

**Primers and 27 selected genes Amino Acid sequences complete alignment with using
bioinformatics tools (ClustalX and Gene-Doc)**

Table S1. Oligonucleotide PCR primers.

Gene	Accession No	Forward Primer (5' - 3')	Reverse Primer (3'- 5')	Product size (bp)
ggTas2R1	AB249766.1	GGTGCCATCAAGACAGTCTTCTC	ACAGGCAGCCACTACAACAACA	135
ggTas2R2	AB249767.1	GCGATGATTCCATGGCTGC	CGTTGACCTGCAGAGGTAGG	102
ggTas2R7	NM_001080719.1	TGGCAGAGCAGCACAAACACAAC	TACAAGACGCAGGCCACAATGAA	111
BCL2	NM_205339.1	GAGTTCGGCGGCGTGATGTG	TTCAGGTACTCGGTATCCAGGTG	92
BCL2L1	NM_001025304.1	TGGAGAGCGTGGACAAGGAGATG	CTCGGCAGCAGCGTTGTTCC	152
MCL1	XM_001233734.1	GTGAGCCAGTGAGCACCAACAG	ACAACCACAACTCTGAAGCATCGG	96
BID	NM_204552.2	GTCACAGGCAGTGGAAAGGACTTG	GTGCTGAAGACAGGCTGTAGAAGG	138
NOXA	XM_001233389.1	CGAACCGTGGCGAGGCTGTTG	TCCGCCTTGTCTCCGATCCTG	135
CAPN1	NM_001044672.1	CAGACGATCCTCAACCGCATCATC	GTTGACCATACTGCGACACGACTC	87
CAPN2	NM_205080.1	TCGGAGGAAGCAGAGGAAGATGG	CCGGAGGTTGATGAAGGTGTTGG	163
CASP2	NM_001167701.1	TCCTCCGATTCCCTCCAGTGAAGC	CACAGTCCACATCTCCACCTGAAC	170
CASP 9	XM_424580.6	TGATGCTCTCCAGAGGTGTTCC	CCACTGAATCCTCCAATCCACTGC	195
CASP 3	NM_204725.1	TACCGGACTGTCTCGTCAGG	ACTGCTTCGTTGCTGTGATCTTC	166
CASP 7	XM_421764.5	TTCCTGGAGGAATCCTGGAAAGAGG	TGAAGCGTGGATCATCAGACTGTG	158
ATG5	NM_001183963.1	AGACGCCTATTCCGTGAAATTACC	GATAGTTGGTGGCAACGAATCGC	158
Beclin-1	NM_001006332.1	ACCGCAAGATTGTGGCTGAAGAC	TGAGCATAACGCATCTGGTTCTCC	163
Dynein	NM_001006519.1	ACAATGACCTGAGGTGCCAACTG	CCACTCATCACTGGGAGGAAGT	170
LC3-I	NM_001031451.1	TTACACCCATATCAGATTCTG	ATTCCAACCTGTCCTCA	130
LC3-II	NM_001031461.1	AGGTGTACGAGAGCGAGAAGGAC	TACTGAGAGCGTAGGTGACATCCG	200
mTOR	XM_417614.5	AACCACTGCTGCCAACATGC	CATAGGATCGCCACACGGATTAGC	120
PLC β 2	XM_025151351.1	GCTGTTGGTGGTGTGCTCAG	GCTGCCTGCTTGGACTCTGTTAC	101
IP3R3	XM_418035.6	CTGGTCTGCTATTGCCGCTGTC	TTCTTGTGCGCTGTCATCAGGTTG	192
α -gustducin	NM_001267811.1	AGGAGTCAGCAAGGAGATCCAGAG	AATGATAGGTGCGAACCTCATGCG	191
TRPM5	XM_003641321.2	ATGGTGGAACAGGCAGCATTGAG	ACAGCTTCTGGCTTGACGAGTTG	190
GPX1	NM_001277853.2	AAGTGCTGCTGGTGGTCAACG	GTTGGTGGCGTTCTCCGGT	155
SOD1	NM_205064.1	GGTACCTCGGCAATGTGACTG	AATGATGCAGTGTGGTCCGGTAAG	93
CAT	NM_001031215.1	ACGTTGGCGGTAGGAGTCTGG	GTGGTCAAGGCATCTGGCTTCTG	184
β -actin	NM_205518.1	CCAGCCATGTATGTAGCCATCCAG	ACGGCCAGCCAGATCCAGAC	162

