Figure S1. The complete cDNA sequence and predicted amino acid sequence of *CsAQP12L_V1* of *Chilo suppressalis*

i	ATGGGGGCACACCGATCGCCCGCACAATAAAAACCAAACGTAGTACCTATTATATTTTTCCTACGAATTCGACTTTCCCTGTGGTCACTT
91	GAGAAAGTGTCACGGGAAAAGGTACCTAAAGTGTTCTAAAATTCGGGTGTTGCAGTTCTAAAATGTACCTATGTGAAGTGATAAGGAAGTGATAAGGAAGTGATAAAGGAAGTGATAAAGGAAGTGATAAAGGAAGTGATAAAGGAAGTGATAAAGGAAGTGATAAAGGAAGTGATAAAGGAAGTGATAAAGGAAGTGATAAAGGAAGTGATAAAGGAAGTGATAAAGGAAGTGATAAAGGAAGTGATAAAATGTACCTATGTGAAGTGATAAGGAAGTGATAAAGGAAGTGATAAAATTCGGGTGTTGCAGTTCTAAAAATGTACCTATGTGAAGTGATAAAGGAAGTGATAAAGGAAGTGATAAAGGAAGTGATAAAATGTACCTATGTGAAAGTGATAAAGGAAGTGATAAAGGAAGTGATAAAGGAAGTGATAAAATGTACCTATGTGAAAGTGATAAAGGAAGTGATAAAATGTACCTATGTGAAAGTGATAAAGGAAGTGATAAAATGTACCTATGTGAAAGTGATAAAGGAAGTGATAAAATTCGGGTGTTGCAGTTCTAAAAATGTACCTATGTGAAAGTGATAAAGGAAGTGATAAAATTCGGGTGTTGCAGTTCTAAAAATGTACCTATGTGAAAGTGATAAAGGAAGTGATAAAGGAAGTGATAAAATGTACCTATGTGAAAGTGATAAAGGAAGTGATAAAATGTACCTATGTGAAAGTGATAAAGGAAGTGATAAAATGTACCTATGTGAAAGTGATAAAGTGAAGTGATAAAATGTACCTATGTGAAAGTGATAAAATGTACCTATGTGAAAGTGATAAAATGTACAAGTGATAAAATGTAAAATGTAAAATGTAAAATGTAAAATGTAAAATGTAAAATGTAAAATGTAAAATGTAAAATGTAAAATGTAAAATGTAAAATGTAAAATGTAAAATGTAAAAATGTAAAATGTAAAATGTAAAATGTAAAATGTAAAATGTAAAATGTAAAAATGTAAAATGTAAAATGTAAAATGTAAAATGTAAAATGTAAAATGTAAAATGTAAAATGTAAAATGTAAAATGTAAAATGTAAAATGTAAAATGTAAAAATGTAAAATGTAAAAATGTAAAATGTAAAATGTAAAAATGTAAAAATGTAAAAAA
181	GAATTTTGAAATTGGAAGGTAAATTAGACTGACGTCATTATGAAGTTCACAATCGATGTATTGGGGATTTTCTTGAAAGTTGTCATTAGG
1	M K F T I D V L G I F L K V V I R
271	$\tt GTAAACAAAGTTACGTTTGCACCATTAGTGGTATCAGCGCTGTTCATACTCCTCACGTCTCTCCTGGCCCACTGCGCGCGC$
18	V N K V T F A P L V V S A L F I L L T S L L A H C A R R L V
361	CAGAAGGCAGTGCAGGAGCCTTTCGTCAGATTACTGTTGGAGGAGGCGATCGCAGCTGCCGAACTATGCGGATGTTGCTTCGAACTCATT
48	Q K A V Q E P F V R L L L E E A I A A A E L C G C C F E L I
