

Appendix – Additional information

Gene sequences

A. CoA-ligase sequences

>Amino acid sequence ACS from *Capsicum annuum* (Uniprot B5LAV6)

MATDKFIIIEVESAKPAKDGRPSMGPVYRSIFAKHGFPPPPIGLDSCWDIFRMSVEKYPNNRMLGRREI
VDGKPGKYVWMSYKEVYDIVIKVGNIRSISIGVDVGDKCGIYGANCPewIISMEACNAHGLYCVPLYDT
LGAGAVEFIIISHAEVTIAFVEEKKLPELLKTFPNASKYLKTIVSFGKVTPEQKKELEEFQVVLYSWDE
FLQLGSGKQFDLPVKKKEDICTIMYTSGTTGDPKGVLIISNTSIVTLIAGVRRFLGSVDESLNVDDVYL
SYLPLAHIFDRVIEECFIHHGASIGFWRGDVKLLTEDIGELKPTVFCAPRVLDRIYSGLQQKIAAGG
FLKSTLFNLAYAYKHHNLKKGRKHFEASPLSDKVVSFVKVEGLGGRVRLILSGAAPLAHVAFRLRVV
ACCHVLQGYGLTETCAGTFVSLPNRYDMLGTVGPPVNPVDVCLESVPMSYDALSSSTPRGEVVCVRGDI
LFSGYKREDLTKEVMIDGWFHTGDVGEWQPNGSLKIIDRKNIFKLSQGEYVAVENLENIYGNNP
DSIWIYGNFSFESFLVAVINPNQRAVEQWAEVNLGSGDFASLCEKPEVKEYILRELTKTGKEKKLKGFE
FLKAVHLDVPVFDMERDLLTPTFKKKRPQLLKYYKDVIDSMYKGTK

>Codon optimized nucleotide sequence ACS using ThermoScientific GeneArt®

ATGGCCACCGATAAGTTCATCATCGAAGTTGAATCTGCTAAGCCAGCTAAAGATGGTAGACCATCTAT
GGGTCCAGTTTACAGATCTATTTTCGCTAAACATGGTTTCCCACCACCAATTCAGGTTTGGATTCTT
GTTGGGATATCTTCAGAATGTCCGTTGAAAAGTACCCAAACAACAGAATGTTGGGTAGAAGAGAAATC
GTTGATGGTAAACCAGGTAAGTACGTTTGGATGTCCTACAAAGAAGTTTACGACATCGTTATCAAGGT
CGGTAACCTCCATTAGATCCATTGGTGTGATGTTGGTGATAAGTGTGGTATCTATGGTGCTAATTGTC
CAGAATGGATCATTTCTATGGAAGCTTGTAATGCCCATGGTTTGTACTGTGTTCCATTATACGATACT
TTGGGTGCTGGTGCTGTTGAATTCATTATTTCTCATGCCGAAGTTACCATTCGCTTCGTTGAAGAAAA
AAAGTTGCCAGAATTATTGAAAACCTTCCCAAACGCCTCCAAGTACTTAAAGACTATCGTTTCTTTTCG
GTAAGGTACCCCCAGAACAAAAGAAAGAATTGGAAGAATTCGGTGTCGTCTTGTACTCTTGGGATGAA
TTTTTACAATTGGGTTCCGGTAAGCAATTCGATTTGCCAGTTAAGAAGAAAGAAGATATCTGTACCAT
CATGTACACCTCTGGTACTACTGGTGATCCAAAAGGTGTTTTGATTTCCAACACTTCCATCGTTACTT
TGATTGCCGGTGTTAGAAGATTCTTGGGTTCTGTTGATGAATCCTTGAACGTTGATGATGTCTACTTG
TCTTATTTGCCATTGGCCCATATCTTCGATAGAGTCATTGAAGAATGCTTCATTCATCATGGTGCCTC
CATTGGTTTTTTGGAGAGGTGATGTTAAGTTGTTGACCGAAGATATCGGTGAATTGAAGCCAACTGTTT
TTTGTGCTGTTCCAAGAGTTTTGGACAGAATCTACTCTGGTTTACAACAAAAGATTGCTGCTGGTGGT
TTCTTGAAGTCTACTTTGTTTAATTTGGCCTACGCCTACAAGCACCATAATTTGAAAAAGGGTAGAAA
GCACTTCGAAGCCTCTCCATTGTCTGATAAGGTTGTTTTCTTAAGGTCAAAGAAGGTTTGGGTGGTA
GAGTTAGATTGATTTTGTCTGGTGCTGCTCCATTGGCTGCTCATGTTGAAGCTTTTTTTGAGAGTTGTT

