

>*Chilo suppressalis* strain Taihu contig113693 (ANCD01113693.1: 1081-2280)
ctttggtacatGAGGAGCTCGATGGCGCAAGTGGTTAGCGCGTTCGGCTGCGATCGTTGAAGT
TAATCAACTTTCGCAGTGGTTCGGCTATTGGATGGGTGACCAAAAACACTACTATCTCGAGC
TCCTCCGTGCTCCGGAAGGCACGTTAAGCCGTTGTTCCCGGTCTGCATCTGCAGTCGTT
AGCACCCACCTATCCGCACTGGGCCTGCAGGGTGGGTACGGCCCATCTCCCTATTCC
ATCCATAGGGAAGGCCTGTGCTCCAGCAGTGGGGACATTAATAGGATGATGATGacataatg
gcactaaaataatcgttctaataattaattagttgaatcataacgaattatcgagctgcggtatgatagacgctagacgatactttgactgggtattt
tggcacgcataaaagagcttgtgggaaacgttaaaatcgtatgtgcagctaaaggataactaattcaaattcaacgctaatttaagcgtgtta
agtaccaagcttcagaagcattactgaaagagactatcactggccacgttctgtgttcgttcgccaccgtctagcccacacctctgcaccg
gaaactccgtgtgttaacatggacactattcacaacctcttctacgtgataagataacacacagcacataagaagactttttgtctgagttatg
ccttatgcatccttcaaacaccggaggagcgagaagatatgaggcgctcctcactgcttatttcagcaagccctagggtgtctgaaatgaaca
gggccactgaaaaccagacaataactcctttagtaggatcgttccttctgttttaataatgaatctttccacaactcgacaatttggatgcctgtatt
gcaagctattttagcccgaattttgttttctactacaagaagtctgaacctatccatatatacctaaTCTTTATATATATAATTCTT
CTGTGAGTGTGTATGTCACTGAACCTTCTCTTAAACGACTGGACCGATTTTGATGAAATT
TTTTGTGTGTGTTCAAGGGGATCTGAGAATGGTTTAGATTCACAATTTTGTCCGCTGGA
CAATGTTTTTTTAATTAATTTTAATTTATTAGTAGTTGTTGATTTTGGAATGTTTACATT
GGATCCGACAGACGGCGCTACCATCGCAGTGTCAAATTTTCAAATTAAGACGTGTAG
ACAGGACAACGTCTGTTCGGGTCCGCTAGtttatatacgtagaatagagttat

