

Figure S1. Screening HMAs from candidate sequences identified by a BLASTP search against the peanut genome using phylogenetic analysis with AtHMAs from *Arabidopsis* and OsHMAs from rice. A total of 21 protein sequences were identified to be putative AhHMA members (cluster I).

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

AhHMA5.1	GSEALSCIVRLVESAQAKAFVORFDRISKYFVPLVILLISFSFWLSNFLARFHAEPDSWIPS....SMDS	ELALQF	276	
AhHMA5.5	GSEALSCIVRLVESAQAKAFVOKFDRISKYFVPLVILLISFSFWLSNFLARFHAEPESWIPS....SMDS	ELALQF	276	
AhHMA5.6	GSEALSCIVRLVESAQAKAFVOKLADHSKYFVPLVILLISFSFWIANYLAKLHAYPKSWIPS....SMNS	ELALQF	270	
AhHMA5.2	GSEALSCIVRLVESAQAKAFVOKLADHSKYFVPLVILLISFSFWIANYLAKLHAYPKSWIPS....SMNS	ELALQF	270	
AhHMA5.7	GSDALSCIVQLVETAQAKAFVOKLADHSRVFVPLVVVAFLFWMGNFVPEVGLPRHWIK....AMNA	ELALQF	276	
AhHMA5.3	GSDALSCIVQLVETAQAKAFVOKLADHSRVFVPLVVVAFLFWMGNFVPEVGLPRHWIK....AMNA	ELALQF	276	
AhHMA7.2	GSDVLSQIISLVETAQSKAPIQKFADYASIFVPTVVSALLTFFSNYGASIGAPPEEWLPE....NGNH	VFALMF	274	
AhHMA7.3	GSDVLSQIISLVETAQSKAPIQKFADYASIFVPTVVSALLTFFSNYGASIGAPPEEWLPE....NGNH	VFALMF	274	
AhHMA7.5	GSDVLSQIISLVETAQSKAPIQKFADYASIFVPTVVSALLTFFSNYGASVVGAPPEEWLPE....NGNH	VFALMF	274	
AhHMA7.4	GSDVLSQIISLVETAQSKAPIQKFADYASIFVPTVVALSLLTFLCYTA	ALEAPKEWLPE....NGNH	VFALMF	272
AhHMA7.1	GSDVLSQIISLVETAQSKAPIQKFADYASIFVPTVVALSLLTFLCYTA	ALEAPKEWLPE....NGNH	VFALMF	274

