The supplementary file 1. The retrogene-parental gene alignments and statistical notes.

Content

The retrogene-parental gene alignment

1. AGAP010423-PA   BR13L   AGAP000099-PC X   46.543   0

```
  1 ETTKQLSVSFRNMQLKKIKRAEKKGTECVMDEKFALLFQSSFAVGHGDLVFSVWTISLPVVVIVHGNQEPQSWATITWDNAFADINRIPFQVPDKVIWNQ
  1        | || ||||| |    |    |  | ||||||||||||     |    ||| ||| ||||| ||| |  |   |    |  || |     ||
  1 QLSNKFLANFSNMRLKKINRGNRKLNKLVVDEKFALLFQSSFTLEQEELTVTVWTLSLPAVVIVHVNQEQLAWTTIIWDNLCAKADRKLFEVPNLIPWNR

101 LAEALNMKFRASTGRSLTAENMHFLCEKAFKTNLPFPVPNDLTIMWSQFCKEPIPDRSFTFWDWFYAAMKVTREHLRGPWMDGSIIGFIHKSKAEDYLLK
101 | ||  | |  || ||  || |       ||    |  | |   |||| | | |    ||| ||| |   | || |  |||||||| ||| || |  |
101 LVEAISMTFSARVGRGLTDENMQYMYRKAYRDKLSFSVSNDQMISFAQFCKDTTPECNYTFWEWLYAALKIIRDHLQVLWVDNTIIGFIHKSTAEKYLAK

201 CPRGTFLLRFSDSELGGITIAWVNEGNDGQPQILHIQPFTAKDFSTRSLSDRIRDFDDLFYLYPNKPKHEAFDRYTTPA
201 |  ||||||| || |||| |||| |  ||||  |  ||||||||||||    ||| ||   |   | |||| || ||| ||
201 CVPGTFLLRFTDSVLGGISIAWVHESNDGQRQVLHIQPFTAKDLVVRSLANRICDLGELTYLYPTIPKQEAFGRYTAPA
```

2. AGAP011684-PA   BR13L   AGAP000725-PA X   78.571   5.06E-180

```
                10        20        30        40        50        60        70        80
AGAP00       MDSTLQEPKIVKNIVHAGTKVVPFRDGTKVKFHYQTRKCDEARTLIDDSRAHGQKPMELVLGKKFKLEVWESIVQQMALHEVARFRCDR
             |:.  ||:..:|.|:| :||||||| ||  |:.:||||  ||| |||:.:| |:::::|.: |:::::::.::::::::::::.:::::::::.
AGAP01 MVPPLYRLEERMDYTLRDAQIVKTVVHVGTKFIPFRVGTKVTFHYETRKCDAERTLIDESRTH-QKPMQLVLGKQFKLEVWESIVQQMGLHEVARFRCDK
                10        20        30        40        50        60        70        80        90

        90       100       110       120       130       140       150       160       170       180
AGAP00 SLVQQYPFVSKTIRDAQKPRE--ERKHCCGMTVQNEGIGYRDLDELFTHPQDLEFTIEILSIESPDEYEKESWQLSDDEKRALVGRLREQGNAAYRANDL
       ::::::::::::::::::::.  .::::::.: ::.: :::::::::: :::::::::::|:::: ::.::::::::.::::::::.: :::::::.::..:
AGAP01 SLVQQYPFVSKTIRDAQKQPQGGKRKHCCGLTFQNDGTGYRDLDELFIHPQDLEFTIEILSIETPDEYGKEAWQLSDDEKRTLVSRLREQGNVAYRTNNL
      100       110       120       130       140       150       160       170       180       190

       190       200       210       220       230       240       250       260       270       280
AGAP00 TAARDAYSYATGIIEQLMLKEKPDEPEWIELAQMKVPLLLNYSQCKLLERDYYAAIEHCTEALKYDPHCVKALFRRGKAHAGAWNFDRARADFERAAELD
       ::::::::::::.:::::::::: ::::::::::::::::::::.:::::.::: .::::::.::::::.::.:::::::::::... :...:: ::.:.:::
AGAP01 TAARDAYSYAIGIIEQLMLKEKPHEPEWIELAQMKVPLLLNFSQCKLLEQDYYPVIEHCTEVLKYDPQCVKGLFRRGKAHAAVCNYEQARNDFQRVAELD
      200       210       220       230       240       250       260       270       280       290

       290       300       310       320
AGAP00 SGLQTAVGKELAKLQEQQRLRDVEDRLKYQKLF
       .:: ::. :::::::::..:::::::::: ::.:
AGAP01 TSLGTAMRKELAKLKDQQRLRDVDDRLKYCKFF
      300       310       320       330
```

3. AGAP011060-PA   BR23L AGAP000812-PA X   93.675   0

```
>>>AGAP000812-RA, 336 aa vs sgl library

>>AGAP011060-RA;3L;1:1017:15805306:15806325                                    (339 aa)
 s-w opt: 2006  Z-score: 1947.8  bits: 368.8 E(1): 1.1e-106
Smith-Waterman score: 2006; 93.7% identity (97.6% similar) in 332 aa overlap (1-332:1-332)

              10        20        30        40        50        60        70        80        90       100
AGAP00 MPLFGKSQKSPQELVKALKEAVNSLERGDKKAEKAQEDVSKNLVLIKNMLYGTSDAEPQTEIVVSQLAHELYSTNLLLLLIQNLNRIDFEGKKDVAQIFN
       :::::::::::::::::.:::::::.:::::::::::::::::::::: :::::.:.::::::::.:::::::::::::.::::::::::::::::::.:::.::
AGAP01 MPLFGKSQKSPQELVKSLKEAVNALERGDKKAEKAQEDVSKNLVSIKNMLCGTADAEPQTEIVISQLAHELYSTDLLLLLIQNLNRIDFEGKKDVAHIFN
              10        20        30        40        50        60        70        80        90       100

             110       120       130       140       150       160       170       180       190       200
AGAP00 NVLRRQIGTRSPTVEYICTKPEILFTLMAGYEHQEIALNCGTMLRECARYEALAKIMLHSDEFFNFFRYVEVSTFDIASDAFSTFKELLTRHKILCAEFL
       ::.::::::::.:::::::::::::::::::::::::::::::::.:::::::.:::::::::.::::::::::::::::::::::::::::::::::.:.::::
AGAP01 NVIRRQIGTRLPTVEYICTKPEILFTLMAGYEHQEIALNCGIMLRECARHEALAKIMLHSEEFFNFFRYVEVSTFDIASDAFSTFKELLTRHKLLSAEFL
             110       120       130       140       150       160       170       180       190       200

             210       220       230       240       250       260       270       280       290       300
AGAP00 EQNYDKVFNHYEHLLNSENYVTRRQSLKLLGELLLDRHNFTVMTKYISNPDNLKLMMNMLKEKSRNIQFEAFHVFKVFVANPNKPKPILDILLRNQEKLV
       :::::::::.:::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::.:::::::::::::::::::::::::::::.:::::::::
AGAP01 EQNYDKVFSRYEALLNSENYVTRRQSLKLLGELLLDRHNFTVMTKYISNPDNLKLMMNMLKETSRNIQFEAFHVFKVFVANPNKPKPIMDILLRNQEKLV
             210       220       230       240       250       260       270       280       290       300

             310       320       330
AGAP00 DFLTRFHTDRSEDEQFNDEKAYLIKQIKELKPAPDQ
       :::::::::::::::::::::::::: :::::::
AGAP01 DFLTRFHTDRSEDEQFNDEKAYLIMQIKELKPQTQEAQQ
             310       320       330
```

4. AGAP001767-PA   BR32R AGAP000935-PA X   78.692   0

```
              10        20        30        40        50        60        70        80        90       100
       MASLLKFSAGLRAYSRSHQLLFRRTKVSNAAEFRAALVNVPPTEVTTLDSGLRVASEDSGSQTATVGLWIDAGSRYENDSNNGVAHFLEHMAFKGTAKRS
       : :::... .:. :...: .. :::..:.:..:::.::: ..:::::....:::::::::.::::.:..:::::.::::.:::::::::::::::::::::::
       MFSLLRLANRVRVCSHTQQRMLGRTKVTDAAKFRTALANLPSTQVTQLDNGLRVASEDSGAETATVGVWINAGSRCENSSNNGVAHFLEHMAFKGTAKRS
              10        20        30        40        50        60        70        80        90       100

             110       120       130       140       150       160       170       180       190       200
       QTDLELEVENMGAHLNAYTSREQTVFYAKCLSKDVPKAVEILSDIIQHSKLGEAEIERERGVILREMQEVESNLQEVVFDHLHATAYQGTPLGNTILGPT
       :.:::::::::.:::::::::::::::::::::::.:::::::::.:: :: ::: ::::::.:::::::::.:::::.:::::::::::::.::.::..::::
       QANLELEVENLGAHLNAYTSREQTVFYAKCLSKDVAKAVEILSDIVQNPTLGEEEIVRERDVILREMQEIESNLKEVVFDHLHATAFQGTALGKSILGPS
             110       120       130       140       150       160       170       180       190       200

             210       220       230       240       250       260       270       280       290       300
       KNIQSIGKSDLQQYIDAHYKAPRIVLAAAGGVRHGDLVRLAEQALGKVSSSVDGKAAALAPCRFTGSEVRVRDDSLPLAHVAIAVEGCGWTDQDNVPLMV
       :::::::..:..:..:::..::::::::::::::.: .:.::.: .:...: ::. :: ::.:::::::::::::::::::.::::.::::.:.:::::
       KNIQSIGKTELKHYIDTQYKAPRIVLAAAGGVDHKELVQLAKQNFGEMNSIVDAKKDALDACRFTGSEVRVRDDSLPLAHVVIAVESCGWTDEDHVPLMV
             210       220       230       240       250       260       270       280       290       300

             310       320       330       340       350       360       370       380       390       400
       ANTLIGAWDRSQGGGANNASKLAMASATDGLCHSFQSFNTCYKDTGLWGIYFVCDPLKCEDMLFNVQNEWMRLCTMVTEGEVERAKNLLKTNMLLQLDGT
       :..:::::::.:.:::.:::::.:::::.::::::::::.:::::::::::::::::::.::::::::::::::::::.::::::.:::::::::::.:.:::
       ATSFIGAWDRAQSGSVNHASKLAVASAVDGMCHSFQSFNVCYRDTGLWGIYFVCDPLTCEDMLFNVQNEWMRLCTIVTEGEIERAKNLLKTNMLLHLDGT
             310       320       330       340       350       360       370       380       390       400

             410       420       430       440       450       460       470
       TPICEDIGRQMLCYNRRIPLHELEQRIDSVTAQNVRDVAMKYIFDRCPAVAAVGPVENLPDYVRIRSSMYWTRL
       ::::::::::.::::::::.::..::::::::::. ..:: :::::.:::::::::::::::::.:::::::.:::
       TPICEDIGRQLLCYNRRIPVHEMEQRIDSVTAAKVREVAMKYIFDRCPAVAAVGPVENLPDYMRIRSSMHWTRL
             410       420       430       440       450       460       470
```

