

Supplemental materials

Figure legends

Figure S1. Comparison of oleic acid (C18:1) and linoleic acid (C18:2) levels among seven accessions.

The blue bar and red bar represents oleic acid level and linoleic acid level, respectively. There is a significant difference in the fatty acid level among accessions if the letters (lower case letter for oleic acid and upper case letter for linoleic acid) are different for the same color bars.

Figure S2. DNA sequence alignment in the FAD2 gene coding region among accessions. Polymorphism was indentified in the position marked with the symbol of star.

Figure S3. Amino acid sequence alignment for the FAD2 among accessions.

Figure S1

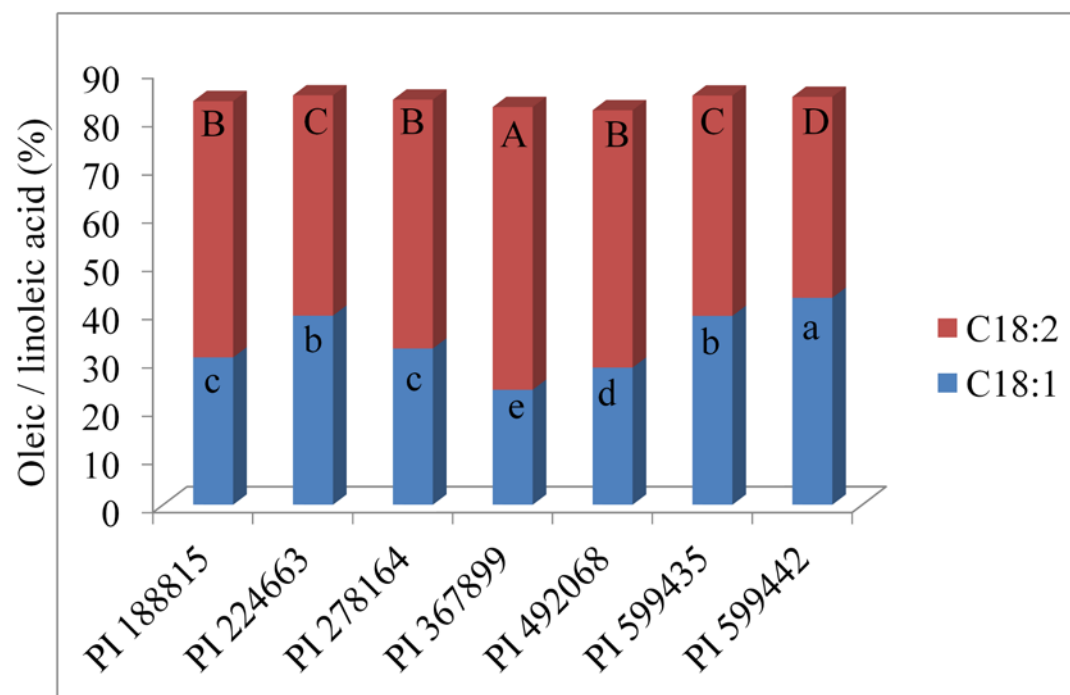


Figure S2

(2)224663	0001	ATGGGAGCCGGAGGACGCATGTCTGATCCAACAACGAAAGACGAACAAAAGAAGAACCCCTCCAACG
(4)278164	0001	ATGGGAGCCGGAGGACGCATGTCTGATCCAACAACGAAAGACGAACAAAAGAAGAACCCCTCCAACG
(7)599435	0001	ATGGGAGCCGGAGGACGCATGTCTGATCCAACAACGAAAGACGAACAAAAGAAGAACCCCTCCAACG
(8)599442	0001	ATGGGAGCCGGAGGACGCATGTCTGATCCAACAACGAAAGACGAACAAAAGAAGAACCCCTCCAACG
(1)188815	0001	ATGGGAGCCGGAGGACGCATGTCTGATCCGACAACGAAAGACGAACAAAAGAAGAACCCCTCCAACG
(5)367899	0001	ATGGGAGCCGGAGGGCGCATGTCTGATCCAACAGCCAAAGACGAACAAAAGAAGAACCCCTCCAACG
(6)490268	0001	ATGGGAGCTGGAGGACGCATGTCTGATCCAACAACCAAGACGAACAAAAGAAGAACCCCTCCATCG
		-----*-----*-----*-----*-----*-----*-----
(2)224663	0069	GGTGCCTTACGCAAAGCCTCCATTCACTCGGTGACATCAAGAAGGCCATTCCACCACACTGCTTCG
(4)278164	0069	GGTGCCTTACGCAAAGCCTCCATTCACTCGGTGACATCAAGAAGGCCATTCCACCACACTGCTTCG
(7)599435	0069	GGTGCCTTACGCAAAGCCTCCATTCACTCGGTGACATCAAGAAGGCCATTCCACCACACTGCTTCG
(8)599442	0069	GGTGCCTTACGCAAAGCCTCCATTCACTCGGTGACATCAAGAAGGCCATTCCACCACACTGCTTCG
(1)188815	0069	GGTGCCTTACGCAAAGCCTCCGTTCACTCGGTGACATCAAGAAGGCCATTCCACCACACTGCTTCG
(5)367899	0069	GGTGCCTTACGCAAAGCCTCCGTTCACTTGGTGACATCAAGAAGGCCATTCCACCACACTGCTTCG
(6)490268	0069	GGTGCCTTACGCAAAGCCTCCGTTCACTAGGTGACATCAAGAAGGCCATTCCACCACACTGCTTCG
		-----*-----*-----*-----*-----*-----*-----
(2)224663	0137	AGAGATCCGTCAGCCGTTTCGTTCTCCTATGTCGTTTACGATCTCGTCATTGTTTTCTTCTCTACTAC
(4)278164	0137	AGAGATCCGTCAGCCGTTTCGTTCTCCTATGTCGTTTACGATCTCGTCATTGTTTTCTTCTCTACTAC
(7)599435	0137	AGAGATCCGTCAGCCGTTTCGTTCTCCTATGTCGTTTACGATCTCGTCATTGTTTTCTTCTCTACTAC
(8)599442	0137	AGAGATCCGTCAGCCGTTTCGTTCTCCTATGTCGTTTACGATCTCGTCATTGTTTTCTTCTCTACTAC
(1)188815	0137	AGAGATCCGTCAGCCGTTTCGTTCTCCTATGTCGTTTACGATCTCGTCATTGTTTTCTTCTCTACTAC
(5)367899	0137	AGAGATCCGTCAGCCGTTTCGTTCTCCTATGTCGTTTATGATCTCATCATCGTGTTCCTTCTCTACTAC
(6)490268	0137	AGAGATCTGTGTCAGCCGTTTCGTTCTCCTATGTCGTTTACGATCTCGTCATCGTTTTCTTCTCTACTAC
