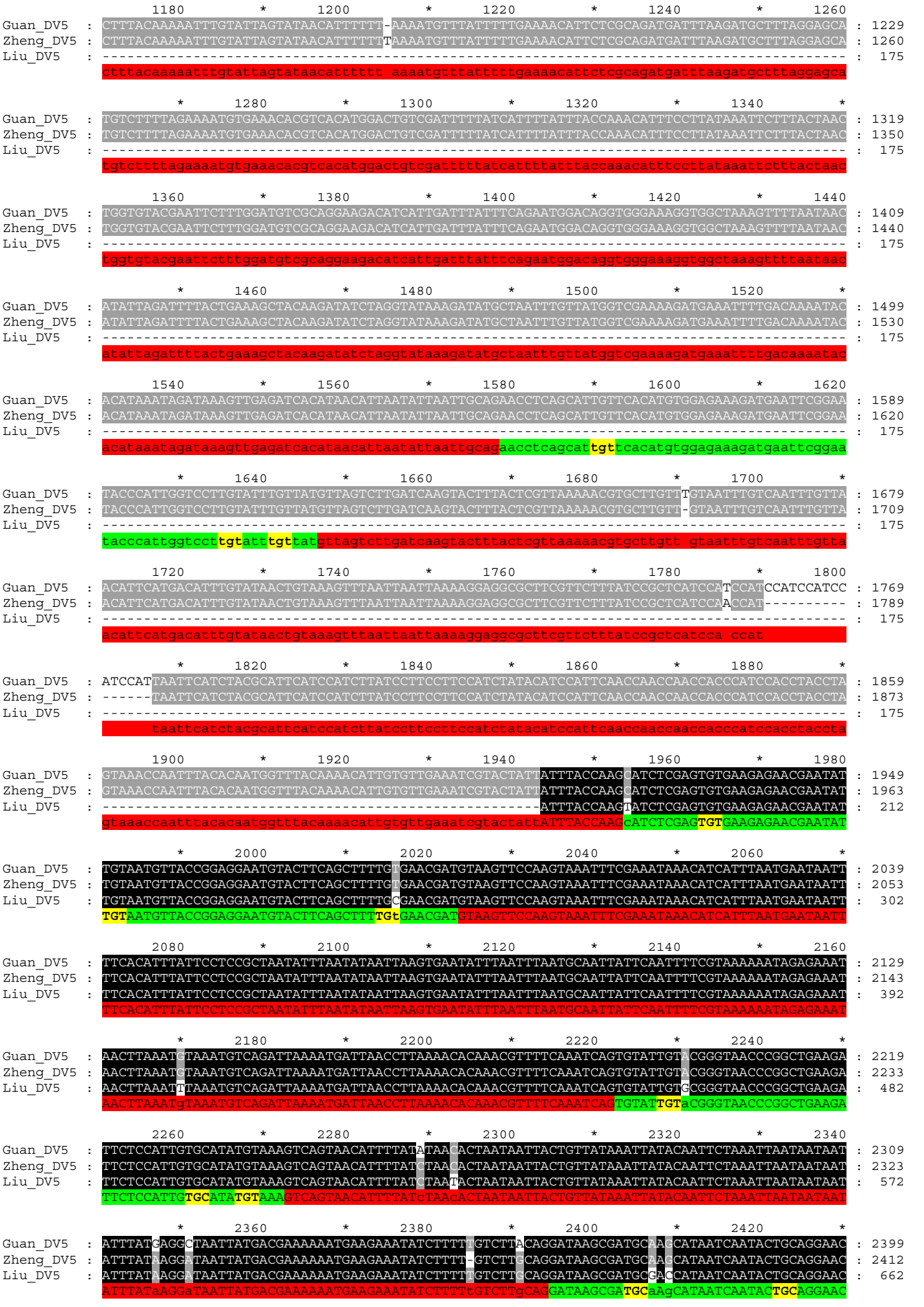
Figure S6A. Multiple sequence alignments of putative decorsin Hman_DV5 genes derived from the genome data of *H. manillensis* provided by Guan et al. (2020), Zheng et al. (2023) and Liu et al. (2023), respectively. The exons are labeled in green and the introns are labeled in red. Start and stop codons 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.





