

c-AMP response element binding protein (CREB)

alignment

```

A. mellifera : -ME*SMV*EE*NSAVDP--L*SAGS*SGSD-----AAPAIAT*SVQ*SVIQ*EN*QQSVIQTATNI*QPV*ATIS : 56
D. melanogaster : MDN*SIV*EE*EN*NS--S*AASGSND-----VVDVVAQQA*AAAVGGG*-----GGGGG* : 43
L. stagnalis : ---MS*AGN*EPG-----L*ADI*ENG-----TRGI*SV*VH*MSI*EN*-----CAT*OVQ : 34
H. sapiens : ---MT*ME*S*E*EN*QSGDA*AVTE*AE*NQ*MT*VQA*QP*QI*AT*LAQ*VS*MPAA*HAT*SS*APT*V*TL*VQ*LE*NG*-----QT*VQ*VH : 67
O. vulgaris : ---M*SE*VPT*SQ-----T*SEI*ENG-----S*QEI*SV*HVT*IPN*-----QP*VQ*VQ : 34

A. mellifera : KGN*VIL*VSK*PN*SVI*OT*IAQ--AS*LQ*T*LQ*VV*ET*GS*DD*SF*SD*SE*ES*PE*QR*GG*LL*RR*PS*YK*RI*L*N*DL*GG*ENG*RL*PP*LES*SEC : 135
D. melanogaster : GGN*NP*QQ*Q*Q*NP*Q*ST*T*AG--G*PT*GAT*NNA*Q*GG*V*SV*L*T*TAN*CNI*OY*PI*Q*TLA*QH*GL*Q*V*SVI*Q*AN*PS*GI*Q*TAA*GT*QQ* : 122
L. stagnalis : P--VI*QAN--P*TV*I*HS*AG*NY*QT*I*Q*V*RY*AA*VD*--DL*SS*DD*S*DA*K*RR*RE*IL*ARR*PS*YR*RI*L*N*DL*SS--PV*K*MED*DS*NS-- : 104
H. sapiens : G--VI*QAA--Q*PS*VI*Q*SP*Q--V*QT*V*QI*ST*IA*SE*DS*Q*SE*SV*DS*V*TS*QR*RE*IL*S*RR*PS*YR*K*IL*N*DL*SS*DAP*GV*PR*IE*E*E*K*SE* : 144
O. vulgaris : S--VI*QSS*HQ*PS*VI*Q*T*IG--P*N*V*Q*T*I*Q*V*AT*V*ND--DM*T--DGA*EGR*K*RR*RE*IL*ARR*PS*YR*K*IL*N*DL*SS*EC*PP*K*IE*EP*T*N*QD*G : 108

A. mellifera : DSN*VD*SE*VSS--H*SL*HY*Q*T*VI*PA*CT*IQ*ATQ--GEG*V*PG*HT*LT*MS*NA-----ATA*AG*AT*VOY*AQ*G : 192
D. melanogaster : QQALAAAT-----AM*CK*V*VY*VAK*PP*NS*TVI*HT*TP*GN*AV*QI*PE*TF*PK*IK*KE*P*NT*QH*PE*DS*DES*IS*DD*DS*Q : 187
L. stagnalis : ---S*QS*OD*GE*Y*Q*GT*HT*Q*TA*H*G*DA*T*PA*T*Q*GL*Q*TL*MT*NA*S*PT*S*AS*NS*T*GT*TI*VOY*AQ*G : 161
H. sapiens : ETSAPAITTVTVPTPIYQT---SS*G*Y*IA*IT*Q*GS*AI*Q*IAN--G*TD*GV*O*GL*Q*TL*MT*NA-----AA*T*Q*PS*TI*VOY*AQ*T : 213
O. vulgaris : QETTEAASNLS*TNS*I*Q*Y*Q*PAT*VY*SOME*GL*PL*V*PS*E*AI*Q*IT*TH*PE*GT*VAC*Q*GL*Q*TL*MT*NAN*PSS*GAG*TTS*ET*ATI*VOY*AQ*T : 189

A. mellifera : QDT*Q*EF*VE-----GH*GV*V*VE-----DAA*RK*RE*L*RL*L*KN*RQA*ARE*CR*RR*KK : 232
D. melanogaster : HHRSELTRRPS-----Y*NK*IF*TE*IS*CP*DM*SD*NS*GI*AE*DQ*TR*K*RE*I*RL*L*Q*KN*REA*ARE*CR*RR*KK : 244
L. stagnalis : PDGQ*EY*VE-----V*GG*T*N*V*Q*AY*Q*PG*S---LA*Q*V*V*MT--G*SP*IS*SP*QH*MS*E*GS*RK*RE*L*RL*L*KN*REA*ARE*CR*RR*KK : 228
H. sapiens : TDGQ*Q*IL*VE*NS*Q*V*V*QA*AS*GD*V*Q*Y*Q*IR*T*APT*ST*I*AP*GV*V*MA--SS*PA*L*PT*Q*PA*E*AA*RK*RE*V*RL*M*KN*REA*ARE*CR*RR*KK : 291
O. vulgaris : PDGQ*E*LY*VE-----V*GG*T*N*V*Q*AY*Q*ATS---LP*Q*GV*V*MT*GS*PT*IS*PO*LS*E*AA*RK*RE*L*RL*L*KN*REA*ARE*CR*RR*KK : 260

A. mellifera : EYK*CLEN*RV*AV*LEN*R*N*Q*LL*EB*EL*K*SL*K*Q*LD*CE*P*RT*D : 268
D. melanogaster : EYK*CLEN*RV*AV*LEN*Q*N*K*LL*EB*EL*K*SL*K*B*LY*CO*TK*ND : 281
L. stagnalis : EYV*CLEN*RV*AV*LEN*Q*N*K*LL*EB*EL*K*AL*K*B*LY*CO*K*DA : 264
H. sapiens : EYV*CLEN*RV*AV*LEN*Q*N*K*LL*EB*EL*K*AL*K*D*LY*CH*NS*D : 327
O. vulgaris : EYV*CLEN*RV*SV*LEN*Q*N*K*LL*EB*EL*K*AL*K*B*LY*CO*RD*G- : 296

