

1 ***Supporting information for***

2 **Regulation Network of Sucrose Metabolism in Response to Trivalent and**
3 **Hexavalent Chromium in *Oryza sativa***

4

5 Yu-Xi Feng[†], Xiao-Zhang Yu^{†, *}, Ce-Hui Mo^{‡, *}, Chun-Jiao Lu[†]

6

7 [†] College of Environmental Science & Engineering, Guilin University of Technology, Guilin

8 541004, People's Republic of China

9 [‡] Guangdong Provincial Research Center for Environment Pollution Control and Remediation

10 Materials, College of Life Science and Technology, Jinan University, Guangzhou 510632,

11 People's Republic of China

12

13 ***Corresponding author**

14 Xiao-Zhang Yu. Phone: +86 7735897016. E-mail: xzyu@glut.edu.cn

15 Ce-Hui Mo. Phone: +86 2085223405. E-mail: tchmo@jnu.edu.cn

16 **Table S1** Sequence of forward and reverse primers used in gene expression analysis of this study

Enzyme	Locus identifier	Primer sequences (5'-3')	Amplicon size (bp)
glyceraldehyde-3-phosph ate dehydrogenase	LOC_Os08g03290.1	F-GACAGCAGGTCGAGCATCTTC R-CAGGCAGACAAGCTTGACAAAG	74
Cytosolic fructose-1,6-bisphosphat ase	LOC_Os01g64660.4 LOC_Os04g16680.1	F-TCAGTGAATGAAGGGAAATGC R-ATCTGGTAGGAACGAGGTC F-ATGCCCTCGCACTACTTAC R-AACCGTAGGCCACTTGAGTC	302 444
UDP-glucose pyrophosphorylase	LOC_Os05g36270.2 LOC_Os04g52370.1	F-TGCTTGCTGCTGGCTACT R-GTTTCCGTTGGGCTCT F-GTTGTTAGGAAGGCTTACCC R-CCTCAAAAAGTGCTGTGGAT	348 340
Sucrose phosphate synth ase	LOC_Os06g43630.1	F-CTCAACGAGACGAAGAA R-TTAGAACCAAAGGGACA F-AGAAGGAGTTGGAGAAGGAGG R-TGTGTTCCCAGTTGTGCTGT	193 173
Invertase	LOC_Os01g22900.1	F-CTTCCTCCTCACACCCT R-CCCATCCTCCTGTCTATC	378
	LOC_Os03g20020.1	F-TTCTGCTTGCCTGTGC R-CCAGGGCGTGTAGG	490
	LOC_Os04g33490.1	F-GCAGTCTCGGCTTTTC R-TTCCTCATCCTCGTTGT	109
	LOC_Os04g35280.1	F-GTTCGTGAGGGATTCTGTGC R-AGCTTGAACCTGTCGATCCG	129
	LOC_Os11g07440.3	F-ACCTCCCCAACTCTGCT R-TCCTCCCTCACCATC	149
	LOC_Os02g33110.3	F-GCCCAGACTTCTTCGTT R-TGTTGTAGATGCCACCGT	135
	LOC_Os04g33740.1	F-TAGTAGGGTCGCTTGG	238

		R-CTGGTAGAACAGATGG	
Sucrose synthetase	LOC_Os03g22120.1	F-GGATGACAGATCAAAACC	348
		R-ACAAACAGTGAGACCGAAT	
	LOC_Os06g09450.8	F-CCAGGGAAAGGGAATGCT	386
		R-TGGACGACAGGTGACGGT	
	LOC_Os07g42490.1	F-TGGATGGAAGCACCCAGAAC	385
		R-ATAGTCTCACGCACTCGCTG	
	LOC_Os02g58480.1	F-GAGGTTTCGGGTTCCATA	311
		R-GGTTGTTCGCCCAGTGTG	
	LOC_Os03g28330.4	F-AGGCATTCTGGTCTCACT	181
		R-GGGTCTCCTGGCACTT	
Amylase	LOC_Os03g04770.1	F-CCGAAATGGGTGTTGGAGGA	463
		R-CACCGTAGGGAGTGTCCAC	
	LOC_Os08g36910.2	F-GCTACGCCCTACATCCTC	115
		R-CCGTTCCCTCTCCCTGAT	
	LOC_Os10g32810.1	F-GGGTGGTGGAGGAGAT	210
		R-TGCCGACTTGGATTC	
	LOC_Os10g41550.1	F-GTGGAGGGGGTGATGG	380
		R-ATGGTGTGCCCCGAGGT	
Aldolase	LOC_Os07g42960.2	F-CGAACAAGGAGACAGGTA	436
		R-GACAGCACGGATAAGATG	
	LOC_Os08g02700.1	F- CGGCGTGGAGAATGTC	124
		R- GCGGGTGCTCTGGTAG	

