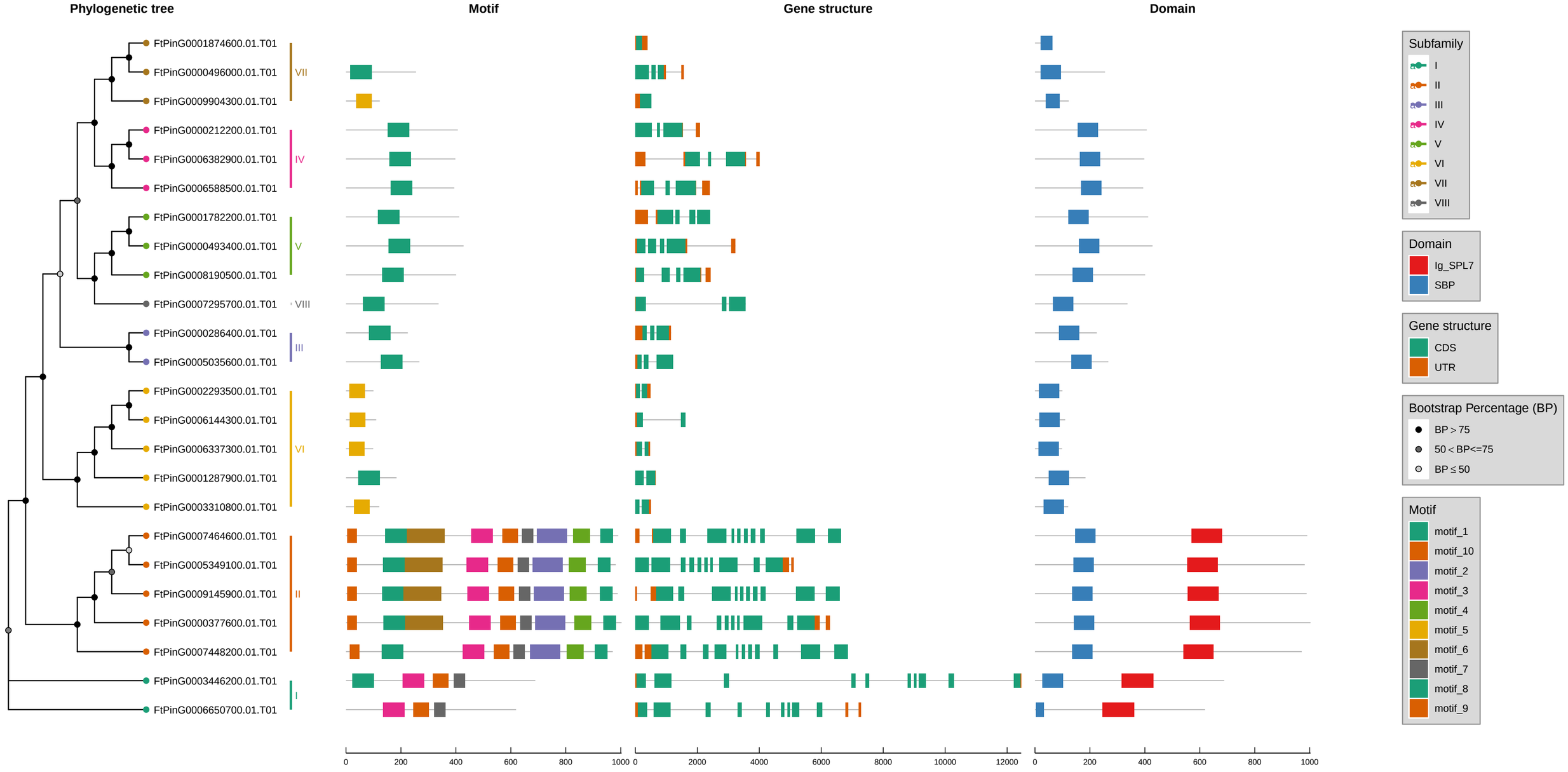

Phylogenetic tree
Motif
Gene structure
Domain
FtPinG0001874600.01.T01
FtPinG0000496000.01.T01
FtPinG0009904300.01.T01
FtPinG0000212200.01.T01
FtPinG0006382900.01.T01
FtPinG0006588500.01.T01
FtPinG0001782200.01.T01
FtPinG0000493400.01.T01
FtPinG0008190500.01.T01
FtPinG0007295700.01.T01
FtPinG0000286400.01.T01
FtPinG0005035600.01.T01
FtPinG0002293500.01.T01
FtPinG0006144300.01.T01
FtPinG0006337300.01.T01
FtPinG0001287900.01.T01
FtPinG0003310800.01.T01
FtPinG0007464600.01.T01
FtPinG0005349100.01.T01
FtPinG0009145900.01.T01
FtPinG0000377600.01.T01
FtPinG0007448200.01.T01
FtPinG0003446200.01.T01
FtPinG0006650700.01.T01
VII
IV
V
VIII
III
VI
II
I
0
200
400
600
800
1000
0
2000
4000
6000
8000
10000
12000
0
200
400
600
800
1000
Subfamily
I
II
III
IV
V
VI
VII
VIII
Domain
lg_SPL7
SBP
Gene structure
CDS
UTR
Bootstrap Percentage (BP)
BP > 75
50 < BP<=75
BP ≤ 50
Motif
motif_1
motif_10
motif_2
motif_3
motif_4
motif_5
motif_6
motif_7
motif_8
motif_9