

Table 1 Suppl. Degenerate primers used in this research and their amplification products.

Gene	Primer sequence (5'-3')	Amplicon size [bp]	T _m [°C]
<i>CAD</i>	F:CGCNGGBGTGACHGTGTACAG R:CCADCATCTCCTCHGTYTCCTTCA	443	60.0
<i>CCR</i>	F:GACGARTCYTGYTGGAGYGA R:CCRGTSARRTACTTGAGGATGTG	199	52.0
<i>F5H</i>	F:ACTAYGGDCCBTTYTGCG R:GGTTTCATNCCRTCRCGGYAA	1108	50.0
<i>COMT</i>	F:GCCATYGARCTBGRCTBCT R:AACATGTBCCDCCVACRTG	641	55.0
<i>CCOAOMT</i>	F:GCCAARAASACMATGGARAT R:CRGCVAGDGCCTTGTGAG	436	52.0

Table 2 Suppl. Primers used in this research and their amplification products.

Gene	Primer sequence (5'-3')	Amplicon size [bp]	T _m [°C]
<i>PAL</i>	F:AGAGCACGGTGAAGAACACGGTA R:ACACATACTCCCTGTCCACAACCTC	129	60.20
<i>4CL</i>	F:GAGGAAGCCAGATTATGAAAGGTT R:TTGTCATCTACTAATCCAATGTCGC	109	57.30
<i>C3H</i>	F:TATCCCGTTGAAGAGGAGGCATT R:GCGGTGTGCTCCTCAATGATA	83	61.60
<i>C4H</i>	F:TAGGCAAGGGAGTCCAGATAACC R:TGCCATTTCGGAGCCTTAGAGT	92	58.90
<i>CAD</i>	F:CTCCCTATGAAACTCCCTGTTATGC R:AGACTACATTATTGATACCGTGCCG	171	58.94
<i>CCR</i>	F:CGGCAGTGAATGGAACCTAAGAAC R:TCAACGACGGCATCTGGACT	127	57.45
<i>F5H</i>	F:TACGGAAACTGTAGCATCGGG R:TTGATGACGCACCGAAAGTAG	164	55.85
<i>COMT</i>	F:TCTGTCATCAGTTGCTCCGTCA R:CTGGAGCAATCTGAGCAACG	132	57.45
<i>CCOAOMT</i>	F:GCCTTGCCCCGTTCTTGAT R:AGCCGATGACTCCTCCTACC	145	56.00