5. AGAP002069-PA   BR32R AGAP000591-PA X   70.19   0

```
        40        50        60        70                80        90       100       110       120
GQQQQQRDLSLPASGPVVNVGGDGGGGGGGHRAALLSAGSGGTPLVAH---------SVSGPIKRSFYTGRGNFIQPAAALAPARAGVRAPVGTGALFEL
                                            . ..      . .. ... . . ...:...::.:... :. .:. . .  .
                  MIPLHNQALLLSCRIAGT-LLCHINPAGWRTPTIATVARSAIHSTASKRFLPSQRVKPIAA---QPIGSA----L
                       10        20        30        40        50        60

        130       140       150       160       170       180       190       200       210       220
NQKCSATANLHPCMRGYSSVHTQQPAGPIREYNIDPYILLEDELKYIFEDIRQEISRATNHQELNKIAVYYFDGQGKAFRPMVAILMAKALNYHMHNENS
. .:.:. .: .::.   . ::.: :           ::::::::.: :::   .:::  :::.::::::::::::.::::::.:::.:::   ...
QKSCSVPQHL--CTRQHETV-------------DPYVLLEGELRHIYQDIREEIELATNHPELGRIATYYFDGQGKALRPMITILMAKAL-----HSDR
 70        80                         90       100       110       120       130       140

        230       240       250       260       270       280       290       300       310       320
DVMNAQRQIAMISEMIHTASLVHDDVIDQSFARRGKPSVNVLWNHKKVTQAGDYILAVASMLLARLKHDEVTHILSQVLTDLVQGEFMQLGSKETENERF
      .:::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::: :.:::::::.::.::::::.:::.::::::. ::: :.:.:::::::::::
PITKGQRQIAMISEMIHTASLVHDDVIDQSFARRGKPSVNVLWNQQQVAQAGDYILAVVSMMLARLQHNDVTLILSEILADLVQGELMQLDTKETENERF
150       160       170       180       190       200       210       220       230       240

        330       340       350       360       370       380       390       400       410       420
AHYFTKTYRKTASLIANSLKAVAVLSGADEQMAELSFQYGRNLGLAFQFVDDLLDFVSSSEAMGKPAAADLKLGLATAPVLFACEKFPELNPMILRRFRE
::::.:.:::::::::::::::::.:::.:: .:::::::::::::::::.::::::::::::.:::::::.::::::::::::::::.:::::. :.::::
AHYFARSYRKTASLIANSLKAVAVLTGVGERTAEISFQYGRNLGLAFQLVDDLLDFVSSAEAMGKPAAVDLKLGLATAPVLFACEQFPELNAMIVRRFRG
250       260       270       280       290       300       310       320       330       340

        430       440       450       460       470       480
PGDVERAYELVHSQGLEQTRFLARKHCIEALRLASQISESPYQKGLIVVGDFVLNRMK
::.::::::::::.:::::::::::::::: :. ::::::..::: .::: ::::::::
EGDTERAYELVHRSEGLEQTRFLARKHCAEARRLASQFDQSPYQHALVVVCDFVLNRMK
350       360       370       380       390       400
```

6. AGAP004901-PA   BR32L AGAP000627-PA X   56.55   7.44E-126

```
             10        20        30        40        50        60        70        80        90       100
AGAP00  MNDFIVAGKYRIIRKIGSGSFGDIYLGINITNGEEVALKVESILARHPQLTYEYKLYKVLTGGVGIPHIRYFGQERSYHVLVMDLLGPSLEDLFNFCSRH

             110       120       130       140       150       160       170       180       190       200
AGAP00  FTIKTVLMLVDQMIGRLEYLHMKNFIHRDIKPDNFLMGIGRHCNKLFLIDFGLAKKYRDFRSRIHISYREDKNLTGTARYASINAHLGIEQSRRDDMESL
                                                                                                :::::.::::
AGAP00                                                                                         SRRDDLESL

             210       220       230       240       250       260       270       280       290
AGAP00  GYVMMYFNRGSLPWQGLKATNKKQKYEKISEKKMSTPIEVLCKGFPAEFAMYLNYCRSLRFEEGPDYMYLRQLFRILFRTLNHQYDYTFDWTIMKQ----
        :::.:::::.:: :::::::.:.::.::::::.::.:::::::::.: :::..:::. :: . :. :::.::::.::::::::.:::::.:..::...:
AGAP00  GYVLMYFNLGTLPWQGLKAANKRQKYERISEKKLSTPVEELCKGYPREFSLYLAYCRHMDFIQRPDYCYLRKLFRTLFHRQGFVYDYVFDWNMLKFGRPN
             10        20        30        40        50        60        70        80        90       100

             300       310       320       330
AGAP00  ----RAMQQGSNNPPAVTSGENKREERRDKDKLSSDTDE
            .:..:..  :..:
AGAP00  LNAFTSMKRGQSRTPSAT
             110       120
```

7. AGAP006891-PA   BR32L AGAP000794-PA X   89.172   0

```
             10        20        30        40        50        60        70        80        90
MAFSVLNTVAKRTAANVYVTGGGLLKNVAALCN-GQQPARSAGKWFPDEQFIDQFKGPVMYPDEVTSRWKLPPWNSKIAPVEKTVRN-SLNFGPQHPAAH
:::  :::..:::  . :::::.::::.::::.: :::::::::::::::::::.:::::::::.:.::::::::::::::::::.::: .. .:::::::::
MAFCVLNAAAAKRTPTTVYVVGRGLLQNVTAPYRLHQQPARAAGKWFPDEQFIEQFKGPVMYPDHVTARWKLPPWNSKIAPVEKQVRNLKINFGPQHPAAH
             10        20        30        40        50        60        70        80        90       100

  .00       110       120       130       140       150       160       170       180       190
GVLRLVLELDGETVMRADPHIGLLHRGT-KLIEYKTYTQALPYFDRLDYVSMMCNEQCYSLAVEKLLNIDIPLRAKYIRVLFAEITRILNHIMAVGTHAL
:::::::::::::::::::::::::::::  ::::::::.::::::::::::::::::::::::::::::.:: :::::::::::::::::::::::.:::::
GVLRLVLELDGETVMRADPHIGLLHRGTEKLIEYKTYVQALPYFDRLDYVSMMCNEQCYSLAVEKLLNIEIPPRAKYIRVLFAEITRILNHIMAIGTHAL
             110       120       130       140       150       160       170       180       190       200

  200       210       220       230       240       250       260       270       280       290
DVGALTPFFWLFEEREKMMEFYERVSGARMHAAYIRPGGVSQDLPLGLLDDIYEFASKFGERLDEVEDVLTTNRIWVQRTVDIGVVSAEDALNYGFSGVM
::::::::::::::::::::::::::::::::::::.:::::.::.:::::::::.::.:::::::::::::::.::::::::.::::::..::::::::::::
DVGALTPFFWLFEEREKMMEFYERVSGARMHAAYVRPGGVAQDIPLGLLDDIYDFAVRFGERLDEVEDVLTSNRIWVQRTVNIGVVTAEDALNYGFSGVM
             210       220       230       240       250       260       270       280       290       300

  300       310       320       330       340       350       360       370       380       390
LRGSGIKWDLRKSQPYDAYDLVEFDVPIGTKGDCYDRYLCRVEEMRQSLRIIDQCLNQMPAGEIKTDDAKLTPPSRGEMKHSMEALIHHFKLFTQGYQVP
::::::::::::.:: ::::: ::::::::::::::::::::::.::::::::::::::::.:::: :::::...::: :::.::::::::::::::::::::
LRGSGIKWDLRKVQPYDAYDQMEFDVPIGTKGDCYDRYLCRIEEMRQSLRIIDQCLNRMPAGEIKTDDGKISPPSRTEMKQSMEALIHHFKLFTQGYQVP
             310       320       330       340       350       360       370       380       390       400

  400       410       420       430       440       450       460
PGATYTAVEAPKGEFGLYVVSDGSSRPYRCKIKAPGFAHLAALDKIGRHHMLADVVAIIGTLDVVFGEIDR
::..::::::::::::::.:::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
PGSTYTAVEAPKGEFGVYLVSDGSSQPYRCKIKAPGFAHLAALDKIGRHHMLADVVAIIGTLDVVFGEIDR
             410       420       430       440       450       460       470
```

8. AGAP007630-PA   BR4 2L   AGAP000669-PA X   65.278   9.82E-34

```
             10        20        30        40        50        60        70
AGAP00  MSDPVARPMKFPYTFSAKLAQFPIQHYFKNQWIWRYYFIAFGVSIPLFYKIHKLANSPANQAKWAESKRKE-HEEHH
        .:.:::..  :.:::::  :.::::. .:::::::::::::::::::::.::.:.:: ::::::::.  . .::
AGAP00  MSEEQSVSRTVKYPYTYTQKIAQFPYKHYYKNQWIWRFYFISFGLSLPLFYKLHSLANVPANKEKWAESKRKQLQPDHH
             10        20        30        40        50        60        70
```

9. AGAP013199-PA   BR5 2R   AGAP000721-PA X   67.816   1.46E-178

```
             10        20        30        40        50        60        70        80        90       100
AGAP00  MPGYMFNIDGGYLEGLCRGFKCGILKQADYLNLVQCETLEDLKLHLQGTDYGQFLANEPSPLAVSVIDDKLREKLVIEFQHMRNHAVEPLSTFLDYIITYS
        : : .:::::::::.::::::   .:::.:::::.::::::::::.::.:.:: ::::: ::.:::.::.:.:: :::::.:::::::.::   :::::::
AGAP01  MSGCLFNIDGGYLEALCRGFKSSILKQSDYLNLIQCETLEDLKLQLQSTEYGPFLANETSPITVSIIDQRLRETLVVEFSYLRNQAVQPLAEFLDYIITYS
             10        20        30        40        50        60        70        80        90       100

            110       120       130       140       150       160       170       180       190       200
AGAP00  YMIDNIILLITGTLHQRPISELIPKCHPLGSFEQMEAIHVAATPAELYNAVLVDTPLAPFFVDCISEQDLDEMNIEIIRNTLYKAYLEAFYDFCKNIGGT
        :::::  ::::::.::.  .::::  :.::: ::::::::::.::... .: :.::: :.::::::.::.:::::::.::::.::.:.:::   :::.:::.
AGAP01  YMIDNTILLITGMLHKRPVLDVIAMCNPLGLFEQMEAINMTLAPSDLYNAILIDSPLGPFFDNCCWEQDMDELNIEILRNTLYKTYLEKFYNLCKEIGGA
            110       120       130       140       150       160       170       180       190       200

            210       220       230       240       250       260       270       280       290       300
AGAP00  TADVMCEILAFEADRRAIIITINSFGTELSKDDRAKLYPRCGRMNPDGLAALARADDYEQVKAVAEYYAEYAALFDGSGNNPGDKTLEDKFYEHEVKLNM
        ::.:::::::::::::::::::::.. : :..  .:::.::.  .::::: :: .:::.:: . :.:..::  .::::: ::  . .::::: .:.::.::.
AGAP01  TANVMCEILAFEADRRAIIITINALGTALPKEEYVHLYPCCGRLYPEGLLALGRASDYEQVRLVASRYAEYGTLFEDLNNLDG-WSLEDKFSGYEAKLHA
            210       220       230       240       250       260       270       280       290

            310       320       330       340
AGAP00  YGFMQQFHFGVFYSYLKLKEQECRNIVWIAECVAQKHRAKIDNYIPIF
        .::::::::::::::::::::::::: :::::::::.:..: :: :::
AGAP01  RSFMQQFHFGVFYSYLKLKEQEFRNIVWIAECIVQNQRNKIRNYISLL
           300       310       320       330       340
```

10. AGAP028116-PA   BR5 3R   AGAP000951-PA X   44.053   1.50E-52

```
             10        20        30        40        50        60        70        80        90
        MSCNDKNDGISKEEWQSRLETFPFKQDDINKLIMNYLVTEGFKEAAEKFQAESGVTPSVDLNSLDNRIQIREAVQNGFIQEATHLVNQLHPELLDNDRY
         : :::::.:  :    :  . . ::::.::::   :  :.::::.::::.::::.:.:::: :.:::. :::..:::::.: : . :.:: ::...::::
        MNPTKPKPETPSVEEWNKRLQGYPPMKESLNQLIVNYFIGAGFKEAADKFIQESNTTPTVNECSIDFRSRIIETIRQGNALEAMDLVDSFAPGLAESDRW
             10        20        30        40        50        60        70        80        90       100

     100       110       120       130       140       150       160       170       180       190
        LYFHLQQLHLIELIRAGKIEEALTFAQTQISEAGESNPEVLNELERTLALLAF-----ETPQHSPFADLLGHSHRQKVASELNAAILKMEQQEQSSPRMI
        : .:.:::: :::::::::: :::::.::.::  . :  : ::.:: :. . :       ::. ::::. ::.::.:::::.::: ::::..:. . .:.:
        MVFRLQQLQLIELIRAGSVEDALHYAQTVRWECPGRTQQVASEIERTMTLLLTLPQTRGTDPSSSFSTLLEQQHRDQVARTVNEALLLWDNRELPSARME
            110       120       130       140       150       160       170       180       190       200

     200       210       220
        NILKLILWAQTELDKKNVKYPKMMDLASATIEPK
        ................ ... :: ........
        HLFKLILWAQAELERKMVQFSKLKNMAEATFEVE
            210       220       230
```

