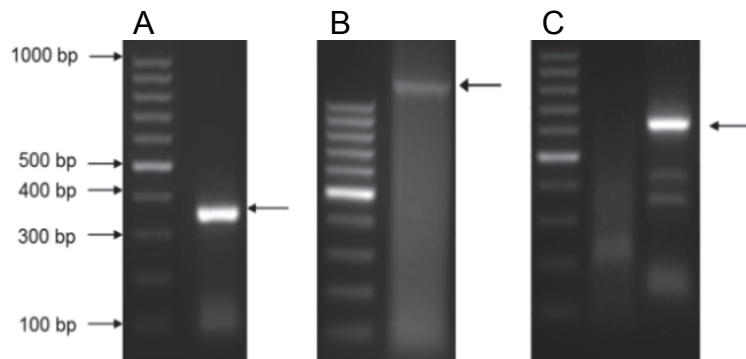


Table 1 Suppl. Sequences of primers and probes used in PCR reactions. FP - forward primer; GSIP - gene specific inner primer; GSOP - gene specific outer primer; GSP - gene specific primer; IP - inner primer; OP - outer primer; RP - reverse primer; UPM - universal primer A mix.

Primers	Genes	Primer sequence 5'-3'	UPL sequence 5'-3' (number)
Degenerate primers	<i>InEKO1</i>	FP: TGGT <u>W</u> ACAACAGAR <u>T</u> GGGCTATGTATGA RP: GGB <u>T</u> CYARAAATCTCTCYGGCTTCCATTC	
RACE-PCR primers	<i>InEKO1</i>	5'GSP: TCAATGTTCCATGAAATATAGCAGA 5'UPM: CTAATACGACTCACTATAGGGCAAGCAGTGGTATCAACGCAGAGT 3'GSOP: AACATGGTCCCGTTCCTATTGTTC 3'OP: GCGAGCACAGAATTAATACGACT 3'GSIP: CGATATGTTACGAGGATATCGAACTGGGAG 3'IP: CGCGGATCCGAATTAATACGACTCACTATAGG	
Specific primers	<i>InEKO1</i>	FP: AAAACATGGTCCCGTTCCTA RP: CCCAGTTCGATATCCTCGTG	TCCTCTCC (55)
	<i>InACT4</i>	FP: GGAAATACAGTGTCTGGATTGGA RP: CCACATCTGTTGGAATGTGC	TTGGCTTC (139)



Fig. 1 Suppl. The 5-d-old *Ipomoea nil* seedlings were grown under 8-h non-inductive night (LD) conditions or 16-h inductive night (SD) and after ethylene (ET, $0.1\text{cm}^3\text{dm}^{-3}$) treatment. The cotyledons and apexes were harvested in 2-h intervals.



