

S1 File. The gene model for *RcXIP2;1* and *RcXIP3;1*. **A**, The coding region is marked with uppercase letters (the intergenic spacer between *RcXIP2;1* and *RcXIP3;1* is also shown in uppercase letters but labeled with single underlines), under which is its deduced amino acids. The introns are marked with lowercase letters. The start and stop codons are blacked. **B**, Read-mapping graphical representation of *RcXIP2;1*. **C**, Read-mapping graphical representation of *RcXIP3;1*.

(A)

```

1 tgaagggcacaatacagtatggtttgcaacttaacgaagatctaataccttgacattggt
61 ggcttcagtgatgctgattggacctttgatccaacgataggaggtctacttctggtttc
121 tgtatcttcttagggagcaaccatgtttcttgaactgcaagaagcaatctactgtatca
181 aggtccagtatagaggctgagtatagaagctgggctaatactagttgctgagttatcttgg
241 ataaactctcttctgtctgaacattaagtttctgttctctgagctcctgttggtggttt
301 gataatcagagtacaatgcttctctcagctaatagccgtgttacatgcaagatcgaagcac
361 attgaactcgatttgatcttcttgaaggaaagtggttaacaaagaaattgatttaaggt
421 atgcctcgtctgttgatcaattggcagatgtgtttactaaggctatttctagttcagctc
481 ttaattcctctagattcaaacttaatgtagaaaatcttctatcctaagtttgaggaggg
541 atgtaagaatggttaatgtgtttgttacgtgtttgttactgagctggtatatagtttat
601 tcgagagggacacgtgtcattataagaatggttcggatgatttttagttggagtatttat
661 gtaataatctcattgtattgttgagtaacacaagattaataataatacaacaagattctc
721 tcatttcacattaagtgctagtaattattcctcaactgccaacctatcctatcattatat
781 taagaccttattttatgatggaaaatagccaaagtgaaccaagaaaatttcataga
841 atcATGGCGGATAATCTAAGGGTTATTGCTGATGAGGAAAATGGCTACGGAGGAAGAAGA
1 M A D N L R V I A D E E N G Y G G R R
901 GTTCAACCTTTTGCTCTACACCACTAGGgcaagtagtctcaaattttctacagtcgtct
20 V Q P F A S T P L G
961 tctcttttagatcttgggttttgttgcataatgaactgagtatacttggttctgattttg
1021 cagGGCAGCTCTGGACAATACTAACGGTGGAAAAGAAGCAAATCCTACTACATTCAGTAG
30 A A L D N T N G G K K Q N P T T F S R
1081 GGTTTTGGGCTTGAAGAGCTTCTTCTTTAAATgtagtaataatactctcttacgagcag
49 V L G L E E L S S L N
1141 tttacgtagttatagctaccgacaggggtcaagcctgaaaactattttcttttagcaaaatg
1201 acaatatcttgcccaaaatgagtaaaattaacatagaaagtaagcactaactgtggcctt
1261 gactagctagtagcttctgtcttctcttcccaccactaactactaataatgtatgtcgatta
1321 ttgaatttggcaacgccacctttagtacaattgaattacatgtaattgatgggcggatta
