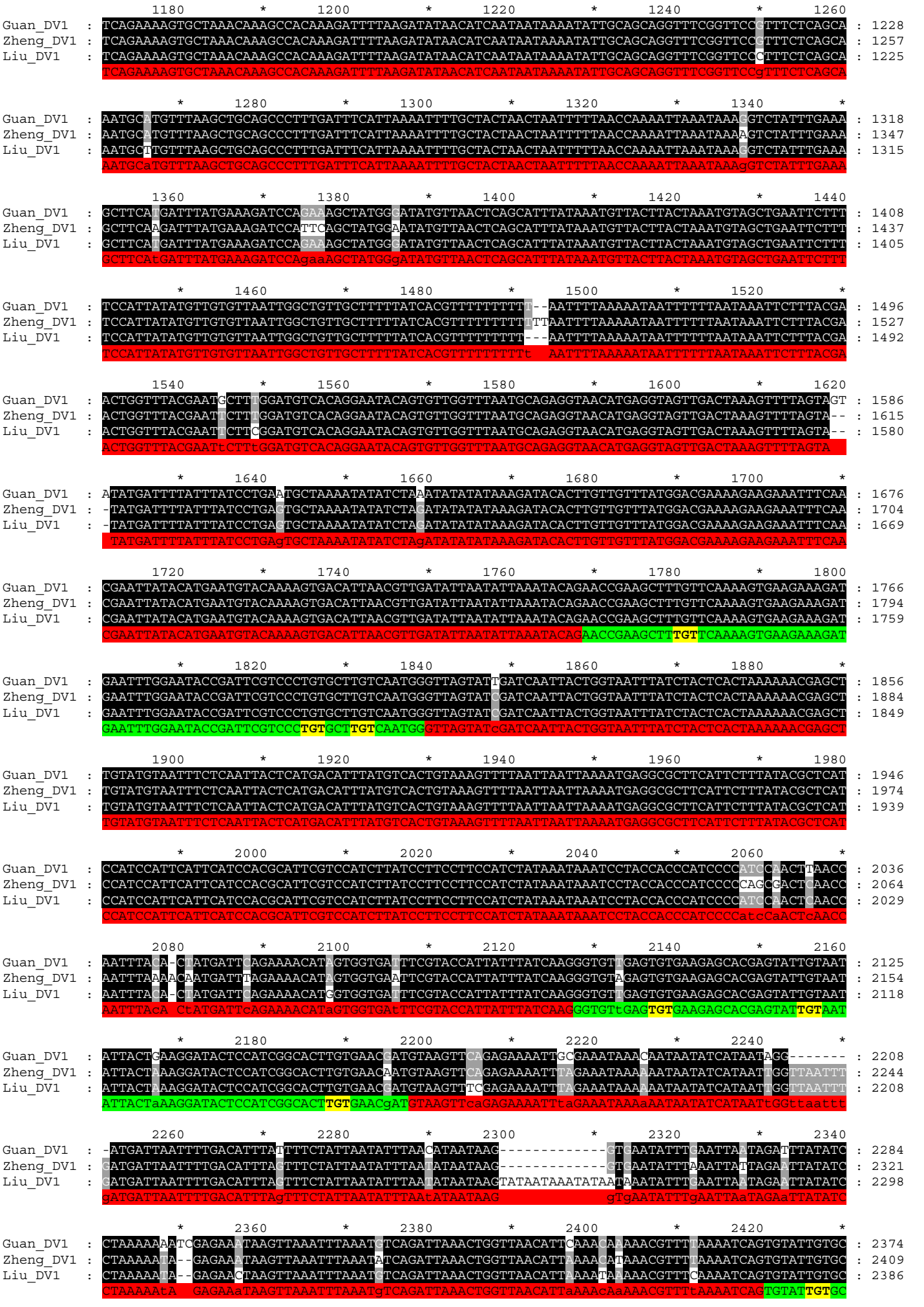
Figure S2A. Multiple sequence alignments of putative decorsin Hman_DV1 genes derived from the genome data of *H. manillensis* provided by Guan et al. (2020), Zheng et al. (2023) and Liu et al. (2023), respectively. The exons are labeled in green and the introns are labeled in red. Start and stop codons are marked in bold, the cysteine codons are marked in bold and yellow and the KGD motif encoding codons are marked in cyan and bold





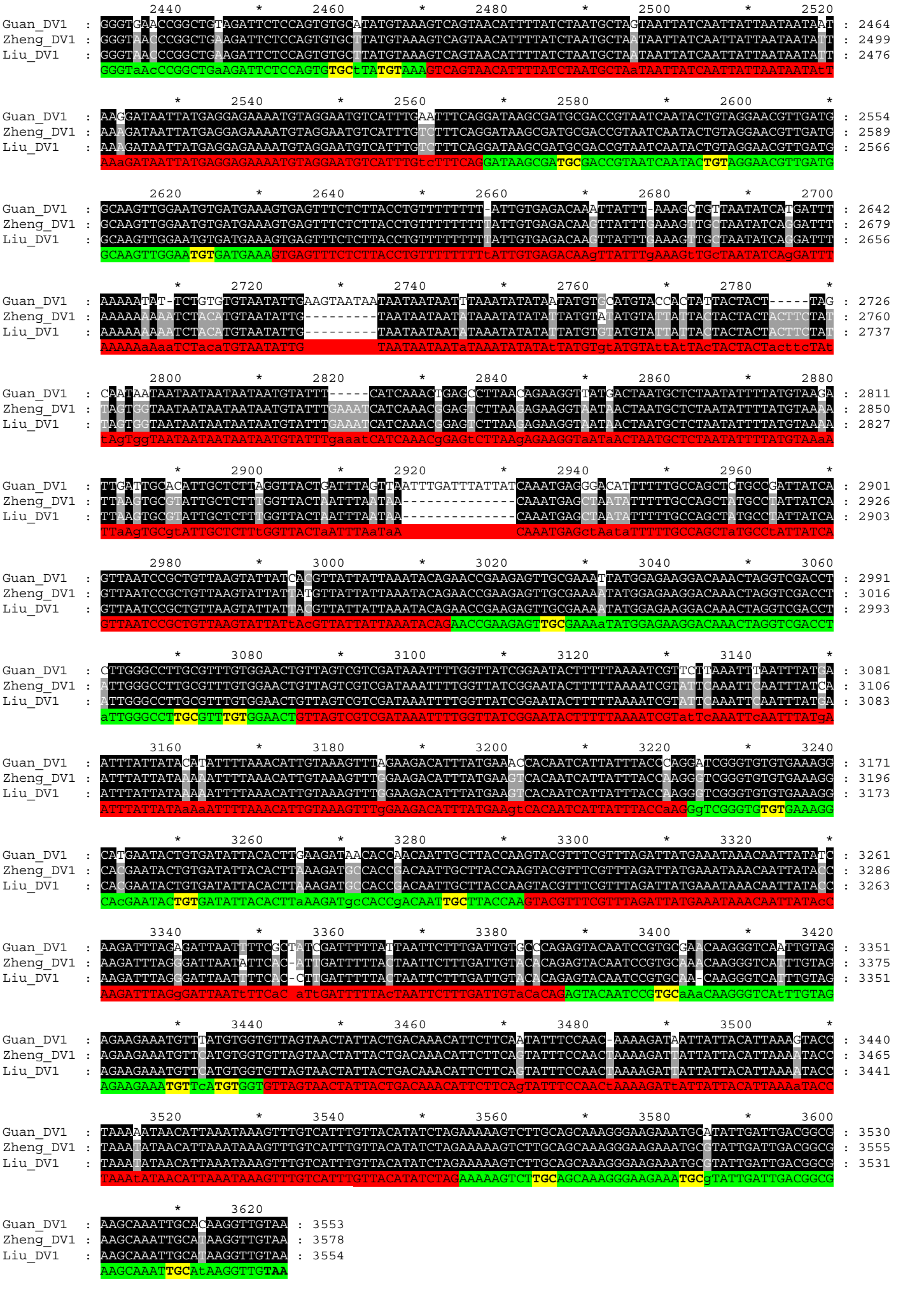

2440 2460 2480 2500 2520
Guan_DV1 : GGGTGAACCGGCTGTAGATTCTCCAGTGTGCATATGTAAAGTCAGTAACATTTTATCTAATGCTAGTAATTATCAATTATTAATAATAAT : 2464
Zheng_DV1 : GGGTAACCGGCTGAAGATTCTCCAGTGTGCTTATGTAAAGTCAGTAACATTTTATCTAATGCTAATAATTATCAATTATTAATAATAAT : 2499
Liu_DV1 : GGGTAACCGGCTGAAGATTCTCCAGTGTGCTTATGTAAAGTCAGTAACATTTTATCTAATGCTAATAATTATCAATTATTAATAATAAT : 2476
GGGTaAcCGGCTGaAGATTCTCCAGTGTGCtTATGTAAAGTCAGTAACATTTTATCTAATGCTAaTAATTATCAATTATTAATAATAtT
2540 2560 2580 2600
Guan_DV1 : AAGGATAATTATGAGGAGAAAATGTAGGAATGTCATTTGAATTTCAGGATAAGCGATGCGACCGTAATCAATACTGTAGGAACGTTGATG : 2554
Zheng_DV1 : AAAGATAATTATGAGGAGAAAATGTAGGAATGTCATTTGTCTTTCAGGATAAGCGATGCGACCGTAATCAATACTGTAGGAACGTTGATG : 2589
Liu_DV1 : AAAGATAATTATGAGGAGAAAATGTAGGAATGTCATTTGTCTTTCAGGATAAGCGATGCGACCGTAATCAATACTGTAGGAACGTTGATG : 2566