```

CREB identity matrix

	Accession number	A. mellifera	D. melanogaster	L. stagnalis	H. sapiens	O. vulgaris
A. mellifera	CAD24872	100%				
D. melanogaster	NP_001097018	23%	100%			
L. stagnalis	BAC20140	35%	23%	100%		
H. sapiens	NP_004370	33%	19%	42%	100%	
O. vulgaris	ACN38053	34%	21%	59%	43%	100%

O. vulgaris creb cDNA complete sequence (4313bp)

GCGGCGTTGTGCTGTGACGCTGTAGTTGACGTGGCCACTACGTATTCTGCTAATTTATCCACTCCGATTGCGGCAAAG
TTGGTGACGAAAAGTACGTTAACTGGTAAGGAAGAACTTTCATCTACATGACCTTTGACGTTATTACTTTTCGATGTTG
GCCAAGATAACAGGTGAATTGTCCACCAATACATTACGTGTGAAAATTTCTACAAATATATTCTATTGAGTGAAGATG
CGCATGGGCTCTCAGTTTGTCCCTTTTCTCTGGATACTGTGTGCATCAGTTGGGTCTAATTTTGAACATGGCCTTCTG
TGCTTATATTTTTCCAGAGTAGAGAATGTCTGAAGTGCCAACTCACAGACCAGTGAGATTGAAAACGGCTCGCAG
GAGATATCTATTGTGCATGTGACAATACCTAACCAACCAGTCCAAGTGAATCTGTTATACAATCTAGCCATCAACCA
TCAGTGATACAGACAACCTGGCCCAAATGTTTCAGACTATTCAGGTAGCTACAGTAAATGATGATATGACAGATGGTGC
TGAAAGGAAGAAAGAGGAGAGAGATATTAGCTAGAAGACCTTCATATCGTAAAATTTGAATGAATFATCGTCCGAGT
GTCCACCTATCAAAAATTGAGGAACCTACAAATCAAGACGGTCAAGAGACCCTGAAGCAGCTTCAAACTCAGTACA
AATCCATACAGTACCAGCCTGCAACAGTATACAGCCAGATGGAAGGTTTGCCATTAGTCCCATCTGGTGCCATCCA
AATAACTACACATCCAGAAGGAACAGTGGCTGGTCAAGGCTTCAAACGTTAAACAATGACCAATGCAAATCCATCAT
CTGGTGTGGTACAACATCTGGTACTGCCACTATTGTACAGTATGCCAAGGTCCTGATGGACAATTTTTAATTCCTG
TTACAGTTGGTGGCACAATGTGCAGGCTTACCAGATTGCAACATCTTTGCCCTCAAGGTTGTTATGGCAACCCTG
GAAGTCCAATTACCAGTCTCAACAATTATCAGAAGAAGCAGCTCGGAAGCGAGAACTTCGTCTATTAACAAAAACAGA
GAGGCAGCTTCAAGATGTCGACGGAAGAAGAAAAGAAATATGTGAAATGCCTGGAAAATCGAGTATCAGTTCTGGAAA
ATCAAAAATAAAACATTAATAGAGGAATTGAAGGCATTAAGAAGATTGTATTGTCAAAAAGATGGATAAATGGATTTT
GGCGATTATGTTCTCCCTAAATATGAAGAGGCAACACAGCAGTTTGTGGTCTCACTCTTGAACAATTTGGAGTTTA
ACTTTTATTTCAACCAGTTTACTACAAACAATTGCATCTTCAAATCATTTCAAAATAATAAATCAAAATAAAGTTT
TTGTTTTTTTTTTGTTTTGTTCTGCTTTATTTTCTAAAGTCTAAAATTTTTCTTTCTTTTATTTTTAATAGTTTTCTTT
GGAAAGTTTTTATTTGAATAATACCGCCCCACTAAATATTTAAAAAAATCATATTTTTAGGCTGACATATTTAAAT
GACTGTGAAGGGCTGGGTGTGGCAACTTAATGSAATATCATTATTTCTCTGTTGTGGAGATTTTTAATTTCTATAAAA
TTCAATGGAAATCTTAAATAATTTATCTCTCATCATCTGTTATTTTTATTCCCTTTTGTGCACACCTTTTTGTTTTT
CCATCTTTTTGATTTTTTAAAAGAAATTTTTGTTAATATTTGAAGAATGATAGAAAATTTGTTTTTAAATFACTTTTTG
TTGTAATTTGTTTCATTTCTTTGAATATTATTAATAGTCCAATTCAAAAAGAAAAGAATGCTCTTAGGTGGAGGGG
AAAATGAGGTAGAGTGGTGAGAACAAATTTGGGGTAATATCAGAAAAAAAACAACAAAAAAAACAAAGAAA
AAGGGAAAAAGACTTTAATAAAACTGGGATGTCTTGCTATGTAATTCATTGGAACTTAACCATAACTATTTTCAA
CTTTTACAATTCAAATGAAAAGTATCTCATTTTGAACCTGGTGTTCATTACAGTTTAAACAGATTGTTCTGAAACTGAT
ATGAAATTACTTGGGTGGAAATCTGCAGACCTTTTTACTGCATGCATTTTGTCTGTTTCTATAAAATTTGTTTACATTT
CAAATAGCTTTTCTTTCTTTACTGTTATTTTTTCTTCTTCATTTAGAAAATTTGATTTTTTCTTGTCAAGTTAC
TTTTAATTTGTTCTATTTTGGTAAATATAAAGAGGTTAAAAGAAATATACATTAATTTTTCAAATTTCCCATTCATTGTC
TACATATTAACCTGAAGTTTGTGTTAATAAGCTCTTGTTCAGTACATGGACAACCTGTGACCTTCAGGACTTTCTGAA
TAGCATGCCAACAAAAAATAACCTTGAATTTCTTTAGTGTGCAGTCCCTTAAAAATGAGCTGTATCTCATGTGCC
TGCTTCTCAAGAAAGGTTGCCTATGTCTGACCAAGTAACTAACTCATAGTTAGATCTAGCAGATGAAAGTTCTTCTA
ACTTCATAATAGTCAATGAATTTTTTCAAATTTGGGCAGAAAACCAATTCTGAAGATAAACTATTTTTAACTTTAGGA
TAATATCAGCTTTAAAATTTTACATTTTGTATATCTTGATGATATTTGATGAATGTTCCATGAGATACTGTTAGCTTT
TGGGGATCACAGATTTAGCATATCAACAACCTGTTGTAACGTTTCCATCCTAGTTTCTGAGCCCGGAGACAA
CGCTCGGTTGTTATAGGTTTTAGGGCTATACTGAAGCTGGTCTTGAACAGGCTGTTAATCAATGTTAACTGTACAT
GAAGTGACTTGTATATAAGCCTGCAAGACAATTACACTAATATTATACTAATGAATGTTAAAAGCAATAAACTTATG
TGAAACATTACCGTTAATTAATTCACAAACTAAATGAATACAGGTGAATATCCTAAAATCAAATCACACCAAGGTCA
GTTTTATCTTTCATCTTTTTGGAGTTGATTAATAAAGGATGAGCAGTAGGAATTGACACTGCTCTTCCATTCTTTCA
AGAACTGGTTGTGCTGTGCTGTGAGAAGGACATGGGAGATCACTTCCACTGTACCTTCTTTCAGTTTATCATAGAGA
AAGAGTGTGGTTACCACAGCTCTGGTGAATAATGGCATATGATGATGGCTAGAATCCTAAAATAAGATTTGTATGTGT
CATCTAATTTTCATGCCAGCTTAGAAAAAAAAGGCATCAAATGATGATCATAATAAATAGTTTATTGGTTGAGCAAAA
TGTTTGTCTTACATTATTAGGTCATGAATAACATGGACTGAAGTATTTAATAAACTTATTCACACCACTTCCATTCA
TTCATATACAGCATTTAAAAAAAATTCAGGTATGATTTGAGTTTGTGGCTTTTATGTGTTTCAGAACCTGATCA
AGACCAATTGAATATTTACTATCACGGCTTTTGCCATAAAATGATCACTGTATCCCTGGAATTAATTGTATAGTGCTTT
TTTTTATGTGTTGGCTACTATGAGAATATGGTAATACTACTACTACTACTAAATAAATTTGTCTAATCCCAT
TGTAATCATGACTTTACATTATCTTCTTGTATTGTTTTTAAATACCTTTAGTAGATGTTTTGTGCTACTAATGGAT
GGATGACCCAGTTACTCATTGTTTTTCAACTTCATGTTTTTACTATAACATGATATTTTCTGGGGTTTCCCTCA
ACTTTATTTGTTGGTATTCATAATTTGCATCACTACATTCCTCTGTGTGTATGTGTGTGTGCATGTGTGTTCACTTTTCA
GTCTTGCTAACAAAGACGTAGAATATACTTCATTGACAAAGAATGAATCTTGACTATFACTTACCAGCTGGCCAGAT
TTATTTCCAACTTCACTGACTTTATTTTCAAATAATTTCAATTACCTGATTGTATCTTGTGTTGTTTTAGATTTT
AAATCTCTTGTGGGAGTTTTGTCTAATAATTTGCATAGATAAATCTCAGTTTACATTAGGTTGGGGTGGGGGAGGGA
CACTTTATGTAGCATATTTCCACTATATTACTGCTTTTTTGTCTAATTGCTTTCAAATTTAAAATATTACACTATTTG
AAAGACAATGTGTTGAAGTGAATTTTCAATTTTTTCCCTTTCCCTGAGCAAATAAAACAAAAACAACAAAAAAA
AAAAAAA

