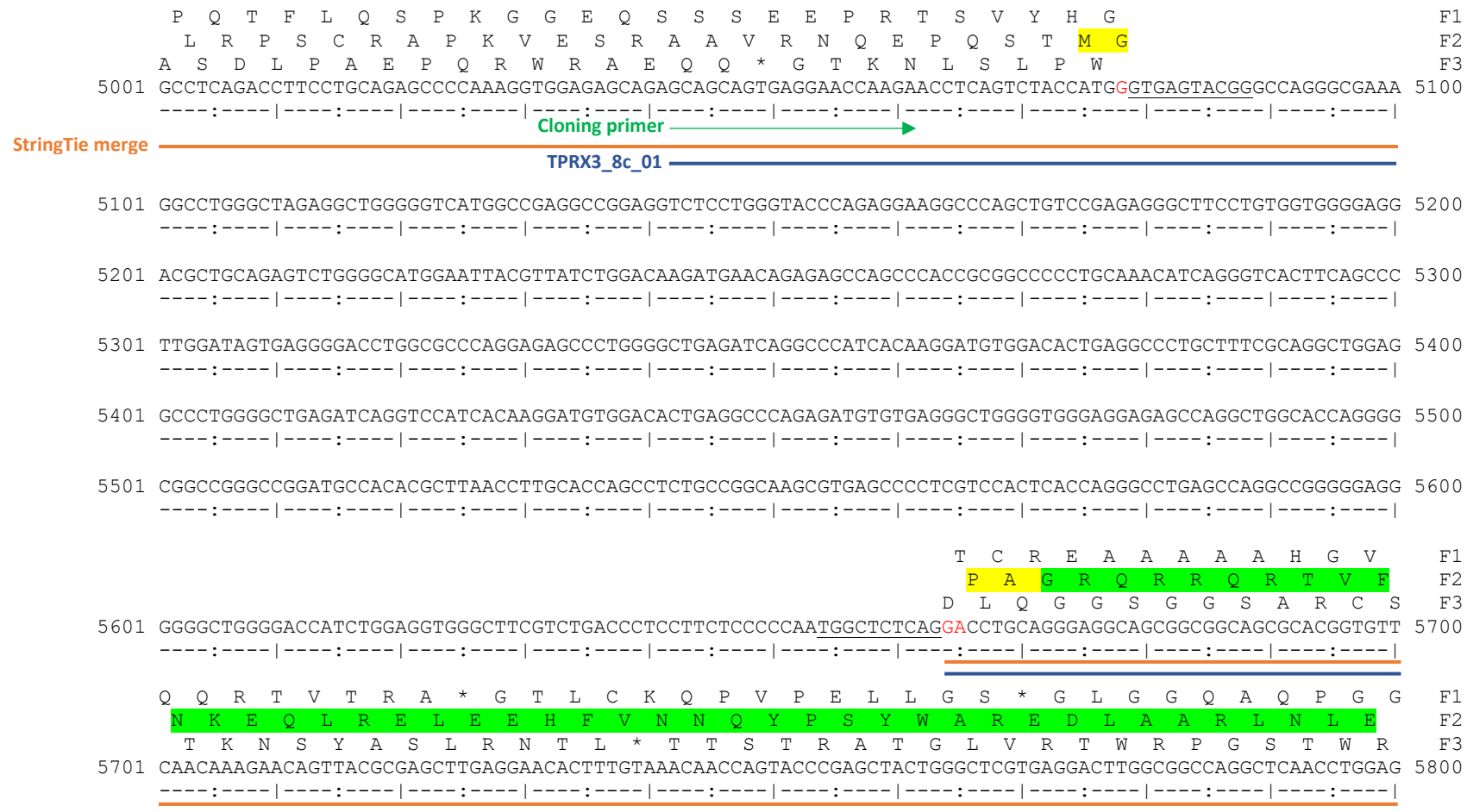


Supplementary Figure S8. The prediction of *TPRX3* derived from *Bos taurus* isolate L1 Dominette 01449 registration number 42190680 breed Hereford chromosome 18, ARS-UCD1.2, whole genome shotgun sequence. Three possible ORFs for exons, but not introns, are depicted. Putative protein sequence and homeodomain are highlighted in yellow and green, respectively. Sequences from StringTie merge prediction and confirmed cDNA are drawn as lines below the corresponding sequences. Cloning primers are drawn as line arrows. Splice sites are underlined and codons split by two exons are coloured red. The homeodomain is highlighted in green.



