

**Table S1.** Promoter sequences

Promoter	Sequence (5'-3')
pYAO (AT4G05410)	gatgggaaattcattgaaaaccctaaacccaatcaacagctgcaattcaaaaggggactaattgacaacaaaaattgatacaata gaggtagggggagagtttcgtacgcgacaatgagattgagctcttgaggacttgtaagttccaacgcacgagtgagtgacactggt cggttgtgagccgtaacaacgtagttccatgagctactctctctcttctgctccaggaatttgagttcactttctacgcgagggccct cgaggaagcttagatttctgaatcgagcttccggaatttaacatagagaagttagagagagaatgaaaagccaaaggaggcgaaa atcgaacaaggaagaagaaagacaacttgcacaaagactggcggcgttttgtagacaattgaaattagatggatggtccggttc ggtatactataagattaaaaacagtttaaatcagctaaaccgaaactcattgattttatataaccggaaatcatccgattcagattgtaaaa aataccgaaattgaaaacactaaacaaaaactgtattaaactgttactgaaataagagaatctccaattcggttacgtactactctcag aatcagaacaaaaattcagaaatcggattgaacaaactaaattgacggtcgggttagctctcggctctacaaattaaaggccaagt ttctgctttaaaagaacgaaatagttaatgggctcaaaccatagaccaggtaagtcatgggcttggttagtcgggtcaaccggtagac ccgattcctgaagaaaactagtggaaggtttaagtgttaaacttccgaccaaataacaaaaatcgtttccagcttctccgctgccact aaacctgaggctaaacctagacgagtaaaagtgtaaaatcgttaaaccctaagaggagtgagagagagaagaatgaagtacaaca acgagaagaagaaggagtcgag
pHEE2E-TRI (Addgene:71288)	gaataaaagcatttgcgtttggtttatcattgcgtttatacaaggacagagatccactgagctggaatagcttaaaaccattatcagaacaa aataaacattttttgtaagaatcagagcatagtaaacacagaacaaacctaagagaggtaactgtccaagaagatagctaattatat ctattttataaaaagttagcatagtttgaagtcaaaaagatgcaataacagagaaactaggagacttgagaatatacattctgtatattg tattcgagattgtgaaaattgaccataagtttaaatcttaaaaagataatctgatctaggtgatggttatagactgtaattttaccacatgtt taatgatggatagtgacacacatgacacatcgacaacactatagcatcttatttagattacaacatgaaatcttctgtaatacatgtctttgta cataatttaaagtaattcctaagaaataattatatacaaggagtttaagaaaacatagcataaagtcaatgagtagtaaaaacatata cagtataatagcataaagttcaatgagttattacaaaagcattggttcactttctgtaacacgacgttaaaccctcgtctccaataggagcgct actgattcaacatgccaatatataactaaatcgtttctacagtcacaaatgcttaacggtttcatgattaagtgacttttaccgtaactctttccca ttctcccactaatccaacttttaattactcttaaatcaccactaagctagtaacgcctatcatgaaattagctctactaaactagcaaccttca aattgagctattgaggtgtctgtctttaaataagttgcttatgattctcggttcaagatgataaatagttatagatttcatgctca cacatgctcattagatgtgtacactttacttaccacaaatctatcttctcgaagatttgatggtaaagctgatttgggtctattgaactaaat caaacgagttcagactgagtgattctaaccggccattagccctaacagaccactaattacgcagcttttaataagagtaattacacct agttaccactaaaccactaagcactaattatctcaaatctaatgagctccctcgtaattacttgggcttctactctaccatttattgtaaca gtcaagtctctactgtctctataaaactctctaaagttaacacacaattctcatcaaaaacaaatcaaccaaagcaacttctacttctctt cgacctatcaatctgttgagaa
pSCR (AT3G54220)	aatttgaatccattctcaaagcttgcgaatctgcgttcgaaattcgaaaaccctaacgactttggagattcaaatgagcgaatctctatg aaaagtggaatttacctggaagtccgattgagaggagaggattgaccggagagagaccggagaaagatgggagtgaggagaaag agattgggagacgaagagtaaccggacggcgagaagcaggaaggtaatcggagtgatgcggaggaggaaagagctgatttga gagaagacatactccagactctgctcaggaatctgtaggagtcgcaattgcatggcaatggaatcgccattagattgtatcctctgc aaciaagcggatttctggtgtgaaatggataaggatagaggaagaggactttgtttatcagaaacctttgatggccttaattgggc ctataaactgtaactctgtagcgttgcacaacagagacttttaaggttttgtgccaacagatattgcaattgggctatgtaattgag aattatttataatgtatgtattgctagatattgttaagtgcatttggattacaacatttcatttttttggtttaattgagcatttctattat agagactttgatgtaataaatggtgttctaagatataataaaatatttataactttcttaaaattggataaattttgggaaaatccttaatac agttaaattgaagataaagagtataaaaaaactatgtagtaaaatcatttccattttttgtgtataatagtagtattctgtaagat cactcaaaaattaacaaatgaagtcaaaaaggcgaaaaagactattcaaatatggacttggagaaagacattcagctttttacgctgaga aacttcatattgagccgtgtgtgtgtgtgaagagaagtaaaaaataattgaagtgaaggaaggaagaaaaataagatcgt agaaagcgtggatggttcttctgggtcactgccatgcgattataaattggccatggggctagtggtttgacgtacaaaagtctaaaatt gtcagtaaacagggtcaaaaactttgtaagaaaaataataataatagcaaaatttcaaaaattgttaaaaaagaacaaaaggga agatgaggatgagatgaaagcaaaatgtaaacactagttcagatttatcgggaactggggttgacagttggtgtatgtatgtaatg gcctctcaaaaacatgtgcatcttttctttttgtattactgttttagctctacgtcttccaattcctcaagtaaaatgcctttaatg