1381 caattttattactatcatcagGTATGGAGAGCATCTGTGGCCGAGGTCTAGGCACAGCA
60 V W R A S V A E V L G T A
1441 GCCCTGTCTTTGCTACAGACTATAGTCATCTCCACCTACGAGACCGAAAACAAAAACA
73 A L V F A T D T I V I S T Y E T E T K T
1501 CCAAACCTTATAATGGCAGCTTAAATCGCCATGACAGTCACAATTCTTCTACTGCCACA
93 P N L I M A A L I A M T V T I L L T A T
1561 TTTCCCATCTCTGGTGGCCATATCAACCCTGTCATCACCATTTCTGCTGCATTACAGGC

```

113 F P I S G G H I N P V I T I S A A F T G
1621 CTTGTTTCTCCTGTACGGGCTGCTGTATACATCTTGGCCCAATGTCTAGGAGCCACACTA
133 L V S P V R A A V Y I L A Q C L G A T L
1681 GGCGCACTAGCACTAAAAGCTGTGGTAAACAGCAGAATAGAGGAAACATTTTCTCTGGA
153 G A L A L K A V V N S R I E E T F S L G
1741 GGTGCACTCTAACATTGTTGCACCAGGCCACAAGGACCCATCGTGATCGGCCTTGAG
173 G C T L N I V A P G P Q G P I V I G L E
1801 ACGAGTCAAGCTCTCTGGCTGGAGATAATCTGTACATTTTGTTCCTATTTTCTCAATC
193 T S Q A L W L E I I C T F L F L F S S I
1861 TGGCTGGCATTGACAAGCGTCAGGCCAAACTTTTAGGTCAAGTCATCGTTGACAGTATA
213 W L A F D K R Q A K L L G Q V I V C S I
1921 ATTGGGCTGGTAGTGGGCTGATTGTGTTTCATATCGACGACGGTGACAGCCACGAAAGGA
233 I G L V V G L I V F I S T T V T A T K G
1981 TACGCAGGGGTCGGGATGAACCCGGCTAGGTGTCTAGGCCAGCTCTGTTAGAGGTGGC
253 Y A G V G M N P A R C L G P A L V R G G
2041 CACCTATGGAATGGGCATTGGGTATTTGGGCTGGGCCTGTGATTTCTGTGTAGCTTTT
273 H L W N G H W V F W A G P V I S C V A F
2101 GCTATTTACACTAAGATAATCCAAAAGCTGAGGTCCATGCATAAagggtgataactgatt
293 A I Y T K I I P K A E V H A *
2161 tacatccatatttgaatgtggcatttaaaatggctcacaagtaagaatgcatctttat
2221 gctgcttttttatgtttccagttagaggcttttactgttggggcatttgcactgacca
2281 aacttattaatgtctgttaactttaaattgtgtttttgtgatcctggcacaatgatgct
2341 aaaaatgtaatatatctcagtttattatcaggacttctggcttttcttttgttatattgtc
2401 aatttatatagcagcatatatgtcatttctccttgatgataactagatttaataaagcaa
2461 aAAACAGTGCTAGTCCTTACGTTGGAGTCTTAGTTGCTAAATATAGTATGAATTATATAT
2521 ATATATATATATATGATTGACCAACGAAATAATATCATGTAATGTTTATTTATTAGTTG
2581 GTATAAAGAATTGTGAAAAGAAAAGTTAATTTTCATGATTTCAAATAACTTTTAAAAA
2641 AAATTAGGAAAGAGAATTACAATTGACGAGATTAATAATAATATCTGCTCTTAAATAGT
2701 ATTATAATTCAGAGCTGAACCAAGTTATCATATTATGTCAAATTTCAATCCAAAATCAAT
2761 TGATATTGATACTATGTTTGGTTAAAATTCACTAAGAACTTCATTTTATTTTAAAAATA