		-----*-----*-----*-----*-----*-----*-----
(2)224663	0205	ATTGCGACTTCTTACTTCCATCTGCTGCCATCCCATACTGCTACCTAGCTTGGCCATTTACTGGGC
(4)278164	0205	ATTGCGACTTCTTACTTCCATCTGCTGCCATCCCATACTGCTACCTAGCTTGGCCATTTACTGGGC
(7)599435	0205	ATTGCGACTTCTTACTTCCATCTGCTGCCATCCCATACTGCTACCTAGCTTGGCCATTTACTGGGC
(8)599442	0205	ATTGCGACTTCTTACTTCCATCTGCTGCCATCCCATACTGCTACCTAGCTTGGCCATTTACTGGGC
(1)188815	0205	ATTGCGGCTTCTTACTTCCATCTGCTGCCATCCCATACTGCTACCTAGCTTGGCCATTTACTGGGC
(5)367899	0205	ATTGTGACTTCTTACTTCCATCTGCTGCCATCCCCTACTGCTACCTAGCTTGGCCATTTACTGGGC
(6)490268	0205	ATTGCGACTTCTTACATCCATCTGCTGCCATCCCATACTCCTACCTAGCTTGGCCATTTACTGGGC
		-----*-----*-----*-----*-----*-----*-----
(2)224663	0273	TGTACAAGGCTGCGTTTGCACCGGAATCTGGGTCATTGCCCATGAATGTGGCCACCATGCATTACGCG
(4)278164	0273	TGTACAAGGCTGCGTTTGCACCGGAATCTGGGTCATTGCCCATGAATGTGGCCACCATGCATTACGCG
(7)599435	0273	TGTACAAGGCTGCGTTTGCACCGGAATCTGGGTCATTGCCCATGAATGTGGCCACCATGCATTACGCG
(8)599442	0273	TGTACAAGGCTGCGTTTGCACCGGAATCTGGGTCATTGCCCATGAATGTGGCCACCATGCATTACGCG
(1)188815	0273	TGTACAAGGCTGTGTTTGCACCGGAATCTGGGTCATCGCCCATGAATGTGGCCACCATGCATTACGCG
(5)367899	0273	TGTTCAAGGCTGTGTTTGCACCGGAATCTGGGTCATCGCCCATGAATGTGGCCACCATGCGTTACGCG
(6)490268	0273	TTTTCAGGCTGTGTTTGCACCGGAATCTGGGTCATCGCCCATGAATGTGGCCACCATGCATTACGCG
		-----*-----*-----*-----*-----*-----*-----
(2)224663	0341	ATTACCAAGTGGCTTGACGACACAGTTGGCCTCATCCTGCACTCTGCCCTGCTCGTGCCCTATTTCTCA
(4)278164	0341	ATTACCAAGTGGCTTGACGACACAGTTGGCCTCATCCTGCACTCTGCCCTGCTCGTGCCCTATTTCTCA
(7)599435	0341	ATTACCAAGTGGCTTGACGACACAGTTGGCCTCATCCTGCACTCTGCCCTGCTCGTGCCCTATTTCTCA
(8)599442	0341	ATTACCAAGTGGCTTGACGACACAGTTGGCCTCATCCTGCACTCTGCCCTGCTCGTGCCCTATTTCTCA
(1)188815	0341	ATTACCAAGTGGCTTGATGACACAGTTGGCCTCATCCTGCACTCTGCCCTGCTCGTGCCCTATTTCTCA
(5)367899	0341	ATTACCAAGTGGCTTGATGACACAGTTGGCCTCATCCTGCACTCTGCCCTGCTCGTGCCCTATTTCTCT
(6)490268	0341	ATTACCAAGTGGCTTGACGACACGTTGGCCTCATCCTGCACTCTGCCCTGCTCGTGCCCTATTTCTCA
		-----*-----*-----*-----*-----*-----*-----
(2)224663	0409	TGGAATACAGCCACCGCCGCCACCACTCCAACACTGGATCCCTTGAGCGTGACGAAGTCTTCGTCCC
(4)278164	0409	TGGAATACAGCCACCGCCGCCACCACTCCAACACTGGATCCCTTGAGCGTGACGAAGTCTTCGTCCC
(7)599435	0409	TGGAATACAGCCACCGCCGCCACCACTCCAACACTGGATCCCTTGAGCGTGACGAAGTCTTCGTCCC
(8)599442	0409	TGGAATACAGCCACCGCCGCCACCACTCCAACACTGGATCCCTTGAGCGTGACGAAGTCTTCGTCCC
(1)188815	0409	TGGAATACAGCCACCGCCGCCACCACTCCAACACCGGATCCCTTGAGCGTGACGAAGTCTTCGTCCC
(5)367899	0409	TGGAATACAGCCACCGCCGCCACCACTCCAACACCGGATCCCTTGAGCGTGATGAAGTCTTCGTCCC
(6)490268	0409	TGGAATACAGCCACCGCGCTACCACTCCAACACCGGATCCCTTGAGCGTGA1GAAGTCTT2GTCCC
		-----*-----*-----*-----*-----*-----*-----