11. AGAP009572-PA   BR5 3R   AGAP000541-PA X   95.385   7.12E-91

```
             10        20        30        40        50        60        70        80        90       100
        MVRISVLADALKCINNAEKRGKRQVLIRPNSKVVIKFLTVMMKHGYIGEFEIVDDHRSGKVVVNLTGRLNKAGIISPRFDVALNDIERWTNNLLPSRQFG
        :::::::::::::::::::::::::::::::::::::.::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::.. .:::::::::::::::::
        MVRISVLADALKCINNAEKRGKRQVLIRPNSKVVIRFLTVMMKHGYIGEFEIVDDHRSGKVVVNLTGRLNKAGIISPRFDTKVTDLERWTNNLLPSRQFG
             10        20        30        40        50        60        70        80        90       100

            110       120       130
        YVVLTTSGGIMDHEEARRKHLGGKILGYFF
        ::::::::::::::::::::::::::::::
        YVVLTTSGGIMDHEEARRKHLGGKILGYFF
            110       120       130
```

12. AGAP005098-PA   BR7 2L   AGAP000260-PA X   77.586   4.22E-29

```
             10        20        30        40        50
        MAAWRAAGLNYINYSNIAARLLRKALKPELRAQAVRRDDSHIKFTKWQNGKPEKAITE
        ::::::::::::::::::::::::.:::::.:::.: ::..::::.:::..:::.:  ::
        MAAWRAAGLNYINYSNIAARMVRKALKPALRADAARREESHIKMTKWKDGKSEKSATEA
             10        20        30        40        50
```

13. AGAP001701-PA   BR8 2R   AGAP000852-PA X   91.209   3.02E-58

```
             10        20        30        40        50        60        70        80
MADEKK---GSESEHINLKVLGQDNAVVQFKIKRHTPLRKLMNAYCDRAGLSMQVVRFRFDGQPINENDTPTTLDMEEGDTIEVYQQQTGGF
:::::.::  .:::::::::::::::::::::::::::.::::::::::::::.:::::::::::::::::::::::::::.:::::::::::::::
MADDKKDPKSSESEHINLKVLGQDNAVVQFKIKKHTPLRKLMNAYCDRAGLSLQVVRFRFDGQPINENDTPTTLEMEEGDTIEVYQQQTGGGNRSNQ
       10        20        30        40        50        60        70        80        90
```

14. AGAP005558-PA   BR7 2L   AGAP000935-PA X   67.789   0

```
             10        20        30        40        50        60        70        80        90       100
MASLLKFSAGLRAYSRSHQLLFRRTKVSNAAEFRAALVNVPPTEVTTLDSGLRVASEDSGSQTATVGLWIDAGSRYENDSNNGVAHFLEHMAFKGTAKRS
::::::::.....:    :.   :  : :: ::.: :  ::::::::::::::::::.:::.::.::  :.::::::::.:::::::.  :.:::::.:::::
MASLLKLSTAVR---RQMLLAGSRAGSSYAAAFRSALSNEPATEVTTLDSGLRVASESVPSQVATVGLFIDAGSRYEDKHSNGTANFFEHLAFKGTTKRS
       10        20           30        40        50        60        70        80        90

            110       120       130       140       150       160       170       180       190
QTDLELEVENMGAHLNAYTSREQTVFYAKCLSKDVPKAVEILSDIIQHSKLGEAEIERERGVILREMQEVES-NLQEVVFDHLHATAYQGTPLGNTILGP
:.::  :: :::.::.:.: :.:.: :.:.:::::::::::: ::.::::::::: .: .:.:..: : ::: :....:.. ::.::::::::::::.::.::
QSALEQEVESMGAQLDASTGRDQTSFTARCLSKDVPKLVEILADVVQNPRLDDADVKRAREVILGEIEQVDAGNLREVVFDHLHSTAFQGTSLSNTVWGP
      100       110       120       130       140       150       160       170       180       190

00          210       220       230       240       250       260       270       280       290
TKNIQSIGKSDLQQYIDAHYKAPRIVLAAAGGVRHGDLVRLAEQALGKVSSSVDGKAAALAPCRFTGSEVRVRDDSLPLAHVAIAVEGCGWTDQDNVPLM
..::.::   .:.. :...:::::::.:::::: ::...: .::::. :::. :::. :. :::: .: ::::::.:::::::.::.:::::::  ::.: . :
SSNIRSIKADDVRGYVNSHYKAPRMVLAAAGDVRQAELEKLAEKHLGKIESTFDGKAPQLSPVRFTGSEMRVRDDSLPLAYVAVAVEGCGVSDSDAMALS
200       210       220       230       240       250       260       270       280       290

00          310       320       330       340       350       360       370       380       390
VANTLIGAWDRSQGGGANNASKLAMASATDGLCHSFQSFNTCYKDTGLWGIYFVCDPLKCEDMLFNVQNEWMRLCTMVTEGEVERAKNLLKTNMLLQLDG
::..::.:::. :::.:::::::.::: :::::::.:.   :.:::::::::: :::: ::::::::::::::::::::::::::.:::.::   ::: .: ::.:
VASALIGTWDRTFGGGVNNASKLAVASAHDKLCHNFESFNLTYRDTGLWGIYFECDPLMCEDMLFNVQNEWMRLCTMVTDGEVERAKRQLKTRLLAQLEG
300       310       320       330       340       350       360       370       380       390

00          410       420       430       440       450       460       470
TTPICEDIGRQMLCYNRRIPLHELEQRIDSVTAQNVRDVAMKYIFDRCPAVAAVGPVENLPDYVRIRSSMYWTRL
 :::::::::.:   .:: .:::.:..::::::::::::::::::.:::::::::::::::::::::::.::::::::::
PHAICEDIGRQVLALGRREPLHDVERRIENVTAQNVRDVAMRYIFDRCPAVAAVGPVENLPDYMRIRSSMYWTRL
400       410       420       430       440       450       460       470
```

15. AGAP012315-PA   BR7 3L   AGAP001198-PA 2R   32.911   2.00E-27

```
             10        20        30        40        50        60        70        80
MKRLAFIIIPALIALGHSIRPPIIEGTEANLHEFPYQVSLQWNFNNGSRARHFCSGSIINQRWILTAAHCLEEYTKDGWFEVVAGVNN
                         ..   .   .:  .:.   ..  :.  . : :.   ..  ..: :.::.::.  :.     .:::::::
GEIVLVKAICTRALPASFSASTNPIFSFADIKPDVANGGDAAENSFPYMVQIQ-QFMVVSYVHH-CGGTLVTSRCILTAAHCAVESLK---LRAIAGTVW
    20        30        40        50        60        70        80        90       100

90         100       110       120       130       140       150       160       170       180
IAHEEAGAQRRNVTRYEQHESY--DLSAIRYDIGVLQLSHPLDLTRNIKTMRLATKDTLIHQKIAKFAGWGSISKTWEDIYPDKLMKVNLILRTEEDCQT
 :  :  : :::  ..:    :::: :  ..   :::: : .. ...:. . .. :         .  .:.:..   .:  ::::   :.  :. :.  ::::
RDSETLG-QRRPIVRLLAHESYVQDGTTQPYDIALALVEEPFVVDGRAIAVIALMPDYYDPPGVMDVLGFGKIDH--DDTLPDRLRVVECRLHDVEDCQK
110       120       130       140       150       160       170       180       190       200

90         200       210       220       230       240       250       260
IGKIDETQICAGGYKNVSGCTADSGGPLTVTIDGEQMQIGVLSYGEKPCQARLPIVYSSVMYFHDWIQDAIKED
 ..  .....  ..... .....  :::.::  ..... ...  ..::::...:.  .:::::::.:::::::::::
--HPSEGTLCVGN-PGATACQGDSGGPVVGRIDGSDWLVGVVSFGMKSCGTG-PIICTDVHLYREWIGQRVFD
     210       220       230       240       250       260       270
```

16. AGAP011630-PA   BR7 3L   AGAP003713-PA 2R   58.252   2.76E-38

```
               10        20        30        40        50        60        70        80        90
AGAP00   MKGLAVVAAVLLFACLVASQSNNYFWGVRDPRDVLLNRTIAVRSGTILQVKSIDLVYPLKGQVGRNISAISVVDQYTNGKGGYASLYAGGIGYNYTT
         ..::  :..:  ::.:.:.:.::::.::   :  :  : :.:.:  ...:..:.:::  :   :::::: :::::.::  :.  .:.::::::.  .:::: :::
AGAP01   MKFATVFVVVLAAVLGACMVTAQTHNYFFGSRIPYDSLVNQTTVIQSSSFLRVKSAYLDYPLKGQRGRNITAIYVYDRLGSGRGGYASITSGGIGKNYTR
               10        20        30        40        50        60        70        80        90       100

             100       110
AGAP00   VHLKSQRGHGYNFIVEIYGR
         ..::.:::.:.:: ::::::
AGAP01   INLKTQRGNGMNFQVEIYGR
               110       120
```

17. AGAP009948-PA   BR8 3R   AGAP006895-PA   2L   97.581   5.37E-87

```
                 10        20        30        40        50        60        70        80        90       100
AGAP00 MATMHAHPGHPGGSRMQGPPPLTPWSPDKKHSDRERWVCIYPAYINRKKSRQEGRRIPKQCCVDDPSPQEIRDVLQALNMNVLVELKQYPRERSRELQCR
                         :::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::.:::
AGAP00             MQGSPPLTPWSPDKKHSDRERWVCIYPAYINRKKSRQEGRRIPKQYCVDDPSPQEIRDVLQALNMNVLVELKQYPRERSRELQCR
                             10        20        30        40        50        60        70        80

                 110       120       130       140       150       160
AGAP00 GRIRVQLRNDDGAPLNSEYATRDSILLHLGKTIPLLKSRQAKPQEQSQAAASSSAGQKKGKGKRR
       :::::::::::::::::::::::::::.:::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
AGAP00 GRIRVQLRNDDGAPLNSEYATRDSVLLHLGKTIPLLKSRQAKPQEQSQAAASSSAGQKKGKGKRR
                 90       100       110       120       130       140       150
```

18. AGAP011515-PA   BR8 3L   AGAP001676-PA   2R   98.67   0

```
                 10        20        30        40        50        60        70        80        90       100
AGAP00 MCDDDAGALVVDNGSGMCKAGFAGDDAPRAVFPSIVGRPRHQGVMVGMGNKDAYVGDEAQSKRGILTLKYPIEHGIITNWDDMEKIWHHTFYNELRVAPE
       :::::::::::.:::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::.:::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
AGAP01 MCDDDAGALVIDNGSGMCKAGFAGDDAPRAVFPSIVGRPRHQGVMVGMGQKDAYVGDEAQSKRGILTLKYPIEHGIITNWDDMEKIWHHTFYNELRVAPE
                 10        20        30        40        50        60        70        80        90       100

                 110       120       130       140       150       160       170       180       190       200
AGAP00 EHPVLLTEAPLNPKSNREKMTQIMFETFAAPAVYVAIQAVLSLYASGRTTGVVLDSGDGVSHTVPIYEGYALPHAILRMDLAGRDLTDYLMKILTERGYS
       :::::::::::::::::::::::::::::::::.:::::::::::::::::::::.:::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
AGAP01 EHPVLLTEAPLNPKSNREKMTQIMFETFASPAVYVAIQAVLSLYASGRTTGIVLDSGDGVSHTVPIYEGYALPHAILRMDLAGRDLTDYLMKILTERGYS
                 110       120       130       140       150       160       170       180       190       200

                 210       220       230       240       250       260       270       280       290       300
AGAP00 FTTTAEREIVRDIKEKLCYVALDFEQEMQAAAASSSSEKSYELPDGQVITIGNERFRAPEALFQPSFLGMESTGIHETVYNSIMRCDVDIRKDLYANSVL
       :::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
AGAP01 FTTTAEREIVRDIKEKLCYVALDFEQEMQAAAASSSSEKSYELPDGQVITIGNERFRAPEALFQPSFLGMESTGIHETVYNSIMRCDVDIRKDLYANSVL
                 210       220       230       240       250       260       270       280       290       300

                 310       320       330       340       350       360       370
AGAP00 SGGTTMYPGIADRMQKEITSLAPSTIKIKIIAPPERKYSVWIGGSILASLSTFQTMWISKHEYDEGGPGIVHRKCF
       :::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::.:::::::::::::::
AGAP01 SGGTTMYPGIADRMQKEITSLAPSTIKIKIIAPPERKYSVWIGGSILASLSTFQSMWISKHEYDEGGPGIVHRKCF
                 310       320       330       340       350       360       370
```

