

A TaMYB

TraesCS4D02G319800.1	MGRRAWSAKEGVKRGAWTSKEDETLASVYKAHGEGRWKQVPLKAGLRRCGKSCRLRWLNY 60
TraesCS4D02G319700.1	MGRRACSANEGVKRGAWTSKEDDTLASVYKAHGEGRWKEVPLKAGLQRCGKSCRLRWLNY 60
TraesCS4B02G323300.1	MGMRTCSAKEGVKRGAWTSKEDQTLASYIKAHGEGRWKEVPLKAGLRRCGKSCRLRWLNY 60
TraesCS5A02G495500.1	-MRRACSAKEGVKRGAWTSKEDETLASYIKAHGEGRWKEVPLKAGLRRCGKSCRLRWLNY 59
TraesCS4D02G319800.1	LRPSIKRGNISDDEEELIVRLHRLLGNRWSLIAGRLPGRTDNEIKNYWNSTLGRKALPER 120
TraesCS4D02G319700.1	LRPSIKRGNISDDEEELIIRLHRLLGNRWSLIAGRLPGRTDNEIKNYWNSTLGRKVLPAR 120
TraesCS4B02G323300.1	LRPSIKRGNISDDDEELIVRLHRLLGNRWSLIAGRLPGRTDNEIKNYWNSTLGRKALPAR 120
TraesCS5A02G495500.1	LRPSIKRGNISDDEEELIVRLHRLLGNRWSLIAGRLPGRTDNEIKNYWNSTLGRKALPER 119
TraesCS4D02G319800.1	SA-TRMVSTPCASPGSV-----SSNSGAATSSNAATPPLSAAVWAPKPVRCCTGGL 169
TraesCS4D02G319700.1	LDTTTRMVASPGASAGSGSSTGAATSALSSNCGAGTSAKAAAPPLSIWVWAPKPVRCCTGGL 180
TraesCS4B02G323300.1	LDTTTRTVATPCPSASSGSSTGASTAWLSSNCGDGTSAKAAGLLSSASVWVPKPVRCCTGGL 180
TraesCS5A02G495500.1	AA-TRVVATPCASASSGSSTGASTAGLSSNCGAGTSAKAAGLLSSASVWVPKPVRCCTGGL 178
TraesCS4D02G319800.1	FFHGD-----ARAVGGDGDCEGSSSLVASSGGGDWMDVRLASFLESDDDW--VN 218
TraesCS4D02G319700.1	FFGRDAPP-PPVTETRAVGGDGDCEGSSSLGASSGGGDWMDVRLASSFLESDW--VN 237
TraesCS4B02G323300.1	FLSRDAPP-PPVME TRAVGGDADECSGSSSLVASSGGGDWMDVRLASFLESDW--VN 239
TraesCS5A02G495500.1	FLSGDAPLPAPVTQTRAVGGDGDCEGSSSLAASSGGGDWMDVRLASFLESDW--VN 236
TraesCS4D02G319800.1	SLQMAG 224
TraesCS4D02G319700.1	SLQMAD 243
TraesCS4B02G323300.1	SLQMAY 245
TraesCS5A02G495500.1	SLHMAD 242

B TaWD40

TraesCS6A02G259400.1	MDQPKPTPSAAASPAGADAAPNPYAFTCELPQSIYALAFSPSAPVLAAGSFLEDLHNRSV 60
TraesCS6B02G286700.1	MDQPKPTPSAAASPAGADAAPNPYAFTCELPHSIYALAFSPSAPVLAAGSFLEDLHNRSV 60
TraesCS6A02G259400.1	LLCFDSVHPTAASFRAVPSLSFDHPYPPTKLQFNPRAASTPLLASSSDALRLWHAPLDDL 120
TraesCS6B02G286700.1	LLCFDSVHPTAASFRAVPSLSFDHPYPPTKLQFNPRAASTPLLASSSDALRLWHAPLDDL 120
TraesCS6A02G259400.1	SASAPAPELRSVLDNRKASASEFCAPLTSFDWNEIEPRRIGTASIDTTCTVWDIERGVVE 180
TraesCS6B02G286700.1	SASAPAPELRSVLDNRKASASDFCAPLTSFDWNEIEPRRIGTASIDTTCTVWDIERGVVE 180
TraesCS6A02G259400.1	TQLIAHDKAVHDIWGEAGVFASVSADGSRVFDLRDKEHSTIVYESPRPDTPLRLAWN 240
TraesCS6B02G286700.1	TQLIAHDKAVHDIWGEAGVFASVSADGSRVFDLRDKEHSTIVYESPRPDTPLRLAWN 240
TraesCS6A02G259400.1	RYDLRYMAALLMDSNAVVVLDIRAPGVPVAELHRHGGCVNAVAWAPQAARHLCSAGDDGQ 300
TraesCS6B02G286700.1	RYDLRYMAALLMDSNAVVVLDIRAPGVPVAELHRHGGCVNAVAWAPQAARHLCSAGDDGQ 300
TraesCS6A02G259400.1	ALIWELPEAPAAVPEGIDPVLVYDAGAEINQLQWVAGHPDWMGISIENKVQLLRV 356
TraesCS6B02G286700.1	ALIWELPEAPAAVPEGIDPVLVYDAGAEINQLQWVAGHPDWMGISIENKVQLLRV 356

Fig. S6. Amino acid sequence alignment of each copy of TaMYB and TaWD40. A. amino acid sequence alignment of four copies of TaMYB (*TraesCS4D02G319800.1*, *TraesCS4D02G319700.1*, *TraesCS4B02G323300.1*, *TraesCD5A02G495500.1*). B. Amino acid sequence alignment of two copies of TaWD40 (*TraesCS6A02G259400.1*, *TraesCS6B02G286700.1*).