451	ATTGTGGCTGACAACTTCGGGGTGGGAACGTACGCCATATTCCTGTTCTTGCTGACAATCTGGTGGTCCATGAACTGGGGTGATGCGACAATCTGGTGGTCCATGAACTGGGGTGATGCGACAATCTGGTGGTGCTATGAACTGGGGTGATGCGACAATCTGGTGGTGACAATCTGGTGGTGACAATCTGGTGGTGACAATCTGGGGTGATGCGACAATGAACTGGGGTGATGCGACAATGAACTGGGGTGACAATGAACTGGGGTGATGCGACAATGAACTGGGGTGATGCGACAATGAACTGGGGTGATGCGACAATGAACTGGGGTGATGCGACAATGAACTGGGGTGATGCGACAATGAACTGGGGTGATGCGACAATGAACTGGGGTGATGCGACAATGAACTGGGGTGATGCGACAATGAACTGGGGTGATGCGACAATGAACTGGGGTGATGCGACAATGAACTGGGGTGATGCGACAATGAACTGGGGTGATGCGACAATGAACTGGGGTGATGCGACAATGAACTGGGGTGATGCACAATGAACTGGGGTGATGCACAATGAACTGGGGTGATGCACAATGAACTGGGGTGATGCACAATGAACTGGGGTGATGCACAATGAACTGAACTGAACTGAACTGAACTGAACTGAACTGAACTGAACTGAACTGAACTGAACTGAACTGAACTGAACTGAACTGAACAATGAACTGAACAATGAACTGAACAATGAACTGAACAATGAACTGAACAATGAACTGAACAATGAACTGAACAATGAACAATGAACAATGAACAATGAACAATGAACAATGAACAAATGAACAATGAACAATGAACAATGAACAATGAAATGAACAATGAACAATGAAAATGAAAATGAAAATGAAAATGAAAATGAAAATGAAAATGAAATGAAATGAAATGAAAAATGAAAAATGAAAATGAAAATGAAAAATGAAAATGAAAATGAAAATGAAAATGAAAATGAAAATGAAAATGAAAATGAAAATGAAAATGAAAATGAAAATGAAAAATGAAAAATGAAAAAA
78	I V A D N F G V G T Y A I F L F L L T I W W S M N W G D A T
541	${\tt GCTTGTCCGTACACTCATATCGAGGATGTGATTGAAGGCAAAGGTGATGTTCGAAAAGCTTTGCTAAAAACTTTGGGCGGAATTGACTGGCCGGAATTGACTGGCCGGAATTGACTGGCCGGAATTGACTGGCCGGAATTGACTGGCCGGAATTGACTGGCCGGAATTGACTGGCCGGAATTGACTGGCCGGAATTGACTGGCCGGAATTGACTGGCCGGAATTGACTGGCCGGAATTGACTGGCCGGAATTGACTGGCCGAATTGACTGGCCGAATTGACTGCCGAATGGCCAAGGCAAGGCAAAGGCCAAGGCAAGGCCAAG$
108	ACPYTHIEDVIEGKGDVRKALLKTWAELTG
631	GGTCTTCTGGTATTTAAATACGTCCAAATGTATTGGGCTCTTGAAATATCTGAGACGCATAAAGATAAGGCTTTTGAAGACTGCAAAGCCCAAAGCCCAAAGCCCAAAGCCCAAAGCCCAAAGCCCAAAGCCCAAAGCCCAAAGCCCAAAGCCCAAAGCCCAAAGCCCAAAGCCCAAAGCCCAAAGCCCAAAGCCCAAAGCCCAAAGCCCAAAGCCCCCAAAGCCCCCAAAGCCCCCAAAGCCCCAAAGCCCCCAAAGCCCCCAAAGCCCCCAAAGCCCCCAAAGCCCCCAAAGCCCCCAAAGCCCCCAAAGCCCCCAAAGCCCCCAAAGCCCCCAAAGCCCCCAAAGCCCCCAAAGCCCCCAAAGCCCCCAAAGCCCCCAAAGCCCCCAAAGCCCCCC
138	G L L V F K Y V Q M Y W A L E I S E T H K D K A F E D C K A