17

18

19

20

21

23 **Table S2** Up- and down-regulation of sucrose metabolism related enzymes genes in rice seedlings

		○ no changes ● down-regulation			Cr(VI)-Root			Cr(III)-Root			Cr(VI)-Shoot			Cr(III)-Shoot				
		● up-regulation × Flases			CK	EC ₅₀	EC ₇₅	CK	EC ₅₀	EC ₇₅	CK	EC ₅₀	EC ₇₅	CK	EC ₅₀	EC ₇₅		
1	triosephosphate isomerase	1	LOC_Os01g05490.1	○	●	●	○	○	○	○	○	×	○	○	○	○	○	
		2	LOC_Os01g62420.4	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	
		3	LOC_Os09g36450.2	○	○	○	○	○	○	○	○	×	●	○	○	○	○	
2	aldolase	4	LOC_Os01g02880.1	○	○	○	○	○	●	●	○	○	○	○	○	○	○	○
		5	LOC_Os01g67860.1	○	○	●	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○
		6	LOC_Os03g27230.1	○	○	○	○	●	●	●	○	●	●	○	○	●	●	●
		7	LOC_Os04g43650.1	○	○	●	●	●	●	●	○	●	●	●	○	○	○	○
		8	LOC_Os05g33380.1	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	●	○	○	○	○
		9	LOC_Os06g06100.1	●	●	×	●	×	○	×	○	×	×	×	×	×	×	×
		10	LOC_Os06g40640.4	○	○	○	○	○	○	○	○	○	×	○	○	○	○	○
		11	LOC_Os07g12160.1	○	○	○	○	○	○	○	○	○	×	●	○	○	○	○
		12	LOC_Os07g42960.2	●	●	●	●	●	●	●	○	○	○	○	○	○	○	○
		13	LOC_Os08g02700.1	●	●	●	●	●	●	●	○	×	○	○	○	○	○	○
		14	LOC_Os08g37790.1	○	●	●	○	○	○	○	○	○	×	○	○	○	○	○
		15	LOC_Os08g44210.1	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○
		16	LOC_Os09g36030.1	○	○	○	●	●	●	●	○	×	●	○	○	○	○	○
		17	LOC_Os09g38759.1	○	○	○	○	○	○	○	○	○	×	○	○	○	○	○
		18	LOC_Os10g08022.1	○	○	○	○	○	○	○	○	○	×	○	○	○	○	○
		19	LOC_Os10g41480.1	○	○	×	○	●	●	●	○	●	●	○	●	●	●	●
		20	LOC_Os11g07020.4	○	○	●	●	●	●	●	○	○	○	○	○	○	○	○
		21	LOC_Os12g10784.2	○	○	○	○	○	○	○	○	○	×	○	○	○	○	○
3	cytosolic fructose-1,6-bis	22	LOC_Os01g64660.4	○	○	●	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○
		23	LOC_Os03g16050.1	×	●	●	×	●	●	●	○	×	○	○	○	○	○	○

