

Fig.S1

ApPTTH gene

```

1 ATGATATCAAGATCTATCGTTATTACTAGCATGTCGGGGTGTGATTATAATGGAAGCACTAATGCCAGAACATGGCAATGAAA
1 M I S R S I V I L L A C S G V L I I M E A L M P R T M A M K
91 AGTACTAGAAACATACATGAATTATGATGGAAGATCAAAGGACACGCAGAAACACAATTATGTTCAAAGAGATAGGAACAACGAT
31 S T R N I H E F M I E D Q R T R K K H N Y M F Q R D R N N D
81 ATTTTACGGAATAAAATAATGCTGATGATGATGGAATTCTAGAAATAGATTCAAGCCTGAAGATTATTCAAACCTCGTGATG
61 I L R N K N N G L M Y D M E S L E I D S S P E D Y S N L V M
71 GATTATGCAAACATGAAAAAGAACGATGTCCTTTATTGGATAATTCCATAGAAAAGTAGAACACGCAAAGAGGCAATTAAAGCGTGT
91 A D Y A N M K K N D V F L L D N S I E T R T R K R G N I K R
361 AGTATTAAAATGCATTATATCGCAACTAACCCAGCTGGTCAGTTAAGTGCCTGCGCAGTACAGATGCAAGTTGCGGTGCGG
451 TTTTATCCCCAATAAAACTACGAGCCCTGGCTGTTCCAGATTAGCTAAGACCCCTTACCGCCCTCCCTATTCTATA
541 TTACTTATCGATTTCATGTTTAATGACTCTTGAGAAAACAATTATTTCACAATTACTTTTGCAACGTACTCTAATTATT
631 ATATCTTCCATGACGATGCTTATCAAACCTGAATCACATTATTTGAAACTGTACAACAAATAAGTAATACAAATAGTAAAC
721 TGACTGTCAGTAAATCATTTAATGAGCAACGAAAATGTCAGTGAAGGTTGCAAAAGACCTAAAGGCATAACCCGATTTAA
811 CGGTGGGAAATTACCGAGCTGGCCCTTCCACATACTTACAGTTGCTTAAATTTCGCTGTCATAAAAAC
901 CGTAATACCGTATCGAAACTAACCTCGAGACACTACAGTAGTAAATGTCAGGGTTAACTATAATAGATAATATTATT
991 TCATTTCAAGAAACATTCTGATCGCCITGCAGCTGTGAGTATACAGTAAGTATGTCATATAGCAATTAAACACTTAATCCT
120 Q N I P D P P C S C E Y T
1081 TACAAAAAATTGAAGGTTAAATTATTAAATAAATTACAGAATGAAACTGTAGATTCCGGAGAAATGCTTCCCGAGACAT
133 N E T V D F G E N A F P R H
1171 GTCGAATCTAGAAATTGAGTGTACGACAATCATCGTGTCTTCCGTACGTTGCAAGGAAACCTTATATGATGTAAGTGTATT
147 V E R N C S E L R Q P S S C L F P Y V C K E T T L Y D
1261 ATTTTAGATAATCTAAATTATCGTGTACATTAATTTCGAGTTGACCAACTAGTAAGAAATGTCAGCAGAACTATCTGCGGT
1351 TACATTATCAATAGTTAGGAATATTCTACTATAAGGCACTTCTGCTTACGGATGATGTTGAAATGTAAGTGTAAACAT
1441 GGGATCTGTTAGTAATTGGATAAAATTGGGGGGTTATGTCGACTCGCACGGACCAAACCCCACGGTGTACGTGCTCGGTATAGT
1531 TGGGGCGGACAGAGATCTCATAGACTCATCGCCGCCAGGGTTGGCTACATCTACACCAACTTGTGTCAGTAAACTAGAGAAG
1621 CGATCCCCACTTTTAACTACAGCACTAACATAATCACAATCACAATTGGGGCACCCCTACATGCAAATGCAA
1711 CGAATTTCACAGTTCTGGACTTTCTGCAATTGACTATTGACCTTGACGGGCTTCAGCTTCTGGACAGTGTGAT
1801 CAAACAATCAAAATCAAGCCGCTGCTTAACCCGAAATACAGTTGAGGGATTTCAGAAACAATAAGAGATTGTATACTTAT
1891 TGGTGTGTTACAGTTAACACTGTAACAGCTCATGAAACATTCTTAACTGAGGGCTAAACTGAAATTACTTTGAAGTTAGAGGG
1981 GGCAGACAGTTCTGGTACAGAACTCATGAAACATTCTTAACTGAGGGCTAAACTGAAATTACTTTGAAGTTAGAGGG
2071 TCGTATTAAAGTAATAGAGATTAGGCTCTGGGGAAAGAGATTATTGAAATTATAGGTTTACTACGTCACAAAAT
2161 CACGAACCTTACCTTATAATTAAATAGATAACATTCAAGAAAACCCCTAATATGGACAATTGATCATGTAACATGATATT
2251 TATATTATTTCAGTGTACAATTAAACATTCAAGAAAACCCCTAATATGGACAATTGATCATGTAACATGATATT
2341 GATAAGCGTTAAAAGCAAGAACATCAACGAGGCAACCTCTGAAAAAGTACCAACGAAATTGAGTTAGGTGGATGCTGAAAATG
173 I S V L K R R Q S T T Q P S E K V P N E L K F R W I A E K W
2431 GCAGATCAGTTGGATGTGTATGACCCAGGGACTACCGAGATACTTAAATCAAGATTAA
203 Q I S V G C V C T R D Y R D T I N Q D *