GCTTGTGGCCACGTTTTACAAGGTTATGGTTGACTGAACTTGCGCTGGTACTTTTGTTCCTTTGCC
AAACAGATACGATATGTTAGGTACTGTTGGTCCACCAGTTCCAAATGTTGATGTATGTTTGGGAATCCG
TCCCAGAAATGTCTTATGATGCTTTATCTTCTACTCCAAGAGGTGAAGTTTGTGTTAGAGGTGATATT
TTGTTCTCCGGTTACTACAAGAGAGAAGATTTGACCAAAGAAGTCATGATTGACGGTTGGTTTCATAC
TGGTGACGTTGGTGAATGGCAACCTAATGGTTCTTTGAAGATCATCGACAGAAAAAAGAACATCTTCA
AGTTGTCCCAAGGTGAATACGTTGCTGTGCGAAAATTTGGAAAACATCTACGGTAACAACCCAATCATC
GATTCCATTTGGATCTATGGTAACTCCTTCGAATCTTTCTTGGTTGCCGTTATCAACCCAAATCAAAG
AGCTGTTGAACAATGGGCTGAAGTTAATGGTTTGTGAGGTGATTTTGCTTCCTTGTGTGAAAAGCCAG
AAGTCAAAGAATATATCTTGAGAGAATTGACCAAGACCGGTAAAGAAAAGAAATTGAAGGGTTTCGAA
TTCTTGAAGGCCGTTCACTTGGATCCAGTTCATTTGATATGGAAAGAGATTTGTTGACCCCAACTTT
CAAGAAGAAAAGACCACAATTATTGAAGTACTACAAGGACGTCATCGACTCTATGTACAAAGGTACTA
AGTAA

>Amino acid sequence PhCL from *Petunia hybrid* (Uniprot I3PB37)

MPMETETNQGLIFRSKLPDIYIPKHLPLHSYCFENISEFSSRPCLINGANNHIYTYADVELTSRKVA
AGLNKLGIQQKDTIMILLPNSPEFVFVAFMGASYLGAISTMANPLFTPAEVVKQAKASNAKLIITQACF
VNKVVDYAFDNNLNVICIDSAPEGCIHFSELTQADEHDI PDVKIQSDDVVALPYSSGTTGLPKGVMLT
HKGLVTSVAQQVDGENANLYMHSEDLVLMCVLPLFHIYSLNSVLLCGLRVGAAILIMQKFDIVQFCELI
EKYKVTIGPFVPPIVLAIKSPVVDNYDLSSVRTVMGAAPLGKELEDAVRIKFPNAKLGQGYGMTEA
GPVLAMCLAFAKEPFDIKSGACGTVVRNAEMKIVDPDTGCSLPRNQPGEICIRGDQIMKGYLNDPAAT
TRTIDKEGWLHTGDIGYIDNDDELFI VDRLEKELIKYKGFQVAPAELEALLNHPNISDAAVVPMKDEQ
AGEVPVAFVVRNSGSDITEDEVKDFVSKQVIFYKRIKRVFFVETVPKSPSGKILRKDLRARLAAGVPN