D

1-62 acgaaagaaccaaacggggcggtgggagaagaagagcagtgaaagaaaaagatcagagtgt
63-122 gggtcc**ATG**gaggcagtcacccaaactgttcaatattgaccactgaggaatgatcacc
M E A V I Q T V Q Y W P L G S V I T
123-182 gcccgcggttgggttgaactctcgcgcgtgatttccccagcgttttgaatgatcaaaag
A G G L V V A L G V I S P R L L N D Q K
183-242 aagagacccaaacacctcgcgcgcagttccagctataccaggggtaccagttcttgggaat
K R P K H L R P V P A I P G V P V L G N
243-302 atactccagctcaaagagaagaacccccacaagacatttctaggtggttgacaaatat
I L Q L K E K K P H K T F L G W V D K Y
303-362 ggaccaatctattctgtcaaggctggggctaccaccatggttgttcttaactccactgat
G P I Y S V K A G A T T M V V L N S T D
363-422 cttgcaaaggaggtatggtagacaaatattcatcaatctcaacaagaaatctctccaag
L A K E A M V D K Y S I S T R N L S K
423-482 tccctaagtattctcactcatgataaaagtattggtgcaatgagtgattatggtgacttt
S L S I L T H D K S M V A M S D Y G D F
483-542 cataagacagtaaagcggaatatattggccagcgttttgggagcaaatgctcagaaacaa
H K T V K R N I L A S V L G A N A Q K Q
543-602 catcgtgtccacagggacgtattgatagaaaaatgttgtaatgaattgaatgctgtcctc
H R V H R D V L I E N V C N E L N A V I
603-662 gagaagtatcctgagaaagcagtaaaactttaggaatatttccagctcgaacttttcaga
E K Y P E K A V N F R E Y F O S E L F R
663-722 ttggcactgaagcaaggaattggagaagcgtagagtctgtatatgtttaaagagcgttga
L A L K Q G I G E D V E S V Y V K E L G
723-782 tccactttgtcgaggggagaagatgctcaagtatctagtatctgaccttatggaggtgct
S T L S R E K M L K Y L V S D L M E G A
783-842 attgacgttggcgagatttcttcccatatctcagctggattcctaaccgcagcttc
I D V D W R D F F P Y L S W I P N P S F
843-902 gacaagagatcaagcaaatataacacagggatgcagtaatgagggcactcataaag
D K R I K Q I Q Y N R D A V M R A L I K
903-962 gaacagagagacgtatcgagctctgggacggaataaactccatgctcgactatttggtg
E O R E R I E S G T A I N S M L D Y L V
963-1022 tctgaagaacagacattaactgagaaacaaacttcagatgagtgtgtgggaggaattatt
S E E Q T L T E K Q L O M S V W E E I I
1023-1082 gaaacatcgacacaactgtggttacaacagaatgggctatgtatgaactagctaaagt
E T S D T T V V T T E W A M Y E L A K D
1083-1142 ccagaacgacaggatagattatttctgtaaattcaagtgctgtgtgggggtggtaaagta
P E R Q D R L F R E I Q G V C G G G K V
1143-1202 acagaagacaaagtgcgacaactcccctaccttctgctatatttcatgaaacattgaga
T E D K V R O L P Y L S A I F H E T L R
1203-1262 aaacatgggtcccggttcttattgttctctccgatattgttcacgaggatcgaactggga
K H G P V P I V P L R Y V H E D I E L G
1263-1322 gggtactatattcctaaaggaaccgagattgctgtgaacattcatgcatgcaacatggaa
G Y Y I P K G T E I A V N I H A C N M E
1323-1382 aagggggtatgggagagtcctacagaatggaagccagagagatttttggagccgaggtat
K G V W E E S P T E W K P E R F L E P R Y
1383-1442 gagcagaacgatttgttcaagacgatggcgtttgagacgggaaagaggggtgtactggt
E Q N D L F K T M A F G A G K R V C A G
1443-1502 gcttctccagggcagatgacgattttttgctgacgatcgcgagaatggttcaagaatttgaa
A L Q A M T I F C L T I A R M V Q E F E
1503-1562 tggaggtgacgggtagtgaagaagaaaattgttctactgtgggtcttactgcctataaa
W R L T G S E E N V A T V G L T A Y K
1563-1622 cttcatctctaatggcaaacataaagccaagaat**TGA**tttcgaagaaaaaggtgttga
L H P L M A N I K P R N -
1623-1682 aatgttaagggaagtgaaagctcttggctcctcaattataaaggtatattggactcgatgc
1683-1742 ttgaattgtagggtcttcaacttttgattgtattctccagtttagtagcgtagcaggtttt
1743-1802 ttcttggagcagaactatgagacgctgtaaaaattttcaaggtgaactttttaatttcac
1803-1829 atccgttttctccaaaaaataaaaaa

1-18
19-38
39-58
59-78
79-98
99-118
119-138
139-158
159-178
179-198
199-218
219-238
239-258
259-278
279-298
299-318
319-338
339-358
359-378
379-398
399-418
419-438
439-458
459-478
479-498
499-510

