

Supplementary data file 5: Pairwise nucleotide sequence identities of eutherian adenohipophys cystine-knot genes, and D-dopachrome tautomerase and macrophage migration inhibitory factor genes.

	\bar{a}	a_{\max}	a_{\min}	\bar{a}_{ad}	\bar{a}	a_{\max}	a_{\min}	\bar{a}_{ad}	\bar{a}	a_{\max}	a_{\min}	\bar{a}_{ad}
Cluster	1				2							
1	0,94	0,997	0,89	0,018								
2	0,178	0,197	0,159	0,006	0,883	0,997	0,814	0,029				
3	0,149	0,161	0,128	0,005	0,335	0,359	0,303	0,008				
4	0,155	0,173	0,14	0,005	0,361	0,387	0,331	0,008				
5	0,135	0,156	0,116	0,009	0,326	0,384	0,285	0,028				
6	0,139	0,152	0,125	0,005	0,214	0,243	0,186	0,01				
7	0,127	0,141	0,113	0,005	0,237	0,281	0,194	0,009				
Cluster	3				4				5			
3	0,877	0,997	0,784	0,031								
4	0,431	0,458	0,397	0,008	0,869	0,984	0,779	0,032				
5	0,332	0,387	0,293	0,02	0,364	0,423	0,318	0,026	0,782	1	0,608	0,112
6	0,152	0,18	0,132	0,007	0,179	0,203	0,163	0,006	0,168	0,2	0,145	0,011
7	0,176	0,191	0,147	0,007	0,21	0,241	0,188	0,006	0,223	0,268	0,194	0,012
Cluster	6				7							
6	0,873	0,944	0,804	0,031								
7	0,297	0,324	0,277	0,007	0,867	1	0,742	0,044				
Cluster	DDT				MIF							
DDT	0,751	1	0,568	0,087								
MIF	0,445	0,494	0,36	0,03	0,908	0,994	0,856	0,02				

\bar{a} , average pairwise identity; \bar{a}_{ad} , average absolute deviation for \bar{a} ; a_{\max} , largest pairwise identity; a_{\min} , smallest pairwise identity; bold, calculation within major gene cluster.