Arabidopsis thaliana

Class 1: GPI-AGPs - 17

```
>AT1G35230.1|PACid:19657214   AGP5
MASKSVVVFLFLALVASSVVAQAPGPAPTISPLPATPTPSQSPRATAPAPSPSANPPPSAPTTAPPVSQPPTESPPAPPTSTSPSGAPGTNVPSGEAGPAQSPLSGSPNAAAVSRVSLVGTFAGVAVIAALLL
>AT2G14890.1|PACid:19640833   AGP9
MARSFAIAVICIVLIAGVTGQAPTSPPTATPAPPTPTTPPPAATPPPVSAPPPVTTSPPPVTTAPPPANPPPPVSSPPPASPPPATPPPVASPPPPVASPPPATPPPVATPPPAPLASPPAQVPAPAPTTKPDSPSPSPSSSPPLPSSDAPGPSTDSISPAPS
PTDVNDQNGASKMVSSLVFGSVLVWFMI
>AT2G22470.1|PACid:19638226   AGP2
MNSKAMQALIFLGFLATSCLAQAPAPAPTTVTPPPTALPPVTAETPSPIASPPVPVNEPTPAPTTSPTTSPVASPPQTDAPAPGPSAGLTPTSSPAPGPDGAADAPSAAWANKAFLVGTAVAGALYAVVLA
>AT2G23130.1|PACid:19639138   AGP17
MTRNILLTVTLICIVFITVGGQSPATAPIHSPSTSPHKPKPTSPAISPAAPTPESTEAPAKTPVEAPVEAPPSPTPASTPQISPPAPSPEADTPSAPEIAPSADVPAPALTKHKKKTKKHKTAPAPGPASELLSPPAPPGEAPGPGPSDAFSPAADDQSGAQR
ISVVIQMVGAAAIAWSLLVLAF
>AT2G47930.1|PACid:19640209   AGP26
MSVSLFTAFTVLSLCLHTSTSEFQLSTISAAPSFLPEAPSSFSASTPAMSPDTSPLFPTPGSSEMSPSPSESSIMPTIPSSLSPPNPDAVTPDPLLEVSPVGSPLPASSSVCLVSSQLSSLLLVLLMLLLAFCSFF
>AT3G01700.1|PACid:19663150   AGP11
MARLFVVVALLALAVGTVFAADAPSAAPTASPTKSPTKAPAAAPKSSAAAPKASSPVAEEPTPEDDYSAASPSDSAEAPTVSSPPAPTPEADGPSSDGPSSDGPAAAESPKSGATTNVKLSIAGTVAAAGFFIFSL
>AT3G06360.1|PACid:19664968   AGP27
MASSILLTLITFIFLSSLSLSSPTTNTIPSSQTISPSEEKISPEIAPLLPSPAVSSTQTIPSSSTLPEPENDDVSADPDPAFAPSASPPASSLASLSSQAPGVFIYFVFAAVYCFSLRLLAVSAI
>AT3G27416.1|PACid:19660750   AGP59 (new)
MTLKLLSLAVAALAITAVLAADPPTPANAPKANGEKNSTSPSPAAAASPKSPTASAPTSPPTAAPTMAKKNSTGTPSPSPSSPSPKSSSAKTPASSPDSSSGDSSEGPTSSSDAPTASSPPAPTPEMSPSSDDGTGASDGPEASAPAAGASSLVISVSGSVLA
AVAWLFFI
>AT4G09030.1|PACid:19644227   AGP10
MASKSVVVLLFLALIASSAIAQAPGPAPTRSPLPSPAQPPRTAAPTPSITPTPTPTPSATPTAAPVSPPAGSPLPSSASPPAPPTSLTPDGAPVAGPTGSTPVDNNNAATLAAGSLAGFVFVASLLL
>AT4G16980.1|PACid:19647627   AGP58
MASSFSSQAFFLLTLSMVLIPFSLAQAPMMAPSGSMSMPPMSSGGGSSVPPPVMSPMPMMTPPPMPMTPPPMPMTPPPMPMAPPPMPMASPPMMPMTPSTSPSPLTVPDMPSPPMPSGMESSPSPGPMPPAMAASPDSGAFNVRNNVVTLSCVVGVVAAHFLL
V
>AT4G37450.1|PACid:19645067   AGP18
MDRNFLLTVTLICIVVAGVGGQSPISSPTKSPTTPSAPTTSPTKSPAVTSPTTAPAKTPTASASSPVESPKSPAPVSESSPPPTPVPESSPPVPAPMVSSPVSSPPVPAPVADSPPAPVAAPVADVPAPAPSKHKKTTKKSKKHQAAPAPAPELLGPPAPPTE
SPGPNSDAFSPGPSADDQSGAASTRVLRNVAVGAVATAWAVLVMAF
>AT4G40090.1|PACid:19648772   AGP3
MALKTLQALIFLGLFAASCLAQAPAPAPITFLPPVESPSPVVTPTAEPPAPVASPPIPANEPTPVPTTPPTVSPPTTSPTTSPVASPPKPYALAPGPSGPTPAPAPAPRADGPVADSALTNKAFLVSTVIAGALYAVLA
>AT5G10430.1|PACid:19665913   AGP4
MGSKIVQVFLMLALFATSALAQAPAPTPTATPPPATPPPVATPPPVATPPPAATPAPATPPPAATPAPATTPPSVAPSPADVPTASPPAPEGPTVSPSSAPGPSDASPAPSAAFSNKAFFAGTAFAAIMYAAVLA
>AT5G14380.1|PACid:19665343   AGP6
MARQFVVLVLLTLTIATAFAADAPSASPKKSPSPTAAPTKAPTATTKAPSAPTKAPAAAPKSSSASSPKASSPAAEGPVPEDDYSASSPSDSAEAPTVSSPPAPTPDSTSAADGPSDGPTAESPKSGAVTTAKFSVVGTVATVGFFFFSF
>AT5G18690.1|PACid:19666952   AGP25
MAFSFLNKLLIIFIFIFISLSSSSPTISLVQQLSPEIAPLLPSPGDALPSDDGSGTIPSSPSPPDPDTNDGSYPDPLAFSPFASPPVSSPSPPPSLPSAGVLLISLIISSASFLAL
>AT5G64310.1|PACid:19673006   AGP1
MAFSKSLVFVLLAALLISSAVAQSPAPAPSNVGGRRISPAPSPKKMTAPAPAPEVSPSPSPAAALTPESSASPPSPPLADSPTADSPALSPSAISDSPTEAPGPAQGGAVSNKFASFGSVAVMLTAAVLVI
>AT5G65390.1|PACid:19672144   AGP7
MNSKIIEAFFIVALFTTSCLAQAPAPSPTTTVTPPPVATPPPAATPAPTTTPPPAVSPAPTSSPPSSAPSPSSDAPTASPPAPEGPGVSPGELAPTPSDASAPPPNAALTNKAFVVGSLVAAIIYAVVLA
```

Class 2: CL-EXTs - 16

```
>At2G43150.1|PACid:19639362          EXT8
MATPAWSHAKAQWVVAMLALLVGSAMATEPYYYSSPPPPYEYKSPPPPVKSPPPPYEYKSPPPPVKSPPPPYYYHSPPPPVKSPPPPYVYSSPPPPVKSPPPPYYYHSPPPPVKSPPPPYYYHSPPPPVKSPPPPYYYHSPPPPVKSPPPPYYYHSPPPPVKS
PPPPPYYYHSPPPPVKSPPPPYLYSSPPPPVKSPPPPVYIYASPPPPTHY
>At1G12040.1|PACid:19653709          LRX1
MLFPPLRSLFLFTLLLSSVCFLQIKADHDDESDLGSDIKVDKRLKFENPKLRQAYIALQSWKKAIFSDPFNFTANWNGSDVCSYNGIYCAPSPSYPKTRVVAGIDLNHADMAGYLASELGLLSDLALFHINSNRFCGEVPLTFNRMKLLYELDLSNNRFVGKF
PKVVLSLPSLKFLDLRYNEFEGKIPSKLFDRELDAIFLNHNRFRFGIPKNMGNSPVSALVLADNNLGGCIPGSIGQMGKTLNELILSNDNLTGCLPPQIGNLKKVTVFDITSNRLQGPLPSSVGNMKSLEELHVANNAFTGVIPPSICQLSNLENFTYSSNYF
SGRPPICAASLLADIVVNGTMNCITGLARQRSDKQCSSLLARPVDCSKFGCYNIFSPPPPTFKMSPEVRTLPPPIYVYSSPPPPPSSKMSPTVRAYSPPPPPSSKMSPSVRAYSPPPPPYSKMSPSVRAYPPPPPPSPSPPPPYVYSSPPPPYVYSSPPPPY
VYSSPPPPPYVYSSPPPPYVYSSPPPPYVYSSPPPPYVYSSPPPPPPSPPPPCPESSPPPPVVYYAPVTQSPPPPSPVYYPPVTQSPPPPSPVYYPPVTNSPPPPSPVYYPPVTYSPPPPSPVYYPQVTPSPPPPSPLYYPPVTPSPPPPSPVYYPPVTPSPPPPSPVYYPP
VTPSPPPPSPVYYPSETQSPPPPTEYYYSPSQSPPPPTKACKEGHPPQATPSYEPPPEYSYSSSPPPPSPTSYFPPMPSVSYDASPPPPPSYY
>At1G26240.1|PACid:19655134          EXT20
```

MANPNGWPSLLMLVIALYSVSAHTSAQYTYSPPSPPSYVYKPPTHIYSSPPPPPYVYSSPPPPPYIYKSPPPPPYVYSSPPPPPYIYKSPPPPPYVYSSPPPPPYIYKSPPPPPYVYSSPPPPPYVYKSPPPPPYVYNSPPPPPYVYKSPPPPPYVYSSPPPP
PYVYKSPPPPPYVYSSPPPPPYVYKSPPPPPYVYSSPPPPPYVYKSPPPPPYVYSSPPPPPYVYKSPPPPPYVYSSPPPPPYVYKSPPPPPYVYSSPPPPPYVYKSPPPPPYVYSSPPPPPYVYKSPPPPPYVYSSPPPPPYVYKSPPPPPYVYSSPPPPPYV
YKSPPPPPYVYNSPPPPPYVYKSPPPPPYVYSSPPPSPYVYKSPPPPPYVYSSPPPPPYVYKSPPPPPYVYSSPPPPPYVYKSPPPPPYVYSSPPPPPYVYKSPPPPPYVYSSPPPPPYVYKSPSPPPYVYKSPPPPPSYSYSYSSPPPPIY
>At1G26250.1|PACid:19658113 EXT21
MASPNWPSLLMVVLALYSMVAYTSAQYSPTPTPYSPLPPYVYNSPPPYVYNSPSPPPYVYKPPPYIYSSPPPPPYVYSSPPPPPYVYNSPPPPPYVYSSPPPPPYVYKSPPPPPYVYSSPPPPPYVYKSPPPPPYVYSSPPPPPYVYSSPPPPPYVYKSPPPP
PYVYSPPPPPPYVYQSPPPPPYVYSSPPPPPYVYKSPPPPPYVYSSPPPPPYVYKSPPPPPYVYSSPPPPPYVYKSPPPPPYVYSSPPPPPYVYKSPPPPPYVYSSPPPPPYVYKSPPPPPYVYSSPPPPPYVYSSPPPPPYVYSSPPPPPYVYKSPPPPPYV
YTSPPPPPYVYKSPPPPPYVDSYSPPPAPYVYKPPPYVYKPPPYVYNYSPPPAPYVYKPPPYVYSYSPPPAPYVYKPPPYVYSYSPPPAPYVYKPPPYVYSSPSPPPYYSSPSPPLY
>At1G76930.1|PACid:19657443 EXT1/4
MGAPMASFLVLAFSLAFVSQTTANYFYSSPPPPVKHYSPPPVYKSPPPPVKHYSPPPVYKSPPPPVKHYSPPPVYKSPPPPVKYYSPPPVYKSPPPPVYKSPPPPVKHYSPPPVYKSPPPPVKHYSPPPVYKSPPPPVKHYSPPPVYKSPPPPVKHYSPPPSY
TTLHHHRFTTHLLQSYTTLHHHRFTTHLLQLYTTPHHHPRSTTNTNLLLLRTPLLTSTPTLPLQITTSSSLLDYLIVSNGVDDDTQENKESFGDIIKDTRSLTGELKRIHMSKEKVSHFNVFSLFINTLL
>At2G24980.1|PACid:19638555 EXT7
MGIENCIVYVVVLSAIAATVTSYPYSSPQTPSYNSPSYEHKGPKYAPHPKPYVKSSPPPQYYTPSPKVNYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVDYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVDYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVDYKSPPPPYVYNSPPPPYYS
PSPKVDYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVYYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVYYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVYYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVYYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVYYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVYYKSPPPP
YVYSSPPPPYYSPSPKVYYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVYYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVYYKSPPPPYVYNSPPPPYYSPSPKVYYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVYYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVYYKSPPPSYVYSSPPPPYYSP
SPKVYYKSPPPSPVYSSPPPPYYSPSPKVYYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVTYKSPPPPYVYKTPYY
>At3G20850.1|PACid:19664633 EXT35
MVSQGISLTLVFLLVTLITLGEANNNRKLLYTYNNYQPQHSPLPSPVYSSPADLPPPPTPVYSPPPADLPPPPTPYYSPPPADLPPPTPIYPPPVAFPPPQAYQAYYYRKSPPPPPSKYGKVYPPPPAKPWWWLL
>At3G28550.1|PACid:19661711 EXT9
MGPSAHLVYAIGVIIMATMVAAYEPYTDSSPPPYSVPLPKVEYKSPPLPDVYSSPPPPLEYSPAPKVDYKSPPPPYYSPSPKVEYKSPPPPYVYNSPPPPYYSPSPKVDYKSPPPPYVYSSPPPPIYSPSPKVDYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVEYKSP
PSPYVYNSPPPSYYSPSPKVDYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVVYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVDYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKIVYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVDYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVVYKSPPPPYVYSSPPPPY
YSPTPKVDYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVDYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKIVYKSPPPPYVYSSPPPPYYTPSPKVVYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVDYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVVYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVDYKSPP
PPYVYSSPPPPYYSPSPKVLYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVVYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVVYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVVYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVYYKSPPSPYHAPSPKVLYKSPPHPHVCVCPPPPPCYSPSPKVVY
KSSPPPYVYSSPPPPYHSPSPKVHYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVHYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVVYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVVYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVVYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVVYKSPPPPYVYSSPP
PPYYSPSPKVVYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVVYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVDYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVDYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPAPKVDYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVDYK
SPPPPYYSPSPKVDYKSPPPPYVYSSPPPPSYSPSPKTEY
>At3G54580.1|PACid:19664950 EXT10
MGPSTHLICALGVVIMATMVAAYDPYTDSSPPPLYSSPLPKIEYKTPPLPYIDSSPPPTYSPAPEVEYKSPPPPYVYSSPPPPTYSPSPKVEYKSPPPPYVYSSPPPPTYSPSPKVEYKSPPPPYVYSSPPPPTYSPSPKVEYKSPPPPYVYSSPPPPTYSPS
PKVEYKSPPPPYVYSSPPPPTYSPSPKVEYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVEYKSPPPPYVYSSPPPPTYSPSPKVDYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVEYKSPPPPYVYSSPPPPTYSPSPKVDYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVDYKSPPPPYV
YSSPPPPTYSPSPKVEYKSPPPPYVYSSPPPPTYSPSPKVEYKSPPPPYVYSSPPPPTYSPSPKVEYKSPPPPYVYSSPPPPTYSPSPKVEYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVEYKSPPPPYVYSSPPPPTYSPSPKVDYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSP
KVYYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVYYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVYYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVYYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVQYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVYYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVDYKSPPPPYVYSSPPPPYYS
PSPKVYYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVYYKSPPHPHVCVCPPPPPCYSPSPKVVYKSPPPPYVYSSPPPPHYSPSPKVYYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVHYKSPPPPYYAPTPKVHYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVHYKSPPPPYVYSSPPP
PYYSPSPKVEYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVDYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVDYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPVVDYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVEYKSPPPPYVYKSPPPPSYSPSPKTEY
>At3G54590.1|PACid:19665143 EXT2
MRSSSKMGPSAHLISALGVIIMATMVAAYEPETYASPPPLYSSPLPEVEYKTPPLPYVDSSPPPTYTPAPEVEYKSPPPPYVYSSPPPPTYSPSPKVDYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVDYKSPPPPYVYNSPPPPYYSPSPKVDYKSPPPPYVYSSPPP
PYYSPSPKVEYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVDYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVDYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVDYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVDYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVDYKSPPPPYVYSSPPPPTYSPSPKVDYKS
PPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVEYKSPPPPYVYSSPPPPTYSPSPKVYYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVYYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVYYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVYYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVYYKSPPPPYVYSSPPPP
YYSPSPKVHYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVHYKSPPPPYVYNSPPPPYYSPSPKVYYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVYYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVYYKSPPPPYVYNSPPPPYYSPSPKVYYKSPPHPHVCVCPPPPPCYSPSPKVVYKSPPPPYVYNS
PPPPYYSPSPKVYYKSPPPPSYYSPSPKVEYKSPPPPSYSPSPKTEY
>At4G08370.1|PACid:19648501 EXT22
MVNPSNWPSLLMLVLAFYVVVVPTSAQCKYSPQSPPPQPYVYSPPLPSPYVYKSPPPSPYLYSSPPPPPYVYNSPPPPPPYIYNSPPRPPYVYKSPPPPPFVYSSPPPPTYIYNSPPPPPYVYKSVPRITFIYSSPPPPPYVYNSAPRIPFIYSSPPPPPYVY
NSAPRVLFIYSSPPPPPYVYNSPPPPPYVYESVPRIPFIYSSPPPPPYVYNSAPRIPFIYSSPPPPPYVYNSAPRVPFIYSSPPPPPYVYKSVPRIPFIYSSPPPPPYVYNSAPRIPFIYSSLPPPPYVYNSAPRVPFIYSSPPPPPYVYNSAPRIPFIYSSP
PPHHMFTSLFLIFHHLQLSTTPSI
>At4G08380.1|PACid:19645658 EXT17
MANPSNWPSLLMVILALYAVAAHTSAQYPYSPPSPPPYVYSSPPPYTYSPPPSPYVYKSPPYVYSSPPPYAYSPPPSPYVYKSPPYVYSSPPPYAYSPPPSPYVYKSPPYVYSSPPPYAYSPPPSPYVYKSPPYVYSSPPPYVYSSPPPYAYSPPPYAYSPPP
SPYVYKSPPYVYSSPPPYAYSPPPSPYVYKSPPYVYSSPPPYAYSPPPYAYSPPPSPYVYKSPPYVYSSPPPYAYSPPPSPYVYKSPPYVYSSPPPYAYSPPPSPYVYKSPPYVYSSPPPYVYSSPPPYAYSPPPSPYVYKSPPYVY
SSPPPYAYSPPPSPYVYKSPPYVYSSPPPYAYSPPPSPYVYKSPPYVYSSPPPYTYSPPPYAYSPPPPCPDVYKPPPYVYSSPPPYVYNPPPSSPPPSPSYSYSSPPPPIY
>At4G08400.1|PACid:19645018 EXT11
MGVIRTSRTMGLGQCMVYVVVLSAIAATVTSYPYTSPQTPHYNSPSHEHKIPKYTPHPKPSIYSSSPPPSYYSPSPKVDYKSPPPSYVYSSPPPPYYSPSPKVDYKSLPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVNYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKGDYKSPPPPYV
YSSPPPPYYSPSPKVDYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPTPKVDYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVDYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVNYKSPPPPYYRSPPPPYYSPSPKVDYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVDYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPTPK
VDYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVDYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVDYKSPPPPYVYNSPPPPYYSPSPKVDYKSPPPPYIYNSPPPPYYSPSPKVNYKTPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVNYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPNVDYKSPPPPYVYS
SPPTPYYSPSSKVTYKSPPPPYVY
>At4G13390.1|PACid:19648172 EXT18
MISLRMKGLGHCLVYVVVFSVIAAIVTAYDSPSSTPQYTSPYPPKNYSPYLSESPPPPPPQYRRQEPKYTPHPEPNVYDSPTPLPYYFPFPKLDIKSPPPPSVYTFSPPQLYYSPSPKVEYKSPPPPYVYSSLPPLTYYSPSPKVIYNSPPPPYIYSSPPPPP
YYSPSPKVDYKSPPPPYVYSSPPPPPYYSPSPKVEYKSPPPPYVYSFPPPPPYYSPSPKVGYKSPPAPYVYSSPPPPPYYSPSPKVNYKSPPPPYVYSSPPPPPYSPSPKVEFKSPPPPYIYNSPPPPSYYSPSPKIDYKSPPPPYVYSSPPPPTYYSPSPRV
DYKSPPPPYVYNSLPPPYVYNSPPPPPYYSPSPTVNYKSPPPPYVYNSPPPPPYYSPFPKVEYKSPPPPYIYNSPPPPPYYSPSPKITYKSPPPPYIYKTPYY
>At5G06630.1|PACid:19667515 EXT13
MRSSRTMGLMNCMVYVVVLSAIAATVTSYPYSSPHTPAYDSPSYEHKGPKYAPHPKPYVYSSPPPPYYTPSPKVNYKSPPPPYVYNSPPPPYYSPSPKVYYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVYYKSPPPPYVYSSPPPLYYSPSPKVYYKSPPPPYVYSSP
PPPYYSPSPKVYYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVYYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVYYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVYYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVYYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVYYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVYY
KSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPNVYYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVHYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVHYKSPPPPYVYSSPPPPYYSPSPKVTYKSPPPPYVYKTPYY