TRANSMEMBRANE
HELIx STRUCTURE

PROLINE RICH REGION

A DOMAIN

B DOMAIN

C DOMAIN

D DOMAIN

Fig. 2 Suppl. Molecular cloning of *InEKO1* cDNA. Products of PCR with degenerate primers (A), 5'-RACE-PCR (B) and 3'-RACE-PCR (C). The obtained 1829-bp cDNA sequence of the *InEKO1* gene and deduced 510-aa sequence of InEKO1 protein [ExPASy – Translate tool software (<http://web.expasy.org/translate>)] (D). The protein has a molecular mass of 57.93 kDa and a pI of 7.64 [ExPASy – ProtParam software (<http://web.expasy.org/protparam>)]. The positions of nucleotides and amino acids are marked on the left and on the right side, respectively. The initiation (codon start) and termination (codon stop) of translation are designated *large and bold letters*. Before ATG and after TGA codons, 5' and 3' UTR regions were marked, respectively (*small letters*). The domain characteristic of the P450 superfamily was *highlighted in grey*, while the PLN02655 multidomain characteristic of *ent*-kaurene oxidases was *emphasized*. The most important and conserved catalytic domains of the P₄₅₀ enzyme regions are indicated in *red boxes* – the A domain is associated with substrate binding and the oxygen pocket and traverses the distal surface of the haem. This domain contains a highly evolutionarily conserved polar and uncharged amino acid – threonine (T; *large, white and underlined letter*). The B domain contains the EXXR section (E and R designated as a *large, white, and underlined letters*) of the highly conserved E,R,R triad involved in positioning the haem-binding pocket. The C domain has the PERF (*large, white, and underlined letters*) clan designator region that includes the third R of the E,R,R triad. The D domain, in turn, contains a haem-binding region (FXXGXRVCA; *large, white and underlined letters*). The haem group is covalently bonded between the sulfhydryl group of the cysteine residue and the vinyl group of protoporphyrin. The iron cation in haem is capable for binding oxygen by coordinate bonds that are positioned perpendicularly to the plane of the haem. At the N-terminus of EKO protein are a non-polar region rich in proline residues and a transmembrane helix structure which is crucial for protein binding with membranes. To identify characteristic domains within the InEKO1 the *NCBI-BLAST* (www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST) was used.

A

Species	Name of protein and NCBI acc. no.	Sequence identities – aa (%)	Sequence similarities – aa (%)
<i>Malus domestica</i>	<i>ent</i> -kaurene oxidase, chloroplastic-like XP_008378479	304/468 (65)	386/468 (82)
<i>Nicotiana tomentosiformis</i>	<i>ent</i> -kaurene oxidase, chloroplastic XP_009592896	339/514 (66)	417/514 (81)
<i>Nicotiana sylvestris</i>	<i>ent</i> -kaurene oxidase, chloroplastic XP_009781391	336/514 (65)	419/514 (81)
<i>Solanum tuberosum</i>	<i>ent</i> -kaurene oxidase, chloroplastic-like XP_006354940	329/515 (64)	416/515 (80)
<i>Solanum lycopersicum</i>	<i>ent</i> -kaurene oxidase, chloroplastic XP_004238197	330/515 (64)	413/515 (80)
<i>Sesamum indicum</i>	<i>ent</i> -kaurene oxidase, chloroplastic-like XP_011083784	328/507 (65)	401/507 (79)
<i>Pisum sativum</i>	<i>ent</i> -kaurene oxidase AAP69988	295/476 (62)	373/476 (78)
<i>Lactuca sativa</i>	<i>ent</i> -kaurene oxidase 1 BAG71197	307/505 (61)	394/505 (78)
<i>Arabidopsis thaliana</i>	<i>ent</i> -kaurene oxidase 1 NP_197962	285/467 (61)	368/467 (78)
<i>Scoparia dulcis</i>	<i>ent</i> -kaurene oxidase ALI30656	302/508 (59)	398/508 (78)
<i>Pyrus bretschneideri</i>	<i>ent</i> -kaurene oxidase, chloroplastic-like XP_009364103	309/511 (60)	396/511 (77)
<i>Populus euphratica</i>	<i>ent</i> -kaurene oxidase, chloroplastic XP_011017256	306/509 (60)	393/509 (77)
<i>Stevia rebaudiana</i>	<i>ent</i> -kaurene oxidase CYP701A5 AAQ63464	293/502 (58)	388/502 (77)
<i>Jatropha curcas</i>	<i>ent</i> -kaurene oxidase, chloroplastic NP_001292955	304/506 (60)	389/506 (76)

