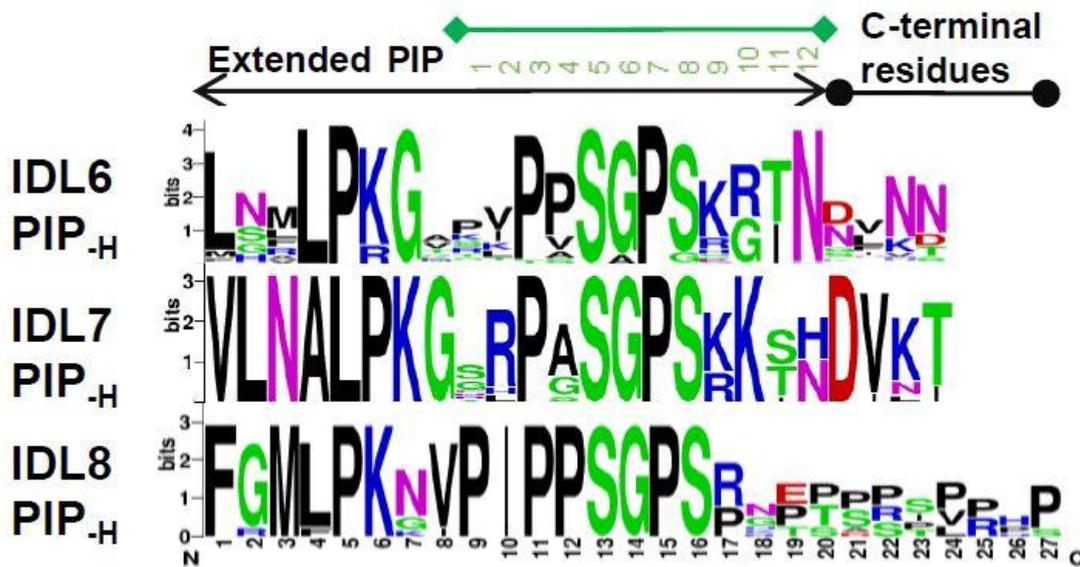




**Figure S1.** The double mutant *hae hsl2* is totally deficient in abscission. **(a)** Inflorescence of wild type *Arabidopsis* plant. Red arrow points to first siliques with abscised floral organs. **(b)** *hae hsl2* double mutant. Orange and yellow arrows indicate silique positions 16 and 20, respectively, counting from the top of the inflorescence. **(c)** Attached floral organs of the *hae hsl2* double mutant are turgid at least until position 16.



**Figure S2.** Conserved residues in propeptides of angiosperm IDL 6 8 orthologues numbered from the start of the extended PIP motif to the C terminal end. Sequences were aligned using Muscle, and consensus sequences were generated with `logo@compbio.berkeley.edu`. The PIP residues are numbered 1-12. Compared to IDA and IDLA 1-5, IDL 6-8 lack the His (in position 11). The Arg His Asn (of IDA has been shown to interact with the co-receptor SERK 1-22).