>At5G35190.1|PACid:19670300 EXT15
MERVHCMVYVVVLSAIAATVTAYPYSSHQTPQYNSPVHKHESSYSPKKYSPYYSASPLPPLQYRRQGPKYTPHPKPYLFNSPPPPYYSPSPKEDYKSPPPPYVYNSPPPPYYSPSPKVDYKSPPPPYVYNSPPPPYYSPSPKVEYKSPPPPYVYNSPPPPYYS
LSPKVDYKSPPPPYVYNSPPPPYYSPSPKVDYKFSPPPYVYNSPSPPYYSPSPKVDYKSPPPPYVYNSPPPPYFSPSPKVDYKSPPPPYVYSSPPPPPYYSPSPEVSYKSPPPPPYYSPSLEVSYKSPPPLFVYNFPPPPPFYSPSPKVSYKSPPAPYVSKTP
NY

Class 4: Non GPI-AGPs - 12

>AT1G31250.1|PACid:19654407 AGP51
MANQYFRMAFLLCLFLSLSYQSIRIEAREGKACIGNCYGSSAPPVPPNASLSIPPNSSPSVKLTPPYASPSVKLTPPYASPSVRPAGTTPNASPSVKLTPPYASPSMRPAGTPNASPSVKLTPPYASPSVRPTGTTPNASPSLTPPNPSPSEKFIPPNASPFI
HT
>AT1G68725.1|PACid:19656322 AGP19
MESNSIIWSLLLASALISSFSVNAQGPAASPVTSTTTAPPPTTAAPPTTAAPPPTTTTPPVSAAQPPASPVTPPPAVTPTSPPAPKVAPVISPATPPPQPPQSPPASAPTVSPPPVSPPPAPTSPPPTPASPPPAPASPPPAPASPPPAPVSPPPVQAPSPIS
LPPAPAPAPTKHKRKHKHKRHHHAPAPAPIPPSPPSPPVLTDPQDTAPAPSPNTNGGNALNQLKGRAVMWLNTGLVILFLLAMTA
>AT2G28440.1|PACid:19640790 AGP54
MAKKLCFIVMLSICLLIFDFAGAQEESPSPAAVSPGREPSTDSPLSPSSSPEEDSPLSPSSSPEEDSPLPPSSSPEEDSPLAPSSSPEVDSPLAPSSSPEVDSPQPPSSSPEADSPLPPSSSPEANSPQSPASSPKPESLADSPSPPPPPPQPESPSSPSYPE
PAPVPAPSDDDSDDDPEPETEYFPSPAPSPELGMAQDIKASDAAGEELNDERGEDYGMSGLEKAGIAIGTILGVGAIVIGALVYKKRRDNMTRARYTYFTEGEFL
>AT2G28671.1|PACid:19642325
MLFPLLLFWRMLAVVPPSPTRKGTLLLLTIPLLLLFDGTPLLTGRFAPLGLANGSCPLKAGFATTPVTALAVGFEPPSISCIKNTNVLSGPALAPPPRAEPEPATPPPRAGPAPAPPPPRAGPAPAPPPPRAEPAPAPPPRAGPAPAPPPRAGPAPAPPPRAE
PAPGPPPRAEPVPAPAPVAEPVVGKEPEPPPAKEPGTELAVGRRPGPEPLDGIDPVPAPRPLPVEPEPDDPDPAPKPNPVEPEPLDPVPAPKPIPVEPEPEPRVVVVAENAFSSSRSRAAAAKVTTRAITSKESIF
>AT2G42840.1|PACid:19639913
MRGMVSFAVWALFAALLSQQLFASVASVRFEDAKTYYLSPPSGSHGTPPSHTPPSSNCGSPPYDPSPSTPSHPSPPSHTPTPSTPSHTPTPHTPSHTPTPHTPPCNCGSPPSHPSTPSHPSTPSHPTPSHPPSGGYYSSPPPRTPVVVTPPSPIVDPGTPIIG
GSPPTPIIDPGTPGTPFIPAPFPPITGTCDYWRNHPTLIWGLLGWWGTVGGAFGTVSIPSSIPGFDPHMNLLQALSNTRSDPIGALYREGTASWLNSMVNHKFPFTTPQVRDHFVAGLSSNKAATKQAHTFKLANEGRLKPRV
>AT3G22070.1|PACid:19662990 AGP56
MLCYVGKATKIFIFIVTVVFVIGLVVAFGVLRRHSHHCSGDYCSSSTDPSSSSSSSSSSTSPFITPFPNPNPNPNPNPPVLGSSPPSPTDSSSSTSISPNPPAPIVNPNPPPPSTPNPPPEFSPPPPDLDTTTAPPPPSTDIPIPPPPPAPVSASPPLTPPSS
VVTSPAPVHAKLVND
>AT3G50580.1|PACid:19663908 HAE2
MKTSIVLVAAAFLCLVAFPTTTVGKYWPKIEGWPNPSEITRNELMLLNTGHSFGYGDSKVWKCTYSNGSAPAISISPSTPIPSTPSTPSPPPPAPKKSPPPPTPKKSPSPPSLTPFVPHPTPKKSPSPPPPTPSLPPPAPKKSPSTPSLPPPTPKKSPPPPPSH
HSSSPSNPPHHQQNPWEHIERCMINMGPVGMCRMQMEVSFYTRLFQVSDYCCNLVVNMKSECDDVAWGFFNDPFFVPLVRYTCHVTC
>AT4G18670.1|PACid:19645935 LRX5
MKTKMMMKNTSLIFVLLFITFFFTSISYSLSLTFNGDLSDNEVRLITQRQLLYFRDEFGDRGENVDVDPSLVFENPRLRNAYIALQAWKQAILSDPNNFTTNWIGSDVCSYTGVYCAPALDNRRIRTVAGIDLNHADIAGYLPQELGLLTDLALFHINSNRFC
GTVPHRFNRLKLLFELDLSNNRFAGIFPTVVLQLPSLKFLDLRFNEFEGPVPRELFSKDLDAIFINHNRFRFELPDNLGDSPVSVIVVANNHFHGCIPTSLGDMRNLEEIIFMENGFNSCLPSQIGRLKNVTVFDFSFNELVGSLPASIGGMVSMEQLNVAHN
RFSGKIPATICQLPRLENFTFSYNFFTGEPPVCLGLPGFDDRRNCLPARPAQRSPGQCAAFSSLPPVDCGSFGCGRSTRPPVVVPSPPTTPSPGGSPPSPSISPSPPITVPSPPTTPSPGGSPPSPSIVPSPPSTTPSPGSPPTSPTTPTPGGSPPSSPTTPT
PGGSPPSSPTTPTPGGSPPSSPTTPSPGGSPPSPSISPSPPITVPSPPSTPTSPGSPPSPSSPTPSSPIPSPPTPSTPPTPISPGQNSPPIIPSPPFTGPSPPSSPSPPLPPVIPSPPIVGPTPSSPPPSTPTPVYSPPPPSTGYPPPPPPFTGYSPPSPPPPP
PPTFSPSPSIPPPPPPQTYSPFPPPPPPPPPQTYYPPQPSPSQPPQSPIYGTPPPSPIPYLPSPPQFASPPPPAPYYYSSPQPPPPPHYSLPPPTPTYHYISPPPPPTPIHSPPPQSHPPCIEYSPPPPPTVHYNPPPPPSPAHYSPPPSPPVYYYNSPPPPPAV
HYSPPPPPVIHHSQPPPPPIYEGPLPPIPGISYASPPPPPFY
>AT4G22470.1|PACid:19645754 HAE4
MASTTIILFLSFSIIPLLTIVRADNHSVYCPPPPPCICICNPGPPPPQPDPQPPTPPTFQPAPPANDQPPPPPQSTSPPPVATTPPALPPKPLPPPLSPPQTTPPPPPAITPPPPPAITPPLSPPPPAITPPPPLATTPPALPPKPLPPPLSPPQTTPPPPPA
ITPPLSPPLVGICSKNDTELKICAGILAISDGLLTTGRAEPCCSIIRNVSDLDAVTCFCKSVGAPRFSLSPNFGIFFKVCGRRIPQGFSCPGPSPTISPPPLPPQTLKPPPPQTTPPPPPAITPPLSPPLVGICSKNDTELKICAGILAISDGLLTTGRAEPC
CSIVRNVSDLDAVTCFCKSVGARRFSLSPNFGIFFKVCGRRIPQGFSCP
>AT4G22485.1|PACid:19645095
MAPKGSTKTLALFLTLISILLLGQTQAQNRPYLRPPPPRIPPPPCPVCTCPEPSPPPPPTVTPQIPPTLPPTIPPETPPTGPPATPPTEVLPTGPPTLPPQTPPTIPPEIPPNTPPQTPPTLPPNTPPETPPTTPPETPPNTPPESPPNTPPEIPPNTPPGTP
PNTPPETPPTTPPETPPTTPPETSPNTPPETSPTTPPEIPPNTPPQSPPNTPPETPPNTPPGTPPNTPPETLPNTPPGTPPNTPPETPPTTPPETPPITPPETPPNTPPQSPPNTPPETPPNTPPGTPPNTPPETLPNTPPGTPPNTPPETPPTTPPETPPIT
PPETPPNTPPQSPPNTPPETPPNTPPGTPPNTPKTPPTTPPETPPNTPPETPPTTQPETPPNTPPQSPPNTPPETPPNTPPETLPNTPPGTPPNQSPQIPPTLPPNTPPETPPQTPPNSPPETLPTLPPNTPPEALPNTPPQSPPTLPPNTPPQIPPTLPPNT
PPQTPPNTPPETPPNTPPQTPPTVPPNTPPVTPPVRPPTTPPSPPPTTTLPPSSPTSPPNNSPSPPPPKSQPPPPPPRFQPPPPPRGTCPRNANQIRTCSNVLRFFGNFLDFRLAQPCCTLIRNLSDAEAAACLCDLVRARRSTLSPNIIILCRACGRRIPRG
FTCP
>AT4G22505.1|PACid:19645882
MNPKCSKTTLALFFAFTILLIGHAESNSRPRPRTPPPPRTPRTPSPPPPRTPKTPPPPPPRTPRTPPPPPPRTPRTPPPPPPRTPRTPPTAPPRTPPVSPRIPPILPPKTPPTAPPQTPPVSPPKSPPNSPPRAPPLSPPRTPPTSPPRVPPLSPPRTPPTSP
PRAPPIPPPRTPSTSPPRAPPLSPPRTPPTSPPRAPPVPPPNTPPTSPPRAPPLSPPRTPPNSPPRTPPTSPPRAPPVPPPRISPTAPPRAPPLSPPRTPPTSPPRTPPLSPPITPPTSPPRAPPLSPPRTPPTSPPRAPPISPPRTPPSSPPRAPPMPPPRT
PPTSPPLSPLSPPPRSPPMPPTRTPPVSPPTSPSRTPPVTPPRAPPTAPPQTPPVSPPIVPPNSPPKRPPMSPPITPPTSPPRAPPQSPPITPPISPPRAPPTPPGTPSVPPPPRTPPPPPPSGRCPRNGIPLQICSTILNMFDGFLGLGTAQPCCSLIRGLS
DADALACLCESVRAPSRSLPRNIINLFMTCGRSIPPGFTCP
>AT5G26070.1|PACid:19665385
MVSLGLSFTLVFLLAILFTVAEANNNRKLLKTPTNYQPLYSPSPSPYRSPVTLPPPPPHPAYSRPVALPPTLPIPHPSPHAERFYYRQSPPPPSGKPWWWLL

Class 5: AGP Bias, high EXT (SP_n & Y) - 1

>AT1G02405.1|PACid:19650205 EXT30
MSPKTRRSTDLAATILMAIVILASPIIINAEDSSAEVDVNCIPCLQNQPPPPPSPPPPSCTPSPPPPSPPPPKKSSCPPSPLPPPPPPPPPNYVFTYPPGDLYPIENYYGAAVAVESFSVMKLFVFGVMVFLIL

Class 9: GPI-anchored extensin - 1

>AT3G06750.1|PACid:19663496 EXT34
MEAIRFSNLSGLLILLMSLPLLVTSKDETVSCTMCSSCDNPCNPVPSSYSPPPPPSSSGGGGSYYYSPPPPSSSGGVKYPPPYGGDGYGGYYPPPYYGNYGTPPPPNPIVPYFPFYYHTPPQGYSGSARLQNSLLFALFAVLLCFV

Class 11: EXT bias, high SP_n – 1

>AT1G44191.1|PACid:19655741
MKSLIFLVPILCLVISPTTTIASWPKPSEVSNEDMLMNTEHNHYFGNKLNFKDSKVWKCTYNNGSGAAVSISYPSPPHPPSPKPPTPSSRPPSPLSPKKSPPSPKPSPPPRTPKKSPPPPKPSSPPPIPKKSPPPPKPSSPPPTPKKSPPPPKPSSPPPSPKK
SPPPPKPSPSPPKPSTPPPTPKKSPPSPPKPSSPPPSPKKSPPPPKPSPSPPKPSTPPPTPKKSPPPPKPSQPPPKPSPPRRKPSPPTPKPSTTPPSPKPSPPRPTPKKSPPPPTTPSPSYQDPWVHFANCISEFGPSAICKQQMEVSYYRRGFLVSDYCCNL
IVNMRHECTDVILGFFTDPFFVPLIRYTCHVKY