(2)224663	0477	AAAGCCAAAATCCAGAGTCTCGTGGTACTCCAAATACTTGAACAATCCACTTGGCAGAGTCATCACAC
(4)278164	0477	AAAGCCAAAATCCAGAGTCTCGTGGTACTCCAAATACTTGAACAATCCACTTGGCAGAGTCATCACAC
(7)599435	0477	AAAGCCAAAATCCAGAGTCTCGTGGTACTCCAAATACTTGAACAATCCACTTGGCAGAGTCATCACAC
(8)599442	0477	AAAGCCAAAATCCAGAGTCTCGTGGTACTCCAAATACTTGAACAATCCACTTGGCAGAGTCATCACAC
(1)188815	0477	AAAGCCGAAATCCAGAGTCTCGTGGTACTCCAAATACTTGAACAATCCACTTGGCAGAGTCATCACAC
(5)367899	0477	AAAGCCGAAATCCAGAGTCTCGTGGTACTCCAAATACTTGAACAATCCACTTGGCAGAGTCATCACAC
(6)490268	0477	AAAGCC ³ AAATCCAGAGTCTCGTGGTACTCCAAATACTTGAACAATCCACTTGGCAGAGTCAT ⁴ ACAC -----*-----+-----
(2)224663	0545	TTGTGGTTACTCTTACTCTCGGTTGGCCTCTATACTTGCTGTTTAATGTCTCTGGCAGGCCTTACAAC
(4)278164	0545	TTGTGGTTACTCTTACTCTCGGTTGGCCTCTATACTTGCTGTTTAATGTCTCTGGCAGGCCTTACAAC
(7)599435	0545	TTGTGGTTACTCTTACTCTCGGTTGGCCTCTATACTTGCTGTTTAATGTCTCTGGCAGGCCTTACAAC
(8)599442	0545	TTGTGGTTACTCTTACTCTCGGTTGGCCTCTATACTTGCTGTTTAATGTCTCTGGCAGGCCTTACAAC
(1)188815	0545	TTGTGGTTACTCTTACTCTCGGTTGGCCTCTATACTTGCTGTTTAATGTCTCTGGCAGGCCTTACAAC
(5)367899	0545	TTGTGGTTACTCTTACTCTTGGTTGGCCTCTATACTTGCTGTTTAATGTCTCTGGCAGGCCTTACAAC
(6)490268	0545	TTGTGGTTACTCTTACTCT ⁵ GGTTGGCCTCTATACTTGCTGTTTAATGTCTCTGGCAGGCCTTACAAC -----*-----
(2)224663	0613	CGTTTTGCATGCCACTTTGACCCATATGGTCCAATATATAATGACCGTGAGAGACTTCAAATCTTCAT
(4)278164	0613	CGTTTTGCATGCCACTTTGACCCATATGGTCCAATATATAATGACCGTGAGAGACTTCAAATCTTCAT
(7)599435	0613	CGTTTTGCATGCCACTTTGACCCATATGGTCCAATATATAATGACCGTGAGAGACTTCAAATCTTCAT
(8)599442	0613	CGTTTTGCATGCCACTTTGACCCATATGGTCCAATATATAATGACCGTGAGAGACTTCAAATCTTCAT
(1)188815	0613	CGTTTTGCATGCCACTTTGACCCATATGGTCCAATATATAATGACCGTGAGAGACTTCAAATCTTCAT
(5)367899	0613	CGTTTTGCTTGCCACTTCGACCCGTACGGCCCAATATACAATGACCGTGAGAGACTTCAAATCTTCAT
(6)490268	0613	CGTTTTGCTTGCCACTTCGACCCGTACGGCCCAATATACAATGACCGTGAGAGACTTCAAATCTTCAT -----*-----*-----*-----*-----*-----
(2)224663	0681	CTCCGATGCTGGTATAATTGCTGCTGTATGTGTGCTTTATCGTGTTGCTTTGGTCAAAGGGTTGGCTT
(4)278164	0681	CTCCGATGCTGGTATAATTGCTGCTGTATGTGTGCTTTATCGTGTTGCTTTGGTCAAAGGGTTGGCTT
(7)599435	0681	CTCCGATGCTGGTATAATTGCTGCTGTATGTGTGCTTTATCGTGTTGCTTTGGTCAAAGGGTTGGCTT
(8)599442	0681	CTCCGATGCTGGTATAATTGCTGCTGTATGTGTGCTTTATCGTGTTGCTTTGGTCAAAGGGTTGGCTT