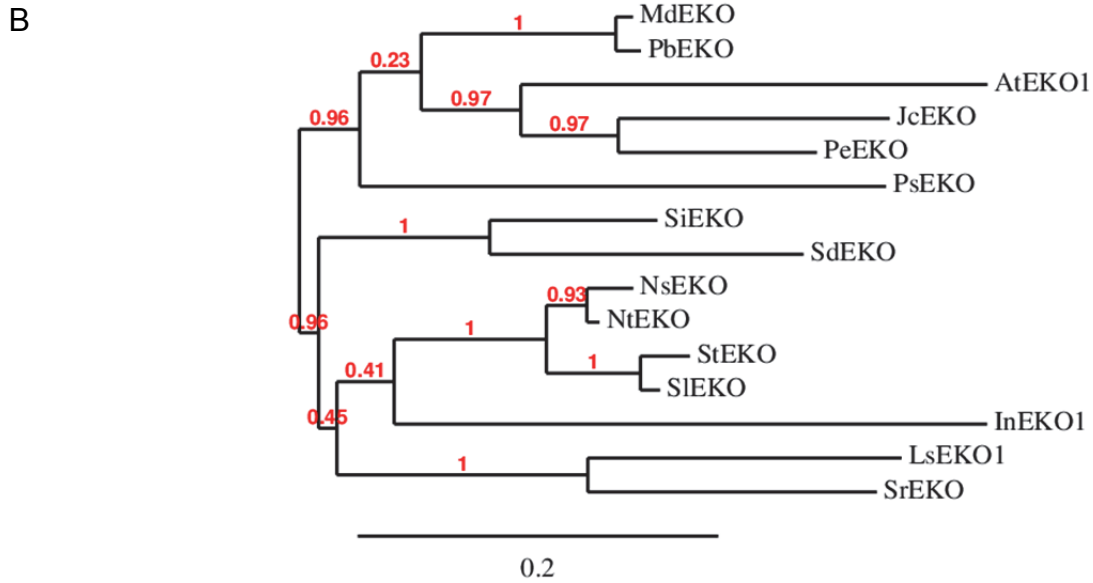


Fig. 3 Suppl. The degrees of InEKO1 identity and similarity to homologous sequences from various plant species (A) and their phylogenetic relationships (B). The *NCBI-BLAST* (www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST) was used to find and compare the amino acid sequences from various plant species to the InEKO1 sequence, and the degrees of their identity and similarity were determined. Phylogenetic tree was constructed with the *Phylogeny* program (<http://www.phylogeny.fr/>). Accession numbers for all sequences were presented in A point. Md - *Malus domestica*; Pb - *Pyrus bretschneideri*; At - *Arabidopsis thaliana*; Jc - *Jatropha curcas*; Pe - *Populus euphratica*; Ps - *Pisum sativum*; Si - *Sesamum indicum*; Sd - *Scoparia dulcis*; Ns - *Nicotiana sylvestris*; Nt - *Nicotiana tomentosiformis*; St - *Solanum tuberosum*; Sl - *Solanum lycopersicum*; In - *Ipomoea nil*; Ls - *Lactuca sativa*; Sr - *Stevia rebaudiana*.