721	${\tt GATCTACAGGTACCAGTATTATATGGAGCAGTCGTAGAAGGTGTAGCAACCTGCCTATGTAGACTAGCCTCCAAAGCTTTAGGGGACTTG}$
168	D L Q V P V L Y G A V V E G V A T C L C R L A S K A L G D L
811	$AATCCTCGGTTCTCAACCGCTATCGATGCCTTCATCGGGACTTCTTTAG{\color{blue} TCGTCGCCGCTTTTGAATATTCCGGTGGATATTTCAACCCG} \\$
198	N P R F S T A I D A F I G T S L V V A A F E Y S G G Y F N P
901	$\tt GTTCTGGCCACCTCACTGAAAGCAGGATGCGAAGGTCACTCGCTGTTGGAACACGCAGTTGTCTATTGGATCGGTGCTTGCGCTGGATCTTGGATCGGTGCTTGCGCTGGATCTTGGATCGGTGCTTGCGCTGGATCTTGGATCGGTGCTTGCGCTGGATCTTGGATCGGTGCTTGCGCTGGATCTTTGGATCGGTGCTTGCGCTGGATCTTGGATCGGTGCTTGCGCTGGATCTTGGATCGGTGCTTGCGCTGGATCTTGGATCGGTGCTTGCGCTGGATCTTGGATCGGTGCTTGGGATCGGTGGTGGTGGATCTTGGATCGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGG$
228	V L A T S L K A G C E G H S L L E H A V V Y W I G A C A G S
991	GCATTATCAGTTTATATGTACAAACTACCCATCATCAAGAAGTTTGTCCGTGGCACTACAGAAGTCAACGGTGATAGTATTTGGGCGGACTACAGAAGTCAACGGAAGTTTGTCAAGAAGTTTGTCAAGAAGTTTGTCAAGAAGTTTGTCAAGAAGTTTGTCAAGAAGTTTGTCAAGAAGTTTGTCAAGAAGTTTGTCAAGAAGTTTGTCAAGAAGTTTGTCAAGAAGTTTGTCAAGAAGTTAGAAGTTTTGTCAAGAAGTTTGTCAAGAAGTTTTGTCAAGAAGTTTGTAAGAAGTTTGTAAGAAGTTTGTAAGAAGTTTGTAAGAAG
258	A L S V Y M Y K L P I I K K F V R G T T E V N G D S I W A D
1081	A A A G A A G A T T A A A A T G T A T T T C C T G T T T T T G T A C A T T T C C A G T T T C T T T T T T T T T T T T T T T
288	K E D *
1171	TTTAAGTTAACTTCATTATCTCTCTTTATAAACTAAGAAGAACTTAAGAAGAACGTTATCTGATAATTTAATTTATTAAAGTGATACCTTAC
1261	TCTAGTCAAGTTATATCTCTAAGTTAAACCTCGTGCTTTGTCCATTATACAGATTTTACAAGTTATTGTATTAAAGGAAACAAAAAATAC
1351	GCAAACTTTTATATGAAATTTTTTTTATATTTTTTTTATAATTTATTGTAAATTCGCCTTGATGTCATCACACAATTGAATATTGACG
1441	TTTTGAACTGTGAATAATTGATTTCGTTTAAGGTTTGATTGTATAGCGTCATTTGTTACTATGCTTCCATTGAAATCTAACCTAAATGTGTTACTATGTTACTATGCTTCCATTGAAAATCTAACCTAAATGTGTTACTATGTTACTATGCTTCCATTGAAAATCTAACCTAAATGTGTTACTATGTTACTATGCTTCCATTGAAAATCTAACCTAAATGTGTTACTATGTTACTATGCTTCCATTGAAAATCTAACCTAAATGTGTTACTATGTTACTATGCTTCCATTGAAAATCTAACCTAAATGTGTTACTATGTTACTATGCTTCCATTGAAAATCTAACCTAAATGTGTTACTATGTTACTATGCTTCCATTGAAAATCTAACCTAAATGTGTATGTTACTATGCTTCCATTGAAAATCTAACCTAAATGTGTATGTA