---

atactaataacaaggggactaatgcttttcccttttcttatcctgttttctctaaatcttacttggattcctttatcttctctcttagattag  
tacggtttaaggaataaccatcttctaatttagcacaataatgcaagtgggtgccccatcttagtaagcacatcgaccacacttggattgtgt  
gagagacttctcatccatctctcataccaacctaatacaatgactagtggtgcaacctgctgactccatagaccataactaataaac  
ggttatgaatccaactcatgtagctctatagaatagaaacccattcattacataatgaactgaatctgacattttatcatcatttactact  
caatgttaattagcaagatcatcttttctatttcaacaatgtgatctccataatftaactttgtcatacatcataatcttgaatgtg  
ttatatattgtaccggtccacgaaatagagctctatttatagaccaacaacaataatcttctgtggttagttcgagagagaggt  
caagaagaacgaaatggatcggcaaacggaagacgtcaaacacacacgacgaacatccgatccccactaatcttctccatctt  
tatttttcaaaaactcaaatlaaagaagaaaaaacagaacagagagagaaagagtaagatgaatagagatagaaagagtc  
tfaatgtcgaagcgacattcacaataatcgaaaggtggaagcgcacttagatcggccaggcttctctctctctctcaat  
taccctaacccttttccgggattcatctcaaccacatcttcaaatctcaccctcactgagttttgcttttctctcatcggagatc  
gtgaagacgatcaagtaattgaatcccaccattgataaaagagcttagcttttctactaccaaccttttctgttggaaatctcgatctt  
ggatttaacccttttctacttattataacctgcaatctcaccaccaacaaccctcaatctcc

pDMS3 (AT3G49250)

