

Majority

TRIAE\_CS42\_5DL\_TGACv1\_435145\_AA1446640.0  
 EXP6 Brachypodium  
 LOC\_Os03g60720.1 EXPA RICE  
 Alpha-expansin4\_Zea mays  
 EXPA soybean  
 Exp7 sunflower  
 EXP4 Arabidopsis  
 Putative EXP1 HaT13I014971  
 Putative EXP3 HaT13I005436  
 Putative EXP11 HaT13I018566  
 Putative EXPA1 HaT13I009552  
 Putative EXP4|HaT13I004607  
 Putative EXP10 Ha412T4I900C0S1  
 Putative EXP15 HaT13I025136  
 EXLX1 Bacillus subtilis  
 EXPB1 Maize

10 20 30 40 50 60 70 80

```

A H A T F Y G G S D A S G T - - M G G A C G Y G N L Y S Q G Y G V N N A A L S T A L F N E G Q R C G A C F E I R C V N Q P G W A W C L P G R P S I V V T A T N F 78
A H A T F Y G G S D A S G T - - M G G A C G Y G N L Y S Q G Y G V N N A A L S T A L F N G G Q R C G A C F E I K C V N Q P D W K W C H P G S P S I L V T A T N F 78
A H A T F Y G G S D A S G T - - M G G A C G Y G N L Y S Q G Y G V N N A A L S T A L F N S G Q S C G A C F E I K C V N Q P G W E W C H P G S P S I L V T A T N F 78
A H A T F Y G G S D A S G T - - M G G A C G Y G N L Y S Q G Y G V N N A A L S T A L F N D G A A C G Q C Y K I I C D Y K A D P K W C R K G V S V T I T A T N F 76
A H A T F Y G G S D A S G T - - M G G A C G Y G N L Y S Q G Y G T N T A A L S T A L F N N G L S C G A C F E I K C A N D P - - S W C H A G S P S I F V T A T N F 76
A H A T F Y G G S D A S G T - - M G G A C G Y G N L Y S Q G Y G V N T A A L S T A L F N N G F S C G A C F E I K C A N T P - - Q W C H P G S P S I F I T A T N F 76
A H A T F Y G G S D A S G T - - M G G A C G Y G N L Y S Q G Y G V N T A A L S T A L F N N G F S C G A C F E I K C A N D P - - Q W C H P G S P S I F I T A T N F 76
A H A T F Y G G G D A A G T - - M G G A C G Y G N L Y S Q G Y G T N T A A L S T A L F N N G L S C G S C F E I K C V N D N - - K W C L P G - - S I K V T A T N F 74
A H A T F Y G G G D A S G T - - M G G A C G Y G N L Y S Q G Y G T N T A A L S T A L F N N G L S C G A C F E I K C A D D P - - R W C H P G S P S I F I T A T N F 76
A H A T F Y G G G D A S G T - - M G G A C G Y G N L Y S Q G Y G T N T A A L S T A L F N K G L S C G S C Y E I R C V N D R - - Q W C L P A - - T I M V T A T N F 74
A H A T F Y G G G D A S G T - - M G G A C G Y G N L Y S Q G Y G T N T A A L S T A L F N N G M S C G A C F E I K C A G E P - - K W C H P G - - S I V V T A T N F 74
A Y D D L H E G Y A T Y T G - - S G Y S G G A F L L D P I P S D M E I T A I N P A D L N Y G - - G V K A A L A G S Y L E V E - - - G P K G - - K T T V V Y V T D L 71
A R A T W Y G O P N G A G A P D N G G A C G I K N V N L P P Y S G M T A C G N V P I P K D G K G C G S C Y E V R C K E K P - - E C S G N P V T V Y I T D M N Y 77