AAaGATAATTATGAGGAGAAAATGTAGGAATGTCATTTGtcTTTCAGGATAAGCGATGCGACCGTAATCAATACTGTAGGAACGTTGATG
2620 2640 2660 2680 2700
Guan_DV1 : GCAAGTTGGAATGTGATGAAAGTGAGTTTCTCTTACCTGTTTTTTTT-ATTGTGAGACAAATTATTT-AAAGCTGTTAATATCATGATTT : 2642
Zheng_DV1 : GCAAGTTGGAATGTGATGAAAGTGAGTTTCTCTTACCTGTTTTTTTTTATTGTGAGACAAGTTATTTGAAAGTTGCTAATATCAGGATTT : 2679
Liu_DV1 : GCAAGTTGGAATGTGATGAAAGTGAGTTTCTCTTACCTGTTTTTTTTTATTGTGAGACAAGTTATTTGAAAGTTGCTAATATCAGGATTT : 2656
GCAAGTTGGAATGTGATGAAAGTGAGTTTCTCTTACCTGTTTTTTTTtATTGTGAGACAAgTTATTTgAAAGtTGcTAATATCAgGATTT
2720 2740 2760 2780
Guan_DV1 : AAAAATAT-TCTGTGTGTAATATTGAAGTAATAATAATAATAATTTAAATATATAATATGTGCATGTACCACTATTACTACT-----TAG : 2726
Zheng_DV1 : AAAAAAAAATCTACATGTAATATTG---------TAATAATAATATAAATATATATTATGTATATGTATTATTACTACTACTACTTCTAT : 2760
Liu_DV1 : AAAAAAAAATCTACATGTAATATTG---------TAATAATAATATAAATATATATTATGTGTATGTATTATTACTACTACTACTTCTAT : 2737
AAAAAaAaaTCTacaTGTAATATTG TAATAATAATaTAAATATATAtTATGTgtATGTATtAtTAcTACTACTacttcTAt
2800 2820 2840 2860 2880
Guan_DV1 : CAATAATAATAATAATAATGTATTT-----CATCAAACTGAGCCTTAACAGAAGGTTATGACTAATGCTCTAATATTTTATGTAAGA : 2811
Zheng_DV1 : TAGTGGTAATAATAATAATAATGTATTTGAAATCATCAAACGGAGTCTTAAGAGAAGGTAATAACTAATGCTCTAATATTTTATGTAAAA : 2850
Liu_DV1 : TAGTGGTAATAATAATAATAATGTATTTGAAATCATCAAACGGAGTCTTAAGAGAAGGTAATAACTAATGCTCTAATATTTTATGTAAAA : 2827
tAgTggTAATAATAATAATAATGTATTTgaaatCATCAAACgGAGtCTTAAgAGAAGGTaATaACTAATGCTCTAATATTTTATGTAAaA