Dopamine transporter (DAT)

alignment

```

*          20          *          40          *          60          *          80
A. mellifera : GKVVNFTALEFPMAVLLILIRGVTLPQSLEIRYYLN-ENESAIYKAEVWVWDAATQVFEESLGGPFGVLLAYASYNKMHNNVYK : 82
C. elegans   : GKVVNFTALEFPVVLGILIRGVTLPQWQNGIETYYLR-ENEMIKRPSVWQDAATQVFEESLGGPFGVLMAYSSYNDEHNNVYV : 82
D. melanogaster : GKVVNFTALEFPMAVLLILIRGLTLPQSFLSIQYYLT-ENESAIYKAEVWVWDAATQVFEESLGGPFGVLLAYASYNKMHNNVYK : 82
T. castaneum  : ERELLVLTAVVETVQMVVLEFFAFLSDQNGFVTLNQLFTQLDVKNESNFKTTRIIINLSLSSPGLGFCATIAFGPQSTERTPLHF : 83
H. sapiens   : GKVVNFTATMPVAVLLTALLLRGVTLPQAIDGIRAVLS-VDIYRICEASVWVWDAATQVFEESLGGPFGVLLIAPSSYNKERTNNCYR : 82
O. vulgaris  : GKVVNFTALEFPVVLFIILMIRGATLPQALDGIKYVLT-EDSRILAYSEVWVWDAATQVFEESLGGPFGVLLAFASYNNDIHNNVYR : 82

```

```

*          100          *          120          *          140          *          160
A. mellifera : DALIASLINSANSEVAGGVIRSVLGYMARASGKSHQDVATGPGPGLVEIVYPAATATMPGST-EWALIFFMMLLLTLGLDSSFGG : 164
C. elegans   : DALFHSFINCAISFLSGEVIRSVLGYMSCKSGKPIEAVAQEGPGLVGVVYBEALSTMPYAP-EWSVLFFLMLMTLGLDSSFGG : 164
D. melanogaster : DALIASFINSANSEIAGGVIRSVLGYMAHTLGVRIEDVATGPGPGLVGVVYPAATATMEAST-EWALIFFMMLLLTLGLDSSFGG : 164
T. castaneum  : KAITISVTSVLETVLYSIVQNFLLSLCISQQLFDDFFKLEQ---ELEMPEAVFPELHSSREWITMQLSNCYMTGLRSLIVM : 163
H. sapiens   : DAIVTTSINSLSESSGGVVSFPLGYMAQKHVSPHGDVAKDGPGLTETIYBEATATLPLSS-AMAVVFFIMLLTLGLDSSAMGG : 164
O. vulgaris  : DALIASIVNCHMSEFSGGVIRSMVLGYMSQHSNLPISSEVATGPGPGLVGVVYBEATATLPGAT-EWALIFFMMLLLTLGLDSSFGG : 164