```

Majority

TRIAE\_CS42\_5DL\_TGACv1\_435145\_AA1446640.0  
 EXP6 Brachypodium  
 LOC\_Os03g60720.1 EXPA RICE  
 Alpha-expansin4\_Zea mays  
 EXPA soybean  
 Exp7 sunflower  
 EXP4 Arabidopsis  
 Putative EXP1 HaT13I014971  
 Putative EXP3 HaT13I005436  
 Putative EXP11 HaT13I018566  
 Putative EXPA1 HaT13I009552  
 Putative EXP4|HaT13I004607  
 Putative EXP10 Ha412T4I900C0S1  
 Putative EXP15 HaT13I025136  
 EXLX1 Bacillus subtilis  
 EXPB1 Maize

90 100 110 120 130 140 150 160

```

C P P N Y A L P S D D G G W C N P P R P H F D L A M P M F L H M A Q Y R A G I I V P V S Y R R V A C R K S G G V R F T I N G F R - - - Y F N L V L I T N V A G A 154
C P P N Y A L P S D D G G W C N P P R P H F D L A M P M F L H I A E Y R A G I I V P V S Y R R V P C R K K G G V R F T I N G F R - - - Y F N L V L I T N V A G A 154
C P P N Y A L P S D N G G W C N P P R P H F D L A M P M F L H I A E Y R A G I I V P V S Y R R V P C R K S G G V R F T I N G F R - - - Y F N L V L I T N V A G A 154
C P P N Y A L P N D N G G W C N P P R P H F D L A M P M F L K I A Q Y R A G I I V P V S Y R R V P C R K Q G G M R F T I N G F R - - - Y F N L V L I T N V A G A 152
C P P N F A L P N D N G G W C N P P R T H F D L A M P M F L K I A E Y R A G I I V P V S Y R R V P C R K A G G I R F T I N G F R - - - Y F N L V L I S N V A G A 152
C P P N L A Q P S D N G G W C N P P R E H F D L A M P M F L K I A Q Y R A G I I V P V S Y R R V P C R K R G G I R F T I N G H R - - - Y F N L V L I T N V A G A 152
C P P N N A L P N N A G G W C N P P Q Q H F D L S Q P V F Q Q I A Q Y R A G I I V P V H Y K R V P C M K K G G I R F T I N G H S - - - Y F N L V L I T N V G G A 150
C P P N Y A L P N D N G G W C N P P R T H F D L A M P M F L K I A E Y R A G I I V P V S Y R R V P C R K K G G I R F T I N G F R - - - Y F N L V L I S N V A G A 152
C P P N F A Q P S N A G G W C N P P L Q H F D L S Q P V F Q H I A Q Y K A G I V P V A Y R R V P C K K H G G V R F T I N G R D - - - Y F E L V L I T N V G G A 153
C P P N T A L P N N N G G W C N P P L Q H F D L S Q P V F Q H I A Q Y K A G I V P V A Y R R V P C L R R G G I R F Q I N G H S - - - Y F N L V L V T N V G G A 150
C P P N F A L P S D N G G W C N P P R T H F D L A M P M F L K I A E Y R A G I I V P V S Y R R V P C R K A G G I R F T I N G F R - - - Y F N L V L I S N V A G A 152
C P P - - - N S N G G W C D P P R Q H F D L S Q P I F Q H I A Q Y K A G I V P V A Y R R V P C R R R G G I R F Q I N G H S - - - Y F N L V L I T N V G G A 145
C P P N N A L P N N D G G W C N P P Q H H F D L S Q P V F Q Q M A Q Y R A G I I V P V H Y R R V P C M K K G G I R F T V N G H S - - - Y F N L V L I T N V G G A 150
Y P E G - - - A R G A - - - L D L S P N A F R K I G N M K D G K I N I K W R V V K A P I T G N F T Y R I K E G S - - - S R W W A I Q V R N H K Y P 136
F D T A D V H E D I S C - - - V A F C S I A M R C I N D V T D H C T M D W F E P R U D C V W D A P Q K T U F H T E K C C D N M V I A D U K Y V A D D 150