```

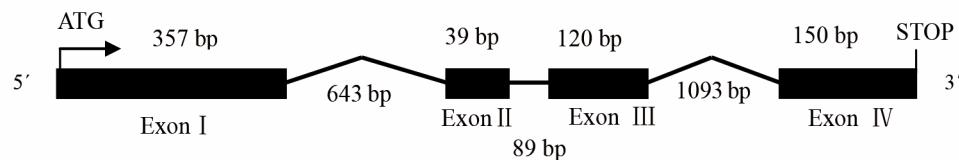


Fig.S2

ApETH gene

```

1      ATGAGTTCAAATTGGCAACGGTCTTGCAACATACTGCCTACTCTCGCTCTAAATCCAATCGAAGCTCGTTATCAAAACCTAACAC
1      M S F K L A T V F A T Y C L L C V L I Q I E A S F I K P N N
91     GTACCCAGAGTTGGACGGAGCAACGAGGCTTTGACTCCGTTGATCAGGGGATGATGGGATACGTAAATTAAAACCAATAAAAATATACCA
31     V P R V G R S N E A L T P F D Q G M M G Y V I K T N K N I P
181    CGCATGGGAAGAAGAAATTATGATTCGTAAGTTAAAAAATTTTTTTTAATAACCGATATGTATAACTCGTTGTAAATTACTTGT
61     R M G R R N Y D S
71     ACATTGATTGTTTCTTCATCCATGGTTAGTCCAGTATAATAAGATTATATAAAACTGACTTTCTAGTTGATTAGGTCCAACCTAC
361    ACTTTACAAAAGGCCGGCAACGCACCTTGACTCCCCGGTGTGCTAGTTATGGACGGGGTGTACACTTACCATGGATGACCC
451    GTATGTTCGTTGCTCTTATAATAAAAAAAACTCTGGAGTTACGAACAATAATAATTATTCATATGCCCTAATTATTT
541    CCTGTATAATATTAACTTACAATAATATAATCATTATTTGTCTAAAGCACTTAGTTAAAATAAGATCTGAAGATCATTAGTTTA
631    TACAAAATTATTTAAACTAGCGGGCGGGGAGGTGTCCGCCCTGATGATTTTTAAATCTAAAAATTCAACCGCATGGCC
721    CCTACCGGTCCAATCTAACGGCATTCTCGGATCACTCGAACACCGCACAAAATTTCATCAAATCGGTCCAACGTGTTAGAAGGGATT
811    CAGTGACATACACAAAGTACAGAAGAAATGTATATAAAAGATGTACAAATATAAAATTAGTTAGCTGGTATCTAATAATTAACTGGG
901    ATAGATACTTATTGAAATTATTTTATTATATTATTTAGGAAACCGGTACAACATCCAAAATGTATCAATTCCCGTC
70      E N R Y N I P K L Y Q F P V
991    GAAAATGCTGAATTATGAGGTACGTACTATAAGGAATATGTTAACGTTCTAAAGTTATAACGTTACTAATATAAAATTAA
84      E N A E Y Y G
1081   ATATAATTGATGAAGGACAAGCAACACTCAAGAACAACTTGACACGTACTATGTTAAACAAATGGAAATATGAAGAAATGA
91      D E G Q S N T Q E Q L D T Y Y V K Q M E N M K K *