(1)188815	0681	CTCCGATGCTGGTATAATTGCTGCTGTATGTGTGCTTTATCGTGTTGCTTTGGTCAAAGGGTTGGCTT
(5)367899	0681	CTCCGATGCTGGTATAATTGCTGCTGTATGTGTGCTTTATCGTGTTGCTTTGGTCAAAGGGTTGGCTT
(6)490268	0681	CTCCGATGCTGGTATAATTGCTGCTGTATGTGTGCTTTATCGTGTTGCTTTGGTCAAAGGGTTGGCTT -----
(2)224663	0749	GGCTGGTATGTGTTTATGGGGTACCGTTACTCATTGTCAACGGTTTCCTTGTTTTGATCACATTTCCTT
(4)278164	0749	GGCTGGTATGTGTTTATGGGGTACCGTTACTCATTGTCAACGGTTTCCTTGTTTTGATCACATTTCCTT
(7)599435	0749	GGCTGGTATGTGTTTATGGGGTACCGTTACTCATTGTCAACGGTTTCCTTGTTTTGATCACATTTCCTT
(8)599442	0749	GGCTGGTATGTGTTTATGGGGTACCGTTACTCATTGTCAACGGTTTCCTTGTTTTGATCACATTTCCTT
(1)188815	0749	GGCTGGTATGTGTTTATGGGGTACCGTTACTCATTGTCAACGGTTTCCTTGTTTTGATCACATTTCCTT
(5)367899	0749	GGCTCGTATGTGTCTACGGGGTACCGTTACTCATTGTCAACGGTTTCCTTGTTTTGATCACATTTCCTT
(6)490268	0749	GGCTCGTATGTGTCTACGGGGTACCGTTACTCATTGTCAACGGTTTCCTTGTTTTGATCACATTTCCTT ----*-----*-----*-----*-----
(2)224663	0817	CAGCACACTCACCTTCGTTGCCGCACTATGATTCTTCCGAGTGGGACTGGCTAAGGGGAGCTCTTGC
(4)278164	0817	CAGCACACTCACCTTCGTTGCCGCACTATGATTCTTCCGAGTGGGACTGGCTAAGGGGAGCTCTTGC
(7)599435	0817	CAGCACACTCACCTTCGTTGCCGCACTATGATTCTTCCGAGTGGGACTGGCTAAGGGGAGCTCTTGC
(8)599442	0817	CAGCACACTCACCTTCGTTGCCGCACTATGATTCTTCCGAGTGGGACTGGCTAAGGGGAGCTCTTGC
(1)188815	0817	CAGCACACTCACCTTCGTTGCCGCACTATGATTCTTCCGAGTGGGACTGGCTAAGGGGAGCTCTTGC
(5)367899	0817	CAGCACACTCACCTTCATTGCCTCACTATGATTCTTCCGAGTGGGACTGGCTAAGGGGAGCTCTTGC
(6)490268	0817	CAGCACACTCACCTTCATTGCCTCACTATGATTCTTCCGAGTGGGACTGGCTAAGGGGAGCTCTTGC -----*-----*-----
(2)224663	0885	AACTGTGCACAGAGATTATGGGGTGCTAAATAAGGTGTTCCATAACATCACAGATACGCACGTGACTC
(4)278164	0885	AACTGTGCACAGAGATTATGGGGTGCTAAATAAGGTGTTCCATAACATCACAGATACGCACGTGACTC
(7)599435	0885	AACTGTGCACAGAGATTATGGGGTGCTAAATAAGGTGTTCCATAACATCACAGATACGCACGTGACTC
(8)599442	0885	AACTGTGCACAGAGATTATGGGGTGCTAAATAAGGTGTTCCATAACATCACAGATACGCACGTGACTC
(1)188815	0885	AACTGTGCACAGAGATTATGGGGTGCTAAATAAGGTGTTCCATAACATCACAGATACGCACGTGACTC
(5)367899	0885	AACCGTGCACAGAGATTACGGGGTGCTAAATAAGGTGTTCCATAACATCACAGATACGCACGTGGCTC
(6)490268	0885	AACCGTGCACAGAGATTACGGGGTGCTAAATAAGGTGTTCCATAACATCACAGATACGCACGTGGCTC ---*-----*-----*-----