Figure S1

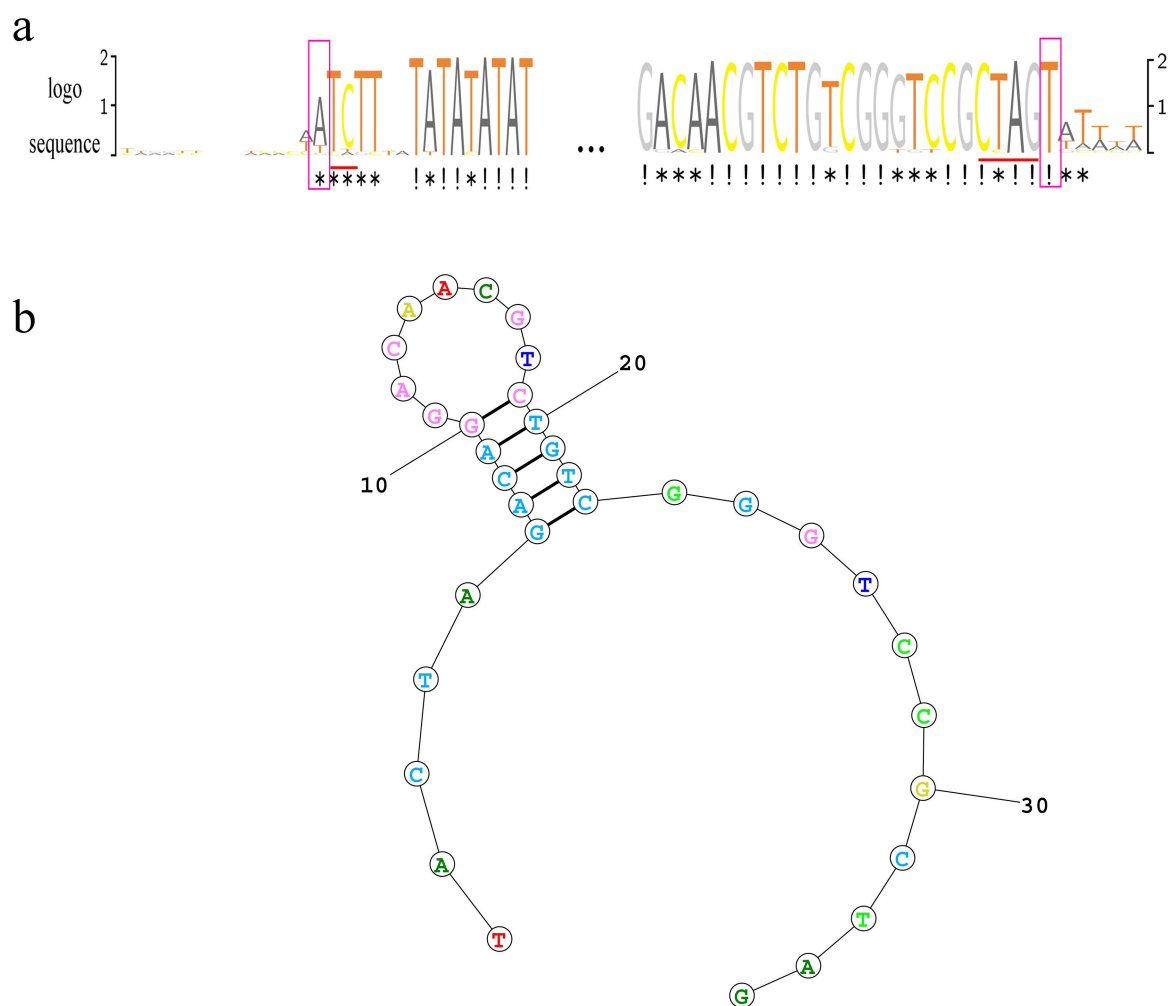


Figure S2



Figure S3

		*	20	*	40	*	60	
Agla_Hel1Aa :	TCTTT	--	ATATATAT	--	AATTCTTCTGT	--	CGTGTGTATGTCACTGAACTCCTCCTAAACGGCTGG	: 60
Aros_Hel1Aa :	TCTTA	--	ATATATAT	--	ATTTCTTGTGTGCGTGTGTATGTGACTGAACTCCTCCTAAACGACTGG	:	61	
Bole_Hel1Aa :	TCTTT	TATAA	ATATAT	--	ATTTCTTGTGTGCGTGTGTATGTCACTGAACTCCTCCTAGACGGCTGG	:	63	
Btry_Hel1Ba :	TCTTT	--	ATATATAT	--	AAATCTTCTGACCGTGTGTTTGTAAATGAACTGCTCCTAAACGGCTGG	:	61	
Bger_Hel1Aa :	TCTTA	--	ATATATAT	--	ATTTCTTGTGTGCGTGTGTATGTGACTGAACTCCTCCTAAACGACTGG	:	61	
Bmor_Hel1Ca :	TCTTT	TATAT	--	TATAT	--	ATTTCTTCTGTGCGTGTGTTTGTCACTGAACTCCTCCTAAACGGCTGG	:	62
Bmor_Hel1Aa :	TCTT	--	ATTTATAT	ATA	AATTCTTCTGTGCGTGTGTATGTTAGTGAGCACCTCCTAAACGGCTAG	:	62	
Cnem_Hel1Ea :	TCTTT	--	ATATATAT	--	AATTCTTCTGTGAGTGTGTATGTCACTGAACTCCTTCTAGACGACTGG	:	61	
Cvir_Hel1Ea :	TCTTT	--	ATATATAT	--	AATTCTTGTGTGCGTGTGTTTGTCACTGAACTCCTTCTAGACGACTGG	:	61	
Cvic_Hel1Ca :	TCTTT	--	ATATATAT	--	AATTCTTCTGTACGTGTGTTAGTAACTGAACTCCTCCTAAACGGCTGG	:	61	
Csup_Hel1Aa :	TCTTT	--	ATATATAT	--	AATTCTTCTGTGAGTGTGTATGTCACTGAACTTCTCTTAAACGACTGG	:	61	
Csup_Hel1Ab :	TCTTT	--	ATATATAT	--	AATTCTTCTGTGAGTGTGTATGTCACTGAACTTCTCTTAAACGACTGG	:	61	
Csup_Hel1Ea :	TCTTT	--	ATATATAT	--	AATTCTTCTGTGAGTGTGTATGTCACTGAACTTCTCTTAAACGACTGG	:	61	
Cves_Hel1Aa :	TCTT	--	ATATATAT	--	ATTTCTTGTGTG--GTGTGTATGTGACTGAACTCCTCCTAAACGACTGG	:	59	
Daus_Hel1Aa :	TCTTT	TATATATAT	--	AATTCTTCTGTGCGTGTGTATGTCACTGAACTCCTCCTAAACGGCTGG	:	63		
Hvit_Hel1Ga :	TCTTT	--	ATATATAT	--	ATTTCTTGTGTGCGTGTGTATGTGACTGAACTCCTCCTAAACGACTGG	:	61	
Lmig_Hel1Aa :	TCTTA	--	ATATATAT	--	ATTTCTTCTGTGCGTGTGTTTGTCACTAAACTCCCTTAAACGGCTGG	:	61	
