Table S1: List of the SABATH genes from other species

Species	Name	GenBank accession
Antirrhinum majus	AmBAMT	AF198492
Antirrhinum majus	AmSAMT	AF515284
Clarkia breweri	CbAMT	AF133053
Coffea canephora	CcDXMT	DQ422955
Coffea canephora	CcXMT	DQ422954
Nicotiana alata	NaSAMT	GU014482
Nicotiana gossei	NgNAMT	GU169286
Nicotiana suaveolens	N.sua.SAMT	GU014479
Nicotiana suaveolens	N.sua.BSMT	AJ628349
Nicotiana sylvestris	N.syl.BSMT	AGU014485
Populus trichocarpa	PtIAMT	XM_002298807
Solanum lycopersicum	SlSAMT	GU299532
Stephanotis floribunda)	SfSAMT	AJ308570
Zea mays	ZmAAMT1	HM242245
Zea mays	ZmAAMT2	HM242244

Table S2: The blast result of SABATH gene family in rice

	Gene ID	Score(bigs)	E-value
1	*Os01g0700300*	66	2e-010
2	*Os01g0701700*	116	7e-026
3	*Os02g0719600*	410	e-114
4	*Os04g0665200*	106	7e-023
5	*Os05g0102000*	91	3e-018
6	*Os06g0241400*	103	8e-022
7	*Os06g0242000*	96	9e-020
8	*Os06g0242700*	71	5e-012
9	*Os06g0242900*	87	e-016
10	*Os06g0243300*	100	9e-021
11	*Os06g0243801*	65	3e-010
12	*Os06g0244000*	96	1e-019
13	*Os06g0311800*	303	7e-082
14	*Os06g0313320*	92	2e-018
15	*Os06g0313440*	79	3e-014
16	*Os06g0314600*	81	4e-015
17	*Os06g0315300*	215	2e-055
18	*Os06g0322400*	51	3e-006
19	*Os06g0323100*	100	9e-021
20	*Os06g0329900*	87	4e-017
21	*Os10g0173800*	61	4e-009
22	*Os11g0256600*	94	5e-019
23	*Os11g0256900*	65	3e-010
24	*Os11g0257700*	44	7e-004
25	*Os11g0259700*	107	4e-023
26	*Os11g0260100*	75	3e-013
27	*Os06g0315000*	191	5e-048

Table S3 : Gene features of *AtSABATH*

TAIR Locus ID	Gene length(bp)	cDNA length(bp)	Protein(aa)	Mw(Da)	p*I*
At4g36470	1504	1116	371	41984.2	5.3396
At1g15125	1288	1056	351	38851.4	4.7698
At1g68040	2357	1092	363	40485.2	6.9508
At5g38100	1709	1080	359	40944.3	5.9679
At5g38780	1709	1086	361	41005.5	5.5866
At5g37970	1596	1239	412	46946.5	7.0862
At5g37990	1764	1218	405	45644.2	7.3398
At3g44840	1261	1047	348	38930.1	5.2455
At3g44870	1387	1140	379	42179.2	5.9910
At1g66720	1301	1059	352	39289.3	5.1336
At1g66700	1468	1062	353	39780.0	5.1538
At1g66690	1297	1062	353	39922.4	5.1564
At2g14060	1323	1080	359	41370.0	6.8812
At5g38020	2078	1107	368	41642.1	6.6210
At3g21950	1999	1107	368	42010.4	5.3171
At5g04380	1435	1158	385	43909.1	7.9928
At5g04370	2451	1248	415	47261.5	8.9032
At5g66430	1390	1065	354	40033.5	7.7128
At1g19640	2962	1170	389	43442.8	4.9280
At3g11480	2878	1140	379	43364.7	5.2798
At5g55250	3472	1161	386	42054.1	6.3739
At5g56300	2186	1164	387	43348.7	5.0007
At4g26420	1774	1131	376	41564.0	4.9356
At3g44860	1438	1047	348	38514.7	5.7515