(2)224663	0953	ACCACCTTTTCTCAACGATGCCACATTACCATGCAATGGAGGCAACTAAGGCAATCAAGCCCATACTG
(4)278164	0953	ACCACCTTTTCTCAACGATGCCACATTACCATGCAATGGAGGCAACTAAGGCAATCAAGCCCATACTG
(7)599435	0953	ACCACCTTTTCTCAACGATGCCACATTACCATGCAATGGAGGCAACTAAGGCAATCAAGCCCATACTG
(8)599442	0953	ACCACCTTTTCTCAACGATGCCACATTACCATGCAATGGAGGCAACTAAGGCAATCAAGCCCATACTG
(1)188815	0953	ACCACCTTTTCTCAACAATGCCACATTACCATGCAATGGAGGCAACTAAGGCAATCAAGCCCATACTG
(5)367899	0953	ACCACCTTTTCTCGACGATGCCACATTACCATGCAATGGAGGCAACTAAGGCAATCAAGCCAATACTG
(6)490268	0953	ACCACCTTTTCTCGACGATGCCACATTACCATGCAATGGAGGCAACTAAGGCAATCAAGCCAATACTG

-----*-----*

(2)224663	1021	GGCCAGTATTATCAGTTTGATGGAACCCCGTTTTACAAGGCGATGTGGAGGGAGGCAAAGGAATGTCT
(4)278164	1021	GGCCAGTATTATCAGTTTGATGGAACCCCGTTTTACAAGGCGATGTGGAGGGAGGCAAAGGAATGTCT
(7)599435	1021	GGCCAGTATTATCAGTTTGATGGAACCCCGTTTTACAAGGCGATGTGGAGGGAGGCAAAGGAATGTCT
(8)599442	1021	GGCCAGTATTATCAGTTTGATGGAACCCCGTTTTACAAGGCGATGTGGAGGGAGGCAAAGGAATGTCT
(1)188815	1021	GGCCAGTATTATCAGTTTGATGGAACCCCGTTTTACAAGGCGATGTGGAGGGAGGCAAAGGAATGTCT
(5)367899	1021	GGCCAGTATTATCAGTTTCGATGAAACCCCGTTTTACAAGGCGATGTGGAGGGAGGCAAAGGAATGTCT
(6)490268	1021	GGCCAGTATTATCAGTTTCGATGAAACCCCGTTTTACAAGGCGATGTGGAGGGAGGCAAAGGAATGTCT

-----*-----*

(2)224663	1089	GTATGTCGAGCCAGACGAGAGTACTCCAGACAAGGGTGTATTCTGGTACAAGAACAAGTTCTGA
(4)278164	1089	GTATGTCGAGCCAGACGAGAGTACTCCAGACAAGGGTGTATTCTGGTACAAGAACAAGTTCTGA
(7)599435	1089	GTATGTCGAGCCAGACGAGAGTACTCCAGACAAGGGTGTATTCTGGTACAAGAACAAGTTCTGA
(8)599442	1089	GTATGTCGAGCCAGACGAGAGTACTCCAGACAAGGGTGTATTCTGGTACAAGAACAAGTTCTGA
(1)188815	1089	GTATGTCGAGCCAGACGAGAGTACTCCAGACAAGGGTGTATTCTGGTACAAGAACAAGTTCTGA
(5)367899	1089	GTATGTCGAGCCAGACGAGAGTACTGCAGACAAGGGTGTGTTCTGGTACAAGAACAAGTTCTGA
(6)490268	1089	GTATGTCGAGCCAGACGAGAGTACTGCAGACAAGGGTGTGTTCTGGTACAAGAACAAGTTCTGA