			*	340	*	360	*	380	*	400	
AhHMA1.1	ALGLMVAASPCALAVA	PLAYATAISSCAR	KARK	GILLKGGHVL	DALASCHTIA	FDKTGTLTGGL	FKAIEPIYGHNV	RKNE		332	
AhHMA1.2	ALGLMVAASPCALAVA	PLAYATAISSCAR	KARK	GILLKGGHVL	DALASCHTIA	FDKTGTLTGGL	FKAIEPIYGHNV	RKNE		332	
AhHMA3.1	ALVVLVSACPCALILSTP	WATFCAYTKAATS	GGLIKGGDYLE	TLAKIKVMAF	DKTGTTIKGEF	VTNFVSL			300	
AhHMA3.2	ALVVLVSACPCALILSTP	WATFCAYTKAATS	GGLIKGGDYLE	TLAKIKVMAF	DKTGTTIKGEF	VTNFVSL			300	
AhHMA8.1	AVDVLVSCPCALILATP	AVLVGSLGARKG	LLIRGGDVLER	LASINYLAL	DKTGTLTKGP	VSLVSSI			346	
AhHMA8.2	AVDVLVSCPCALILATP	AVLVGSLGARKG	LLIRGGDVLER	LASINYLAL	DKTGTLTKGP	VSLVSSI			323	
AhHMA6.2	ACSVLVACPCALILATP	AVLVGSLGATR	GLLRGGNILE	KFAMVDTV	FDKTGTLTVGR	PVTKV			327	
AhHMA6.1	ACSVLVACPCALILATP	AVLVGSLGATR	GLLRGGNILE	KFAMVDTV	FDKTGTLTVGR	PVTKV			362	
AhHMA5.4	GISVMVACPCALILATP	AVMVGTGVGAS	QGVLIKGGQAL	SAHKVNCI	FDKTGTLTVGK	PVNTKLT			348	
AhHMA5.8	GISVMVACPCALILATP	AVMVGTGVGAS	QGVLIKGGQAL	SAHKVNCI	FDKTGTLTVGK	PVNTKLT			348	
AhHMA5.1	GISVMVACPCALILATP	AVMVGTGVGAS	QGVLIKGGQAL	SAHKVNCI	FDKTGTLTVGK	PVNTKLLT			348	
AhHMA5.5	GISVMVACPCALILATP	AVMVGTGVGAS	QGVLIKGGQAL	SAHKVNCI	FDKTGTLTVGK	PVNTKLLT			348	
AhHMA5.6	GISVMVACPCALILATP	AVMVGTGVGAT	QGVLIKGGQAL	SAHKVNCI	FDKTGTLTVGK	PVNTKLFK			342	
AhHMA5.2	GISVMVACPCALILATP	AVMVGTGVGAT	QGVLIKGGQAL	SAHKVNCI	FDKTGTLTVGK	PVNTKLFK			342	
AhHMA5.7	ATSVLVACPCALILATP	AVMVASGMCAS	QGVLIKGGDALE	KAHKVKV	FDKTGTLTVG	EPVVSALV			348	
AhHMA5.3	ATSVLVACPCALILATP	AVMVASGMCAS	QGVLIKGGDALE	KAHKVKV	FDKTGTLTVG	EPVVSALV			348	
AhHMA7.2	STAVVVACPCALILATP	AVMVATGVGANN	GVLIKGGDAL	ERAQMVKY	FDKTGTLTQ	QASVTTAKT	FTT		346	
AhHMA7.3	STAVVVACPCALILATP	AVMVATGVGANN	GVLIKGGDAL	ERAQMVKY	FDKTGTLTQ	QASVTTAKT	FTT		346	
AhHMA7.5	STAVVVACPCALILATP	AVMVATGVGANN	GVLIKGGDAL	ERAQMVKY	FDKTGTLTQ	QASVTTAKT	FTT		346	
AhHMA7.4	STAVVVACPCALILATP	AVMVATGVGANN	GVLIKGGDAL	ERAQMVKY	FDKTGTLTQ	QATVTTVK	VFT		344	
AhHMA7.1	STAVVVACPCALILATP	AVMVATGVGANN	GVLIKGGDAL	ERAQMVKY	FDKTGTLTQ	QATVTTVK	VFT		346	

		*	420	*	440	*	460	*	480			
AhHMA1.1	SNISSCRIPTCEKEALA	VAAAME	KGTHHIGRA	VVDHSE	GKD	LP	SVSV	380	
AhHMA1.2	SNISSCRIPTCEKEALA	VAAAME	KGTHHIGRA	VVDHSE	GKD	LP	SVSV	380	
AhHMA3.1	DEIDLNTLLYWSSIE	SKSSHLLAA	IVDYG	SLS	IEPN	PENV	343	
AhHMA3.2	DDIDLNTLLYWSSIE	SKSSHLLAA	IVDYG	SLS	IEPN	PENV	343	
AhHMA8.1	NYGESEILOAAAVE	KTASHHIA	KAIINK	ESLE	LV	LPVT	386	
AhHMA8.2	NYGESEILOAAAVE	KTASHHIA	KAIINK	ESLE	LV	LPVT	363	
AhHMA6.2	QANSSQAE	342	
AhHMA6.1	QANSSQAE	377	
AhHMA5.4	NMVLRFYELVAAAE	VNSEHFLAK	AVVEYAK	KFK	DEEN	PS	392	
AhHMA5.8	NMALRFYELVAAAE	ENSEHFLAK	AVVEYAK	KFK	DEEN	PS	392	
AhHMA5.1	NMVLQEFYELVAAAE	VNSEHFLAK	AVEYAK	KLR	DEEN	PA	392	
AhHMA5.5	NMVLQEFYELVAAAE	VNSEHFLAK	AVEYAK	KLR	DEEN	PV	392	
AhHMA5.6	NMSVQDFYEL	ANSEHFIARA	IVEHAK	II	TEDEQN	HT	WPEV	383
AhHMA5.2	NMSVQDFYELVAAAE	ASLLLLLNTTL	VNSEHFIARA	IVEHAK	II	TEDEQN	HT	WPEV	399
AhHMA5.7	EFTMEEFYDNTIAVE	SSSEHFLAK	AVVKHAK	LRKKFGS	NDEE	VPDV	395
AhHMA5.3	DFTMEEFYDNTIAVE	SSSEHFLAK	AVVKHAK	LRKKFGS	NDEE	VPDV	395
AhHMA7.2	GMQRGEFLRLVASAE	ASSEHFLAK	AVEYAR	HFHFFDSS	ASDGTQNGAKELKSGW	LF	FDV	406	
AhHMA7.3	GMQRGEFLRLVASAE	ASSEHFLAK	AVEYAR	HFHFFDSS	ASDGTQNGAKELKSGW	LF	FDV	406	
AhHMA7.5	GMQRGEFLRLVASAE	ASSEHFLAK	AVEYAR	HFHFFDSS	ASNGAQNGAKELKSGW	LF	FDV	406	
AhHMA7.4	GMRGEFLTLVASAE	ASSEHFLGK	AILQYAR	HFHFFDESS	TTNGTLNDAKELSSGW	LD	HDV	404	
AhHMA7.1	GMRGEFLTLVASAE	ASSEHFLGK	AILQYAR	HFHFFDESS	TTNGTLNDAKELSSGW	LD	HDV	406	

