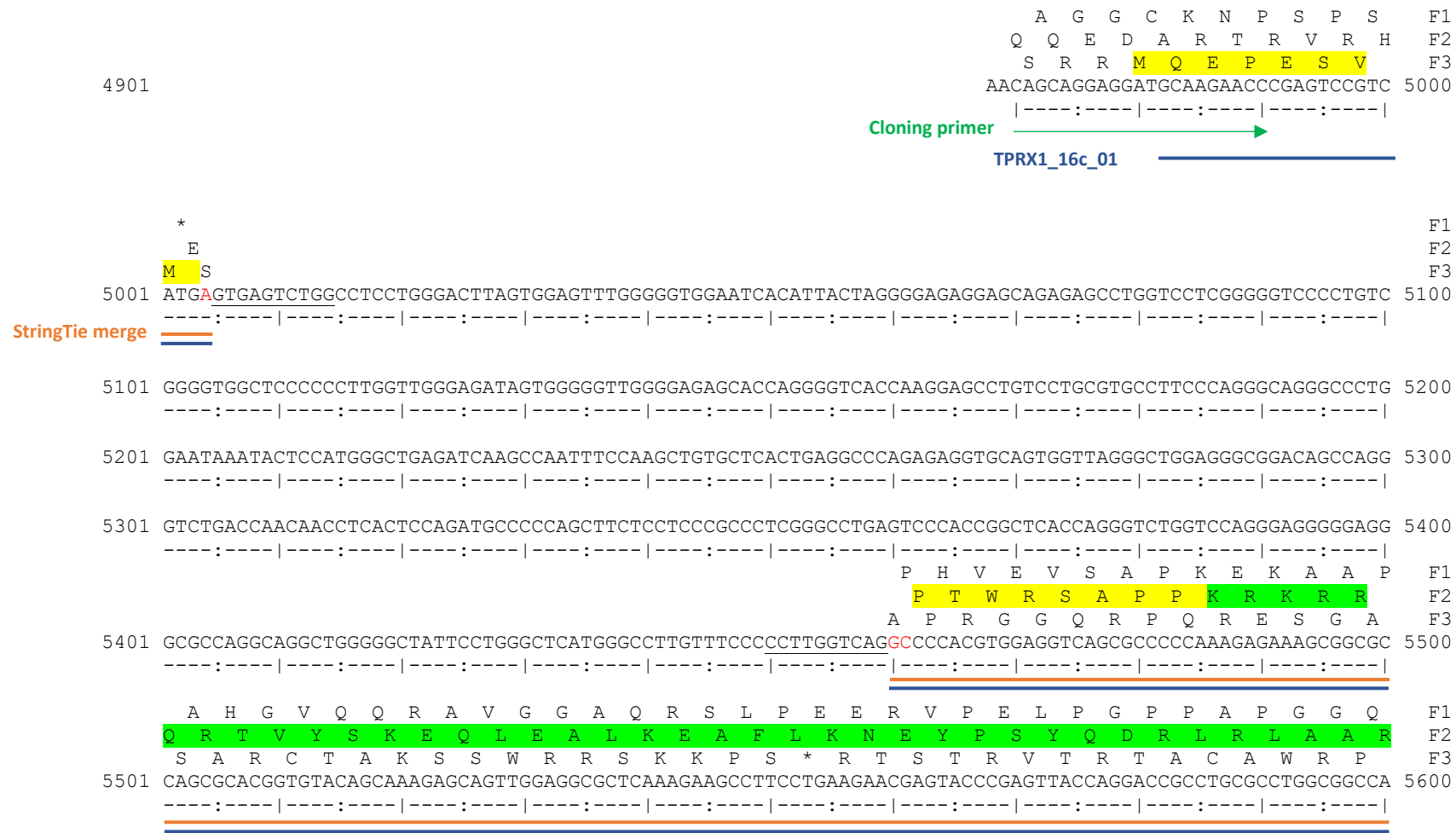


Supplementary Figure S6. The prediction of *TPRX1* derived from *Bos taurus* isolate L1 Dominette 01449 registration number 42190680 breed Hereford chromosome 18, ARS-UCD1.2, whole genome shotgun sequence. Three possible ORFs for exons, but not introns, are depicted. Putative protein sequence is highlighted in yellow. 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.