-----*-----*

1 = C or T
2 = C or T
3 = A or G
4 = G or C
5 = C or T

Figure S3

S. indicum R	001	MGAGGRMSDPTTKDEQKKNP	LQR	VPYAKPPFTLGD	IKKAIPPHCFE	RSVSRFSFYVVDL	VIVFLLYY	IATSYFHLLSP	SPYCYLAWPIYWA
S. indicum 2	001	MGAGGRMSDPTTKDEQKKNP	LQR	VPYAKPPFTLGD	IKKAIPPHCFE	RSVSRFSFYVVDL	VIVFLLYY	IATSYFHLLSP	SPYCYLAWPIYWA
S. indicum 4	001	MGAGGRMSDPTTKDEQKKNP	LQR	VPYAKPPFTLGD	IKKAIPPHCFE	RSVSRFSFYVVDL	VIVFLLYY	IATSYFHLLSP	SPYCYLAWPIYWA
S. indicum 7	001	MGAGGRMSDPTTKDEQKKNP	LQR	VPYAKPPFTLGD	IKKAIPPHCFE	RSVSRFSFYVVDL	VIVFLLYY	IATSYFHLLSP	SPYCYLAWPIYWA
S. indicum 8	001	MGAGGRMSDPTTKDEQKKNP	LQR	VPYAKPPFTLGD	IKKAIPPHCFE	RSVSRFSFYVVDL	VIVFLLYY	IATSYFHLLSP	SPYCYLAWPIYWA
S. indicum 1	001	MGAGGRMSDPTTKDEQKKNP	LQR	VPYAKPPFTLGD	IKKAIPPHCFE	RSVSRFSFYVVDL	VIVFLLYY	IAASYFHLLSP	SPYCYLAWPIYWA
S. radiatum 5	001	MGAGGRMSDPTAKDEQKKNP	LQR	VPYAKPPFTLGD	IKKAIPPHCFE	RSVSRFSFYVVDL	IIVFLLYY	IVTSYFHLLSP	SPYCYLAWPIYWA
S. radiatum 6	001	MGAGGRMSDPTTKDEQKKNP	LHR	VPYTKPPFTLGD	IKKAIPPHCFE	RSVSRFSFYVVDL	VIVFLLYY	IATSYTHLLSP	SPYSYLAWPIYWA
G. max 1	001	MGAGGRTDVPPANRKSEVD	PLKR	VPFEKPPFSL	SQIKKVI	PPHCFQ		RSVFRSFSYVVDL	TIAFCLYY
G. max 2	001	MGAGGRTDVPPANRKSEVD	PLKR	VPFEKPPFSL	SQIKKVI	PPHCFQ		RSVLRFSFYVVDL	TIAFCLYY
A. duranensis	001	MGAGGRVT----	KIEAQKKPLSR	VPHSNPPFSV	GQLKKAIPPHCFE	RSLFISFSYVVDL	LIVAYLLFY	IATTFYFHKLP	YPFSLAWPIYWA
A. hypogaea 1	001	MGAGGRVT----	KIEAQKKPLSR	VPHSNPPFSV	GQLKKAIPPHCFE	RSLFISFSYVVDL	LIVAYLLFY	IATTFYFHKLP	YPFSLAWPIYWA
A. hypogaea 2	001	MGAGGRVT----	KIEAQKKPLSR	VPHSNPPFSV	GQLKKAIPPHCFE	RSLFISFSYVVDL	LIVAYLLFY	IATTFYFHKLP	YPFSLAWPIYWA
A. hypogaea 3	001	MGAGGRVT----	KIEAQKKPLSR	VPHSNPPFSV	GQLKKAIPPHCFE	RSLFISFSYVVDL	LIVAYLLFY	IATTFYFHKLP	YPFSLAWPIYWA
A. monticola	001	MGAGGRVT----	KIEAQKKPLSR	VPHSNPPFSV	GQLKKAIPPHCFE	RSLFISFSYVVDL	LIVAYLLFY	IATTFYFHKLP	YPFSLAWPIYWA
A. ipaensis	001	MGAGGRVT----	KIEAQKKPLSR	VPHSNPPFSV	GQLKKAIPPHCFE	RSLFISFSYVVDL	LIVAYLLFY	IATTFYFHKLP	YPFSLAWPIYWA
				H Box 1		H Box 2			
S. indicum R	092	VQGC	VCTGIWVIAHECGHHA	FSD	YQWLDDTVGLILHS	ALLVPYFSW	KYSHRRHHSNTG	SLERDEVFVP	KPKSRVSWYSKYLN
S. indicum 2	092	VQGC	VCTGIWVIAHECGHHA	FSD	YQWLDDTVGLILHS	ALLVPYFSW	KYSHRRHHSNTG	SLERDEVFVP	KPKSRVSWYSKYLN
S. indicum 4	092	VQGC	VCTGIWVIAHECGHHA	FSD	YQWLDDTVGLILHS	ALLVPYFSW	KYSHRRHHSNTG	SLERDEVFVP	KPKSRVSWYSKYLN
S. indicum 7	092	VQGC	VCTGIWVIAHECGHHA	FSD	YQWLDDTVGLILHS	ALLVPYFSW	KYSHRRHHSNTG	SLERDEVFVP	KPKSRVSWYSKYLN
S. indicum 8	092	VQGC	VCTGIWVIAHECGHHA	FSD	YQWLDDTVGLILHS	ALLVPYFSW	KYSHRRHHSNTG	SLERDEVFVP	KPKSRVSWYSKYLN
S. indicum 1	092	VQGC	VCTGIWVIAHECGHHA	FSD	YQWLDDTVGLILHS	ALLVPYFSW	KYSHRRHHSNTG	SLERDEVFVP	KPKSRVSWYSKYLN
S. radiatum 5	092	VQGC	VCTGIWVIAHECGHHA	FSD	YQWLDDTVGLILHS	ALLVPYFSW	KYSHRRHHSNTG	SLERDEVFVP	KPKSRVSWYSKYLN
S. radiatum 6	092	VQGC	VCTGIWVIAHECGHHA	FSD	YQWLDDTVGLILHS	ALLVPYFSW	KYSHRRHHSNTG	SLERDEVFVP	KPKSRVSWYSKYLN
G. max 1	092	VQGC	ILTGWVWIAHECGHHA	FSD	YQLLDDIVGLVLH	SGLLVPYFSW	KYSHRRHHSNTG	SLERDEVFVP	KQKSCIKWYSKYLN
G. max 2	092	VQGC	ILTGWVWIAHECGHHA	FSD	YQLLDDIVGLVLH	SGLLVPYFSW	KYSHRRHHSNTG	SLERDEVFVP	KQKSCIKWYSKYLN
A. duranensis	092	IQGC	ILTGWVWIAHECGHHA	FSK	YQLVDDMVGLTLH	SCLLVPYFSW	KISHRRHHSNTG	SLDRDEVFVP	KPKSKVSWYNKYMN
A. hypogaea 1	092	IQGC	ILTGWVWIAHECGHHA	FSK	YQLVDDMVGLTLH	SCLLVPYFSW	KISHRRHHSNTG	SLDRDEVFVP	KPKSKVSWYNKYMN
A. hypogaea 2	092	IQGC	ILTGWVWIAHECGHHA	FSK	YQLVDDMVGLTLH	SCLLVPYFSW	KISHRRHHSNTG	SLDRDEVFVP	KPKSKVSWYNKYMN
A. hypogaea 3	092	IQGC	ILTGWVWIAHECGHHA	FSK	YQLVDDMVGLTLH	SCLLVPYFSW	KISHRRHHSNTG	SLDRDEVFVP	KPKSKVSWYNKYMN
A. monticola	092	IQGC	ILTGWVWIAHECGHHA	FSK	YQLVDDMVGLTLH	SCLLVPYFSW	KISHRRHHSNTG	SLDRDEVFVP	KPKSKVSWYNKYMN
A. ipaensis	092	IQGC	ILTGWVWIAHECGHHA	FSK	YQLVDDMVGLTLH	SCLLVPYFSW	KISHRRHHSNTG	SLDRDEVFVL	KPKSKVSWYNKYMN