V Q S A F1
 E Y K V Q F2
 S T K C F3
 5801 GAGTACAAAGTGCAGGTGAGATCCCACCCCCACCCACCGTGCCACAGCTATACCAGGGCCAGCTCCCACCTTGGCACTTACCACGTGCCGCATCCGGGG 5900
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
 5901 GCCAGCTTTCCGCCCCCTCAAGGTCCAAGGGGCCCCGAGCCGGGCCCTGGGTCACTCAGGAAGCAAGGGCTCTCCTGGGGTCCGGATCTCAGGGCCTCTGG 6000
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
 6001 GAACCCAGGGAGCCCCCTCTGGCAGACAGTCTTCTGGCGCTCGAGCTCCTGAGTGACCAAGGCTGGCCACTCCTGCCCTCTTCAGGTCTCCTCTGCGGCC 6100
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
 6101 TCTTGAAACTCCAGGAGCCTCTAATTGGGCCTGGGGGGACCGAGGCTGGCTTCTGTCTCCAACGGCGGGCAGCCTCACACCCACCCCCGGAGGCCGCAA 6200
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
 V V Q E P P G Q K R S A E A I F1
 V W F K N R R A K N A R L K R L F2
 C G S R T A G P K T L G * S D * F3
 6201 TGCGCACGGCCCCCTCCTTTGACGCCTCCTCCCCGGCCCCCTCTGTCTTCCCCAGGTGTGGTTCAAGAACCGCCGGGCCAAAAACGCTCGGCTGAAGCGATT 6300
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
 D P G A W P G F P Q R F H R R R S S R R P R S Q D C L Y P C R R G C F1
 T Q G P G Q G S R S A S T D G G V P D D P A P R T A S I P A A A A F2
 P R G L A R V P A A L P P T A E F P T T P L P G L P L S L P P R L F3
 6301 GACCCAGGGGCTGGCCAGGGTTCCCGCAGCGCTTCCACCGACGGCGGAGTTCCCGACGACCCCGCTCCCAGGACTGCCTCTATCCCTGCCGCCGCGGCT 6400
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
 S L C A P R R P G V P Q P L S A Q P R Q H A Q R T S T R R R P * P F1
 A V S A P P E G P G F R S P S P S P A S M L S A P A P G G V P S Q F2
 Q S L R P Q K A R G S A A P L R P A P P A C S A H Q H P A A S L A F3
 6401 GCAGTCTCTGCGCCCCAGAAGGCCCGGGTTCGCGAGCCCTCTCCGCCCAGCCCCGCGAGCATGCTCAGCGCACCAGCACCCGCGGCGTCCCTAGCC 6500
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
 R P G Q L R P G A G R P G R L P Y G S S S L D P R S N F S P D S R F1
 G Q A S C A L A Q G A Q D G F P M A A P A S T P G L T S A P T P D F2
 K A R P A A P W R R A P R T A S L W Q L Q P R P Q V * L Q P R L Q T F3
 6501 AAGGCCAGGCCAGCTGCGCCCTGGCGCAGGGCGCCAGGACGGCTTCCTATGGCAGCTCCAGCCTCGACCCAGGTCTAACTTCAGCCCCGACTCCAGA 6600
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
 L G S G P L R R F G L L A R L C C H L * F H R P L P A P R T I P R T F1
 W V Q D P C A A S D S L P D S V V I F D F T D L F P L Q E P S H E F2
 G F R T P A P L R T P C Q T L L S S L I S Q T S S R S K N H P T N F3
 6601 CTGGGTTCAGGACCCCTGCGCCGCTTCGGACTCCTTGCCAGACTCTGTTGTCATCTTTGATTTTCACAGACCTCTTCCCGCTCCAAGAACCATCCCACGAA 6700
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|