A P P G R T Q S A F1
 L H L D E H R V Q F2
 G S T W T N T E C F3
 5601 GGCTCCACCTGGACGAACACAGAGTGCAGGTCTGAGCCCGCCGCCCCGGGGCCACCCCTCCGCCTCCCAGAGCCACCTCTGGGGACCGCGAGGCCAGAG 5700
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
 5701 GGGCCAGGGTGTCCCCGGGTGCCGCAGCAAGCAAGGGGTCTCCCCGCTGTGGACCCAGGGCTGGACCCCTTCCGCCTCAACCCTGTGCTGTATCACCCCG 5800
 ----:----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
 5801 CCAACCGCATGCGGCCTGCCTGACACCCCCATCGCCCCGGGGTGTCCCGGTGCCAGCCCTCAGGGCCTCTGACTCCGCGGACCCTCTCGGGCAGACCC 5900
 ----:----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
 5901 CTTCCTGCCCCGTGGGCGCCCAAGCCCCGACCCCTGCCCTCTGCACCCCTTCCCGCTGCCTCCTGAACCCAGGAGCCTCTAATTGGGTCTGGGGGGCGG 6000
 ----:----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
 6001 AGGGAGAGGGGAGGCGGGATTCTCAGCTGGACAGCCTCACCCCCGGAGCAGAGGCGATAGCGCGGGGGCCCCTCGCCTCTCACACCCGCTTCTCCCGGTCC 6100
 ----:----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
 V V Q E P P G P A L P S G A T T G P G R I P D G R R C A F1
 V W F K N R R A Q R S R L E R R Q A Q G G Y Q M A G D A P F2
 C G S R T A G P S A P V W S D D R P R E D T R W P A M R F3
 6101 CCTCTGCCACCCAGGTGTGGTTCAAGAACCGCCGGGCCAGCGCTCCCGTCTGGAGCGACGACAGGCCCAGGGAGGATAACCAGATGGCCGGCGATGCGC 6200
 ----:----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
 H G P R S P R D S R P R P G I C C R S C E P Q F P R Q P G I L Q P F1
 T D P G A P G T P A P A P E S A A A A A N P N F P D S P G F Y S R F2
 P R T P E P P G L P P P P R N L L P Q L R T P I S Q T A R D S T A A F3
 6201 CCACGGACCCCGGAGCCCCGGGACTCCCGCCCCGCCCCGGAATCTGCTGCCGCAGCTGCGAACCCCAATTTCCAGACAGCCCGGGATTCTACAGCCG 6300
 ----:----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
 P S S P Q P R G G A P S A R A W H L Q P P P G H V G P G T G R P R V F1
 P P P P S P A G V L P A P E P G I S S H H P A T W G P A Q G V H V F2
 L L P P A P R G C S Q R P S L A S P A T T R P R G A R H R A S T C F3
 6301 CCCTCCTCCCCCAGCCCCGCGGGGGTGTCTCCAGCGCCCGAGCCTGGCATCTCCAGCCACCACCCGCCACGTGGGGCCCCGGCACAGGGCGTCCACGTG 6400
 ----:----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
 W S D C F N A G P G P G P G P G L A S G P R R P E L L P R S S S G F1
 Y G P T A S T P A P A P A P A P G W P Q D P D A P N Y C P D P L P V F2
 M V R L L Q R R P R P R P R P R A G L R T P T P R T T A Q I L F R F3
 6401 TATGGTCCGACTGCTTCAACGCCGGCCCCGGCCCCGGCCCCGGGGCTGGCCTCAGGACCCCGACGCCCGAACTACTGCCAGATCCTCTTCCGG 6500
 ----:----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|

```

      S A S * L C P D V L I P G A L F Q T L L S L E I C V P C G Q G * F      F1
      L L P D C A R M F S F Q E L F S K P S S P L K S V S P V D K D D L      F2
F C F L T V P G C S H S R S S F P N P P L P * N L C P L W T R M I *      F3
6501 TTCTGCTTCTGACTGTGCCCGGATGTTCTCATTCCAGGAGCTCTTTTCCAAACCTCCTCTCCCTTGAAATCTGTGTCCCCTGTGGACAAGGATGATT 6600
      -----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
      R L P A V H K F T G S W S S V P A K S C R P R G A R E D Q S A V S L      F1
      G S Q R F T N L Q G R G H P S P Q S P A D P E G P E R T R A L * A      F2
      A P S G S Q I Y R V V V I R P R K V L Q T P R G Q R G P E R C E P      F3
6601 AGGCTCCCAGCGGTTACAAATTTACAGGGTCGTGGTCATCCGTCCCCGCAAAGTCCTGCAGACCCCGAGGGGCCAGAGAGGACCAGAGCGCTGTGAGCC 6700
      -----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
      H V A P P R P G R C D G L V F T A P Y C V H L P * S S L G R G R F      F1
      C T W R P R V R E G V M A W S S Q L L T V C T S P D P A W G G G V S      F2
      A R G A P A S G K V * W L G L H S S L L C A P P L I Q P G E G A F      F3
6701 TGCACGTGGCGCCCCCGCTCCGGAAGGTGTGATGGCTTGGTCTTCACAGCTCCTTACTGTGTGCACCTCCCCTGATCCAGCCTGGGGAGGGGGCGTTT 6800
      -----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
      C V T V R P P R V A K P * R S L P G N L G C T W E L L S V E S L L      F1
      V S L * G H R G S Q N P E D P C P V I W G A H G N C C Q W N R Y W      F2
      L C H C E A T A G R K T L K I P A R * F G V H M G T A V S G I A T G      F3
6801 CTGTGCTACTGTGAGGCCACCGGGTCGCAAAACCTGAAGATCCCTGCCCGGTAATTTGGGGTGACATGGGAAGTCTGTGCTAGTGAATCGCTACTG 6900
      -----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
      A V R V C S G S V D A A G E L S V Q A K P S F A Q P P E C * G F E I      F1
      Q F V C V P A P W M L Q E N F L C K R N H P S P S P L N V E D L R      F2
      S S C V F R L R G C C R R T F C A S E T I L R P A P * M L R I * D      F3
6901 GCAGTTCGTGTGTGTTCCGGCTCCGTGGATGCTGCAGGAGAAGTCTTCTGTGCAAGCGAAACCATCCTTCGCCCAGCCCCCTGAATGTTGAGGATTTGAGA 7000
      -----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
      C L S L L V V K V L Q T F F P C V F S I S R I F L I L M L C I S V      F1
      Y V Y L F W W L K C C K H F S H V Y F L * V E F S * F * C C V F Q C      F2
      M S I S F G G * S V A N I F P M C I F Y K * N F L D F N V V Y F S      F3
7001 TATGTCTATCTCTTTTGGTGGTTAAAGTGTGTGCAAAACATTTTTCCCATGTGTATTTTCTATAAGTAGAATTTTCTTGATTTTAAATGTTGTGTATTTTCAGT 7100
      -----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
      P L V I F C D E F V F F F R L H Q W H T D D T L K K N R I K K F *      F1
      L L L S F V M N S C F S F V Y I S G T L M I R * K K I E * K N F K      F2
      A S C Y L L * * I R V F L S F T S V A H * * Y A E K K * N K K I L N      F3
7101 GCCTCTGTATCTTTTGTGATGAATTCGTGTTTTCTTTTCGTTTACATCAGTGGCACACTGATGATACGCTGAAAAAAATAGAATAAAAAAATTTTAA 7200
      -----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|