>Codon optimized nucleotide sequence PhCL using ThermoScientific GeneArt®

ATGCCAATGGAACCGAACTAACCAGGGTGATTTGATCTTCAGATCTAAGTTGCCAGATATCTACAT
CCCCAAACATTTGCCATTGCACTCTTACTGCTTCGAAAACATCTCTGAATTCTCTTCTAGACCCTGCT
TGATTAACGGTGCTAACAATCATATCTACACCTACGCTGATGTTGAATTGACCTCTAGAAAAGTTGCT
GCTGGTTTGAACAAGTTGGGTATTCAACAAAAGGACACCATCATGATCTTGTGTTGCCAAATTCTCCAGA
ATTCTGTTCGCTTTTATGGGTGCTTCTTATTTGGGTGCTATTTCTACTATGGCTAACCCTTTGTTTA
CTCCAGCTGAAGTTGTTAAGCAAGCTAAGGCTTCTAACGCCAAGTTGATTATTACTCAAGCTTGCTTC
GTTAACAAGGTTAAGGATTACGCTTTCGACAACAACCTGAACGTTATCTGCATTGATTCTGCTCCAGA
AGGTTGCATTCACTTCTCAGAAATTGACTCAAGCTGATGAACATGATATCCCAGATGTCAAGATCCAAT
CCGATGATGTTGTTGCTTTGCCATATTCTTCAGGTACTACTGGTTTGCCAAAAGGTGTTATGTTGACT
CACAAAGGTTTGGTTACATCCGTTGCTCAACAAGTTGATGGTGAAAATGCTAACTTGTACATGCACTC
CGAAGATGTTTTGATGTGTGTTTTGCCTCTGTTCCACATCTACTCATTGAACTCTGTTTTGTTGTGCG
GTTTGAGAGTTGGTGCTGCTATTTTGATTATGCAGAAGTTGATATCGTCCAGTTCTGCGAATTGATC
GAAAAGTACAAGGTTACCATTGGTCCATTTGTTCCACCAATCGTTTTGGCTATTGCTAAGTCTCCAGT

TGTTGACAACTACGATTTGTCTCTGTTAGAACTGTTATGTCAGGTGCTGCTCCATTGGGTAAAGAAT
TGGAAGATGCTGTTAGAATCAAGTTCCCAAACGCTAAATTAGGTCAAGGTTACGGTATGACTGAAGCT
GGTCCAGTTTTAGCTATGTGTTTGGCATTGCTAAAGAGCCATTCGATATTAAGTCTGGTGCTTGTGG
TACTGTTGTTAGAAATGCTGAAATGAAGATCGTTGATCCAGATACCGGTTGTTTCATTGCCAAGAAATC
AACCAGGTGAAATCTGCATTAGAGGTGACCAAATTATGAAGGGTTACTTGAATGATCCAGCTGCTACT
ACTAGAACCATTGACAAAGAAGGTTGGTTGCATACTGGTGATATCGGTTACATTGATAACGATGACGA
GTTGTTTCATCGTCGACAGATTGAAAGAGTTGATCAAGTATAAGGGTTTCCAAGTTGCTCCTGCTGAAT
TAGAAGCTTTGTTGTTGAACCATCCAAACATTTCTGATGCTGCTGTTGTTCCAATGAAGGATGAACAA
GCTGGTGAAGTTCCAGTTGCTTTCGTTGTTAGATCAAACGGTTCTGATATCACCGAAGATGAAGTTAA
GGACTTCGTTTCCAAGCAAGTCATTTTCTACAAGAGGATCAAGAGGGTTTTCTTCGTTGAACTGTTC
CAAAATCTCCATCCGGTAAGATCTTGAGAAAAGATTTGAGAGCTAGATTGGCAGCTGGTGTTCAAAC
TAAATTGAATTGAATTGAAATCGATAGATCAATTTTTTCTTTTCTTTTCTTTCCCGAGCTC

>Amino acid sequence ipfF from *Sphingomonas Ibu-2* (Uniprot A1E027)

MLARDLVKRCARNYPKTAYLCGERSRSWREMDQRSDFGVALQQLGHRPGEAVAILTQESIEVYEHF
FACMKIAAPRVGLNTGYVWPEMLHVLKDSEVKFLLLDTRCRHLLAERLGELKALGITLIGYGAGHGLE
RDYESLLATAEGEPHPALAPDDILFVSYTSGTTGVPKGVMLTQEGGVNCILHSLISFGFGPDDVWYM
PAASAWVVVILNAFGLNGMTTVIPDGGYQLQAYLRDIERFRVTVGMLVPTMLQRAIVEIQTNPVYDL
SSLRMVVGSSPATPKLIRDARATFKGIKLLQAYAMTEATGGWISYLTADHEHALREEIELLKSVGR
IGIHYDCSIRDESGQPVPIGQSGEIWLRGNTMMKGYRNLPEATAEAMPDGWLRTNDIGRLDERGYLYL
LDRQKFLIITGAVNVFPTTVEAILVEHPAVEEVAVVGVPHPGEAVVAVVVRKPSHRDVTVQALIDF
CHGKLSRPETPKHVVFVDELPKTSNAKLKKGELKKWLSGGAVPLPWQLEVA

