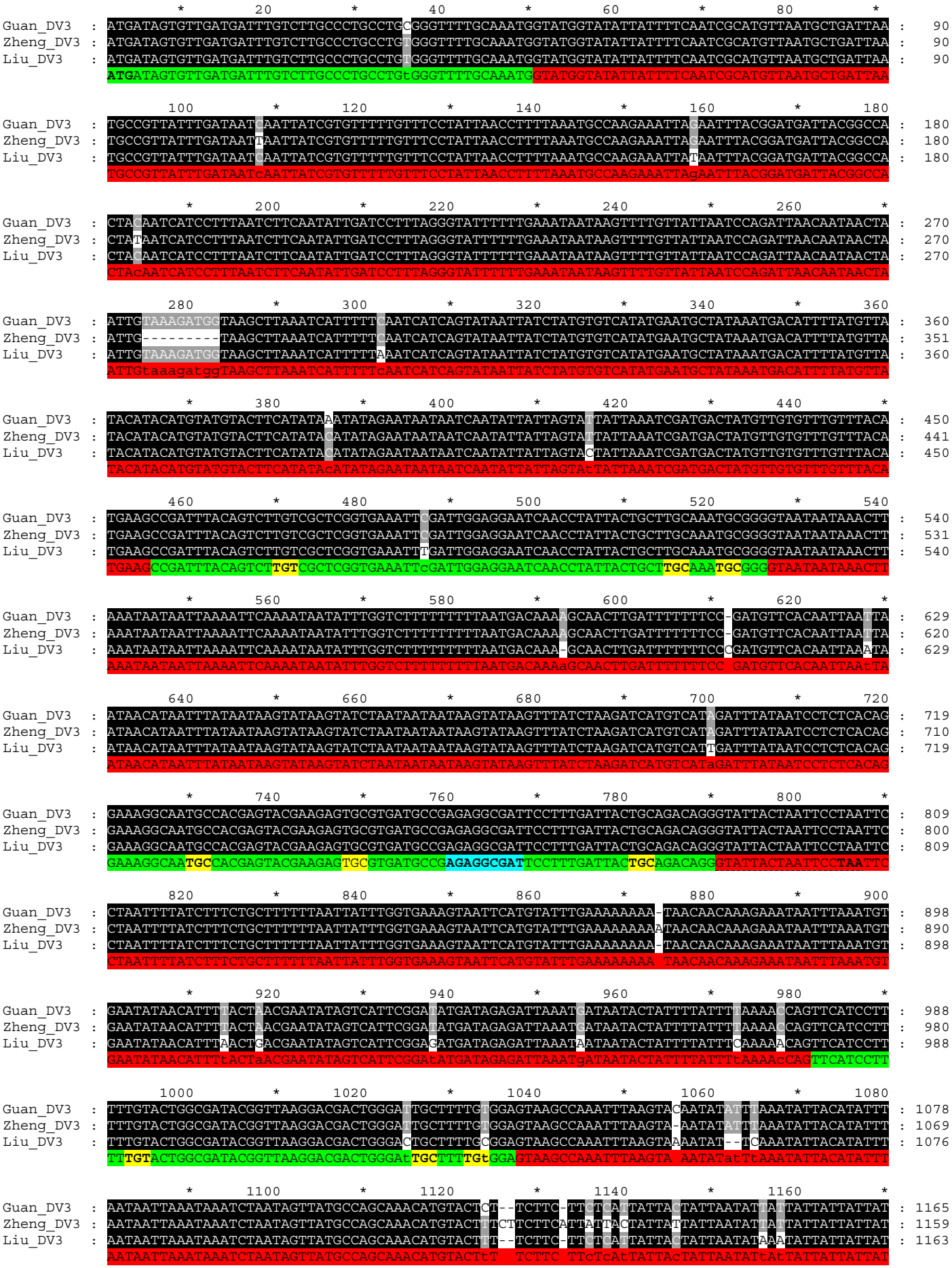
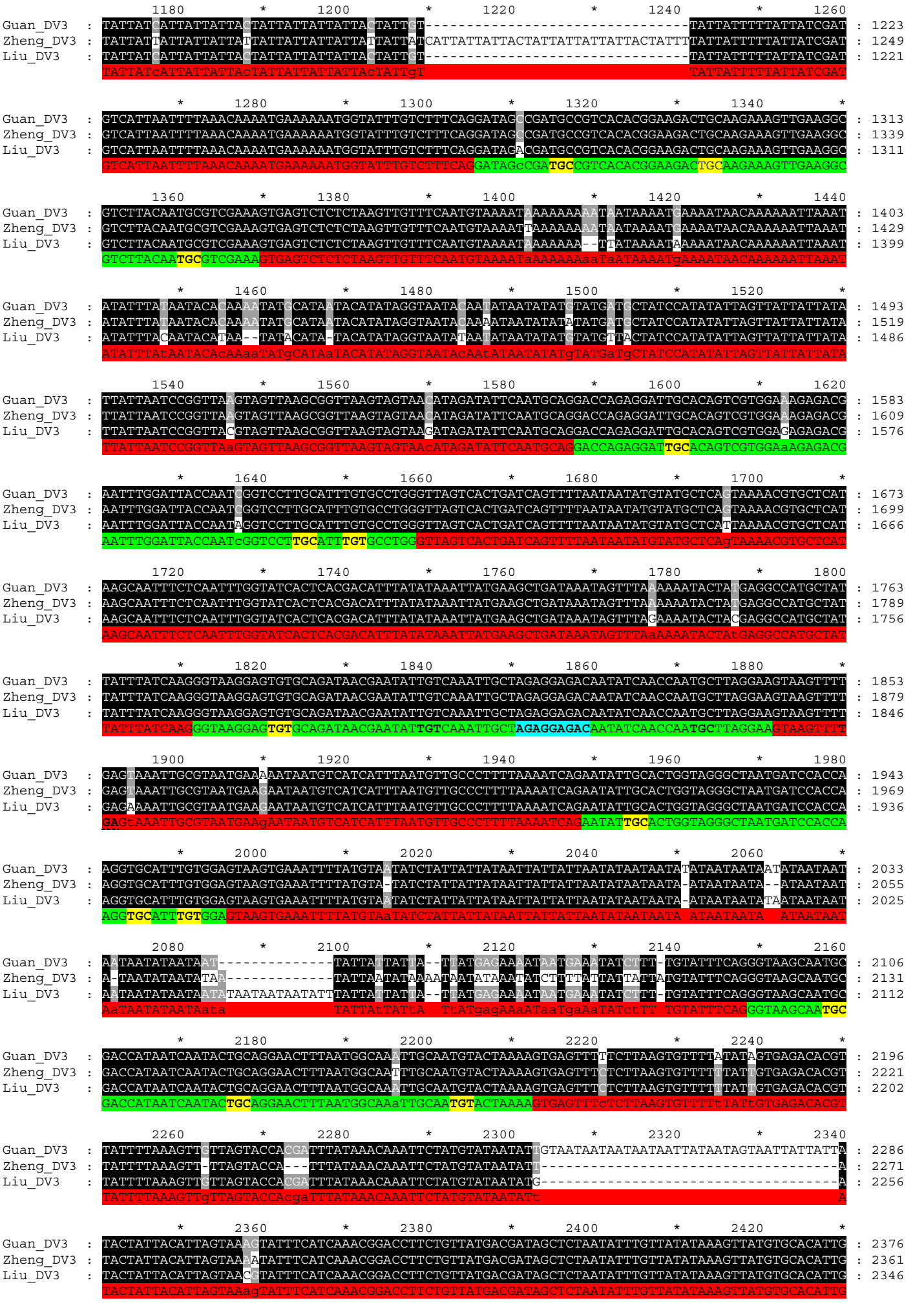
Figure S4A. Multiple sequence alignments of putative decorsin Hman_DV3 genes derived from the genome data of *H. manillensis* provided by Guan et al. (2020), Zheng et al. (2023) and Liu et al. (2023), respectively. The exons are labeled in green and the introns are labeled in red. Start and stop codons are marked in bold, the cysteine codons are marked in bold and yellow and the RGD motif encoding codons are marked in cyan and bold.