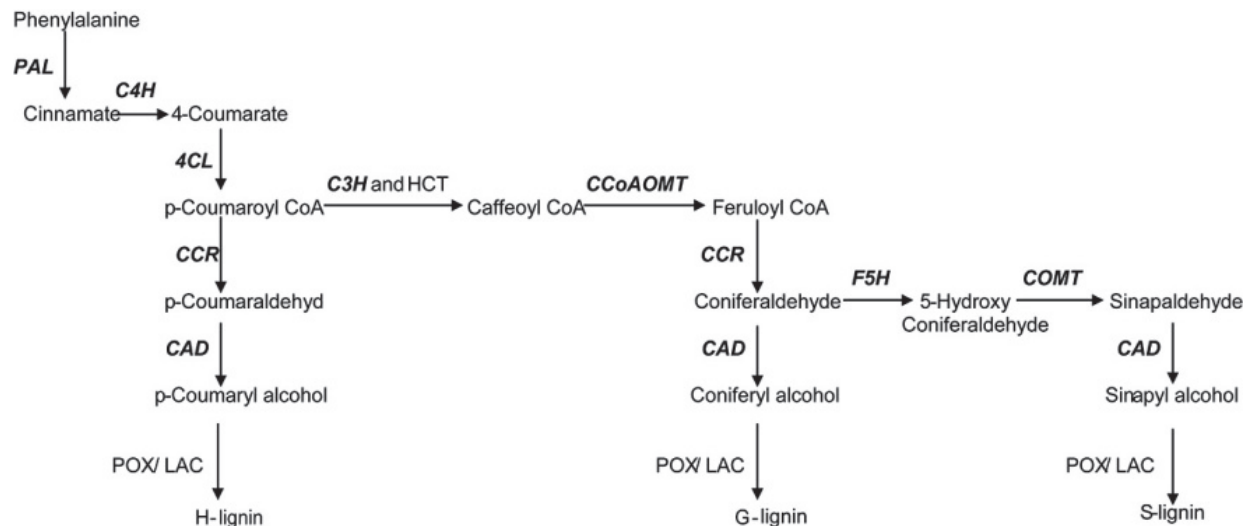


Fig. 1 Suppl. Simplified view of the most favoured lignin biosynthetic pathway in angiosperms. **Bold font** marks the gene which was researched in this article. PAL - phenylalanine ammonia-lyase, C4H - cinnamate 4-hydroxylase, 4CL - 4-coumarate: coenzyme A ligase, C3H - *p*-coumarate 3-hydroxylase, CCoAOMT - caffeoyl-CoAO-methyltransferase, CCR - cinnamoyl-CoA reductase, F5H - ferulate 5-hydroxylase, COMT - caffeic acid O-methyltransferase, and CAD - cinnamyl alcohol dehydrogenase.

F. esculentum CAD	:	AGVTVYSPLKHFGLDKSGLRGGI	LGLGGVGHMGVKI	AKAMAHQVLLVI	SSSDKKKVEALHHL	GADDYVVSSDAERMKELEGS	LDYI	:	87
A. thaliana CAD	:	AGVTVYSPLSHFGLKQPLRGGI	LGLGGVGHMGVKI	AKAMGHHTVI	SSSNKKREEALQDL	GADDYVI	GSDQAKMSELADSLDYVI	:	87
G. max CAD	:	AGVTVYSPLVHFGLKESGLRGGI	LGLGGVGHMGVKI	AKALGHHTVI	SSSDKKKQEALHHL	GADQYLVSSDATA	MQEADSLDYI	:	87
M. notabilis CAD	:	AGVTVYSPLKHFGLTQSMKGA	LGLGGVGHMGVKI	AKAMGHHTVI	SSSDKKKEEALDHL	GADDYLVSSDAAKMQEAFDS	FDYI	:	87
P. tomentosa CAD	:	AGLTVYSPLKHFGLKQSGLRGGI	LGLGGVGHMGVKI	AKAMGHHTVI	SSSDKKRVEAMEHL	GADEYLVSSDVESMQKAAD	QLDYI	:	87
P. tremuloides CAD	:	AGLTVYSPLKHFGLKQSGLRGGI	LGLGGVGHMGVKI	AKAMGHHTVI	SSSDKKREEAMEHL	GADEYLVSSDVESMQKAAD	QLDYI	:	87

F. esculentum CAD	:	TVPVPHPLEPYLSLLKLNQGLI	LTGVI	NTPLHFVTPVVM	SQRRSI	TGSFI	GSMKETEEM	:	147
A. thaliana CAD	:	TVPVPHALEPYLSLLKLDGKLI	LMGVI	NNPLOFLTPLL	GRKVI	TGSFI	GSMKETEEM	:	147
G. max CAD	:	TVPVGHPLEPYLSLLKLDGKLI	LMGVI	NTPLQFVSPMVML	GRKSI	TGSFI	GSMKETEEM	:	147
M. notabilis CAD	:	TVPVPHPLEPYLSLLKLDGKLI	LMGVI	NKPLQFVTPMVML	GRKSI	TGSFI	GSMKETEEM	:	147
P. tomentosa CAD	:	TVPVPHPLEPYLSLLKLDGKLI	LMGVI	NTPLQFVTPMVML	GRKSI	TGSFI	GSMKETEEM	:	147
P. tremuloides CAD	:	TVPVPHPLEPYLSLLKLDGKLI	LMGVI	NTPLQFVSPMVML	GRKSI	TGSFI	GSMKETEEM	:	147

Fig. 2 Suppl. Amino acid sequence of CAD (cinnamyl alcohol dehydrogenase) was initially aligned by *MEGA6* using default parameters, and followed by manual alignment. Conservative sequences are highlighted by *black* and *grey* shading. Numbers and asterisks indicate the position from the start codon. Sequences used: *Fagopyrum esculentum* CAD, *Arabidopsis thaliana* CAD (NM_119587.3), *Glycine max* CAD (XM_006589573.1), *Morus notabilis* CAD (XM_010097985.1), *Populus tomentosa* CAD (KP769982.1), *Populus tremuloides* CAD (AF217957.1).