>Codon optimized nucleotide sequence ipfF using ThermoScientific GeneArt®

ATGTTGGCCAGAGATTTGGTTAAGAGATGCGCTAGAAATTACCCAACCTAAGACTGCTTATTTGTGCGG
TGAAAGATCTAGAAGTTGGAGAGAAATGGATCAGAGATCTGATAGATTTGGTGTTCCTTGCAACAAT
TGGGTCATAGACCAGGTGAAGCTGTTGCTATTTTGACCCAAGAATCCATCGAAGTTTACGAACATTTT
TTCGCCTGTATGAAGATTGCTGCTCCAAGAGTTGGTTTGAATACTGGTTATGTTTGGCCAGAAATGTT
GCACGTTTTGAAGGATTCTGAAGTCAAGTTCTTGTGTTGGATACCAGATGCAGACATTTGTTGGCTG
AAAGATTGGGTGAATTGAAGGCTTTGGGTATTACCTTGATTGGTTATGGTGCTGGTCATGGTTTGGAA
AGAGATTACGAATCTTTGTTGGCAACTGCTGAAGGTGAACCACATTGGCCAGCTTTGGCTCCAGATGA
TATTTTGTGTTTCTTACACCTCTGGTACTACCGGTGTTCCAAAAGGTGTTATGTTGACTCAAGAAG
GTGGCGTTAACTGTATCTTGCACTCTTTGATTTCTTTCGGTTTTGGTCTGATGATGTCTGGTATATG
CCAGCTGCTTCTGCTTGGGTTGTTGTTATATTGAACGCTTTTGGTCTAGGTAACGGTATGACTACTGT
TATCCAGATGGTGGTTATCAATTGCAAGCCTACTTGAGAGATATCGAAAGATTCAGAGTTACCGTTG
GTATGTTGGTTCCAATATGTTGCAAGAGCCATCGTTGAAATTCAAACCTAACCCAGTTTACGACCTG
TCCTCTTTGAGAATGGTTGTTTATGGTTCTTCTCCAGCTACTCCAAAGTTGATTAGAGATGCTAGAGC

TACTTTCAAGGGCATCAAATTATTGCAAGCTTACGCTATGACTGAAGCTACTGGTGGTTGGATTTCTT
 ATTTGACTGATGCCGATCATGAACACGCTTTGAGAGAAGAAATTGAGTTGTTGAAGTCCGTTGGTAGA
 ATCGGTATTTCATTACGATTGCTCCATCAGAGATGAATCTGGTCAACCAGTTCCAATTGGTCAATCTGG
 TGAAATTTGGTTGAGAGGTAACACTATGATGAAGGGCTATAGAAATTTGCCAGAAGCTACAGCTGAAG
 CTATGCCTGATGGTTGGCTAAGAACTAATGATATTGGTAGATTGGACGAGAGGGGTTACTTGTACTTG
 TTAGATAGACAGAAGTTCTTGATTATCACCGGTGCTGTTAATGTTTTCCCACTACTGTTGAAGCCAT
 CTTGGTTGAACATCCAGCTGTTGAAGAGGTTGCTGTTGTTGGTGTTCACATCCAGAATGGGGTGAAG
 CAGTTGTTGCTGTAGTTGTTAGAAAACCATCTCACAGAGATGTTACCGTTCAAGCCTTGATTGATTTT
 TGCCATGGTAAATTGTCTAGGCCAGAACTCCAAAGCACGTTGTTTTTGTGATGAATTGCCAAAGAC
 CTCCAACGCTAAATTGAAGAAAGGTGAGTTGAAAAAGTGGTTGTCTGGTGGTGTGTTCCATTGCCTT
 GGCAATTGGAAGTTGCTTAA

B. Acyltransferase sequences

>Amino acid sequence AT3 from *Capsicum chinense* (Uniprot Q58VT0)