2440 2460 2480 2500 2520
Guan_DV3 : TTCTTAGGTTATTAATTTAGTTAAATTTAATTTGTAACAACTAAGTTAA-TTTGGCTATTAAAGGTTAATCCGCTGTAAACTATTATTTT : 2465
Zheng_DV3 : TTCTTAGGTTATTAATTTAGTTAAATTTAATTTGTAACAACTAAGTTAAGTTTGGCTATTAAAGGTTAATCCGTTGTAAACTATTATTAT : 2451
Liu_DV3 : TTCTTAGGTTATTAATTTAGTTAAATTTAATTTGTAACAACTAAGTTAA-TTTGGCTATTAAAGGTTAATCCGCTGTAAACTATTATTAT : 2435
TTCTTAGGTTATTAATTTAGTTAAATTTAATTTGTAACAACTAAGTTAA TTTGGCTATTAAAGGTTAATCCGcTGTAAACTATTATTaT
2540 2560 2580 2600
Guan_DV3 : ATTATTATTAAATGCAGTACCGAATCGTTGCGAAAAGATGGAGAAGGACAAACTCGGTCGCCCCATTAGTCCTTGCGTTTGTGGAATGGT : 2555
Zheng_DV3 : ATTATTATTAAATGCAGTACCGAATCGTTGCGAAAAGATGGATAAGGACAAACTCGGTCGCCCCATTAGTCCTTGCGTTTGTGGAATGGT : 2541
Liu_DV3 : ATTATTATTAAATGCAGTACCGAATCGTTGCGAAAAGATGGAGAAGGACAAACTCGGTCGCCCCATTAGTCCTTGCGTTTGTGGAATGGT : 2525
ATTATTATTAAATGCAGTACCGAATCGTTGCGAAAAGATGGAgAAGGACAAACTCGGTCGCCCCATTAGTCCTTGCGTTTGTGGAATGGT
2620 2640 2660 2680 2700
Guan_DV3 : TAGTCGTGGATCAAATTTGGTCATCGGAATGCTCTTACAAATCGTAATAATATTTTATTTAATTAGGCGATTTGATATTTAACATTCAAA : 2645
Zheng_DV3 : TAGTCGTGGATCAAATTTGGTCATCGGAATGCTCTTACAAATCGTAATAATATTTTATTTAATTAGGCGATTTGATATTTAACATTCAAA : 2631
Liu_DV3 : TAGTCGTGGATCAAATTTGGTCATCGGAATGCTCTTACAAATCGTAATAATATTTTATTTAATTAGGCGATTTGATATTTAACATTCAAA : 2615
TAGTCGTGGATCAAATTTGGTCATCGGAATGCTCTTACAAATCGTAATAATATTTTATTTAATTAGGCGATTTGATATTTAACATTCAAA
2720 2740 2760 2780
Guan_DV3 : ACGGTGTAAAATTTAGAA-TTAATTTAGAAGACCTTTATGAAATCGCAATCATTATTTACCAAGGGTCAGGTGTGTGAAAAGCACGAATA : 2734
Zheng_DV3 : ACGGTGTAAAATTTAGAAATTAATTTAGAAGACCTTTATGAAATCGCAATCATTATTTACTAAGGGTCAGGTTTGTGAAAAGCACGAATA : 2721
Liu_DV3 : ACGGTGTAAAATTTAGAA-TTAATTTAGAAGACCTTTATGAAATCGCAATCATTATTTACCAAGGGTCAGGTGTGTGAAAAGCACGAATA : 2704
ACGGTGTAAAATTTAGAA TTAATTTAGAAGACCTTTATGAAATCGCAATCATTATTTACcAAGGGTCAGGTgTGTGAAAAGCACGAATA
2800 2820 2840 2860 2880
Guan_DV3 : CTGTGATATGATACATGAAGATGCCACCAACTTTGCTTACCAAGTATGTTTCGTTTAGATTATGAAA-TAAACAATTATACGAAGATTT : 2823
Zheng_DV3 : CTGTAATATAACACATGAAGGTGCAACCAAAGTTTGCTTACCAAGTATGTTTCGTTTAGATTATGAAAATAAACAATTATACCAAGATTT : 2811
Liu_DV3 : CTGTGATATGATACATGAAGATGCCACCAACTTTGCTTACCAAGTATGTTTCGTTTAGATTATGAAA-TAAACAATTATACGAAGATTT : 2793
CTGTgATATgAtACATGAAGaTGCcACCAActTTTGCTTACCAAGTATGTTTCGTTTAGATTATGAAA TAAACAATTATACgAAGATTT
2900 2920 2940 2960
Guan_DV3 : AGCGATTAATTCTCACATTGATTTATATTAACGCTTTGATTGTCCCTAGAATATCTCCCGTGCAAACCGGGGTCAATTGTTCAGAAGAAA : 2913