Class 18 PRP Bias, high Tyr - 1

>AT4G15160.1|PACid:19646210 PRP17
MALLHKQNISFVILLLLGLLAVSYACDCSDPPKPSPHPVKPPKHPAKPPKPPTVKPPTHTPKPPTVKPPPPYIPCPPPPYTPKPPTVKPPPPPYVKPPPPPTVKPPPPPYVKPPPPPTVKPPPPPTPYTPPPPTPYTPPPPTVKPPPPPVVTPPPPTPTPEAP
CPPPPPTPYPPPPPKPETCPIDALKLGACVDVLGGLIHIGLGKSYAKAKCCPLLDDLVGLDAAVCLCTTIRAKLLNIDLIIPIALEVLVDCGKTPPPRGFKCPTPLKRTPLLG

Class 20: Shared Bias, high EXT (SP_n & Y) - 7

>AT5G19800.1|PACid:19671178 EXT39
MVSQRFSLTLVFLLAILITVANGNDNRKLLTSYKYSPPPPPVYSPPISPPPPPPPPPPQSHAAAYKRYSPPPPPSKYGRVYPPPPPGKSLWSFLNL
>AT5G11990.1|PACid:19666770 EXT38
MGLIVIIIALVMVMVVASSPSDQTNVLTPLCISECSTCPTICSPPPSKPSPSMSPPPSPSLPLSSSPPPPPPHKHSPPPLSQSLSPPPLITVIHPPPPRFYYFESTPPPPPLSPDGKGSPPSVPSSPPSPKGQSQGQQQPPYPFPYFYFYTASNATLLFSSSF
LIALVVSSLSIFLNGSLV
>AT4G13340.1|PACid:19646275 LRX3
MKKTIQILLFFFFLINLTNALSISSDGGVLSDNEVRHIQRRQLLEFAERSVKITVDPSLNFENPRLRNAYIALQAWKQAILSDPNNFTSNWIGSNVCNYTGVFCSPALDNRKIRTVAGIDLNHADIAGYLPEELGLLSDLALFHVNSNRFCGTVPHRFNRLKL
LFELDLSNNRFAGKFPTVVLQLPSLKFLDLRFNEFEGTVPKELFSKDLDAIFINHNRFRFELPENFGDSPVSVIVLANNRFHGCVPSSLVEMKNLNEIIFMNNGLNSCLPSDIGRLKNVTVFDVSFNELVGPLPESVGEMVSVEQLNVAHNMLSGKIPASICQ
LPKLENFTYSYNFFTGEAPVCLRLPEFDDRRNCLPGRPAQRSPGQCKAFLSRPPVNCGSFSCGRSVSPRPPVVTPLPPPSLPSPPPPAPIFSTPPTLTSPPPPSPPPPVYSPPPPPPPPPPVYSPPPPPPPPPPPVYSPPPPPPPPPPPVYSPPPPPPPPPPPVY
PPPPVYSPPPPPPPPPPPPPPVYSPPPPPPVYSSPPPPPSPAPTPVYCTRPPPPPPHSPPPPQFSPPPPEPYYYSSPPPPHSPPPPHSPPPPHSPPPPIYPYLSPPPPPTPVSSPPPTPVYSPPPPPPCIEPPPPPPCIEYSPPPPPPVVHYSSPPPPPVYYSSPP
PPPVYYSPPPPPPVHYSPPPPEVHYHSPPPSPVHYSPPPPPSAPCEESPPPAPVVHHSPPPPMVHHSPPPPVIHQSPPPPSPEYEGPLPPVIGVSYASPPPPPFY
>AT5G26080.1|PACid:19668994 EXT40
MVSLGVFYTLVFLLAILFTVSEANSNRKLLQTTTNYQPIYSPPPPPYRSPVTIPPPPPVYSRPVAFPPPPPIYSPPPPPIYPPPIYSPPPPPIYPPPIYSPPPTPISPPPKVHHPAPQAQKAFYYRQSPPPPSGQPWWWLL
>AT1G21310.1|PACid:19649109 EXT3/5
MGSPMASLVATLLVLTISLTFVSQSTANYFYSSPPPPVKHYTPPVKHYSPPPVYHSPPPPKKHYEYKSPPPPVKHYSPPPVYHSPPPPKKHYVYKSPPPPVKHYSPPPVYHSPPPPKKHYVYKSPPPPVKHYSPPPVYHSPPPPKKHYVYKSPPPPVKHYSPP
PVYHSPPPPPKKHYVYKSPPPPVKHYSPPPVYHSPPPPKKHYVYKSPPPPVKHYSPPPVYHSPPPPKKHYVYKSPPPPVKHYSPPPVYHSPPPPKKHYVYKSPPPPVKHYSPPPVYHSPPPPKKHYVYKSPPPPVKHYSPPPVYHSPPPPKKHYVYKSPPPPVK
HYSPPPVYHSPPPPKKHYVYKSPPPPVKHYSPPPVYHSPPPPKKHYVYKSPPPPVKHYSPPPVYHSPPPPKEKYVYKSPPPPPVHHYSPPHHPYLYKSPPPPYHY
>AT5G49280.1|PACid:19670568 EXT41
METNHLYTLSTLVVMLLVSVTPTVTSKDEVVSCTMCSSCDNPCSPVQSSPPPPSPPPPSTPTTACPPPPSPPSSGGGSSYYYPPPSQSGGGSKYPPPYGGGGQGYYYPPPYSGNYPTPPPPNPIVPYFPFYYHTPPPGSGSDRFMSSYSIIFALFAVFLCLV
>AT4G16140.1|PACid:19646839 EXT37
METFRTFHLFLFFFFFTFTTTLTSPSQIADCTMCTSCDNPCQPNPSPPPPPSNPSPPPPSPTTTACPPPPSSSGGGPYYYYPPASQSGSYRPPPSSSSGGYYYPPPKSGGNYPYTPPPNPIVPYFPFYYYNPPPQSVMSGSDAKIRFSYGVSFILIFSLYFGC
F

Class 21 Shared Bias, high SP_n – 2

>AT3G19020.1|PACid:19664355 PEX1
MTRRTMEKPFGCFLLLFCFTISIFFYSAAALTDEEASFLTRRQLLALSENGDLPDDIEYEVDLDLKFANNRLKRAYIALQAWKKAFYSDPFNTAANWVGPDVCSYKGVFCAPALDDPSVLVVAGIDLNHADIAGYLPPELGLLTDVALFHVNSNRFCGVIPKS
LSKLTLMYEFDVSNNRFVGPFPTVALSWPSLKFLDIRYNDFEGKLPPEIFDKDLDAIFLNNNRFESTIPETIGKSTASVVTFAHNKFSGCIPKTIGQMKNLNEIVFIGNNLSGCLPNEIGSLNNVTVFDASSNGFVGSLPSTLSGLANVEQMDFSYNKFTGFV
TDNICKLPKLSNFTFSYNFFNGEAQSCVPGSSQEKQFDDTSNCLQNRPNQKSAKECLPVVSRPVDCSKDKCAGGGGGGSNPSPKPTPTPKAPEPKKEINPPNLEEPSKPKPEESPKPQQPSPKPETPSHEPSNPKEPKPESPKQESPKTEQPKPKPESPKQES
PKQEAPKPEQPKPKPESPKQESSKQEPPKPEESPKPEPPKPEESPKPQPPKQETPKPEESPKPQPPKQETPKPEESPKPQPPKQETPKPEESPKPQPPKQEQPPKTEAPKMGSPPLESPVPNDPYDASPIKKRRPQPPSPSTEETKTTSPQSPPVHSPPPPPP
VHSPPPPVFSPPPPMHSPPPPVYSPPPPVHSPPPPVHSPPPPVHSPPPPVHSPPPPVHSPPPPVHSPPPPVQSPPPPPVFSPPPPAPIYSPPPPPVHSPPPPVHSPPPPPVHSPPPPVHSPPPPVHSPPPPVHSPPPPVHSPPPPFSPIYSPPPPV
FSPPPKPVTPLPPATSPMANAPTPSSSESGEISTPVQAPTPDSEDIEAPSDSNHSPVFKSSPAPSPDSEPEVEAPVPSSEPEVEAPKQSEATPSSSPPSSNPSPDVTAPPSEDNDDGDNFILPPNIGHQYASPPPPMFPGY
>AT5G19810.1|PACid:19668805 EXT19
MVSRRFSLILLFLLATLITVANGNNNRKLLTSAPEPAPLVDLSPPPPPVNISSPPPPVNLSPPPPPVNLSPPPPPVNLSPPPPPVNLSPPPPPVNLSPPPPPVLLSPPPPPVNLSPPPPPVNLSPPPPPVLLSPPPPPVLLSPPPPPVNLSPPPPPVLLSPPPPPVLFSPPP
PTVTRPPPPPTITRSPPPPRPQAAAYYKKTPPPPPYKYGRVYPPPPPPPQAARSYKRSPPPPPSKYGRVYSPPPPGKSWLWFLKL

Class 23: Shared Bias, high PRP - 1

>AT2G27380.1|PACid:19639237 PRP6
MRVPLIDFLRFLVLILSLSGASVAADATVKQNFNKYETDSGHAHPPPIYGAPPSYTTPPPPIYSPPIYPPPIQKPPTYSPPIYPPPIQKPPTPTYSPPIYPPPIQKPPTPTYSPPIYPPPIQKPPTPTYSPPIYPPPIQKPPTPTYSPPIYPPPIQKPPTPSYSPPVKPPPVQMPPTPTY
SPPIKPPPVHKPPTPTYSPPIKPPVHKPPTPIYSPPIKPPPVHKPPTPTYSPPVKPPPVHKPPTPIYSPPIKPPPVHKPPTPIYSPPVKPPPVQTPPTPIYSPPVKPPPVHKPPTPTYSPPVKSPPVQKPPTPTYSPPIKPPPVQK
PPTPTYSPPIKPPPVKPPTPIYSPPVKPPPVHKPPTPIYSPPVKPPPVHKPPTPIYSPPVKPPPIQKPPTPTYSPPIKPPPLQKPPTPTYSPPIKLPPVKPPTPIYSPPVKPPPVHKPPTPIYSPPVKPPPVHKPPTPTYSPPIKPPPVKPPTPTYSPPVQPP

PVQKPPTPTYSPPVKPPPIQKPPTPTYSPPIKPPVKPPTPTYSPPIKPPVHKPPTPTYSPPIKPPPIHKPPTPTYSPPIKPPVHKPPTPTYSPPIKPPVHKPPTPTYSPPIKPPVHKPPTPTYSPPIKPPVHKPPTPTYSPPIKPPVHKPPTPTYS
PPIKPPVQKPPTPTYSPPVKPPVQLPPTPTYSPPVKPPVQVPPTPTYSPPVKPPVQVPPTPTYSPPIKPPVQVPPTPTTPSPPQGGYGTPPPYAYLSHPIDIRN

Class 24: <15% motif HRGP - 7

>AT1G30795.1|PACid:19658139
MASSTHSYFTTLALTLILIFRLIPETTASRHLNGKNPAVIGVTTTSEKYIVPTPLPPFLRPFFPPLQFAAAPFGGNIPQPPLPSPPPTFLPCLPGFKFPPFQSRKPTPP
>AT2G22510.1|PACid:19641134
MAHWLSSLVIALTFTSFFTGLSASRHLLQSTPAITPPVTTTFPPLPTTTMPPFPPSTSLPQPTAFPPLPSSQIPSLPNPAQPINIPNFPQINIPNFPISIPNNFPFNLPTSIPTIPFFTPPPSK
>AT2G34870.1|PACid:19639261
MASSSLISVALTLILIFHLMPETTVARRLTDQKPSDEVVTTTTDEANNLPFPPGLPFGGVPPLPSLFPPFVPSPFPGNIPRLPFPFPFPTSPPAPSLPGFPGFTFPPLPFLTPPPL
>AT3G02670.1|PACid:19661676
MASLATTLALILFLIFHLTPETTVARPLNDADAKPVDRVVTTTTNEANNLAFVSDPFSSLQSSPPTSPIPGSPGFRLPFPFPSSPGGNPGIPGSPGFRLPFPFPSSPGGNPGIPGIPGIPGLPGIPGSPGFRLPFPFPSSPGGGSIPGIPGSPGFRLPFPFPP
SGGGIPGLPLPFPPLPPVTIPGLPLPFPPLPPVTIPSFPGFRFPPLPFLPPSTQ
>AT4G38080.1|PACid:19644472
MAPLKNSFVTSLVIALTFTSFFTSLSAHRHLLQSTPVTQPPALTFPPLPKTTMPPVPSLPTPGQQTLPQPQPTLPQPTGLPPMPSTQIPSLPNQVQPTIPNIPQINFPSNFPFNFPFNIPFLTPPPSK
>AT5G09530.1|PACid:19668766 PRP10
MALMKKSLSAALLSSPLLIICLIALLADPFSVGARRLLEDPKPEIPKLPELPKFEVPKLPEFPKPELPKLPEFPKPELPKIPEIPKPELPKVPEIPKPEETKLPDIPKLELPKFPEIPKPELPKMPEIPKPELPKVPEIQKPELPKMPEIPKPELPKFPEIPK
PDLPKFPENSKPEVPKLMETEKPEAPKVPEIPKPELPKLPEVPKLEAPKVPEIQKPELPKMPELPKMPEIQKPELPKLPEVPKLEAPKVPEIQKPELPKMPELPKMPEIQKPELPKMPEIQKPELPKVPEVPKPELPTVPEVPKSEAPKFPEIPKPELPKIPE
VPKPELPKVPEITKPAVPEIPKPELPTMPQLPKLPEFPKVPGTP
>AT5G59170.1|PACid:19665841 PRP12
MKSCLATFALAVLVTQGSIFSLCLASSASTNSVPNWFHHWPPFKWGPKPPYSPPKPPPIEKYPPPVQYPPPIKKYPPPPYEHPPVKYPPPIKTYPHPPVKYPPPEQYPPPIKKYPPPEQYPPPIKKYPPPEQYSPPFKKYPPPEQYPPPIKKYPPPEHYPPPI
KKYPPQEQYPPPIKKYPPPEKYPPPIKKYPPPEQYPPPIKKYPPPIKKYPPPEEYPPPIKTYPHPPVKYPPPPYKTYPHPPIKTYPPPKECPPPPEHYPWPPKKKYPPPVEYPSPPYKKYPPADP

Oryza sativa

Class 1 – GPI-AGPs - 11

>LOC_Os01g42210.1|PACid:24115775
MGPTALHLIAVAVAAVVAAAAAPASASASAAGAFSEVPPETPCAAAIVSVAPCLAHVAVVAPPARPAPAPTEACCAAFLRGVSPSGGGGEGCFCHLLRDPLLLGFPVNTARLGALLPTCAAANANASAAAAVEAATLFADTCRADLKSLPEMRFLPDPPPTPT
ISPAAVPGSMPPTTEERSTPVPVPPQDRSGSETSTPSRNFLVVLLALTAAAAADLIQL
>LOC_Os01g71170.1|PACid:24120143
MASARARGGRAFFLLVLVLVVLAAPAAALRTSAISAAPEYPRLPTGPGHGGGRHAAPAPAAVLPPAPALSPDIMPLLPSPGPDSDGSAEAPSDVMPTIPSSPSPPNPDALLPDSALAPFGSAPAVAAQSRAPPPSTTTAAAAAWALPVAVGLVAMWLV
>LOC_Os03g46110.1|PACid:24125408
MERSHLAVLLGLLAFAAGVPAAAAATAVEGAQAATAEASCEPSILATQVSLFCAPDMPTAQCCEPVVASVDLGGGVPCLCRVAAEPQLIISGLNATHLLTLYAACGGLRPGGARLAAACEGPAPPASIVTAPPPPVAFRRKPPAREAPPPPPAAEKLSPPPQQ
HDDSDHNKRVGPLPRGSPPPYAQSVPVGPAAAPPPPRSGASSSLQAPLAATTTIVAITLIAAAQY
>LOC_Os04g41480.1|PACid:24103872 OsHRA1 (Aizat et al 2011)
MALVMSMLLASSLLAAASAARADHHSPAYAPYPHHHAPWPARAQSPSAPDHGAHGHHAPAPAPVHADQPAQAPEWHHHAPAPAPVRDDKPSPSHHHHHHGHHHHRHATATAPAHAPSSHHDRHAPAPVHSSWPWPAHAPAPAPAVIHGTNSHLAPAPAPSSHV
QYSPAPTPGDGRHQSPPPPPSPPSADEGAQAPSYYGHYPSPAPAPAQESSSAAVAFAGGAGVLAVTAVALLL
>LOC_Os05g37110.1|PACid:24154106
MAPLSMSRAHLLFLCSLAAAAAAAAGALAVPAAEVDWARQLRHHHGASPASDAPAPSPAPLSTPELCRPGEPVPAPSSSPAGATTTPAPAAPAATAPAPSPEADGKSSGAAAAPPLMTWPAVLAGAAGVATTLIL
>LOC_Os06g17450.1|PACid:24142143
MSRATVAILFYILTAAAAISAAAQAPAAESPSPKPSKSTAAATPAKAPTVASAPRKAGPAAAPTTTVATSAPAGGDEVSIPPTPFATVVSPVADGPADAADADFSGAGALKRCAAVAGVAAAIATVTFY
>LOC_Os07g14330.1|PACid:24109335
MALIMSPSPPLRAPLLAVAAAIVAGLLLLAPAAAQQPPPLVQQFYYYSPPPPSSPVGGGGTGGGGPSPPTNPAPPAVPCNCGTTTAPAAPSPPGVYNYSAPSGGGGGGGQLAFLSGSARSTSHLPGGGGWRHARLLASAAAPLLLIVWW
>LOC_Os08g37630.1|PACid:24099712
MARLHLVVVAMAALFAAAAVAQGPSASPTPAPKAQPPVATPPTRPPAVAPVSPPAAQPPVTTPPPVSAPAPVPAPSAAATPSPQASAPTAEPPVLSPPAPAPGSISQSPTEAPTSPPPPSAASGVSPSAAAVVAAWAAVAAVAAFY
>LOC_Os08g38250.1|PACid:24102153
MARADLALVAVLLAACAAVALAAEAQAPAAAPKSSSSSNSSSGSHTSPSKAPSPSKSPEKSGKAPAAAPPKAAAAKAPSGKSEAPSEAPDAESGAESPEAGEESGKSPASAPKDSSSSSSEEEEASSPDSGDMEDETAAEAPTAEEASGPAADGPPEPEADSP
AADSPGPGTADEAGSAGMSSGVTAAVVAAAAAALSL
>LOC_Os11g05935.1|PACid:24155006
MVGGGAVVGPAVMLAVSVIVLLSAACSGAGEGPDASLLCVSECGTCPTICTSPPPPPPPAPPSSLSPSTPSVLPLYSAPPPPYLTLLLPPPSPADESDMFPPPEAPTTTNPPPSPPPPPSSPPPPTTKSSSGSTASPPSSSSHFSSPPSPPSSSNPYYYFYLS
GSGRRCGGGGAASVYTALILAALLPIATFLT
>LOC_Os11g10890.1|PACid:24157324
MELRFLLLVLVLLAPLLPGTTGDQQHAHLPAAAAGGNTTTAPSRDPLRIVVRASGSGTGGGASPSATAAAAAGDDASTPPPPQLSRPNRDLPTVPSPLDHEPVPTPPSPDFFPDSALRTIPANAIAMSAILLLLLIAATH