MAFALPSSSLVSVCDKSFIFKPSLTPSKLRFHKLSFIDQSLSNMYIPCAFFYPKVQQRLEDKNSDELS
 HIAHLLQTSLSQTLVSYYPYAGKLKDNATVDCNDMGAEFLSVRIKCSMSEILDHPHASLAESIVLPKD
 LPWANNCEGGNLLVVQVSKFDCGGIAISVCFSHKIGDGCSLLNFLNDWSSVTRDHTTTALVPSPRFVG
 DSVFSTKKYGLITPQILSDLNECVQKRLIFPTDKLDALRAKVAEESGVKNPTRADEVVSALLFKCATK
 ASSSMLPSKLVHFLNIRTMIKPRLPRNAIGNLSSIFSI EATNMQDMELPTLVNLRKEVEVAYKKDQV
 EQNELILEVVESMREGKLPFENMDGYENVYTCSNLCKYPYYTVDFGWGRPERVCLGNGPSKNAFFLKD
 YKAGQGVEARVMLHKQMQMSEFERNEELLEFLIA

>Codon optimized nucleotide sequence AT3 using ThermoScientific GeneArt®

ATGGCTTTTCGCTTTGCCATCCTCTTTGGTTTCTGTTTGTGATAAGTCCTTCATCAAGCCATCTTCATT
 GACTCCATCTAAGTTGAGATTCCACAAGTTGTCTTTCATCGATCAATCCTTGTCCAACATGTACATTC
 CATGTGCATTTTTCTACCCAAAGGTTCAACAAAGATTGGAAGATTCCAAGAACTCCGATGAATTGTCC
 CATATTGCTCACTTGTTGCAAACCTCATTGTCTCAAACATTGGTCAGTTATTATCCATACGCCGGTAA
 GTTGAAGGATAATGCTACTGTTGATTGCAACGATATGGGTGCTGAATTCTTGTCTGTTAGAATCAAGT
 GCTCCATGTCCGAAATTTTGGATCATCCACATGCTTCATTGGCCGAATCTATAGTTTTGCCAAAAGAT
 TTGCCATGGGCTAACAATTGTGAAGGTGGTAATTTGTTGGTTGTCCAAGTTTCTAAGTTCGATTGTGG
 TGGTATTGCTATCTCTGTTTGTCTCTCATAAGATTGGTGATGGTTGCTCCTTATTGAACTTCTTGA
 ATGATTGGTCCTCCGTTACTAGAGATCATACAACTACTGCTTTGGTTCCATCTCCAAGATTCGTTGGT
 GATTCTGTTTTCTCTACTAAGAAGTACGGTTCCTTGATTACCCACAAATCTTGTCTGATTTGAACGA
 ATGTGTCCAAAAGAGATTGATTTTCCCAACCGATAAGTTGGATGCTTTGAGAGCTAAAGTTGCTGAAG
 AATCTGGTGTGAAGAATCCAACCTAGAGCCGAAGTTGTTTCTGCTTTGTTGTTTAAGTGTGCTACCAAG
 GCTTCTTCTTCTATGTTGCCATCTAAATTGGTCCATTTCTTGAACATCAGAACCATGATCAAACCTAG

ATTGCCAAGAAACGCCATTGGTAACTTGTCTCCATTTTCTCTATTGAAGCTACCAACATGCAAGATA
TGGAAATTGCCAACTTTGGTCAGAACTTGAGAAAAGAAGTTGAAGTCGCCTACAAGAAGGATCAAGTT
GAACAAAACGAATTGATCTTGGAAAGTCGTTGAATCCATGAGAGAAGGTAAATTGCCATTCGAAAACAT
GGACGGTTACGAAAACGTTTACACCTGTTCTAATTTGTGCAAGTACCCTTACTACACCGTTGATTTTG
GTTGGGGTAGACCAGAAAGAGTTTGTGGGGTAACGGTCCATCTAAAAACGCATTCTTTTTGAAGGAT
TACAAGGCCGGTCAAGGTGTTGAAGCTAGAGTTATGTTGCATAAGCAACAAATGTCCGAATTCGAAAG
AAACGAAGAATTATTGGAATTCATTGCTTAA