*gg-Gallus Gallus; TasR – Taste Receptor, β -actin- Housekeeping gene

27 Selected genes Amino Acid sequences complete alignment with using bioinformatics tools (ClustalX and Gene-Doc)

We performed complete amino acid sequence alignment for the experiment selected genes. First, we search amino acid complete sequence through exploring NCBI database, then we do complete alignment using two bioinformatics tools (ClustalX and Gene-Doc). The amino acid sequence alignment shows us that, those genes which are identical have black color while those which are similar with each other have gray color for the alignment indications. The empty area means there is no similarity and identity among the genes respectively. Interestingly, we found more identical and similar genes in bitter taste receptors family (ggTas2Rs), downstream signaling effectors genes and antioxidant genes, while there was rare similarity among apoptosis and autophagy related genes. The illustrated alignment figures for bitter taste receptors genes, downstream signaling effectors genes, apoptosis related genes, autophagy related genes and antioxidant genes are shown below.

1. Bitter Taste Receptors genes complete sequence alignment (ggTas2R1, ggTas2R2 and ggTas2R7)

```

      *   20   *   40   *   60   *   80   *   100   *
ggTas2R1 : ----MSSLESPCQVIAIPESVVGLLNGDIVAVSSSTSCIRSKKILSSYDVIVIFLSIIRPFLOIWMILDPLLIFFCCPSVYEENLEVFHKTVVIFFLNSYSFVFAANLISV : 105
ggTas2R2 : ----MLPVLIIVSCIVIEVVVCGMNGCFITAMNSTINIKSKRISADNILLFLSTSRPFLQCVTMMVTHSILYTD-VKLASVVKPFGAIWNVNHSIWFWSTWLVY : 104
ggTas2R7 : MAEQHNMSSSCAFVVIIPRCAPAGGKAAPTAACCAAPFKHNA-NEHILLPIGCRFYLCATWIKLIIISVLFQPNLLDTGCSITPAIFMCPISESNIHTSTICLA : 110
m   ss   c6I   af2   6VG   gNgfivAvss   wi4sK   6ss   d   I66FLs   sRF   1q   6y   f   6   TF   F6ns   slWfstwLyv

      *   120   *   140   *   160   *   180   *   200   *   220
ggTas2R1 : FYCCKVLSFPCQIISWLICRIAAIIIPWMLIISSEIFPATSLPFFDSVAHSNTPLIMMTNSKRPTITRKONILFLLILNVGIAAECSIMLVFSIHLIPSLVTRHTQ : 215
ggTas2R2 : FYCVRKIDIVCWLICINHRITDPIWPWLLIGSILLISCVTSFELLWIDNTYLCRSSSGNCGDNSIAHISGWDSHMLLILYFTGCFEEIVLMSITSCLLINSLKHTKRM : 214
ggTas2R7 : FYIMKIANBRHEFIVLWPARIDPVPWLLLSSVVLSPINCSPIKWKIDEENRTSPNFTQGQIFWATNEEIKHFNLSIISITCGFSARBLNTFAFFLIFSLICRKHEM : 220
fyc6K6anftq f1   6K RI   66PW6L6 S 6 S ts Pflw n   t   t   ns k i   6616c G   p 66   s 1L6   SLW4Ht KM

      *   240   *   260   *   280   *   300   *   320
ggTas2R1 : CNAALGGRDPSEBPIIGAIKTVGSFLLIYIANFIALLIISLTFVPLSTEERIICVVVVAAGAGCQSMVLIWSNRFKEELSSVHYVNSCQFARCS----- : 311
ggTas2R2 : CYVDSLFRDELIIVVHLIAIKSISISSLILYIISFVBCIMTLSQSQSKDFVKRVVSLVVTGAVPSIHSIILLIVNSKLELAERMICGHFMCHENVNL----- : 311
ggTas2R7 : CTSSH--RSISMDAHIRAMKSLSIIFFTPSIHYUILLTTYNSKE--NFIDVILWLYGSPVHSLILLIFSNPRERALRIPCAKQKECARQPTETPMCLCS : 321
Q   t   fRdps6dah6 A6K36 Sf1 15i   56alil1   3s   va6   6V6   a   p   ihS66LI   sNp4l   1   61   c   ar