accgataaaatgaaaatcattaacggagtcacgtgggggtcgggttaaacgccgtaagtgttttacgaagttcacgaggtttctactttgt  
cttctctattttaaaccgaatcgcttttattccattgttataaagtcttctgacatttgaatgatcgaattctgtattacataattgtatctct  
atataaaatattattgacttttcttaaatttggactgtggacctattatgtttacatattttgatgagaagatgccataattcgaatata  
atgtactagtgtaatctgaggaaatcaagttgaagccaatacactttggaattataattaaaaacaaaaaaactataattctataaa  
taatttactatttactaattagtttgataaaatcagttttaaataacttttattgtatggttaaatatgctacttaacaaaatattttaaata  
tatattcatgagattatccttcttataatcgagcttaaaataaactattggtcacaatgataataatgacattatacataaagttctgattta  
tatgattaacattggaacatgagtttgaagcaatattatccgacacattttaaagaatgaacgaaaaattaaaggttcattcgtttagg  
tatacatacagaatttactcaagaactcaaaaacttgatataaaatcaaatgatccgatcattgtcttaagatgaaattaaagaga  
gaaaaaaacacaaaaatgaaatgtgcagttgtttaaatacggcgacctaactttcttatgaggaccaagacctacaccactcca  
aaatggaccactttcgatttctactactttagaggtctcacaatccacagtagtctaaactatttttttaagcataaacaagctgg  
aattcatttttttcttctaatgtaatacaagcttaaatcaacattcctataaaaatgtaataatgataatgtttaggcaaaaacataaca  
tcatgtcacatgattttttaaataagaaaccagtacggcgtcgaacatcgatacacagagctgtttcctaacgaacctaacgcatgac  
acagaactagtgaatttgaagataaaaaactggttgacatgtatcggtatcgaactcaaatcagagaaattacctctggtcgggtttttc  
attatcaaaactaatgctcaaaagtgaagagtcaggctcagaaggaggtatgaagcacaagcccacttggaaatctccgaagattatt  
gggccttaataagccgaaaaatataattgaatgataaaagaaacttttctacatttttggcaaaatcgttcttttattattggtgtatt  
ttaaattagtttaattacttcaacaatggctgttttctccagaagaacactaaagacaaaaattaaacctcacactcacagagaccgga  
gaagaagcagagagaaagagagagagagattcaccggtgataacattgaagcagaagattctcgggtgataacattgaagctga  
ggagca

pCLV3 (AT2G27250)

cggattatccataataaaaacaaaactagatcattttctaagtacattaacacataagaatatcattttgtactaccaaaaaaaagtaaa  
aacttatgtccatggtattattataattggtgtaaatcagtaaattagttgtagcaaaaaataaaatttagttaaagtagtgccacctt  
attggcccaaaagagtaacgaagcaaaacggaatctgaaaactgttaaaacttaaagaatagataaattgagataataatcgatgac  
ggacggctgtgatctgatccatcggtgggcacgtgtcagaaggtactccaggatcattctctctgctcatgacatcagccgatggt  
accctcgatcggcgccggaaggctcataatccattcaatttatgttttctgctagcaaatagattgaccattgattgactctcaata  
atattatccgattaaggtatcatccatattgtcaatataatttaagcatataactgtttccagattaaacaatataattataagagcaactgta  
atacttactttaaagtttcaaatcagaatctcttttctcaaaatctggaacaatttaacatattgttttttttcttctctcata  
tttagatgctattattattgtgacacaagcttagtttaattcttgggttacatttttttctaaatacacaatattatattgtaataattttc  
acacatttctagaagaaatctaaatataatgaaattatattataaaagaagtctaaactatataatgatttaaattggaatttaaatatggg  
tagtaataatagaacacattgatataatagatgtgctgggtccgtatacactgttgattatagtaacctatataatggtataacctagt  
caatgtgtacgggtattttcatatgtattagttggaacctccacagcatgtagacttaggaattaattataactgaaccagaactttgagct  
aattataccctgccgtttatacaactttgaatattgattccagttgctaatttaataagttaaaggaacaaaaactgcaagtaagtga  
aaatacacaattgaaatgtaagatttagatatttaattattatagctaaatcatgaacaagttctgataagatctagatataatgaccatatac  
cttttctatgccactatatacttactacacataatataaacaacaaaatattgaaatgtaataactatgatacagtttaggacaa

---

---

ataaaatfaaaaaataggagatccatttctcgcccttgtaggcttacgctataaattggactgtcccttctcatttaccacaaagtaaag  
aacagttctatatttctctttatctctcactcagtcactttctctctaaaa

pRPS5A(AT3G11940)

