

A

AtACLA3	MARKKIREYDSKRLLEHLKRLANIDLQIRSAQVTESTDFTELTNQESWLSSTKLVVKPD	60
OsACLA3	MARKKIREYDSKRLLEHLKRLAAIDLHLISAQVTESTDFTELVNQEPWLSSMKLVVKPD	60
OsACLA2	MARKKIREYDSKRLLEHLKRLAGIDLQILSAQVTQSTDFTELVNQQPWLSTMKLVVKPD	60
OsACLA1	MARKKIREYDSKRLLEHLKRLAGIDLQILSAQVTQSTDFTELVNQQPWLSTMKLVVKPD	60
TbACLA1	MARKKIREYDSKRLVKEHYKRISGSELPIKSAQVTESTDFNELVQSEPWLSSSKLVVKPD	60
AtACLA1	MARKKIREYDSKRLVKEHFKRLSGKELPIRSVQINETDNLNELVEKEPWLSSSEKLVVKPD	60
AtACLA2	MARKKIREYDSKRLVKEHFKRLSGQELPIRSVQINQETDNLNELVEREPWLSSSEKLVVKPD	60
	*****:.* * *: : * * * .*: : * *: * *: : * *: * *: : * *: * *: *	
AtACLA3	MLFGKRGKSGLVALKDLAEVADFVKARLGTEVEMEGCKAPITTFIVEPFVPHDQEEYYS	120
OsACLA3	MLFGKRGKSGLVALNLDLAQVRQFVKERLGEVEMGGCKAPITTFIVEPFVPHDQEEYYS	120
OsACLA2	MLFGKRGKSGLVALNLDIAQVKEFVKERLGEVEMGGCKAPITTFIVEPFVPHDQEEYYS	120
OsACLA1	MLFGKRGKSGLVALNLDIAQVKEFVKERLGEVEMGGCKAPITTFIVEPFVPHDQEEYYS	120
TbACLA1	MLFGKRGKSGLVALNLDLAQVAEFVKERLKEVVMGGCQGPITTFIVEPFVPHNEEFYIN	120
AtACLA1	MLFGKRGKSGLVALKDLFADVATFVKERLKEVEMSGCKGPITTFIVEPFVPHNEEFYLN	120
AtACLA2	MLFGKRGKSGLVALNLDFAVDATFVKERLKEVEMSGCKGPITTFIVEPFVPHNEEFYLN	120
	*****:.*:.* *	
AtACLA3	IVSDRLGCTISFSECGGIEIEENWDKVKTIPLPAEKSMTEVCAPLIATLPLEVRKIGN	180
OsACLA3	IVSERLGSTISFSECGGIEIEENWDKVKTVFLPTEKAMTPDACAPLIATLPLEVRTKIGD	180
OsACLA2	IVSERLGSTISFSECGGIEIEENWDKVKTIPLPTEKMPDPACAPLIATLPLEARGKIGD	180
OsACLA1	IVSERLGSTISFSECGGIEIEENWDKVKTIPLPTEKMPDPACAPLIATLPLEARGKIGD	180
TbACLA1	IVSERLGCSISFSECGGIDIEENWDKVKTIPLPTGVSLSQEICAPLVATLPLEFKSVIEQ	180
AtACLA1	VVSDRLGCSISFSECGGIEIEENWDKVKTIPLPTGASLTPEICAPLVATLPLEIKAEIEE	180
AtACLA2	IVSDRLGCSISFSECGGIDIEENWDKVKTIPTGPSLTPEICAPLVATLPLEIKGELED	180
	:*:	
AtACLA3	FIMGAFAVFQDLDFSFMENPFTLVDGEPFLDMRGELDDTAAFKNF-NKWGDIEFPLPF	239
OsACLA3	FIRGVYSVFQDLDFSFLMNPFTMVNGEPYPLDMRGELDDTAAFKNF-KKWGNIEFPLPF	239
OsACLA2	FIKGVFAVFQDLDFSFLMNPFTIVNGEPYPLDMRGELDDTAAFKNF-KKWGNIEFPLPF	239
OsACLA1	FIKGVFAVFQDLDFSFLMNPFTIVNGEPYPLDMRGELDDTAAFKTSRSKWGNIEFPLPF	240
TbACLA1	FITHIYSLFVDLDFTFLEMPFTLVDGKPYPLDMRGELDDTAAFKNF-KKWGNIEFPMPF	239