Unconserved 0 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 Conserved

		10		20		30		40		50
InEKO1	-----	-----	---	MEAV	IQT	VQY	-WPL	GSV	ITAG	GLVVAL
SiEKO	-----	-----	---	MDTLL	NL	QALP	AGAA	IG	GPAVA	LGGIT
SdEKO	-----	-----	---	MDTLL	NL	QALP	MGAA	IG	GPAVV	VGGIT
NsEKO	-----	-----	---	MDAIL	NL	QTVPL	GTALT		IGGPA	VALGG
NtEKO	-----	-----	---	MDAIL	NL	QTVPL	GTALT		IGGPA	VALGG
StEKO	-----	-----	---	MDAIL	NL	QAVPL	GTALT		VGGPV	VALGG
SlEKO	-----	-----	---	MDAIL	NL	QGVPL	GTALT		VGGPV	VALGG
MdEKO	MQLAQ	PTHSS	RPST	FPLN	FL	RKS	MAPLS	QI	LQDF	QAMPFA
PbEKO	-----	-----	---	MAPMS	QI	LQDF	QAMPFA		VPAAI	AAALS
JcEKO	-----	-----	---	MDVIT	TTT	ILPS	FQAMPY		ATPVA	AVGGLF
PeEKO	-----	-----	---	MD	-VATS	ILPA	FQSMPY		ATPAA	AVGGLV
Consistency	0000000000	0000000000	000	*64	7566	5433	4555	44	4454	676443

		60		70		80		90		100
InEKO1	GVIS	SPRL	ND	QKK	-RPK	HRLR	PVPA	IP--	GV	PVLGNILQLK
SiEKO	LFLIR	KYVED	QKK	-KSS	SFR	PPPE	VP--	GL	PVIGNLLQLK	EKKPHKTF
SdEKO	LFLIK	HLVDD	QKK	-KAS	GIR	PPPE	VP--	GL	PVVGNLLQLK	EKKPHKTF
NsEKO	ISLW	FLKEYV	NDQ	KRK	SSNF	LPPL	PVEVP	GL	PVIGNLLQLT	EKKPHKTF
NtEKO	ISLW	FLKEYV	NDQ	KRK	SSNF	LPPL	PVEVP	GL	PVIGNLLQLT	EKKPHKTF
StEKO	ISFW	LLKEYV	NDQ	KRK	SSNF	LPPV	PVEVP	GL	PVIGNLLQMT	EKKPHKTF
SlEKO	ISFW	LLKEYV	NDQ	KRK	SPNF	LPPV	PVEVP	GL	PVIGNLLQMT	EKKPHKTF
MdEKO	LFLF	SVKSFV	FTK	-KNA	FSK	LPSV	PVVP	GL	PLVGNLLQLK	EKKPYKT
PbEKO	FFLF	SFKSFV	FTK	-KNA	FSK	LPSV	PVVP	GM	PLVGNLLQLK	EKKPYKT
JcEKO	FSMF	FMKKLI	NDQ	-KKR	NSK	LPSV	PVEVP	GL	PVIGNLLQLK	EKKPHKTF
PeEKO	FSVF	FINKFI	SNQ	-KKG	NSN	LLPL	PVVP	GW	PVIGNLLQLK	EKKPHKTF
Consistency	5564	345445	457	1856	444	6775	6455	*7	*89*	*9**96