1531	TTCCAAAAATATAATAAGTGCTACGTGAACCTGTTGTAAATAAA

Figure S2. The complete cDNA sequence and predicted amino acid sequence of *CsAQP12L_V2* of *Chilo suppressalis*

1	AAGCAGTGGTATCAACGCAGGTACATGGGGGTAGTACCTATTATATTTTTCCTACGAATTCGACTTTCCCTGTGGTCACTTGAGAAAGTG
91	TCACGGGAAAAGGTACCTAAAGTGTTCTAAAATTCGGGTGTTGCAGTTCTAAAATGTACCTATGTGAAGTGATAAGGAAGTGAATTTTGA
181	AATTGGAAGGTAAATTAGACTGACGTCATTATGAAGTTCACAATCGATGTATTGGGGATTTTCTTGAAAGTTGTCATTAGGGTAAACAAA
1	M K F T I D V L G I F L K V V I R V N K
271	$\tt GTTACGTTTGCACCATTAGTGGTATCAGCGCTGTTCATACTCCTCACGTCTCTCCTGGCCCACTGCGCGCGC$
21	V T F A P L V V S A L F I L L T S L L A H C A R R L V Q K A
361	$\tt GTGCAGGAGCCTTTCGTCAGATTACTGTTGGAGGAGGCGATCGCAGCTGCCGAACTATGCGGATGTTGCTTCGAACTCATTATTGTGGCT$
51	V Q E P F V R L L L E E A I A A A E L C G C C F E L I I V A
451	${\tt GACAACTTCGGGGTGGGAACGTACGCCATATTCCTGTTCTTGCTGACAATCTGGTGGTCCATGAACTGGGGTGATGCGACAGCTTGTCCGACAGCTGACAGCTTGTCCGACAGCTGACAGCTTGCACAGCTACAGCAGCTTGCACAGCTTGCACAGCTACAGCAGCACAGCTTGCACAGCAGCACAAGCACAACA$
81	D N F G V G T Y A I F L F L L T I W W S M N W G D A T A C P
541	TACACTCATATCGAGGATGTGATTGAAGGCAAAGGTGATGTTCGAAAAGCTTTGCTAAAAACTTTGGGCGGAATTGACTGGCGGTCTTCTG
111	Y T H I E D V I E G K G D V R K A L L K T W A E L T G G L L
631	$\tt GTATTTAAATACGTCCAAATGTATTGGGCTCTTGAAATATCTGAGACGCATAAAGATAAGGCTTTTGAAGACTGCAAAGCCGATCTACAGCTGAAAGCCGATCTACAGATAAAGATAAGGCTTTTGAAGACTGCAAAGCCGATCTACAGATAAAGATAAGGCTTTTGAAGACTGCAAAGCCGATCTACAGATAAAGATAAGGCTTTTGAAGACTGCAAAGCCGATCTACAGATAAAGATAAGGCTTTTGAAGACTGCAAAGCCGATCTACAGATAAAGATAAGGCTTTTGAAGACTGCAAAGCCGATCTACAGATAAAGATAAGGCTTTTGAAGACTGCAAAGCCGATCTACAGATAAAGATAAGGCTTTTGAAGACTGCAAAGCCGATCTACAGATAAAGATAAGGCTTTTGAAGACTGCAAAGCCGATCTACAGATAAGATAAGATAAGGATAAGAATAAGGATAAGAATAAGGATAAGGATAAGAAG$