AtACLA1	FIKVIFTLFQDLDFTFLEMPFTLVDGSPYPLDMRGELDDTAAFKNF-KKWGDIEFPLPF	239
AtACLA2	FIQVIFTLFEDLDFTFLEMPFTLVDGKPYPLDMRGELDDTAAFKNF-KKWGDIEFPMPF	239
	* * : : * * * * : * : *	
AtACLA3	GRVLSSTENFIHGLDEKTSASLKFTVLNPKGRIWTMVAGGGASVIYADTVGDLGYASELG	299
OsACLA3	GRVLSSESFIHELDEKTSASLKFTVLNPKGRIWTMVAGGGASVIYADTVGDLGYASELG	299
OsACLA2	GRVLSSTEGFIHDLDEKTSASLKFTVLNPKGRIWTMVAGGGASVIYADTVGDLGYASELG	299
OsACLA1	GRVLSSTEGFIHDLDEKTSASLKFTVLNPKGRIWTMVAGG-----ELE	283
TbACLA1	GRVMSATESFIHGLDEKTSASLKFTVLNPKGRIWTMVAGGGASVIYADTVGDLGFASELG	299
AtACLA1	GRVMSPTESFIHGLDEKTSASLKFTVLNPKGRIWTMVAGGGASVIYADTVGDLGYASELG	299
AtACLA2	GRVMSSTESFIHGLDEKTSASLKFTVLNPKGRIWTMVAGGGASVIYADTVGDLGYASELG	299
	* * * . * : *	
AtACLA3	NYAEYSGAPNEEEVLQYARVVIDCATDPDGRKRALLIGGGIANFTDVAATFNGIIRALR	359
OsACLA3	NYAEYSGAPNEEEVLQYARVVLDCATADPDGRKRALLIGGGIANFTDVAATFSGIIRALR	359
OsACLA2	NYAEYSGAPNEEEVLQYARVVLDCATADPDGRKRALLIGGGIANFTDVGATFSGIIRALR	359
OsACLA1	NYAEYSGAPNEEEVLQYARVVLDCATADPDGRKRALLIGGGIANFTDVGATFSGIIRALR	343
TbACLA1	NYAEYSGAPNEEEVLQYARVVIDCATADPDGRRALVGGGIANFTDVAATFNGIIRAMK	359
AtACLA1	NYAEYSGAPKEDEVLYQYARVVIDCATANPDGKSRLVIGGGIANFTDVAATFNGIIRALK	359
AtACLA2	NYAEYSGAPKEDEVLYQYARVVIDCATANPDGKSRLVIGGGIANFTDVAATFNGIIRALK	359
	*****:.*:*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****:	
AtACLA3	EKETRLKASRMHIYVRRGGPNYQTGLARMRALGEELGVPLEVYGPEATMTGICKRAIDCI	419
OsACLA3	EKESKLKAARMNIYVRRGGPNYQTGLAKMRTLGAELGVPIEVYGPEATMTGICKQAIDCI	419
OsACLA2	EKESKLKAARMHIYVRRGGPNYQTGLAKMRKLGAELGVPIEVYGPEATMTGICKQAIECV	419
OsACLA1	EKESKLKAARMHIYVRRGGPNYQTGLAKMRKLGAELGVPIEVYGPEATMTGICKQAIECV	403
TbACLA1	EKVEKLKAASMHYVRRGGPNYQRLGLARMRALGAELGIPIEVYGPEATMTGICKQAIECV	419
AtACLA1	EKEAKLKAARMHIFVRRGGPNYQKGLAKMRALGDDIGVPIEVYGPEATMTGICKEAIQYI	419
AtACLA2	EKEAKLKAARMHIFVRRGGPNYQKGLAKMRSLGDEIGVPIEVYGPEATMTGICKEAIQYI	419
	* * : * * * : * : *	
AtACLA3	MLPDA	424
OsACLA3	MAEA-	423
OsACLA2	MAAA-	423
OsACLA1	MAAA-	407
TbACLA1	TVSA-	423
AtACLA1	TAAA-	423
AtACLA2	TAAA-	423

B