		110		120		130		140		150
InEKO1	WVDKY	GPIYS	VKAG	ATT	TMVV	LNST	DLAKEA	MVDKY	SSIST	RNLSKSLSIL
SiEKO	WAEEY	GPIYS	IKTGS	NT	TMVV	LNTN	DVAKEA	MGTKY	SSIST	RKLSNALKIL
SdEKO	WAESY	GPIYS	IRTGA	NT	TMVV	LSSN	DVAKEA	MVTKY	SSIST	RKLSNALKIL
NsEKO	WAETY	GPIYS	IKTG	ANT	IVV	LNTN	ELAKEA	MVTRY	SAIST	RKLTNAL
NtEKO	WAETY	GPIYS	IKTG	ANT	IVV	LNTN	ELAKEA	MVTRY	SAIST	RKLTNAL
StEKO	WAETY	GPIYS	IKTG	ANT	IVV	LSSE	ELAKEA	MVTRF	SSIST	RKLTNAL
SlEKO	WAETY	GPIYS	IKTG	ANT	IVV	LSSE	ELAKEA	MVTRY	SSIST	RKLTNAL
MdEKO	WAEEY	GPIYS	IKTG	AST	TMVV	LNST	DVAKEA	MVTRY	PSMST	KKLSNALKIL
PbEKO	WAEEY	GPIYS	IKTG	AST	TMVV	LNST	DVAKEA	MVTRY	PSMST	KKLSNALKIL
JcEKO	WAETY	GPIYS	IRTGA	ST	TVIV	INSAD	AAKEA	MVTRY	SSIST	RKLSKALS
PeEKO	WAEAY	GPIYS	IKTG	VST	TVIV	LNST	EVAK	EA	MVTRY	SSIST
Consistency	*995	*****	989	*87	*79*	9885	77****	*888	9788**	88*7779*69*

	 160..... 170..... 180..... 190..... 200
InEKO1	THDKSMVAMS DYGDFHKT VK RNILASVLGA NAQKQHRVHR DVLIENVCNE
SiEKO	TCDKSIVAMS DYNEFYKTAR GHLLTSTLGP NAQKRHRRIHR DTMINNICEQ
SdEKO	TSDKSIVAMS DYNEFYEETK RHLLTNTLTGT HAQKRHRRIHR DIMIKNVCDQ
NsEKO	TCDKSIVAIIS DYDEFHKT VK RHVLTNVLGP NAQKRHRRIHR DTLIENVSKQ
NtEKO	TCDKSIVAIIS DYDEFHKT VK RHVLTNSVLGP NAQKRHRRIHR DTLIENVSKQ
StEKO	SCDKSIVAIIS DYNEFHKTAK RHALTSVLGP TAQRRFRIHR DTLVENVSKE
SLEKO	TCDKSIVAIIS DYDEFHKTAK RHILTSVLGP TAQKRFRIHR DTLVENVSQ
MdEKO	TYDKCMVAIS DYNDFHKMIK RYILTNVLGA NAQKRHRSHR DTMRDNVASR
PbEKO	TFDKCMVAIS DYNDFHKMIK RYILTNVLGA NAQKRHRSHR DTMRDNVASR
JcEKO	TQDKCMVATS DYDEFHKNK RCILTNVLGP NAQRRHRPHR DTLVENISTR
PeEKO	TDNKCMTATS DYGDFHKMVK RYILTNVLGA GAQRRHRGHR DTLVENVSSQ
Consistency	939*67**6* **68*89569 857*978**5 6**897*4** *8867*9657

	 210..... 220..... 230..... 240..... 250
InEKO1	LNAVLEKYPE KAVNFREYFQ SELFRLALKQ GIGEDVESVY VKE-LGSTLS
SiEKO	FHAHVEMYPs EAVNFRKIFQ SELFGLSLKQ AIGEDVKSiy VED-LGTTLS
SdEKO	FHAQMOSNPT EAINFRKIFQ SELFGLALKQ AIGQDVESLF VEK-LGTTLT
NsEKO	LHDLVRKYPH EAVNLRKIFQ SELFGLAMKQ ALGKDIESiy VEE-LDATLP
NtEKO	LHDLVRKYPN EAVNLRKIFQ SELFGLALKQ ALGKDIESiy VEG-LDATLP
StEKO	LHDLVRTDPN EAVNLRKSFQ SELFGLALKQ ALGKDIEAIY VEG-LDATLP
SLEKO	LHDLVRTDPN EAVNLRKSFQ SELFGLALKQ ALGKDIEAIY VEG-LDATLP
MdEKO	LHAHVKNsPO EAINFRKIFE SELFGLSLKO AIGKNIEDGI YVEELGTTLS
PbEKO	LHAHVKKSPQ EAINFRKIFE SELFGLSLKQ AIGKNIEDGI YVEELGTTLS
JcEKO	FHAHLKSYPE QAVNFREVFE SELFGVSLKE AFGEDVQSVY VDD-LRTTTL
PeEKO	LLDHIKTNPQ QAVEFREIFE SELFGLSMKE ALGKDITESLY VDE-LQATLS
Consistency	77548654*5 8*987*86*8 *****8879*8 87*7888757 7550*46**5

