

Figure 6. Sequence containing a serine-rich repeat in a vitellogenin-like contig

```

1 agggcctcgtgccgaaaattcggcacgaaaggcacgctaccanccttttgacaacaaaacc 60
1 R A S C R K F G T K G T L P T F D N K T 20
61 tacccttccacatgcaacaaaacaactggtagctcctcatgacctacgtcaacaggaac 120
21 Y P L H M Q Q N N W Y V L M T Y V N R N 40
121 aactactacaacaaccaataacaacagctactttcaaggaaacaataagaaccaatacagc 180
41 N Y Y N N Q Y N S Y F Q G N N K N Q Y S 60
181 tacagagactacaaccaaagagattctacactaccgtctatgctagacaaaatagcaac 240
61 Y R D Y N Q K R F Y T T V Y A R Q N S N 80
241 ggccaaaagggaattgaaaattgtcctgaacaacggagaatacgaatcttcatgcaacca 300
81 G Q K E L K I V L N N G E Y E I F M Q P 100
301 gcctcctctcaagccggtctccacagctctaactccggaaagaacaacgctgccatcaag 360
101 A S S Q A G L H S S N S G K N N A A I K 120
361 gtcttcatcaacaacaagaacaacaattcaacgacaagcaattcactgacttccacgga 420
121 V F I N K Q E Q Q F N D K Q F T D F H G 140
421 cacaatggaaagatctacgctcaattctacgctcttctctgatggtgctatccgcttcttc 480
141 H N G K I Y A Q F Y A L P D G A I R F F 160
481 gtcctccaatctggacttcaagccatctatgatggagctcgcatcaagattcaagctgcc 540
161 A P Q S G L Q A I Y D G A R I K I Q A A 180
541 aaccaatacacagaggtgctgtccggtgtatgtgcggaacctactccaaccaatacgtgac 600
181 N Q Y R G A V R G M C G T Y S N Q Y A D 200
601 gacttcaccgcccctcaaaactgtgtctacaagaaccagaagacttcgctgccgtctac 660
201 D F T A P Q N C V Y K N P E D F A A V Y 220
661 gctgtcattgactcttcttccccctctcaagtgaatcccagaaggaacgcgctcagcaa 720
221 A V I D S S S P S Q V K S Q K E R A Q Q 240
721 aacttctgtgcccaagaacaaccaattcggaaactacgtagccgcagcgacgcggga 780
241 N F C A H K N N Q F G N Y V S R S D A G 260
781 tacggatacaaatacaacaacaacgcacaatactacgaatccgcctacaagaacacaaaa 840
261 Y G Y K Y N N N D K Y Y E S A Y K N T K 280
841 tactacgaccttccaactcccagtagacaacaagtactacaagaacaacaagtacgccaag 900
281 Y Y D P S N S Q Y N K Y Y K N N K Y A K 300
901 gaccaggactcctcctactccagcagcagctcttcatctagcgactctagcagcagctca 960
301 D Q D S S Y S S S S S S S S S S S S S S S S S S S S S S S S S S 320
961 tccagtgactccagcagcagctcctcttcttccctcctccagctcatccagctctagcagc 1020
321 S S D S S S S S S S S S S S S S S S S S S S S S S S S S S S S S S 340
1021 gactccagctcttcccagtcacaacgacaacaacggcaacaacaacaacggcaacaacaac 1080
341 D S S S S S Q S N D N N R N N N N R N N N N 360
1081 aaccgacaacaacaacaacaacacggcaacaacaacaacacggcaacaacagcaacaa 1140
361 N R Q Q Q Q Q Q Q P Q Q Q Q Q Q P Q Q Q Q Q Q Q Q Q Q Q Q Q Q 380
1141 caacaacaacggcaacaacaacggcaacaacaacggcaacaacagcaacaacaacag 1200
381 Q Q Q P Q Q Q P Q Q Q P Q Q Q Q Q Q Q Q Q Q Q Q Q Q Q Q Q Q Q 400
1201 cagcagccaagaagccagttacgaacagagaaacaaaacggacctctatccgcaaact 1260
401 Q Q P R S Q L R T E K P K R T L Y P Q T 420
1261 gtaccgtgccatcaaccaaggagacgatgtgttcaccatcaacgctatcccaacttg 1320
421 V P C H Q P R R R H V L H H Q R Y P N L 440
1321 cagataccagccaagcccgttgaagcgccaagaaaatgggttgacttctactgtgtcc 1380
441 Q I P S Q A R W K R Q E N G * L L L C S 5
1381 caaatccagctctgaagctcaacacttcagcaaattgattgccaaaggtgtgtgtcccag 1440
6 Q I Q L * S S T L Q Q I D C Q G C C S Q 15
1441 ccaattgtctctcaagaaccaaaccaaaagttcgaagtgaacattccgaatactgtgt 1500
16 P I V S Q E T K P K V R S E H S R I L C 35

```