2821 TAAGAGATAATATAAAATGAAAATAATAAGATATTTTAAATGTATGAAATATATTAATTT
2881 AAAAAATTTAGTTATAACTAATTTTACATAAAATTTAATTATATAAAATTTTAAATAATTTT
2941 CACTTTATTTAAACCATTTAAATCTTAAATGCANNNNNNATTGATCTATAATTAACAAAT
3001 TATATTCTACAGCTAAATCTCCACGTAAGAAATGGGAGCTGATCCATGAATCTATGATTA
3061 AAAATAATAATAATTTTATTTTGTACACAATATAAAATTAATTTATAAATAAAAAAT
3121 TAATAAATTTTAAATATTTAATATTTATTTATGATTTTAAAAATTAATAGTAAATTA
3181 ATAGTTTAGATGTCATTTTTAATTTTTAATTTTTAAAAATTTTATTTATGCATTAATAT
3241 AATAATATTTTAAAAACACTTATTAATTAATTTAATATTAATAAATAAATTTCTATCA
3301 ACATAATTGATATAACTCTTTTAAAGATTACAAATTATTATATAACTAAAAATTAATTTA
3361 CTAATAATATAATATCTAAAACATAATTTAAATATTATTTTTTTTAAATTAGGATTATT
3421 ATCTAATTAATAATAATTTAATAATATTATAATATAGTTAATATGTTAATTTTACA
3481 ATAGAATTAATAATTTATCTAATAAGAAAAATTAAGTTATTATTTAATAATAATTAATAA
3541 TATAATTAACCTGTTATTTTGAATTAGAATCACTATTTAATTAGAGATGTGACTTATG
3601 AGTCAATAAATAGAAAAAGAAATATTAATTTATACATAAATTTGAATTCATATGTCAGA

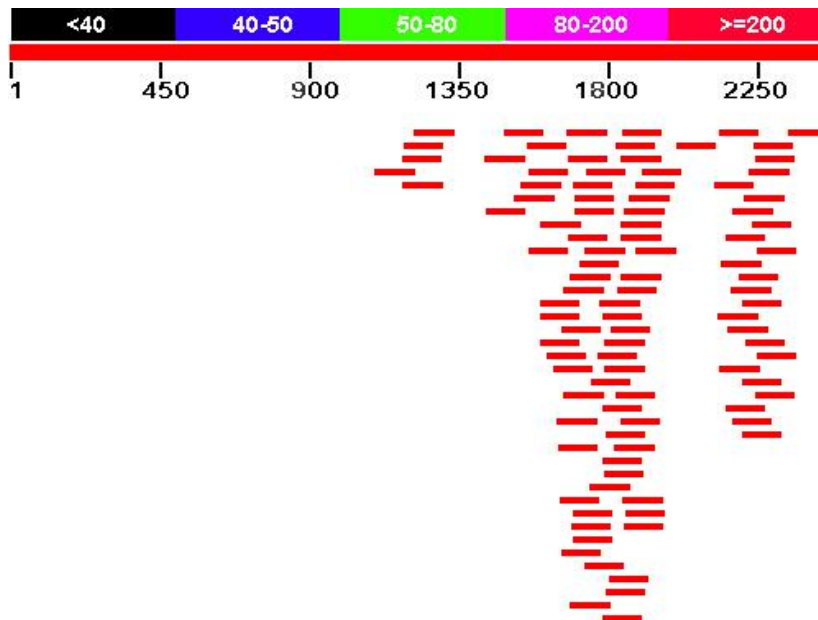
3661 AATAAGTACACATGTCAAAAAATAATTTAATATATATATATATATATATATAAATTA
3721 ACTTATTTATTTATTTGTTAGGGTATTCTCAAACCAAGACGGAATTGATGAATGATTCAA
3781 CTCAAGATATTTATCAAAACAATAGAGGAACATATCCAAGATTTGATATCTTTGGAGTCAC
3841 AACCTTATCTTCATCACTGCTCTCACTTCAAAAATCATAAGTAATATAAGTTTTATTATA
3901 GGAATATTGATGTTAGCAGCTATGATAGTTAGCCCCTATGTTAAACTCATTTTATAATC
3961 TTTGCATTTTGCTTTCTAATTTATATCTTAAAGTAAACAACAATGCAAAAAACAACCCATGT
4021 CCTGAAATCTTCTTAGCTGTACGTAAGATATTTGTCTAGTCGTTATCTACAAAAGAATGA
4081 ACGAACCTCTTTTAGTATATTTGATGGATATACTTCATATTCTCACCTTGCAATTTGTC
4141 CTTTAGACCAAACCATTTTTATTACAAAACCTAAGAATGTTAATGTAGTTTTGCATTTGG
4201 AGTTTTGGAATCTTCGTAATGAAATTGACCGATCGGCAAAATCCTTATATATTGATGAA
4261 TAATTATCTCCTATATGCTAAGAGAAAAGGACTAATTACTTATTCTCGCAAATATATAGA
4321 ATTTAAGGCATGGATTTGAATGTAGTCTCACAAGATGCTTGTCAATCACCATTCTCA
4381 AAGTCACTGAAAATGGCCACACAATCAGTAACTTCACAGCCACAAAAGAATCTTTGAAA
4441 ACAGGCTTTCTTGATCATATTTGGTCTCATGAATCTTTTCAACAGAGGTAATTAATGTG
4501 AATTGATATTATTTATCTTTGAAATCCATCTTTGAATGATTTTATTTATCTTCCAGAT
4561 GTGGAGAGCAACATTCAGTGTGCTAGCAACATCTTGCCTCTTATTCACACTGACCAT
4621 ATCTATCATCTCAAGCTTAGAATCACATGAATCAGAACCAAGATTCTAGTCCCATTGGC
4681 AGTCTTTATAATTGCCTTCTTCTCTCTTAAACAACCGTTCCTTTATCTGGAGGTCATAT
4741 GAATCCAATTTTACCACCATTGCTGCCCTGAAGGTGTATAACTTTCCTTCGCGCCAT