Class 4: Non GPI-AGPs - 18

>LOC_Os01g07460.1|PACid:24119006
MCGSFAPRSSSLLLLLITLLLVVVSRPQYSLDASALSDHLAVGDAPPPPPQHGAGRRLLSTQNQVTPPPPAPVSSPPIGPAPTLLPPPPPAK
>LOC_Os02g10240.1|PACid:24135265
MGLVLLVQELLEMMAAAAPWPAWVWRWRACGGAAAVAAAGSTGSRRRRRSSPAPPSSPAPSAARPSTDTTTSRCTCGGTGRSTGEAGRRRCAGRSRRRCSGCRATAARRGAATTSTTRGRGRSRTSAPCRRTTAAATAPATSPAAAAPSASPSAATGAPTRRT
AAASGAAPAAPTSDTSAPSTTTHGPSAPPTPTPAPAPAPKTTAAPPPPPPVCCDDLNLYICECEIN
>LOC_Os02g32080.1|PACid:24129867
MAGRASCVLILLLAIAGFADVLAAGGATPSSSSSQVSTTTAAELKEVNGMLACMIGCFTQMFGCAFGCMAKGPDTTLCVVSCNQNSIVCMVRCALTPPPPKPKPTPPPPAPTPKPPAPSPSPPPPKAAGHGVAGDPLA
>LOC_Os03g14615.1|PACid:24125137
MVASMASAAFVLVAIVLPISPFAHAQRTTQPPIVAPTMPPTPPPTQPPSPGPMAPMPSPPPPTQPPSPGPMPPMPPPPAPMPSPPPMQPPSPGPMPPMPPPPAPMPSPPPPTQPPSPGPMPPMPSPPPMQPPSPGPMPPMPPPPAPMPSPPPPTQPPSPGPMP
PMPPPLAPMPSPPPMQPPSPGPMPSPPPPTQPPSPGPMPPMPPPPAPMPSPPPMQPPSPGPMPPMPSPPPPTQPPSPGPMPPMPSPPPMQPPSPGPMPSPPPPTQPPSPGPMPPMPPPPAPMPSPPPPTQPPSPGPMPPMPPPPALMPSPPPPTQPPSPGPMP
PTPPPPAPMPSPPPQNQPPPPGRCPLIKIVILKECTKLSLFDLVLNPSKARQQCCPPLEDLSSSGATDCLCRALKGPIGVLPPPIRVILGLCGKTVELNLFCH
>LOC_Os03g14654.1|PACid:24127856
MASKQAMNSALFSALVVVVLASAVNGQLNPCQAPAPTPTGTPAPAPAPVVTPTPAPTPVPTPSPAPTPSPTVAPVNPPSPTPPPKCPLALINLNACISVGLGNPLLNQACCSQLSSLPSDTAAVCLCEAIKVNALVNLKVKIPDILKVCGKVSAVVCV
>LOC_Os03g42654.1|PACid:24124979
MARFAVVAAIVTLLAVTAAVQAPGAALIPALKMALLPAPPTRSLATAPMPVATSPTATSPSPMVPPPTPPTDAPDANAPSTLAPSVVTSTASAPTGAPVSSSAFTTTDAPIVGMEEEMGKKKEGQCRKIELTCGSHVQEADKKRDGVARFEFSKFPVARSRYA
K
>LOC_Os03g56930.1|PACid:24122977
MASSTSSSLAVATMVAVVLLLGATTQAARLLDELVPGIPMPTIPGVPAVGPTIPAIPTIPGVPAVGPTIPTIPTVPTIPGVPAVGPTIPAIPTIPGVPAVGPTIPTIPTIPTIPGVPAVGSTIPTIPTIPGVPAVGPTIPTIPGVPTIPTVPGVPELPVNPGG
VVPTIPKVPLPPVNPGAVVPAVPALPVPPIPGAAGGVVPTLPVPPLPAVPGVPLPEVPGVPLPPVPSVVPPVP
>LOC_Os03g56940.1|PACid:24126656
MASSSTSSSLAAAAMVAVVLLLLGATATSTQAARLLDEELPTAAIPAIPGVPGVPAVGPGIPVIPGVPGVPVVGPGIPFVPVIPGVPVIVPIIPGVPMIAGMTTLPVPPFVPPIDPGAGAGFPGVPPASSTTVQEDPQPPMPSVVPPVP
>LOC_Os03g56944.1|PACid:24122462
MASSVSFMATAMAMACVLLAASSSRTCYAARMLADTPATAAAAAAPPAALPVLPAVPALPTTLPPMPAIPAVPQAALPPMPAVPTVPAVVPNAAALPPMPAVPAIPAVPKVSLPPMPAVPAVTLPPMPAGIPAVPAVTLPPMPSIPTVNVPMPFQAPPPSA
>LOC_Os05g02620.1|PACid:24152079
MAVERNVTAAAAMASLVLLMLSTTATARRARHGPPGELPPIRTPPPPSVISGPRVSPVLRSVPTGPNPITSDPPPPPPPNHERFQADEDKGVLFPSKPRGHVPPSGPSKPPPSYHLS
>LOC_Os05g11580.1|PACid:24151816
MAPAPHMAAMVIFFTALLLLASSSSCLARARMMMMPGDHAVNGKETSASSKEATSPHDLLQGVAPPLPPSPPATEIIRPDSSGWMPQGSVPSPGIGHRA
>LOC_Os05g13420.1|PACid:24149737
MWVKLVFTTLNWFVVSLLPKPQQCRLPSSSSSSSPAWAPPPRWRSPRRRCPRRTRTRRSLRSSCATACHRGCSPPASPPSPSPPTAALPSTSRAPATPTTSTSPTLRPASWGSSATALSPTFPGSRSAASSSGSTSSESRSTSRRPRTTSTSTSDGSPASFL
PTSSSPPTSATTPRNAASRPRSPRLPCGFRFDVFLPFVIPSCLCSIGS
>LOC_Os07g04960.1|PACid:24108651
MASSSNLLAMAIAVAAVLLAGNGNTGHAARHLADTTEAPAAAIPAVPAMPKPTIPTIVPAVTLPPIPAVPKVTLPPMPAIPTVPAVTMPPMPAVPAVPAVTLPPMPAVPTVPPNTVVVPAAVVPALPKVALPPMAAVPNVPMPFLAPPPKA
>LOC_Os07g37385.1|PACid:24110750
MATKQTSNSTMFFMIVLLILGSTVLGKEPPNPCLAPVPTPAKPPSIITPAKPPSTIAPTKPPIKSPPTIGPAIPPSTIAPAKPPTKPPLTITPAKPPTKPPPPIAPAKPPSTITPAKPPSTIAPTKPPIKSPPTIAPAIPPSTIAPAKPPTKPPPTIAPAKPP
STIAPAKPPTKPPPTIAPAKPPTKPPPTIAPAKPPTKPSPTITPASPPPSSLPPSVNPPKPKPLPKCPLLLTNLGGCISLGIGNSLMKYPCCSQLYNLQYDTAAACLCDAMKIDLRVNVDVDINVMIDKILKLCSKAGDSTVVCLR
>LOC_Os08g37890.1|PACid:24100711
MRTAATPPLAAAAAAVAAVFLSALLLASASASASRLPPPRRLLPLVGGEVAVAVVAGEEEKVRLGSSPPSCYSKCYGCSPCVAVQVPTLSAPSVPAAAAPRTTPRRSWRRSPTTSR
>LOC_Os09g27170.1|PACid:24138683
MALRWMVPPLLLSFTAPPGAPAPAPPGAPAPAPVGGAPPPPSPPAAAAATPDMAMSSRAGGTPQEPDHPPTRCRSQAKVWFRRHCSFQSLVRARDQKRGSESNLGAEKEKLTPGKKR
>LOC_Os10g36620.1|PACid:24096819
MGFSCRLVMARALLLLILAALASASSMAAKKQGRQPRGCGGHTSTSPTPELELPPCSGHRGQAPAPVLGLLGRRGSPGAPPPPRSHPPVSYVRPQPRPWPPPPPHPQPPFPISPVAPPPPPPPPPCL
>LOC_Os10g36626.1|PACid:24097395
MGFRCFCSKAQAQLILLLPLLVLASASSSAAKQQPHTACSNTSPATGQPPCSGHRGQVPAPPILGLLGRRRAIRAPPPPQPHPITSPTSPFPGRPVPPPPPSPCL

Class 5: AGP Bias, high EXT (SP_n & Y) - 2

>LOC_Os01g45700.1|PACid:24115768
MMRRPAPVLVLAILAVAASTAAAAAIEGEVKCGGCSPCGGADCPVLYPSPPPPPALPPPPPYYYYSPPPPAYYPGSYCPPPPAAYVQFGGGAQSGRGPLYPQDPGFMPSSAPSSHGSRAVRLFTACAAFASLWFLW
>LOC_Os01g02150.1|PACid:24117892
MARWLQLPCSLLLVIMLVAATAAAADVVVRDDEKCAACGLPSPCGTTCTYASPPPPDVLPTPVYYPPPPPVYYPPPSPPPVAYPPPTTPSTNCPPPPYGGGGYNPTPSYNPTPGYNPTPSGWFTPPNMPSYLTPPGTLYPQDPGFRPNAAAGGAASWRAVVLA
AAAVAGALAL

Class 7: AGP Bias, high Tyr – 1

>LOC_Os01g02160.1|PACid:24116783
MASYRLLVILVFSALVALAAGDTYPADCPYPCLLPPPTPVTTDCPPPPSTPSSGYSYPPPSSSSSNTPPSSSSYWNYPPPQGGGGGYIPYYQPPAGGGGGGGFNYPAPPPPNPIVPWYPWYYRSPPSSPATAVTARGRSLLASVAVVTAAAAALITVF

Class 12: EXT Bias, high Tyr - 1

>LOC_Os02g37200.1|PACid:24128969
MASSSSSSSSKALLVFALLLAAAFVASAEQTHDDGDNPPESPDHEDPPPSPEYYDPPPSPDYYDPPHSPDYYDPPPSPDYYDPPPSPYYGGGGGYGKPPPPPPCCPCKGV

Class 24: <15% motif HRGP - 38

>LOC_Os01g02139.1|PACid:24119581
MPSLRPILLAAAAAVAVVSLWPAARVVADIDPSSGMPSPPATTSPFPFCPTTPAGISTQPFPWAEPSPTTTTTMFPQDPGFLASAACHARTAALAWIPVVFVFSAFLVFLQ
>LOC_Os01g03900.1|PACid:24116491
MPPPPATTPLPRRRLALILCLAWALWLHGGGGGISLADAFQAPTPARLSSGSSYAVGSRPVPAAAPRWSSSSASEAAARFADDKRRIPSCPDALHNR
>LOC_Os01g10640.1|PACid:24118965
MASMTAVAAVLLLVFLLLTSSAPFLQARMMPGDGGEIVQEAVTMMMGSSAGAAAAAVAGRRSTASSSPPEEEMLLPRRPPLPLSPPAATTGARSSRMLGSVPSPGVGH
>LOC_Os01g41170.1|PACid:24119237
MASRAAAVAVLLLAVAAAPLFAAASAHGRGYLGAKSWPPDGSLSSSSSGEAAAADVDDGHTDWKCYSSCMSKCCHRHDDDDDDKANAKANATAGAAAVGLDDDYKCKKQCLGNCFKDVPAVCYHKCVDDWCAKLPPYSSAKVQCYKKCGDKCFHHGPKPGPKP
KPKPSPPKPKPGPKPKPPKPGPKPKPPKPGPKPKPKPPKPGPKPKPKPPKPGPKPKPGPPQPWWPIPFPKPPCPPGADGSSSAVDDKNN
>LOC_Os01g42000.1|PACid:24116432
MSLVSSFMASLLVGGYAYIDKTDGAWMNLKTDRALRQRRAPIGGVAGGVAGGPGRVGGGAGVESGDGGGGDRGGRRGGGVLDGDGDDPCPRATSADASEPSEADPAATDASEPSEADPAATDASEPSEADPAPRATSADASEPSEADPAATDASEPSEADPAA
TDASEPSEADPAPRATSADASEPSEADPAATAASASSAGRFDAMRCREGRGSRSPPSSNLHPAAAQHQSPATPRHRLSATRRAAKRRLGCPPTPLSPLAVGAAWLPLSLW
>LOC_Os01g43290.1|PACid:24114305
MALALFMPSKLSLTLSMVVVAVVAPPLPSSSSSPSPTAASPQPPLRLRQHSPSPPLPSSRSRCSSSPPAYAERSKPAGDVTSGGGTLLPRHAQPGEPVREAVTVEMAPETVVQAALSRKKSANSSPHSGSAQESVSPSILSKASPGREGEGRKEERGRCLQRE
REERGV
>LOC_Os01g53230.1|PACid:24114683
MAAKMVLVRAVSLHTVAMAASACGSDCSPAPRSTPTPSTGSSSSPRDALKLRVCANVLGLCCSLLLAARRPSPASQPPPAARRLLLSRLAPAASSPAAGRLAQRREE
>LOC_Os01g71640.1|PACid:24119533
MAKHGVASILTLALVLGVLAVTPKGGIDFYVRSFYPSGSPSSMSPPPPSSSLPCPRPATAVPTVATAALADAAATPSDATADVAAAPADVVAALADAAADAATTPANAAAAIDAAASPALTEGAGVAEKGMGRRRGSGRGRIGGCGEEINGSARP
>LOC_Os02g35730.1|PACid:24135289
MAPRPRAAVALLVIIPVLLLLVLLPRPPTTSPSSVVGFAATRRLSGGANSGPPAHAPSAAPSPSPGRGRLHPTTTTSAAPRPPPPRGYGGERKRRLKLNLGERVGIALAAVAAALQVALVGACLALLARQLRRGKPRDSEDAAAAASSSSAPPPA
>LOC_Os02g48094.1|PACid:24132830
MPPLRRRLLLLCLYVAAASRLAPCSTAAALPDPAPLDPALIFPSATPAQPGSATIPAFPEQSDAASGTSSTCPLTPSPSLLPAVTSSCVDGGGALTTRLRCCPPLAAWLFAAYAPAALAQRPAKSAAAAAVDMPVPPDDSEACAGAADRALRAEGAALPRPPG
ANGTCDVAFCYCGVRLRRLTCGPPPAEGGQWAPADAAARRLEKDCAEPGVPGCSKCLRALTTIKAGSGGAAAAAAAAAKKKQQQGGAGVTGERECQLMGIMWLLQRNATRYGAAATAVIQALMAADEASAAGVAAAADGPAACSLPVDDMPLAAEYARFSDAG
GPPAVSRLYVLLLLVALFGVVAYAL
>LOC_Os02g49280.1|PACid:24133998
MAPSSKLAAALFFAFAVVAATLAPAAEARVQGFEPAIAVEKTSVSGGAQRPPTTLPGLLPGLPFPLFPFLMFPIPGSPAGAGGAPPSAGSGGFPFPLPFPLPLPAPGSPAAGAPPSSGSSGFPFPMPSPLPLPAHGSPAAGAPPSSGSGLPFPLPFPLPQPSS
PAQPQPKECMTPLMSVMPCADYLTNTAVPTPPATCCDGFRSLVSTAPICLCHGMNGDLNSFLPTPVDPMKMMLLPITCGAMPPLQTLFMCSCVSPWYI
>LOC_Os03g43790.1|PACid:24126386
MAGSSIRGFAGAAALGGLLLLALLLCPPPPCAAARPLATTTTTSSEEEAMTIIALAPSAWSPGGGGRRQWRAAGAAAAKWLPFVAGGAAGRYPYGRPLWGLPAPAAGRMVPWAAATAAPGLAFRTGGQLTEEEAPRGGEDAAAAARQEQAAMWASLLNPAQVR
PAPAWPMAGNGEAEAPPADAEPTAEGMDAGDEPPAGGMLVGQPKWPVSP
>LOC_Os03g46150.1|PACid:24127634
MDRSMARRRRGTSFTASWQLGLAVVVAAIMASSAQPQQQQQQPPQPPGQPANAPSCPPVQASLSPCVSYFIGNSSTPSDACCEQMRAMFQSQAPCLCAAVASAPSPLAPVLGGVQSLLPTACNLPPNACAGKPFVRAVPILTCGLNSRTHGVIAVAGVVFADA
TGSTSGSAPAGGSSATPSTGATAAAPAMEPAGMDPAMTAGGGSKSVPGMPYSAAAGVHGGGASAAVAVLISSMLAYACMI
>LOC_Os03g46180.1|PACid:24124308
MARSGHGVVGLALAVVVAAAATLCAAQTTMTTAAASVQPTALTMPSCPAAPLSLSPCIGYAFGVGSATLSSCCSELRAFLRSQGPCLCAASRLAAAGPFGLFLGQAQAIVPNVCNLPSNPCDDVAAKSSEPRSATPAALAPAAAPDTPAMTPSAAPAEPEASE
APPVPADDSPAATVTAPGDAGSSAGSQVASKLPELLHSAGVRNSRNMAAAAVITLFLVYVSAMYV
>LOC_Os03g50644.1|PACid:24128605
MSAPLFLSLLFFSPSPQFGSRQGSQPVGKVGVRRPATGDEAAADLNATSPAPTRHPPTTSPAHSRLQCNIHIGAKSIKKTSNAINGGVFVLLLFGVAFVSLGGGGAVLTVEVGGDGAAAGEVEDEATDVRIKTACGSFQSAAGAFAWMRESGVDAKAVAAGAT
TVDVLSLLSPASPPNHLALLPALRDPAPGLALPRCRHGAPTPASAAAPAPASTAVVAAEPPPPRPAPPPPAAGRAHLRPRRPCPALPPPVASRA
>LOC_Os04g32404.1|PACid:24107651
MRLPGDGAMAASHQQLLTAAAVVVLASLRAVAQPAGDGYGNATFSLCSGVDNTQAAGRSTWSGRLLPPKPSRRPPLRRRTGPRAWLATGSTTRSRSAAPTCPRGTARGASPPASESSAGAETTCARKPRCATTTAASSASPRATTSPASTSTSTRRPCSTAGA
AASPSPRRCPPACSPRWRPPPRRAGRGPPPG
>LOC_Os05g02630.1|PACid:24154275
MAMAVERNNVAAAAAALLALLPMMMLSSTATAARPVHGGPPGELPPIIITTPPTAISGESDFSVLRKVPTGPDPITSDPPPPPPPSTPTQFSVLRKVPTGPDPITSDPPPPPLSEFPVLREVPSGPDPITSDPPPPPPPLSEFPVLREVPSGPDPITSDPPPP
PPPLTEFPILRKVHHKALGIASKQDGLRPAKP
>LOC_Os05g09430.1|PACid:24150537
MSSSHLPFLIPLPLSLLSFSPQTLFTTGAAVGTAAVGRPPAARPLAVLLATEDETHALMPPWTLMTMASTSLPPPVRPQELHPPPLPLRRLTPIVYVVIAAAVAAAVALLRSLVLRPAAEDEIHTFMPPWTRTATASMSSLPPATAPRATPTTTTVVIQIHRS
WWRATTTEPDATATPDRQFPSTPLPSPLPLW
>LOC_Os05g11600.1|PACid:24150328
MALSWSMKTSAILLMLLLASSASTLQARMIRSLSSDEQDHLMAAMAPPPPPPSAAATTTTATAPAVSGEPGVVVVKRWGKIQVQGSVPSPGIGH
>LOC_Os05g13830.1|PACid:24153694
MARSSPCLAVAVLLLGVVVAAIGAFADEGAASGWGLGHGARFLSRRGRAAYEKSSEPEAKPASQQEPKSDSYSQAKPGPKDEPKPEPEAMSASQPESKPATYSESKPESKAEPESKPEPKAESTPQPEAKSEPKSEPKPKSELYAEPKSEPKSEPQSEPNPET
KAEPKSEPKSEPKSEPTPQTEPKAESQPEPKTEPKSESKAEPKPERKSYSKSKPEPESKPEAKTEPQPESKPEPKPESAPKKETPSSAYP