ccataatcgtgagtagatataattactcaacttttgattcgctatttgacgtgacactgtggcggtcatcacatctttgtgacactgtttgactg  
gtcattgctattacaaaggaccttctgatgttgaaggagatcgaagtaagtaactgcacgcataaccattttcttcgctctttggctcaa  
tccatttgacagtcaaagacaatgttaaccagctccgttgatataattgtctttatgtgtttgtcaagcatgttagtaatcatgcctttgatt  
gatcttgaatagggtccaaatatcaacctggcaacaaaacttgagtgagaacattgattcctcggttctggacttctgtagtaaafta  
tgtttcagccatcactagctttctacatgcctcaggtgaattcatctatttccgtcttaactattcggtaattaaagcacgaacaccattact  
gcatgtagaagctgataaactatgccaccaattttttgttgcgataattgttactttctcagatgcagctttgaaaagaccaacctt  
atccttaacaatgaacagggttttagaggtagcttgatgattcctgcacatgtgatcttggcttcaggcttaattttccaggtaaagcattatg  
agatactcttatactctacatactttgagataatgcacaagaacttataactatgcttttagttctgcatttgacactgccaattcatta  
atctctaatactttgttggatctttgtagacatgggtactagaaaaagcaactacaccaaggtaaaaaactttgtacaacataaact  
cgttatcacggaacatcaatggagtgatatacgaagtgtagaaactttgattattgcaggaagctatctcaggatattatcggttat  
atggaatcttctacgcagagatctgttattcccttctctagcttcaattcatggtgaggatgcagttttctgtatatacttctctc  
ttctttagcttggagcaaaaatcggttctctcatgtacatacatcaaggatgtccttctgaattttatatacttgaataaaaaatgctgtac  
caattgaaacaccagcttttgagttctatgatcactgacttggcttaaccccccccccccccaatgttaattacatactaaaagtaggtt  
agggaaacctaacagtaaaaatattgtataattcgaattcactcatataaaaacttaattgcaccataaaaattttgtttactattaatg  
atgtaattgtgtaactaagataaaaaataattccgtaagtaaccggctaaaaccagtaaaaaccagggaaacctgttaaacgggttct  
tactggataaagaatgaaagcccatgtagacagctccattagagcccaaacctaaatttctcatctataaaaaggagtgacattaggg  
ttttgtctcctctaaagcttctgttttctctgccgtctctcattcgcgcagcgaacagatctcagggtgatcttcttccaatctct  
ctcataactctgattctgactgtgtattgagctcagctctgtttctctcaccacagccg

pUBQ10(AT4G05320)

agtctagctcaacagagcttttaacccaaatgggtacaatagaatacaactttagatcataatttcaaaagaaagagattccttagctattct  
atctgccactccatttctctcggctgtatgcacaagcataaaatcctcaaaactgctaagtagatactttatgtcttggataattggattga  
gacttgacaagcataacttcatgtaacaaaagacacaagttgctgagaatccacctcaaaaatgatcttctataattgaaatcgggataat  
gacagcacagcccatcaagagctccacttctactccagcagcttctactttaccacagcttgcacctaacataacaccttccctgt  
atgatcgcgaagcaccaccctaaagccacatttaacttctgttggccatgcccatcaaaagttgacttaaccaagattgtgtgggag  
cttccatgtttctgtctgtcccagcgggtgtgtgggtgcttcttacttctgagccttcttcttaaccactcatctgcacttctgt  
gtccttactaataactcattgggtccaaatccctcccttaagcaccagctcgtttctgttctccacagcctccaagatccaagggactaaa  
gcctccacattctcagatcaggatattctgtttaaagatgtgaactctatggagggttgtatgaaactgatctaggaccggataagttcc  
cttctcatagcgaacttcaaaagatgtttgtgatcattctgttacattgttataatgaaaaatatttggctattggactgaacacg  
agtgttaaatatggaccaggcccaaaataagatccattgatataatgaaataacaagaataaaatcgagtcaccaaacacttgcctttt  
taacgagacttgttccaacttgatacaaaagtcattatcctatgcaaatcaataatcatacaaaaatccaataacactaaaaaattaaa  
agaaatggataattcacaatatttatagataaagaagttactttccaagaaatcactgatttataagcccacttgcattagataaatg  
gcaaaaaaaaacaaaaggaaaagaataaagcacgaagaattctagaaaatagaaaatcagcttcaatgcagtgaggaccacgggt  
caattattgccaatttctcagctccaccgtatattaaaaataaaaacgataatgctaaaaaaaataaaatcgaacgatcgttaaatctcaacg  
gctggacttatgacgaccgttagaaattgtggtgtcgcagagtcagtaataaacggcgtcaaaagtggtgcagccggcacacacgagt  
cgtgtttatcaactcaaaagcaaaaacttttctcaacataaaaataaggcaattagccaaaacaacttgcgtgtaaacacgctcaata  
cacgtgtcattttattatagctattgcttaccgccttagcttctcgtgacctagctcgtctcttcttcttcttctataaaacaataccc  
aaagagcttcttctcacaattcagattcaatttctcaaaaacttcaaaaacttctctcaattctctaccgtgatcaaggtaaatctctgt  
tccttattctcaaaaatctcgatttgtttcgttcgatcccaattctgtatattcttggtttagattctgttaactcttagatcgaagacgatt  
tctgggtttagctgtagatcatcttaattctcgattagggttcatagatcatccgatttgcataaattttagtttgcgaataatta  
ctctcagtttgcatttctatctagatcgtgtttagttctagtttgcgatcgaatttgcgattaactcagttttctgattaacag