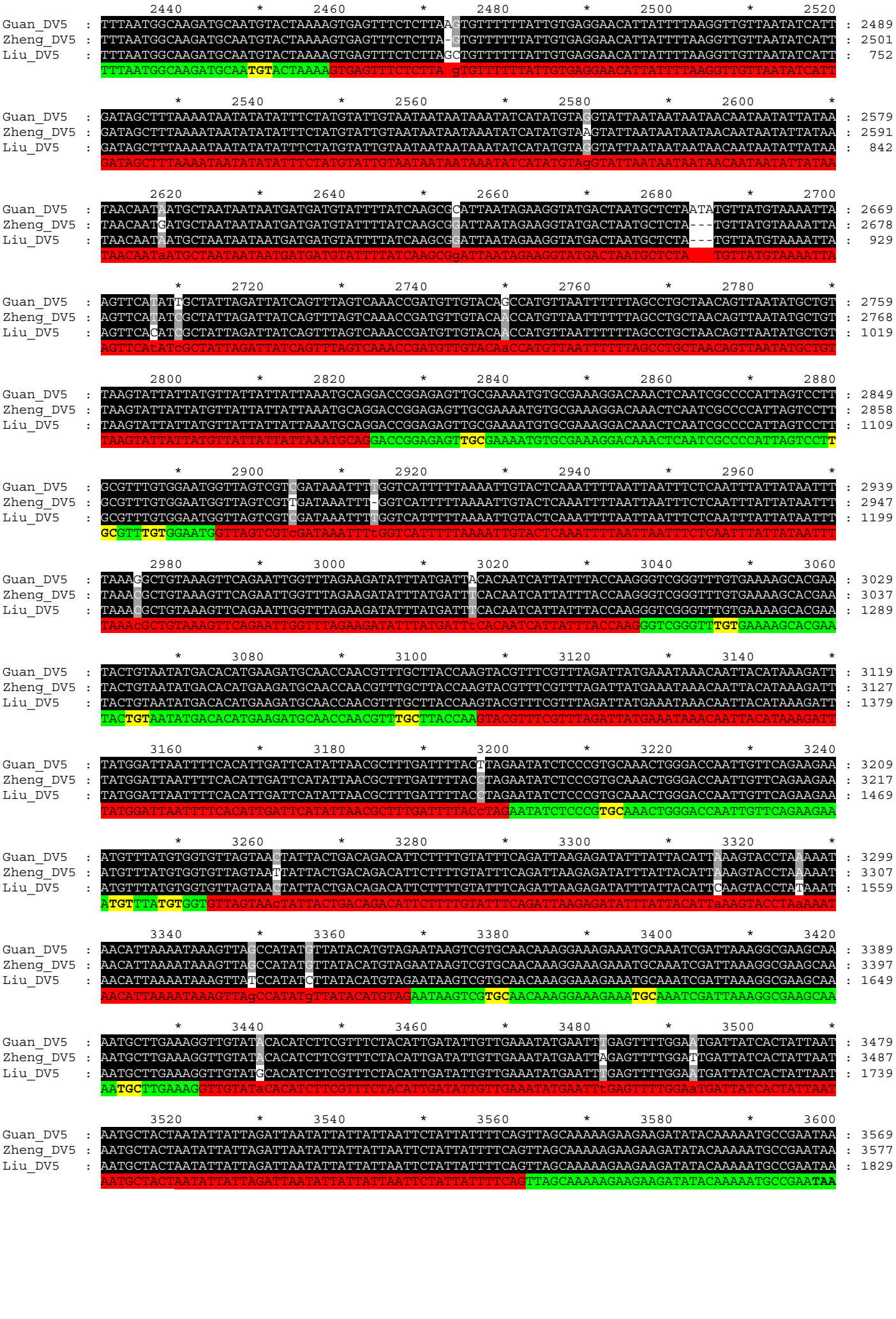

2440 * 2460 * 2480 * 2500 * 2520
Guan_DV5 : TTTAATGGCAAGATGCAATGTACTAAAAGTGAGTTTCTCTTAAGTGTTTTTTATTGTGAGGAACATTATTTTAAGGTTGTTAATATCATT : 2489
Zheng_DV5 : TTTAATGGCAAGATGCAATGTACTAAAAGTGAGTTTCTCTTA-GTGTTTTTTATTGTGAGGAACATTATTTTAAGGTTGTTAATATCATT : 2501
Liu_DV5 : TTTAATGGCAAGATGCAATGTACTAAAAGTGAGTTTCTCTTAGCTGTTTTTTATTGTGAGGAACATTATTTTAAGGTTGTTAATATCATT : 752
TTTAATGGCAAGATGCAATGTACTAAAAGTGAGTTTCTCTTA gTGTTTTTTATTGTGAGGAACATTATTTTAAGGTTGTTAATATCATT
* 2540 * 2560 * 2580 * 2600 *
Guan_DV5 : GATAGCTTTAAAATAATATATATTTCTATGTATTGTAATAATAATAAATATCATATGTAGGTATTAATAATAATAACAATAATATTATAA : 2579
Zheng_DV5 : GATAGCTTTAAAATAATATATATTTCTATGTATTGTAATAATAATAAATATCATATGTAAGTATTAATAATAATAACAATAATATTATAA : 2591
Liu_DV5 : GATAGCTTTAAAATAATATATATTTCTATGTATTGTAATAATAATAAATATCATATGTAGGTATTAATAATAATAACAATAATATTATAA : 842
GATAGCTTTAAAATAATATATATTTCTATGTATTGTAATAATAATAAATATCATATGTAgGTATTAATAATAATAACAATAATATTATAA
2620 * 2640 * 2660 * 2680 * 2700
Guan_DV5 : TAACAATAATGCTAATAATAATGATGATGTATTTTATCAAGCGCATTAATAGAAGGTATGACTAATGCTCTAATATGTTATGTAAAATTA : 2669
Zheng_DV5 : TAACAATGATGCTAATAATAATGATGATGTATTTTATCAAGCGGATTAATAGAAGGTATGACTAATGCTCTA---TGTTATGTAAAATTA : 2678
Liu_DV5 : TAACAATAATGCTAATAATAATGATGATGTATTTTATCAAGCGGATTAATAGAAGGTATGACTAATGCTCTA---TGTTATGTAAAATTA : 929
TAACAATaATGCTAATAATAATGATGATGTATTTTATCAAGCGgATTAATAGAAGGTATGACTAATGCTCTA TGTTATGTAAAATTA
* 2720 * 2740 * 2760 * 2780 *
Guan_DV5 : AGTTCATATTGCTATTAGATTATCAGTTTAGTCAAACCGATGTTGTACAGCCATGTTAATTTTTTAGCCTGCTAACAGTTAATATGCTGT : 2759