>Amino acid sequence PaAT from *Pseudomonas aeruginosa* (Uniprot Q9HUY3)

MTPLTPEQTHAYLHHIGIDDPGPPSLANLDRILDAHLRRVAFENLDVLLDRPIEIDADKVFQVVEGS
RGGYCFELNSLFARLLLALGYELELLVARVRWGLPDDAPLTQQSHLMRLRLYLAEGEFLVDVGFGSANP
PRALPLPGDEADAGQVHCVRLVDPHAGLYESAVRGRSGWLPLYRFDLRPQLWIDYIPRNWYTSTHPS
VFRQGLKAAITEGDLRLTLADGLFGQRAGNGETLQRQLRDVEELLDILQTRFRLRLDPASEVPALARR
LAGLISA

>Codon optimized nucleotide sequence PaAT using ThermoScientific GeneArt®

ATGACCCCATTTGACTCCAGAACAACTCATGCTTACTTGCATCATATCGGTATTGATGATCCAGGTCC
ACCATCTTTGGCTAATTTGGATAGATTGATTGATGCCCACTTGAGAAGAGTTGCTTTGAAAATTTGG
ATGTCTTGTTGGACAGACCAATTGAAATTGATGCCGATAAGTTTTCGCCAAGGTTGTTGAAGGTTCT
AGAGGTGGTTACTGTTTCGAATTGAATTCCTTGTTGCGCCGTTTGTTGTTGGCTTTGGGTTATGAATT
GGAAGTGTGGTTGCTAGAGTTAGATGGGGTTTGCCAGATGATGCTCCATTAACCAACAATCCCATT
TGATGTTGAGGTTGTATTTGGCTGAAGGTGAATTCCTGGTTGATGTTGGTTTTGGTTCTGCTAATCCA
CCAAGAGCTTTGCCATTGCCAGGTGATGAAGCTGATGCTGGTCAAGTTCATTGTGTTAGATTGGTTGA
TCCACATGCTGGCTTGTATGAATCTGCTGTTAGAGGTAGATCTGGTTGGTTGCCATTATACAGATTTG
ATTTGCGTCCACAGTTGTGGATTGATTACATTCGAAGAACTGGTACACTTCTACCCATCCACATTCT
GTTTTTAGACAAGGTTTGAAGGCTGCTATTACCGAAGGTGATTTGAGATTGACTTTAGCCGATGGTTT
GTTTGGTCAACGTGCTGGTAATGGTGAACATTGCAAGACAATTGAGAGATGTCGAAGAGTTGTTGG
ATATCTTGCAAACCAGATTCAGATTGAGATTGGATCCAGCTTCTGAAGTCCAGCTTTGGCTAGAAGA
TTGGCTGGTTTGATTTCTGCTTGA

>Amino acid sequence CaAT from *Capsicum annuum* (Uniprot Q5D8C0)

MASAISETITTNGPSENNNLITITGKIHTRVRLATKSDLHHIYQLFYQIHAYHNFTHLYKATESLGLDL
LFKENPLPLFYGPSVLLLEVSPTPFTQPKNNKDEGFKPVLTTFNLKFPVVEGQVEEFQSKYDDGNDKR
DVFIAGYAFFYANYSCFYDKPGFYFESLYFRESYRKLGMGRLLFGTVASIAANNGFVSVEGIVAVWNK
KSYDFYIDMGVEIFDEFYRGLHGENLQKYADKQKNEGGNC