		*	500	*	520	*	540	*	560							
AhHMA1.1	ES	EYFPCRGLIATVNS	IESGTSAK	LLKA	SLGSVDF	TSFCHSEES	KIKEAVNTSSYGSEF	HAALSVNKKVT	456						
AhHMA1.2	ES	EYFPCRGLIATVNS	IESGTSAK	LLKA	SLGSVDF	TSFCHSEES	KIKEAVNTSSYGSEF	HAALSVNKKVT	456						
AhHMA3.1	TE	ENFPCEGTYGKIEE	LVYGNKK	IA	TRAGS	TVPAMRGQI	GKTTGYLYCG	ATPVG	401					
AhHMA3.2	TE	ENFPCEGTYGKIEE	LVYGNKK	IA	TRAGS	TVPAMHGQI	GKTTGYLYCG	ATPVG	401					
AhHMA8.1	QGQLVEPCFGTL	LAIDGLVAGS	LEWHDRFQIK	MNP	SDLN	EHTLMNHSS	TS	SNY	SKTVVVG	GREGEGIG	461				
AhHMA8.2	QGQLVEPCFGTL	LAIDGLVAGS	LEWHDRFQIK	MNP	SDLN	EHTLMNHSS	TS	SNY	SKTVVVG	GREEGEGIG	438				
AhHMA6.2	ENTWSDVEV	RHGVSSKH	OELED	FKNQSVVVG	GVN	DTAG	383				
AhHMA6.1	ENTWSDVEV	RHGVSSKH	OELED	FKNQSVVVG	GVN	DTAG	418				
AhHMA5.4	QD	VSITCHGVKATVRN	QET	INGN	KSLMT	SHSIA	PSDA	DI	AAEAM	AQTGILVSIN	REVIG	456	
AhHMA5.8	QD	VSITCHGVKATVRN	QET	INGN	KSLMT	SHSIA	PSDA	DI	AAEAM	AQTGILVSIN	REVIG	456	
AhHMA5.1	RD	VSITCHGVKATVRN	QET	INGN	KSLMT	EHN	VV	PADA	DI	AAEAM	AQTGILVSIS	GEVVG	456
AhHMA5.5	RD	VSITCHGVKATVRN	QET	INGN	KSLMT	EHN	VV	PADA	DI	AAEAM	AQTGILVSIS	GEVVG	456
AhHMA5.6	RD	VSISCHGVKAIVQN	ET	LAGN	KKLM	DHNTA	SVDA	EV	AAERL	AQTGILVSLD	GETAG	447	
AhHMA5.2	RD	VSISCHGVKAIVQN	ET	LAGN	KKLM	DHNTA	SVDA	EV	AAERL	AQTGILVSLD	GETAG	463	
AhHMA5.7	KD	EVQVCGAGVCGKVG	ET	LVGN	KRLH	ACNVP	SSE	VERY	SENEIL	ARTCVLVSID	GKTAG	459	
AhHMA5.3	KD	EVQVCGAGVCGKVG	ET	LVGN	KRLH	ACNVP	SSE	VERY	SENEIL	ARTCVLVSID	GKTAG	459	
AhHMA7.2	SD	IALPGRGVQC	LIDG	PILVGN	RKLMA	ESGID	SDE	VNFV	VELES	ARTGVVAYD	DIITIG	470	
AhHMA7.3	SD	IALPGRGVQC	LIDG	PILVGN	RKLMA	ESGID	SDE	VNFV	VELES	ARTGVVAYD	DIITIG	470	
AhHMA7.5	SD	IALPGRGVQC	LIDG	PILVGN	RKLMA	ESGID	SDE	VNFV	VELES	ARTGVVAYD	GIVIG	470	
AhHMA7.4	SD	IALPGRGVQC	LIDG	PILVGN	RKLMA	ENGID	STE	VNFV	VELES	AKTGILVAYD	DVLITG	468	
AhHMA7.1	SD	IALPGRGVQC	LIDG	PILVGN	RKLMA	ENGID	STE	VNFV	VELES	AKTGILVAYD	DVLITG	470	