Zheng_DV5 : AGTTCATATCGCTATTAGATTATCAGTTTAGTCAAACCGATGTTGTACAACCATGTTAATTTTTTAGCCTGCTAACAGTTAATATGCTGT : 2768
Liu_DV5 : AGTTCACATCGCTATTAGATTATCAGTTTAGTCAAACCGATGTTGTACAACCATGTTAATTTTTTAGCCTGCTAACAGTTAATATGCTGT : 1019
AGTTCAtATcGCTATTAGATTATCAGTTTAGTCAAACCGATGTTGTACAaCCATGTTAATTTTTTAGCCTGCTAACAGTTAATATGCTGT
2800 * 2820 * 2840 * 2860 * 2880
Guan_DV5 : TAAGTATTATTATGTTATTATTATTAAATGCAGGACCGGAGAGTTGCGAAAATGTGCGAAAGGACAAACTCAATCGCCCCATTAGTCCTT : 2849
Zheng_DV5 : TAAGTATTATTATGTTATTATTATTAAATGCAGGACCGGAGAGTTGCGAAAATGTGCGAAAGGACAAACTCAATCGCCCCATTAGTCCTT : 2858
Liu_DV5 : TAAGTATTATTATGTTATTATTATTAAATGCAGGACCGGAGAGTTGCGAAAATGTGCGAAAGGACAAACTCAATCGCCCCATTAGTCCTT : 1109
TAAGTATTATTATGTTATTATTATTAAATGCAGGACCGGAGAGTTGCGAAAATGTGCGAAAGGACAAACTCAATCGCCCCATTAGTCCTT
* 2900 * 2920 * 2940 * 2960 *
Guan_DV5 : GCGTTTGTGGAATGGTTAGTCGTCGATAAATTTTGGTCATTTTTAAAATTGTACTCAAATTTTAATTAATTTCTCAATTTATTATAATTT : 2939
Zheng_DV5 : GCGTTTGTGGAATGGTTAGTCGTTGATAAATTT-GGTCATTTTTAAAATTGTACTCAAATTTTAATTAATTTCTCAATTTATTATAATTT : 2947
Liu_DV5 : GCGTTTGTGGAATGGTTAGTCGTCGATAAATTTTGGTCATTTTTAAAATTGTACTCAAATTTTAATTAATTTCTCAATTTATTATAATTT : 1199
GCGTTTGTGGAATGGTTAGTCGTcGATAAATTTTGGTCATTTTTAAAATTGTACTCAAATTTTAATTAATTTCTCAATTTATTATAATTT
2980 * 3000 * 3020 * 3040 * 3060
Guan_DV5 : TAAAGGCTGTAAAGTTCAGAATTGGTTTAGAAGATATTTATGATTACACAATCATTATTTACCAAGGGTCGGGTTTGTGAAAAGCACGAA : 3029
Zheng_DV5 : TAAACGCTGTAAAGTTCAGAATTGGTTTAGAAGATATTTATGATTTCACAATCATTATTTACCAAGGGTCGGGTTTGTGAAAAGCACGAA : 3037