```

Cloning primer ←

I N L K * F F I R * A P I F K L T * S L * K L T V Q G F S G G P V V F1
* I * N D F L * D R P P F S S * H K V Y K S * L F R V S L V V Q W F2
K F K M I F Y K I G P H F Q V D I K F I K A D C S G F L W W S S G F3
7201 ATAAATTTAAATGATTTTTTATAAGATAGGCCCCCATTTTCAAGTTGACATAAAGTTTATAAAAGCTGACTGTTTCAGGGTTTCTCTGGTGGTCCAGTGG 7300
-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|

K N P P C N A R D T S S I P G P G R C H T P Q L R R P A H P R V W F1
L R I H L A M P G T P V Q Y L V Q E D A T R H S Y E D L H I L E F G F2
* E S T L Q C Q G H Q F N T W S R K M P H A T A T K T C T S * S L F3
7301 TTAAGAATCCACCTTGCAATGCCAGGGACACCAGTTCAATACCTGGTCCAGGAAGATGCCACACGCCACAGCTACGAAGACCTGCACATCCTAGAGTTTG 7400
-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|

P L * Q E K P P * * T R E S L C S S E D P A Q P K I I F L K N S T F1
L C N R R S H L N K L E K V C A A V K T Q H S P K * F F * K T R H F2
A F V T G E A T L I N * R K F V Q Q * R P S T A Q N N F F K K L D I F3
7401 GCCTTTGTAACAGGAGAAGCCACCTTAATAAACTAGAGAAAGTTTGTGCAGCAGTGAAGACCCAGCACAGCCAAAATAATTTTTTTAAAAAACTCGACA 7500
-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|