S. indicum R	183	VVTLTLGWPLYLLFNVSGRPYNR	FACHFDPYGPIYNDRERLQIFIS	DAGIIAAVCVLYRVALVKGLAW	LVCVYGVPLLIIVNGFLVLITFL
S. indicum 2	183	VVTLTLGWPLYLLFNVSGRPYNR	FACHFDPYGPIYNDRERLQIFIS	DAGIIAAVCVLYRVALVKGLAW	LVCVYGVPLLIIVNGFLVLITFL
S. indicum 4	183	VVTLTLGWPLYLLFNVSGRPYNR	FACHFDPYGPIYNDRERLQIFIS	DAGIIAAVCVLYRVALVKGLAW	LVCVYGVPLLIIVNGFLVLITFL
S. indicum 7	183	VVTLTLGWPLYLLFNVSGRPYNR	FACHFDPYGPIYNDRERLQIFIS	DAGIIAAVCVLYRVALVKGLAW	LVCVYGVPLLIIVNGFLVLITFL
S. indicum 8	183	VVTLTLGWPLYLLFNVSGRPYNR	FACHFDPYGPIYNDRERLQIFIS	DAGIIAAVCVLYRVALVKGLAW	LVCVYGVPLLIIVNGFLVLITFL
S. indicum 1	183	VVTLTLGWPLYLLFNVSGRPYNR	FACHFDPYGPIYNDRERLQIFIS	DAGIIAAVCVLYRVALVKGLAW	LVCVYGVPLLIIVNGFLVLITFL
S. radiatum 5	183	VVTLTLGWPLYLLFNVSGRPYNR	FACHFDPYGPIYNDRERLQIFIS	DAGIIAAVCVLYRVALVKGLAW	LVCVYGVPLLIIVNGFLVLITFL
S. radiatum 6	183	VVTLTLGWPLYLLFNVSGRPYNR	FACHFDPYGPIYNDRERLQIFIS	DAGIIAAVCVLYRVALVKGLAW	LVCVYGVPLLIIVNGFLVLITFL
G. max 1	183	AVTLTLGWPLYLALNVSGRPYDR	FACHYDPYGPIYSRERLQIYIS	DAGVLAVCYGLFRLAMAKGLAW	VVCVYGVPLLVVNGFLVLITFL
G. max 2	183	AVTLTLGWPLYLALNVSGRPYDR	FACHYDPYGPIYSRERLQIYIS	DAGVLAVVYGLFRLAMAKGLAW	VVCVYGVPLLVVNGFLVLITFL
A. duranensis	183	FITLTLGWPLYLAFNVSGRPYDR	FASHYDPYAPIYSNRERLLIYVS	DSSVFAVTYLLYHIATLKGLGW	VVCVYGVPLLIIVNGFLVTITYL
A. hypogaea 1	183	FITLTLGWPLYLAFNVSGRPYDR	FASHYDPYAPIYSNRERLLIYVS	DSSVFAVTYLLYHIATLKGLGW	VVCVYGVPLLIIVNGFLVTITYL
A. hypogaea 2	183	FITLTLGWPLYLAFNVSGRPYDR	FASHYDPYAPIYSNRERLLIYVS	DSSVFAVTYLLYHIATLKGLGW	VVCVYGVPLLIIVNGFLVTITYL
A. hypogaea 3	183	FITLTLGWPLYLAFNVSGRPYDR	FASHYDPYAPIYSNRERLLIYVS	DSSVFAVTYLLYHIATLKGLGW	VVCVYGVPLLIIVNGFLVTITYL
A. monticola	183	FITLTLGWPLYLAFNVSGRPYDR	FAGHYDPYAPIYSNRERLLIYVS	DSSVFAVTYLLYHIATLKGLGW	VVCVYGVPLLIIVNGFLVTITYL
A. ipaensis	183	FITLTLGWPLYLAFNVSGRPYDR	FASHYDPYAPIYSNRERLLIYVS	DSSVFAVTYLLYHIATLKGLGW	VVCVYGVPLLIIVNGFLVTITYL