Liu_DV5 : TAAACGCTGTAAAGTTCAGAATTGGTTTAGAAGATATTTATGATTTCACAATCATTATTTACCAAGGGTCGGGTTTGTGAAAAGCACGAA : 1289
TAAAcGCTGTAAAGTTCAGAATTGGTTTAGAAGATATTTATGATTtCACAATCATTATTTACCAAGGGTCGGGTTTGTGAAAAGCACGAA
* 3080 * 3100 * 3120 * 3140 *
Guan_DV5 : TACTGTAATATGACACATGAAGATGCAACCAACGTTTGCTTACCAAGTACGTTTCGTTTAGATTATGAAATAAACAATTACATAAAGATT : 3119
Zheng_DV5 : TACTGTAATATGACACATGAAGATGCAACCAACGTTTGCTTACCAAGTACGTTTCGTTTAGATTATGAAATAAACAATTACATAAAGATT : 3127
Liu_DV5 : TACTGTAATATGACACATGAAGATGCAACCAACGTTTGCTTACCAAGTACGTTTCGTTTAGATTATGAAATAAACAATTACATAAAGATT : 1379
TACTGTAATATGACACATGAAGATGCAACCAACGTTTGCTTACCAAGTACGTTTCGTTTAGATTATGAAATAAACAATTACATAAAGATT
3160 * 3180 * 3200 * 3220 * 3240
Guan_DV5 : TATGGATTAATTTTCACATTGATTCATATTAACGCTTTGATTTTACTTAGAATATCTCCCGTGCAAACTGGGACCAATTGTTCAGAAGAA : 3209
Zheng_DV5 : TATGGATTAATTTTCACATTGATTCATATTAACGCTTTGATTTTACCTAGAATATCTCCCGTGCAAACTGGGACCAATTGTTCAGAAGAA : 3217
Liu_DV5 : TATGGATTAATTTTCACATTGATTCATATTAACGCTTTGATTTTACCTAGAATATCTCCCGTGCAAACTGGGACCAATTGTTCAGAAGAA : 1469
TATGGATTAATTTTCACATTGATTCATATTAACGCTTTGATTTTACcTAGAATATCTCCCGTGCAAACTGGGACCAATTGTTCAGAAGAA
* 3260 * 3280 * 3300 * 3320 *
Guan_DV5 : ATGTTTATGTGGTGTTAGTAACTATTACTGACAGACATTCTTTTGTATTTCAGATTAAGAGATATTTATTACATTAAAGTACCTAAAAAT : 3299
Zheng_DV5 : ATGTTTATGTGGTGTTAGTAATTATTACTGACAGACATTCTTTTGTATTTCAGATTAAGAGATATTTATTACATTAAAGTACCTAAAAAT : 3307
Liu_DV5 : ATGTTTATGTGGTGTTAGTAACTATTACTGACAGACATTCTTTTGTATTTCAGATTAAGAGATATTTATTACATTCAAGTACCTATAAAT : 1559
ATGTTTATGTGGTGTTAGTAAcTATTACTGACAGACATTCTTTTGTATTTCAGATTAAGAGATATTTATTACATTaAAGTACCTAaAAAT
3340 * 3360 * 3380 * 3400 * 3420