--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--

Fig. 3 Suppl. Amino acid sequence of CCoAOMT (caffeoyl-CoAO-methyltransferase) was initially aligned by *MEGA6* using default parameters, and followed by manual alignment. Conservative sequences are highlighted by *black* and *grey* shading. Numbers and asterisks indicate the position from the start codon. Sequences used: *Fagopyrum esculentum* CCoAOMT, *Camellia sinensis* CCoAOMT (JQ790527.1), *Dimocarpus longan* CCoAOMT (JN093023.1), *Eucalyptus camaldulensis* CCoAOMT (HM106291.1), *Fragaria vesca* CCoAOMT (XM_004290547.2), *Gossypium raimondii* CCoAOMT (XM_012606685.1), *Lonicera japonica* CCoAOMT (JX848693.1), *Vitis vinifera* CCoAOMT (LOC100233087).

* 20 40 60 80
 F. esculentum F5H : YGPFVRQMRKVCVMKLFSRKRAESWQSVRDEVDI VRVLAESKGSFVNVGELVFSLTKNI TYRAAFGSSSNEGQDEFI SI LQEF SKL : 87
 G. raimondii F5H : YGPFVRQMRKL CVMKLFSRKRAESWESVRDEVEKL VRAVSANTGKT VNVGELI FNLTKNI TYRAAFGSSSQEGQDEFI KI LQEF SKL : 87
 L. leucocephala F5H : YGPFVRQMRKI CVMKLFSRKRAESWQSVDEVEFVVRIVCANTGKEVNI GELVFSLTKNI TYRAAFGSSSREGQDEFI GI LQEF SKL : 87
 P. dactylifera F5H : YGPFVRQMRKL CVMKLFSRKRAESWAAVRDEI EAMI HAVADRIGTTVNLGELI FNLTKNI TFRAAFGTQSQENQDEFI SI I QEF SKL : 87
 T. bicornis F5H : YGPFVRQMRKL CVMKLFSRKRAESWASVRDEVDKMLSVTGTNTGTVNVGELVFCPTRDI TYRAAFGASNDREGQDEFI KI LQEF SKL : 87
 * 100 120 140 160
 F. esculentum F5H : FGAFNMADFI PWLGWADPNGLTNRLVKARRSLDKFI DTII DDHLEKKRKG KG-----VEDMDVDELLAFYSEGEKQDVT- ESDDL : 167
 G. raimondii F5H : FGAFNI ADGI PWLGWVDPQGLNSRLEKARHALDKFI DTII DDHI QKRKTNVNGAGGYDPPMDVDELLAFYS- EEACVN- ESDDL : 170
 L. leucocephala F5H : FGAFNI ADFI PGLSWVDPQGSNARLAKARCSLDSFI DKII DEHMQNKKKKDEE-----GDMVDELLAFYSE- DHSKVS- ESDDL : 164
 P. dactylifera F5H : FGAFNI GDFI PWLSWIDPFGI NQRLKVARAALDQFI DNI I DMHMANEKATDAED-----ADMVDDMLAF LEDSRVSKEGGQDQDEL : 168
 T. bicornis F5H : FGAFNMADFI PWLRWI DPQGLNGRLKRARALDQFI DSI I DEHNV- KKTVDDE-----TDMVDLLAFYSK- EEAKVS- DATDL : 162
 * 180 200 220 240 260
 F. esculentum F5H : QTAI KLTKDNI KAI I MDVMFGGTETVASAI EWAMSEL MKRPEITMKKQEELEAEVVGMR RVEESDLDKLPYRCVI KETLPSPPAHP : 254
 G. raimondii F5H : NLSI RVTRDNI KAI I MDVMFGGTETVASAI EWALTEL MRSPEDMKRVQREL EEVVGLDRRVEESDLDKLPFLKCOL KETLRLHPPI P : 256
 L. leucocephala F5H : HNSI KLTKDNI KAI I MDVMFGGTETVASAI EWAMSEL MRSPGLKRVRRELAEVVGDRRVESDMKLTYLKCALKETLRLHPPI P : 251
 P. dactylifera F5H : HGNLKL SRDNI KAI I MDVMFGGTETVASAI EWAMSEL MRSPDELKRVRQELADLVGLDRKVRESDLDRLPFLKCVI KETLRLHPPI P : 255
 T. bicornis F5H : NNAI RLTRDNI KAI I MDVMFGGTETVASAI EWAMTEI MRSPEDLKKVQQLANVVGDRRVEESDFEKLTYLQCAI KETLRLHPPI P : 249
 * 280 300 320 340
 F. esculentum F5H : SPPSRKPQKEGRKMWGLPGYPAQGPVEDDSI VVGPFGPWTKDGLGLEPGKLFDA PKRVLWKRGVP--DYKGNFEFI PFSGRRSC : 338
 G. raimondii F5H : LLLHETAEEAVVAGYRI P--AKSRVMI NAWAI G-----RDKKSWEDAESFKP--RRFMKEGMP--DFKGSNFEFI PFSGRRSC : 329
 L. leucocephala F5H : LLLHETAEDAVVSGYFVP--KKPRVMI NAWAI G-----RDRNAWKDPSFKP--ARFLBEGVP--DFKGSNFEFI PFSGRRSC : 324
 P. dactylifera F5H : LLLHETAEDDKVAGYI P--KKSRVMI NAWAI G-----RDKLAWRDADKFRP--SRFAPCGDSTGI DFKGSFFEI PFSGRRSC : 331
 T. bicornis F5H : LLLHETAEDATVAGYI P--KSRVMI NAWAI G-----RDKNSWEDPSFKP--SRFLKPGVP--DFKGSNFEFI PFSGRRSC : 322
 * 360
 F. esculentum F5H : PGMQLGLYALDMTVANLI GCFKWELPDGMK : 368
 G. raimondii F5H : PGMQLGLYTLDLAVAHLLHCFTWELPDGMK : 359
 L. leucocephala F5H : PGMQLGLYALEMNL----- : 338
 P. dactylifera F5H : PGMQLGLHLELAVACLLHCFNWALPDGMK : 361
 T. bicornis F5H : PGMQLGLYALELAVAHLLHCFTWELPDGMK : 352