2900 2920 2940 2960
Guan_DV1 : TTGATTGGACATTGCTCTTAGGTTACTGATTTAGTTAATTTGATTTATTATCAAATGAGGGACATTTTTTGCCAGCTCTGCCGATTATCA : 2901
Zheng_DV1 : TTAAGTGCGTATTGCTCTTTGGTTACTAATTTAATAA--------------CAAATGAGCTAATATTTTTGCCAGCTATGCCTATTATCA : 2926
Liu_DV1 : TTAAGTGCGTATTGCTCTTTGGTTACTAATTTAATAA--------------CAAATGAGCTAATATTTTTGCCAGCTATGCCTATTATCA : 2903
TTaAgTGCgtATTGCTCTTtGGTTACTaATTTAaTaA CAAATGAGctAataTTTTTGCCAGCTaTGCCtATTATCA
2980 3000 3020 3040 3060
Guan_DV1 : GTTAATCCGCTGTTAAGTATTATCACGTTATTATTAAATACAGAACCGAAGAGTTGCGAAAATATGGAGAAGGACAAACTAGGTCGACCT : 2991
Zheng_DV1 : GTTAATCCGCTGTTAAGTATTATTATGTTATTATTAAATACAGAACCGAAGAGTTGCGAAAATATGGAGAAGGACAAACTAGGTCGACCT : 3016
Liu_DV1 : GTTAATCCGCTGTTAAGTATTATTACGTTATTATTAAATACAGAACCGAAGAGTTGCGAAAATATGGAGAAGGACAAACTAGGTCGACCT : 2993
GTTAATCCGCTGTTAAGTATTATTaCgTTATTATTAAATACAGAACCGAAGAGTTGCGAAAaTATGGAGAAGGACAAACTAGGTCGACCT
3080 3100 3120 3140
Guan_DV1 : CTTGGGCCTTGCGTTTGTGGAACTGTTAGTCGTCGATAAATTTTGGTTATCGGAATACTTTTTAAAATCGTTCTTAAATTTAATTTATGA : 3081
Zheng_DV1 : ATTGGGCCTTGCGTTTGTGGAACTGTTAGTCGTCGATAAATTTTGGTTATCGGAATACTTTTTAAAATCGTATTCAAATTCAATTTATCA : 3106
Liu_DV1 : ATTGGGCCTTGCGTTTGTGGAACTGTTAGTCGTCGATAAATTTTGGTTATCGGAATACTTTTTAAAATCGTATTCAAATTCAATTTATGA : 3083
aTTGGGCCTTGCGTTTGTGGAACTGTTAGTCGTCGATAAATTTTGGTTATCGGAATACTTTTTAAAATCGTatTcAAATTcAATTTATgA
3160 3180 3200 3220 3240