>LOC_Os05g16220.1|PACid:24154241
MAPAGVALALAAAVCFLLVAPASARRPADLPPQAVLLLPEPVDYREAAAEPLLPPKPVADANADASDADLTTAAALAVPDEEERGPARARASLLCFVFR
>LOC_Os05g27360.1|PACid:24154529
MAALALAALALTVALAARARRRRPRLPPARVRRPCPPLPLAARPLAVTSGHEAAPSAAARLRAVADGGPHAGRASRRRAARGAGVADASSPSASSASRRPPPQSPPPQAVAGWGRQIRRPSGRIWPYLAKSGRRWWRPSLVALAAGSSLPPSPPTPPHCQR
>LOC_Os05g32150.1|PACid:24150833
MQEEAASSSSSSASPVMDGGKAMAVLLAVAAAVLLLLPLVLPSLLLLLPVVLLLLVVSLAFFPAAGSDGVVAAAAVAGTYQPPPPPPARSSPPPSSSSSSSSRQL
>LOC_Os06g08190.1|PACid:24143037
MHLRPLLSLAWLLVAALFLLQSSPTSSSSSPPPPPPPPPPSGAAAGEDNGGGSAIWAGVVAADTGGGGGEKAAQRRSLRRVGLHRTPPPPTSNDGGIESISPPPPPEQDGQFFSSTGYPTRPPPAS
>LOC_Os06g29460.2|PACid:24140874
MPRSCLRPLPILSAAAAAAAAGRASPSPWRAGRSRRSGTAAEEEEEAAGVMARGCREGSRSTSPRGNTSCGIRRWWTPSSRRPASSPPTPSSRSARHGEPHQAAPPGRRQGRRRYPAWFSRSTAAWFQFFNRFLKYITSLTNTTILGPANFTLPFYSSI
>LOC_Os07g13500.1|PACid:24111120
MSPSLTLLLFLSVVATVGADDVRQVLHEPLFPIEWTPSPSSDFSSDPPTPATATLVDNSSPRLLPAPLPNTIAADVLSSRSRPDPQASCGGSGGMPKAAIVVASVAVAAVLALLAIVVAFLLTSRLARHPAAARPRAC
>LOC_Os07g18070.1|PACid:24110271
MARSLLLLVLLLASVLAAAVSASSSEESSSKPSILIPVADTPLGSYEGADGPIADDALEDMEAAPLGSPIGTTMTEPEPELPANAPPSSAGATASSTPTTLLAAAVMAAVAGVFAF
>LOC_Os07g39640.1|PACid:24110061
MARHTWVISLLLTSAVAGASRQPPATASQGPTWTGLAGEQEMEGAATASSAAPVASLFPGLPPLPPLPALPALPPLPPLPALPPLPPLPPLPPLPSPGTTTTRPRPPSPPPTECLTSLVELLPCVDYLTNDATAPPGACCDGFRSLVGSALICLCHGINGDMS
RMISRPIDPVRMVLLPAMCSTMLPPQSLFICYTETVPPLVP
>LOC_Os07g40830.1|PACid:24108971
MSSSSSSSSALLLMAALLLSCGAMGSTARHLEEKAPHFPAVPELPPHPELPELPKPELPPPLPELPRPVVPELPPHPAVPELPPLPKPELPPHPVVPEMLPHPVVPELPHYPAVPGFPKHGLPPKPELPPLPTAELPPEHEVHDPEPETKQP
>LOC_Os08g37300.1|PACid:24097509
MASSGCHLLVLLLAFSAFHCSYAARHLLDTAAAAAAPEAAPAQPSMPTVPTTLPPIPSIPAVPKLTVPPMPSVPIPKVTIPPTAAGTIPSLPIPAIPTTIPTIPTVPVTLPPMPSIPTTIPSIPTTIPTTIPTIPGFQMPPIPFMSSPPKTTSP
>LOC_Os09g16250.1|PACid:24138570
MSSSLSHLPPFLSLLLTLWPPNTSSATSNAACHDNFSVSLAPPHPSHVSFCVALFGAIASSIARRFTAAVAPSTSTVRQPPRKTGTTTAIAAAMPRTLPLARIKEVDSTLTPKQVIAW
>LOC_Os09g16280.1|PACid:24137303
MSISPRFLAVAAVLAGAMYSAATVAADTPGGSCPYPCLPPPIAGGAVNSYPPPPPAGSSSSSSSGGGDGGAGGLFGGTYPPPPPGVMPGAFAPPFGGGFPYGPAPPPPNPILPWFPWYYQHNNPITGSTTSAAAVGRTPASMVTTVVLLPLFLVALLRVL
>LOC_Os09g19210.1|PACid:24138719
MWPALRPMSLTRLTPFAALSTSTCPAAIACCAASTAVWNPNDRLMTPMSLSAVFGIAATAEPRHAPRIVPSSPTDWWLASSAEERKPGCTREEEEEVRLTRGSHLS
>LOC_Os11g04050.1|PACid:24158818
MAAVRILAGFRQFALPVVLAIARRRPKPPSRARRRSLQQGEGGERGRRGRRLRTAGSAATASSPTRSSAPRPPPSAAAPAASAPRLPPSAAASASPSELRAEAAAPACR
>LOC_Os11g06150.1|PACid:24157183
MASRTTTSTRVEVAIKMSYLVVVLAIASLSACRVDATSRSLLVTGGQAAAPAPVWSFGALPPLIEPAVVEPPTAVAPVHAVAVGEAPPPLKEESGSGHVKKSKHKDEERAPPPKKHHEKAPPKSKHHGRHAPPDQPELSPPAPPPESYTPDAPPAPEAASPHH
GGGENPAWPRPGNNQWPPLPPFNQPPTPEWPHPGNKWPPLPPFHPPPTPAWPHPGGNKWPPLPPFPSHPPPTPAWPQPGNKWPPLPPFPSHPPPTPAWPHPGNQWPPLPPFPFHPPPMPAWPHPGNQWPPLPPFHGSDVPPATKKITKEEVHE
>LOC_Os11g10880.1|PACid:24155749
MERCFLLLLLATGIAAGEQPPRRTAVADHPAIVGTTTAAPCDPLCISGAAAGGATPEAMAAASAAVAMAGNESESALLPTPRQLDRPDSSGLPTTHQSWIYYGPLPTTPYPYSKAPPASELVRATTAAAAVVFSTVLLVAAAAR
>LOC_Os11g37320.1|PACid:24157445
MARSKLPLLLVLAVVTAAVSSAWLPSPASAASDAAAGGEYCRDSLSGLLACRDFMFGGAAAASPACCAAYSAAFDADPFCLCYIADGVYGRSTGYDVNVTHALEIPVSCGLATPPIELCNTQGLVLPPYEPSSPQQPPSAGKLAESPAATPAQSPTAAPSLPQ
APKPSSPPPFTSPSPLPPPPPPPTSHGARGATMGIGTVAAAVAMTTLLALLS
>LOC_Os12g06280.1|PACid:24147000
MEERKWRSTSSWPPMLPVIMMAMAILAVSFNGAAAQPPPDTNVLCVSKCGTCPTVCSSPPPPASGNYNPVLSPPKGTGSGSVGGSSSSPSSAPLAKGGQPGGSNYYYFFTSGGSSHGCAAALLLPPLVSLAVAALSQ

Selaginella moellendorffii

Class 1: GPI-AGPs - 3

>440674|PACid:15406499
MAQIFFLAVAALLVSFQACSGENEYVVRPGMKLEVSFADVPAAPPTGSLAPPPVPVMAPPTPTPAPATPPVATPAPVEAPVPSAASPPAPPTAPTPGGSANAPASPPGTTPSSALAIVSPISIVLGSIALLGLF
>443341|PACid:15412991
MAFLATAAAAAAVITFFFAIVNVDAHQKMSSHGIIGNAMDESSGTVVWKVEKQGLYDYFKCASSTSRSSNAGHCKKHRIIQRLLAESPKSSPKSGSGTKATSPSSTPALATAPSTRASAPSTGTVPTAPVASPVVSPVVTVPVTAPVTSPPVATSPVATPPVV
ITAPPVATPVVAPPVTTPVVAPPVATPVTSPPLATPVASPPLATPVTAPVVSPPLATPVTAPVIAPPVATPVSTPPVAAPVVTPVAAPVVTPALAPVAVPVTAPVVSPVVAPVAAPVIPPAPVSSPVVAPAPSPKKHKRSPAPAPVPVLGPPAPPLSSPTSPA
TSAEGPDFAPITTPSGALRSMPGSLLLMAFSLLGVLA
>445643|PACid:15421034
MAFGRRPQLLALALLALIHTCICEEEFVVHPGKGLNIILATPAGAPSGSAAGPAATVPPPPTVPAPVAAPPPSVPPPVVAPATPPTVPPPVATPPPAPVPVATPPPAAAPAPVVLTPPVAAPTPVVAAPTPVLTPPVATPVVTPTASPAASPPAPPTGSSPAS
APGASDLAPQSPSSAISIVASAASVLVASSLAAALLF

Class 2: CL-EXTs - 9

>Selmo_229952|PACid:15414583

MGTRLMASHSSIALGWALALVTIAALGEINVVSANYDYSSPPPPYVYKSPPPPSPSPPPPYIYKSPPPPSPSPPPPYVYISPPPPSPSPPPPYIYKSPPPPSPSPPPPYVYKSPPPPSPSPPPPYVYKSPPPPSPSPPPPYVYKSPPPPSPSYVYQSPPPPSPSRPPPYVYSSPPPPSP
SPPPPYVYKSPPPPSPSPPPPYVYKSPPPPSPSPPPPYVYKSPPPPSPSPPPPYVYKSPPPPSPSPPPPYVYQSPPPPSPSPPPPYYYKSPPPPSPSPPPPYIYKSPPPPSPSPPPPYVYMSPPPPSPSPPPPYVYSSPPPPPVYYYSSPPPPSYY
>Selmo_402661|PACid:15405846
MKGVILGFAIESAMIFFKSCSMLLLLLVYTVTCDGSQEVLDRNTGSFGDAKNFGFGIPKSTIDFFCWRPWLRRPWWFPNRLCPPNAPPYCYKSPPPPMELPTPPVESQPPPVESPSPPHHQKSPPPPVESPPPPYQYKSPPPPPPPKCGKTPPPPPPPPKCE
KSSPPPPPKSPPPPPPKREKCPPPYEYKSPPPPPPKCEKSPPPPAPYEYKSPPPPPSSPPSPLYKYESPPPPAYEYKCAPPPPPPPHHQHVKSPPPPSLPIYWYQSPPPELVKK
>Selmo_405114|PACid:15410799
MRTSQVRGLGLVPLLLMVLVANAYDVDPPSPDYKSPPPPKYEYKSPPPPEYDPSPVYEYKSPPPPKYDPSPVYEYKSPPPPKYEYKSPPPPLKYDPSPVYEYKSPPPPKYEYKSPPPPLKYDPSPVYEYKSPPPPKYDPSPVYEYKSPPPPKYEYKSPPPPPK
YDPSPVYEYKSPPPPKYEYKSPPPPKYDPSPVYEYKSPPPPKYEYKSPPPPKYDPSPVYEYKSPPPPKYEYKSPPPPVKYDPSPVYEYKSPPPPKYDPSPVYQYKSPPPPKYEYKSPPPPKYDPSPVYQYKSPPPPKYEYKSPPPPPKYDPS
PVYQYKSPPPPKYEYKSPPPPKYDPSPVYKYTSPPPPKYEYKSPPPPKYDPSPVYKYTSPPPPKYEYKSPPPPKYDPSPVYKYKSPPPPLYYYKSPPPPAKYKSPPPPKYDPSPVYEYKSPPPPKYDPSPVYEYKSPPPPKYDPSPVYEYKSPPPPKYDPSPV
YEYKSPPPPKYDPSPVYEYKSPPPPKYDPSPVYLYKSPPPPKYDPSPEYKSPPPPAY
>Selmo_406865|PACid:15419161
MFLLLLLVSTVRPWLRRPWWFPNRLCPPNAPPNAPPYCYKSPPPPPPPVESPPHQLLTVTSLHHFHQSVRNLHLRHHPSLHHHHHHQNARSLHLHTSTNLHHHEKSPPPYEYKSPPPESPPPLPPYKYESPPPPPPYEYKSPLPPPSPPIYW
>Selmo_412461|PACid:15411617
MIFLKSCSMLLLLLLVSTVSCDGSQEVLDQNAGAFGDAKNFGFRIPKSTIDFFCWRPWLRRPWWFPNRLCPPNAPPYCYKSPPPPTPPPVESPPPPVESPPHHHKSPPPPVESPPPPYHYKSPPPPPYEYKSPPPCEKSPPPHHHHRKSPPPPSPPLYWYQSP
PPPSPTYISCNEILKRSSIKAPWMEHTFLRQIFEDVAAKSIFAA
>Selmo_413006|PACid:15411341
MIFLKSCSMLLLLLLVSTVSCDGSQEVLDRNAGAFGDAKNFGFRIPKSTVDFFCWRPWLRRPWWFPNRLCPPNAPPYCYKSPPPPVESPPPPVESPPHHHKSPPPPVESPPPPYHYKSPPPPPYEYKSPPPCEKSPPPPTSPATQSPPPPKSPPPPLPPKCEK
SPPPPLPKCEKSPPPPPPKCEKCTPSPASYKYTSPPPPQSPPPSPPYKCTPSPAPHKYTSPPPPLSPPPLPPYKYESPPPPPPKCERCTPLPAPYKYTSPPPPQSPPPSPPYKYESPPPPPYEYKSPPPCEKSPPPHHHHRKSPPPPSPPLYWYQSPPPPSPT
YRSCNEILKRSSIKAAWMEHTFLRQIFEDVAAKSMFAA
>Selmo_422106|PACid:15416343
MGSCHFAMALLAAALVLLKSSQVQAFDFSFPPMPDFTPYYKYLSPPPPSYYKYESPAPPYYKYVSPPPPYYYYKSPPPPYYKYESPPYKYESPPSPPYKYESPPPPPYKYESPPPPPYKYESPPPPPYKYESPPPPPYKYESPPPPPYKYESPPPPPYKYQSP
PPPPYKYESPPPPPYKYESPPPPPYKYESPPPPPYKYESPPPPPYKYESPPPPPYKYQSPPPPPYKYESPPPPPYKYESPPPPPYKYESPPPPPYKYESPPPPPYKYESPPPPPYKYESPLPPPYKYESPPPPPYKYEPPPPPPYKYQSPPPPPYNPPPPPYK
YESPPPPPYKYQSPPPPSYKYESPPPPPYKYESPPLPPYKYESPPPPPYKYESSPPPPYY
>Selmo_429269|PACid:15415476
MGSCHFAMALLAAALVLLRSSQVQAFDFSFPPMPDFYKYLSPPPPPYYKYESPAPPYYKYVSPPPPYYYKSSPPPYYKYESPPYKHESPPPPHYYYKSPPPPYYKYESPPYKYESPPPPPYKYESPPPPPYKYESPPPPPYKYESPPPPPYKYESPPPPPYKY
ESPPPPPYKYESPPPPPYKYESPPPPPYKYESPPPPPYKYESPPPPPYKYESPPPPPSNMSLCHHIRVSTTSLLEVQVLPPPPYYKYESPPPPYYKYKAPPPARPQRLLEKLMFIYNYN
>Selmo_431330|PACid:15422079
MNFFKSCSMLLLLLLVSAVRGDAKNFGFGIPKSTIDFFCWRPWLRRPWWFPNRLCPPNAPPYCYKSPPPPPPPKCEKSPPPYEYKSPRPPPKFEKSPPPPPPYECKSPPPPPKCEKSPPPYEYKFPSPPPLPPYKYESPPPFRYKYESPPPPHNSPPLPPPP
IYWYQSPPPLRELVTFCPGL