Fig. 4 Suppl. Amino acid sequence of F5H (ferulate 5-hydroxylase) was initially aligned by *MEGA6* using default parameters, and followed by manual alignment. Conservative sequences are highlighted by *black* and *grey* shading. Numbers and asterisks indicate the position from the start codon. Sequences used: *Fagopyrum esculentum* F5H, *Gossypium raimondii* F5H (XM_012602276.1), *Leucaena. leucocephala* F5H (EF569596.1), *Phoenix dactylifera* F5H (XM_008793428.1), *Trapa bicornis* F5H (KT211245.1).

* 20 40 60
 F. esculentum CCR : K WWSRQ* MELRT* S* LRLRRRSRGELCSHRRSVFPFTWTRTGVQMPSLMKVVGVI LNSARTLRIGI V : 63
 P. euphratica CCR : K WWSQQ* TGPKM* SLRRLRPKSDIEWCSLHQLVLTCTWI PVRAQMLLLMSLAGVI LNSARTQRI GI A : 64
 P. tomentosa CCR : K WWSQQ* TGPKM* SLRRLRPKSDIEWCSRPLVLCTWI PIRAQMLSLMNLAGVI LNSARTPRI GI A : 64
 P. tremuloides CCR : K WWSQQ* TGPKM* SLRRLRPKSDIEWCSRPLVLCTWI PIRAQMLSLMNLAGVI LNSARTPRI GI A : 64
 P. trichocarpa CCR : K WWSQQ* TGPKM* LRLRLRPKSDIEWCSRPHQLALCTWI PIRAQMLSLMSLAGVI LNSARTPRI GI A : 63
 P. mume CCR : K WWSRR* MEQRM* LLRQKQKRSKGWCSRRLVRCWTWTPPGALMWWSMSLVGVI LNSARTPRTGT V : 64
 V. vinifera CCR : R WWNQP* MEQRM* * QRLRPKSGEWCSHRLLEQCTWTPTGAQIKLWTRAVGVI LNSARTPRI GI V : 62

