

	10	20	30	40	50	60	70
ZmPLATZ5							
ZmPLATZ15							
ZmPLATZ1	MTKRCTNLACGMLPSMVGIGGRVGRCLQLLGAFHSRPSPPSYPLRPSLPQSSAVIAVNSNCNIVDLHQR						
ZmPLATZ7							
ZmPLATZ11							
ZmPLATZ3							
ZmPLATZ13							
ZmPLATZ16							
ZmPLATZ4							
ZmPLATZ12							
ZmPLATZ10							
ZmPLATZ6							
ZmPLATZ2	-----MSCIG--SSCTATNK--GKETVVEVHGAVAEKQK--VRNGEETAEDDSGGSDPDSDS						
ZmPLATZ14	-----MSCIGSSSSTASNKRKGKEIVVEVPAVVEEEKQQQHRKGKEVALEEVPLPAVAESYD						
ZmPLATZ9							
ZmPLATZ8							
ZmPLATZ17							

	80	90	100	110	120	130	140
ZmPLATZ5	MAIDDESP	LRVNP	RGG-AM	GGGERD	GAENQRWPPWLKPLL	LGTSFF	FGQ
ZmPLATZ15	MAIDDESP	IRVNS	RGGGAM	GGGECD	GAENQRWPPWLKPLL	LGTSFF	FGQ
ZmPLATZ1	GVYSDVETLGTAVEPARRFTIYLVGPHRMRQ	GGGERD	AENQRWPPWLKPLL	LGTSFF	SQS		
ZmPLATZ7	MAIDHATP	LGLKR	RGGAMG	GGGECDD	GSDTRRWPPWLRPLLS	SASFFV	Q
ZmPLATZ11	MAIDHAAR	LGLTS	RGATG	GGGCGDD	DAENRRWPPWLKPLL	CTSF	FFVQ
ZmPLATZ3	MAIDHESPFKELRLKNRRIMG	GGGPDPE	EEEEEE	VATAAYAGQWPRWLQPLL	SARFF	FAH	
ZmPLATZ13	MAIDHESPFKELRLKNRRIMG	GGGPDPE	EEEEEE	EGVTAAYAERWPRWLQPLL	SARFF	FAQ	
ZmPLATZ16	MSAAVALEEPVQVMVSVASPRSPAVRSE	EDLGP	AWLRPLL	LGTSFF	VFP		
ZmPLATZ4	MMPRRVAS	VPVPD	WLEALL	ATRFF	FLA		
ZmPLATZ12	MKR	ETMPS	WLELLL	ATQFF	TT		
ZmPLATZ10	MVSLREMARSDAERAP	PAWLR	RALLE	TRFF	DA		
ZmPLATZ6	MQPVAARGAPHWLRGLL	SEEFF	DA				
ZmPLATZ2	ESDLDES	WDSYSEEEEEERQQQRKKKEKPKNKKKKKK	QRRRQ	QQQPAWLI	TLLRTR	FWEP	
ZmPLATZ14	DSDLDSGSGWDFYEEEDS	KKKEQ	ERKEKK	PAWLD	TLLR	TKFWD	P
ZmPLATZ9	MIMQAMWKPGWLEALDTQKFFVA						
ZmPLATZ8	MFSAN						
ZmPLATZ17	MGMRP	GWVGG	LVES	FFV	G		

	150	160	170	180	190	200	210
							
ZmPLATZ5	CKLHAD-----AHKS-ECNMYCLDC-----MNGALCSQCLA-Y-HRDHHAIQIRRSSYHDVIRVS						
ZmPLATZ15	CKLHAD-----AHKS-ECNMYCLAC-----MNGALCSQCLA-Y-HRDHHAIQIRRSSYHDVIRVS						
ZmPLATZ1	CKLHED-----AHKS-ECNMYCLDC-----MNGSLCSQCLAYH--RDHHAIQIRRSSYHDVIRVS						
ZmPLATZ7	CRVHAD-----AHKS-ECNMYCLDC-----MGGALCALCLAAR-HRDHHSIQIRRSSYHDVIRVS						
ZmPLATZ11	CRIHAD-----AHKS-ECNMYCLDC-----MDGALCSLCLA-R-HRDHHSIQIRRSSYHDVIRVS						
ZmPLATZ3	CRTHGD-----SHRSGECNMFCLDCSAAG-AGAGARALCSLCLAQA-HRDHHTIQIRRSSYHDVIRVS						
ZmPLATZ13	CRTHSD-----SNRSGECNMFCLDCSAAGGTGTGAGALCSLCLAQHGRDHHTIQIRRSSYHDVIRVS						
ZmPLATZ16	CRLHPE-----LSKN-ECNLFCLGCCTGD-----ALCAYCLP-A-HRDHHVVIQIRRSSYHNVIRVS						
ZmPLATZ4	CAAHPA-----SPRN-ECNMFCLDCTGAPP--PPPAFCYYCRAHR-HSSHRVIQIRRSSYHDVVRVS						
ZmPLATZ12	CANHLL-----ASRN-ECNLFCTQCETKP-----AAFCCNYCRSSD-HSTHRVIQIRRSSYHDVVRVS						
ZmPLATZ10	CPEHQANDAGRANRKRTSGCNFLCTHC-----ADRALCSGCLGNH--EGHGLIQIRRSSGNNVVKVD						
ZmPLATZ6	CAAHPG-----ERKNDKNHFCVDC-----AAPLCRHCLPHE--HVHVDLQIWKYASCFVVRID						
ZmPLATZ2	CKEHVS-----KNRAEQCMFCLKC-----CKVTCPRCTHDL--PGHRLCLKIRRYVYRSVVHAS						
ZmPLATZ14	CKEHGS-----KNRADQCMFCLRC-----SKLSCPRCVHDQ--PGHRLCLKIRRYVYRSVVHAS						
ZmPLATZ9	CSFHEH-----AKKNEKNICCLDC-----CTSIOPHCVAAH--RAHRLQVRRYVYHDVVRLE						
ZmPLATZ8	CYVRD-----QVRRYVYHDVVRRLG						
ZmPLATZ17	CAAHED-----RKKNEKNIFCLGC-----CASICPHCAPAH--RHILLQVRRYVYNDVVRLD						