Class 4: Non GPI-AGPs - 9

>404120|PACid:15407734
MASSSSSHWCCLLLFTVILTQSTAGSTLKNQNACSTEGLLREWCGKDDGTTVNKGANRHELFKNNVCRLMILGKSMVSSNSLGGSTQSPSRAPVPSPSPSAPPPSPSPSPPHPSSPPSPPPPSPPTASPPPPSPPPPPPPPPSPSPPPPPPPPPSPLCPPCGY
GQKCCCMFPSCLFLFKCCPITTVCGYGPHCY
>405988|PACid:15417045
MFIALTVVHFLRVASSVNLVCPRDSDSSFTNSRGYFDIFEIVKTGTDIGSCQVNVDTSRAPQGCSFLTDINGGPSGQSLRTCINNGNNKFTCGPYYFTPNACSPPPPPRTPPPPPPRRPPPPRPRTPLPPQPRTPPPPRTQPPPPPTPPLSPTPPPLAPPLLS
PAAPTPPTLAPESPASAPGPAPTPSSLL
>409203|PACid:15423073
MRPGAVPLLLLASILLLLHAGIVVSQLPPAGAPGPSSFSPAPSPELSNPDNAPVPAPGPSSGSAEPPSPSPSPFSSPAPAPSDGDEGTGNSFPPLSSPPGSPPTSAAAENQPVDRVSSGGGSSGISGGAKAGIAFGVIAGVIFAVGGGYVYVTRRNNEKRASG
PGGMRF
>413143|PACid:15412174
MATWWMILLVLQLWWCSWLEARPIKNIVLQYPSPPPPVTYVYSSPPPDGYSSPSPPQTSCPPPPSPPASPVYPPPASPPPDGYSSPSPPSSCPPPPSPPVYPPPASPPPDGYSSPSPPSSYPPPPSPPVYPPPSDGYSSPSPPPSPPVYSSPSPPSSYPPPPS
PPVYPPPASPPSDGYSSPSPPSSCPPPPSPPASPPPTSTPSPVYPPPTSPVCPPPPSPAYPPPSPPPCDSKPPPMQEYPPPPCEDHHAPTAPEYPPPPCECHTPTPPEYPPPPPPKDCHTPPPPAPSPCNESAEYPPPSCDDCSSPPTEPPPCEKCEYPPCDD
CGKLPASTKVTDARILAEILSAELLLSDQYSRAARFKDPSVKMLTSEFQSQLKSHISVLQGLLKDAAGKPQIDAGKGVFTKIMNAAFGKDLDPAFDAYNTSTNFLLAASVTAPLASSLSVAGLSQLQGADAKKAVAGISSTLAGQSSVLGVLLKLRKLEKVQP
YGLTVGEFSSQLQELQKKLELLHHGQVAEAASSSRNSTNVSSSKAKVSPSTARDPKQHPEEIAAILMELGFYAPGQQ
>415476|PACid:15420378
MAWLAFLVFVLTASVAGGQQSPPPPRSPPPPPPPHPPPPPTPPPPSPPPPTPPPPSPPPPTPPPPTPPPPSPPPPPPCPPPPTPPPPPPPTPPPPPPPCPPPPTAPPPPPPPCPPPPTRPPPPPPPPPTPPPPPPPCPPPPTPPPPPPPPCPPPPPPTRPPRTP
PPSKTPPPPPCPPPDTPPPRPPCPPPSPPRHTCPSLPSCPSHRQTPPPPSHCSPCCGKAHHPKLPLTQIFTVMNHLQRLYVTAASKKSANFSGEEALTMDIISEFGIQSALQTRMIQKHLGDGVEAPEIASTKLAFQRIVHAAFGEVLSPAFDPFSTPLSALV
ASSTVLPLATSLSVGILPELHSKSSKALVAGVVGALAGQDAAVRALLYRHRKEIVAPYEHSVAHFHGKVLGLTRSLELLSGAHPAKYQSSLFSLPVDDSGVSPALSAEQARLVLQRLGFLQ
>416541|PACid:15401629
MELARASLILAVLLQACLLVSSREVRHDHQRNSHVALTGTVVCRDCSHSQQGLKGVYLNLICADTNRSRIIHTRSSGEFVAHLRNPSAKCSLSVITSSLPRSCDNAVPQDGREVDIDFAQTRGSRHVAAFVFQPEQCPSASASPPQVSHPKKSHHHNRHHGHK
RSHHHQSRHKSPDHGHHSEHKSSRHQDAALAPSPSATVTAPAASIAKPVVKEASPPAESPAESPDLSPAFSPLQSLPSSREFPVAPSQSLTPLSQPPEEPSPSDLFLRPRPGQDGTSSPSPSLTEAPAVPPPLVETPEESPQLSPSDSQSQAPTEAFLPQSPD
QEVPVSPPSSSSSPSLSPTTGVADTTPAPPPLDRAYEDTNPSPAPSTNPSPPSAATPNYVVLVLPPSVSQRSHSPPAPPQEQPEIFAPDLSPSSPPRSSQEPDPDVLPPASPQEPDPNSTISPPPQILSPFPIPSPWAYSPSQCQCP
>438863|PACid:15401938
MENKTFLYLILLLAIILKNENFCAATTSIKVDGYVYCTNCGSLSQSGIFNAKVNLVCPGDSHSSFTNSRGYFDIFELVKTGTDIGSCRVSVDPSRAPRGCSFLTDINGGSSGQSLSTCTNNGNNKFTCGPYYFTPNACSPPPPPSSPPPPPPRKPPPPPPPRRP
PPPPTTTPPPPPPRTPPPPPPKTPPPPPPRTPPPPPPRTPPPPPPRTPPPPLPRTPPPPPPRTPPPPPPRKPPPPPPRTPPPPPPRKPPPPPPRTPPPPPPRTPPPSPTPAPSLSPTPPPLSPPLSSPPAPPPESPPLEPGPTSTPS
>441903|PACid:15411640

SKTFLYLILLLAVILKNENFCAATTSIXVEGYVYCTNCGSLSQSGIFNAKVNLICPRDSDSSFTNSRGYFNIFELVKTGTDIGSCQVSVDTSRAPRGCSFLTDINGGSSGQSLRTCINNGNNKFTCGPYYFTPNACSPPPPPSPPPPPPPRRPPPPRPRTPLP
PRPPQPPPKTPPPPPPRTQPPPPTPPLSPTPTPSLSPIPPPLSPTPPPLAPPLLSPPAPTPPALAPESPASAPGPTPTPSSLL
>449338|PACid:15408044
MENKTFLYLILLLAIILKNENFCVATTSIKVDGYVYCTNCGSLSQSGIFNAKVNLVCPGDSDSSFTNSKGYFNIFELVKTGTDIGSCRVSVDTSRAPRGCSFLTDINGGSSGQSLSTCTNNGNNKFTCGPYYFTPNACSPPPPPNSPPPPPPPPKASPPPPRK
PPPPPPPRRPPPPPPPRTPPPPPPRTPPPPPPRTPPPPPPRTPPPPPPRTRPPPPPRKPPPPPPRTPPPPPPRTQPPPPPPPPPPSPTPAPSLSPTPPPESPASAPGPAPTP

Class 5: AGP Bias, high EXT (SPn & Y) - 1

>444340|PACid:15415930
MATWSTFITLFLAISTGLAAASTYEIYGDPTCTTVLTNFSTPAQCFPVLPVFGYNFIFTEEPGITFFGAACSMSINGSTILTKNTTVCGPSTVLSFGILPLVDCNLPPRRSPPPPPPRRSPPPPPPRRSLPPPPPPPPPPPRRSPPPPPPRRSPPPPPPRRSPP
PPPPPCKKVIYGDARNFEKQIYPSAIFLIHFLILVIVILKH

Class 6: AGP Bias, high SPn - 1

>412728|PACid:15413899
MEQHKQAPLWALLLILASGLILTAVGLTKNLTLLLNNYPNFKRFNTLLTTSGVVDQVNPMLTATLFIPENNTLLNDFIYDMGKHPSEEKLADLVRYHISDFYIESEFLAVRRNFSSPIKTLFRERPYEETLHFRWLQLNVDNHGVATLSRPPHQSPPLATILR
NVVQEPFSITVYAIDRVLEPEGFLPPPPPPPPSPPPPSPPPPPPPPPSPPPPPPSPPPPSPPPPPSPPPPSPPPPPSPPPPSPPPPPSPPPPSPPPPPSPPPPSPPPPPSPPPPPPPSPPPPHPPPPPAFLPESEDGIPPPQSLAMQRFHRSVLASTLVSLLAMLLLKF

Class 12: EXT Bias, high Tyr - 1

>443733|PACid:15416055
MGERSSPLLLAVLVILGISSCGLTVSAARPLEEQKTLDWLHFPPLPPFPYFSHPSPGYKPPSYSYPAPEYKSPPSYSYPTPEYKSPPSYSYPAPEYKSPPSYSYPAPEYKSPPSYSYPAPEYKAPPTVPSTPAPVYKPPTVPSTPAPVYKPPTVPSTPAPVYK
PPTPSPVYKPPTPVYKPPTPSPVYKAPPPPSSGY

Class 16: PRP Bias, high EXT (SPn & Y) - 1

>405021|PACid:15410012
MGPPRRTRMPMEATAALSLVVIALAFAAQVEASPYEYKSPPPPVYETPAPVYKYKSPPPPPPVYKYASPPPPVYHAPAPVYKYKSPPPPVYHYSSPPPPVYKYKSPPPPVYHAPAPVYNSPPPPVYKYKSPPPPVYHAPAPVYKYKSPPPPVYHYTSPPPPVY
KYKSPPPPVYHAPAPVYKYKSPPPPVYHYSSPPPPVYKYKSPPPPVYHAPAPVYKYKSPPPPVYHYSSPPPPVYKYKSPPPPVYHAPAPVYKYKSPPPPVYHYSSPPPPVYEYKSPPPPVYHAPAPVYKYKSPPPPVYKYQSPPPPVYHSPAPVEDDNKCCRI
FLEIRTRVAAVETELLHRKREM

Class 19: Shared Bias, high AGP - 1

>402740|PACid:15406566
MTSPTSAICVFILFLFQGAACWTDYYYQHHGLEDDDDDPGLQDFPEVGFPAPPPPRSGFPPYYFPRPPPFSHPRPGGPYSPPKPYPKFVPPSPRANLSPPSYPGFRRPPPPPPRRSPPPPPPPPPPPPPTRPPPPKLNPPPPPTPPPAPKICPPPPRLPPPPP
KIAPPPPRTPTPPPPPKFAPPPPKRPPPPPPPPFPKRPPPPPSVPITPVDPAPATPAQKAGIAVGFILALALLCAMIYICKKVHKYRDSRRYSDQ

Class 20: Shared Bias, high EXT (SPn & Y) - 1

>440537|PACid:15405643
MGPSPTLVVFFVGVTLAALAGADEPPVYKYASPPPPTYYYKSPPPPVYKYKSPPPPVYSPPPPVYKYKSPPPPVYSPPPPVYKYKSPPPPVHSPPPPVYKYKSPPPPVYSPPPPVYKYKSPPPPVHSPPPPVYKYKSPPPPVYSPPPPVYKYKSPPPPVHSPP
PPVYKYKSPPPPVHSPPPPVYKYKSPPPPVYSPPPPVYKYKSPPPPVYSPPPPVYKYKSPPPPYHY

Class 24: <15% motif HRGP - 2

>403691|PACid:15408857
MDQKTVTTVLKAFFVVAALAASASADPDQQPPCNSFMSVLSCQSATMSESAMPSPACCAALQKFHDADCLCQVLLSARSAAATANVPFNLKAALEIPMKCALRTVSAPPGYSCGGMVVPRSPPPTST
>449393|PACid:15408211
MGTSANGVGGGSAILLWISVLTILLGAAATVAARSTLVGAATEMKNEYFHHPPLEFPKPPPFEFKEPPYELPKPPPFSYKEPPFDLPKPPPFSYNEPEFTLPKPPPFSYKEPPFDLPKPPPFSYKEPPLDLPKPPPISYKEPPFDLPKPPPFSYKEPPLDLPK
PPPI

Physcomitrella patens

Class 1: GPI-AGPs - 12

>Pp1s109_218V6.1|PACid:18051321
MAFTSSSTRLVLSVFAVVVLLSGSAIAFDNFDGRPRPSGMKDKPSSTYGRKPEATYENKVADCTWYGWENANYFPNVTSLCSRQLWAALSLAADLPAFTYFVPESGDYYDPTYNEYFCTIGCFDLSRAGNPASSPVQEPTPSPPTDSGPPPAASPPPSPVVTP
PPVSSSPPTSSPPTSSPTAPSTPGTPPPGIAPPPPATLFRPPPPPNALAPPVPSTAPGVPNPSNPVATGPAAQTASGSMLAPGYGSMLLFVALHFVYTLLQKH
>Pp1s13_239V6.1|PACid:18064548