4801 ATTCTATATCCTGGCACAATGTGTAGGCTCAATCCTATCTTATATGATAATCAAGAGGGT
4861 GATGAACAAAATGTAGCTAAAAAGTATGCTTTAGGTGGCTGCATGATCAATGATGAAAA
4921 TGGAGAAGGGGTAACCTAGCAACAGCATTAGTGCTTGAGTTTTCTTGCACTTTTTTGGT
4981 CCTATTGTGGTGTAACAGTAGCATTGACAAGAGAAGGTTAAAGAGCTTGGATTAGT
5041 AATGGTATGTGCAGTATTGGCAGGAACCATGGGATTAGCTGTTTTTGTTC AATTACTGT
5101 AACTGGAAAGAGTGGCTATGGTGGTGTGGGCTTGAATCCTGCAAGATGTTTAGGGTCAGC
5161 TTTATTGCATGGAGGTGCATTGTGGTATGGGCATTGGGTTTTCTGGGTGGACCATTTTT
5221 GGCTTGCAATTGCTTATTACTGTATACTTTGACCTTACCAAAGGAAGGCATGGGAAATAT
5281 AGATGCTGTAGATTGATAAATCATAAAGTACTTTAAATTTAGTGTTTTTCTTCTTTGTA
5341 TTGAATGAAAATTTTATTCTTTTATTAGAACTAGAGGTATACCTATCCTATGGGCGGAA
5401 TATCATTTTATTTATATAATAAATAAAAAATAAATATATTAGACATTAATTAATAATTA
5461 AAAGATGAAATATGGTATAAAATTTTTTATTTTAAATGAGAAAATAATATAATTTTT
5521 TTTTGCATAATCATTTTAAAGCGCCGAATAAATATAAATGTCAACTAATTTAATCAAAG
5581 GAGGAAACAATTATAAATGAGTAGATAAATATGATTTGGAATACTAAAATTATAATAAA
5641 ATACGATTAGTATGTATTAATTAATAAATAAATTAAGTGTATAAATAAATAGATATAAT
5701 ATAATTTGACTACTGAAACTACAATAGAGTATGATTACTAAGTGTTAATTTAATAAATTA
5761 AACTGTAAAGAGTAATCCTTATTATTTTACAGAATTTATATCAACACTTAGTCACTCTCA
5821 CTTTAAATAGTTACTCGCAATTATTGATAATAGAAATCAAAAATAATTTTATGAAAAA
5881 AATATGATAAGAACAACATATAAATTTTTCTTCATATTTTAAATCTTTTGCATAATAT
5941 GCATTGTCAAATTTGTAATGAAGTAAATGAATTATAGTGTGGGGAAGAAAATTA AAC
6001 ATCAATATACAAAAGATATTTAATAAATCTTAAATTC AAGTACATTTCTATCTATTGCC
6061 TTAACATTGTCCCAAATACAAAATAATGCTTCTTCATATGAAAATCTTACAAAAAAA
6121 AAACCTTGTTAGCATTTGTTTCGAGCAAAATCATTATATATATATGAATACGAATGAA
6181 ATGAAATTTATCTTCTCAGCCAATTCAATCTTAAATATGATTAGCATATAATGAATATC
6241 CAATATATAATATAATGTTAATTTCTCAAGACTTCTAATTATAATAATCTACTCCCATTA

6301 AATATTTTCTATATGATGAATTTTATAGTTTATAAAGAAAAACAAAAGGAAATAAATTGT
6361 TACGAGTAAATTTTATGAATATTACATTAATTCATAATAGGATACATGTGAATAAAAT
6421 ATCAACATGAAATAAATAAATTATAATATATGAATTATGCTTGGCTAGAAGCAATAACAA
6481 CAAAGAAGTTGTAACCTTTTTGACCATAAGCTTATTTTGATAACACAATCCTTACCAATA
6541 ATACATACTATTTGTAACATCAGCATTAAAGCATCTTAGATGGAGACAAAATAGTGAATTG
6601 ATTATAAATTGGAGATGAATAGTTTAGAAGCTGCGAAAGAGAGTTCAAAATTCTCAATTA
6661 TATATATATGTTGCAAATCACATATTATTGAAAGATCTAACTCTATAATTTTTTTTTT