Guan_DV1 : ATTTATTATACATATTTTAAACATTGTAAAGTTTAGAAGACATTTATGAAACCACAATCATTATTTACCCAGGATCGGGTGTGTGAAAGG : 3171
Zheng_DV1 : ATTTATTATAAAAATTTTAAACATTGTAAAGTTTGGAAGACATTTATGAAGTCACAATCATTATTTACCAAGGGTCGGGTGTGTGAAAGG : 3196
Liu_DV1 : ATTTATTATAAAAATTTTAAACATTGTAAAGTTTGGAAGACATTTATGAAGTCACAATCATTATTTACCAAGGGTCGGGTGTGTGAAAGG : 3173
ATTTATTATAaAaAATTTTAAACATTGTAAAGTTTgGAAGACATTTATGAAgtCACAATCATTATTTACCaAGGgTCGGGTGTGTGAAAGG
3260 3280 3300 3320
Guan_DV1 : CATGAATACTGTGATATTACACTTGAAGATAACACCAACAATTGCTTACCAAGTACGTTTCGTTTAGATTATGAAATAAACAATTATATC : 3261
Zheng_DV1 : CACGAATACTGTGATATTACACTTAAAGATGCCACCGACAATTGCTTACCAAGTACGTTTCGTTTAGATTATGAAATAAACAATTATACC : 3286
Liu_DV1 : CACGAATACTGTGATATTACACTTAAAGATGCCACCGACAATTGCTTACCAAGTACGTTTCGTTTAGATTATGAAATAAACAATTATACC : 3263
CAcGAATACTGTGATATTACACTTaAAGATgcCACCgACAATTGCTTACCAAGTACGTTTCGTTTAGATTATGAAATAAACAATTATAcC
3340 3360 3380 3400 3420
Guan_DV1 : AAGATTTAGAGATTAATTTTCGCTATCGATTTTTATTAATTCTTTGATTGTGCCCAGAGTACAATCCGTGCGAACAAGGGTCAATTGTAG : 3351
Zheng_DV1 : AAGATTTAGGGATTAATATTCAC-ATTGATTTTTACTAATTCTTTGATTGTACACAGAGTACAATCCGTGCAAACAAGGGTCATTTGTAG : 3375
Liu_DV1 : AAGATTTAGGGATTAATTTTCAC-CTTGATTTTTACTAATTCTTTGATTGTACACAGAGTACAATCCGTGCAA-CAAGGGTCATTTGTAG : 3351
AAGATTTAGgGATTAATtTTCaC aTtGATTTTTAcTAATTCTTTGATTGTaCaCAGAGTACAATCCGTGCaAaCAAGGGTCAtTTGTAG
3440 3460 3480 3500
