

Supplementary File S3. The gene model for *RcRbohD*. The coding region is marked with uppercase letters, above which is its deduced amino acids. The transcribed untranslated regions, including 5' UTR, intron and 3' UTR sequences, are marked with lowercase letters. The start and stop codons are marked with bold letters.

```
1 cgagcttttctctgcattgcatacaatataaagccaggagaaggttctatcgtaccattca
61 acacacagatacгааagttgcctaatacaattcttttattttccatttaaaaaaaaaaaa
121 aaaagtttcttcacctcgtttttctacattcatttttgttgttctccgccctgccagaag
1           M R K E T T T T D P H Q G K G T
181 gaaaaaaaaaacATGAGGAAAGAAACCACAACTACTGATCCTCATCAGGGCAAAGGCACT
17 Y Y F S D N T S D T E S I A S D R T A F
241 TATTATTTTTCAGATAACACCTCGGACACTGAGAGCATTGCCAGCGATCGAACTGCCTTT
37 S G P L G V G V G A P L H K K R S S K K
301 AGCGGTCCTCTTGAGTTGGAGTTGGAGCTCCTCTCCACAAAAACGTTCTCAAAGAAG
57 S A R F N L P P E T S S A G V E D P S S
361 AGCGCAAGGTTCAATCTTCCACCCGAAACCTCCTCTGCCGGTGTGAGGATCCATCCAGC
77 S Y V E I T L D I R D D S V A V H S V Q
421 TCCTATGTAGAGATTACTCTTGACATTGCGGACACTCTGTGGCGGTTACAGCGTCCAG
97 G A N Y E D P D L A L L A K R T L E N K
481 GGGGCTAATTATGAGGACCCAGATTTGGCGTTGCTTGCAAAGAGGACTCTCGAGAACAAG
117 S T S L F R N T S S H I K Q E L K R F A
541 TCTACTTCCCTGTTTCGAAACACCTCTCCCATATAAAGCAGGAGCTCAAACGTTTTGCT
137 S L S R R P S A A K R F D R T K S A A A
601 TCCCTGTCAAGGAGACCTTCTGCCGCTAAAAGGTTTGATAGAACAAGTCAGCTGCTGCT
157 H A L K G L K F I A A K T G S S A N G W
661 CATGCCCTGAAGGGCTCAAGTTCATCGCCGCAAAAACTGGATCTTCTGCAAATGGATGG
177 S S V E K R F Q Q L T V N T D G L L H C
721 TCTTCTGTTGAAAAGAGATTTCAACAACTTACTGTTAATACTGATGGTCTCCTTCACTGT
```

197 S L F G E C I G
781 TCCTTGTTTCGGTGAATGCATAGgtactgttttttcattataactaattacatatatattt
205 M N K D S K
841 cctaaattcaatattaaaattttattaacttggattggacagGCATGAACAAGGATTCAAA
211 E F A G E L F R A L A R K H N I N G D S
901 GGAATTTGCTGGTGAATTATTTTCGCGCGCTTGCTCGGAAGCATAACATAAATGGTGATTC
231 I N K A Q L K D F W D Q I S D E S F D S
961 TATTAACAAGGCACAGCTAAAAGATTTCTGGGACCAGATCTCTGATGAAAGCTTCGATTC
251 R L Q I F F D M
1021 CCGGCTCCAAATATTCTTTGACATgtaagaattacccttcaaattttaattaaccattc
1081 aacgaattagtcctcataatatttatatatgtatataattagtagctgaaaatgccaatg
259 V D R D A D G R I T E E E V T E
1141 catgcagGGTGGACAGAGACGCTGACGGAAGAATCACAGAAGAAGAAGTAACAGAGgtaa
1201 agcgtacagtgcgatacctggtaacgttgacttttccaaacctaacctaataattaat
1261 ggacaattccatagactactactacttattaattactagtttagtttaactaacgacat
275 I I S L S A S A N K L S N I Q K
1321 gatcaatttgtagATTATCAGTTTAAGTGCTTCTGCAAACAAGCTCTCCAACATTCAGAA
291 Q A K E Y A A L I M E E L D P D N A G Y
1381 ACAAGCCAAGGAATACGCTGCCCTAATTATGGAAGAATTAGACCCAGATAATGCTGGATA
311 I M
1441 CATCATGgtacctacctattattattattattgttaactgcattattaattgctatcctttt
313 I Y N
1501 aatttaatttgctctttcccgcccttaacttaactccaatttttcttaatacagATTTATAA
316 L E T L L L Q A P N Q S V R I G D S R V
1561 TCTAGAAACACTACTACTGCAAGCTCCAAACCAATCTGTCAGAATTGGAGATAGCCGAGT
336 L S Q L L S Q K L K P T Q E T N P L K K
1621 TTTGAGTCAACTACTGAGTCAGAACTCAAGCCTACACAAGAGACCAATCCATTAATAA