Mcon_Hel1Aa :	TCTTA	AATATATAT	A--	TTTCTTGTGTACGTGTGTATGTCACTGAACTCCTCCTAAACGGCTGG	:	64		
Mcin_Hel1Ca :	TCTTT	TATATATAT	--	ATTTCTTGTGTGCGTGTGTATGTCACTGAACTCCTCCTAGACGGCTGG	:	63		
Mper_Hel1Fa :	TCTTT	--	ATATATAT	--	AATTCTACTGTACGTGTGTATGTCACTGAACTCCTCCTAAACGGCTGG	:	61	
Ncla_Hel1Aa :	TCTTT	--	ATATATG	T--	AATTCTTCTGTGCGTGTGTATGTAAGTAACTCCTCCTAAACGGCTGG	:	61	
Obru_Hel1Ia :	TCTTA	--	ATATATAT	--	AATTCTTCTGTACGTGTGT--TGCTCACTGAACTCCTCCTAAACGACTGG	:	60	
Pgla_Hel1Ga :	TCTTT	--	ATATATAT	--	ATTTCTTGTGTGCGTGTGTATGTCACTGAACTCCTCCTAGACGGCTGG	:	61	
Pmac_Hel1Ha :	TCTTA	--	ATATATAT	--	ATTTCTTGTGTGCGTGTGTATGTGACTGAACTCCTCCTAAACGACTGG	:	61	
Pxut_Hel1Aa :	TCTTT	--	ATATATAT	--	AATTCTTCTGTGAGTGTGTATGTCACTGAACTTCTCTCAAACGACTGG	:	61	
Pxut_Hel1Ab :	TCTTT	--	ATATATAT	--	AATTCTTCTGTGAGTGTGTATGTCACTGAACTTCTCTCAAACGACTGG	:	61	
Pvar_Hel1Da :	TCTTA	--	ATATATAT	--	ATTTCTTCTGTGCGTGTGTTTGTCACTGAACTCCTCCTAAACGGCTGG	:	61	
Prap_Hel1Aa :	TCTTA	--	ATATATAT	--	ATTTCTTGTGTGCGTGTGTATGTGACTGAACTCCTCCTAAACGACTGG	:	61	
Pdom_Hel1Aa :	TCTTT	TATATATAT	ATA	AATTCTTCTGTGCGTGTGTATGTCACTGAACTCCTCCTAAACGGCTGG	:	65		
Pgra_Hel1Aa :	TCTTA	--	ATATATAT	--	ATTTCTTGTGTGCGTGTGTATGTCACTGAACTCCTCCTAAACGACTGG	:	61	
Sfru_Hel1Aa :	TCTTT	--	ATATATATA	--	AATTCTTCTGTAAAGTGTGTATGTCACTGAACTTCTCTTAAACGACTGG	:	62	
Sfru_Hel1Ab :	TCTTT	--	ATATATAT	--	AATTCTTCTGTACGTGTGTATGTCACTGAACTTCTCTTAAACGAGTGG	:	61	
Sfru_Hel1Ac :	TCTTT	TATATATA	--	AATTCTTCTGTAAAGTGTGTATGTCACTGAACTTCTCTTAAACGACTGG	:	62		
Tcri_Hel1Aa :	TCTTA	--	ATATATAT	--	AATTCTTCTGTACGTGTGTATGTCACTGAACTCCTCCTAAACGGCTGG	:	61	
core sequence	TCTT		AtaTATat		a tTCTt Tgt		GTGTGTatGT AcTgAaCt Ctc taaACG cTgG	