```

```

*
A. mellifera : SEAI : 168
C. elegans   : SEAI : 168
D. melanogaster : SEAI : 168
T. castaneum  : MCLN : 167
H. sapiens   : MESHV : 168
O. vulgaris  : SEAI : 168

```

DAT identity matrix

	Accession number	A. mellifera	C. elegans	D. melanogaster	T. castaneum	H. sapiens	O. vulgaris
A. mellifera	XP_624619	100%					
C. elegans	Q03614	73%	100%				
D. melanogaster	AAF76882	90%	73%	100%			
T. castaneum	XP_972640	15%	17%	15%	100%		
H. sapiens	Q01959	61%	60%	60%	21%	100%	
O. vulgaris	ACN38051	76%	73%	75%	18%	63%	100%

O. vulgaris dat cDNA partial sequence (506bp)

```

CTGGGAAGGTTGTGTGTTTACTGCCTTATCCCATACGTTGTCTGTTTCATTCTTATGATTCTGGGGCAACACTGCCGGGGGCC
TAGACGGCATCAAATATTATCTGACACCAGACTTCTCAAGACTTGATATTCGAGGTGTGGGTGGATCGCGGCACACAAGTCTTC
TTTTCCCTGGACCAGGATCGGTGTTTTATTGCCATTGCAAGTTATAATGATATTCATAAATGTTTATCGAGACGCCACTACT
ACCAGTATCGTTAACTGTATGACGAGTTTTTCTCTGGATTGTTATCTTCATGGTTTTGGGTATATGTCAACAACACTCAAATCTAC
CCATTTACAGAGGTGGCTACACAAGGACCTGGTTTAGTGTTGTTATATCCAGAAGCCATAGCTACCCTCCCAGGTGCAACATT
TGGGCATTGATATCTTCTCATGTTGCTTACCCTAGGTCTAGACAGTTCGTTTGGTGGCTCAGAAGCCATC

```

Forkhead Box - P family - protein (FOXP)

alignment

```

*          20          *          40          *          60          *          80
A. mellifera : --NVPKSVAGLNVSRRSDMNGTTPLEDEKPLDVSSNDKVPPLYGHGVCKWPGCEVVICEDDYQAFKHLNTEHTLDDRSTAAQ : 79
C. elegans   : SVMALITHLQHEHPPSDKSNBEEMRNQIEKVESIEHKLSYVERSRLLQCMQHLRMKPSDDTTTFLNFKMBAQSPQRSPIKECA : 81
D. melanogaster : --LMEFDAERFHRSKDNEVCNNDFSYMHD---EFAMRKYYPDLFAHGTCRWPGCEMDLDDITSEVFKHLNTEHGLDDRSTAAQ : 77
S. purpuratus : --MMNGLDGDGSHHPGFLLAHQGMMMPHEDRLANPNN---HPLYAHGMCKWPGCEVVICEDDEPAFLKHLNTEHALDDRSTAAQ : 77
T. castaneum : --LNDGSPGLIGVATNRPSPRD-EAPLEDKLERTTTDDRWHLYGHGVCKWPGCEIICEDDLQAFIKHLNTEHTLDDRSTAAQ : 78
H. sapiens   : SSNTSKASPPITHHHSIVNGQSSVLSARRDSSSHEBTGASHTLYGHGVCKWPGCEVICEDDEPAFLKHLNTEHALDDRSTAAQ : 81
O. vulgaris  : --LLSGGLGGSLLNQSAVSIKQ-----EQEASSPSPDLFRHGVCKWPGCEDTTPNDEPSEFKHLNTEHQLDDRSTAAQ : 70

```

```

*          100         *          120         *          140         *          160
A. mellifera : RVOMQVVSQLEHTQKRE---RDRITAMMHHLHMAK-----QMASPEPECECLSGTTLDR--KLSSEKKQSTENMS : 143
C. elegans   : AFSTIQPAQCEQQQTSTSPQVSPTESEASSLLSAAATVAASTAAAVTSPINQISTVPSVSSMPSPFLNHQLSTSSQPSQQAS : 162
D. melanogaster : RVOMQVVSQLEBSHQKRE---RDRICAMMHHLHYSK-----QLLSETKIDRDKDVPGREG--KFCR-SPLTVNSTG : 140
S. purpuratus : RVOMQVVSQLEHTQKRE---RERLAAMMAHLHMKPPID-----SKQETPKSSVQSSPSLSKPVSVVQHTAPSLPMVP : 146
T. castaneum : RVOMQVVSQLEHTQKRE---RDRICAMMHHLHYSK-----QLSSPEPHKDCG--VVTPT--KMAVNTSLSPSBS : 141
H. sapiens   : RVOMQVVSQLEHTQKRE---RERLAAMMHHLHMRP-SE-----PKPSKPLNLVSSVTMSK--NMLETSPQSLPQTP : 147
O. vulgaris  : RVOMQVVSQLEHTQIRE---KDLICAMMOHLHMKPQVDKSDIILPVLPKQQHQQQQQQQAALQAAMHMDITSQLPSEPLLS : 148

```

```

*          180         *          200         *          220         *          240
A. mellifera : NMSGMPDIPN-----MPSGSMPTMPTMPS-----MAG--PIRRRISDKSALSAG----- : 185
C. elegans   : GSSGPELLQRA-----ASSASTETSENPD-----SKSFVRRSRISDKTVQPIAT----- : 206
D. melanogaster : -----RPTTRQ-----TNSPSPNLNLMVN-----STNLCSIKKRNHDKNTFSINGGLPYMLERAGL : 190
S. purpuratus : SSTPEVPTTS-----IASA-PYHLTSHH-----VTPGGPIRRRNSEKYGLSIST----- : 189
T. castaneum : ---IGDVT-----AVRSPVLHSEAN-----VAG--PIRRRLNDSKALSAGGLPYMLERAGL : 190
H. sapiens   : -TTPATVTP-----ITQG-PSVITPAS-----VNVGALRRRHSDKKNIPMS----- : 189
O. vulgaris  : NASNVPLTSTPAMSLSPFTTCTSPQMVIESTAHPAHSVQVQSPHQHQQQAASSVSGPIRRRVSDEKCNLPIISAGMQRDMENAF : 229