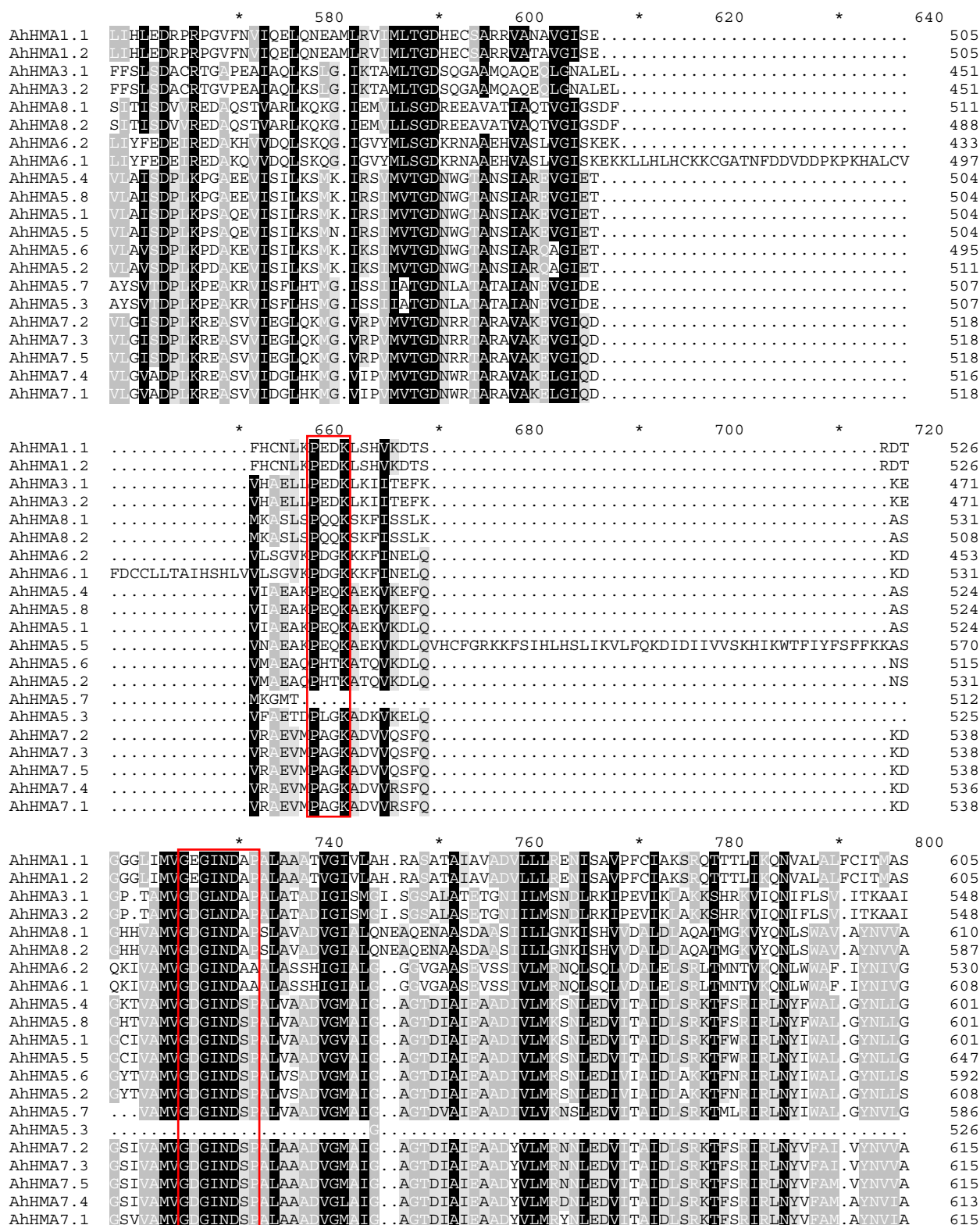


Figure S2. Complete multiple sequence alignment of the 21 AhHMA proteins using MAFFT (v. 7) with the default settings. Identical residues are highlighted in black and homologous residues in gray, while the typical conserved amino