MGSSKMLVGLLALIALAVEVTSQDCTTALNEFPQFSMQKDALISSGVADALKGMNTLTLLLINNGAFGGYLGGHSTYTPQMVSDVLKYHILLSYFDTETIKTVSTMNDGVVTTLYQSTGRANGMDGFVNITVSPTDGVVTIKPSIPGSTTQATVVSYVKAVPY
NCSYIEISNVLEPIGLAAAQLAPTSPPSPAPVAVPAPATVAPTTAPISTPTTAPASAPVESPTAVPASAPVDAPASAPSNAPVDSPVSSPPAPVEAPAETPVETPSETPVSTPPAASIEGPAMSPQSPDSSAYSLRLNLATLLVSAFLGALFL
>Pp1s143_12V6.1|PACid:18045750
MAVSARRNGIWAAAAAICMVALFVQAGAQGVIMNAPESSVGGVYAPQWAPVASPEYAPEMSPPGSPEYAPAMAPMTPSEGPSNAAPEVPPAAPAPETSPMGSPSMSPGPSVDSPAPGPNPMESGASNTVPSFAALFVGLAAYLLY
>Pp1s162_128V6.1|PACid:18043561
MAISARRNTMSVAICLVALFASVFVQSNGQMAPEMAPTYAPEMTPGAPVYAPAHAPTYAPEHSPQGSPMSPPSTAPVASPVPESSPVNAPTASEGPVADAPGPSAPESAASTNVASSVIIFMGVAAAAFLY
>Pp1s171_65V6.1|PACid:18056334
MRVPLALCLVVGCIIVGISAQRSPDGLPRPENTRFSPDYPFGPTPTVYNNVTGAVIDCDWYGWENILYPTSSVRCTYLLRAFLTNATLFPPSKREAYVYYYHSKLSDPATEEPYCYQGCFKLSASSSSPPSAPASDPPPPPDIIPPSPTTFNSPPPPTPILTP
TTPSVTPSTSPGTPTTPTTTPRFNSNSGDCLRPSAPGSWIAMVAGAAMLMMRGRW
>Pp1s310_65V6.1|PACid:18041630
MATLMGRSCLLNVVLWITLLFDAAHARWPGPLPAPAYAPSYMPHFPPMYAPHSPPNEIPPAHAPYTPPAASSPYIPAAPTPVFAPYTAPSGPSSPPYYAPSPWTSGPVPDIGSPSYEPTTAPAYSPLIAPLAPAYSPWVAPSYTPAPTPVPIYTPSWAPYAPS
LTPVPSPSISPAPYAPEPAPYAPGPAPVSYEPITSPPAPFAMSPGDDVPISSEPVASPAVSENAGPKLASKPWKLSALTLAISVVVAFS
>Pp1s338_8V6.1|PACid:18059192
MASSNTMSIASALCLVTLFASVIVQVAAQEPASAPTATPPVGAPTVPPPAGSPFQPPTSSPPAASGPASVPPPPPSPSAETPTATDSPPAAAGPGPATSPSSDAFTVAPTVSIVLMSTLAYLLY
>Pp1s35_173V6.1|PACid:18055142
MVSTTPRALGVPMSVAICLIILFVSVLRGSAAEESSLQESNFTGVGLGLSVFAYVDTMDAPDQSSAPLASPALAPEGSPTPSPQSAPPTPSPAFTAGDEAPGPSALNQSGDASNVVPSLALLFTIVAATLLLR
>Pp1s373_29V6.1|PACid:18059436
MALPSRSICVVIFFTLVLGQVSAQWPAATTPTYAPQSIAPMYPPPVVPDYSPDYAPEYSPVESPEYAPVESPEYAPVESPEYYAPEVAPESSPVGSPIASPADAPVESPADAPADALVPFGMAPGPSPLESDAARTMASSAGVAFMGLAVLFLY
>Pp1s373_34V6.1|PACid:18059448
MAVFALRITMSMRTSVCVVVLFFTLLVGQTSAQWPTGAPTYAPKLAPVYSPPEYAPETTPVQSPVGAPAETPAVVPVAPPASTPEPSPVEAPTNAPEPSVPAPEPSPSTSSASRNSAALASVLCMSLAAFVLH
>Pp1s407_31V6.1|PACid:18060753
MATSNAAILTILLVVYFVSGVVGSIDGRPRPAHFPDAPTTEYGPEPVIYDNTISSPIDCSWYGWANENFPANTGAACLTVLRKALTNSTVNPPSTMEAYRYYTLKRLIDATTNEAYCYIGCFKLAGTSSSAGSPPPMVDSPPASIPAPSTNAPPYSSTPAGS
VSPAPVGDGLPRTGSDNPAFGPGPAGGPLTSPPSSSAVHLHPSRLFSIAFLGVALILSLFFTRA
>Pp1s495_1V6.1|PACid:18051672
MAVSARQNTMVSALCLVALFASVFVQSHGQMMGPEMAPSGAPMYAPQYAPHSAPMYSPEYSPESSPMAPEMAPSSSTPMSPPVESPESSPVESPVDAPASSEGPVASSPGPSPAESSAARNVASSIAVVCMGVAAAFIF

Class 4: Non GPI-AGPs - 20

>Pp1s112_51V6.1|PACid:18064896
MAMRLVAVAAVLLSCSCFAPADAARALLTLPGSGSGSGGLSSLLPSLSFCPPPPSTDPVTPPYTPSYSPPTPSVDSPVIPTPSAPYTPTPTTPSGGSPSTPTPSTPSSPYTPSPSGSSPGSGSPPAGGY
>Pp1s142_76V6.1|PACid:18065480
MAKQFQHLVAALAAVVVLCAVMGAQVDAQSIPAPAPYMRGYAPSQAPAAWYDGVPEYAPSLAPSNAPASAPEGSPMSAPVVASPAYGPSSGSPFQSPADAPGPMSGEGF
>Pp1s162_26V6.2|PACid:18043565
MGSSKWPVPFLLLILSVLSAAGATHSVIGDRAVAVGGRRGLLQSTAPSVPPATVEPPQVATPPPVVTEPPQAATPPPVVAGPTQAATPPPVVTEPPQAATPPPVVAGPTQAATPPPDVAGPPQDATPPPVGSSPLVGGAPPPTSTPGAAPPTGLGGPTSPPPT
GPPRPSIAPSPIAPAPAPFAITRQQHLNAIIAGSVIGGVILIGAILLFCRCRCFRREKAMPFQRLQMT
>Pp1s188_4V6.1|PACid:18072354
MPLQMTSVAVLVLAAVLCCGVVAPAEGRALLTIGKLIDHFNANCAPPPESDPLVPEPYAAPSEPESYSSPITSPAPTEYDPTPGYESPPAYASPSQMGPSPPAYETPPAGGY
>Pp1s190_39V6.1|PACid:18047128
MKSAQAMGSTLMVAALLSCVVMPSEAGRALLTYGTPTTYTPPTTYTPPTTDTPPTTYTPPTTYTPPITYTPPTTYTPPTTYTPPTTDTPPTTYTPPTTYTPPTTYTPPTTYTPPTTDTPPTTYTPPTTDTPPTTYTPPTTYTPPTTYTPPTTYTPPTPQSPPY
TPPSPPSGGY
>Pp1s199_72V6.3|PACid:18051254
MERTAATPAKLLSFWLLLGVMVSLHRAAEGRILATRFVTPVNAIPHGTPAHIIPSTTGLWAKSTSVESTPANAQPSSPIGSTPANAQPSSPIGSTPANAHPSSPIDSTPGNAQPSSPIDSTPGIAQLSSPVESTPANANLSSPIGSTPANVQPSSPVDSTPGN
AQPSSSVDSTPGNAQPSSPVESTPGNAQPSSPVDRTPGNPQPSSPVDSTPGNAQLSSPIDSTPGNAQPSSPIDSTPGNAQPSSAVDSTPGYAQLSSPIDSTPRDAQPSSACASNPSTQSRSPMQGSEKLPTSDTQGQKSGVHCGHKRTPTAPAIATSNPSRDE
EPTPDSSSTGSAEASGSSPQFQSILVLPHGDLRPEGPAIDGGYSRNTAVLS
>Pp1s221_54V6.1|PACid:18040343
MVGCTRSRRLVNVSHIVIFVLLAYTTTTSALGLSNTDSSCHGSRRCLQQFEFGPPVPAPASEPAPNDPLAPDNSPPAPPADFLGSPPSPTPEPQPVLPSPTPSPVADPVLPGPARTPGQTLPPPAPAPTPVGAGPAPVIPPFGSVSPVPSLAPAVLPPTGGFV
PVVPSPTPALPPKLSPTVAPASPPPSIAPPPPGTDDSPPSPPTPSVVLPPASPAAASSSESSNKSTVKAAVGATVGVFLFALVALGLIVFFKPEWLPCCGEDRRRQAHDMTAIAIRLGRCSATCAQDRRSEIGPSSKPFRGSNQLRS
>Pp1s23_269V6.1|PACid:18065664
MAIRASCSWLLAVVIIGTLLLDPAQARWSGPIPSPAYAPSHVSYPPKDSHPTYAPYSPPSEILPPAYAPETTPAASSPYTPPAAPSPYTPAAPTPYIPPTAPSPHTPPAAPSPYSPHSAPSPYTPPAAQSPYSPHSAPSPYTPPAAQSPYSPHATPTPVYAPY
KAPSPVAQSPYTPAAPTPAYAPYQAPSSPTQAPYYTPAPATYAPAPDVAPPTAEPVPSPAYAPVVSPAGPAYTPWMAPSGSPTPTPSYSPSYTPSFEPVPSPALSPAPVPTPDSFSPGPAPASFAPASSTPNPSALTPGEEVPLSSDPIAAPADSVSAGSSSS
TRLSSNIPKSPAKVDPSGQSGVDLQSPAPRPHDKPTGQRSLGQIQKKKPTPPTHASGYCWMNTLT
>Pp1s278_17V6.4|PACid:18060425
MKRSKYLALVSLLLLVFLPPGGAASPHGDVTEGRVATFGGRRGLLQAGPGSPPSTTPSTPGTTPPTPGTTPPTPGTTPPTPATTPPTPATKPPTPGATPPTPITTPPTPGVLPSPPPIAPAPAPIGVTSRQKLNAIIAGSVVAGVVGIALVAIFCRCSCLRRQ
KKLPFQRLQMT
>Pp1s304_18V6.1|PACid:18057161
MASSSLPLAVVLLLLVSACSSQALPGYRVLPHRFLEAGSDSDNSRSSGALKKNLREMLSSVVSSPPPHKSPHKQHSSPPPACPPPPPTPPPTPVAPTSI
>Pp1s31_134V6.1|PACid:18071496
MAPGREAAFVLALSLFVAVAAAARLAPEKFGEEKTYAPPYGGTPSGSSPTTPDVPYSPTPAVPSNDSPTVPAVPDVPYTPPYTPTTPYTPDPSAPTTPSTPTPSTPGTCSWWSSNTSSFPDVISIFTTILDLFGTLSGSGSSPLSSITSIFGNSMTIQQGLTS
TRNDGYGALLRQGSAAILNSYTRRDYAYSPFQVKLQFRNALGSQQQAFQMASLFENANLAMGRRQ

>Pp1s38_64V6.1|PACid:18058026
MAEQLWFAFVLLVMICSTGWTGVHSARPLPEELPTLPEPTLGKLLAWPQDPSTTPNLPWNPPPPPLPFLRNSPPPPLTFPWNTPSPPNPVTPWTPWNTQLPPPSPLSTTPSLPISVTPWYTPSPPPSPLSITLAPPSIVTPWNPWSAMSPPPPSPPTPTLSPP
MSWTQPWQTPPPPVDSTTPSFPGNKPPSPPSPMWTNPLFTPPPPFDTTPDSPPPPWNRPWVITPSPPPSPTTSSPPPPSLFTLFASSPPPPPAGQIFPWTSSPPPPVGPIFPWTPSPPPKVGPSLPPFGLPPGGPLLPSGIQFTFTNFTQAWLPQAGVKVTWQ
SLITMELSLQLLVEAVVKPIMVLIQQFDPPPGKGLGKWGWRNVLEDSKLAAKVGATCTTSNESGYPERGMVIVQTPINNTTSNAVAWFTVLFNGWSQTTPFHATLDSTPGTFGGFVTDSTLPDLNTFCLHPSSLARRANRQGLHYVMG
>Pp1s4_236V6.5|PACid:18046836
MAAKGGHGFQYLNIITVLLSSLLIFDSANADWYGLITAPVYSPQAAPETIPPTWAPYTSPEAPTPYVAPANSPYEAPAGPAYTPAPDVGGPVSSPFYEPVESPAAPVYTPELAPTYLTPVPTPAYEPIYAPVPTPVPALVPSPELSPAPVPSVYAPEPSDVPS
FAPDAPVDSPAEALTDSSATMKFSRTWRLLATTTTSSLIATLIL
>Pp1s405_12V6.1|PACid:18065347
MAITMRLSAVMAVLLVCVALVGQAHAGRQLMSVSPSSAPATSPGPAAVAFPITVAPVGAPEGAPEGAPVASPADAIFVYGVPPAGAPAPVALPPAGVGY
>Pp1s469_11V6.1|PACid:18055055
MKSVQAMVVLLLLAALLECVQHSEAGRTMLTVGSEKTLSSLLPSCSPPPAPVDVPYTPTTPDTTSPSTHDTYTPTTPTTPSEPSPVYSSPPPADGY
>Pp1s469_14V6.1|PACid:18055048
MAKTSRSQAMSTQLILVAALLSCCACIVNTEARVLLTSSGLGSLIPSLTLCPPPPSTDPPATPYTPSYSPPVASDPSPVTPTPVYSSPPYSPGTPSGGSPVTPSPSYSSPPYSPTPSSSSPTTPSSPTYSSPPYSPAPSSPSPTAPSGPSPSSPTYSSPPYSP
TPSGSSPSSPTYSSPPYSPTPSSSSPTTPSSPSYSSPPYSPTPSDPSPSTPSSPTYSSPPYSPTPSGPSPPTPSSPTYSSPPYSPTPSGSSPTTPSSPSYSSPPYSPTPSGGSPSGGSPSGSPPAGGY
>Pp1s49_2V6.1|PACid:18041256
MAPTAVASKAGGIPYTAVVTVLALVVASTLSVGADARSFRPGHDHQHHSPPAPPGYNEPSPSPSPEHGDGPVGAPAHFPHAPESFYEGPAHAPDSFSEDPGHTADSPNPLDVPAPYSPGIGY
>Pp1s6_370V6.1|PACid:18038869
MAITLRVCGVMAVLLVFVTMSVHTEAARNFLFPEATPSYAPSYVPETSPIPPIAYPLVVDTPELAPEGAPETSPIPPIATPLVADTPELAPEGAPVSLPLVAVPAFAPSP
>Pp1s66_120V6.1|PACid:18038303
MTGGNGSRSSRPSLLLIFMLIPVFAATAHDAVHGDDRSSLPRQSPRAPDSAHEISGEPGTNFKYGKMTFDEALHHGSDSDEPTTCTCTCYRDVPESPKTPLQSSPMHRDRSPPPAPYRYSPSPAYSTPAPPTGSTTSPVTFNSPPPTPYYDIPAYNKPSPPVV
AAPETFVPPPPPSPVY
>Pp1s72_157V6.1|PACid:18040642
MAKQSQQLVAALAAVVVLCAVMAAHVDAQSIPAPAPYMRGYAPSQAPAAVHKGVPEYAPSLAPSNAPASAPEGSPMSAPVVASPAYASSPGFQGPSPADAPGPMSGEGF

Class 19: Shared Bias, high AGP - 3

>Pp1s336_50V6.1|PACid:18071388
MKGFQALVLIGTLMLVACSCSAARIFVEENRATRHMKFKNGLSPTEKPKLPPLPTLPPNPELTLPPQPKLPSFGKKCPPPSPVYESPPYSPSPVYTSPPYSSSHVYRSPPP
>Pp1s8_132V6.1|PACid:18074183
MTAAPAMTVALLLVALLSCALPSEAGRALLTLGSQKNLKSLLPGCSPPPAPVDTPSYSPPTYTPESPPYTPSYSPSPVYESPPVDQSPSYSPGSPSYSPPSTGYQTPPTYSPPLYLSPPTYSPSPVYSSPPPYSPSPVYSSPSPVYKSPPVYQSPPAGGY
>Pp1s72_283V6.1|PACid:18040636
MRRFQTLTLLAALLLLVVCSCSAARILEENHAAPQMKFKKGMMHHPPAPKLSLPPLPSIPSFGKKCPPPPAPPVVESPPYVSPPSPVYMSPPYSPSPVYKSPPSPY

Class 24: <15% motif HRGP - 1

>Pp1s316_24V6.1|PACid:18051034
MILFFLVAPHTLAPNSTLCLLPAPPRTDVELPPNCAPNRRRTDAELPPNYRRTDAESAAATLSPLTLPPAAAARRCPPLLPCRPTATCCRHFIAVLLP

Volvox carteri

Class 1: GPI-AGPs - 1

>Vocar20000464m|PACid:23131425
MFTMRSSSPRAAQVVRRMVALLLCGMFATSIAAPPASPGYGGIQLKLVGAPSYPPPPPPSPPSPPQASSAVAPPLALIPAAILSPLSSPPPVYPGSQPEILAAPPSPKAQLLGSSPPFFLDASTLQRPPSLALPPSQPSVGSNSSPPGYDGSSVPPTSNLIRN
VTNATVVLRSQTSSGARVAAAPTIAVLVCVLLGLIATSQAAYAL

Class 4: Non GPI-AGPs - 5

>Vocar20001955m|PACid:23138146
MRCLAVLVLLVLQAGVGLGSTDGELRGAGENLIVNADSTSIKPTQPSSLLPPPPPPPPPPPPPPRKFYSFGPLVWCYFNFPQWPDMPEMPPSPAQPSSPAGFAGRDTAAFESPSQPPSPRKTATKAVQQKAPSTKPPPSPKMRPPPRLPSPPPPPSPPPPSPK
PPSPSRSPPRPRSSQPTSRPATGSPAPKASRRLLRL
>Vocar20005778m|PACid:23135235
MAFSHGWMIVVLCLVRTLEIYAPVGTPNAVGTSGVEPPRPKEPPTAYIRAQVPEPAPYAVANDTRAGFMSPPRRAGEAAGGGSVVKDVGTSYLISARKPGKRPASELHDQEPPPPFAELSRLPSSSNYQHFTPAAAPRETPLDSSDYRSSKRHHGSASVGPHT
GPWWLKPNAGARTTGAPPSLPPPRNPQLSTDSFRCGITPFSSRLGMGSSGRPPVPASSTGGGVGGEGAGAGSLVPAAGSTASSDGGTGGDGGAGSILQDAGRMQWQRAVRLSVSTIRTGARGGTSVQPRSASIRRPQKRWYEGGPDDDDEDDDVLEPGAAGAG
NGMQASTLGVATPAAVSGLFGKAAATALALATPPPPAPAVTTTAASPPAPLPCFSFVEAGSSGGAENGTPSAGLLSRTAGSAADASKPVEAPAAAAPPVIAATRTGEGNCTAPSGAAAPSAPAGGSAVPLGFSFGNAVAAPAATPTSTTGAGGAPAEPAASSA
PAGGASTAAATAAPAPAGSAAVVTPAPTAAGFSCGSGTSAAGLSTGTAGATGVAPSISIAPAAPSFSGFGASAPAAPASAANLLASASALKPAETSTSTVTGGTGGSAGTDAAVKPAASTGFSFGTAPATFPGFGSGNPTTAAQLAAIETSTQPAAGITTRGF
SSGGAGTSTTTISSTAPASATGTQPANPFAAASNSLTPTQPFTFGTSSTAVPAAAASGMTRGAAGAEDTTAATAVGAPTAPAFGATTTGGSAGGGVSFSFGTASSASASSGDRATPTFGVSTASTTAPATAPSLPTFGGFGGGFGATAASAASAAASSAMPAL