Guan_DV5 : AACATTAAAATAAAGTTAGCCATATGTTATACATGTAGAATAAGTCGTGCAACAAAGGAAAGAAATGCAAATCGATTAAAGGCGAAGCAA : 3389
Zheng_DV5 : AACATTAAAATAAAGTTAGCCATATGTTATACATGTAGAATAAGTCGTGCAACAAAGGAAAGAAATGCAAATCGATTAAAGGCGAAGCAA : 3397
Liu_DV5 : AACATTAAAATAAAGTTATCCATATCTTATACATGTAGAATAAGTCGTGCAACAAAGGAAAGAAATGCAAATCGATTAAAGGCGAAGCAA : 1649
AACATTAAAATAAAGTTAgCCATATgTTATACATGTAGAATAAGTCGTGCAACAAAGGAAAGAAATGCAAATCGATTAAAGGCGAAGCAA
* 3440 * 3460 * 3480 * 3500 *
Guan_DV5 : AATGCTTGAAAGGTTGTATACACATCTTCGTTTCTACATTGATATTGTTGAAATATGAATTTGAGTTTTGGAATGATTATCACTATTAAT : 3479
Zheng_DV5 : AATGCTTGAAAGGTTGTATACACATCTTCGTTTCTACATTGATATTGTTGAAATATGAATTAGAGTTTTGGATTGATTATCACTATTAAT : 3487
Liu_DV5 : AATGCTTGAAAGGTTGTATGCACATCTTCGTTTCTACATTGATATTGTTGAAATATGAATTTGAGTTTTGGAATGATTATCACTATTAAT : 1739
AATGCTTGAAAGGTTGTATaCACATCTTCGTTTCTACATTGATATTGTTGAAATATGAATTtGAGTTTTGGAaTGATTATCACTATTAAT
3520 * 3540 * 3560 * 3580 * 3600
Guan_DV5 : AATGCTACTAATATTATTAGATTAATATTATTATTAATTCTATTATTTTCAGTTAGCAAAAAGAAGAAGATATACAAAAATGCCGAATAA : 3569
Zheng_DV5 : AATGCTACTAATATTATTAGATTAATATTATTATTAATTCTATTATTTTCAGTTAGCAAAAAGAAGAAGATATACAAAAATGCCGAATAA : 3577
Liu_DV5 : AATGCTACTAATATTATTAGATTAATATTATTATTAATTCTATTATTTTCAGTTAGCAAAAAGAAGAAGATATACAAAAATGCCGAATAA : 1829
AATGCTACTAATATTATTAGATTAATATTATTATTAATTCTATTATTTTCAGTTAGCAAAAAGAAGAAGATATACAAAAATGCCGAATAA

Figure S6B. Multiple sequence alignments of putative decorsin Hman_DV5 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 motif is marked in cyan and bold. The signal peptide is underlined.