```

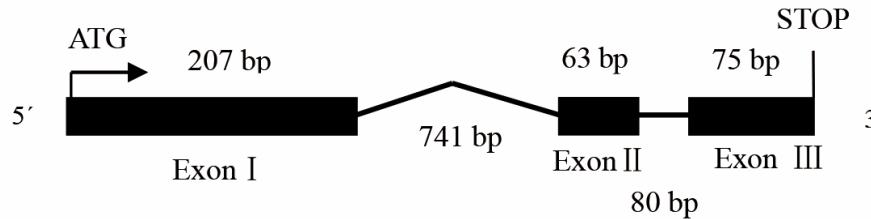


Fig.S3

ApEH gene

1 ATGCCGGCAGATCTTCGGCTGTTTGTGTTTCGCATGGTCGCGACTGGCACTTCGGTTTGGAAATGCAACCTGGCCATT
 1 M A G K I F A V E F V F A M V A G I V N E G F V E C N P K A I
 1 GGTATGTTTAAATCTCGTCAAACAAACAACTTAATAAATTAATAAATGATTATAATTAATCTCCAATAATATTATCAT
 181 AATTTAAATGAATGTTTATAAATTTCTCTATTCTGACTATCTGAAATTGTTCTCAATTGATCTGAAATTATAACAGTAA
 271 ACCAAAACACAAATTTATCTGACTATCTGAAATTGTTCTCAATTGATCTGAAATTCTCAACCCCTAAAGATTGCTTAG
 361 CTAGATGTTTGAAGATTTAAATAAATCTAACCAACATGATCTGAAATTGTTCTCAATTGATCTGAAATTCTCAACCCCTACT
 451 ATAATATGAGGACCAATGACCACACATAATAAATAATAATCACATTATGTTGATCAATGAGATAACAGATAATTAGCA
 541 AAGATGTCAGATGAGATGAGCTTGACCTTTCGTTCAAAATAAATCTAACCAACATGATCTGAAATTGTTCTCAATTGAGTAC
 631 TTAGTAGACGGCGTTTGTGTTCAAAATAAATCTAACCAACATGATCTGAAATTGTTCTCAATTGAGAGATGTGAGACA
 721 ACGTGACACMGTGTTATGTTGCTGTTAAATAATGAAATTTTAAATGAAATTTGAGGAGCTGTGAAACAGCGGTAAAGAGAAC
 811 CTCGACATAAAATAACACCTTGTAGTACATGATCTGAAATTGTTCTCAATTGAGAGATGTGAGTAAACATGTCITCACA
 901 TGTGTTG
 991 GGGATGTTG
 1081 GTTAAAGAAATGTAATAATTATTTTATTTCTGATGAGATAACATGATCTGTTTAACTGATGAAATTGTTGTTGTTGTTGTTG
 1171 ATACTGCAATAAAATAACTACAGATGATCTGAAATTGTTCTGAGTAAAGCTGAAATTGTTCTGAGTAAACATGACAGAC
 1261 CCCATTCTGAGTTTGAATTGTTCTGAGTAAAGCTGAAATTGTTCTGAGTAAACATGACAGAC
 1351 CTAAAGAAAAGGAAATGTTAAATAATGAAATTTGAGGAGCTGTGAAATTGTTCTGAGTAAACATGACAGAC
 1441 ATACTGACATAAAATAACACCTTGTAGTACATGATCTGAAATTGTTCTGAGTAAACATGACAGAC
 1531 GAGGATGAGTACATAGTGTAGTACATGATCTGAAATTGTTCTGAGTAAACATGACAGAC
 1621 CATGATATTGAGTATGGTGAAATTAAATAAAACAAATAATGATATAATCATGATCTGACACAACTCTTA
 1711 CTGTTAAACAGTAAATGTTTAAATGTTTAAATAACAAATAATGATATACTTAAAGCTGAAATTGTTCTGAGTAAACATGACAGAC
 1801 AGTCATTTTAAACAGTAAATGTTTAACTGAGGCTGCTGGCTGAGTCAAGGCTGATTCAGGGGGGCGGATTAACCTGACAC
 1891 CTTTAAACAGTAAATGTTTAACTGCTGCTGGCTGAGTCAAGGCTGATTCAGGGGGGCGGATTAACCTGACAC
 1981 TTCTGCGCTCTCCGGCTGAGTCAAGGCTGATTCAGGGGGGCGGATTAACCTGACAC
 2071 CACAGATGTTG
 2161 TTAGGTTTAAATGTTG
 2251 ATTTAAAGGAGGAGTATTTTAACTGAGTAAAGGAGGAGTATTTTAACTGAGTAAAGGAGGAGTATTTTAACTGAGTAAAGGAGAAT
 2341 AACATGTTTAAATGTTG
 2431 AATGCGAAAGAAGATTTG
 2521 GTGTTGAAATGAAATGAAACATTAATGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG
 2611 AAACACTGTTAAAGAACAGCTGTTG
 2701 AAACCTCTGAGGATTATTG
 2791 AACAAAACAAATGCAAGAACAGAACATGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG
 2881 TTCTGAAATATGTTG
 2971 AAAGGTTTATGAGTACATGACAGTAAATGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG
 3061 3151 3241 3331 3421 3511 3601 3691 3781 3871 3961 4051 4141 4231 4321 4411 4501 4691 4781 4881 4971 5061 5151 5221 5311 5401 5491 5581 5671 5761 5851 5941 6031 6121 6211 6301 6391 6481 6571 6661 6751 6841 6931 7021 7111 7201 7291 7381 7471 7561 7651 7741 7861
 31 A M G D P L E I C I E N C A Q C K M L G A W F
 32 AAGGACACCTCGGGCAACTCTGCATCAAACTCAAGGGAAACTGTCGCGAAATGTCGCTGATTCAGCTCGCTTCTGCT
 33 C E P L C A E S C I K Y K G P K L I P E C E D F A S I S A F L
 34 A C A A C T C T A A
 35 N K L *