6721 CAACAAATTCAATGTTGCATCATTCTTTATCATTATTGAGCAAACCAAAGGCAATCACAT
6781 GTTTTTATCATTGTTAAAGTAACAACAAGCATATTTGTATTTATTTTCTATGTGTCAA
6841 TAAACCTTTCATAATCTATATGGTACAAATGAATTTTGATATATTATAGAATTAATGCT
6901 AATTGGGAAAAAGAAAAAATTAGATGTATTTAATTTATAGGTTATAAATTTTTTCAATT
6961 TATTGATTATGCTTTTATAGAAATACTTATTGTTTATTCTTACGTCAACCCAGTTT
7021 TCTTTTTAAAAAAGTTAAAAATTCTAAAAATAATCTCATTTCATCATTATTAAGCATT
7081 TAAAAGCTATATTGAATTGAAATAGACTATTAACCTTTTTATTATTAATAAATTGAGGTT
7141 ATATATATAAAAAATTTGTAACCTACCAATTTGATTTAAATAATTGAATATTTAATTGAAA
7201 AATAAATTATAACTAATGATGTTAATTTATTTATTTAAATATCTTTTATAATAAGATAG
7261 CTTATCAAGATGAAAAGAAAATTTCAAATCCATAAAAAACATTAAGAGAAAAAAGAG
7321 TATTAAGAAGACAAAAAGAAAAAGCTAAAATTAAGAGAAAAATAGTTAAAAAATAAT
7381 AGAATGCCATCTAAAAGAATTTATATAAAAAATAAATTTTCATGTATATAGATTTAACTT
7441 TTTCTAGATCGGTAATGAAAAGCAAGAAGCCAAGTTGACTTACTAACATTGAGGGATAA
7501 TTGCCATTAATGAATACTTAATATTGTTTCTGATGATTTAGATGAAAACGAGTTAAATAA
7561 GCTTCAACATAATTTATAATTGCCATTAATGAATTATATAATTATCATATGTATATTTA
7621 TTTGGTGATGACTTGATTTTCACTTTATTCTACCGTCCATACCATGTGAGACCCTACTT
7681 CAATGTCTATAATGGTTATTGAGAAAGAATTTGTTTTGTAAAAACAAAACAAAAAT
7741 TATCATAGAATTCCTGCTTTTTAGGAGTTCTTAGGGCAGAAAACGACCTCTCCCATGAAA
7801 GATTGTTTTATAAGGATTGTTGAGTTTGCATGTGCAATCTCACATGCATTTATTATATT
7861 TTATTAAGAACATATATTTACTGTCCTACTGGCATCGATGGCTTTTCTTTGCTGTGCG
7921 ATAATAGCTATATTTGATTTTTACTTTCTGTTTTTTTTTTTTTTGTAATTTTTTTAGTC
7981 ATAATAAAGTAACCAAATTATTTCTATTTATTTATACAGTTGGTCAGAATTTATAA
8041 ATGTTGATTATAAATATTTTACTAATGAATTTTACAAAATAGATGATAATGAAAGAAGA
8101 TCCTATGGCTATTAAGTTTAAATATTCCGAGATAAATCAAATTTATCATTAAATAATA
8161 TGAATTTATTTAGTTGAAGTTTGTTTAAGATTTTATTTTATATTTATTTTAAATTATT
8221 TATTAATTTTATTGATTAATATTTATAGATATTTTGTTTAGTTTATTTTTTACGGAGGTT
8281 TGTCTTTTTATAGAATTTTTTTTATGAGAGTTATAATGAGTTTAAATTATAATTTAA
8341 AATGATAATGAAATCGATCTGTGGCTTAATATAGCACCAAGTGGCATATATTTCATATCA
8401 ATATGCCAAATGCAGCCAATATACTGTATATAATTATTATGTCAATACGATAAATGAATA
8461 TTAGAAAAAATTCATTTTTATCAAGATTAATATTTATTTTTGAAATGAAATTTACT
8521 TATATTTATTAATCATTTTTAATGAAATATCTTTTTATTTTTTTTTTAAACGAGATACTC
8581 ATATATAATACCTACAAAACATTATCCAATTGAAGGATCCCTGCTATTGCTTTAACAACA
8641 ATTCTTGGGTACACTATGTCTGGCAAATGAGGTGTTATGGGATCAAAGTGCACCCTGA