BBOX

PLATZ

	220	230	240	250	260	270	280
							
ZmPLATZ5	EIQK-VLDISGVQTYIINSARVVFLNERPQP-RPG-KGVT-----NTCEVCERSLLD-TFRFCSLGCK						
ZmPLATZ15	EIQK-VLDISGVQTYIINSARVVFLNERPQQ-RPG-KGVT-----NTCEVCQRSLLD-TFRFCSLGCK						
ZmPLATZ1	EIQK-VLDISGVQTTICIGLLPGSFYCRLSIASVVS-----TLTASYACTFSN-TMGF*-----						
ZmPLATZ7	EIQK-VLDIAGVQTYIINSARVVFLNERPQP-RPG-KGVT-----NTCEVCERSLLD-CFRFCSLGCK						
ZmPLATZ11	EIHK-VLDIAGVQTYIINSARVVFLNERPQP-RPG-KGVT-----NTCEVCERSLLD-CFRFCSLGCK						
ZmPLATZ3	DIQR-FMDIAGVQTYVINSARVVFLNERPQQQRPG-CKAAS--ASANLCEVCARSLLD-NFRFCSLGCK						
ZmPLATZ13	DIQR-FMDIAGVQTYVINSARVVFLNERPQQQKPGGKAASSSSASANLCEVCARSLLD-NFRFCSLGCK						
ZmPLATZ16	EVGK-LIDISHVQTYVINSAKIVFLNGRPQAR-----PGKGVTN--TCQICCRSLPD-SFRFCSLGCK						
ZmPLATZ4	EVED-VLDISGVQTYVINSARVFLNERPQPRGAGAAAGKAAAS--PYNCEICGRALLD-PFRFCSLGCK						
ZmPLATZ12	EIED-ILDVSDVQTYVINSARIVFLNERPQLRASSVPICKAPTSS-THSCETCSRVLDD-AFRFCSLGCN						
ZmPLATZ10	DVQN-RLSVSLVQTYVYNGDYAVFLNRRPMSGHGKHGAS-----HCEQCGRGLQDEDCRFCSLECK						
ZmPLATZ6	DLK--LFDCTGTQSHTVSDHEVVFLNERTARKRSTS-----AENPCAACARPLLP-GHDYCSLFCK						
ZmPLATZ2	DMQALGVDVSRIQAYVVNAKKVLHLRPMRSRKHFRPQAGTP-----RCVTCRTWLRSAPNLFCSLACQ						
ZmPLATZ14	DMQELGIDVSRIQTYVINARKVLHLRPMNRSKHFRPQAGTP-----RCITCRTWLRSAPNLFCSLTCE						
ZmPLATZ9	DLEK-LIDCSSVQSYTINSSKVVFLKKRPQNRQFK--GSG-----NICTSCDRSLQE-PYFHCSLDCK						
ZmPLATZ8	DLEK-LIDCSCVQTYTINSAKVIFLKPRPQSRPFK--GSG-----NICLTCDRILQE-PFHFCSLSCK						
ZmPLATZ17	DLER-LIDCS-FQPYTINSAKVIFLKPRPQSRPFK--GSG-----NVCLACDRILQE-PFHFCCLSCK						