```

```

*          260         *          280         *          300         *          320
A. mellifera : ---SIQRNREFFYKNADVRRPPFTYASLIROSIIESPDKQLTLNIEYNNWFQNTFFCYFRRNAATWKNAVRHNLSLHKCFMRVE : 262
C. elegans   : ---DLAKNRDFEYRNDVRRPPFTYASLIROAIMESDCKQLTLNIEYNTWETTFAYFRRNAATWKNAVRHNLSLHKCFMRVE : 283
D. melanogaster : DVQQSIQRNREFFYKNADVRRPPFTYASLIROAITIDS PDKQLTLNIEYNNWFQNTFFCYFRRNAATWKNAVRHNLSLHKCFMRVE : 271
S. purpuratus : ---SIHNSDFYKNTDVRPPFTYALIRQGITDAPDRQLTLNIEYNNWFETTFAYFRRNAATWKNAVRHNLSLHKCFMRVE : 266
T. castaneum : DVQQSIQRNREFFYKNADVRRPPFTYASLIROSIIESPDKQLTLNIEYNNWFQNTFFCYFRRNAATWKNAVRHNLSLHKCFMRVE : 271
H. sapiens   : ---SIADNYEYKNDVRRPPFTYALIRQAIMESDCKQLTLNIEYNNWFETTFAYFRRNAATWKNAVRHNLSLHKCFMRVE : 266
O. vulgaris  : S-FVLSIQNRREFFYRNTDVRPPFTYASLIROAITIESPHRQLTLEIYQWENATTFAYFRRNBATWKNAVRHNLSLHKCFMRVE : 309

```

```

*          340         *          360         *          380         *          400
A. mellifera : N-VKGAWTVDEVEFFYKRRPQRACSTTGGVPSKSPPTLTHSPMYGDALNANLQAALGDSNMGFLNNSMCTSTTSPDKEHV : 342
C. elegans   : QNVKGAWTVDDSEFFYKRRPNRAS-----ATRSQPQTPLDDISQQKLFDTALSSEF : 335
D. melanogaster : N-VKGAWTVDEIEFFYKRRPQRT-----AGTGN-----LTGATNSPDTNYF : 312
S. purpuratus : N-VKGAWTVDEIEFFYKRRPQRMGSLNTPPSTPNTPTTPI SKSVDMLEPTEMDPLNLETHMHHPMGSLPLLSDAAAAADHA : 346
T. castaneum : N-VKGAWTVDEVEFFYKRRPQRS-----AGLGD----- : 298
H. sapiens   : N-VKGAWTVDEVEYQKRRSQKTT--GSPTLVKNIPT---SLGYGAALNASLQAALAESLPLLSNPLINNASSGLLQAV : 341
O. vulgaris  : N-VKGAWTVDEVEFFYKRRPQKL-----SGYVFFL : 338

```

```

A. mellifera : LA : 344
C. elegans   : LE : 337
D. melanogaster : VA : 314
S. purpuratus : IQ : 348
T. castaneum : -- : -
H. sapiens   : HE : 343
O. vulgaris  : FA : 340

```

FOXP identity matrix

	Accession number	A. mellifera	C. elegans	D. melanogaster	S. purpuratus	T. castaneum	H. sapiens	O. vulgaris
A. mellifera	XP_391970	100%						
C. elegans	NP_001023148	29%	100%					
D. melanogaster	AA51579	48%	27%	100%				
S. purpuratus	XP_782985	47%	29%	41%	100%			
T. castaneum	XP_969436	57%	28%	59%	43%	100%		
H. sapiens	EAL24367	50%	29%	40%	50%	43%	100%	
O. vulgaris	ACN38054	40%	29%	42%	40%	45%	39%	100%

O. vulgaris FoxP cDNA partial sequence (1111bp)

TGCAAGTGCCGGGGTGCAGGCTGTTATCAGGTGGTCTTGGTGGTAGTCTATTGAATCAGTCGGCTGTTAGCATTAAAC
AGGAGCAGGAAGCGTCTAGTCCATCGCACCCACTTTTCCGACATGGTGTGGTAARTGGCCGGGGTGTGATACGCCAA
ATGAAGACTTTCCTTCCTTCATTAAGCATCTGAACTCTGAGCACCAGTTAGATGACAGAAGTACAGCACAAAGCAAGAG
TACAAATGCAGGTTGTTAGTCAACTTAAAATACAGCTTATACGGGAAAAAGATCTTCTGCAAGCAATGATGCAGCACT
TACACATGAAACCTCAAGTAGATAAATCAGATATTATTCTCCAGTACTTCCAAAGCAGCAGCCGCACCAGCAGCAGC
AGCAGACCCAACAAGCTTTGCAACAGGCCACATGGATATTACATCTCAACTCCCTTCAATTCCTCCATTGTCCAATGC
TTCAAATGTCCCCCTTTTAACCTCCACACCTGCCATGAGTTATCACCCACTACTACCTGTACATCACCTCAAATGGTCA
TCTCTACTGCCCATCCTGCACATTCACCTGTCCAGCAGTCACCCAGCACCAACAGCAAGCCTCCAGCAGTGTGGGAC
CAATCCGTCGACGGGTATCAGACAAGTGCAATCTGCCTATCTCTGCTGGAATGCAGAGAGACATGGAGAACGCATTTC
TTTCTTTTGTAGAAATCCAGAGAAATCGCGAATTTTACCGAACAACAGACGTCMGACCRCRRTTACRTATGCCTCTCT
CATTTCGTCAGGCCATCATAGAATCTCCACATCGACAATTAACATTGAGTGAAATCTATCAGTGGTTCGCAAACACATTT
GCTTATTTCCGGCGGAATGAAGCTACGTGGAAGAATGCCGTGCGCCACAACCTTAGTCTTCAAAAATGTTTTATGCGAG
TTGAGAATGTTAAGGGGGCTGTATGGACCGTCGACGAGGTAGAGTYYTACAAACGGAGACCACAAAAACTGAGTGGG
TATGTTTTTTTTTGTGTTGATTGTTGTCATTTTTTTTTTTTACAAAACTTTACGAAAAGCAAAAACCTCACAAAAAAA
AAAAA