Fig. 5 Suppl. Amino acid sequence of CCR (cinnamoyl-CoA reductase) was initially aligned by *MEGA6* using default parameters, and followed by manual alignment. Conservative sequences are highlighted by *black* and *grey* shading. Numbers and asterisks indicate the position from the start codon.. Sequences used: *Fagopyrum esculentum* CRR, *Populus euphratica* CCR (XM_011022315.1), *Populus. tomentosa* CCR (KC236912.1), *Populus tremuloides* CCR (AF217958.1), *Populus trichocarpa* CCR (AJ224986.1), *Prunus mume* CCR (XM_008230569.1), *Vitis vinifera* CCR (XM_002273418.2).

```

      *      20      *      40      *      60      *      80      *
F. esculentum COMT : AI ELGLLE- I STAGPDSRISASEVRAKLRSSENFCAFDVVDRI LRLLSAFSVI SCSVI GDAG- - - - ERKRVYGLTPVSRVY-- FVKDEDGVSL : 86
E. guineensis COMT : AI ELGVLE??I AKAGSVGKLSPAQVRAQLPTENPMATVLDRLRLLASYN LITCS??EVD??- - - DGKPLRRYGPAPVCKW???TKNEDGVSM : 83
H. cannabinus COMT : AI ELDLLE- I MAKAGPGAF LSPMEVASQLPTANPDAPVMDRI LRLLAITYSI LITCSLRTP- - - - DGRVERLYGLGPVCKF-- LTKNQDGVAL : 87
P. mume COMT : AI ELGVFD- I GKESPGAKLSSSEI AAKIGTKNPEAPMMI DRI LRLLTSHSVLNCSLVSANEDENGSGSDFCRVYSL GPVSKY-- FVNDEEGGSL : 93
T. cacao COMT : AI QLEI FE- I AKAGPDAKSPCEI GAHLPTONPDAPMVLDSI LRLLAHSHVLACSLAVVEQ- - - - GDSPQRLYSITPVTKF-- FIRNEDGVSL : 88
V. vinifera COMT : SI ELGLFD- I IANLGS-- QASASEI ASRLPTKNQEAPI I LDRMLYLLT I HSVLSCSAI DGDE- - - - - RVYALTIPVSKY-- FASNQ- GVSF : 79

      100      *      120      *      140      *      160      *      180      *
F. esculentum COMT : PLLRLQDKVF- LESWYKLDKAVL EGGI AFNKAHGMN- AFEYPGVDCRFNEVFNVAMF- NHTSI MKKKI LGSYKG- FEN- I SQLVDVE- GGUGHN : 175
E. guineensis COMT : ALTLNNDKVL- MESWYYLKDAVL DGGI PFNKAYGV??AFEYHGTDPFRNKVFNEMG??NHSII I TKKLEFYK??FED- - VNVLDV??GGIGAT : 168
H. cannabinus COMT : ALSLNNDKVL- MESWYYLKDAVL EGGI PFNKAYGMT- AFEYHGTDPFRNKVFNRMGS- DHSTI I VKKI LETYDG- FDG- - LKTLVDVE- GGIGAT : 176
P. mume COMT : PVLTFCTDKVY- MESWSQLKDAI VEGGI PFNRVHGTH- AFEYPDLPFRNQAFNTAMF- NHTTI VI KKLHI YKG- FEDKNLTQLVDVE- GGUGVN : 184
T. cacao COMT : PLVSLVQDKI F- LDSWCOLKDAI L EGGI PFNRVHGTH- AFEYPGKDPFRNKVFNNTAMF- NHTTI VKKKI LEAYKG- FEH- - SQLVDVE- GGUGVT : 177
V. vinifera COMT : PLLLA I QDKV??DSWSQLKNAI I EGGI PFNRVHGSH- AFEYPGKDPFRNQVNTAMF- NHTTI VI VKKI LGSYKG- FEH- - LTRVVDVE- GGUGTI : 167

      200      *      220      *
F. esculentum COMT : LK- I ILSKYPNI KGI N- YDLPHVTKHGI PHP- GMEHVGGDM : 213
E. guineensis COMT : LH- NI ILSKYPHI KGI ??FDLPHV SEAPPEP- GVEHI GGDM : 205
H. cannabinus COMT : I N- MI VSKHPSI KGI N- FDLPHV EDAPAYP- GVEHVGGDM : 214
P. mume COMT : LN- LI ILSRYHHI KGI N- FDLPHV NHAPSYP- GVQHVGGDM : 222
T. cacao COMT : LR- I ILSKYPSI KGI N- FDCPHV RHAPAYPAGVEHVGGDM : 216
V. vinifera COMT : LS?? I ILSKYPHI EAI N- FDLPHV EHAVAYP- GVKHI GGDM : 204

```

Fig. 6 Suppl. Amino acid sequence of COMT (caffeic acid O-methyltransferase) was initially aligned by *MEGA6* using default parameters, and followed by manual alignment. Conservative sequences are highlighted by *black* and *grey* shading. Numbers and asterisks indicate the position from the start codon. Sequences used: *Fagopyrum esculentum* COMT, *Elaeis guineensis* COMT (XM_010936612.1), *Hibiscus. cannabinus* COMT (JX524277.1), *Prunus mume* COMT (XM_008245986.1), *Theobroma cacao* COMT (XM_007015052.1), *Vitis vinifera* COMT (XM_002266863.3).