	 260..... 270..... 280..... 290..... 300
InEKO1	REKMLKYLVS DLMEGAIDVD WRDFFPYLSW IPNPSFDKRI KQIQYNRDAV
SiEKO	RQEIFKILVI DPMEGAIDVD WRDFFPYLKW IPNKSFENKI QQMhFHRQAV
SdEKO	RNEIFKILVL DPREGAIDVD WRDFFPYLKW IPNKSFENKI RKMYVQRQAV
NsEKO	REDVLKTLVL DIMEGAIDVD WRDFFPYLKW VPNKSFENRI QRKHLRREAV
NtEKO	REDVLKTLVL DIMEGAIDVD WRDFFPYLKW VPNKSFENRI QRKHLRREAV
StEKO	REELLNILVL TIMEGAIDVD WRDFFPYLKW VPNKSFENRI QRKHLRREAV
SLEKO	REDLLNILVL DIMEGAIDVD WRDFFPYLKW VPNKSFENRI QRKHLRREAV
MdEKO	RDEIFKVLVL DIMEGAIEVD WRDFFPYLRW VPNKTIENKI QRLYHRRKAV
PbEKO	RDDIFKVLVL DIMEGAIEVD WRDFFPYLRW VPNKTIENKI QRLYHRRKAV
JcEKO	REEIFEILVL DPMQGAIDVD WRDFFPYLRW IPNTNWETKL QKMHLRRQAV
PeEKO	REEIFNVLVL DPMEGAIDVD WRDFFPYLRW IPNKGfEMKI ERMNFRRQSV
Consistency	*778666**8 8589***8** *****7* 9**7779589 765647*69*

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

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

	410	420	430	440	450
InEKO1	IFHETLRKHG	PVPIVPLRYV	HEDIELGGY	IPKGTEIAVN	IHACNMEKGV
SiEKO	IFHETLRKHS	PVPIVPLRYV	HEDAQLGGYN	IPEGTEIAIN	IYGCNMDQRV
SdEKO	VFHETLRKHS	PVPIVPLRHV	EEDVQLGGYD	IPQGSEIAIN	IYGCNMEPTV
NsEKO	VFHETLRKHS	PVPIVPLRYV	HEDTQLGGYH	VPKGAEIAIN	IYGCNRDNRM
NtEKO	VFHETLRKHS	PVPIVPLRYV	HEDTQLGGYH	IPKGAEIAIN	IYGCNRDKKV
StEKO	VFHETLRKYS	PVPIVPLRYV	HEDTQVGGY	IPKGTEIAIN	IYGCNRDKNV
SlEKO	VFHETLRKYS	PAPIVPLRYV	HEDTQVGGYR	IPKGTEIAIN	IYGCNRDKNV
MdEKO	VFHETLRKHS	PAPIVPLRYV	HEDTQLGGY	VPAGTEIAIN	IYGCNMDKNQ
PbEKO	VFHETLRKHS	PAPIVPLRYV	HEDTQLGGY	VSAGTEIAIN	IYGCNMDKNQ
JcEKO	VFHETIRKYS	PAPVIPLRYV	HEDTELGGY	IPAGSEIAIN	IYGCNMDKKH
PeEKO	VFHETIRKYS	PAPIIPLRYA	HEDTQIGGY	VPAGSEIAIN	IYGCNMDKKR
Consistency	9***9**78	*7*99***99	8**788***5	985*7***9*	*98**68754