Table S4: Gene features of *OsSABATH*

RAP ID	Gene length(bp)	cDNA length(bp)	Protein(aa)	Mw(Da)	p*I*
Os01g0700300	1474	1137	378	41104.5	5.0543
Os01g0701700	2844	1140	379	42120.1	5.4820
Os02g0719600	2180	1143	380	42556.5	6.1891
Os04g0665200	2343	1215	404	43750.6	6.1913
Os05g0102000	1918	1122	373	41001.1	6.1848
Os06g0241400	3105	1128	375	42304.1	6.2264
Os06g0242000	2646	1059	352	40024.8	5.2626
Os06g0242900	4515	1260	419	47534.3	7.8480
Os06g0243300	4062	861	286	33039.9	9.4957
Os06g0244000	2188	1125	374	42341.8	6.5068
Os06g0311800	2288	1038	345	38126.8	6.0499
Os06g0313320	2671	1098	365	40459.8	6.2436
Os06g0313440	8025	1113	370	40899.9	6.1872
Os06g0314600	6147	1110	369	40767.7	5.7761
Os06g0315000	2949	1080	359	39492.2	5.9947
Os06g0315300	4088	1200	399	44626.7	7.3277
Os06g0323100	1851	1149	382	42148.6	5.2990
Os06g0329900	2284	1101	366	40528.6	5.5202
Os11g0256600	3108	1164	387	42764.8	4.9176
Os11g0257700	2154	864	287	32398.2	6.3621
Os11g0259700	2000	1167	388	43115.5	5.3822

Table S5: Normal expression sequences of 16 motifs identified in *AtSABATH* and *OsSABATH* proteins

Motif	Length(aa)	Frequency	Normal expression sequences
1	34	45	VPGSFY[GT]R[LV][FL]P[RK]NS[LVI]H[FLI][FVG][HV]SSY[SA]LHWLS[KQ]VP[EK][EG][LV]
2	29	45	K[AL]Y[LQ]RQF[KQ]KDFSLFLR[LA]R[AS][EQ]ELV[SP]GG[RL][ML]V
3	29	44	[MIF][VK][IV]AD[LF]GCSSGPNT[LF]L[AV]V[SQ]E[IV][IV][DN][TA][IV]XEK[CY]
4	35	45	G[LV][VI][ES][EK]EK[LV]D[ST]FN[LI]P[FI]YAPSV[DE]E[VLI][KR][EQ][IV][IV]EX[EN]G[SL]F[TE]I
5	29	42	PPEFQ[VF]F[LF]NDLPSNDFNT[LV]F[KR][ST]LPPFRKX
6	21	40	M[NK]GG[DE]G[EP]TSYAXNSS[LY]Q[KR][KA][AL][IL]
7	19	44	NVA[SN]SIRA[VI]L[EG]P[LM][ILV][AV][AS]HFG
8	29	10	C[LR][PR][DN]G[VI][KQP][MK][SAFY][EL]T[WLV][QEK]G[MITV][VM][IM]D[FMT]IG[DAES][SC]L[NM][DE][LIM]A[KNQ]
9	21	32	ESI[VL]DELFD[RK][YF]AXR[VL][AS]KHLEK
10	15	30	N[KE]G[NK][IV]YI[TS][KS][TAS][ST]P[PE]SV
11	15	28	T[HQ]XW[ET]LL[SA]Q[AS]LQ[DS][LM][VA]
12	29	6	M[ER]K[AT]FELV[EK][EV]K[AT][QR]E[MQ][LI][PS][QR][LI][AH][KN]AKPGMQYL
13	21	8	H[IT][QG][LV]FE[SC][NS]WDP[YH]DDS[KQ][DGS][DN][GI][VD][AHV]
14	11	31	LT[FL][LV]GRKSXDP
15	21	16	[SL][EK][TA]KPV[LV]VK[AN][ITV][EK][EG][MV]XANLD[FP]P
16	11	10	D[RK][DKN]S[PL][ALV][WL]NK[DNS][YIM]