LRR		<i>Arabidopsis thaliana</i> HAE LxxLxxLxLxxNxLSGx-IPxx-LGx		<i>Arabidopsis thaliana</i> HSL2 LxxLxxLxLxxNxLSGxIPxx-LGx		<i>Elais guineensis</i> EgHSL2 LxxLxxLxLxxNxLS-GxIPxxLGx
1	88	LP <sup>88</sup> SLHSLSLYNN <sup>91</sup> SINGS-LSADDFDT	97	IRTLINITLSQ <sup>97</sup> NNLN <sup>100</sup> GTIDSAFLSL	121	IP <sup>121</sup> TLRHLSLAW <sup>124</sup> N <sup>127</sup> DLGGGLPAADVAL
2	113	LN <sup>113</sup> HLISLDLSEN <sup>116</sup> LLVGS-IPKSLPFN	122	LS <sup>122</sup> SKLQNLILNQ <sup>125</sup> N <sup>128</sup> N <sup>131</sup> FSGKLP <sup>134</sup> EF-SPE	118	LS <sup>118</sup> SGLEVLNLSNN <sup>121</sup> FFV-GRLPEFSGE
3	138	LP <sup>138</sup> NLKFLEISGN <sup>141</sup> NLSDT-IPSS-FGE	146	FR <sup>146</sup> KLRVLELES <sup>149</sup> N <sup>152</sup> LFTGEIPQS-YGR	142	FP <sup>142</sup> RLRLDL <sup>145</sup> SG <sup>148</sup> NN <sup>151</sup> FS-GDIPPSFGR
4	162	FR <sup>162</sup> KLESNLNLAGN <sup>165</sup> NLSGT-IPAS-LGN	170	LTALQV <sup>170</sup> LN <sup>173</sup> LN <sup>176</sup> GN <sup>179</sup> NLSGIVPAF-LGY	166	FP <sup>166</sup> SLRVLSLY <sup>169</sup> N <sup>172</sup> LIS-GRIP <sup>175</sup> SFLAN
5	186	VT <sup>186</sup> TLKELFLAYN <sup>189</sup> NLFSPSQIPSQ-LGN	190	LTEL <sup>190</sup> THLDLAXIS <sup>193</sup> DPSP <sup>196</sup> IPST-LGN	190	LTEL <sup>190</sup> LIEFNLS <sup>193</sup> EN <sup>196</sup> PP <sup>199</sup> RS <sup>202</sup> SL <sup>205</sup> PEIGN
6	211	LTEL <sup>211</sup> QV <sup>214</sup> WLAGCNLVGP-IPPS-LSR	219	LS <sup>219</sup> NLTDLRL <sup>222</sup> THSNLVGEIPDS-IMN	215	LTK <sup>215</sup> LEVL <sup>218</sup> WLP <sup>221</sup> FN <sup>224</sup> LV-GEIPDSVGN
7	235	LT <sup>235</sup> SLV <sup>238</sup> NLDLTFNQLTGS-IPSW-ITQ	243	LML <sup>243</sup> LEN <sup>246</sup> LDL <sup>249</sup> AMNGLTGEIPES-IGT	239	LANK <sup>239</sup> L <sup>242</sup> LDL <sup>245</sup> SN <sup>248</sup> GLT-GRIPASIGR
8	259	LKT <sup>259</sup> VE <sup>262</sup> Q <sup>265</sup> IEL <sup>268</sup> FN <sup>271</sup> NSFSGE-LPES-MGN	267	LES <sup>267</sup> VY <sup>270</sup> Q <sup>273</sup> IEL <sup>276</sup> Y <sup>279</sup> DN <sup>282</sup> RLSGKLPES-IGN	263	LRS <sup>263</sup> VER <sup>266</sup> M <sup>269</sup> EL <sup>272</sup> WR <sup>275</sup> N <sup>278</sup> QLS-GELPQSLGN
9	283	MT <sup>283</sup> TLK <sup>286</sup> RF <sup>289</sup> DAS <sup>292</sup> M <sup>295</sup> NKLTGK-IPDN-LN-	291	LTEL <sup>291</sup> ERN <sup>294</sup> FD <sup>297</sup> V <sup>300</sup> SQ <sup>303</sup> NNLTGELPEK-IA-	287	LTS <sup>287</sup> LFA <sup>290</sup> FD <sup>293</sup> ASE <sup>296</sup> NKLT-GKLP <sup>300</sup> E-GLA
10	306	LIN <sup>306</sup> LES <sup>309</sup> LN <sup>312</sup> LFENMLEGP-LPES-ITR	314	AL <sup>314</sup> QLIS <sup>317</sup> FN <sup>320</sup> LNDN <sup>323</sup> FF <sup>326</sup> TGG <sup>329</sup> L <sup>332</sup> PDV-VAL	310	GL <sup>310</sup> NL <sup>313</sup> TS <sup>316</sup> LAL <sup>319</sup> ND <sup>322</sup> N <sup>325</sup> RMD-GEISTVLAQ