8701 CAGGAAAAATGAAAAGCATTAAAAATGATGATATCCCTTATTTATGATCCATAAACAA
8761 AGGGATATGGTATCTCAGCTGATATATTGCAATTTCTTTTTCATGTGAACCTGTGCACG
8821 AACGCAAGACAAAATTGAAAGATATTATGAACTTGGTCTAGATATTTATCATGGCCAAT
8881 TTTTAAAACTAAGTGAATAATAGTGTCAATAATGGCTAGAATTAATAAGCATGTCTA

8941 TACTGTGAGGATTGACCTAGATTTCTTTCTATATAAAGATATTGGAAAAATCAGGAAATAA
9001 TTTTTTTTTTATTATTCCAGAAAAATTATAATTTAAATGGTATTTTTAAAATAGTATTT
9061 TGCCACACATAAAAGTCCTATATGACACTATGTATATTACTCTAAATTAATAGATTAATAA
9121 AATTATTATTATTATTGGTGAGGATGGTAACTTTCTCTATTTCTGAGCAATTATAAGGA
9181 CACACCAAATATTAACATGCCAGATGAGAATCTTTATCCATGAAATATTAATAAACAG
9241 CCTAAGTTTAAATTTAGAGGAAAAAAGAAAAATATTATTTTATTTTATAAGAATAT
9301 AAATATCCATAAATAAGAATTAATAAATACATTTTAAATATAAAAAATAAAAAATAACATT
9361 AAACATCAAGAAATATACGTAAGAAATTTATTCTTAACAATCATCAATCGTTTAAATAG
9421 AGCAATAGATTGTAATTCTGCAGATAGAGCACTCCATCCGATAACATTAAGTCATATATC
9481 GACTTATAGAGGTTTTTGGACTAGTTCAATTATTTGAATATTGAATTAATTTCTTTTTT
9541 CTCTCACCACCTCGTACAGATAGAACTCAATACCTTCATGGTGGATTATAAATCTTTTAT
9601 AAAATGAGAAGTGAACACTCTTATAATGAAAGATAATAAAATTTATAAAAAATATTAATA
9661 TTTATTTATTAATAAATTAANNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
9721 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
9781 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
9841 ATATAAATTATATATATATAACGTCACAAATGATTTCTTTGAATCTTATATAAAGTGGGAA
9901 TAGCTGTTTCAATAAATGATCTAGAAGGTGATAATGGTTCTTGAATATAATATATATA
9961 TCACTAACCAATATTATAGTTGAAGAATCATTAATGAATATTGTTATAAGTTATCAGTT
10021 GTAATAGTCCAATTCTTTGACTGGAATAGCACTGCATAAATGTGTCTATAAATGTGGCCA
10081 AAAAGTTAGCCATGAAAAGCAAAGGCATTtagag**ATGGCTGCTTATGGAGTTGTTCAAGAT**
308 M A A Y G V V Q D
10141 GAAGAAAGCCTTAGTGGCAATAAGATACAACCGGTAGCCTCTACGCCAATgcaagtgttg
317 E E S L S G N K I Q P V A S T P M
10201 ttactttgtatctaatgtttttttttaataagaagaagtatataaactcaatttgttgc
10261 tcttttctgtttctcgttattaattgatcatatatgtattgattttcagGTCTGAGCAAC
334 S E Q Q
10321 AAAGCACCAGGTAGGGAAGAAGCAAATCTCCCCACATTGAGAAACATATTAGGCTTTG
338 S T R V G K K Q I S P T L R N I L G F E
10381 AAGAGCTTTTCTCTTTGACGgtaagtatgactttgtatagagtagaatctgcaaccccat
358 E L F S L T
10441 aaaattatcatttttttttaattgcaaatgaaaaggaactcaaatgtgaatcaaggt
10501 taagttgagatatatacatataatctatagaactatcatttcttagtagaactatataaa