```

2. Apoptosis related genes sequences complete alignment

3. Autophagy related genes complete sequences alignment

Becline-1 * 20 * 40 * 60 * 80 * 100
 mTOR : NSCTVSIILCCPANGLKSESEETAKAAKDIQHNYTMEILKRENSQEESTRFYDQINHHIIFELVSESSDANERKGCLIAIASLICLVEGGNATRIGRFANYIRNLIDSNP
 ATC5 : -
 LC3-II : -
 Dyanein : -
 LC3-I : -

 Becline-1 * 120 * 140 * 160 * 180 * 200 *
 mTOR : VNEHASKAIIKGLAMAGGTTTAEVVLEEVKRALIEWGADRNEGRNRAVIVLRELAIASVETPTTQQGVQPPPFNNIFAVWDPKGAIRESGAVALRACLTITOREPK
 ATC5 : -
 LC3-II : -
 Dyanein : -
 LC3-I : -

 Becline-1 * 220 * 240 * 260 * 280 * 300 * 3
 mTOR : EMCKFCWYHNTYBAAEKGDFETLAKERGMNNDRDRINGALILNEVLRKISSNEGERLKEEMEITQOCYLHDKYKEDLMGFTSKPKWHITEFTSFQSLPSGSNAIAZ
 ATC5 : -
 LC3-II : -
 Dyanein : -
 LC3-I : -

 Becline-1 * 20 * 340 * 360 * 380 * 400 * 420 *
 mTOR : LLOYNAHQGIMFGATMFEATMPEAKOTLVEGRCRCDLMEERFQVCCWVLRCRTSKSNGLICMTVNLPLAANFRPAFTADCYLPCTMHNHLSCVKEKEERTAANFGQLG
 ATC5 : -
 LC3-II : -
 Dyanein : -
 LC3-I : -

 Becline-1 * 40 * 440 * 460 * 480 * 500 * 520 *
 mTOR : LLLSVAVRSEFCAYLPVLEIIKAALPPKDFAHMRKSVGVQDVATPTCISMLARAMPPIQCGQDKEELPEMLAVGLSPALTAVLYDLERGIPQCLEKTDQGLLMMKL
 ATC5 : -
 LC3-II : -
 Dyanein : -
 LC3-I : -

 Becline-1 * 540 * 560 * 580 * 600 * 620 *
 mTOR : LVLNMHKPLRNPQPMGPKGLANGLASPSTLNPIEASDVGSITLAETLGSFFEEFHGSILTCFVHNCHADHFILNSEHKEIRMEAATCSRNLLPTSHNLISGHMHASHVSGTAVG
 ATC5 : -
 LC3-II : -
 Dyanein : -
 LC3-I : -

 Becline-1 * 640 * 660 * 680 * 700 * 720 * 740 *
 mTOR : VVADVLSSLKLLVVGCTDPPPEPIRPFVCLASLDERFDAAHLAGAENIQLAFVALNDVCPFEIRELAICTVRLCSMHNNAFVFPLFLRMNLGCLTILEHSVGCRIKECSARM
 ATC5 : -
 LC3-II : -
 Dyanein : -
 LC3-I : -

 Becline-1 * 760 * 780 * 800 * 820 * 840 *
 mTOR : LGHLVLSNAPRLIRYNEPIEFLKALIKLKDPEPDPPNPGOIVNNVIATIGELAQVSQGLEMMRWRVDELFIIIMMDQGSSLLAKRQCVALWTLQGIVASTGVVVEPYRKV
 ATC5 : -
 LC3-II : -
 Dyanein : -
 LC3-I : -

 Becline-1 * 860 * 880 * 900 * 920 * 940 *
 mTOR : TLELEVNLNFIKTECNGGTRBEAIVLGLGALDPPYKHRVNIGNIDQSRECAASVLSKSEKSDSSESYTSEEMLVNMGNLIDFEPYPAVSMVAlMIFRDQGSLSLGHH
 ATC5 : -
 LC3-II : -
 Dyanein : -
 LC3-I : -