Table S6: The SABATH protein motifs diagram of *Arabidopsis* and rice

	Genes	E-value	Motif diagram
A1	*At1g19640*	6e-147	[6][3][5][1][10][2][14][11][4][7][9]
	Os05g0102000	5.8e-103	[6][3][5][1][10][2][14][4][7][9]
	Os06g0313440	2e-125	[6][3][5][1][2][11][4][7]
	Os06g0314600	2.8e-134	[6][3][5][1][2][14][11][4][7]
	Os06g0315000	7.1e-133	[6][3][5][1][2][14][11][4][7]
	Os06g0315300	2.2e-131	[6][3][5][1][2][14][11][4][7]
	Os06g0329900	3e-125	[6][11][3][5][1][2][14][11][4][7]
A2	*Os02g0719600*	9.3e-189	[6][15][3][5][1][10][2][14][11][4][13][7][9]
	Os06g0311800	4.1e-174	[15][3][5][1][10][2][14][11][4][13][7][9]
	Os06g0313320	8.6e-165	[15][3][5][1][10][2][14][11][4][13][7][9]
	Os11g0256600	9.8e-157	[6][15][3][5][1][10][2][14][11][4][13][7][9]
	Os11g0257700	4.6e-119	[6][15][3][1][10][2][14][11][4][13]
	Os11g0259700	3.3e-168	[6][15][3][5][1][10][2][14][11][4][13][7][9]
	Os06g0241400	1.3e-178	[6][15][3][5][1][10][2][14][11][4][13][7][9]
	Os06g0242000	1.8e-171	[15][3][5][1][10][2][14][11][4][13][7][9]
	Os06g0242900	2.4e-137	[15][3][1][10][2][14][11][4][13][7][9]
	Os06g0243300	1.4e-86	[1][10][2][14][4][13][7][9]
	Os06g0244000	8.8e-176	[6][15][3][5][1][10][2][14][11][4][13][7][9]
B1	*At2g14060*	2.1e-137	[6][15][3][5][1][10][2][14][11][4][7][9]
	At5g38020	4.1e-165	[6][15][3][5][1][10][2][14][11][4][7][9]
	At3g21950	1.1e-161	[6][15][3][5][1][10][2][14][11][4][7][9]
	At5g04380	2.4e-169	[6][15][3][5][1][10][2][14][11][4][7][9]
	At5g04370	5.6e-177	[6][15][3][5][1][10][2][14][11][4][7][9]
	At5g66430	1.8e-180	[6][15][3][5][1][10][2][14][11][4][7][9]
	At3g11480	9.6e-179	[6][15][3][5][1][10][2][14][11][4][7][9]
B2	*At4g36470*	9.3e-132	[6][15][3][5][1][10][2][14][11][4][7][9]
	Os01g0700300	5.3e-136	[6][15][3][5][1][10][2][14][11][4][7][9]
	Os01g0701700	4.5e-143	[6][3][5][1][10][2][14][11][4][7][9]
C	*At1g15125*	1.2e-112	[6][3][5][1][10][2][11][4][7][9]
	At1g68040	1.7e-118	[6][3][5][1][10][2][4][7][9]
	At5g38100	2.8e-163	[6][3][5][1][16][2][8][4][7][9]
	At5g38780	1.3e-162	[6][3][5][1][16][2][8][4][7][9]
	At5g37970	5.7e-163	[6][14][3][5][1][16][2][8][4][7][9]
	At5g37990	1.2e-162	[3][6][14][3][5][1][16][2][8][4][7][9]
	At3g44840	8e-175	[6][3][5][1][16][2][8][4][7][12]
	At3g44870	4.9e-176	[6][3][5][1][16][2][8][4][7][12]
	At3g44860	3.2e-173	[6][3][5][1][16][2][8][4][7][12]
	At1g66720	4.8e-161	[6][3][5][1][16][2][8][4][7][12]
	At1g66700	1.7e-172	[6][3][5][1][16][2][8][4][7][12]
	At1g66690	2.7e-171	[6][3][5][1][16][2][8][4][7][12]
D	*At5g55250*	4.2e-118	[6][3][5][1][10][2][14][4][7][9]
	Os04g0665200	8.2e-115	[6][3][5][1][10][2][14][4][7][9]
	Os06g0323100	3.6e-109	[6][3][5][1][10][2][14][11][4][7][9]
	At5g56300	3.4e-104	[6][3][5][1][10][2][11][4][7][9]
	At4g26420	2.5e-102	[6][3][5][1][10][2][11][4][7][9]

Table S7: Ka/Ks and divergence analysis of SABATH paralogous in *Arabidopsis* and rice

Genes	Ka	Ks	Ka/Ks	Purifying selection	Subgroup	Protein identity (%)
At5g38020 *At3g21950*	0.1078	0.4611	0.2337	yes	Group B1	78.80
At5g56300 *At4g26420*	0.2889	1.0843	0.2664	yes	Group D	58.35
At5g38100 *At5g38780*	0.1682	0.4841	0.3475	yes	Group C	72.30
At5g37970 *At5g37990*	0.0662	0.3242	0.2043	yes	Group C	85.92
At3g44870 *At3g44860*	0.0382	0.2128	0.1795	yes	Group C	83.72
At1g66700 *At1g66690*	0.0389	0.2786	0.1396	yes	Group C	91.71
Os06g0315000 *Os06g0315300*	0.1211	0.3866	0.3132	yes	Group A1	70.93
Os06g0311800 *Os06g0313320*	0.0221	0.1298	0.1705	yes	Group A2	89.02
Os11g0256600 *Os11g0257700*	0.2135	0.8048	0.2653	yes	Group A2	48.58
Os06g0242900 *Os06g0243300*	0.3468	1.5494	0.2238	yes	Group A2	34.84
Os06g0241400 *Os06g0242000*	0.1681	0.5029	0.3341	yes	Group A2	67.28
Os01g0700300 *Os01g0701700*	0.1282	1.0760	0.1191	yes	Group B2	74.14