356 W Y Q K A K Y F F L D N W Q R V W I M A
1681 ATGGTATCAAAAGGCCAAGTACTTTTTCTTAGATAACTGGCAGAGAGTGTGGATCATGGC
376 L W L G I V A G L F S Y K F V Q Y R N K
1741 ATTGTGGCTGGGAATCGTAGCTGGTTATTTAGTTACAAGTTTGTACAGTACCGAAATAA
396 A V F E V M G Y C V C I A K G G A E T L
1801 GGCTGTATTCGAGGTAATGGGCTACTGTGTTTGCATTGCCAAAGGAGGGGCAGAGACT
416 K F N M A L I L L P V C R N T I T W L R
1861 TAAATTCAATATGGCCTTGATTTTACTGCCTGTCTGTCGGAACACCATTACTTGGCTCAG
436 N K T K L G V A V P F D D N L N F H K
1921 AAACAAGACTAAGTTGGGAGTGGCTGTGCCTTTCGACGACAATCTCAATTCACAAGgt
1981 aatcatatagtaggaaatthtaattagctagagcctagagcatgggggaattcctaattc
455 V I A V G I A I G I G L H
2041 tcttttgggttgatcgatcagGTGATTGCCGTTGGAATTGCCATTGGGATTGGGCTACAT
468 A G A H L T C D F P R L L H A T E E E Y
2101 GCAGGTGCGCATTAACTTGTGATTTCCACGGCTTCTCCATGCCACTGAAGAGGAATAC
488 E P M E P Y F G E D Q P E N Y W W F V K
2161 GAGCCTATGGAGCCTTATTTTGGGGAAGACCAACCCGAAAACCTACTGGTGGTTTGTAAAA
508 G V E G V T G I I M V V L M A I A F T L
2221 GGGGTGGAGGGGTCACAGGAATTATAATGGTAGTCCTAATGGCTATAGCCTTCACACTA
528 A T P W F R R N K L N L P K P L K K L T
2281 GCCACTCCTTGGTTTtaggcgtaacaagctcaatcttccaaaccctcaagaaactaaca
548 G F N A F W Y S H H L F V I V Y A L L I
2341 GGTTTCAATGCCTTCTGGTATTCTCATCATCTCTTCGTAATTGTCTACGCTCTCCTCATT
568 V H G I Y L Y L T K T W Y H K T
2401 GTCCATGGTATTTACCTCTACCTACCAAGACATGGTATCATAAAACGgtcagtccttcaa
2461 actctcttcttcttaatgattttgagttttctccactcgcgaaaatctgatttccatatt
584 T W M Y L A V P I I L Y A C E R