>Codon optimized nucleotide sequence CaAT using ThermoScientific GeneArt®

ATGGCCTCCGCTATTTCTGAACTATTACTACTAATGGCCCCTCCGAAAACAACAACCTTGACTATTAC
TGGTAAGATCCACACCAGAGTTAGATTGGCTACAAAATCTGACTTGCATCACATCTACCAGTTGTTCT
ACCAAATTCATGCCTACCATAACTTCACCCACTTGTACAAAGCTACCGAATCTTCTTTGGGTGACTTG
TTGTTTAAAGAGAACCCATTGCCTTTGTTCTACGGTCCATCTGTTTTGTTGTTGGAAGTTTCTCCAAC
TCCATTCACTCAACCTAAGAACAACAAGGATGAAGGTTTCAAGCCAGTTTGGACTACCTTCAATTTGA
AGTCCCAGTTGTTGAAGGTCAGGTCGAAGAATTTCAATCCAAATACGATGATGGTAACGATAAGAGG
GATGTTTTTCATTGCTGGTTACGCTTTTTTCTACGCTAACTACTCTTGCTTCTATGACAAGCCAGGTTT
CTACTTCGAATCCTTGTACTTCAGAGAGTCCTACAGAAAAATTAGGTATGGGTAGATTGCTGTTCCGGTA
CTGTTGCTTCAATTGCTGCTAACAATGGTTTCGTTTCAGTTGAAGGTATAGTTGCCGTTTGGAAACAAA
AAGTCCTACGATTTCTACATCGATATGGGTGTCGAAATCTTCGACGAATTCAGATACGGTAAATTGCA
CGGTGAAAACCTTGCAAAAGTACGCCGATAAGCAAAAGAATGAAGGTGGTAACTGTTAA

>Amino acid sequence SLAT from *Solanum lycopersicum* (Uniprot Q8RXB8)

MAPALEQAITS DASSDVTITGKIYTRVRLATKSDL SHIYRLFYQIHEYHNYTHLYKATESS LANLLFK
ENPLPLFYGPSVLLLEVSP TPFDEPKNTTDEGFKPVLTTFDLKFVVEGEVEEFRSKYDDKSDVYIAG
YAFFYANYSCFYDKPGFYFESLYFRESYRKLGMGSLLFGTVASIAANNGFVSVEGIVAVWNKSYDFY
VNMGVEIFDEF RYGLHGENLQKYAHN

>Codon optimized nucleotide sequence SLAT using ThermoScientific GeneArt®

ATGGCTCCAGCTTTGGAACAAGCTATTACTTCTGATGCTTCTTCCGATGTTACCATCACTGGTAAAAAT
CTACACCAGAGTTAGATTGGCTACCAAGTCTGATTTGTCTCATATCTACAGGTTGTTCTACCAGATCC
ATGAATACCATAACTACACCCACTTGTACAAAGCTACCGAATCTTCTTTGGCTAACCTGTTGTTTAAA
GAGAACCCATTGCCTTTGTTTTACGGTCCATCTGTTTTGTTGTTGGAAGTTTCTCCAACCTCCATTGCA
TGAACCTAAGAACACTACTGATGAAGGTTTCAAGCCAGTTTGGACTACCTTCGATTTGAAGTTCCAG
TTGTTGAAGGTGAAGTCGAAGAATTCAGATCTAAGTACGATGATAAGTCCGATGTTTACATTGCTGGT
TACGCTTTTTTCTACGCTAACTACTCTTGCTTCTATGACAAGCCAGGTTTCTACTTCGAATCCTTGTA
CTTCAGAGAGTCCTACAGAAAAATTAGGTATGGGCTCTTTGTTGTTCCGGTACTGTTGCTTCAATTGCTG
CTAACAATGGTTTCGTTTCAGTTGAAGGTATAGTTGCTGTCTGGAACAAAAAGTCCTACGATTTCTAC
GTTAACATGGGTGTTGAAATCTTCGACGAGTTCAGATACGGTAAATTGCATGGTGAAAACCTTGCAAAA
GTACGCCCATAACTGA

Data from protein analysis using LC-MS/MS

Table S1. Relevant information regarding the ACS and AT3 proteins detected from the proteomics experiment

			Strain			
	Protein		TMBNM009		TMBNM020	
	ACS	AT3	ACS	AT3	ACS	AT3
Peptides	32.0	11.0	32.0	10.0	26.0	6.0
Sequence coverage [%]	52.6	30.2	52.6	28.4	32.7	14.3
MS/MS count	141.0	16.0	70.0	10.0	71.0	6.0
Intensity	5.0E+10	1.1E+09	3.7E+10	8.3E+08	1.3E+10	2.5E+08
LFQ intensity			4.2E+09	2.5E+08	3.0E+09	1.5E+08
Mol. weight [kDa]	73.6	49.3				
Sequence length	658.0	440.0				
Q-value	0.0	0.0				
Score	323.3	100.7				