGRAS-32)	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Arabidopsis thaliana</i>	AT5G66770	Phytozome	5,7
At SCL7 (AtGRAS-19)	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Arabidopsis thaliana</i>	AT3G50650	Phytozome	5,7
Cr Ls	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Capsella rubella</i>	Carubv10011270m.g	Phytozome	
Cr SCL4-1	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Capsella rubella</i>	Carubv10016973m.g	Phytozome	
Cr SCL4-2	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Capsella rubella</i>	Carubv10017026m.g	Phytozome	
Es Ls	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Eutrema salsugineum</i>	Thhalv10011480m.g	Phytozome	
Es SCL4-1	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Eutrema salsugineum</i>	Thhalv10003860m.g	Phytozome	
Es SCL4-2	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Eutrema salsugineum</i>	Thhalv10011122m.g	Phytozome	
Cp Ls	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Carica papaya</i>	evm.TU.supercontig_12.48	Phytozome	
Cp SCL4	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Carica papaya</i>	evm.TU.supercontig_6.108	Phytozome	
Gr Ls	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Gossypium raimondii</i>	Gorai.004G034900	Phytozome	
Gr SCL4-1	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Gossypium raimondii</i>	Gorai.008G068100	Phytozome	
Gr SCL4-2	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Gossypium raimondii</i>	Gorai.003G015400	Phytozome	
Tc Ls	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Theobroma cacao</i>	Thecc1EG030498	Phytozome	
Tc SCL4	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Theobroma cacao</i>	Thecc1EG000399	Phytozome	
Eg Ls	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Eucalyptus grandis</i>	Eucgr.F01978	Phytozome	
Eg SCL4	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Eucalyptus grandis</i>	Eucgr.I02451	Phytozome	
Csi Ls	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Citrus sinensis</i>	orange1.1g048299m.g	Phytozome	
Csi SCL4	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Citrus sinensis</i>	orange1.1g006986m.g	Phytozome	
Cc Ls	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Citrus clementina</i>	Ciclev10008226m.g	Phytozome	
Cc SCL4	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Citrus clementina</i>	Ciclev10025169m.g	Phytozome	
Am ERA	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Antirrhinum majus</i>		This work	
Mg Ls	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Mimulus guttatus</i>	mgv1a017979m.g	Phytozome	
Mg SCL4	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Mimulus guttatus</i>	mgv1a018392m.g	Phytozome	

Sl Ls	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Solanum lycopersicum</i>	Solyc07g066250.1	Phytozome	8
Sl SCL4	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Solanum lycopersicum</i>	Solyc02g085340.1	Phytozome	
St Ls	<i>Ls</i>	<i>Ls</i>	<i>Solanum tuberosum</i>	PGSC0003DMG400022244	Phytozome	
St SCL4	<i>SCL4</i>	<i>Ls</i>	<i>Solanum tuberosum</i>	PGSC0003DMG400014900	Phytozome	
At SCL15 (AtGRAS-25)		<i>HAM</i>	<i>Arabidopsis thaliana</i>	AT4G36710	Phytozome	
AtGRAS-14		<i>HAM</i>	<i>Arabidopsis thaliana</i>	AT2G45160	Phytozome	
AtGRAS-23		<i>HAM</i>	<i>Arabidopsis thaliana</i>	AT4G08250	Phytozome	
OsGRAS-8		<i>HAM</i>	<i>Oryza sativa</i>	LOC_Os02g44370	Phytozome	
OsGRAS-45		<i>HAM</i>	<i>Oryza sativa</i>	LOC_Os11g06180	Phytozome	
OsGRAS-13		<i>HAM</i>	<i>Oryza sativa</i>	LOC_Os03g15680	Phytozome	
At SCR		<i>SCR</i>	<i>Arabidopsis thaliana</i>	AT3G54220	Phytozome	
AtGRAS-28		<i>SCR</i>	<i>Arabidopsis thaliana</i>	AT5G41920	Phytozome	
OsGRAS-28		<i>SCR</i>	<i>Oryza sativa</i>	LOC_Os05g40710	Phytozome	
OsGRAS-41		<i>SCR</i>	<i>Oryza sativa</i>	LOC_Os11g03110	Phytozome	
AtGRAS-8			<i>Arabidopsis thaliana</i>	AT1G63100	Phytozome	
OsGRAS-32			<i>Oryza sativa</i>	LOC_Os06g03710	Phytozome	
At RGA		<i>DELLA</i>	<i>Arabidopsis thaliana</i>	AT2G01570	Phytozome	
OsGRAS-1		<i>DELLA</i>	<i>Oryza sativa</i>	LOC_Os01g45860	Phytozome	
At SCL3 (AtGRAS-5)		<i>SCL3</i>	<i>Arabidopsis thaliana</i>	AT1G50420	Phytozome	
OsGRAS-6		<i>SCL3</i>	<i>Oryza sativa</i>	LOC_Os01g71970	Phytozome	
OsGRAS-26		<i>SCL3</i>	<i>Oryza sativa</i>	LOC_Os05g31380	Phytozome	
At SHR		<i>SHR</i>	<i>Arabidopsis thaliana</i>	AT4G37650	Phytozome	
AtGRAS-16		<i>SHR</i>	<i>Arabidopsis thaliana</i>	AT3G13840	Phytozome	
OsGRAS-14		<i>SHR</i>	<i>Oryza sativa</i>	LOC_Os03g29480	Phytozome	
OsGRAS-15		<i>SHR</i>	<i>Oryza sativa</i>	LOC_Os03g31880	Phytozome	
At SCL13 (AtGRAS-24)		<i>PATI</i>	<i>Arabidopsis thaliana</i>	AT4G17230	Phytozome	
At SCL8 (AtGRAS-30)		<i>PATI</i>	<i>Arabidopsis thaliana</i>	AT5G52510	Phytozome	