PLATZ

	290	300	310	320	330	340	350
							
ZmPLATZ5	IVRTSGDFRI-RKKHAI-----					VAKKKREKKHAPQQK	
ZmPLATZ15	IVGTSGDLRI-RKKQAV-----					VKKHQKKKKQ-QAQ	
ZmPLATZ1	-----					-----	
ZmPLATZ7	IVGTARGYRPGKKKHG-----					GGGGNKKRASAPAL	
ZmPLATZ11	IVGTARGYRP-KKKHGS-----					GGGGGNKRKR-AAL	
ZmPLATZ3	VVGCS-----					PDAAKARSWLLRPA	
ZmPLATZ13	VVGCS-----					PDAAKARNWLLRAA	
ZmPLATZ16	LGGMQWDPSLTFAIRPKRG-----					QGSDDGGSGSDDSFSP	
ZmPLATZ4	LVDTKRSNGHAASS-----					ADGGGGGG-----	
ZmPLATZ12	LRGLNMEAGMQAMV-----					GNNPRSNGMDHVAR	
ZmPLATZ10	AKGIEDR-----					LDFSVSFAVDPNNF	
ZmPLATZ6	VKHLG-----					ESEHELRRALRVS	
ZmPLATZ2	GNVDVAQDDFSG-----					PEAEVRYRSLQVQM	
ZmPLATZ14	EDVDVSQDDFSG-----					PEAELRYRSFQVHM	
ZmPLATZ9	VEYILRQKKKLSAYLRPCK-----	TLQLG	-----	PDFFI	PHDADDD-----	TTHSTLVDVDEP-	
ZmPLATZ8	VDHVMQTGGDLNLIQHYGAGGGGGGGTADPDRLAFPRFENLRVVDGSDLDDDVQVVT					PDSTLEDPTNN-	
ZmPLATZ17	VDHVMQGGDLNILLYP-----	GGPDLG	CGFPRFENLRFDDDP	-----	GQYQ	ATPSSI	LEDPVEHG

	360	370	380	390	400	410	420
							
ZmPLATZ5	QHRGAADS-----	ADDDDD	SSTSTSGGS-DKSSVVQ	SFTPSTPPATTANSFRAG-KRRKG	VPHRSP	FGSL	
ZmPLATZ15	QHRGAA-----	LDSEDD	SSTSTSRGS-DRSSVVQ	SFTPSTPPAT-ANSFRTG-KRRKG	VPHRSP	FGSL	
ZmPLATZ1	-----						
ZmPLATZ7	KD-----	VRSDSE	SCTSTSGASSDKSSVVQS-SPPPPTS	SASHRPPGNKRRKG	VPHRSP	PLGSL	
ZmPLATZ11	KD-----	VRSDSE	SCTSTSGASSDKSSVVQSFSPSTPPAS	ASYRRPGNKRRKG	VPHRSP	FGSL	
ZmPLATZ3	VG-----	GSGDGD	STSSSPLR-DAQKRQ	SFTPPTQP-----	AKRRKG	IPHRAPFGSF	
ZmPLATZ13	D-----	GDSTT	SSSAPR-NADRKLSFTPPTQP	-----	LPTKRRKG	IPHRAPFGSL	
ZmPLATZ16	KKPRRMAGFDLGRFERPGGIRWS	DEGSR	SNNGLITPGTPPINRCR-----	PSRRKG	IPHRAPFYG-		
ZmPLATZ4	-----	GAASGN	DE-TTEAGGSKNG-PGARPH-----	GRRRKG	TPHRAPFWS*		
ZmPLATZ12	IDNV-----	GSSTND	QNSCNDKNYEEP-PPKRVA-----	RHRRKG	IPQRAPFF*		
ZmPLATZ10	SS-----	SGDDTE	SDDDEDSSYP	SKFQKLETIPASSSKPVASGGQHSIGKKQY*			
ZmPLATZ6	RK-----	EVAPTE	PEPQTGRKRSSSSDAGPSCGGSFRKR-----	SRKQ	AEPAQAPFH*		
ZmPLATZ2	AEPS-----	GAADEL	PG-PEAAHEV-PAQVPPPPPP	---AANQNASLRRRPRKQ	AAPERAPFF*		
ZmPLATZ14	AEP-----	AEELL	PDDPEVEHEIMPAQVEPPPPAAAAAANQVSLRRRARKQ	AAPLRAPFF*			
ZmPLATZ9	-----	MGSSD	SENLSVPCTNFVRKKRSGPYICAR-SANRVSEEDMATN	-----	MSRRKG	VQRSPLC*	
ZmPLATZ8	-----	AGGGSS	DNG-TDDARRQVVVHGGGEAAKRRKGGGFLPQIVLSLGGGGGGGNRRKG	GAPHR	SPLA*		
ZmPLATZ17	GSASASGGSSNGGSARNHARRD	VDVP	TRKKKSGGG-GGGFFPQIVLSLG-----	NRRKG	GAPHRAPLA--		

	
ZmPLATZ5	VVEF*-
ZmPLATZ15	MVEEF*
ZmPLATZ1	-----
ZmPLATZ7	IVEL*-
ZmPLATZ11	IVEF*-
ZmPLATZ3	IVEY*-
ZmPLATZ13	IVEY*-
ZmPLATZ16	-----
ZmPLATZ4	-----
ZmPLATZ12	-----
ZmPLATZ10	-----
ZmPLATZ6	-----
ZmPLATZ2	-----
ZmPLATZ14	-----
ZmPLATZ9	-----
ZmPLATZ8	-----
ZmPLATZ17	-----

Supplemental Fig3 Amino Acid Sequence Alignment of ZmPLATZs.
 Black shaded amino acids represent identical amino acid residues
 and gray ones indicate the similar amino acid residues.