 Becline-1 * 960 * 980 * 1000 * 1020 * 1040 * 1060 *
 mTOR : TMVLLCATTPIFKSLGLRKCVCQFPCVMPMTFLNVIRVCDGAIREPLFQQLGMLVSVFVRSHIRPYMDEIVTLRDFWVNNNSTCGIIIILIEQIVVVALGGEFKLYLPL
 ATC5 : -
 LC3-II : -
 Dyanein : -
 LC3-I : -

 Becline-1 * 1080 * 1100 * 1120 * 1140 * 1160 *
 mTOR : IIPHLRLRVHMDSNSQSRIVSVKLNLATQLEFGANLDLYLHLLPPVFLKFCAFDAAVARKAALETVDRLTSEDLFTYDASRRIHPVITVTLQDGSPERLTTCMFLSSL
 ATC5 : -
 LC3-II : -
 Dyanein : -
 LC3-I : -

 Becline-1 * 1180 * 1200 * 1220 * 1240 * 1260 *
 mTOR : VFCLGKRYQIFIEPNVNKRVLVHRHINHGCRDVLICRIVRGYTLADEEDPLIYCHGRMRSLNQGETLSSCPVETGFMKRLHVSTINLQRAGWAARRSVDKDWLWEWRR
 ATC5 : -
 LC3-II : -
 Dyanein : -
 LC3-I : -

 Becline-1 * 1280 * 1300 * 1320 * 1340 * 1360 * 13
 mTOR : LSLELLDSSSSSLRSCWLACAYANPMARLDFNAAVSCWELLEDNQCECELINSIELALTSDCIAVTCFTLNLNAFMEHSDKGLPLRDENDIVLGLENAAKRA
 ATC5 : -
 LC3-II : -
 Dyanein : -
 LC3-I : -

 Becline-1 * 1400 * 1420 * 1440 * 1460 * 1480 *
 mTOR : MCKSLKALEAKKKKLAKEEKKKREKKEEEKKKKKKETGKULVPGKEESELEKKKKREKEAALL
 ATC5 : -
 LC3-II : -
 Dyanein : -
 LC3-I : -

 Becline-1 * 1500 * 1520 * 1540 * 1560 * 1580 * 15
 mTOR : GATNRESDGRAGGYTFLTKRSDLAKREEPKSLVPLKAGNKLINLPAQEEKEERPLGKTPNFSLACEEKSSEFSSVKAAGAREGKFGSATGDNFKEPSSKPLAACKPSL
 ATC5 : -
 LC3-II : -
 Dyanein : -
 LC3-I : -

 Becline-1 * 1600 * 1620 * 1640 * 1660 * 1680 *
 mTOR : MEGRREACTT
 ATC5 : -
 LC3-II : -
 Dyanein : -
 LC3-I : -

 Becline-1 * 1700 * 1720 * 1740 * 1760 * 1780 * 1800 * 1820 * 1840 * 1860 * 1880 * 1900 *
 mTOR : FVCPQCQPLTDFSKFLDLRHTICELAATPLATAPARPEAGEES - ALSEAAEFTPEGRD
 ATC5 : -
 LC3-II : -
 Dyanein : -
 LC3-I : -

 Becline-1 * 1800 * 1820 * 1840 * 1860 * 1880 * 1900 *
 mTOR : YAKALHNGKQHCFVQVPLTAACTGATG
 ATC5 : -
 LC3-II : -
 Dyanein : -
 LC3-I : -

 Becline-1 * 1900 * 1920 * 1940 * 1960 * 1980 * 2000 *
 mTOR : NNDLCLLDPVYDWWLSDGSDFLMVKLQVWVQVWVQVWVQVWVQVWVQVWVQVWVQVWVQVWVQVWVQVWVQVWVQVWVQVWVQVWVQVWVQVWVQVWVQV
 ATC5 : -
 LC3-II : -
 Dyanein : -
 LC3-I : -

 Becline-1 * 2020 * 2040 * 2060 * 2080 * 2100 * 2120 *
 mTOR : CSEHPLFDDVYDWWFVWVQV
 ATC5 : -
 LC3-II : -
 Dyanein : -
 LC3-I : -