19. AGAP003091-PA   BR8 2R   AGAP008667-PB   3R   33.333   3.98E-14

```
              590       600       610       620       630       640       650       660       670       680
     VVETSTEVLSGAYVDFKQIVIKPNMTAAVDLQSDAVFAGIKDRVAENEAKAKAINAVFLYKITSGGKVAKEWVLDLKNAKVYEGPVQGGGKADTTMTIAD
                       :.:::  ::  :  :  . . .  .. :.  ..:  .:  :.: :::::: ::  ::    :  :.:.:.:  :
                     MALKSDPVFERIAKRLESIDPNNRQVQQVYKFRIQQNGTVVKTWVLDLKAVKLTEGD----GPAEATLTMED
                          10        20        30        40        50        60

              690       700       710       720
     GDMIELALGKLQPQTAFMKGKLKIAGNIMLAQKLAPLLKTEAKL
       :. :.:.  .  .. :.  :.  ::  . : :  :
     DIMFALGTGAMPAKEALAQDKLDVEGQVELIFLLEPFIASLKK
     70        80        90       100       110
```

20. AGAP007107-PA   BR8 2L   AGAP010239-PA   3R   59.942   3.99E-145

```
             10        20        30        40        50        60
     MGKDYYKTLGIPRGSTDEDIKKAYRKLALKYHPDKNKSPGAEEKFKEVAEAYEVLSDKKK
     ::::.::  ::.  ...:.::::::::::::::::::::::::::  ::::::::::::::::
     MGKDFYKILGVSKNASDDEIKKAYRKLALKYHPDKNKAPQAEERFKEVAEAYEVLSDKKK
             10        20        30        40        50        60

             70        80        90       100       110
     REMYDKFGEDGLKGRASN--GTSNSSQNFTYEFHGDPRATFAQFFGSNNPFGSFFDMHND
     :..::.::.:::::  ::.   :....:  .:  :.:::::::::::::.::  ::
     RDIYDQYGEEGLKGGAGGMPGAGGQSGQFQYNFHGDPRATFAQFFGTSDPFSVFFGTDGG
             70        80        90       100       110       120

     120       130       140       150       160       170
     -SLFNSSIFNDDDFFTPFSGLGNRHGL--GGAFRSHSFNVH-SPLKKEKVQDPPIEHDLY
       ..:.. .  :  : :.:  :. :. :   :::::::::::  ::  .:.:.:::::::::
     GNIFHQEM--DGDPFG-FDGRGGSVGGFPGGAFRSQSFNVHSPQRKQKLQDPPIEHDLY
             130       140       150       160       170

     180       190       200       210       220       230
     VTLEEIYHGCVKKMKISRRVLQPDGTSKKEDKCVSISIKPGWKSGTKVTFQKEGDQTKGK
     :..:.. .  ::  :: ::::::.  :.....::  :...::::::.::.:: ::::.: ::
     VSLEDVNAGCQKKMKISKMVMGQDGSARKEEKILSINVKPGWKAGTKITFPREGDQIPGK
     180       190       200       210       220       230

     240       250       260       270       280       290
     IPADIVFIIRDKPHVWFRREGSDLRYTARLTLKQALCGVIFEVPTMTGEKLRISTKQEII
     .:::::::::::::.  :::::::.  ::.:..::::::.  :.: ::     :  :  :.:
     VPADIVFIIRDKPHAHFKREGSDIKYTAKISLRQALCGTVVKVPTLSGETLTISTAGEVV
     240       250       260       270       280       290

     300       310       320       330       340
     KPNTVKRIQGYGLPFPKEPSRKGDLLVAFDIKFPDKLSTSEKEMLNDMLPNS
     ::.:::::.: ::::::::::::.::.:::::.::::. : :.: :..:
     KPHTVKRLQNRGLPFPKEPSRRGDLVVAFDIRFPDQVSPSTKEILADLFPMDVA
     300       310       320       330       340       350
```

21. AGAP002346-PA BR9 2R AGAP000655-PA X 99.291 4.22E-93

```
           10        20        30        40        50        60        70        80        90        100
MAPSRKNKVVKEEVQVSLGPQVRDGEVVFGVAHIYASFNDTFVHVTDLSGKETISRVTGGMKVKADRDEASPYAAMLAAQDVAEKCKSLGITALHIKLRA
:::::::::.:::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
MAPSRKNKVAKEEVQVSLGPQVRDGEVVFGVAHIYASFNDTFVHVTDLSGKETISRVTGGMKVKADRDEASPYAAMLAAQDVAEKCKSLGITALHIKLRA
           10        20        30        40        50        60        70        80        90        100


          110       120       130       140       150
TGGNRTKTPGPGAQSALRALARSSMKIGRIEDVTPIPSDSTRRKGGRRGRRL
:::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
TGGNRTKTPGPGAQSALRALARSSMKIGRIEDVTPIPSDSTRRKGGRRGRRL
          110       120       130       140       150
```

22. AGAP005197-PA BR9 2L AGAP000145-PA X 48.252 1.71E-36

```
            10        20        30        40        50        60        70        80        90
  MALKRINKELQDLGRDPPAQCSAGPVGDDLFHWQATIMGPPDSPYQGGVFFLTIHFPTDYPFKPPKVAFTTRIYHPNINSNGSICLDILRSQWSPALT
   .:: :: : : ..:     :: :   ..  .... ..::  ::::.:: :  ..: :::..  ::: : :.:::::.  :  :::::::..::::
MAALPRRIIKETQRLMQEPVPGISAIPDEQNARYFHVIVFGPEDSPFEGGLFKLELFLPEDYPMSAPKVRFITKIYHPNIDRLGRICLDILKDKWSPALQ
            10        20        30        40        50        60        70        80        90        100


100       110       120       130       140
ISKVLLSICSLLCDPNPDDPLVPEIARIYKTDREKYNELAREWTRKYAM
:  :::::  .::   ::::::::.  ..:..:...  .   . :.:::..::
IRTVLLSIQALLSAPNPDDPLANDVAELWKVNEAEAIRNAKEWTQRYANVDN
          110       120       130       140       150
```

23. AGAP005981-PA BR9 2L AGAP000008-PA X 56.553 5.90E-147

```
              10        20        30        40        50        60        70        80        90        100
AGAP00 MVFETKFYDILGVAPSCTPDELKKAYRKLALKYHPDKNPNEGEKFKQISMAYEVLSDPEKKAIYDEGGEAAIKQGAGGGGGGFHSPMDIFHMFFNGGFSG
       :: :: :::.::: :.:.:..:::::::::::.:::::::::::: ::::::::::::::::::::::::::::::::::: :..::::::::::: :..:::..:
AGAP00 MVKETGFYDVLGVKPGCSPEDLKKAYRKLAMKYHPDKNPNEGERFKAISMAYEVLSDPEKKAIYDEGGEAAIKQG-GAGGGFHSPMDIFDMLINGGMGG
              10        20        30        40        50        60        70        80        90


             110       120       130       140       150       160       170       180       190       200
AGAP00 RKNERQTSNVIHTLSVTLEELYTGTKRKLALQKNVICESCEGIGGKRGASQKCAPCRGTGVITKVQKIAPGLVQQYEERCRNCRGLGETIDDKDRCKECN
       : .+... ...+ :.::::::::.::. .:::::.. .::.:: :::..:::..: . :: ::.+ ::...:: .  :: ::..::  .:: :.
AGAP00 GRREQRGRDLVHRLTVTLEELYSGATRKLSLQKSVICDGCDGIGGKRGTVHKCVPCNGTGILTKVHHIMPGFMQQNKVPCRACQGQGEVFDEKHKCKKCD
         100       110       120       130       140       150       160       170       180       190


             210       220       230       240       250       260       270       280       290       300
AGAP00 GRKTVRMRKLLEVEVYPGMVDEQRIVLKGEGDQEPDCRPGDIVLVVEEKSHPVFKRNGQDLLVFLHLQIAEALCGFRKVIKTLDARDIVIQSCPGEVVKH
       :.: :: .:.:.:.  :: : :.::.:::::::  .:::::..::.  :::::::.::..  ..:...::::::.::: ::: :..:: : :::::.::
AGAP00 GQKKVRDKKILDVHIEKGMRDGQKIVFSGEGDQEPGLQPGDIVIALEERPHPVFKRSGKDLMMEMRLELSEALCGFQKVITTLDKRSLVITSMPGEVIKH
         200       210       220       230       240       250       260       270       280       290


             310       320       330       340       350       360       370          380          390
AGAP00 LSTKCVYGEGMPLMNDPTEKGRLIIQFVVGFPDSLPPEVVPEIRKYLPTPQP-DPIPEDHETVEMMDFSLEE-----YQKASEEDEGSDESGSYSRFNHG
       . ::.. :::: ..: :::::::: : :::::: :..  ...::: :.: . ::.:  :. ::....:. :.  .:..: ::::        . :
AGAP00 SAFKCIMDEGMPQWKNPFEKGRLIMQFRVVFPDSLPGEAAKLLEQYLP-PKPAEEIPQDVEMVELVELDPEQESRNQYKNAYEEDE-----------EDG
         300       310       320       330       340       350       360       370       380


           400
AGAP00 GGQRVHMQTCNSS
       :  :..: : .:
AGAP00 GTPGVRIQQCATS
           390       400
```

24. AGAP009444-PA BR8 3R AGAP004723-PA 2L 35.676 3.18E-32

```
            10        20        30        40        50        60                    70
  MSNKKLKPEEPVEEVNEFSVEKILDSRVVNGKVEYFLKWKGYSSEENTWEPEENLDCDDLIQAFKESR----------------KKKEAKEE
       :. :::::: :  .::::::.:::::::.: .:.:::::.:::: .::.::.:: :.:     ::..
MGRTKEPKNTNGNSGNDSDTEEEYVVEKIVDRRERKGKVEYLLKWKGYDSGSNSWEPRENLDCPELIKAFEQSRTDAAKKDGAAAGKKRTTTKKKRTGGE
            10        20        30        40        50        60        70        80        90        100


            80        90        100       110       120       130       140       150
SSG----------------RKSKLKDSSEEPKAVPAKRKATSDKKVGFDRGLIPEEIIGATDEHGKLMFLMKWKNAANADLVPAEQANVKCPQIVIKF
:..        .::: ..   .. :::: ..  :::.: .:::::..  .:.:.:.. ..::..: ..::.. ...:
SENDNDGSDDEGRDDNASTKSNKSKSNDDGGDPKQADGE---AVEELNGFEKGYVPEKILGATEGDNELLFLIQWKDKDKAQLVKSKEARKHCPQLVIDF
           110       120       130       140       150       160       170       180       190


160       170
 YESRLTWQSAEAKNDTRDD
 ::.:: ::...
 YEERLIWQTVDQSQVD
 200       210
```