OsGRAS-12		<i>PATI</i>	<i>Oryza sativa</i>	LOC_Os03g09280	Phytozome	
OsGRAS-22		<i>PATI</i>	<i>Oryza sativa</i>	LOC_Os04g49110	Phytozome	
AtGRAS-1		<i>LISCL</i>	<i>Arabidopsis thaliana</i>	AT1G07520	Phytozome	
OsGRAS-2		<i>LISCL</i>	<i>Oryza sativa</i>	LOC_Os01g62460	Phytozome	
OsGRAS-46		<i>LISCL</i>	<i>Oryza sativa</i>	LOC_Os11g47870	Phytozome	
OsGRAS-48		<i>LISCL</i>	<i>Oryza sativa</i>	LOC_Os11g47900	Phytozome	
OsGRAS-4			<i>Oryza sativa</i>	LOC_Os01g67650	Phytozome	
OsGRAS-5			<i>Oryza sativa</i>	LOC_Os01g67670 / LOC_Os01g71970	Phytozome	

SUPPLEMENTARY REFERENCES

1. Vincent, C. A. & Coen, E. S. A temporal and morphological framework for flower development in *Antirrhinum majus*. *Can. J. Bot.* **82**, 681–690 (2004).
2. Der, J. P., Barker, M. S., Wickett, N. J., dePamphilis, C. W. & Wolf, P. G. De novo characterization of the gametophyte transcriptome in bracken fern, *Pteridium aquilinum*. *BMC Genomics* **12**, 99 (2011).
3. Al-Dous, E. K. *et al.* De novo genome sequencing and comparative genomics of date palm (*Phoenix dactylifera*). *Nat. Biotechnol.* **29**, 521–527 (2011).
4. Li, X. *et al.* Control of tillering in rice. *Nature* **422**, 618–621 (2003).
5. Tian, C., Wan, P., Sun, S., Li, J. & Chen, M. Genome-wide analysis of the GRAS gene family in rice and *Arabidopsis*. *Plant Mol. Biol.* **54**, 519–532 (2004).
6. Greb, T. *et al.* Molecular analysis of the LATERAL SUPPRESSOR gene in *Arabidopsis* reveals a conserved control mechanism for axillary meristem formation. *Genes Dev.* **17**, 1175–1187 (2003).

7. Pysh, L. D., Wysocka-Diller, J. W., Camilleri, C., Bouchez, D. & Benfey, P. N. The GRAS gene family in Arabidopsis: sequence characterization and basic expression analysis of the SCARECROW-LIKE genes. *Plant J.* **18**, 111–119 (1999).
8. Schumacher, K., Schmitt, T., Rossberg, M., Schmitz, G. & Theres, K. The Lateral suppressor (Ls) gene of tomato encodes a new member of the VHIID protein family. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* **96**, 290–295 (1999).