	phosphatase	24	LOC_Os04g16680.1	●	●	●	●	●	●	○	○	○	○	○	○
		25	LOC_Os05g36270.2	○	●	●	●	●	●	●	○	○	○	○	○
		26	LOC_Os06g45370.1	○	○	○	○	○	○	○	○	×	●	○	○
4/1 1	UDP-glucose pyrophosphoryl ase	27	LOC_Os01g15910.1	×	×	×	×	×	×	●	×	×	×	×	×
		28	LOC_Os02g02560.1	○	●	●	○	●	●	○	×	●	○	○	○
		29	LOC_Os04g52370.1	○	○	●	●	●	●	○	○	○	○	○	○
		30	LOC_Os06g48760.2	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○
		31	LOC_Os08g10600.2	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○
		32	LOC_Os09g38030.2	○	●	●	●	●	●	○	○	○	○	○	○
5	sucrose phosphate synthase	33	LOC_Os01g69030.1	×	×	×	×	×	×	○	○	○	○	○	○
		34	LOC_Os02g09170.1	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○
		35	LOC_Os06g43630.1	●	●	●	●	●	●	○	○	○	○	○	○
		36	LOC_Os08g20660.2	○	○	○	○	○	○	○	○	×	○	○	○
		37	LOC_Os11g12810.1	○	○	○	○	○	○	○	○	×	○	○	○
6	sucrose-6-phos phate phosphatase	38	LOC_Os02g05030.1	○	○	○	○	○	○	○	○	×	○	○	○
		39	LOC_Os05g05270.1	○	○	○	○	○	○	○	●	×	●	○	○
		40	LOC_Os01g27880.1	○	○	○	○	○	○	○	○	×	●	○	○
7	invertase	41	LOC_Os01g22900.1	○	○	●	○	●	●	○	●	●	○	○	○
		42	LOC_Os02g32730.1	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○
		43	LOC_Os02g34560.2	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○
		44	LOC_Os03g20020.1	○	●	●	○	○	○	○	○	○	○	○	○
		45	LOC_Os04g33490.1	○	○	○	●	●	●	○	●	●	●	●	●
		46	LOC_Os04g35280.1	○	○	●	○	○	○	○	○	○	○	○	○
		47	LOC_Os11g07440.3	○	○	●	○	●	●	○	○	○	○	○	○
		48	LOC_Os04g33740.1	○	●	●	●	●	●	●	●	×	×	●	×
		49	LOC_Os04g33720.1	×	×	●	×	●	●	×	●	●	●	●	●
		50	LOC_Os02g33110.3	●	●	●	●	●	●	●	○	○	○	○	○

8	Fructosyl transferase	51	LOC_Os02g01590.2	○	●	●	○	○	○	●	●	●	●	●
9	hexokinase	52	LOC_Os01g09460.1	○	○	○	○	○	○	○	●	●	○	○
		53	LOC_Os01g52450.1	○	○	●	○	○	○	○	×	×	×	×
		54	LOC_Os01g53930.1	○	○	●	●	●	●	○	○	●	○	○
		55	LOC_Os01g71320.1	○	○	○	○	○	○	○	○	●	○	○
		56	LOC_Os05g09500.1	○	○	●	○	○	○	○	○	○	○	○
		57	LOC_Os05g31110.1	✗	✗	✗	✗	✗	✗	✗	✗	✗	✗	✗
		58	LOC_Os05g44760.1	○	○	●	○	○	○	○	○	●	○	○
		59	LOC_Os05g45590.1	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○
		60	LOC_Os07g09890.1	○	○	●	●	●	●	○	○	○	○	○
		61	LOC_Os07g26540.1	○	○	○	○	○	○	○	✗	✗	○	✗
10	Fructokinase	62	LOC_Os10g26570.1	○	○	○	●	●	●	○	○	○	○	○
		63	LOC_Os09g30240.1	✗	✗	✗	✗	✗	✗	✗	✗	✗	✗	●
		64	LOC_Os09g24910.1	○	○	●	○	○	○	○	○	○	○	○
		65	LOC_Os06g05860.1	○	●	●	○	○	○	○	○	○	○	○
		66	LOC_Os05g44922.1	○	○	○	○	○	○	○	●	●	○	○
		67	LOC_Os05g10650.1	●	●	●	●	●	●	●	○	●	○	●
		68	LOC_Os04g39420.1	○	○	○	○	○	○	○	●	●	○	○
		69	LOC_Os01g53680.1	○	○	○	○	○	○	○	●	●	○	○
		70	LOC_Os01g09570.1	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○
12	phosphoglucos eisomerase	71	LOC_Os03g56460.3	○	○	●	○	○	○	○	○	○	○	○
		72	LOC_Os06g14510.1	○	○	○	○	○	○	○	✗	○	○	○
		73	LOC_Os08g37380.1	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○
		74	LOC_Os09g29070.1	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○
13	glucophosphom utase	75	LOC_Os03g50480.2	○	○	●	○	○	○	○	○	○	○	○
		76	LOC_Os07g26610.2	○	●	●	○	○	○	○	✗	○	○	○
		77	LOC_Os10g11140.1	○	○	○	○	○	○	○	●	○	○	○