25. AGAP007024-PA   BR9 2L   AGAP000498-PA   X   93.846   6.87E-92

```
              10        20        30        40        50        60        70        80        90       100
AGAP00 MALNPQYEEIGKGFVTQYYALFDDSTQRPTLVNLYNAELSFMTFEGQQIQGAAKILEKLQSLTFQNITRVLTAVDSQPMFDGGVLINVLGRLQCDDDPPH
       :.:::::::::::::::::::::::::::::::::::.:::::::::::::::::::::::::::::::.::.:::::::::::::::::::::::::.:.:::
AGAP00 MAINPQYEEIGKGFVTQYYALFDDSTQRPSLVNLYNAELSFMTFEGQQIQGAAKILEKLQSLTFQNIKRVLTAVDSQPMFDGGVLINVLGRLQCDEDPPH
              10        20        30        40        50        60        70        80        90       100

              110       120       130
AGAP00 AYSQTFVLKPIGASFFCAHDIFRLNIHNTA
       :::::::::::.::..:::::::::::::.:
AGAP00 AYSQTFVLKPLGGTFFCAHDIFRLNIHNSA
              110       120       130
```

26. AGAP010182-PA   BR9 3R   AGAP000200-PA   X   44.146   1.44E-163

```
                    10        20        30        40        50        60        70        80
          MSLHEWYRRRERGLPARIGDTDMIYRTIFRSLQPRALSAELSHPYRCGQDSGAICNLEFSPDGTLLAAACEYKSIVLFDPLAEKOVSAV
          : .:.:  ::::::  :.::.: :.::::.::::.  .   . ..   .: :.  :::::::::::::.::: .::::::::::.: :. ::
          MQTSGSTSNKFMPIHQWCGRRERGLGPRFGDADTIHRTIYRSLEPKKIWNDPGRFPGIVRDYGGAFNLEFSPDGTLLVAACQKKSIVLFDPLTEIQICAV
               10        20        30        40        50        60        70        80        90       100

            90       100       110       120       130       140       150       160       170       180
          SNAHDGSVNCIKFVDSRTFASCSDDTTVALWDARNLSTKLRTLHGHSGWVKNIEYAKGAGVLLSSGLDGLVYAWELNNSTEQGCTYQRLLYMPGLMRCRL
          .::: :::::::.: :::::..:::::::::::::.:::.::::::::::::::::. .:::::::. ::.  ..:. :. :.  :::: :: ::.: ::
          KNAHTECVNCIKFIDHQIFATCSDDTTVALWDIRNLTTKLRTLNGHSGWVKNIEYSKRDRMLLSSGFDGSVYGWEINNYTEYGSVYRRVLHTSGLLRSRL
                110       120       130       140       150       160       170       180       190       200

           190       200       210       220       230       240       250       260       270       280
          APDESRLVLCTGTGYLMLVHDLDLASLAGDLVDFRPNIQRLNLMRKQRVPLGARKTPAVSHRRKRNRIEFVSDFPPGDDAEMISGLTLHPQGWCALSRNI
          .:::::::: ..::..:::::::::::: ::.:  ::  .: ..:.: . .::.:  .:.::.::.:.::.  ::.:::::  ::.::.:.
          SPDESRLVLSMSSGYLIIIHDLDLANLAGDLEGFYPNVYRLMQVGRQLIPMAARFRHLFYSKRKKNRIELVTDFPPNNNPEMISSLAIHPQGWCTLTRNV
                210       220       230       240       250       260       270       280       290       300

           290       300       310       320       330       340       350                          360
          SYDEKTEWSVVHDIQSWSENEDESDTEKQEPDELNTEDSQEPEQEDVPQQERSNCTRSMEGFGRDPK------------------------REPSETV
          : :: :::::::::      ..:.. .: .:  .: :.:   . ..  .:::      ..::        ::    .:
          SSDEMTEWSVVHDIQ-----ELPHDEESDEDEEELAEREQNRREEDNDQAEESS--NSGVNVARDPQPGTSGMSGRSARGSELGGMFRLNVTMREMMSSV
                 310       320       330       340       350       360       370       380       390

                 370       380       390       400       410       420                         430
          LT--EATWCNGATERNVINNAFPSHSGAPCPRLAEVPLQPTIRLSPP--AKGGRAGSAWSEPVASK-----------------RTAGHSTDGTGT----
           : .: : :.  .. :. .: :. .::.  :.: ::  . : ::: :.   ..: ..: ::.        :.. .::: .:
          ESHREPTVGSNEANANAEGNVDPQPSGSRSNLV-------TSRSSPPHEAQHVEAGPSGQQPPAANVRRQNGRGRRVMITRRNLRSENASTDVWATEVTF
                 400       410       420          430       440       450       460       470       480

                                                                   440       450       460       470       480
          ------------------------------------------------RLLYYIQESNKVEGYMREACFSPDGRVICSPHDDYGVRLLAFNEQCNEMR
                                                          :.:::.::.  .:..:.:::::::::::: :: :: :::::::::::.
          RERKNMPSPQVRNNRGQIYGIVSGVSSSASTGYTGAGRKRANEKICKNVPRMLYYMQETITDQGFIRESCFSPDGRIICSPHD-HGFRLLAFNENCNELQ
               490       500       510       520       530       540       550       560       570       580

            490       500       510       520       530       540
          YARQCLASGSEPAPLRELRYKPCYPHVVISSQFSPRFPLLVTGCLLGNVVWNLPVLS
          .:   . ...  :.:.. : :.  .:.::::::::::::::::::::::.::. :.:
          HATG-IWRNEKAQQLHEVKRKQCHSSLVVSSQFSPRFPLLVTGCLLGKIVWHQPALY
                 590       600       610       620       630       640
```

27. AGAP011362-PA   BR9 3L   AGAP028592-PA   X   36.334   1.67E-58

```
              10        20        30        40              50        60        70        80
       MPPKNKKCSICGTNSTVRWIILSRKTLCDGCYDVQCNPPLEPRQEDGPD-------------EPVAGPSGLGRKSETILATGPVQSNPADDGIFLKPTFI
       : :: ..::::  ::.. :. ::::..:.: :: .: .:::.:.  ::       .   .  .: :.  :: :  :.::          ..:.
       MSPKVQRCSICGTLETARWYLLDRRSICSDCHDVQLNPPLDPREERSPEPENRPQQYEDLMEQDASNASAVQHSSERALLECPVTPKKVD---VLQPSTE
              10        20        30        40        50        60        70        80        90

             90       100       110       120       130       140       150       160       170       180
       PPRPAKIARVNSATLDGATTTSSGS---SSSSTTTTNTTATSATHSSSRSTTPSKPASRNKARKSFPSKP--KLTDETKRPKSVPKVFHNDYWYEVGDIV
        ..  . .  . .  ..          . .  .:   .: .  : .:. .:.:  .  .:  :    :   : .:  ::.: .:: :.  ::..:.::::
       GQADLELGADGFVGMDEQEELHDSVPPVGMFSPRRLRRRVCPVTRVPARRGT-KKNGRTTKSRRALTKKQPTKAPRETASTRTVSKVLQDNVWYQVGDIV
       100       110       120       130       140       150       160       170       180       190

              190       200       210       220       230       240       250       260       270
       SLVDTKDKTYYAQIRGLVVDVFNEKNAILTWLVPTTASPNPNEGFDPATYHIGPDEDKMRNLSEMQFVMHAPSGYYLNRSDPYPRQNVTGP---VERDGR
       :.:::::.:::::::::::.:::..:. ::: ::.::.::::::::::::: .::::. ::.::: :.:..::: ::::..:::::::.:      .:..:
       SMLDTKDNTYYAQIRGLIVDAYNEKSAVLTWLLPSTVSPPPNEGFDPATYMAGPDEEAPRRLTYMHFVMNAPVNYFLDRNEPYPRPECYGPSNTTQCDNR
       200       210       220       230       240       250       260       270       280       290

              280       290       300
       STEPPLYDWANICQLHLGERPVSK
        .     : ::..
       N-----YVWATMGR
              300
```

28. AGAP009660-PA BR93R AGAP007722-PA 2L 41.27   2.41E-41

```
            10        20        30        40        50        60        70        80        90       100
MAPNAAELKVKPASDSTGINAILLGPPGSGKGTQAPLLKEKYCVCHLSTGDMLRAEIASGSKLGAQLKKVMDEGKLVSDELVVDMIDSNLDKPECRNGFL
.... .::::::::    .   .   .  ::::::::.. .::.  ..:: . . :::: : . : :.... ...
           MASGKLFRAIIMGAPGSGKGTVSGRIVKAFSLKHISSGDLLRANIEKRTELGLIADKYIREGKLVPDIYITKCILSELEQIRS-HSWL
                    10        20        30        40        50        60        70        80

           110       120       130       140       150       160       170       180       190       200
LDGFPRTVVQAEKLDNLLEKRNTGLDAVIEFGIDDSLLVRRITGRLIHQASGRSYHEEFAPPKVPMRDDETGEPLMRRSDDNAQALVKRLESYHRQTKPL
:::::::: ::. : :   ..:   .:.::. . .....:: .: .: ::: :  : ::.: ::: ::::: .: ::.  :. :::: :   :.:.
LDGFPRTREQADDLWN--QER---IDSVINLDVPFEVIIERIQSRWVHLPSGRVYNVGFNDPKTPGRDDVTGEPLSQRPDDTPVAVRKRLEVYDACTRPI
 90       100                110       120       130       140       150       160       170       180

        210       220       230       240
ADYYALRGLHFRVDAAKSASDVFANIDSIFTKQRAHRLGF
.:.  .::.
NEYFDKKGVLVTFKGSTTDEIWPHVRKYLEAKIQ
         190       200       210
```

29. AGAP009701-PA BR93R AGAP006997-PA 2L 33.266 6.37E-156

```
   10        20        30        40        50        60        70        80        90       100
SRVLSRHQLVRQPTNQVRYVSVGRAGPSSLEIRRQFIDYFTVKHNHRLIRSSSLIPFNDSTIAFVNAGMNQFKSVFLGTAERPCQ-----RAVNSQKCVR
                 .:: :.:.:  :. :  .:.::..::  :. :.::::::: .::::. .        :...:.::.
                 MDTSLTASQIRSIFLDFFKEKE-HLYVHSSSVIPLDDPTLLFANAGMNQFKPIFLGTVDPNSDMAKWVRTANTQKCIR
                          10        20        30        40        50        60        70

        110       120       130       140       150       160       170       180       190       200
VGGKHNDLSVVGTDSYHHTFFEMLGNWSFGDYFKREACEMAWDLLRNVYRIDTDRVYVTYFGGDAKLNLPADEECRQIWRSLGIPPERVLPFGARDNFWE
.:::::::: ::. :::::::::::::::::::::::::.. .   ..:  .:::::::.  . :::::. .:: .:.:.::. :::  ::..:::::::::
AGGKHNDLDDVGKDVYHHTFFEMLGNWSFGDYFKKEICTWAWELLTERLKLPKERLYVTYFGGHPESGLEPDLECREIWLKLGVKEEHILPGSMKDNFWE
 80        90       100       110       120       130       140       150       160       170

        210       220       230       240       250       260       270       280       290       300
MGNSGPCGPCTEIHLDLSGEYRNTKARQHLVNAGVPDLTEIWNIVFIQYNRSLDDGTIRNLPQRHVDTGMGLERLVAHLQHKQSNYDTDLFEPIFRRIQK
:::..:::::::.:.:    :  ..  .::: ::. .:::::::::::::. ..... ::...: :::::.::. .: .:::::::.. :: :::
MGETGPCGPCSELHFDRIGG----RSVPELVNMDDPDVLEIWNLVFIQYNRE-QDSSLKLLPKKHIDCGMGFERLVSVIQDKRSNYDTDVFMPLFDAIQK
180       190       200       210       220       230       240       250       260       270

        310       320       330       340       350       360       370       380       390
ATKKEPYRGSFLSTDSHYELDTAYRIMADHSRMITACLADGMFPS---QNHKLRRIIRKSLALATRTFN-HPQLLRETVPCVVEILSTVYPEMGRNLPTV
.:   :: .   .:. :   ..    .: :::: :.       .::  .:. :.:.::: .: :.:::.::.  :
GTGAAAYQGRVGADDSD-GVDMAYRVLADHARTITIALADGGFPDNTGRGYVLRRILRRAVRYATEKLNAKPGFFATLVDTVVQLLGETFPEVRKDPQHI
280       290       300       310       320       330       340       350       360       370

400       410       420       430       440       450       460       470       480       490
LQII-EHEQHLYSALRTKRSAETSALLQQFPQLEESEALEHPGLADAIKELAQTKPTHLNGAHIHKLYDTYGLDEELLVKLGEMMHFSLDFRDYERYVR-
..: :.::..: :.    :.             .  .: .:..: . : .::::::. .: .. ..: ......:. ::.
KNVINEEEQQFLKTLTRGRNL---------------------LNRTIAKLGNSKV--IPGDVAWRLYDTYGFPIDLTLLMAEEKQMTIDMEGYEKAKHE
380       390                          400       410       420       430       440

        500       510       520       530       540       550       560       570       580
--VLKDGHKHELATKLQTRLSAYENLRESLDSATLKPTRAERRYNYAFNADK----GTYEVAPCRARVSLLL-------EDEARDQWHIVTDQSNFYCES
....: .: ..:::: :.:.:: .: ..   .  .: .. .:.. .  :    : .:.:: .:.:.  : ..::. ..
SYIISQGKEKSKTATIDLDVHGISELQERKVPAT------DDSFKYRYKAESIDPLAQYVFEPCTGKIVALRFNNAFVEEVQAGQECGVILDRTNFYAES
450       460       470       480              490       500       510       520       530       540

        590       600       610       620       630       640       650       660       670       680
GGQQSDTGRLTVEAGGSAGGQTFEVTGVTDHNGFVMHSIKRQPNVALSVGDTVVLQVDANRRTQLTLHHTATHLLNAVVRKVVALPMCQRSSSVSERHFR
::: : ::.      ::.      :.:. : ...:.:.     : ::: :      ..:: ::   :..::: ::  ::::. : :
GGQIYDQGFLVKVNDESS---EFNVSLVYNRGGYVLHIGVVEGT--LRVGDEVHCHMDVVRRQLTMKNHSATHALNHSLLKVLGQDTDQRGSLVVPEKLR
550       560       570       580       590       600       610       620       630
```