---

**Table S2.** Primer sequences

<b>Primer</b>	<b>Sequence (5'-3')</b>
pYAO FWD	gaggcgcgccacgcgtgatggaaattcattgaaaacc
pYAO REV	ccaacatggacgcgtctcgactccttcttctctcg
pHEE2E-TRI FWD	gaggcgcgccacgcgtgaataaaagcatttgcgttg
pHEE2E-TRI REV	ccaacatggacgcgttctcaacagattgataaggtc
pSCR FWD	gaggcgcgccacgcgtaatttgaatccattctcaa
pSCR REV	ccaacatggacgcgtggagattgaagggttgttg
pDMS3 FWD	gaggcgcgccacgcgtaccgataaaatgaaatcattaac
pDMS3 REV	ccaacatggacgcgttctcctcagcttcaatgttatac
pCLV3 FWD	gaggcgcgccacgcgtcggattatccataataaaaacaaaac
pCLV3 REV	ccaacatggacgcgttttagagagaaagtgactgagt
pRPS5a FWD	gaggcgcgccacgcgtccataatcgtgagtagatataactcaac
pRPS5a REV	ccaacatggacgcgtcggctgtggtgagagaaacag
pUBQ10 FWD	ccaacatggacgcgtctgtaatcagaaaaactcag
pUBQ10 REV	cctcaggcgcgccacgcgtagtctagctcaacagagct
trbcS-E9 FWD	gcggccgccaccgcggtggagagcttctggtatcatcg
trbcS-E9 REV	agtgtcgtgctccaccatgttgggtgtcaatcaattggcaagtc
tHSP18.2 FWD	gcggccgccaccgcggtggatatgaagatgaagatgaaa
tHSP18.2 REV	agtgtcgtgctccaccatgttggcttatttcaatcatattcc

Table S3. Terminator sequences

Terminator sequence	Sequence (5'-3')
trbcS-E9 (Addgene:71288)	agagctttcgttcgtatcatcggtttcgacaacgttcgtcaagtcaatgcatcagttcattgcgcacacaccagaatcctactga gttgagtattatggcattgggaaaactgttttctgtaccattgttgcttgaattactgtgttttattcggtttcgctatcg aactgtgaaatggaaatggatggagaagagttaatgaatgatatggctctttgttcattctcaaattaatattttgttttctct tattgttggtgtgaattgaaattataagagatatgcaaacattttgttttgagtaaaaatgtgtcaaatcgtggcctctaatga ccgaagtaatatgaggagtaaaactttagttgtaccattatgcttattcactaggcaacaaatattttcagacctagaaa agctgcaaatgttactgaatacaagtatgtcctctgtgttttagacattatgaacttcctttatgtaattttcagaatcctgtca gattctaatactgcttataattatagttatactcatggattgtagttgagatgaaaaattttttaatgcattttatgactgcaa ttgattgacaac
tHSP18.2 (At5G59720)	atatgaagatgaagatgaaatattgggtgtgcaataaaaagcttgtgtgcttaagttgtgttttttctggcttgtgtgtat gaattgtggcttttctaataattaaatgaatgtaagatcattataatgaataaacaatgtttctataatccattgtgaatgttt gttgatcttctgcagcatataactactgtatgtgctatggatggactatggaatatgattaagataag