 Becline-1 * 2140 * 2160 * 2180 * 2200 * 2220 *
 mTOR : EECWPKAKTFLN -
 ATC5 : -
 LC3-II : -
 Dyanein : -
 LC3-I : -

 Becline-1 * 2240 * 2260 * 2280 * 2300 * 2320 * 2340 *
 mTOR : PIRIGZIAPIPLSGLVITPPLRKTTSFNSQAYGDRLEAGCQWVQVWVQVWVQVWVQVWVQVWVQVWVQVWVQVWVQVWVQVWVQVWVQVWVQVWVQV
 ATC5 : -
 LC3-II : -
 Dyanein : -
 LC3-I : -

 Becline-1 * 2340 * 2360 * 2380 * 2400 * 2420 * 2440 *
 mTOR : PTASIVEGNPALNRVWHTTCGEECSDCESECVIVYDVGEGIAVPESECTNTRGFTLAEIANHADAEKAATRPA
 ATC5 : -
 LC3-II : -
 Dyanein : -
 LC3-I : -

 Becline-1 * 240 * 2460 * 2480 * 2500 * 2520 *
 mTOR : AAKKTCGTTVPEISINPSIGECLVKPEALRKAICIIINVRKELGKDFPSHDTLDPVTCVLLGATSHENICCCCYIWGCPFW : 2521
 ATC5 : -
 LC3-II : -
 Dyanein : -
 LC3-I : -

4. Antioxidant related gens sequences complete alignment

```

          *      20      *      40      *      60      *      80      *      100      *
GPX1 : ----MAA[GLAGIDARFLIAAPDIALSSIRG----KWLIVINVAALUGTTRFIFCNEIICQR-----YGPGLRVIC-----EPCNDFCEQEAINEELR- : 84
CAT : MADGRDVASEQLKRWQSCRSCKEDALTTGAGCNPIGDKLNLTVCPFRGPIIVCDWVFTDEMAAFDRERIPERVVHAKGAGAFYFEVTHDITKYCKRAKVEELIGKRPPIA|RFS : 114
SOD : -----NAVILKAVCVMKGDABPG-----VHFQCCGSGPVKWIGRITCISDGDEG-----EHVHEEDNTNGCTSGAH- : 64
          a      a      g      pal     G      v6      vgs     t d      l e      h      g      g      f      Fgh      n      t      ai
          120      *      140      *      160      *      180      *      200      *      220
GPX1 : -----SLEYVRFENGKPNBTMFKCEVNGKAHPLFLAFLEALPFI-----HRDLSALTNEQYLINSPFCRNNDWSWPFKEILVGPGRGV-----FRYSRH-FE-----KLVED : 182
CAT : TVAGESGGADTVRDPGEAMKEYTDEGNWLVTCNNTFPEIRDNMIFESFIHSQKRNEOTHKED-MVNDPFSRPECLHCVSLLYSDRGIDGFRHNNGYGSH-----PKLNAS : 226
SOD : -----FNEGKQHGGPKDAAREVGDILGNVTAEGVAEVIEEDSVVISLT-----GHOLIGRTDWVHARSDILGEGGDNESKLTG-----NAGPRILACG : 148
          s      e      vr      g      gf      f      e      gnv      kg      f      r      a6      fp      p      P      66W      6      S      fl      g6p      fr      t      4L
          *      240
GPX1 : EIL[QKVPPREALQ : 195
CAT : GCAATASPR---- : 235
SOD : IGAIAKC----- : 154
          g      p

```

5. Downstream signaling effectors gene complete sequences alignment

DLC:Ä2 : * 20 * 40 * 60 * 80 * 100 *
 IP3R3 : HNMEMSSFLHIGDIVSYAECGSVNGCFIGSTLGLVDERCVVVEAAGDILNDPRKRFRCLFLVKCVMNMRYSAQKQYWRKRCQTQDKREKIAADVVLQKLQHAAQMEQRGN
 : - 105
 ;Ä-gustduc : -
 TRPM5 : -

DLC:Ä2 : * 120 * 140 * 160 * 180 * 200 *
 IP3R3 : TENKRVHGDDVVKGYSVQIQLHHMMSNSKYLTVNKRDLALLEKNAMVRVLDATCGNEGSNLFIGDFPWKLRSNGCNVNVGDRVILVNPNVNAQDPLHASYELADNAGCKEV
 : - 210
 ;Ä-gustduc : -
 TRPM5 : -