		*	80	*	100	*	120	*
Agla_Hel1Aa :	ACCGAT	TTTGATGAAATTTT	TGTGTGTGTTCAAGTGGATTCGAGAATGGTTTAGATT	CACAATT	:	125		
Aros_Hel1Aa :	ACCA	ATTTTGATGAAATTTT	TGTGTGTGTTCTGGAGATTCGAGAATGGTTTAGATT	TACAGTT	:	126		
Bole_Hel1Aa :	ACCGAT	TTTGATGAAATTTT	TGTGTGATGTTCAAGGGGATTCGAGGATGGTTTAGATT	CACAATT	:	128		
Btry_Hel1Ba :	ACCGAT	TTTGATGAAATTTT	TGTGTGTGTTTAAGGAGATTCGAGGATGGTTTAGATT	CACAATT	:	126		
Bger_Hel1Aa :	ACCGAT	TTTGATGAAATTTT	TGTGTGTGTTCTGGAGATTCGAGAATGGTTTAGATT	TACAGTT	:	126		
Bmor_Hel1Ca :	ACCGAT	TTAATGA--	TTTTTGTATCTT---	GGTGGCCCTCGATGGTTTAGATT	CACAAAT	:	120	
Bmor_Hel1Aa :	AC	TGATTTTGATGAAATTTT	TGTGTGTATTCACACGGGTCGAGAATGGTTTAGATT	CACAATT	:	127		
Cnem_Hel1Ea :	ACCGAT	GTCGATGAAACCTTTT	TGTATGTGTTCAAGGAATTCGAGAATGGTTTAGATT	CACAATT	:	126		
Cvir_Hel1Ea :	ACCGAT	TTTGATGAAACCTTTT	TGTGTGTGTTCAAGGAATTCGAGAATGGTTTAGATT	CACAATT	:	126		
Cvic_Hel1Ca :	GCCGAT	TTTGATGAAATTTT	TGTGTGTGTTTGAGTGGGTCCTCGATGGTTTAGATT	CACAATT	:	126		
Csup_Hel1Aa :	ACCGAT	TTTGATGAAATTTT	TGTGTGTGTTCAAGGGGATTCGAGAATGGTTTAGATT	CACAA--	:	124		
Csup_Hel1Ab :	ACCGAT	TTTGATGAAATTTT	TGTGTGTGTTCAAGGGGATTCGAGAATGGTTTAGATT	CACAATT	:	126		
Csup_Hel1Ea :	ACCGAT	TTTGATGAAATTTT	TGTGTGTGTTCAAGGGGATTCGAGAATGGTTTAGATT	CACAATT	:	126		
Cves_Hel1Aa :	ACCGAT	TTTGATGAAATTTT	TGTGTGTGTTCAAGGGGATTCGGAATGGTTTAGATT	CACAATT	:	124		
Daus_Hel1Aa :	ACCGAT	TTTGATGAAATTTT	TGTGTGTGTTCAAGTGGATTCGAGAATGGTTTAGATT	CACAATT	:	128		
Hvit_Hel1Ga :	ACCGAT	TTTGATGAAATTTT	TGTGTGTGTTTTCATGGAATTCGAGAATGGTTTAGATT	CACAATT	:	126		
Lmig_Hel1Aa :	AC	GATTTTCATGAAATTTT	TGTGTGTGTTAAGGGGATTCGAGAATGGTTTAGATT	CACAATT	:	125		