TbACLB1	MATGQIFSRTTQALFYNYKQLPIQRMLDFDFLCGRETPSVAGIINPGAEGFQKLFFGQEE	60
OsACLB1	MATGQIFSRTTQALFYNYKQLPIQRMLDFDFLCGRETPSVAGIINPGSDGFQKLFFGQEE	60
AtACLB2	MATGQLFSRTTQALFYNYKQLPVQRMLDFDFLCGRETPSVAGIINPGSEGFQKLFFGQEE	60
AtACLB1	MATGQLFSRTTQALFYNYKQLPIQRMLDFDFLCGRETPSVAGIINPGSEGFQKLFFGQEE *****:*.:.*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****	60
TbACLB1	IAIPVHSTIEAACAAHPTADVFINFASFRSAAASSKLALKQPTIRVVAIIAEGVPESDTK	120
OsACLB1	IAIPVHPTIEAACNAHPTADVFINFASFRSAAASSMSALKQPTIRVVAIIAEGVPESDTK	120
AtACLB2	IAIPVHAAIEAACAAHPTADVFINFASFRSAAASSMAALKQPTIKVVAIIAEGVPESDTK	120
AtACLB1	IAIPVHAAIEAACAAHPTADVFINFASFRSAAASSMAALKQPTIKVVAIIAEGVPESDTK *****:***** ***** ***** ***** *****:*****:*****	120
TbACLB1	ELISYARSNNKVIGPATVGGIQAGAFKIGDAGTAGTIDNIIQCKLYRP	180
OsACLB1	QLISYARANNKVIIGPATVGGIQAGAFKIGDAGTAGTIDNIIQCKLYRP	180
AtACLB2	QLIAYARANNKVIGPATVGGIQAGAFKIGDAGTAGTIDNIIQCKLYRP	180
AtACLB1	QLIAYARANNKVIIGPATVGGVQAGAFKIGDAGTAGTIDNIIQCKLYRP :*.:.*:*.:.*:*.:.*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****	180
TbACLB1	NELYNTIARVTDGLYEGIAIGGDVFPGSTLSDHILRFNNIPQIKMIVVLGELGGRDEYSL	240
OsACLB1	NEMYNTIARVTDGLYEGIAIGGDVFPGSTLSDHILRFNNIPQVKMMVVLGELGGKDEYSL	240
AtACLB2	NEMYNTVARVTDGLYEGIAIGGDVFPGSTLSDHILRFNNIPQIKMMVVLGELGGRDEYSL	240
AtACLB1	NEMYNTIARVTDGLYEGIAIGGDVFPGSTLSDHILRFNNIPQIKMVVVLGELGGRDEYSL *:*.:.*:*.:.*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****	240
TbACLB1	VEALKSGKISKPVCAWVS	300
OsACLB1	VEALKQGGKVPVVAWVS	300
AtACLB2	VEALKEGKVNKPVVAWVS	300
AtACLB1	VEAMKQGGKVTKPVVAWVS *:*.:.*:*.:.*:*.:.*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****	300
TbACLB1	TSFESFETSIKETYEKLAEEGKIAPVKEITPPQIPEDLNSAIKSGKVRAPTHIISTISDD	360
OsACLB1	TSYEALETAKETFEKLVEDGKISPVTEITPPPIPEDLNTAIKSGKVRAPTHIISTISDD	360
AtACLB2	TSFEALESIAKETFEKLVVEEGKVSPIKEVIPPQIPEDLNSAIKSGKVRAPTHIISTISDD	360
AtACLB1	TSFEALEVAIKETFDKLVVEEGKVSPIKEVTPPQIPEDLSSAIKSGKVRAPTHIISTISDD *:*.:.*:*.:.*:*.:.*:*.:.*:*.:.*:*.:.*:*.:.*:*.:.*:*.:.*:*.:.*	360