Zheng_DV3 : AGCGATTAATTCTCACATTGATTTATATTA----TTTGATTGTCCTTAGAATATCTCCCGTGCAAACTAAAGTCAATTGTAGAGAAGAAA : 2897
Liu_DV3 : AGCGATTAATTCTCACATTGATTTATATTAACGCTTTGATTGTCCCTAGAATATCTCCCGTGCAAACCGGGGTCAATTGTTCAGAAGAAA : 2883
AGCGATTAATTCTCACATTGATTTATATTAacgcTTTGATTGTCCcTAGAATATCTCCCGTGCAAACcgggGTCAATTGTtcAGAAGAAA
2980 3000 3020 3040 3060
Guan_DV3 : TGTTTATGTGGTGTTAGTAATTA------TTACTAAC--AAACATTCTTTAGTATTGCCGATTAAGAGATAATTATTACATTAAAGTACC : 2995
Zheng_DV3 : TGTTTATGTGGTGTTAGTAACTAATACTGTTATTAACTTAACTATTCTTTAGTATTTCCGATTAAGAGATTATTATTATTAAAGTACC : 2987
Liu_DV3 : TGTTTATGTGGTGTTAGTAATTA------TTACTAAC--AAACATTCTTTAGTATTGCCGATTAAGAGATAATTATTACATTAAAGTACC : 2965
TGTTTATGTGGTGTTAGTAAtTA TTAcTAAC AAacATTCTTTAGTATTgCCGATTAAGAGATaATTATTAcATTAAAGTACC
3080 3100 3120 3140
Guan_DV3 : TAAAAATAACATTAAAATAAAGTTATCCATATCTTATACATGTAGAATAAGTCGTGCAACAAAGGAAAGAGATGCAAATCGATTAAAGGC : 3085
Zheng_DV3 : TAAAAATAATATTAAAATAAAGTTAGCCATATGTTATACATGTAGAATAAGTCGTGCAACAAAGGAAAGAAATGCAAATTGGTTAAAGGC : 3077
Liu_DV3 : TAAAAATAACATTAAAATAAAGTTATCCATATCTTATACATGTAGAATAAGTCGTGCAACAAAGGAAAGAGATGCAAATCGATTAAAGGC : 3055
TAAAAATAAcATTAAAATAAAGTTATcCATATcTTATACATGTAGAATAAGTCGTGCAACAAAGGAAAGAgATGCAAATcGaTTAAAGGC
3160 3180 3200 3220 3240
Guan_DV3 : GAAGAAAAATGCTTGGAAGGTTGTATACACATCTTCGTTTCTACATTGATGTTGTTAAAACATGAATTTGAGTTTTGGAATGATTATTAC : 3175
Zheng_DV3 : GAAGAAAAATGCTTGGAAGGTTGTATGCACACCTTCGTTTCTACATTGACGTTTTTGAAATATGAATTTGAGTTTTGGAATTATTATTAC : 3167
Liu_DV3 : GAAGAAAAATGCTTGGAAGGTTGTATACACATCTTCGTTTCTACATTGATGTTGTTGAAACATGAATTTGAGTTTTGGAATGATTATTAC : 3145
GAAGAAAAATGCTTGGAAGGTTGTATaCACAtCTTCGTTTCTACATTGAtGTTgTTgAAAcATGAATTTGAGTTTTGGAATgATTATTAC
3260 3280 3300 3320
Guan_DV3 : TATTAATAATGCTATTAATATTATTAGATTAATATTATTATTAATTCTATTATTTTCAGCTGGCAAAAAGAAGAAGGTATCCAAAAAATC : 3265
Zheng_DV3 : TATTAATTATGCTATTA--------------ATATTATTATTAATTCTATTATTTTCAGTTAGCAAAAAGAAGAAGATATCCAAAAAATC : 3243
Liu_DV3 : TATTAATAATGCTATTAATATTATTAGATTAATATTATTATTAATTCTATTATTTTCAGTTAGCAAAAAGAAGAAGATATCCAAAAAATC : 3235
TATTAATaATGCTATTAatattattagattaATATTATTATTAATTCTATTATTTTCAGtTaGCAAAAAGAAGAAGaTATCCAAAAAATC
3340
Guan_DV3 : CAGCAAAAATGCCTAATAA : 3284
Zheng_DV3 : CAGCAAAAATTCCGAATAA : 3262
Liu_DV3 : CAGCAAAACTTCCGAATAA : 3254
CAGCAAAAaTtCCgAATAA

Figure S4B. Multiple sequence alignments of putative decorsin Hman_DV3 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 RGD motifs are marked in cyan and bold. The signal peptide is underlined.