Mcon_Hel1Aa :	ACCGAT	GTTGATGAAATTTT	TGTGTGTGTTCAAGGGGATTCGAGAATGGTTTAGATT	CACAATT	:	129		
Mcin_Hel1Ca :	AC	GATTTTGATGAAATTTT	TGTGTGAGTTCAAGGGGATTCGAGGATGGTTTAGATT	CACAATT	:	128		
Mper_Hel1Fa :	ACCGAT	TTGAATGAATTTT	TGTATGCGTTGGGTGACGCCCTGATGGTTTAGATT	CACAATT	:	126		
Ncla_Hel1Aa :	ACCGAT	TTTGATGAAAGTTT	TGTCTG--TTCCAGTGGACTCGAGAATGGTTTAGATT	TATAATT	:	124		
Obru_Hel1Ia :	ACCGAT	TTTGATGTTT	TTTTTGTGTGTTTGTAGTGGGTCCTCGATGGTTTAGATT	CACAAC	T	:	124	
Pgla_Hel1Ga :	ACCGAT	TTTGATGAAATTTT	TGTGTGAGTTCAAGGGGATTCGAGGATGGTTTAGATT	CACAAT-	:	125		
Pmac_Hel1Ha :	ACCA	ATTTTGATGAAATTTT	TGTGTGTGTTCTGGAGATTCGAGAATGGTTTAGATT	TACATT	:	126		
Pxut_Hel1Aa :	ACCGAT	TTTGATGAAATTTT	TGTGTGTGTTCAAGGGGATTCGGAATGGTTTAGATT	CACAATT	:	126		
Pxut_Hel1Ab :	ACCGAT	TTTGATGAAATTTT	TGTGTGTGTTCAAGGGGATTCGGAATGGTTTAGATT	CACAATT	:	126		
Pvar_Hel1Da :	ACCGAT	TTTGATGAAATTTT	TGTGTATGTTCAAGGGGATTCGAGAATGGTTTAGATT	CACAATT	:	126		
Prap_Hel1Aa :	ACCGAT	TTTAGACGAAATTTT	TGTGTGTGTTCAAGGGGATTCGGAATGGTTTAGATT	CACAATT	:	126		
Pdom_Hel1Aa :	ACCGAT	TTTAATGAAATTTT	TGTGTGCTTCAGGTGGATTCGATAATGGTTTAGCTTT	TACAATT	:	130		
Pgra_Hel1Aa :	ACCGAT	TTTGATGAAATTTT	TGTGTGTGTTCAAGGGGATTCGAGAATGGTTTAGATT	CACAATT	:	126		
Sfru_Hel1Aa :	ACCGAT	TTTGATG--	AATTTTGTGTGTGTTCAAGGGGATTCGAGAATGGTTTAGATT	CACAATT	:	126		
Sfru_Hel1Ab :	ACCGAT	TTTGATGAACTTTT	TGTGTGTGTTCAAGGGGATTCGAGAATGGTTTAGATT	CACAATT	:	126		
Sfru_Hel1Ac :	ACCGAT	TTTGATGA	ATTTTGTGTGTGTTCAAGGGGATTCGAGAATGGTTTAGATT	CACAATT	:	126		
Tcri_Hel1Aa :	ACCGAT	TTTGATGAAATTTT	TGTGTGTGTTTGAGTGGGTCATCGATGGTTTAGATT	CACAATT	:	126		
core sequence	aCcGAT	tTtgAtGaaatTTtT	TGTgTgtGtTc ag ggat	g g ATGGTTTaGatTcAcAatt				