TbACLB1	RGEPCYAGVPMSTIVEKGMGVGDVISLLWFKRSLPRYCTQFIEICIMLCADHGPCVSGA	420
OsACLB1	RGEPCYAGVPMSTIEQGYGVGDVISLLWFKRSLPRYCTQFIEMCIMLCADHGPCVSGA	420
AtACLB2	RGEPCYAGVPMSSIEQGYGVGDVISLLWFKRSLPRYCTKFIEICIMLCADHGPCVSGA	420
AtACLB1	RGEPCYAGVPMSSIEQGYGVGDVISLLWFKRSLPRYCTKFIEICIMLCADHGPCVSGA *****:*.:.*:*.:.*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****	420
TbACLB1	HNTIVTARAGKDLVSSLVSGLLTIGPRFGGAVDDAARYFKDAYDRNLTPYEFVESMKKKG	480
OsACLB1	HNSIVTARAGKDLVSSLVSGLLTIGPRFGGAIDDAARYFKDAYDRNLTPYEFVEGMKKKG	480
AtACLB2	HNTIVTARAGKDLVSSLVSGLLTIGPRFGGAIDDAARYFKDACDRNLTPYEFVEGMKKKG	480
AtACLB1	HNTIVTARAGKDLVSSLVSGLLTIGPRFGGAIDDAARYFKDACDRNLTPYEFVEGMKKKG *:*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****	480
TbACLB1	IRVPGIGHRIKRGDNRDKRVELLQLFARTNFPSTKMEYAVEVETYTLSSKNNLVMNVDG	540
OsACLB1	IRVPGIGHRIKSRDNRDKRVQLLQKYAHTHFPVSKYMEYAVQVETYTLSKANNLVLNVDG	540
AtACLB2	IRVPGIGHRIKSRDNRDKRVELLQKFARSNFPVSKYMEYAVTVETYTLSKANNLVLNVDG	540
AtACLB1	IRVPGIGHRIKSRDNRDKRVELLQKFARSNFPAVKYMEYAVQVETYTLSKANNLVLNVDG ***** *****:*****:*.:.*:*.:.***** *****:*****:*****	540
TbACLB1	AIGTLFMDLLSGSGMFSKQEIDEIVNIGYLNGLFVLARSIGLIGHTFDQKRLKQPLYRHP	600
OsACLB1	AIGSLFLDLLSGSGMFSKQEIDEIVEIGYLNGLFVLARSIGLIGHTFDQKRLKQPLYRHP	600
AtACLB2	AIGSLFLDLLAGSGMFTKQEIDEIVQIGYLNGLFVLARSIGLIGHTFDQKRLKQPLYRHP	600
AtACLB1	AIGSLFLDLLAGSGMFTKQEIDEIVQIGYLNGLFVLARSIGLIGHTFDQKRLKQPLYRHP *:*.:.*:*.:.*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****	600
TbACLB1	WEDVLYTK	608
OsACLB1	WEDVLYTK	608
AtACLB2	WEDVLYTK	608
AtACLB1	WEDVLYTK *****	608

TbAACT1	MAPAAATNGSDSIKPRDVCIVGVARTPLGGFLGSLSSLPATKLGSIAIESALKRANVDPS	60
AtAACT1	---MAPPVSDDSLQPRDVCVVGVARTPIGDFLGLSLSLTATRLGSIAIQAALKRAHVDP	57
AtAACT2	----MAHTSESVNPRDVCIVGVARTPMGGFLGSLSSLPATKLGSIAIAAALKRANVDP	55
HbAACT1	----MAPVAAEIKPRDVCIVGVARTPMGGFLGLLSTLPATKLGSIAIEAALKRASVDPS .:*****.*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:	56
TbAACT1	LVQEVIFFGNVLGANLGQGPAPARQAALGAGIPNTVVSTTVNKVCA ¹ SGMKATMLAAQSIQLGI	120
AtAACT1	LVEEVFFGNVL TANLGQAPARQAALGAGIPYSVICTTINKVCA ² AGMKSVMLASQSIQLGL	117