30. AGAP011054-PA BR93L AGAP007543-PA 2L 66.845 1.03E-93

```
       40        50        60        70        80        90       100       110       120       130
GSCHSFGGGHVYPQEAPRFVDHKLQYTKAVISRPAPAFEATAVVDGAFKKIKLSDYRGKYLVFFFYPLDFTFVCPTEILAFSDRVNEFKKLNAEVIAASI
                           ..:::::.::::: :.:::::::.::::: : .::: :::::::::::::::. .::: ...:    .:...:.
                           MPVPELQKPAPAFSGTAVVNGEFKEIRLSDYLGKYVVLFFYPLDFTFVCPTEIVAFSDRADEFHEKKCQVIACST
                                    10        20        30        40        50        60        70

140       150       160       170       180       190       200       210       220       230
DSHFTHLAWINTPRKEGGLGKINIPLVSDITHSISKDYGVFLDDLGHTLRGLFIIDDRGVLRQITMNDLPVGRSVDETLRLVQAFQYTDKHGEVCPAGWK
:::::::::::::::: ::: ::.::..:: .:.::.:::. : .. ::::::::::::. .::::.::::::::::::::.::.::.:::::: :::.::
DSHFTHLAWINTPRKQGGLGELKIPLLADKSMKIARDYGVLQEESGVPFRGLFIIDDKGNLRQVTVNDLPVGRSVDETLRLVEAFRYTDEFGEVCPANWK
 80        90       100       110       120       130       140       150       160       170

240       250
PGQDTIVPNPEEKIKYFEKNH
::. ::: .:.... ::
PGSKTMVADPHKSKDYFNAVN
         180       190
```

31. AGAP008909-PA   BR93R   AGAP012962-PA   2R   61.783   1.81E-71

```
                  10        20        30        40        50        60        70
         MSDFVRDMRNHKIVPDVVPVPPESLLHVTYPGGLRVNLGNILTPTEVKHVPEVAWPEAEPDAYYALVLTDPDAPSRTAP
         : ....:..:..::::::: :  . .::::.: :. ::.::::..:: ::.: : .:. : :.: .:::::::: :
MSICRLQTRASSIFTTSIRLFSSAIAKSMEKHEVVPDVVPVAPAEVAKVTYPSGAVVSEGNVLTPTQVKDVPKVEW-NADSGALYTLCMTDPDAPSRKEP
          10        20        30        40        50        60        70        80        90

  80        90        100       110       120       130       140       150       160       170
  KFREWHHWLVVNIPGMDLAKGDTLSDYIGAAPPRKTGLHRYVFLLYRQNERIYYKESRLSNRSTQGRGKFSTHKFSEKYELGLPVAGNFFQAQFDDYVPK
  .:::::::: :::: :.:.:.::: :.:..::. :::::::::::.:.:: .. . : ::.: :....:: :. .::.:::.:: :::::::.::..::::
  TYREWHHWLVGNIPGADVAQGETLSAYVGSGPPQGTGLHRYVFLVYKQNGKLTFDEPRLTNTSADNRGGFAIRKFAEKYQLGNPVAGNFYQAEWDDYVPL
00        110       120       130       140       150       160       170       180       190

  80        190
  LYRQLGHFQNAF
  :?:.:::
  LYKOLGA
```

32. AGAP009076-PA   BR93R   AGAP002370-PA   2R   33.697   1.85E-109

```
                         10        20        30        40        50        60
         MLPKVPLPTVEQTMAEYVRVLQPIVTPQQLERTKSIIKQFSAT--IGPSLQEYLQAKREADDNWAYYYWLN
         : . ::.: ..::. : :: ..:: . .: :: ...:.. :: .::. :. .  ::: ..::.
SPAANASGKMCPTSQQNYATAAAGGAGPLALQRQPVPKLADTMQKLVRSIEPHVDGDTLAGTKRAVEKFTVPGGIGQKLQSLLEQRAAQKDNWLADWWLR
         30        40        50        60        70        80        90        100       110       120

  70        80        90        100       110       120       130       140       150       160
  DMYMDNPLPLPINSNPGMVMPPRKFTTVNDLAQFAAQLIDQLMDHKEMLEGGGLKQERATSREKGQPLCMAQYYRLLGSCRRPGDPRDS-QYLPPGGEQT
  ::: . :. . :.:::::.: .:... .: : :::::.. :.::::: : . :: :.:: ...:: :: :: : ::
  CAYMEYRDPVIVYSSPGLVFPRASYKTLDEQLQYAAKMVSAALAYKMLIDGGKIKPEMMGK----VPLDMSQYEKIFGTCRIPGKERDSVQYNP-----R
  130       140       150       160       170       180       190       200       210

  170       180       190       200       210       220       230       240       250       260
  DAHVIVCCRNRMYCVPVKAGDRGRLNENELAAQLLHILNEAPGLPETEATVGILTTEPRPKWATDRELLLLEEQNARNIELIETALVVMCIDEPIPLSYN
  . :.:::::: : ::. : . : :.::. : : . :::::. :: .: .. .:. :: .. :: :.
  SRHIVVACNNHYYRLPVFTAAGGIVSERQILAELKKIAAKEGN--SRAAPLGILTANHRDSWAQAYETLMADATNRASVESIQQALFVLSIDRELPQKQ-
  220       230       240       250       260       270       280       290       300       310

  270       280       290       300       310       320       330       340       350       360
  ARGFNGSPAGAHYAGGRDESNMAHEM-IHGGGSACNTANRWFDKTMQLIICNDGTWGLCYEHSPSEGIAVVQLLEGILKRIDEAATAKDGPGTATADRLQ
              :: :.::::::::.: .:::::.:::.. .: :: ::::::: .. .:. . : : :..
  --------------GTDHIVTASDLLIHGGGSAANGGNRWYDKTIQLVVAPNGINGLTYEHSPAEGQPIAVMTDFLLEYIGS------GKCLNTMDQAE
                320       330       340       350       360       370       380       390

  370       380       390       400       410       420       430       440       450       460
  LQQSHLPPPERLEWIVRPEIERRLREAARSVDKRIEDLDFYVYRYKPYGKNFIKACQVSPDVYIQLALQLAYYKLYGHLVSTYESASTRRFLLGRVDCIR
  :. .. .:::  . ... ::: : .. .:  .: : :. :.:. . .: ::::: . . : : : :::: : :.::. :
  LSAGAV----KLDFNVTPALRSEIDQAAGFVDKLAADIQMDYLHFTDYGKDFIKTQRMSPDSYIQMAIQYAFYRLHHVPGAHYESAQNRMYLHGRTETIR
            400       410       420       430       440       450       460       470       480

  470       480       490       500       510       520       530       540       550       560
  SASLEALEWAKAMCQGEGANVTLESDKEDDYSAEAAGDVKKKDHLRELFRCAAARQTEVMVQNILGYGIDIHLLGLREACREREGILHELFTDECYKIAN
  :.::.: .::.::       :: . .   ::         ...: . . :::.: ::::: ..:. : :::.:: :
  SCSVESVAFARAM---------LEPKRDGRSKLEA-------------MKAAINAHKAYVSMAIQGYGVDRHLLGLKLTAKENGLALPELYADQGLQKSA
490       500              510                     520       530       540       550       560

  570       580       590       600       610       620       630
  CFLLSTSQVACSTNSFMGYGPVTPHGYGASYNPHPNEIIFCLSAFFTSDKTSASRFARSLQDSLDAMRDLLS
  . :::::::  ..::  ::::. :::. ::: ... :. .::: .. :. .: ::::.. : ..:
  HMRLSTSQVASRYDAFMCYGPLTQDGYGCCYNPKEDDMWFGVSAFRSNKDTDLARFRVSLQEALREMYEVLVVYGEKPKGKL
  570       580       590       600       610       620       630       640
```

33. AGAP001299-PA   BR9 2R   AGAP011723-PA   3L   30.238   1.77E-52

```
            10        20        30        40        50        60        70        80        90       100
MLKAVILIGGPEKGTRFRPLSLDTPKPLFPVAGKPIIQHHVESCVRIKELKEILILGFYPATQMQQFVSNMQNLYDVNIRYLQEFTALGTAGGMYHFRDQ
..:.::::..::   :::::.::::::::   :.:::. :..:: :.      . :: . ::.::. .         :.. .:  ::::: . .:
MRALILVGG--YGTRLRPLTLSTPKPLVEFANKPILLHQIEALVEAGVTQVILAVS-YRAEQMEAELSAQVERLGVKLIFSHETEPLGTAGPLA-LAKS
         10        20        30        40        50        60        70        80        90

           110       120       130       140       150       160       170       180       190       200
IRSGNPGAFFVLNGDVCADFPLQELYDFHRSKNEKALVSIMGTEATRQQAVHYGCLVLGKDEEVTHYVEKPRSYLSTLINCGVYVCSMDIFAKMGAVFHS
:  . .   :::::::.  .:::..:: .:::   .... . .  .:        :: .     . ..:::::::: ::.:.:: .:::.:::
ILAESTEPFFVLNSDIICDFPFKELEQFHRRHGREGTIVVTRVE----EPSKYGVVLYADNGCIKSFIEKPQEFVSNKINAGMYVLNPSVLARI------
       100       110       120       130          140       150       160       170       180

           210       220       230       240       250       260       270       280       290       300
KQQDYSMLNNGNGKDSGHIQWEQEILTPLAGTGKLYALPVNNWWSQIKTAGSAIYANRHYLALYKNAHPERLASAGLKTENDNANLVCNIVPDVHIHPTA
        .   . :.::.  ...   . .::. :.::.. .:      . .      ::  ..:.::.:. .      :...: :..  :    :::
--------------ELKPTSIEKEIFPVMSHEQELYAFELNGFWMDIGQPRDFLTGMCLYLTSLRQRQPDRLYSGP-------AGFVGNVLVD----PTA
              190       200       210       220       230       240                    250       260

           310       320       330       340       350       360       370       380       390       400
SVHPTATLGPNVSIGPGVVIGPGVRVRESIILENAVIKDHSLVLHSIVGRGSQIGMWARVEGTPSDPDPNKPFAKMENPPLFNTDGRLNPSITILGYAVS
.. .  .:::::.:::.:::  :: .::  ::.:.:::.::.  . ..:    .:  .:  :::.:                              :.:: :
KIGAGCRIGPNVTIGPNVVIEDGVCIKRCTILKDAIIKSHSWLDSCIIGWRCVVGRWVRLEGT----------------------------TVLGEDVI
       270       280       290       300       310       320                                  330

           410       420
VPSEMIVLNSIVLPHKELSRSFKNEIIL
: .:. .. :::::::.. :
VKDEIYINGGQVLPHKSIALSVPEPQIIM
         340       350       360
```