DLC:Ä2 : * 220 * 240 * 260 * 280 * 300 *
 IP3R3 : NSVNCNTSWKINLEMGRDHMEEVILRGCGVURLFHAQECKFLTCDEYKGKHLVFLTRTIRCSATSATSSNALNEVEVHHHDDCRGGAGHWNCLYRFKHLATCNYL
 : - 315
 ;Ä-gustduc : -
 TRPM5 : -

DLC:Ä2 : * 320 * 340 * 360 * 380 * 400 * 420 *
 IP3R3 : AAEENPSYKGCVAEPPKAAPPGSSRSRRNTGEKIKYVRLVAVPHNGNDIASLFLDPFTLQKTDSTFVPRNSVYVRLHLCNTTWIQSNTNPVIDEERIRNLGTC
 : - 420
 ;Ä-gustduc : -
 TRPM5 : -

DLC:Ä2 : * 440 * 460 * 480 * 500 * 520 *
 IP3R3 : PTKEDEKAFAIVSVFVSEIRDLDFANDASSMLANVYKMMEGFLSNDRRFVICLLEDLFVFSVSDVNNGCNVLDIVVTKFNRRERGKLMRCONILRQIFGILRAP
 : - 525
 ;Ä-gustduc : -
 TRPM5 : -

DLC:Ä2 : * 540 * 560 * 580 * 600 * 620 *
 IP3R3 : FKDKGEGEGLPVELVEELSDCKRNAYFYCMFRLCYVRLHSCSDEVYRKRNCEHIARKFGGMGSCICGYZILAEITITALLHNKKRLEKHITKTKEVETTVFVLSRKENRPF
 : - 630
 ;Ä-gustduc : -
 TRPM5 : -

DLC:Ä2 : * 640 * 660 * 680 * 700 * 720 * 840 *
 IP3R3 : DLYLSDLCVYNNHAIYTGELICHRCVLDPRNSISIIRKEDDLSVYV
 : - 735
 ;Ä-gustduc : -
 TRPM5 : -

DLC:Ä2 : * 740 * 760 * 780 * 800 * 820 * 940 *
 IP3R3 : FARMCLDRGYLAIREKSCQGLVDLIFLCLMADENLFFPDLRASFCFHMLVHVBVRDOPCFELVMSARAWTEETATAKMEVDNLSRDNKRNASTMEVVED
 : - 840
 ;Ä-gustduc : -
 TRPM5 : -

DLC:Ä2 : * 860 * 880 * 900 * 920 * 940 *
 IP3R3 : LNNVUSEAVEFANEERNKLTFEVVSIAHNLIYFGFYSFSELLRTIRTLGIIDCVCNPCIMMAYVSEDEVFTGNVRSLVYVYVYVYVYVYVYVYVYVYVYVYVYV
 : - 101
 ;Ä-gustduc : -
 TRPM5 : -

DLC:Ä2 : * 960 * 980 * 1000 * 1020 * 1040 *
 IP3R3 : VSEPC : CSEABPVDRGRSVENENIVNMETKLKRILEILOFILVNRDLYRISYLLSVPKEFPEVYVPMQDSAADGTPAFDSTTAAMNLDRIGEHAEAMFCVGVRQTSMLVDD
 : - 1050
 ;Ä-gustduc : -
 TRPM5 : -

DLC:Ä2 : * 1060 * 1080 * 1100 * 1120 * 1140 * 1260 *
 IP3R3 : EGCRNMLFLVWVYV
 : - 1155
 ;Ä-gustduc : -
 TRPM5 : -

DLC:Ä2 : * 1160 * 1180 * 1200 * 1240 * 1260 *
 IP3R3 : EVAIAGKESVYV
 : - 224
 ;Ä-gustduc : -
 TRPM5 : -

DLC:Ä2 : * 1280 * 1300 * 1320 * 1340 * 1360 *
 IP3R3 : PTHSHHFRAKWNTC : ELLAREIINKRBRRLNDPFPKARPE : CGOSLREKEDPSVHICRGLGKQH : CQWWEFHMAON : TALDQH : -
 ;Ä-gustduc : -
 TRPM5 : -