Table S8: The coefficient of Type-I functional divergence (θ_I) from pairwise comparisons between *AtSABATH* and *OsSABATH* groups

Category	Coefficient of type Ⅰ functional divergence (θ_I)±standard error	LRT(likelihood ratio statistic)	P-value	Positive selection sites (0.8 > Qk > 0.67)	Positive selection sites (Qk > 0.8)
Group A1 vs. Group A2	0.393674±0.125775	18.457615	$p < 0.01$	139、316、426、494 410、485、247	309、363、406、304、417、292
Group A 1vs. Group B1	0.133439±0.134815	0.224068	0.16116	0	0
Group A1 vs. Group B2	0.342188±0.132478	6.617026	$p < 0.01$	0	238
Group A1 vs. Group C	0.175223±0.112574	6.554558	0.059795	292、363、430	281
Group A1 vs. Group D	0.176536±0.157143	2.499646	0.130634	0	0
Group A2 vs. Group B1	0.238474±0.126785	5.064841	0.029993	317、363、307	0
Group A2 vs. Group B2	0.597337±0.131900	25.469699	$p < 0.01$	238、436、494、289 281、415、484、141 243、304、406、412 485、407、	245、309、312、339、404、363、413、282

				247、 306 424、 429、 335	
Group A2 vs. Group C	0.475165±0.118933	31.478770	$p < 0.01$	335、 343、 327、 437 309、 245、 402、 311 320、 428	109、507、434、304、410
Group A2 vs. Group D	0.465361±0.156358	20.088321	$p < 0.01$	316、 361、 407、 109 242、 338、 274、 225 315、 141、 142、 243 429、 309、 430、 363	304、426、503、245、507、231、427
Group B1 vs. Group B2	0.583288±0.154164	24.600751	$p < 0.01$	407、 290、 508、 247 484、 422、 320、 424 236、 309、 312	129、143、238、308、339、404、437、281 307
Group B1 vs. Group	0.358590±0.135514	15.692569	$p < 0.01$	143、 363、	281、307、434、325

C				430、317	
Group B1 vs. Group D	0.261202±0.175003	4.520791	0.067784	0	0
Group B2 vs. Group C	0.354062±0.120985	8.531630	$p < 0.01$	404	437、436、238
Group B2 vs. Group D	0.344219±0.161680	6.416294	0.01662	231	411
Group C vs. Group D	0.048777±0.133365	0.106593	0.357294	0	0

Table S9: The coefficient of Type-Ⅱ functional divergence (θ_{II}) from pairwise comparisons between *AtSABATH* and *OsSABATH* groups

Category	**Coefficient of type II functional divergence (θ_{II})±standard error**	**P-value**	**Positive selection sites (Qk > 0.9)**	**Positive selection sites (Qk > 1.0)**
Group A1 vs. Group A2	-0.141396±0.270017	0.300487	251、312	430、141
Group A 1vs. Group B1	-0.584145±0.239598	$p < 0.01$	0	0
Group A1 vs. Group B2	-0.210416±0.190286	0.134580	0	0
Group A1 vs. Group C	-0.685256±0.373122	0.033179	0	0
Group A1 vs. Group D	-0.602746±0.316186	0.028325	0	0
Group A2 vs. Group B1	-0.276804±0.251885	0.136102.	0	0
Group A2 vs. Group B2	-0.044426±0.200743	0.412546	335、429、424、306、309	430、410、141、243、251 403、422、325、419、505 408、428
Group A2 vs. Group C	-0.372794±0.364210	0.153154	0	0
Group A2 vs. Group D	-0.293272±0.305946	0.169031	0	0
Group B1 vs. Group B2	-0.087359±0.150296	0.280620	313、328、327、243、109 274、507、141、408	282、280、348、306、402 415
Group B1 vs. Group C	-0.466398±0.314834	0.069300	0	0
Group B1 vs. Group D	-0.360432±0.248866	0.073809	0	0
Group B2	-0.372241±0.278139	0.090	0	0

vs. Group C		448		
Group B2 vs. Group D	-0.228787±0.205420	0.132 854	0	0
Group C vs. Group D	-0.777082±0.435768	0.037 293	0	0