34. AGAP001403-PA   BR9 2R   AGAP012415-PA   3L   37.222   8.78E-37

```
            10        20        30        40        50        60        70        80        90
MRGVWKLLFGRYLLVTNTISSGVLMLAGDVAAQEIERRQEKTTSASEGLERQRALNMTLVGLSQGPLHHYLYKWMDAYLPGATVRTVLKKIA
.:::::. .   :  : .::.   ::..:  .    . .:.:.  :   :. ..  : .:  :. :  . ::.:
MIALAKWFRTATKTAFSKKYLLLTNVAISVSLSGVGDI----IEQHYEIYSGELAAWDRRRTRFMSISGMTVGVFCHGWYNFMDRRFPGRTIGLVLKKVL
        10        20        30            40        50        60        70        80        90

           100       110       120       130       140       150       160       170       180       190
IDQLVISPIFIVTYLYSAGLLEGASVRDCNAELRYKYWTIYTADWLVWPPTQFINFYLLSPKYRVLYINAITMLYNVFLCYIKHNDDFISEITQKMKSIK
::: : ::: :  ..  ..:. .: .  ..:: :.    .:::::.:.::::::.: :.:::: :.: .::.  ...  : ..:
IDQTVASPIVIFLFFATLAVLKRSSWEEMRGEIRDKFIRLYTAEWVVWPPAQIVNFYFLPTKYRVLYDNTISLGYDVYTSYVINDESGATAATNAQKD
100       110       120       130       140       150       160       170       180       190

QE
```

35.AGAP007020-PA   BR9 2L   AGAP011824-PA   3L   50   2.81E-75

```
            10        20        30        40        50        60        70        80        90
MRIGATIPNFQADSTKGPIDFYEWIGDSWCVLFSHPADFTPVCTTELGRIAVHQEHFEKRNVKVLAHSVDDLKCHVDWVNDIKSYCPDIIGN-FPYPI
..:: .:::..  . .:.::::::.:: . ::.::::::::::::.:  .:.:.:: .:.:::.:::  . : :.. :.  : .. : .::::
MSLNLGDPFPNFTADTTIGPIDFHQWIGDGWAILFSHPADYTPVCTTELAAVAKLVPEFTKRNVKPIALSCDTVESHRGWIEDIKAYGQLAAADPFPFPI
        10        20        30        40        50        60        70        80        90       100

100       110       120       130       140       150       160       170       180       190
IADPSRDLAVRFGMLDEKDKDNVELAQTVRALFIISPDKRVRLTMHYPTSTGRNVDEILRVIDSLQLTDRLKVIATPANWTPGTKVMILPSVSEEDADKL
: : .:.:::...:  .. : :.::.:. ...:: :  ::.::.:.  ..  .::.:.::: :::::::::::.  .: ::::.: ::  :. ..:  .  :
IDDSKRELAVKLNMLDRDEIGSAGLPLTCRAVFVIDAGKKLRLSILYPATTGRNFAEILRTIDSIQLTDKRRV-ATPADWMPGDSCMVQPTVPADQLATL
        110       120       130       140       150       160       170       180       190

200       210       220
FPNGIERVSMPSGNVYVRTTTDYE
:: :.. :..:::. :.: :
FPAGVDSVTLPSGKQYLRKTECPN
200       210       220
```

36.AGAP001384-PA   BR92R AGAP008039-PA 3R 51.576   6.95E-130

```
            10        20        30        40        50        60        70        80        90
MKQESSHKFSAGSDYHQTLSRLKTEFEKRYNDQKQASIASLTEYEILRTLGSGAFGTVKLIKRKASGEYFAMKILSKERIVYQKQLQHTTNEKRILQ
   .. : .:... .: : .:::... .:  ... :.:  .: ..:::::::.:: :  ......: .::::::::...:  ::..:: :::::::
MGNNATSANKKVDAAESVREFLDQAKEDFEEKWK-RNPTNTAALDDFERIKTLGTGSFGRVMIVQHKSTKDYYAMKILDKQKVVKLKQVEHTLNEKRILQ
            10        20        30        40        50        60        70        80        90

    100       110       120       130       140       150       160       170       180       190
SIRFPFVVNLEICYKDNSYLYLVMPFVNGGEMFTLLRHSRRFSEAQAAFYGAQVALALEYLHGCNLIYRDLKPENLLVDYRGYVKMTDFGFCKLIKDRTW
 .: :::.:::. .:::: ::.:. .: ::::   : :  :::: .:.::..:::::  .:::::::::::::: .::.:.:::::. .: ::
AISFPFLVSLKFHFKDNSNLYMVLEYVPGGEMFSHLRKVGRFSEPHSRFYAAQIVLAFEYLHYLDLIYRDLKPENLLIDSQGYLKVTDFGFAKRVKGRTW
100       110       120       130       140       150       160       170       180       190

    200       210       220       230       240       250       260       270       280       290
TLCGTPEYLAPEIIQAKGYGKSVDWWSYGVLLYEMAAGYSPFYVNSSDQMVLFERICKGKYKFPKSFSTDLCSLVHHLLQTDLSRRYGNLRNGCDDIKQH
::::::::::::::: .:::.:.::::. :::..::::::: ::....  :  ..:.: .::  .:::. .:..:.::::..::::::: : .:::.:
TLCGTPEYLAPEIILSKGYNKAVDWWALGVLVYEMAAGYPPFFADQPIQ--IYEKIVSGKVRFPSHFGSELKDLLRNLLQVDLTKRYGNLKAGVNDIKGH
200       210       220       230       240       250       260       270       280       290

    300       310       320       330       340       350
AWFKTINWYGLLNRELPAPYVPKLQGPGDASLFDVYDEQKLKIASKCLYAKEFADF
   ::  .:  .::...   ::.:.  .:::::.:  :  :.:. :.:         ::::::.:
RWFASTDWIAVFQKRIEAPFIPRCKGPGDTSNFDDYEEETLRISSTEKCAKEFAEF
300       310       320       330       340       350
```

37.AGAP003106-PA   BR92R AGAP009791-PA 3R 40.287   0

```
   170       180       190       200       210       220       230       240       250       260
ISGCSADPFAPGCAGVTDESRRSSNICLTDECVRTASSLLAA--MDRTADPCKDFFQFACGTWNKMHVIPEDRSSISTFEVLADQQQAILKGVLEE----
  : ::..:.  .          :: :: :::: ......    :: :.::::::...  :: .......::...  :  :
TATEKAVERSEQLSRVRRSVGWMNDDRSSPESVRAAQVAIMKQYMDPDADPCDDFYQYACGNWDRVNPIPKDKAALDTFELLRESLDLVLKQLLLEGEPA
   200       210       220       230       240       250       260       270       280       290

                                             270
----------------------------------------PVNKEDNRATK-----------------------------------------KAKAF
                                         :...... .:. :                                        ::. .
GLLDVENALSTVRSQPDGTKKSTSTTTTAASAGWPTTTVTGGPAQQQLHRVRKRGRAENRNRSGRAVQNKLIIRSAQVKRVRRKRELLINDDAEMKARHL
300       310       320       330       340       350       360       370       380       390

   280       290       300       310       320       330       340       350       360       370
YKSCMNLEQIRLLDVQALRKSLKKLGGWPVIEKN-WTVPSTSIEHLLGKLTGEYDEPGLVELYVGADDKNSSMNIIQVDQLLLALPSRDYYLKESSEGDM
 . :::: :.: .:::...:::.::  ..:::. : . .  :::.  .:. :.  .::  ... :
FVSCMNYELIERRGLEPLRTLLHSLGGWPVLEPHTWDESSFDWLNLTAALR-RYNNDVLIVEWVGPDIKNSDENIVQFDQTSLGLPTRDYYLQPGNRKYL
400       410       420       430       440       450       460       470       480       490

   380       390       400       410       420       430       440       450       460       470
KAYHRYMTQIAILMGADKDKAAEELQRIVEFEVRLANATLPEADRHDTSAIYTKITLPELQRRVPQINWKEYLQTTLGTVALHPNESIVSYAMPYLVELG
 .::...:  ..   :.   :  ...::::..  :          :...:..   . .: .:::::::::  : .:::::.::  :::...:: ::  .:
EAYRQFMLEVIGLLDVPADTARQATDEMIEFETQLANITSTPEERNNVSTLYRKLMLDQLQEEVPQINWTHYL-TIVTERPVNGSSFVVMFAMSYMRDLV
500       510       520       530       540       550       560       570       580       590

   480       490       500       510       520       530       540       550       560       570
KILRDTDRRIVHNYAIWRLVMSIMTHMIDDYQKERVEFRRKLLGIQSERNRWSQCVEWTNKKLGMAVGALFIRDNFNQESKETALTMIHTIREAFNELLA
  ... .:. :: :  .::.: .::  .:: ...  .:   :..  :   .  :::.::.::::::.:.:   :.:.....  :    :.:: ....::..:
ELIDQTEPRIVANYLLWRFVRHRINNLDDRFLGAKQRFSNALFGRERNPPRWKNCVTQVNANMGMAVGAMFVRRYFDENSKRDTLTMTHELQDAFREILG
600       610       620       630       640       650       660       670       680       690

   580       590       600       610       620       630       640       650       660       670
DIDWMDDETRAVAKEKADAMNERIGYPDILTNADELEKEYVNLTIHGGLFLENILSILKWEAERNLQLLRKPVDKNKWATEPAVVNAFYNPNKNDIVFPA
     .:: ::  :::::. :::::::.:. .. :  :.  :.  ..   .::  :  .....  ... .  .. .  :: ..:  :. .:::::::  :::::::.::
RTGWIDMATRQLAEQKVNAMSLRIGYPDFILDPEQLSARYATLEIHPDRYFENTLNVLSHIRRRTDQEKLGQPVNKTAWHTAPAVVNAYYSRNKNQIMFPA
700       710       720       730       740       750       760       770       780       790

   680       690       700       710       720       730       740       750       760       770
GILQPLFYSQNFPKSLNYGGIGVVIGHEITHGFDDKGRQFDKDGNMMQWWNNATIKTFRERAQCIIDQYSRYKIDEVGLYMDGRMTQGENIADNGGLKQS
:::::: ::  ...:::::::::::::::::::.:::  ::::::::::::.: .:. ..:  :  ::. :.:  ..  ::::: :.:.::::::::::::.:
GILQPPFYHRHLPKAINYGGIGVVIGHELTHGFDDKGRLFDRDGNLYRWWSDRAIEEFHERAACLVEQYGRYRIAEVDVQLDGENTQGENIADNGGIKQA
800       810       820       830       840       850       860       870       880       890

   780       790           800       810       820       830       840       850       860
YRAYRKWVSQHGSE-----PDLPGLNMTHDQLFFLNYAQIWCGSMRPEDALTKIRSSVHSPGIIRVIGPLSNSRDFAEAYRCPLGSPMNPVSKCSVW
 . :: ::..  :         :::::  :.: .::::::.:::::::::.:::. ::::.  ::::  .  :.. : :::: .:..: . .: ::::::::
FLAYSKWLAAQTDRRVLEAETLPGLNVTRTQLFFLNFAQIWCGAMRPEATRNKLKTAVHSPGRFRVIGTLSNSEDFAREYHCPVGSTMNPPGKCSVW
900       910       920       930       940       950       960       970       980       990
```