Tyrosine hydroxylase (TH)

alignment

		*	20	*	40	*	60	*	80																																												
A. mellifera	:	EADKKEYRARRNFI	AEIAFAAYRY	CDATETVVEYTB	ETETETTRVFN	ILVLDLVEK	HACAEYRRN	EKKMQE	KEE	EPHRI	PQLQ	EDVS	:	83																																							
C. elegans	:	HGDVAYLARRNFI	INDQALERFK	CDDEITCYVDY	TEBBHATWK	KAVYEK	LGDLHL	SHHC	CAVYR	QNLK	ILQ	EEK	VLT	ADRI	PQIR	DVN	:	83																																			
D. melanogaster	:	EADRVYRQRREI	AEIAFAAYKY	CDDEITFFLDY	SDVBVKTR	SRVFK	TVDLA	EAKH	ACAEY	RAAF	QK	LQ	DE	QI	EV	ETRL	PQLQ	EDVS	:	83																																	
S. purpuratus	:	ETDKDYRERR	QRIADVA	FAKYKH	CDDEITFRVEY	TDD	ED	RTW	G	L	Y	R	Q	K	A	L	F	P	H	A	C	E	H	I	D	A	N	L	E	K	E	G	L	Y	S	E	S	F	T	P	Q	L	E	D	V	S	:	83					
T. castaneum	:	EADKKEYRARRNFI	AEIAFAAYKY	CDDEITFRVEY	TABE	IA	TW	K	E	V	Y	T	T	L	K	G	L	Y	A	T	H	A	C	G	E	H	L	E	A	B	A	L	L	B	R	F	S	G	Y	R	E	D	N	I	P	Q	L	E	D	V	S	:	83
O. vulgaris	:	EADKKEYRARRNFI	ADMAFTYR	HNKS	IFRVEY	S	DE	E	K	T	W	K	H	V	N	I	K	N	L	F	P	H	A	C	S	K	R	H	F	D	L	E	K	K	G	L	Y	S	E	N	F	I	P	Q	L	E	D	V	S	:	83		

		*	100	*	120	*	140	*	160																																																														
A. mellifera	:	EELRKN	TGFTLR	PAAGLLT	SRDFLS	SLAFRV	QSTQY	IRH	K	S	EMHT	PE	PD	CI	HELL	GH	M	P	L	A	D	E	S	E	A	C	F	S	O	E	I	G	L	A	S	L	G	A	S	:	166																														
C. elegans	:	KFLQ	KKTG	FLR	EC	S	G	L	L	S	ARDF	L	A	S	L	A	F	R	V	Q	T	T	Y	L	R	H	H	K	S	E	M	H	S	P	E	P	D	L	I	H	E	L	L	G	H	V	M	F	S	D	E	L	L	A	C	M	S	Q	D	I	G	L	A	S	L	G	A	S	:	166	
D. melanogaster	:	EFLR	KNTG	FLR	PA	A	G	L	L	T	ARDF	L	A	S	L	A	F	R	I	P	O	S	T	Q	Y	R	H	V	N	S	E	M	H	T	P	E	P	D	S	I	H	E	L	L	G	H	M	P	L	A	D	E	S	E	A	C	F	S	O	E	I	G	L	A	S	L	G	A	S	:	166
S. purpuratus	:	NELR	CKTG	FLR	PA	A	G	L	L	S	ARDF	L	A	S	L	A	F	R	V	Q	A	T	Q	Y	V	R	H	S	S	A	E	M	H	T	P	E	P	D	C	H	E	L	L	G	H	V	M	L	A	D	E	S	E	A	C	F	S	O	E	I	G	L	A	S	L	G	A	S	:	166	
T. castaneum	:	NELR	RHTG	FLR	PA	A	G	L	L	T	ARDF	L	A	S	L	A	F	R	I	P	O	S	T	Q	Y	V	R	H	K	N	T	E	M	H	T	P	E	P	D	C	H	E	L	L	G	H	M	P	L	A	D	E	S	E	A	C	F	S	O	E	I	G	L	A	S	L	G	A	S	:	166
H. sapiens	:	RFLR	ERTG	FLR	PA	A	G	L	L	S	ARDF	L	A	S	L	A	F	R	V	Q	C	T	Q	Y	R	H	S	S	E	M	H	S	P	E	P	D	C	H	E	L	L	G	H	V	M	L	A	D	R	E	S	E	A	C	F	S	O	E	I	G	L	A	S	L	G	A	S	:	166		
O. vulgaris	:	NELR	QQTG	FLR	PA	A	G	L	L	S	ARDF	L	A	S	L	A	F	R	V	Q	C	T	Q	Y	R	H	G	S	K	E	D	H	T	P	E	P	D	C	V	H	E	L	L	G	H	V	M	L	A	D	E	S	E	A	E	F	S	O	E	I	G	L	A	S	L	G	A	S	:	166	

		*													
A. mellifera	:	DE	E	E	K	L	S	T	Y	W	F	:	179		
C. elegans	:	DE	H	E	K	L	S	T	V	Y	W	F	:	179	
D. melanogaster	:	DE	E	E	K	L	S	T	V	Y	W	F	:	179	
S. purpuratus	:	DE	D	E	T	R	L	A	T	L	Y	W	F	:	179
T. castaneum	:	D	A	E	E	K	L	S	T	V	Y	W	F	:	179
H. sapiens	:	DE	E	E	K	L	S	T	Y	W	F	:	179		
O. vulgaris	:	DE	E	E	K	F	A	T	L	Y	W	F	:	179	

