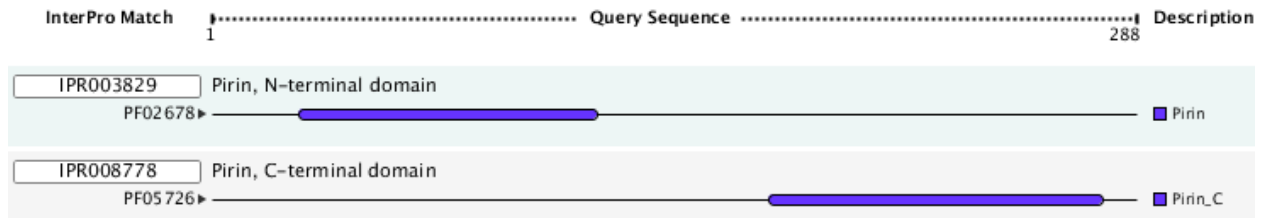


Additional file 8. TvPirin protein domains and amino acid diversity

A. PFAM domains in the TvPirin protein



B. Multiple sequence alignment of deduced TvPirin proteins from all full-length cDNA and genomic *TvPirin* clones

The ORFs of 4 cDNA alleles (cTvPir_#) and 29 genomic alleles (gTvPir_#) are aligned. Homozygotes or heterozygotes with identical aa sequences for both alleles are presented as single protein alleles. Heterozygotes with different aa sequences for both alleles are designated with "A" and "B" at the end of sequence names. Dots represent identical residues.

	1					60
cTvPir_1	MSSFQQPRLV	AKKISAKSQS	EGDGALVRRS	IGRPELKSLD	PFLLLDEFVAV	TPPAGFPDHP
gTvPir_r1AL.....
gTvPir_r1BL.....
gTvPir_N1L.....
gTvPir_n3BL.....
gTvPir_n3AL.....
gTvPir_n2L.....
gTvPir_n1L.....
gTvPir_R6BL.....
gTvPir_N3L.....
gTvPir_R5BL.....
gTvPir_R5AL.....
gTvPir_r2L.....
gTvPir_R4AL.....
gTvPir_r3L.....
gTvPir_R3AL.....
gTvPir_R2BL.....
gTvPir_R2AL.....
gTvPir_R1L.....
gTvPir_r8L.....
gTvPir_r7BL.....
gTvPir_r4AL.....
gTvPir_r6L.....
gTvPir_r5L.....
gTvPir_r4BL.....
gTvPir_r7AL.....
gTvPir_R3BL.....
gTvPir_R4BL.....
gTvPir_R6AL.....
gTvPir_N2L.....
cTvPir_2L.....
cTvPir_3L.....
cTvPir_4L.....

cTvPir_1	HRGFETVTYM	LQGGVTHQDF	AGHKGTIGAG	DVQWMTAGRG	IVHSEMPAGE	GTHTGLQLWI
gTvPir_r1A
gTvPir_r1B
gTvPir_N1
gTvPir_n3B
gTvPir_n3A
gTvPir_n2
gTvPir_n1
gTvPir_R6B
gTvPir_N3
gTvPir_R5B
gTvPir_R5A
gTvPir_r2
gTvPir_R4A
gTvPir_r3
gTvPir_R3A
gTvPir_R2B
gTvPir_R2A
gTvPir_R1
gTvPir_r8
gTvPir_r7B
gTvPir_r4A
gTvPir_r6
gTvPir_r5
gTvPir_r4B
gTvPir_r7A
gTvPir_R3B
gTvPir_R4B
gTvPir_R6A
gTvPir_N2
cTvPir_2A.....L.....
cTvPir_3
cTvPir_4

	121					180
cTvPir_1	NLSSKDKMIE	PRYQELLSND	IPKSQKDGVE	VKVIAGEAMG	VHSQVFTRTP	TMYVDFTLKP
gTvPir_r1AA.....
gTvPir_r1BA.....
gTvPir_N1A.....
gTvPir_n3BA.....
gTvPir_n3AA.....
gTvPir_n2A.....
gTvPir_n1A.....
gTvPir_R6BA.....
gTvPir_N3A.....
gTvPir_R5BA.....
gTvPir_R5AA.....
gTvPir_r2A.....
gTvPir_R4AA.....
gTvPir_r3A.....
gTvPir_R3AA.....
gTvPir_R2BA.....
gTvPir_R2AA.....
gTvPir_R1A.....
gTvPir_r8A.....
gTvPir_r7BA.....
gTvPir_r4AA.....
gTvPir_r6A.....
gTvPir_r5A.....
gTvPir_r4BA.....
gTvPir_r7AA.....Y.....
gTvPir_R3BA.....
gTvPir_R4BA.....C.....
gTvPir_R6AA.....C.....
gTvPir_N2A.....C.....
cTvPir_2A.....
cTvPir_3H.....	..A.....P.....
cTvPir_4A.....V.....P.....

cTvPir_1	NSEYHQGIPD	SWNAFVYIIE	GEGVFGIPNS	KPAEAHHILV	LGPGEGLSVW	NKFTEPLRFI
gTvPir_r1A
gTvPir_r1B
gTvPir_N1
gTvPir_n3B
gTvPir_n3A
gTvPir_n2
gTvPir_n1
gTvPir_R6B
gTvPir_N3
gTvPir_R5B
gTvPir_R5A
gTvPir_r2
gTvPir_R4A
gTvPir_r3
gTvPir_R3A
gTvPir_R2B
gTvPir_R2A
gTvPir_R1
gTvPir_r8
gTvPir_r7B
gTvPir_r4A
gTvPir_r6
gTvPir_r5
gTvPir_r4B
gTvPir_r7A
gTvPir_R3B
gTvPir_R4B
gTvPir_R6A
gTvPir_N2
cTvPir_2
cTvPir_3	D.....
cTvPir_4

cTvPir_1	LVGGQPLNEP	VVQHGPFFVMN	THAEIDKTME	DYYYGKNGFE	LAKKWKSK
gTvPir_r1A
gTvPir_r1B
gTvPir_N1
gTvPir_n3B
gTvPir_n3A
gTvPir_n2
gTvPir_n1
gTvPir_R6B
gTvPir_N3
gTvPir_R5B
gTvPir_R5A
gTvPir_r2
gTvPir_R4A
gTvPir_r3
gTvPir_R3A
gTvPir_R2B
gTvPir_R2A
gTvPir_R1
gTvPir_r8
gTvPir_r7B
gTvPir_r4A
gTvPir_r6
gTvPir_r5
gTvPir_r4B
gTvPir_r7A
gTvPir_R3BR.....
gTvPir_R4B
gTvPir_R6A
gTvPir_N2
cTvPir_2
cTvPir_3
cTvPir_4	..C.....