```

Majority

TRIAE\_CS42\_5DL\_TGACv1\_435145\_AA1446640.0  
 EXP6 Brachypodium  
 LOC\_Os03g60720.1 EXPA RICE  
 Alpha-expansin4\_Zea mays  
 EXPA soybean  
 Exp7 sunflower  
 EXP4 Arabidopsis  
 Putative EXP1 HaT13I014971  
 Putative EXP3 HaT13I005436  
 Putative EXP11 HaT13I018566  
 Putative EXPA1 HaT13I009552  
 Putative EXP4|HaT13I004607  
 Putative EXP10 Ha412T4I900C0S1  
 Putative EXP15 HaT13I025136  
 EXLX1 Bacillus subtilis  
 EXPB1 Maize

170 180 190 200 210 220 230

```

G D L V R A S V K G S S - T G W M P M S R N W G Q N W Q S N A I L V G Q - - A L S F R V T A S D R R T S T S W N A A P Q N W R F G Q T F E G K N F R V 226
G D L V R A S V K G S S - T G W M P M S R N W G Q N W Q S N S V L V G Q - - S L S F R V T S S D R R T S T S W N V A P G Q W Y F G Q T F E G K N F R V 226
G D I V R A S V K G T S - T G W M P M S R N W G Q N W Q S N S V L V G Q - - A L S F R V T A S D R R T S T S W N A A P Q N W R F G Q T F E G K N F R V 226
G D V V R A S V K A A S - T G W L P M S R N W G Q N W Q S N A I L V G Q - - A L S F R V T A S D R R T S T S W N A A P S T W Q F G Q T F E G K N F R V 226
G D I V K T S V K G S K - T G W M S M S R N W G Q N W Q S N A V L V G Q - - S L S F R V T A S D R R T S T S W N L V P A N W Q F G Q T F E G K N F R V 224
G D I Q K N W V K G T K - T N W M S M S R N W G Q N W Q S N A V L T G Q - - S L S F R V T G S D R R T S T S W N N I A P A H W Q F G Q T F T G K N F R V 224
G D I V R A S V K G S R - T G W M S L S R N W G Q N W Q S N A V L V G Q - - A L S F R V T G S D R R T S T S W N M V P S N W Q F G Q T F V G K N F R V 224
G D V T A V A I K G S K - T G W V P M S R N W G Q N W Q S N S N L D G Q - - A L S F R V T G S D R R T S T S W N A V P A S W S F G Q T F T G G Q F T 221
G D I Q K W V V K G T K - T N W M S M S R N W G Q N W Q S N A V L V G Q - - S L S F R V T A S D R R T S T S W N I V P A H W Q F G Q T F T G K N F R V 224
G A I Q S V K V K G S K - T G W L P M S R N W G A N W Q S N S Y L N G Q - - S M S F M V T T D G V T K T F S N I V P A N W G F G Q T Y S S R - L Q F 224
G D V H A V A V K G S K - T G W Q O Q M S R N W G Q N W Q S N T Y L N G Q - - A L S F K V T T S D G K T V I S N N V V P A G W S F G Q T F T G A Q F R 221
G D I Q K W V I K G T K - T N W M S M S R N W G Q N W Q S N A V L I G Q - - A L S F R V T A S D R R T S T S W N I A P A H W Q F G Q T F A G K N F R V 224
G D V H A V A I K G S R - T G W Q Q M S R N W G Q N W Q S N S Y L N G Q - - S L S F K V T T S D G R T V V S Y N V A P A R W S F G Q T F T G G Q F R 216
G D V T R V A I K G S K - T R W V P M S R N W G Q N W Q S N A N L D G Q - - A L S F K V T T S D G R T V V C N N A V P A S W S F G Q T F T G G Q F T 221
-- V M K M E Y E K D G - - K W I N M E K M D Y N H F V S T N L G T G S - - L K V R M T D I R G K V V K D T I P K L P E S G T S K A Y T V P G H V Q 204
G D I V L M E I Q D K L S A E W K P M K L S W G A I W R M D T A K A L K G P F S I R L T S E S G K K V I A K D V I P A N W R P D A V Y T S N V Q F Y 204

```

Decoration 'Decoration #1': Shade (with solid black) residues that match the Consensus exactly.

Figure S4