TH identity matrix

	Accession number	A. mellifera	C. elegans	D. melanogaster	S. purpuratus	T. castaneum	H. sapiens	O. vulgaris
A. mellifera	NP_001011633	100%						
C. elegans	AAV58890	59%	100%					
D. melanogaster	CAA53802	77%	55%	100%				
S. purpuratus	XP_001177854	59%	52%	59%	100%			
T. castaneum	NP_001092299	79%	56%	81%	61%	100%		
H. sapiens	AAI04968	64%	57%	63%	70%	63%	100%	
O. vulgaris	ACN38052	62%	50%	58%	71%	60%	70%	100%

O. vulgaris TH cDNA partial sequence (539bp)

TTCCGGACAAAGAATACAGAAGAAGAAGGAAGCTCATTGCAGACATGGCATTACATACAGGCATAACAAGAGTATTCCCAGAGTT
 GAATATTCCGAAGATGAGATAAAGACTTGGAAACATGTTATGTGAACATAAAAAATCTGTTTCCGACTCACGCCTGCTCAAAGCACC
 GCCATTTCTTTGATTTACTGGAAAAGAAAGGAATCTACAGTGAAAACCTTTATACACAGCTTGAAGATGTTTCCAATTTCTGAAAACAA
 CAAACAGGTTTCCAAGTGCAGCCCGGTAGCTGGACTGTTATCAGCACGTGACTTCTTGCCAGCTTAGCATTTCGTGTTTCCAATGTACT
 CAGTACATACGCCATGGCTCCAAACCGGACCACACACAGAACCTGATTGTGTGCATGAACTGCTAGGACATGTCCCAATGCTGGCAG
 ATCCTGAATTCGCTGAGTTTTCCTCAAGAACTTGGTTTGGCTTCAATAGGGACCTCCGATGAAGATATTGAAAAGTTTGAACGCTTTAC
 TGGTTAC

Ubiquitin/ribosomal protein S27a (UBI)

alignment

```

*          20          *          40          *          60          *          80
A. mellifera : VKAKIQDKKEGIPPPQQRLLFAGKQLEDGRTLSDYNIQKESTLHLVLRRLRGGAKRKKKKNYSTPKRKHKKKKVKLAVLKFYKV : 83
D. melanogaster : VKAKIQDKKEGIPPPQQRLLFAGKQLEDGRTLSDYNIQKESTLHLVLRRLRGGAKRKKKKNYSTPKRKHKKKKVKLAVLKFYKV : 83
S. purpuratus : VKAKIQDKKEGIPPPQQRLLFAGKQLEDGRTLSDYNIQKESTLHLVLRRLRGGAKRKKKKNYSTPKRKHKKKKVKLAVLKFYKV : 83
T. castaneum : VKAKIQDKKEGIPPPQQRLLFAGKQLEDGRTLSDYNIQKESTLHLVLRRLRGGAKRKKKKNYSTPKRKHKKKKVKLAVLKFYKV : 83
H. sapiens : VKAKIQDKKEGIPPPQQRLLFAGKQLEDGRTLSDYNIQKESTLHLVLRRLRGGAKRKKKKNYSTPKRKHKKKKVKLAVLKFYKV : 83
O. vulgaris : VKAKIQDKKEGIPPPQQRLLFAGKQLEDGRTLSDYNIQKESTLHLVLRRLRGGAKRKKKKNYSTPKRKHKKKKVKLAVLKFYKV : 83

```

```

*          100
A. mellifera : DENGKIHRLRRECEPEECGAGVFMA : 108
D. melanogaster : DENGKIHRLRRECEPEECGAGVFMA : 108
S. purpuratus : DENGKIHRLRRECEPEECGAGVFMA : 108
T. castaneum : DENGKIHRLRRECEPEECGAGVFMA : 108
H. sapiens : DENGKIHRLRRECEPEECGAGVFMA : 108
O. vulgaris : DENGKIHRLRRECEPEECGAGVFMA : 108

```

UBI identity matrix

	Accession number	A. mellifera	D. melanogaster	S. purpuratus	T. castaneum	H. sapiens	O. vulgaris
A. mellifera	XP_397323	100%					
D. melanogaster	NP_476778	95%	100%				
S. purpuratus	XP_784247	94%	93%	100%			
T. castaneum	XP_969023	98%	97%	95%	100%		
H. sapiens	CAA44911	90%	93%	94%	91%	100%	
O. vulgaris	ACN38050	93%	94%	97%	94%	95%	100%

O. vulgaris ubi cDNA partial sequence (324bp)

```

TGTC AAGGCAAAGATTCAAGATAAAGGAGGGAATTCCTCAGATCAGCAAAGATTGATCTTTGCTGGTAAGCAGCTTGAGGAT
GGCCGTACTACTGTCAGACTACAATATTTCAAAGGAATCAACCCCTTCATTTGGTCCTCGTCTGCGAGGTGGCGCCAAGAAGCG
CAAGAAGAAGAATTACACCACCTCCCAAAAAGAATAAGCATAAGAAGAAGAAGGTTAAGTTGGCGGTTTTGAAAATATTACAAG
GTTGATGAAAATGGTAAAATCACTCGTTTTCGCTCGTGAGTGTCCCAACGAGGAATGTGGAGCTGGTGTGTTATGGC