	460	470	480	490	500
InEKO1	WESPTTEWKPE	RFLEPRYEQN	DLFKTMAFGA	GKRVCAAGALQ	AMTIFCLTIA
SiEKO	WESPDEWKPE	RFLNAKDNTA	ELHKTMAFGS	GKRACMGALQ	AMLISCVAIG
SdEKO	WETPEDWIPE	RFLNDKDETL	ELHKTMAFGG	GKRACAGALQ	AMLISCVAIG
NsEKO	WESPEEWKPE	RFLDGKYDPM	ELQKTMAFGG	GKRVCAAGALQ	AMTITCTTIA
NtEKO	WESPEEWKPE	RFLDGKYDPV	ELQKTMAFGG	GKRVCAAGALQ	AMTITCTTIA
StEKO	WESPEEWKPE	RFLNGKYDPM	ELQKTMAFGA	GKRVCAAGAQ	AMTISCTAIA
SLEKO	WESPEEWKPE	RFLNGKYDPM	ELQKTMAFGA	GKRVCAAGAQ	AMTISCTAIA
MdEKO	WESPEEWKPE	RFLEPKYDPI	DLYKTMAFGA	GKRVCAAGSLQ	AMLIACCTIG
PbEKO	WESPEEWKPE	RFLEPKYDPM	DLYKTMAFGA	GKRVCAAGSFQ	AMLIACCTIG
JcEKO	WENPEEWKPE	RFLNGKYDLA	ELHKTMAFGA	GKRACAGALQ	ASLIGSTSIG
PeEKO	WENPEEWKPE	RFLDGKYDPM	DLHKTMAFGA	GKRSCAGALQ	ASLIASATIG
Consistency	*7*8*9**	***6597755	8*5*****7	***6*8*86*	*76*5766*6

	510	520	530	540
InEKO1	RMVQEFEWRL	TGSEENVAT	VGLTAYKLHP	LMANIKPRN--
SiEKO	RFVQEFEWRL	KEGEESNVDT	LGLTTHKLHP	LFTIHKPRN--
SdEKO	RLVQEFEWRL	NDGEEDNVDT	LGITTHKLHP	MLAILKPRS--
NsEKO	RLIQEFEWSL	KDGEQENVAT	MGLTTHKLHP	MQANIKPRK--
NtEKO	RLIQEFEWSL	KDGEENVAT	MGLTTHKLHP	MQAHIKPRK--
StEKO	RLIQEFEWSL	KEGEENVAT	IGLTTHKLHP	MLAHIKPRN--
SLEKO	RLIQEFEWSL	KEGEEKNVAT	MGLTTHKLHP	MLAHIKPRN--
MdEKO	RLVQEFEWNL	RDGEENVDT	VGLTTHKLHP	MHAILKPRN--
PbEKO	RLVQEFEWKL	RDGEENVDT	VGLTTHKLHP	MHAILKPRN--
JcEKO	RLVQDFEWRL	QDGEENVDT	VGLTTRKLQP	LHATIKPRKT I
PeEKO	RVAQEFEWRL	IDGEGENVDT	VGLTTRKLQP	LHVMIKTRN V
Consistency	*78*9***6*	578*87**5*	7*9*97**7*	84838*8*60 0

Fig. 4 Suppl. The comparison between InEKO1 and similar proteins from other plant species. The colour scheme of the alignment is for amino acid conservation (*PRALINE*). The scoring scheme works from 0 up to 10 for the least and the most conserved alignment position, respectively. In - *Ipomoea nil* (GenPept acc. No. ADT64304); Si - *Sesamum indicum* (XP_011083784); Sd - *Scoparia dulcis* (ALI30656); Ns - *Nicotiana sylvestris* (XP_009781391); Nt - *Nicotiana tomentosiformis* (XP_009592896); St - *Solanum tuberosum* (XP_006354940); Sl - *Solanum lycopersicum* (XP_004238197); Md - *Malus domestica* (XP_0110878479); Pb - *Pyrus bretschneideri* (XP_009364103); Jc - *Jatropha curcas* (NP_001292955); Pe - *Populus euphratica* (XP_011017256).