acid residues such as TGE, CPC/SPC, DKTGTLT, HP, PxxK, and GDGxNDxP are highlighted in red lines.

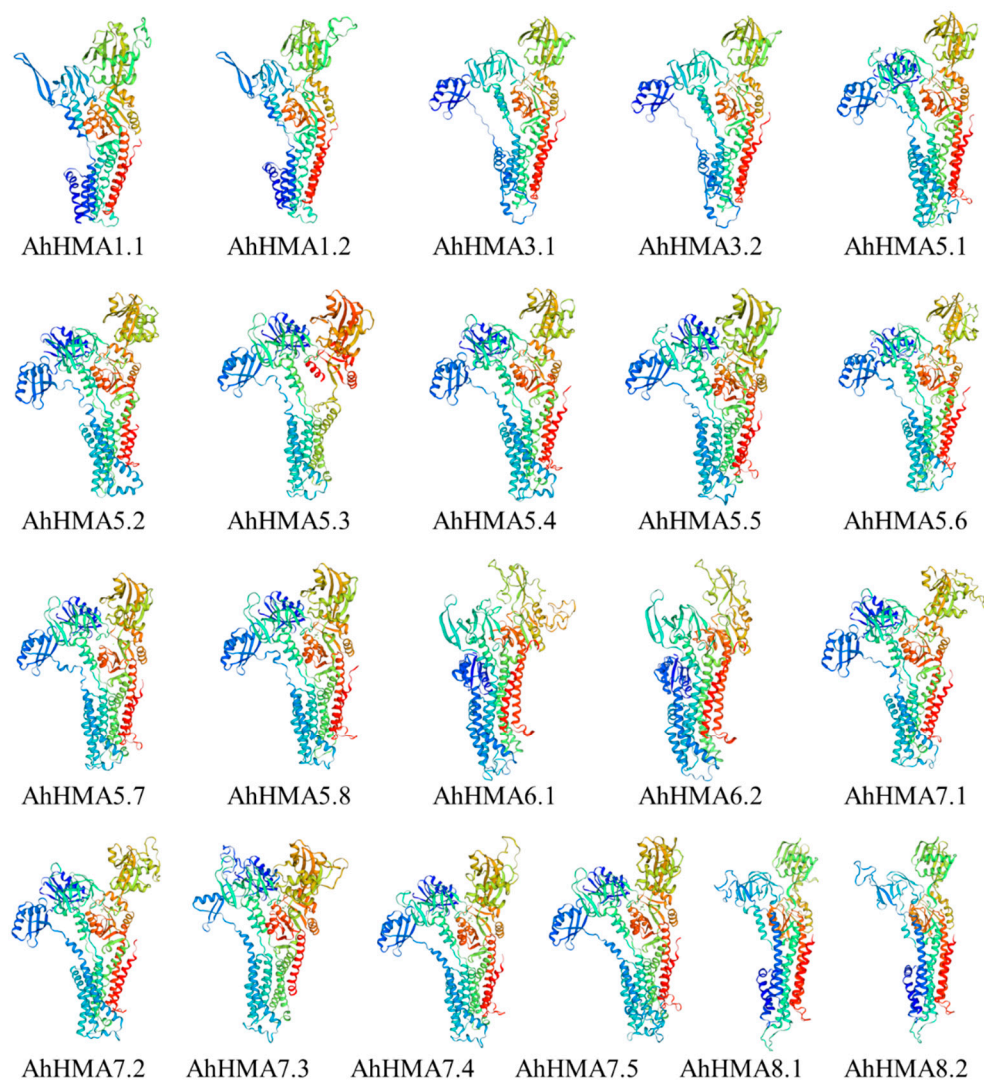


Figure S3. Predicted 3D structure of peanut AhHMA proteins by SwissModel. Models were visualized by rainbow color from N to C terminus.