Guan_DV1 : AGAAGAAATGTTTATGTGGTGTTAGTAACTATTACTGACAAACATTCTTCAATATTTCCAAC-AAAAGATAATTATTACATTAAAGTACC : 3440
Zheng_DV1 : AGAAGAAATGTTCATGTGGTGTTAGTAACTATTACTGACAAACATTCTTCACTATTTCCAACTAAAAGATTATTATTACATTAAAATACC : 3465
Liu_DV1 : AGAAGAAATGTTCATGTGGTGTTAGTAACTATTACTGACAAACATTCTTCACTATTTCCAACTAAAAGATTATTATTACATTAAAATACC : 3441
AGAAGAAATGTTcATGTGGTGTTAGTAACTATTACTGACAAACATTCTTCAgTATTTCCAACtAAAAGATTaTTATTACATTAAAaTACC
3520 3540 3560 3580 3600
Guan_DV1 : TAAAATATAACATTAAATAAAGTTTGTCATTTGTTACATATCTAGAAAAAGTCTTGCAGCAAAGGGAAGAAATGCATATTGATTGACGGCG : 3530
Zheng_DV1 : TAAATATAACATTAAATAAAGTTTGTCATTTGTTACATATCTAGAAAAAGTCTTGCAGCAAAGGGAAGAAATGCGTATTGATTGACGGCG : 3555
Liu_DV1 : TAAATATAACATTAAATAAAGTTTGTCATTTGTTACATATCTAGAAAAAGTCTTGCAGCAAAGGGAAGAAATGCGTATTGATTGACGGCG : 3531
TAAAtATAACATTAAATAAAGTTTGTCATTTGTTACATATCTAGAAAAAGTCTTGCAGCAAAGGGAAGAAATGCgTATTGATTGACGGCG
3620
Guan_DV1 : AAGCAAATTGCACAAGGTTGTAA : 3553
Zheng_DV1 : AAGCAAATTGCATAAGGTTGTAA : 3578
Liu_DV1 : AAGCAAATTGCATAAGGTTGTAA : 3554
AAGCAAATTGCAtAAGGTTGTAA

Figure S2B. Multiple sequence alignments of putative decorsin Hman_DV1 proteins derived from the genome data of *H. manillesis* provided by Guan et al. (2020), Zheng et al. (2023) and Liu et al. (2023), respectively. The cysteine residues are marked in bold and yellow and the KGD motif is marked in cyan and bold. The signal peptide is underlined.