2521 ctctactatacagACATGGATGTATCTAGCAGTGCCATAATCCTTTATGCATGTGAGAG
600 L I R A F R S R I K S V K I L K
2581 GTTGATCAGGGCATTAGATCACGAATCAAGTCCGTTAAGATTCTCAAGgtattaacgga
2641 aagctcttgcccattttagaatatttgttattaatattgtattgcagataattgtaaate
2701 ttttaatttagtgcagcagtcactgttttccgtattcttaatgcatgcctactgaaatg
616 V A V Y P G N V L A L H M
2761 atgaacacgactcatatatagGTTGCTGTATATCCGGGAAATGTCCTAGCATTGCACATG
629 S K P Q G F K Y K S G Q Y M F V N C A A
2821 TCAAAGCCACAAGGCTTCAAATATAAGAGTGGACAGTACATGTTTGTCAACTGCGCTGCA
649 V S P F E W
2881 GTTTCTCCCTTCGAATGgtaactacctctaccttattatccgaactgtcatttttggttta
655 H P F S I T S
2941 gccattgaggaataatataattgaatatgtatatttgcagGCATCCATTTTCTATCACAT
662 A P G D D Y L S V H I R T L G D W T R Q
3001 CAGCACCAGGAGATGACTACCTCAGTGTGCATATTCGAACTTTGGGTGACTGGACCCGCC
682 L K T V F S E
3061 AGCTCAAACTGTTTTTCTGAGgtctgttataattagttcacaggctactgtataatct
3121 gttctttttctcttttttggctcttcaatggaccgctaattaatctcacctgcactat
689 V C K P P T A G K S G L L
3181 cgttttcattggttattaatagGTTTGTAAGCCTCCAAGTGTGTAAGAGTGGACTGCT
702 R A E G N N P G
3241 CAGAGCTGAGGGAAACAATCCTGGgtaattgcgattatatagtatataataataacaacg
3301 ttagtttagtcggaagttttaaatgtagtgttttatttgggagcagcaaatctaataatg
710 F P K I L I D G P Y G A P A Q D
3361 gaaaggaacagGTTTCAAAGATATTGATAGACGGACCGTACGGAGCTCCAGCACAGGAC
726 Y K K Y D V V L L V G L G I G A T P M I
3421 TACAAAAATACGACGTGGTGTGTTGGTAGGGCTAGGGATAGGGGCTACACCCATGATT

746 S I V K D I I N N M E E D D G E L E S G
3481 AGCATTGTGAAGGACATCATTAAATAACATGGAGGAAGATGATGGTGAGTTAGAGAGTGGG
766 R A T A A N N N N S S N N R T R K A Y F
3541 AGAGCGACAGCTGCAAATAACAACAATAGCAGTAACAACAGGACGAGGAAAGCCTACTTC
786 Y W V T R E Q G S F E W F K G I M N E V
3601 TATTGGGTGACGAGGGAACAAGGTTCAATTCGAGTGGTTCAAAGGGATAATGAACGAGGTT
806 A E M D D K G V I E L H N Y C T S V Y E
3661 GCAGAAATGGATGATAAGGGGGTGATAGAGCTGCACA ACTACTGCACCAGCGTGTATGAA
826 E G D A R S A L I A M L Q S L H H A K N
3721 GAAGGAGACGCCAGGTCAGCCCTGATTGCAATGCTTCAGTCGCTCCACCATGCCAAAAAC
846 G V D V V S G T R V K S H F A K P N W R
3781 GGTGTCGATGTTGTTTCGGGGACAAGGGTCAAATCCCCTTTGCCAAGCCGAATTGGCGG
866 Q V Y K K I A L H H P D A R I G
3841 CAAGTCTACAAGAAAATTGCACTCCACCATCCTGATGCAAGAATTGgttggtcacctaa
3901 cctateccattttattttcttctattgactttttatggaatactgattatataaagaactg
882 V F Y C G A P A L T K E L R Q L A
3961 aatgcagGAGTTTTCTACTGTGGGGCACCAGCACTAACAAAAGAGCTAAGACA ACTAGCT
899 L D F S H K T S T K F D F H K E N F *
4021 TTGACTTCTCCACAAGACCTCCACTAAGTTCGATTTTACAAGGAGAACTTT**TAA**att
4081 tgagcaacagggtatacagatacatacagattctgtggttagcaaattcatatattatgct
4141 gactcactggtatacaacgtcatccaattagctacaccgggaatagttattatacgtagt
4201 tcctctaatttaattttatttcgagtttaaatttcaattttaagaacagagaaattcttgat
4261 acaaaaaaagaaaaagaagaagatgtaattatatttgatggagctgctaatcaagaatt
4321 aaagttgatggaatttgataagcctgtgtttgttcattgattgcggttagtgggggatt
4381 taccagaagaactatgggaactaaagtcacttttcttacatataattaatctatg