GMPTGFGSTTGTLTFGAAAAPAVGTAGLPATSTAAPAVTGGFSFGVGSSAPATGATGSSCGAAPAAPSFGAPTLGAPAAAPGGAAPAPSFGGFGMSSTPSPSGSSVPAFGAAAVTPSFGATPSPFGGAATSAFPAPAAASTPTFGAPASAPAFGAATSAQGFG
SSASAPAFGSTSAASMTPTFGGGFGTATSQSAASISFGSTAAPALSAQPNAASGGTTAPAASGFSFGPTAGGVPALTFGGSSAPATMSFGTASSGPSFGSSSGTAPATFGSPAPNTFGTSSTPSFGFGSAPAASGFGAASAPAFGSSSAPTFGSSAGPPAFGT
SSTPGFGVSAAPAFGAGSAPAFGAGAAAPAFGAPSAGSSPFGATAAPAFAYRDTVLWRSCTSTLLRGPAAEPLCHNALFRWSAKLRHRATSSPSFRSPAIHGSADFWDGSTGALVWGSAACRWGRFQHWCGRRRPTPGDSIKEQGA
>Vocar20009617m|PACid:23126309
MLPFRMIPGRSVVALAALLGLLAVHVNAGSLNCTAVMFLRSNYGGETFTISLAPQGQTGKTVIPDLAALPKPATYRSWDDSINSALLECVCTGSDCSIDYAQVTLRLFAEPYWRKNGGGDKIDVRCAGMPNMPSCAGLLPVMPKGWGSRTSAVALLYNLTSYV
LPVKLPSSPPPATQPSPSPSPSSSPTPTPSPSPSSSPSPSQSPSPRSSPSPTPSPRSLKPPSPTKPATRSPPPRA
>Vocar20010577m|PACid:23129462
MGGRPLRLAFPATSLFLVLCSSWAQVGLPLTTEAEDRSSSTSHIKQRYGRHLRGAASSSSPLFAADSQQRVAHTPPGAPSSSQRKLAAISSKSQPAKPVTTTKLVDLYSLVETALNLKSQNPNATVSFSLPPGVLHAGIGSGSSYSPGSFSAAAEDEEIADMT
SPLSGAASTVLVNASTGTYYKAGIENDAVELMRMLIQVMRQNSGSSVTITLRDTGAVAPGESPLQVSVSLDGDFSGQYGTPVVSRDDGDGAISGPDATLPSPAAAGPQPSSPSKRDTAGPSQLPAQPGALPPPASPLPDDVMSAPSPLLPLPSSPPLQLPQSP
LPKLSQLPTPSPPPIALAVPSQLLASPVPVPPLQSPPPLPLASPSPVPYPPPSAVLLPSPSPSSLPSLPLQSPLPLASPSPVPYPPPSAVLLPSPSPSSPPPLPLQSPSPVPLASPSPVPYPPPSAVLLPSPSPSSPPSLPLQSPSPVPLASPSPVPYPPPSA
VLLPSPTPSSPAPLPLQSPSPLPLASPSPVPYPPPSAVLLPSPSPVPLAPPSPRHPPSPLSPVFPLTLASPLQLPSIPMSPMPQPSPPLLQLPSPLPLLSTSTSDTELPLPPAGIPTTSPSSWSSSPSPSQLGSPPSYADASAPPSPSLYGSLPPPQTASPPA
YPEVPLRPPSQLGSPPLYADASTPPSLALYGSLPPPQTASPPAYPEVPLRPPSQLGSPPLYADASTPPSPSLYGSLPPPQTASPPAYPEVPLRPPSQLGSPPSYADASTPPSPALYGSLPPPQTASPPAYPEVPLPPPSQLGSPSYTNASTPPSPALYGSLPP
PQTASPPAYPEVPLRPPSQLGSPPSYADASTPPSPALYGSLPPPQTASPPAYPEVPLSPQSQLGSPPSYADASAPPSPALYGSLPPPQTASPPAYPEVPLPPPSQLGSPPSYAYGSAPPSPALYESNHPMQPSTPASVPQSSAFPPSFCPQSPLRPAASPPSP
PALSPPPLEPAAPAPAPQPSPSLAHSPLYYSSPAPAGQLDSVPSPPPSAAAPSYPSELGIRPPAYAPAMPTSGRSASPGQHPPMYGSPAPIQRSSSSAGRPAVASSTPPPSYVPAPSLALTWQLPNPAPLASPPSVLEPAEPPAPPSGGVPMGWQPPSPASLA
SPPLVLEPTESPAPPSDSVPMGWQPPNPAPLAPQSLPPVSRGDGPAAYQPYSPLPAPTTSLPPPVPDLASPWPALLKSSPSSPGAVSPYRGEEEHSASSPPPPTTPSSSPLPSSPFLVPTPWWQSPLPSPSLATPSPASRPTLPSPPSVPPSSPPRKLQHAVL
SLKEESVARSSARDSQLESIRTQVQFLLDRIVASNPGSSSQLTVTRSRSAAGLTLPSAAAAAAGSEPSIPQQRQPSTTVATLAANTQQSAGGTVASGPRRMMLRGSPEP
>Vocar20011773m|PACid:23124285
MSMPGHKLTTLLALSVLAFSCLVEGHGGGLHDWSFLPVPTPGKEFIRHHVASCSLWTTIDPSLGVLGPLPMFPPSGSKLTATGSASIFYFLDGNCTDRATTSIDMNVNLTLNGQPYAFKQVNGYGFIGSCSNPNDLYRHNASLGDNRFNLMWFRRENTNTTEE
GHLSGAAPNVMISRAPPATDALRSLVLFPSPADSDPLCCDLVYNPPPPVDFFTQGSFCRVPAPPPPAPPSPLTPSPNPPSPPPPSPKPPSPPPPSPKPPSPPPPSPKPHGDSPRPRPSPRPSPRPSPRPSSRPSPRPSPRTSPRPSPRSSPRPSPR

Class 5: AGP Bias, high EXT (SPn & Y) - 2

>Vocar20007457m|PACid:23128944
MLRCHVYSIVFALLVLYAGAECPAPPIVYDSTLRAVCSKEPARGAIGCSMYRLCTDNTISPPIFSKICGAWRIASSLCSDDQNIAESTGICGRLQASYANVTEFRSCMKPYNFTSTSDIRAKHLAACDEMYDPSFMLGCESCTATSCPDPLVSYSLGCAYMDM
NQCAAFHGFCGGEATPADIRTTYGHGAAVLCLYIKPGPGVVVAPPRPPSPPPEPPSSSPLVAPGATPAAGPPRAGLSPSLLLPPKSPPPPSPARQSPSPSPSAKRPPPPSPSKRSPPPSPFAKRSPPPSSAKSSPPPSSAKRSPPPSPLKRPSPPPPSSSRKP
PPPMRKSPPLTGTRSPPSNRKSPPPMKTRSPPPSTRRPPPTSHRQ
>Vocar20008683m|PACid:23125635
MVALVAFLIGFLGALGPAWANPKHVALYMSEAGGVLDLSWDRSAMNLEQQLRQLGLNVMLATTGQPRLEGSAAPKAYVIPPQNAYNYYSSAEDMGAISSYLASGGLVIILDATHGQGDALSTFVAKAFDYTGKWIVCDQLYTNDEQALGELQLSTHASAFIQV
KTSAQGSWPSTLEDAQTTSLYTSCLHEDLRASIVPLYFAQDSDIKVAAQAFSKAGVPGAIVWLGYDWRGGPQTQWGNLLKSLISDFKPTSPNWQHLGTFGKMLFSASDVNLAGFLQGEFHFTSRKSADSEAVTVEMEAYDIDAELLDADLLEDADLLYSVLES
ASDMSDPKHASEALRRFLQNAPTGLYPMPPQTYPLPTYPPPSSPSQRSPPRPRPKPPSPPPPPPSPPPPSPSPPSPPPPSPSPPSPPPPSPSPPSPPPPSPVPPSPPPPGLRPPSTPKPLSSPPATAAPSPPVTFPPRSRNPRPPFIRRPPPPPPPKVSAPPP
PPPKASPPPPPPLASPSPPPPPQSSPPPPRSPPPSPPPSPPPPSPPPPSSPPPRPPPPSPPPPSSPPPSPPPPSSPPPSPPPPTTSDAYIMVNNFTAQGVIGSDGLVFYGSPFFRGQLKPRTAAQLVDPNKKPCTPPGSAVCYACPRAWMATATERSVALFFKD
PTQLSRINIKQIKNPGVITPHQLQRDIRDSRLGAGIPGAPNGATHGDDDACSSLHANRACQHRMSVGSEGVIEGNLFTTVYNISSPSQTCQSVLSIRVTPSQSGIYEDVPEDGSSAELPENLARTAAGGVLITAYPFPHNAASNFGPFLEWVRFSGRVLYPS
DLESYQARMQK

Class 19: Shared Bias, high AGP - 1

>Vocar20010918m|PACid:23129412
MTRLAASSSPHRAMTSRLVLLAVVAVLCLMAPQGVSAQDVEARNSNKPRPPKPTAPQQPKAPKQPKAPEQPTAPKQPKAPKQPKAPEQPKAPEQPTAPQQPKAPKQPKAPEQPTAPKQPKAPKQPKAPEQPTAPKKPKAPKQPKAPEQPTAPKQPKAPKQPKA
PEQPTAPKQPKAPKQPKAPEQPTAPKQPKAPKQPKAPEQPKAPKQPKAPEQPKAPKQPKAPKQPLAPKQPKAPEQPTAPKQPKAPKQPLAPKQPKAPKQPQIPLQPVKVEVEKVEKLKVKGKKFKGKKWDYMISDSMLEFKEADNFCKSEGYVLVPRVDNTKS
DAVDSACYHSGKGCWLSDEKADSCTYVNSKGGDKAYVNDCKVKNYALCYGTENGKP

Class 20: Shared Bias, high EXT (SPn & Y) - 1

>Vocar20000419m|PACid:23131518
MAHIPPRCCCCCCCCCTCYFPTIISSQPVATVSTTPPQKALLTTNTTTETHTCTRTCMYTYTERYRCGRSPCNTASVRYPFRNPSPPPPPARAYWVVPSTW

Class 24: <15% motif HRGP - 8

>Vocar20000047m|PACid:23138354
MAAPLPPPPPLLLPVLCVLGPPVIMPPPPPYNSSLPAVLAAATAVAATDRGIRRGYVPAIDPPGSGLLYGTRSTSQPTSKPRHISVVRRSSGGAAGEDIHGAAAVASAGDIQSSSRRLAALPPRGLRGPPPPPPPPPPPPPPSMAAAVG
>Vocar20000513m|PACid:23131591
MPALFLLLVCGTVLHAVGAAASRLPPPSSPPKNKNIPPAALLTRPPLPSPPLSRPSPLPQLPPPPPPPPCKAFEVCAQLTLTVSDQTGNSTKLFLSPADCGAHSTIASRDLTAVLTTSGVNGSTAVRSECATSEGYMFRVCVSAGSAAPDQKQPSEATLRLLA
EKWMLNAAIAVKSCTASMPATWSTYAMNTVVTDNSPPSGCLFPRANTRTSNLAITCTSFD
>Vocar20001964m|PACid:23138065
MPFILITGVWLLSLSSLASFASDLYQRSRSGLRKGHHHEEDTQSEQMAVQPVAHPEPSTFHDNILYDVSDTDCMHVCAERCGVLQGCYEVHSNDVYEPSCYECTLCRRRHRRSTSALAASSTSTPLVSPYQAYHRFPWGSFSDGDNALSAARATAKCIASIPS
HIAPSPPGHSTSSPTSGSHPKISSCGAVPVEAAASGAANTGSPASSPAPPSTTPPSPAPPSPAPFPLISPSASAFEKDTAKLAVLIAAAVSPKLGQGPPRKDPHLPPSPSAASSRRLGFAQQAPRRRGAPASSSSSSSKTSSPSPSPRPSISSSSSNSNISVG
SMEAAPFDDQAGERPSYMRGTAASRAKASSTREPSRLGCSSAKLSSSSGAGTGPGGRALMSGAYRRSAQY
>Vocar20008988m|PACid:23126293
MSVGTRCLLLVVAALLLMPTSGPALLAKAASDTSSSSTLTASHQVTQALTAAGSSLGSAAEGARLRGSLGRAGAAGERRAAAETAADIIFPFFRPPPPPCFIRIFRGDIPIWIPCPKPPPKPPSPRPPPPRPPPPPCFFTIVLGGIPVRFPCPSPPPRPPPPP
RPPRPPSPPPPPPPPRPPRPPPPLCFITIVINGRIIRIPCDLLNRSPPPSSSPCFVNGLGSDGTTLPIPCNLLPPLAQES
>Vocar20009325m|PACid:23125498

MPKTIMVPEARAIVPAIISLLAFLSAVYGYPKYWWDPSQGVMPEGNFCHAHPERAYPELEVDGFWLESPHGAPRLDPDITFEFRNAAGDLVSSLCPGASYALKGSFPLPSLVLLSSSEGRFTSPATTPGCPNRVDWGGSISTRAAMLFNATYAVPCNPSADIN
FRVTSASRGYPGTWAQASVTLTVDSSCAAASCPKSDIPPSPEATPSPPPLTSIPPSNSKPPVKKKPPPPPKRKPPPLPRKWKPPMKLTPSPSPAPAA
>Vocar20009525m|PACid:23124936
MASELGAAMAVAMAAATAVAATTAAAVATAAAAAAAETVAAAATAMTATIAAALPAAMGMPMGAVMAAAMRAMPAMTQRAKPAMTQRAMPAMTQRAKPAMTLRAMPAMTLRAMLEMTQRAKPAMTQRAKPAMTQRAKPAMTQRAKPAMTLRAMPAMTQRAKPA
MTQRAMPAMTLRAMPAMTQRAKPVMTLRAMPAMTQRAKPAMTQRAMPAMTLRAMPAMTQRAKPAMTLRAMPAMTQRAMPAMTLRAMPAMTQRAKPVMTLRAMPAMTQRAMPAMTQRAKPAMTLRAMPAMTQRAMPAMTQRAMPAMTLRAMPAMTQRAMPAMTL
RAMPAMTQRAKPRAKPAMTQRAKPAMTLRAMPAMTLRAMPAMTLRAMPAMTQRAMPAMTQRAMPAMTLRAMPAMTQRAKPVMTQRAMPAMTQRAKPAMTQRAMPAMTQRAMPAMTLRAMPAMTQRAKPAMTQRAMPAMTQRAKPAMTLRAMPAMTQRAMPAMT
QRAMPAMTLRAMPAMTQRAMPAMTLRAMPAMTQRAKPVMTLRAMPAMTQRAKPAMTQRAMPAMTLRAMPAMTQRAKPAMTQRAMPAMTQRAMPAMTQAALPPAESGAPPVLRRTREGAGGRPGGRLRSGPVQRDCRRRQRIQ
>Vocar20009596m|PACid:23125737
MTKPSAKLIVVSLILARTAHPTFIIPPIRPKWSNVRGLVRATKLNGATQQQHTTGTPPELEPDQPVMRPVAAKARMECCSSFCNASRDSSPTSARALSMATAPQPAKRSATCSSWLTAT
>Vocar20011650m|PACid:23124561
MRARIAFLLAVALQLQSHLLWRTGARKESPPPLEELWPPEDVFPPPPPKRQSTAESSTSQGAAAAAAAAAAATIPSPKVKRRTITLLRESGNPPTAADATAASASASASTPTSSAPSAGTTRASGRATASVRIPRPPSAKSPSQRPPNSPPRPPPPQRPAPSP
PSPAPRFPSPGPPPPSPPEDLLVFSRKFAHVTRTADGPFPCAWVTVDGADFRARRFVFPPTWDPVVVDIPGFVYTVEAAGMERTLPVAVCTSPEPCASLQAVESSAGLSTLELLLPPTQNTPTSPSSASSSNKNRLQLQSAIYPHGIFVLAPSDGSYNSYSVE
VCTRVPKAVAAACPLSFGVMSILRPADAMPTEADPYGPYGAVLPQTTWSNPLAQLAAARAAAEESIPAVITSGCAPPPGLDEKNKAVVFSWGWDFSSLPPSLAATGFVAVYGDYPVRQMWSGSYRLQYGGPAGVRFGVILQLGVEDDGSDVGTRTRTEAAAVR
EFVGTADVPTDEGRLPDSPHPDLACCMWHKSAHGVAFCFRRDSEKRWLSKV

Supplemental Fig. S3. Representation of sequences identified by MAAB in Phytozome with features highlighted. HRGP sequences identified in *Arabidopsis thaliana*, *Oryza sativa*, *Selaginella moellendorffii*, *Physcomitrella patens* and *Volvox carteri* proteomes are shown by MAAB class. Motifs used for classification of sequences are highlighted differently for the broad HRGP families of AGPs, EXTs and PRPs as follows: the motifs used for AGPs and highlighted blue are: [ASVTG]P, [ASVTG]PP, [AVTG]PPP, for EXTs: SP_3, SP_4, SP_5 are highlighted red and [FY]XY, KHY, VY[HKDE], VxY, YY highlighted dark blue, and for PRPs: PPV[QK], PPVx[KT] and KKPCPP are highlighted olive. The total number of sequences identified in each class is shown after a hyphen (-).