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

W Q S I P V F L S W R I P G T E E S D R L Q S M G L Q T V G H * A F1
H G N P F Q Y S C L G E S Q G Q R S L T G Y S P W G C K Q W D T E R F2
M A I H S S I L V L E N P R D R G V * Q A T V H G V A N S G T L S F3
7601 CATGGCAATCCATTCCAGTATTCTTGTCTTGGAGAATCCCAGGGACAGAGGAGTCTGACAGGCTACAGTCCATGGGGTTGCAACAGTGGGACACTGAGC 7700
-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|

T N T G V S G A G V W R E E L L F S S P A L L L F K K Y L F G C I F1
L T R G F L G Q G C G G R S C S F L L L H Y C F L K S I Y L A A S F2
D * H G G F W G R G V E G G V A L F F S C I T A F * K V F I W L H L F3
7701 GACTAACACGGGGGTTTCTGGGGCAGGGGTGTGGAGGGAGGAGTTGCTCTTTTCTTCTCCTGCATTACTGCTTTTAAAAAGTATTTATTTGGCTGCATC 7800
-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|

* S Q L G H V G S L L F A C S H C S M R A Q Y L W H A D L I A L Q H F1
D H S W G M W D R C C L L A A I V A * G L S I C G T Q T * L L C S F2
I T V G A C G I V A V C L Q P L * H E G S V F V A R R L N C F A A F3
7801 TGATCACAGTTGGGGCATGTGGGATCGTTGCTGTTGCTTGAGCCATTGTAGCATGAGGGCTCAGTATTTGTGGCACGCAGACTTAATTGCTTTGCAGC 7900
-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|

V G F * F P S Q E W N P S P L H V K E D S * P L D H Q G S P Y C S F1
M W G F N F P A K N G T Q V P C M S R R I L S H W T T R E V P T A L F2

C G V L I S Q P R M E P K S P A C Q G G F L A T G P P G K S L L L F1
 7901 ATGTGGGGTTTTAATTTCCAGCCAAGAATGGAACCCAAGTCCCCTGCATGTCAAGGAGGATTCTTAGCCACTGGACCACCAGGGAAGTCCCTACTGCTC 8000
 ---:---|---:---|---:---|---:---|---:---|---:---|---:---|---:---|---:---|

 S L S S C L R Y L S L S H K D N V F F P K I I T V L T P R S * N N F1
 L F P L V * D I F H Y H I K I M S S S L K S * Q F * L L G L K T T F2
 F S F L L F K I S F I I T * R * C L L P * N H N S F N S * V L K Q L F3
 8001 TTCTCTTCTCTTGTTTAAGATATCTTTCATTATCACATAAAGATAATGTCTTCTTCCCTAAAATCATAACAGTTTTAACTCCTAGGTCTTAAACAAC 8100
 ---:---|---:---|---:---|---:---|---:---|---:---|---:---|---:---|---:---|

 * N * L W M Y G V R * G F L F V F F S L M D F H P R G L S G K E A V F1
 R T D C G C M V * G K G F F L C F F P S W I S I P G A S V V K K L F2
 E L I V D V W C E V R V S F C V F F P H G F P S Q G P Q W * R S C F3
 8101 TAGAACTGATTGTGGATGTATGGTGTGAGGTAAGGGTTTCTTTTTGTGTTTTTTCCCTCATGGATTTCCATCCCAGGGGCTCAGTGGTAAAGAAGCTG 8200
 ---:---|---:---|---:---|---:---|---:---|---:---|---:---|---:---|---:---|

 C Q C R R R R F N P W G R K I P R R R K W Q A T P V F L P G K S H F1
 S A N A G D A G S I P G A E R S P G E G S G K P L Q Y S C L G N P M F2
 L P M Q E T Q V Q S L G Q K D P Q E K E V A S H S S I L A W E I P F3
 8201 TCTGCCAATGCAGGAGACGCAGGTTCAATCCCTGGGGCAGAAAGATCCCCAGGAGAAGTAGTGGCAAGCCACTCCAGTATTCTTGCCTGGGAAATCCCA 8300
 ---:---|---:---|---:---|---:---|---:---|---:---|---:---|---:---|---:---|