11	330	SK <sup>330</sup> TLSEL <sup>333</sup> KL <sup>336</sup> FN <sup>339</sup> NRLTGV-LPSQ-LGA	338	NFN <sup>338</sup> LVE <sup>341</sup> FK <sup>344</sup> IF <sup>347</sup> NSFTGTLP <sup>350</sup> RN-LGR	334	NPH <sup>334</sup> LVEL <sup>337</sup> KL <sup>340</sup> FN <sup>343</sup> NN <sup>346</sup> FS-GELP <sup>349</sup> SG <sup>352</sup> LGR
12	354	NS <sup>354</sup> PLQY <sup>357</sup> VDLSY <sup>360</sup> NRFSGE-IPAN-ITG	362	FSE <sup>362</sup> ISE <sup>365</sup> FD <sup>368</sup> V <sup>371</sup> SN <sup>374</sup> RFSGELPPY-LIY	358	YS <sup>358</sup> YL <sup>361</sup> TN <sup>364</sup> V <sup>367</sup> VDV <sup>370</sup> SGN <sup>373</sup> QFA-GR <sup>376</sup> LP <sup>379</sup> DDL <sup>382</sup> GS
13	378	EG <sup>378</sup> KLEY <sup>381</sup> LIL <sup>384</sup> IDNSFSGE-ISNN-LGK	386	RR <sup>386</sup> LK <sup>389</sup> Q <sup>392</sup> K <sup>395</sup> IT <sup>398</sup> FSN <sup>401</sup> QLSGEIPES-YGD	382	RGM <sup>382</sup> LES <sup>385</sup> LVAF <sup>388</sup> GN <sup>391</sup> RFSGE <sup>394</sup> L <sup>397</sup> PQSYAD
14	402	PK <sup>402</sup> SL <sup>405</sup> TR <sup>408</sup> V <sup>411</sup> RLS <sup>414</sup> NNKLSGQ-IPHGFWG-	410	CH <sup>410</sup> S <sup>413</sup> LN <sup>416</sup> Y <sup>419</sup> IR <sup>422</sup> MAD <sup>425</sup> NKLSGEV <sup>428</sup> PAR-FWE	409	CR <sup>409</sup> TLD <sup>412</sup> V <sup>415</sup> RI <sup>418</sup> Q <sup>421</sup> NN <sup>424</sup> ELS-GK <sup>427</sup> VP <sup>430</sup> DL <sup>433</sup> FW <sup>436</sup> S
15	426	LP <sup>426</sup> RLSL <sup>429</sup> LELSDNSFTGS-IPKTIIG-	434	LPL <sup>434</sup> TRLE <sup>437</sup> LANN <sup>440</sup> NQLQGSIPPS-ISK	430	LP <sup>430</sup> KLY <sup>433</sup> H <sup>436</sup> LELR <sup>439</sup> GN <sup>442</sup> KLE-GSL <sup>445</sup> PP <sup>448</sup> NISR
16	450	AK <sup>450</sup> NLS <sup>453</sup> N <sup>456</sup> LRIS <sup>459</sup> KNRFSGS-IPNE-IGS	458	AR <sup>458</sup> HLS <sup>461</sup> Q <sup>464</sup> LEISANN <sup>467</sup> FSGVIPVK-LCD	454	AK <sup>454</sup> NL <sup>457</sup> TQ <sup>460</sup> II <sup>463</sup> IS <sup>466</sup> DN <sup>469</sup> KFS-GQ <sup>472</sup> IP <sup>475</sup> PE <sup>478</sup> ICD
17	474	LN <sup>474</sup> GI <sup>477</sup> IE <sup>480</sup> ISGAENDFSGE-IPES-LVK	482	LR <sup>482</sup> DLR <sup>485</sup> V <sup>488</sup> IDL <sup>491</sup> SRNSFL <sup>494</sup> SGIPSC-INK	478	LM <sup>478</sup> EL <sup>481</sup> RT <sup>484</sup> FDAG <sup>487</sup> NN <sup>490</sup> QFS-SG <sup>493</sup> LE <sup>496</sup> PL <sup>499</sup> CIAD