10561 taataacatattttacatattaatgtatatagatacgaagatgaatacaatataattgtag
10621 ttcaacttttacttttaatttataagaatgtgcaaatcacttacttaaattgaaatata
10681 tacctacaactagttgaaatactagatatgttataaggttgacttaaagtaataataaa
10741 tttcgactagtgcttttagggatctctattgtttccatataaattttaattgttttct
10801 ctcaccttgataatttcttaaaagatgaccttttgccaaatgcaaatgatattaatcat
10861 taagagactagtttagaagtttaaggtatttaatttaaggaggacacacacatctaattg
10921 aacaattgggaccaaattaaactacatgtcaaaaagcaacttctgattaattttcgtcat
10981 cagagtatatccgaaaaatgagtgttgacataactcttcattattgatagtagttagtca
11041 caatatccttttagatacatattacattaatgatttctttcttaattgtgagactcaaatat
11101 tacaatccatcacataataaacatggaaaagcaattcaattatttattactagctaacaa
11161 cttttccatacaaaatgatatttcttttcagGTATGGAGAGCATCTTTGGCAGAACTC
364 V W R A S L A E L

11221 TTAGGCACTGCAATTCTTGTATTTGCAATAGACACTATAGTCATTTCCACTATAGAGAGC
 373 L G T A I L V F A I D T I V I S T I E S
 11281 GAAACAAAAGTACCAAACCTTATACTATCATGCCTTGTGGCCATCATAATAACAATTCTC
 393 E T K V P N L I L S C L V A I I I T I L
 11341 CTTATTGCTACATATCCAATATCTGGTGGTCACATTAATCCTATTGTTACCTTTTCTGCT
 413 L I A T Y P I S G G H I N P I V T F S A
 11401 GCACTACTGGCCTTATTTCCATATCAAAAGCCTTCATATACATTTTGGCTCAATGTATT
 433 A L T G L I S I S K A F I Y I L A Q C I
 11461 GGTGGGATTGTGGGTGCACTAGCACTAAAAGCAGTAGTCAACAGCAACATTGAGAGAGTA
 453 G G I V G A L A L K A V V N S N I E R V
 11521 TTTTCACTAGGAGGTTGCACTCTACTATTGTTGCACCAAGTGCTCATGGTCTGTACT
 473 F S L G G C T L T I V A P S A H G P V T
 11581 ATCGGTCTTCAAGTTGGCCAAGCCCTTTGGTTAGAGATTATCTGTGGGTTTGTTTTCTT
 493 I G L Q V G Q A L W L E I I C G F V F L
 11641 TTTGCTCAGTTTGATGGCGTTTGATGACCGTCAAGCAAAGGCCCTGGGAAGAGTTGTG
 513 F A S V W M A F D D R Q A K A L G R V V
 11701 GTTTCATTATTGTTGGGGTTGCTTAGGCCCTTCTTGTGTATGTCTCGACTTCGGTTACA
 533 V F I I V G V V L G L L V Y V S T S V T
 11761 ACTGCTAAAGGCTATGCTGGAGCTGGGATAAATCCTGCAAGGTGCTTTGGGCCAGCAATT
 553 T A K G Y A G A G I N P A R C F G P A I
 11821 GTCCGAGGTGATCATCTTTGGAATGGGCATTGGGTGTTTTGGGTGGGGCCATTTATTGCT
 573 V R G D H L W N G H W V F W V G P F I A
 11881 TGTGTGGCATTACTTTGTACACTAAAATTATTCCTCCTCAACTACTCACACAATGTAG
 593 C V A F T L Y T K I I P P Q L T H T M *

(B)



(C)