141	V F K Y V Q M Y W A L E I S E T H K D K A F E D C K A D L Q
721	$\tt GTACCAGTATTATATGGAGCAGTCGTAGAAGGTGTAGCAACCTGCCTATGTAGACTAGCCTCCAAAGCTTTAGGGGACTTGAATCCTCGG$
171	V P V L Y G A V V E G V A T C L C R L A S K A L G D L N P R
811	TTCTCAACCGCTATCGATGCCTTCATCGGGACTTCTTTAGTCGTCGCCGGAGTCCTCACTAGGCACACGGTTTTCGTCTACCGGTATCAGGCACACGGTTTTCGTCTACCGGTATCAGGCACACGGTTTTCGTCTACCGGTATCAGGCACACGGTTTTCGTCTACCGGTATCAGGCACACGGTTTTCGTCTACCGGTATCAGGCACACGGTTTTCGTCTACCGGTATCAGGCACACGGTTTTCGTCTACCGGTATCAGGCACACGGTTTTCGTCTACCGGTATCAGGCACACGGTTTTCGTCTACCGGTATCAGGCACACGGTTTTCGTCTACCGGTATCAGGCACACGGTTTTCGTCTACCGGTATCAGGCACACGGTTTTCGTCTACCGGTATCAGGCACACGGTTTTCGTCTACCGGTATCAGGCACACGGTTTTCGTCTACCGGTATCAGGCACACGGTTTTCGTCTACCGGTATCAGGCACACGGTTTTCGTCTACCGGTATCAGGCACACGGTTTTCGTCTACCGGTATCAGGCACACGGTTTTCGTCTACAGGCACACGGTTTTCGTCTACAGGCACACGGTTTTCGTCTACAGGCACACGGTTTTCGTCTACAGGCACACGGTTTTCGTCTACAGGCACACGGTTTTCGTCTACAGGCACACGGTTTTCGTCTACAGGCACACGGTTTTCGTCTACAGGCACACACGGTTTTCGTCTACAGGCACACACGGTTTTCGTCTACAGGCACACACGGTTTTCGTCTACAGGCACACACGGTTTTCGTCTACAGGCACACACA
201	$ \begin{array}{cccccccccccccccccccccccccccccccccccc$
901	${\tt GACAATAGTGCCAATGCGGACTTAAGCGTGTCCATCTTTTGCAAAGTACATTTAGGAAAAGCTTTTGAATATTCCGGTGGATATTTCAAC}$
231	D N S A N A D L S V S I F C K V H L G K A F E Y S G G Y F N
991	CCGGTTCTGGCCACCTCACTGAAAGCAGGATGCGAAGGTCACTCGCTGTTGGAACACGCAGTTGTCTATTGGATCGGTGCTTGCGCTGGAAGGTCACTCGCTGTTGGAACACGCAGTTGTCTATTGGATCGGTGCTTGCGCTGGAAGGTCACTCGCTGTTGGAACACGCAGTTGTCTATTGGATCGGTGCTTGCGCTGGAAGGTCACTCGCTGTTGGAACACGCAGTTGTCTATTGGATCGGTGCTTGCGCTGGAAGGTCACTCGCTGTTGGAACACGCAGTTGTCTATTGGATCGGTGCTTGCGCTGGAAGGTCACTCGCTGTTGGAACACGCAGTTGTCTATTGGATCGGTGCTTGCGCTGGAAGGTCACTCGCTGTTGGAACACGCAGTTGTCTATTGGATCGGTGCTTGCGCTGGAAGGTCACTCGCTGTTGTCATTGGATCGGTGCTTGCGCTGGAAGGTCACTCGCTGTTGGAACACGCAGTTGTCTATTGGATCGGTGCTTGCGCTGGAAGGTCACTCGCTGTTGGAACACGCAGTTGTCTATTGGATCGGTGCTTGCGCTGGAAGGTCACTCGCTGTTGGAACACGCAGTTGTCTATTGGATCGGTGCTTGCGCTGGAAGGTCACTCGCTGTTGGAACACGCAGTTGTCTATTGGATCGGTGCTTGCGCTGGAAGGTCACTCGCTGTTGTCTATTGGATCGGTGCTTGCGCTGGAAGGTCACTCGCTGTTGTCATTGGATCGGTGCTTGCGCTGGAAGGTCACTCGCTGTTGGAACACACGCAGTTGTCTATTGGATCGGTGCTTGCGAAGGTCACTCGCTGTTGTATTGGAACACACGCAGTTGTCTATTGGAACACACGCAGTTGTCTATTGGAACACACGCAGTTGTCTATTGGAACACACGCAGTTGTCTATTGGAACACACAC
261	PVLATSLKAGCEGHSLLEHAVVYWIGACAG
1081	TCTGCATTATCAGTTTATATGTACAAACTACCCATCATCAAGAAGTTTGTCCGTGGCACTACAGAAGTCAACGGTGATAGTATTTGGGCGGTGATAGTATTTTGGGCGGTGATAGTATTTTGGGCGGTGATAGTATTTTGGGCGGTGATAGTATTTTGGGCGGTGATAGTATTTTGGGCGGTGATAGTATTTTGGGCGGTGATAGTATTTTGGGCGGTGATAGTATTTTGGGCGGTGATAGTATTTTGGGCGGTGATAGTATTTTGGGCGGTGATAGTATTTTGGGCGGTGATAGTATTTTGGGCGGTGATAGTATTTTGGGCGGTGATAGTATTTTGGGCGGTGATAGTATTTTGGGCGGTGATAGTATTTTGGGCGGGATAGTATTTGGGGCGGTGATAGTATTTTGGGCGGTGATAGTATTTTGGGCGGTGATAGTATTTTGGGCGGTGATAGTATTTGGGCGGTGATAGTATTTTGGGGCGGTGATAGTATTTTGGGGCGGTGATAGTATTTGGGGCGGTGATAGTATTTGGGGCGGTGATAGTATTTGGGGCGGTGATAGTATTTGGGCGGTGATAGTATTTGGGGCGGTGATAGTATTTGGGGCGGTGATAGTATTTGGGGCGGTGATAGTAGTATTTGGGGCGGTGATAGTATTTGGGGCGGTGATAGTATTTGGGGCGGTGATAGTATTTGGGCGGTGATAGTATTTGGGGCGGTGATAGTATTTGGGGCGGTGATAGTATTTGGGGCGGTGATAGTATTTGGGGCGGTGATAGTATTTGGGGCGGTGATAGTATTGGGGCGGTGATAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTA
291	S A L S V Y M Y K L P I I K K F V R G T T E V N G D S I W A
1171	${\tt GACAAAGAAGATTAAAATGTATCATTTCCTGTTTTTTGTACATTTTCCAAGTCATATTCCAGTTTCTTTTTTTT$
321	D K E D *
1261	ATTATTTAAGTTAACTTCATTATCTCTCTTTATAAACTAAGAAGACTTAAGAAGAACGTTATCTGATAATTAAT
1351	TTACTCTAGTCAAGTTATATCTCTAAGTTAAACCTCGTGCTTTGTCCATTATACAGGATTTTACAAGTTATTGTATTAAAGGAAACAAAAA
1441	A TACGCAAACTTTTATATGAAATTTTTTTATATTTTTTTATAATTTATTGTAAATTCGCCTTGATATCATCACACAATTGAATATTTTTTTT
1531	${\tt GATGTTTTGAACTGTGAATAATTGATTTCGTTTAAGGTTTGATTGTATAGCGTCATTTGTTACTATGCTTCCATTGAAATCTAACCTAAACTAAACTAAACTAAACTAAACTAAACTAAAAAA$
1621	TGTGTTCCAAAAATATAATAAGTGCTACGTGAACCTGTTGTAAATAAA