```

18S ribosomal RNA (18S rRNA)

alignment

```

A. mellifera : GTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGAGGTTCTGAAGCCGATCAGATACCCCTAGTTCAGACCTAAACGATGCCGAC : 81
C. elegans : GTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGAGGTTCTGAAGCCGATCAGATACCCCTAGTTCAGACCTAAACGATGCCGAC : 81
E. cirrhosa : GTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGAGGTTCTGAAGCCGATCAGATACCCCTAGTTCAGACCTAAACGATGCCGAC : 81
S. purpuratus : GTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGAGGTTCTGAAGCCGATCAGATACCCCTAGTTCAGACCTAAACGATGCCGAC : 81
H. sapiens : GTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGAGGTTCTGAAGCCGATCAGATACCCCTAGTTCAGACCTAAACGATGCCGAC : 81
O. vulgaris : GTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGAGGTTCTGAAGCCGATCAGATACCCCTAGTTCAGACCTAAACGATGCCGAC : 81

A. mellifera : CACCGATCCGCGCAAGTTCCCTCCGATGACTCGCGCGGACGCTCCCGCGCGGAAACCAAAGCTTTTGGTTCCGGGGGAG : 158
C. elegans : TCCCGATCCGCGAGGTTT-----TTGCCCTCCCGAGGAGGATATCC--GGAACCAAAGCTTTTGGTTCCGGGGGAG : 152
E. cirrhosa : TGCCGCTCCGCGCCCTTCGCTTCGATGACCGCGCGGAGGCTCCCGGAAACCAATAGTC---GGTCCGGGGGAG : 157
S. purpuratus : TGACCATCCGCGCGCTTACTCCCATGACCGCGCGGCACTCAAAG--GGAACCAAAGCTTTTGGTTCCGGGGGAG : 157
H. sapiens : CGCCGATCCGCGCGCTTATTCCCATGACCGCGCGGCACTCAAAG--GGAACCAAAGCTTTTGGTTCCGGGGGAG : 158
O. vulgaris : TGCCGCTCCGCGCGCTTCCTTCGATGACCGCGCGGAGGCTCCCGCGGAAACCAATAGTC---GGTCCGGGGGAG : 157

A. mellifera : TATGGTTGCAAAGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATTTGACCCAAC : 239
C. elegans : TATGGTTGCAAAGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATTTGACCCAAC : 233
E. cirrhosa : TATGGTTGCAAAGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATTTGACCCAAC : 238
S. purpuratus : TATGGTTGCAAAGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATTTGACCCAAC : 237
H. sapiens : TATGGTTGCAAAGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATTTGACCCAAC : 239
O. vulgaris : TATGGTTGCAAAGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATTTGACCCAAC : 238

A. mellifera : ACGGGAAACCTCACCAGCCCGGACACCCGAGGATGACAGATCGATAGCTCTTTCTGATTCCGTTGGTGGTGCAT : 320
C. elegans : ACGGGAAACCTCACCAGCCCGGACACCCGAGGATGACAGATCGATAGCTCTTTCTGATTCCGTTGGTGGTGCAT : 314
E. cirrhosa : ACGGGAAACCTCACCAGCCCGGACACCCGAGGATGACAGATCGATAGCTCTTTCTGATTCCGTTGGTGGTGCAT : 319
S. purpuratus : ACGGGAAACCTCACCAGCCCGGACACCCGAGGATGACAGATCGATAGCTCTTTCTGATTCCGTTGGTGGTGCAT : 318
H. sapiens : ACGGGAAACCTCACCAGCCCGGACACCCGAGGATGACAGATCGATAGCTCTTTCTGATTCCGTTGGTGGTGCAT : 320
O. vulgaris : ACGGGAAACCTCACCAGCCCGGACACCCGAGGATGACAGATCGATAGCTCTTTCTGATTCCGTTGGTGGTGCAT : 319

A. mellifera : GGCCGTTCTTAGTGGTGGAGCGATTTGCTGGTTAATCCGATAACGAACGAGACTCTAGCCTGCTAAATAGACGTAAC : 401
C. elegans : GGCCGTTCTTAGTGGTGGAGCGATTTGCTGGTTAATCCGATAACGAACGAGACTCTAGCCTGCTAAATAGTGGCGAA : 395
E. cirrhosa : GGCCGTTCTTAGTGGTGGAGCGATTTGCTGGTTAATCCGATAACGAACGAGACTCTAGCCTGCTAAATAGCGCGTGA : 400
S. purpuratus : GGCCGTTCTTAGTGGTGGAGCGATTTGCTGGTTAATCCGATAACGAACGAGACTCTAGCCTGCTAAATAGTGGCGAA : 399
H. sapiens : GGCCGTTCTTAGTGGTGGAGCGATTTGCTGGTTAATCCGATAACGAACGAGACTCTAGCCTGCTAAATAGTGGCGAA : 401
O. vulgaris : GGCCGTTCTTAGTGGTGGAGCGATTTGCTGGTTAATCCGATAACGAACGAGACTCTAGCCTGCTAAATAGCGCGTGA : 400

A. mellifera : TATGGTATCTCGAAGGCCCTC : 422
C. elegans : TCTTC----- : 400
E. cirrhosa : TTAGTGCTTTCCGGTAGCGT : 421
S. purpuratus : CCCC----- : 403
H. sapiens : CCCCCGA----- : 408
O. vulgaris : TTAGTGCTTTCCGGTAGCGT : 421

```

18S rRNA identity matrix

	Accession number	A. mellifera	C. elegans	E. cirrhosa	S. purpuratus	H. sapiens	O. vulgaris
A. mellifera	AY703484	100%					
C. elegans	EU196001	84%	100%				
E. cirrhosa	AY557467	81%	77%	100%			
S. purpuratus	L28055	90%	85%	81%	100%		
H. sapiens	NR_003286	90%	86%	83%	92%	100%	
O. vulgaris	FJ 617439	81%	76%	99%	80%	83%	100%

O. vulgaris 18S rRNA (422bp)

```

CGTTTTCTCGATCAAGAGCGAAAGTCCGAGGTTCTGAAGACGATCAGATACCCCTAGTTCAGACCTAAACGATGCCGAC
TGGCGCTCCGCCGGCGTTCGCTTCGATGACCCGGCGGGGAGCCTGCGCGGAAACCATAGTTCGGTTCCGGGGGGAGTATGGT
TGCAAAACAGAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATTTGACCCAACACGGGA
AAACTCACCAGGTCGGACACCGGTAGGATTGACAGATCGATAGCTCTTTCTCGATTCCGGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTT
TTAGTTGGTGGAGCGATCCGCTCGGTTGATTCCGATAACGAACGAGACTCCGGCCTGCTAACTAGCGCGTGCATTAGTGCTTT
TCCGGTAGCGT

```