DLC:Ä2 : * 1380 * 1400 * 1420 * 1440 * 1460 *
 IP3R3 : BZTCD : BZLVEVAAEAGKNVWTEI : CPLEDVEV : RECIETE : ENAM : PUNHCHVDETEVERB : VSHWILNLFENNETLAMC : KRCR : DEPTPEKEVUL
 : - 1365
 ;Ä-gustduc : -
 TRPM5 : -

DLC:Ä2 : * 1480 * 1500 * 1520 * 1540 * 1560 * 1680 *
 IP3R3 : NKKHFG : EKXAHVHL : CPEKPNF : PFKDAGN : EK : IRKEDV : YVHT : CATTNQV : FVFTV : RENRDC : ENVRK : DELE : -
 ;Ä-gustduc : -
 TRPM5 : -

DLC:Ä2 : * 1580 * 1600 * 1620 * 1640 * 1660 * 1680 *
 IP3R3 : BZVRLK : LDHACKGKFYQ : EK : KRG : NKKHNSKDTNTRCPG : EK : NKKHNSKDTNTRCPG : EK : KRG : NKKHNSKDTNTRCPG : EK : -
 ;Ä-gustduc : -
 TRPM5 : -

DLC:Ä2 : * 1700 * 1720 * 1740 * 1760 * 1780 *
 IP3R3 : NLRRMMLNNLYQNKS : EK : VDAAGGGD : EDWSAIAAVGERLER : GATKLVADLIMNTRNEKIFQGESILLA : INELDGONTIEICKFYNLNT : BDKSEKERKV
 : - 1785
 ;Ä-gustduc : -
 TRPM5 : -

DLC:Ä2 : * 1800 * 1820 * 1840 * 1860 * 1880 *
 IP3R3 : VASALAACKILRENSLETRT : VAHMVKRAYKJ : CLAVELFSEYVYRN : EK : -
 ;Ä-gustduc : -
 TRPM5 : -

DLC:Ä2 : * 1900 * 1920 * 1940 * 1960 * 1980 *
 IP3R3 : CONNNTNNLNVCETL : FEDIMCGSTTGLGLGILYNEYNVALITLT : LEI : TEYCGQGFCHEVN : SCIVTHE : NGNDIITALI : LNDIS : PLCKRYMDLV : CLKDNNASK
 : - 1995
 ;Ä-gustduc : -
 TRPM5 : -

DLC:Ä2 : * 2000 * 2020 * 2040 * 2060 * 2080 * 2100 *
 IP3R3 : AFLTRWVGDNSTT : IELMICS : -
 ;Ä-gustduc : -
 TRPM5 : -

DLC:Ä2 : * 2120 * 2140 * 2160 * 2180 * 2200 *
 IP3R3 : TAECCEEEEDPEA : EK : EK : EK : EK : EK : -
 ;Ä-gustduc : -
 TRPM5 : -

DLC:Ä2 : * 2220 * 2240 * 2260 * 2280 * 2300 *
 IP3R3 : SFNLALAVFINI : IIAFPYF : EK : EK : EK : EK : EK : -
 ;Ä-gustduc : -
 TRPM5 : -

DLC:Ä2 : * 2320 * 2340 * 2360 * 2380 * 2400 *
 IP3R3 : AMIM : VEEFLHVGY : EK : EK : EK : EK : EK : -
 ;Ä-gustduc : -
 TRPM5 : -

DLC:Ä2 : * 2420 * 2440 * 2460 * 2480 * 2500 * 2520 *
 IP3R3 : METPMESCGSKDCKISCAVAPTALEADT : DGWRACTDLMC : EK : TWNHLNGR : EK : DEI : EK : EK : EK : -
 ;Ä-gustduc : -
 TRPM5 : -

DLC:Ä2 : * 2540 * 2560 * 2580 * 2600 * 2620 *
 IP3R3 : EK : EK : EK : EK : EK : -
 ;Ä-gustduc : -
 TRPM5 : -

DLC:Ä2 : * 2640 * 2660 *
 IP3R3 : TMKIVSHISI : QNLKIEQMT : EK : EK : EK : -
 ;Ä-gustduc : -
 TRPM5 : -