	S L R L V L G V P K G R C L C G * E R L R P P A V S E S I E S S V	F1
	P P S V L F S E Y Q K G D V S A D E N D S G P Q Q F L S L * S H L S	F2
	L P P S C S R S T K R E M S L R M R T T P A P S S F * V Y R V I C	F3
6701	CCTCCCTCCGTCTTGTCTCGGAGTACCAAAAGGGAGATGTCTCTGCGGATGAGAACGACTCCGGCCCCCAGCAGTTTCTGAGTCTATAGAGTCATCTGT	6800
	-----:----- -----:----- -----:----- -----:----- -----:----- -----:----- -----:----- -----:-----	
	P A K S C K P W P A L G C R N P G G L A N H Q V M A S H C R E R R	F1
	Q Q S P A N L G L H W G A E T L A A W P I T K * W L V T V G R D A	F2
	P S K V L Q T L A C T G V Q K P W R L G Q S P S N G * S L S G E T H	F3
6801	CCCAGCAAAGTCCTGCAAACCTTGGCCTGCACTGGGGTGCAGAAACCCTGGCGGCTTGGCCAATCACCAAGTAATGGCTAGTCACTGTGCGGGAGAGACGC	6900
	-----:----- -----:----- -----:----- -----:----- -----:----- -----:----- -----:----- -----:-----	
	T * V Y P A C G G G H L C S P R S G P R G S R C S E C S R H F I * G	F1
	P K C I Q P A E G V I C V R R E A A L G G R A A L S V P A T L F R	F2
	L S V S S L R R G S F V F A E K R P S G V A L L * V F P P L Y L G	F3
6901	ACCTAAGTGTATCCAGCCTGCGGAGGGGGTCATTGTGTTCGCCGAGAAGCGGCCTCGGGGGTTCGCGCTGCTCTGAGTGTTCGCCACTTTATTTAGG	7000
	-----:----- -----:----- -----:----- -----:----- -----:----- -----:----- -----:----- -----:-----	
	T L G Q F S W F L S Q P W N C C S R C V L G F G G C H P Q E L P R	F1
	A H S G S S A G S * A S H G I A A P G V C L A L V G A T R R N F P G	F2
	H T R A V Q L V P K P A M E L L L P V C A W L W W V P P A G T S Q	F3
7001	GCACACTCGGGCAGTTCAGCTGGTTCCTAAGCCAGCCATGGAATTGCTGCTCCCGGTGTGTGCTTGGCTTTGGTGGGTGCCACCCGAGGAACTTCCAG	7100
	-----:----- -----:----- -----:----- -----:----- -----:----- -----:----- -----:----- -----:-----	
	G H L T G L D R P E L L L I P R D I * D V S L C D V C P S A V W R	F1
	D T * P A S I A Q S S C * S P G T F R M * A F V M F A H L L S G D	F2
	G T L D R P R S P R A P A D P Q G H L G C E P L * C L P I C C L A T	F3
7101	GGGACACTTGACCGGCTCGATCGCCAGAGCTCCTGCTGATCCCCAGGGACATTTAGGATGTGAGCCTTTGTGATGTTTGCCCATCTGCTGTCTGGCGA	7200
	-----:----- -----:----- -----:----- -----:----- -----:----- -----:----- -----:----- -----:-----	
	L L C D F S Y * F L D E R E T E P Y S C L L G I R N T C R V P F F I	F1
	F S V I F H T D S L M R E K L S P T H V Y * A L G I L A E C P F L	F2
	S L * F F I L I P * * E R N * A L L M F I R H * E Y L Q S A L F Y	F3
7201	CTTCTCTGTGATTTTTCATACTGATTCCTTGATGAGAGAGAAACTGAGCCCTACTCATGTTTATTAGGCATTAGGAATACTTGCAGAGTGCCCTTTTTTA	7300
	-----:----- -----:----- -----:----- -----:----- -----:----- -----:----- -----:----- -----:-----	
	F * I F W L I F L N L F E F I I L S L L G I K L * L P L K C C K H	F1
	F F E F F G * F F L I C L N L S F Y P F W G * N F N Y H * S V A N I	F2
	F L N F L V N F S * F V * I Y H F I P F G D K T L I T I K V L Q T	F3
7301	TTTTTGAATTTTTGGTTAATTTTCTTAATTTGTTGAATTTATCATTTTATCCCTTTTGGGGATAAAACTTAATTACCATTAAGTGTGCAAACA	7400
	-----:----- -----:----- -----:----- -----:----- -----:----- -----:----- -----:----- -----:-----	
	F F S H S C S L E V E F P D F P V Y F S A S P Y L L W S T S V F L	F1
	S F P T H V L W K * N F L I F L S I S V P L L I C C G Q P V F S F	F2

F L F P L M F F G S R I S * F S C L F Q C L S L S V V V N Q C F P F F3
7401 TTTCTTTTCCCACTCATGTTCTTTGGAAGTAGAATTTCTGATTTTCTGTCTATTTTCAGTGCCTCTCCTTATCTGTTGTGGTCAACCAGTGTTCCTT 7500
----:----|----:----|----:----|----:----|----:----|----:----|----:----|----:----|----:----|

Cloning primer ←

F F F G L H Q W H T D M L * N K M N L L I K T * N N F1
F F L V S I S G T L I C C K T K * I Y * * R L K I T F2
F F W S P S V A H * Y A V K Q N E F I N K D L K * P F3
7501 TTTTTTTTGGTCTCCATCAGTGGCACACTGATATGCTGTAAACAAAATGAATTTATTAATAAAGACTTAAATAACC 7600
----:----|----:----|----:----|----:----|----:----|----:----|----:----|----:----|