		78	LOC_Os06g28194.3	×	×	×	×	×	×	○	○	○	○	○	●
14	ADP-glucose pyrophosphoryl ase	79	LOC_Os09g12660.2	○	●	●	○	○	○	○	●	●	○	○	●
		80	LOC_Os08g25734.2	○	○	○	●	●	●	○	×	●	○	○	○
		81	LOC_Os07g13980.1	○	●	×	●	×	●	×	×	×	×	●	×
		82	LOC_Os05g50380.2	○	●	●	○	○	○	○	●	●	○	○	●
		83	LOC_Os03g52460.1	○	○	×	●	×	●	○	×	○	○	○	○
		84	LOC_Os01g44220.4	●	●	×	●	●	●	○	○	○	○	○	○
15	amylosynthase	85	LOC_Os01g52250.2	○	●	●	●	●	●	○	×	●	●	●	●
		86	LOC_Os02g51070.1	○	●	●	●	●	●	○	○	○	○	○	○
		87	LOC_Os05g45720.2	○	●	●	●	●	●	○	○	○	○	○	○
		88	LOC_Os06g06560.1	●	●	●	○	●	●	●	●	●	●	●	●
		89	LOC_Os07g22930.2	○	●	●	●	●	●	●	●	●	○	○	●
		90	LOC_Os08g09230.1	○	○	○	○	○	○	●	●	●	○	○	○
		91	LOC_Os10g30156.1	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○
		92	LOC_Os04g53310.1	○	○	○	○	○	●	○	○	○	○	○	○
		93	LOC_Os06g12450.1	○	×	×	×	×	×	●	●	●	●	×	×
16	amylase	94	LOC_Os01g13550.1	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○
		95	LOC_Os01g25510.1	○	●	×	○	×	●	×	×	×	×	×	×
		96	LOC_Os01g51754.2	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○
		97	LOC_Os02g52710.1	○	○	×	○	×	●	●	×	×	×	×	×
		98	LOC_Os02g52700.1	×	●	×	○	×	×	×	×	×	×	×	×
		99	LOC_Os03g04770.1	●	●	●	○	○	○	○	○	○	○	○	●
		100	LOC_Os03g22790.1	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○
		101	LOC_Os06g49970.2	●	●	●	○	○	○	○	●	●	○	×	○
		102	LOC_Os07g35880.1	○	○	×	○	×	×	●	●	●	○	○	○
		103	LOC_Os07g35940.1	○	●	×	×	×	○	●	●	●	●	×	○
		104	LOC_Os07g47120.1	×	×	●	×	×	×	×	×	×	×	×	×

		105	LOC_Os08g36900.1	●	●	×	○	×	●	×	×	×	○	○	×
		106	LOC_Os08g36910.2	●	●	●	●	●	●	×	●	●	●	●	×
		107	LOC_Os08g40930.1	○	●	●	○	○	○	×	○	○	○	○	○
		108	LOC_Os09g28400.1	×	×	×	×	×	×	×	×	×	×	×	×
		109	LOC_Os09g28420.1	×	×	×	×	×	×	×	×	×	×	×	×
		110	LOC_Os09g39570.1	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○
		111	LOC_Os10g32810.1	○	○	●	○	●	●	○	●	●	○	○	●
		112	LOC_Os10g41550.1	○	○	●	○	○	○	○	○	○	○	○	○
17	sucrose synthetase	113	LOC_Os03g22120.1	○	●	●	●	●	●	○	○	●	○	○	○
		114	LOC_Os04g17650.1	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○
		115	LOC_Os04g24430.1	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○
		116	LOC_Os06g09450.8	○	●	●	○	●	●	○	●	●	○	○	○
		117	LOC_Os07g42490.1	○	●	●	○	●	●	○	○	○	○	×	×
		118	LOC_Os02g58480.1	○	○	●	○	○	○	○	○	○	○	○	○
		119	LOC_Os03g28330.4	○	●	●	○	●	●	○	●	●	×	○	○

24

25

26

27

28

29

30

31

32

33

34

35 **Table S3** The ratios of sucrose content in shoots to roots.

Cr(III) treatment (mg/L)	Ratios (Cr(III))	Cr(VI) treatment (mg/L)	Ratios (Cr(VI))
0.0	150.98	0.0	150.98
12.0	196.21	2.0	163.80
24.0	263.10	8.0	193.76
40.0	312.47	16.0	212.53

36

37

38

39

40

41

42

43

44

45

46

47

48

49

50

51

52

53

54 **Table S4** Statistics of up- and down-regulation of sucrose metabolism related enzymes genes in rice
 55 seedlings

	Cr(VI)-Root			Cr(III)-Root			Cr(VI)-Shoot			Cr(III)-Shoot		
	EC ₂₀	EC ₅₀	EC ₇₅	EC ₂₀	EC ₅₀	EC ₇₅	EC ₂₀	EC ₅₀	EC ₇₅	EC ₂₀	EC ₅₀	EC ₇₅
Up-regulated gene	9	20	29	11	17	19	10	21	27	4	4	9
Down-regulated gene	4	19	24	17	21	24	1	2	12	2	2	6

56

57

58