AtAACT2	LVQEVIFFGNVL SANLGQAPARQAALGAGIPNSVICTTVNKVCA ³ SGMKAVMIAAQSIQLGI	115
HbAACT1	LVQEVIFFGNVLSANLGQAPARQAALGAGIPNSVCTTVNKVCA ⁴ SGMKATMLAAQSIQLGI *:**.******.******.*:**.******.*:**.******.*:	116
TbAACT1	NDVVVAGGMESMSNVPKYISEARKGSKFGHDTLVDGIMKDGLWDCFNDFKMGSAAEICAD	180
AtAACT1	NDIVVAGGMESMSNVPKYLPDARRGSR LGHDTVVDGMMKDGLWDVYNDFMGVCGEICAD	177
AtAACT2	NDVVVAGGMESMSNTPKYLA EARKGSRFGHDSLVDGMLKDGLWDVYNDCGMGSCAELCAE	175
HbAACT1	NDVVVAGGMESMSNAPKYLA EARKGSR LGHDSLVDGMLKDGLWDVYNDFMGSCAEICAD *:.*****.*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:	176
TbAACT1	TYELTREHQDDYAVQSFERGIAARDSGAFWEITPVEVPGRGRPSTIVDKDDDL SKFDP	240
AtAACT1	QYRITREEQDAYAIQSFERGIAAQNTQLFAWEIVPVEVSTGRGRPSVIDKDEGLGKFDA	237
AtAACT2	KFQITREQQDDYAVQSFERGIAAQEAGFTWEIVPVEVSGRGRPSTIVDKDEGLGKFDA	235
HbAACT1	NHSITREDQDKFAIH SFERGIAAQESGAFAWEIVPVEVSGRGKPLTIVDKDEGLGKFDP :***.*:*:*:******.*:*:*:* ***.*:*:*:*:*:*:	236
TbAACT1	AKLRKL RPAFKENGGSVTAGNSSGINDGAAALVLVSGEKAIELGLKVI AKVSGYADAEQA	300
AtAACT1	AKLKKLRPSFKEDGGSVTAGNASSISDGAAALVLVSGEKALEGLHLVIAKIRGYADAAQA	297
AtAACT2	AKLRKL RPSFKENGGTGTAGNASSISDGAAALVLVSGEKALQLGLL IAKIRGYADAAQA	295
HbAACT1	VKLRLKRPSFKENGGTGTAGNASSISDGAAALILVSGETALKLGLQVIAKIRGYADAAQA *.****.****.*:******.*.******.******.*:*:*:*.*:*:*:*:	296
TbAACT1	PELFTTSPALAIPKAISRAGLEASQIDFYEI NEAFAVALANQKLLNLDSAKL NVHGGGV	360
AtAACT1	PELFTTTPALAIPKAIRAGLDASQVDYYEI NEAFSVVALANQKLLGLDPERL NAHGGAV	357
AtAACT2	PEFFTTPALAIPKAIAHAGLESSQVDYYEI NEAFAVVALANQKLLGIAPEKV NVNGGAV	355
HbAACT1	PELFTTAPALAIPKTIANAGLDASQVDYYEI NEAFAVVALANQKLLGLNPEKV NVHGGAV *:***.******.*:*:*:*:*:*:*:******.*:*:*:*:*:	356
TbAACT1	SLGHPLGC SGARILVTLTGVLKHKGKYG GAAGVCN GGGGASA FVVELV-----	408
AtAACT1	SLGHPLGC SGARILVTLTGVLRAKKGKY GVASICN GGGGASA LVLEFMSEKTIGYSAL	415
AtAACT2	SLGHPLGC SGARILITLLGILKKRNKYG VGGV CN GGGGASA LVLELL-----	403
HbAACT1	SLGHPLGC SGARILVTLTGVLRKKNAKY VGGV CN GGGGASA LVVELL-----	404
	::*:******.******.******.******.******.******.*:	