H_Box_3

S. indicum R	273	QHTHPSLPHYDSSEWDWLRGALA	TVDRDYGVLNKVFHNITDTHVTH	HLFSTMPHYHAMEATKAIKPIL	GQYYQFDGTPFYKAMWREAKECL
S. indicum 2	273	QHTHPSLPHYDSSEWDWLRGALA	TVDRDYGVLNKVFHNITDTHVTH	HLFSTMPHYHAMEATKAIKPIL	GQYYQFDGTPFYKAMWREAKECL
S. indicum 4	273	QHTHPSLPHYDSSEWDWLRGALA	TVDRDYGVLNKVFHNITDTHVTH	HLFSTMPHYHAMEATKAIKPIL	GQYYQFDGTPFYKAMWREAKECL
S. indicum 7	273	QHTHPSLPHYDSSEWDWLRGALA	TVDRDYGVLNKVFHNITDTHVTH	HLFSTMPHYHAMEATKAIKPIL	GQYYQFDGTPFYKAMWREAKECL
S. indicum 8	273	QHTHPSLPHYDSSEWDWLRGALA	TVDRDYGVLNKVFHNITDTHVTH	HLFSTMPHYHAMEATKAIKPIL	GQYYQFDGTPFYKAMWREAKECL
S. indicum 1	273	QHTHPSLPHYDSSEWDWLRGALA	TVDRDYGVLNKVFHNITDTHVTH	HLFSTMPHYHAMEATKAIKPIL	GQYYQFDGTPFYKAMWREAKECL
S. radiatum 5	273	QHTHPSLPHYDSSEWDWLRGALA	TVDRDYGVLNKVFHNITDTHVAH	HLFSTMPHYHAMEATKAIKPIL	GQYYQFDETPFYKAMWREAKECL
S. radiatum 6	273	QHTHPSLPHYDSSEWDWLRGALA	TVDRDYGVLNKVFHNITDTHVAH	HLFSTMPHYHAMEATKAIKPIL	GQYYQFDETPFYKAMWREAKECL
G. max 1	273	QHTHPALPHYTSSEWDWLRGALA	TVDRDYGILDKVFHNITDTHVAH	ELFSTMPHYHAMEATKAIKPIL	GEYYRFEDETPFVKAMWREARECI
G. max 2	273	QHTHPALPHYTSSEWDWLRGALA	TVDRDYGILNKVFHNITDTHVAH	HLFSTMPHYHAMEATKAIKPIL	GEYYRFEDETPFVKAMWREARECI
A. duranensis	273	QHTHASLPHYDSSEWDWLRGALA	TVDRDYGILNKAFHHITDTHVAH	HLFSTMPHYHAMEATNAIKPIL	GDYYQFDGTPFYKALWREAKECL
A. hypogaea 1	273	QHTHASLPHYDSSEWDWLRGALA	TVDRDYGILNKAFHHITDTHVAH	HLFSTMPHYHAMEATNAIKPIL	GDYYQFDGTPFYKALWREAKECL
A. hypogaea 2	273	QHTHASLPHYDSSEWDWLRGALA	TVDRDYGILNKAFHHITDTHVAH	HLFSTMPHYHAMEATNAIKPIL	GDYYQFDGTPFYKALWREAKECL
A. hypogaea 3	273	QHTHASLPHYDSSEWDWLRGALA	TVDRDYGILNKAFHHITDTHVAH	HLFSTMPHYHAMEATNAIKPIL	GDYYQFDGTPFYKALWREAKECL
A. monticola	273	QHTHASLPHYDSSEWDWLRGALA	TVDRDYGILNKAFHHITDTHVAH	HLFSTMPHYHAMEATNAIKPIL	GDYYQFDGTPFYKALWREAKECL
A. ipaensis	273	QHTHASLPHYDSSEWDWLRGALA	TVDRDYGILNKAFHHITDTHVAH	HLFSTMPHYHAMEATNAIKPIL	GDYYQFDGTPFYKALWREAKECL

S. indicum R 364 YVEPDESTPDKGVFWYKNKF
 S. indicum 2 364 YVEPDESTPDKGVFWYKNKF
 S. indicum 4 364 YVEPDESTPDKGVFWYKNKF
 S. indicum 7 364 YVEPDESTPDKGVFWYKNKF
 S. indicum 8 364 YVEPDESTPDKGVFWYKNKF
 S. indicum 1 364 YVEPDESTPDKGVFWYKNKF
 S. radiatum 5 364 YVEPDESTADKGVFWYKNKF
 S. radiatum 6 364 YVEPDESTADKGVFWYKNKF
 G. max 1 364 YVEPDQSTESKGVFWYNNKL
 G. max 2 364 YVEPDQSTESKGVFWYNNKL
 A. duranensis 364 YVEPDDGASKKGVYVYKNKF
 A. hypogaea 1 364 YVEPDDGASKKGVYVYKNKF
 A. hypogaea 2 364 YVEPDDGASKKGVYVYKNKF
 A. hypogaea 3 364 YVEPDDGASQKGVYVYKNKF
 A. monticola 364 YVEPDDGASQKGVYVYKNKF
 A. ipaensis 364 YVEPDDGASQKGVYVYKNKF

Sesame indicum R = AAX11454.1 Sesame oleate desaturase 383 aa

S. indicum 2 = PI 224663

S. indicum 4 = PI 278164

S. indicum 7 = PI 599435

S. indicum 8 = PI 599442

S. indicum 1 = PI 188815

S. radiatum 5 = PI 367899

S. radiatum 6 = PI 490268

Glycine max 1 = BAD89862.1

G. max 2 = P48631

A. duranensis = AAF82294.1

A. hypogaea 1 = AAY53559.1

A. hypogaea 2 = AAB84262.1

A. hypogaea 3 = AAK67829.1

A. monticola = AAX14399.1

A. ipaensis = AAF82295.1

Glycine max (soybean) ω 6 desaturase 383 aa

Soybean ω 6 desaturase 383 aa

oleate desaturase 379 aa

A.hyp oleate desaturase 379 aa

A.hyp ω 6 desaturase 379 aa

A.hyp Δ 12 desaturase 379 aa

oleate desaturase 379 aa

oleate desaturase 379 aa