38.AGAP005423-PA   BR9 2L   AGAP008816-PA 3R 35.593   3.63E-46

```
           10        20        30        40        50        60        70        80        90       100
MFLTRSEYDRGVNTFSPEGRLFQVEYAIEAIKFGSTAIGISTPDGVVMAVEKRITSSLIEPSKMEKIVEVDRHIGCATSGLMADSRTLLDRARIECQNHW
 :.::::...:::.:.:::::: ::..  :::::::.    :  . .::   .::.  .:.  .:  ::.:..:::...::.:
MSSRYDRAITVFSPDGHLLQVEYAQEAVRKGSTAIGVRGKDVVVLGVEKKSVAKLQEERTVRKICLLDHHVVMAFAGLTADARVLINRAQVQCQSHK
           10        20        30        40        50        60        70        80        90

          110       120       130       140       150       160       170       180       190
FVYNERMSVESCAQAVSNVAIQFGDGDDTDSAMSRPFGVAILFAGIE-NGEPQLWHMDPSGTYIRFDAKAIGSGSEGAQQNLQEYYLPTMTIKE--AINL
.  .. ...:  ..  ....  .   :.:   ::::: :..:.. .:  :.:.   .:::.: .. :.: :  ...  ...  .::.  :. .  :  .:.:
LSEEDPVTLEYITRYIAELKQKH-----TQSNGRRPFGISCLIGGFDYDGVPHLYKTEPSGVYCEWKANATGRSAKTVREFLEEHYSPAAVSTEEGTITL
100       110       120            130       140       150       160       170       180       190

200       210       220       230       240
ALSTLKQVMEEKLNSTNVEVMTMTPKELFRMFSKEEVEEYINNMS
:. ..: .:... .. ..:: .:   : ..:.. . .::::...
AIRALLEVVQS--GQKSLEVAVMRRDEPMKMLDAQTIEEYVKKIELAKEEEAEKKKAKK
   200       210       220       230       240
```

39.AGAP006104-PA   BR9 2L   AGAP009128-PA 3R 37.5 1.09E-54

```
           10        20        30        40        50        60        70        80
MALDFAAGCLGGCAGVLVGFPFDTVKVHLQTQN----HRNPLYRGTYDCFRKIVVREGVHGLYRGMSSPMAGVAVVNAIVFGVYG---NIQRRT
  : .: .::   : ::.: :.:::.:.:::.     .  :::  ::  :: .:  ..::: .:::..:::::..:::  . :.  :  .  ..:.:
MSENKSPIKYFLSGGFGGICTVLAGHPLDTIKVRLQTMPLPAAGQAPLYAGTLDCAKKTIAREGFRGLYKGMSAPITGVAPIFAVSFFGFGLGKRLQQKT
           10        20        30        40        50        60        70        80        90       100

          90       100       110       120       130       140       150       160       170       180
ANPDSLYSH-FLAGSAAGLAQSIVCSPMELIKTRLQLQDNLPRAAERFSGPMDCTRAIWRREGYRGIFRGLGITAARDMPGFSSYFVAYEYMVRCVANPS
. .  :.. : ::.  .:. :.::...  . :.:::.. .:.    . ..: : .. :.. .  : ::.:: .. : ::::.: ...::: :..
PDEELNYTQLFAAGAFSGIFTTTVMAPGERIKCLLQIQQG-GNSPQKYSGMVDCAKQLYAEGGMRSIYKGAFATLLRDVPASGMYFLTYEYIQRALAPKA
          110       120       130       140       150       160       170       180       190

          190       200       210       220       230       240       250       260       270
P---------FVILMAGGLAGTFSWLVTFPLDVVKSRLQADGISGKPQYNGLIDCVRKSHAAEGWAFLSRGLASTLLRAFPMNAVCFLVVSYTMKLFDDP
     .   ..:::.::  .:. . .: ::.:::::.    . :   :: :  :.    ::   :  :.:..  .:::::: ::.::. :.   ::....
GEQKDASIGLLGTIFAGGMAGIANWAIGMPADVLKSRLQTAPEGTYP--NGIRDVFRELMRREGPLALYKGVTPVMLRAFPANAACFIGVEVFMKFLNVV
200       210       220       230       240       250       260       270       280       290

280       290       300       310       320       330
KVSSVVEELGATAATVETPLLIVPTVVPQVPIATAPKLSVPAPAYNKRASHHDHDSHLLS

APGL
300
```

40.AGAP000079-PA   BR9 X   AGAP004718-PA 2L 35.043   1.56E-65

```
           10        20        30        40        50        60        70        80        90
MERKRSIRRRQKPPFAERAKDHCRNFTAFMFSNVGIIFLVVLYMIAGAFMFIAIEGNEALERFAQIPFKRNETAMKLWQISCCEVNVFNKSVFE
 :..:: ::.:::: ..::.  ..::. :.:: : ..:: : ..: . .:  .       :.. :. .:.  .   :..:.. .:.::.:...
MIRQRSSVRSRGSSSTTISDPREKVKDCCRKFVAFMCTQVGVGGLIVAYALVGAASFMSIETQEPNPLIEHVVTLRRNCAAELWDVTE-QLNLFNSSIWH
           10        20        30        40        50        60        70        80        90

          100       110       120       130       140       150       160       170       180       190
EKVGNEIRAYQEKIVLWARRGWQGSDITLESETPWSFSGAFLYSLTVITTIGYGNIVPRTEWGKIATIFYTIIGMPLFLLYLSNIGDILAKSFKWIYAKF
 ..   .. ::. ..   :::.:.  .:  . :..:.:    . .: .:..  :.:.:.. :::::.:::: :.. :::...:. :. .::..:..:. :
YEADLVLKRYQDDFAEAIRRGYDGR----SPEEVWNFPAALMFCLAVFTMIGYGNMVPRTAWGKGATVIYATFGIPLYILYFMNMGKVLASTFKWLYTWF
100       110       120            130       140       150       160       170       180       190

          200       210       220       230       240       250       260       270       280       290
CLCRVCPGVARRRAMRARRRARTEERDYSSEIGDNGFDTNTITTSNVDEEIEEEITAETNTVTVPITICIMIMIGYIFFGARLFADWENWDILDGSYFCF
 :                .  :.   : : : .:.            :    .: ..  : . .. ::  :: :.. . ::  :. .::.::.:  :::.:::
HECS--------------HRSDEDGGLALEEGPGGL-------------------APRKRIIVPTTACLWVITIYIATGTIMFAEWEKWTYLDSAYFCV
              200       210                          220       230       240       250       260

          300       310       320       330       340       350       360       370
ISLSSIGFGDIVPGASL---QTKGDTKMEISFILCAVYLLLGMALIAMCFNLMQEQVIYKIRSLKKCVRGCFRCAKAVPVPMEEPES
 ::. .::.:.::::.:.    :.::::..::::.:::::.::: .:. :.. : :. :.::::.: . .  .   :. .:  :
TSLCKIGIGDLVPGANILDSQSGKPTKLVINF----VYMLLGMGLVAMCYILMREEVRIKMQEIKEDTRLCLEDLSSKFAKCCGTKDSQYYD
          270       280       290       300       310       320       330       340
```

The statistical note

1. Compute the p value for excess number. Based on the Figure 2a, the following code was executed in R environment.

```
excess <- matrix(c(2.44, 11.49, 2.07, 19,9,0), nrow = 2, byrow = T)
dimnames(excess) = list(c("ex", "ob"),c("xa", "aa","ax"))
chisq.test(excess, simulate.p.value = T, B = 1000000)
```

Note: The permutation test was designed firstly by Fisher, which is based on computationally intensive method to allow for any unclear distribution due to small sample size. The result is based on the approximation method of Monte Carlo simulation with simulate.p.value = T.

2. Compute p values for Table S3 (Baker and Papa's expression data) based on mean and standard error data from Vectorbase.

code: 1) design a function to compute summary test by using mean and standard errors:

```
t.test2 <- function(m1,m2,s1,s2,n1,n2,m0=0,equal.variance=FALSE)
{
    if( equal.variance==FALSE )
    {
        stderr <- sqrt( (s1^2/n1) + (s2^2/n2) )
        df <- ( (s1^2/n1 + s2^2/n2)^2 )/( (s1^2/n1)^2/(n1-1) + (s2^2/n2)^2/(n2-1) )
    } else
    {
        stderr <- sqrt( (1/n1 + 1/n2) * ((n1-1)*s1^2 + (n2-1)*s2^2)/(n1+n2-2) )
        df <- n1+n2-2
    }
    t <- (m1-m2-m0)/stderr
    res <- c(m1-m2, stderr, t, 2*pt(-abs(t),df))
    names(res) <- c("Difference of means", "Std Error", "t", "p-value")
    return(res)
}
```

2) input data and transfer standard error into standard deviations
For example,
x1=c(6.51,32.85,23.71,12.46,150.52,3.59,97.42,126.89,85.67,396.09,26.53,368.44,47.44,0.51,2.04,282.38,191.48,150.52,25.55,58.13,172.33,22.13,27.87,26.09,29.81,7.47,67.23,3.61,97.14,19.74,10.38,7.51,38.88,4.81,0,3.59,70.57,3.65,3.7,26.53);
s1=c(0.74,9.34,7.85,2.68,15.84,1.3,9.11,7.55,9.69,44.25,4.01,46.89,2.21,0.13,0.43,27,50.82,15.84,3.4,3.8,13.59,1.57,0.73,3.27,23.63,6.74,38.1,0.21,21.37,2.88,0.98,2.37,7.32,3.76,0,0.32,1.55,0.6,1.11,2.6)*sqrt(3);
x2=c(21.89,260.45,21.42,62.51,131.94,20.1,109.01,197.35,1159.71,539.81,90.79,1162.53,154.1,0.3,24.14,1504.47,156.24,131.94,394.14,143.34,302.74,180.07,66.38,77.94,21.81,24.13,

114.1,0.09,415.25,3.75,35.58,14.88,7.34,0.56,0,43.45,171.75,0.27,10.02,297.53);
s2=c(1.14,12.87,4.01,2.73,15.54,0.56,4.43,9.24,71.14,32.57,4.83,29.13,7.57,0.07,1.76,36.12,
5.93,15.54,14.33,3.97,15.13,24.42,3.46,6.1,14.49,17.3,87.35,0.09,10.74,0.44,2.96,2.49,6.16,
0.34,0,3.98,5.48,0.21,6.63,13.73)*sqrt(3);

3) compute the summary test for data
```
for(i in 1:length(x1)) {print(t.test2(x1[i], x2[i], s1[i], s2[i], 3, 3))}
```

3. Expression pattern across spermatogenesis stages
In R. I used the following code and changed very little for A>A type retrogene
```
a=read.table("sperm_rawexpr.txt",header=T)
df <- a %>%
    group_by(id, br,Branch,Pair,dr,gene, Stage) %>%
    summarise(mean = mean(log(Ex+1)),
                std = sd(log(Ex +1))/sqrt(3))
a1=as.data.frame(df)
b=subset(a1, dr =="X>A")
ggplot(b, aes(x= Stage, y= mean, group=id, color= gene)) +
    geom_line() +
    geom_point()+
    geom_errorbar(aes(ymin=mean-std, ymax=mean+std), width=1,
                position=position_dodge(0.05)) +facet_wrap(~Pair)
```

4. The test of gene enrichment based on KEGG and clusterProfiler. br17retrogene.txt is simply
the gene-list including 19 retrogenes from BR1-7.
```
library(clusterProfiler)
a=read.table("br17retrogene.txt")
kk1 <- enrichKEGG(gene         = a$V1,
                organism     = 'aga',
                pvalueCutoff = 0.05)
head(kk1)
```