18	498	LK <sup>498</sup> QLS <sup>501</sup> R <sup>504</sup> LDL <sup>507</sup> SKNQLSGE-IPRE-LRG	506	LKN <sup>506</sup> LER <sup>509</sup> VEM <sup>512</sup> QEN <sup>515</sup> MLDGEIPSS-VSS	502	LTK <sup>502</sup> LQV <sup>505</sup> LDL <sup>508</sup> Q <sup>511</sup> NN <sup>514</sup> FS-GE <sup>517</sup> IPA-GG-
19	522	WK <sup>522</sup> NL <sup>525</sup> NELN <sup>528</sup> LANNHLSGE-IPKE-VGI	530	CTEL <sup>530</sup> TEL <sup>533</sup> NLS <sup>536</sup> NNR <sup>539</sup> LRGGIPPE-LGD	524	WTEL <sup>524</sup> AR <sup>527</sup> IN <sup>530</sup> LS <sup>533</sup> M <sup>536</sup> N <sup>539</sup> RFSGE <sup>542</sup> IP <sup>545</sup> RS <sup>548</sup> LGD
20	546	LP <sup>546</sup> V <sup>549</sup> LN <sup>552</sup> YLDLSSNQFSGE-IPLE-LQN	554	LP <sup>554</sup> V <sup>557</sup> LN <sup>560</sup> YLDLSSNNQ <sup>563</sup> L <sup>566</sup> TGEIPAE-LLR	548	LP <sup>548</sup> V <sup>551</sup> LT <sup>554</sup> YLDL <sup>557</sup> SG <sup>560</sup> N <sup>563</sup> QLS-GE <sup>566</sup> IP <sup>569</sup> PE <sup>572</sup> L <sup>575</sup> TN-
21	570	L-K <sup>570</sup> LN <sup>573</sup> V <sup>576</sup> LN <sup>579</sup> LSYNHLSGK-IPPL-YA-	578	L-K <sup>578</sup> LN <sup>581</sup> Q <sup>584</sup> FN <sup>587</sup> VSD <sup>590</sup> NKLYGKIPS--FQ-	572	L-K <sup>572</sup> LN <sup>575</sup> N <sup>578</sup> HL <sup>581</sup> NLSG <sup>584</sup> N <sup>587</sup> DL <sup>590</sup> S-GK <sup>593</sup> IPD--GF-
22	592	NK <sup>592</sup> IY <sup>595</sup> AHDFIGNPGLCVD-LDG--LCR	600	QD <sup>600</sup> IF <sup>603</sup> RP <sup>606</sup> SL <sup>609</sup> FL <sup>612</sup> GN <sup>615</sup> PL <sup>618</sup> CAP <sup>621</sup> NLD <sup>624</sup> PI <sup>627</sup> R <sup>630</sup> PC	594	DT <sup>594</sup> S <sup>597</sup> FL <sup>600</sup> PS <sup>603</sup> LL <sup>606</sup> GN <sup>609</sup> PD <sup>612</sup> LC <sup>615</sup> SS <sup>618</sup> GL <sup>621</sup> K <sup>624</sup> TF <sup>627</sup> R <sup>630</sup> RC

**Figure S3.** Structure-based sequence alignment of the 21 leucine-rich repeats (LRRs) comparing *Arabidopsis* AtHAE and AtHSL2 with EgHSL2 from oil palm. Residue numbers are found in the columns to the left of the respective alignments. The plant LRR consensus sequence making up the scaffold of the ectodomain is shown on top of the alignments and is shaded in grey throughout the LRRs. Residues shown from the AtHAE-AtIDA crystal structure to mediate hydrophobic interactions with AtIDA, and corresponding conserved residues in AtHSL2 and EgHSL2, are highlighted in blue, residues contributing to hydrogen bond interactions and/or salt bridges are shown in red. N-glycosylation sites are indicated in green, cysteine residues involved in disulphide bridge formation in orange, and residues involved in binding of AtSERK1 in yellow.