Figure S4

a

Ptep_Hel2Ca	TCT	A	TATATATA	AAA	A	TCT	CT	TGT	CAC	AGT
Csup_Hel1A	TCT	T	TATATATA	TAA	T	TCT	T	C	TGT	GAGTGT
	TCT		TATATATA	AA		TCT		TGT	A	GT

b

		Ptep_Hel2Ca	Csup_Hel1A
Ptep_Hel2Ca			
Csup_Hel1A		0.266667	

Figure S5

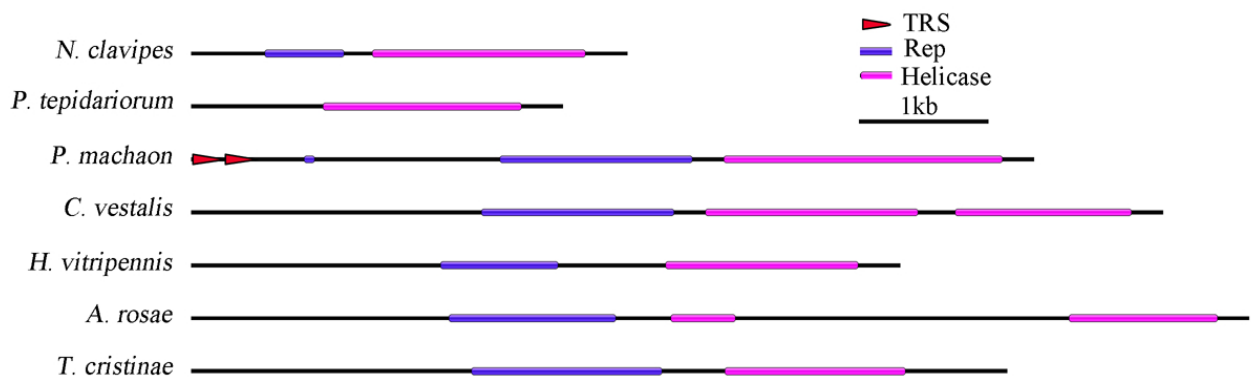


Figure S6

C._vestalis : MPRLRGRARNIGRRTHQAQLVHDRLNRTVEEHSMDNVNLRDRAACTRANENLEQRAQLLRANTLRQREARQATNAHRRNQRRVQDNRALARALLNRL : 100
 P._machaon : MPRLRGRARNIGRRTHQAQLVHDRLNRTVEEHSMDNVNLRDRAACTRANENLEQRAQLLRANTLRQREARQATNAHRRNQRRVQDNRALARALLNRL : 100
 A._rosae : MPRLRGRARNIGRRTHQAQLVHDRLNRTVEEHSMDNVNLRDRAACTRANENLEQRAQLLRANTLRQREARQATNAHRRNQRRVQDNRALARALLNRL : 100
 P._tepidariorum : MSRLRGRARNIGRRTHQAQLVHDRLNRTVEEHLTPNVNSRNOVASSRENENLEQRNQLRANALRQRETRQARATNENRRNQRRMQDNRALTRASLNRL : 100

C._vestalis : AFEYDPGIDYSSHAITIGSMDKECQCHAFKYKGESAGLCCASGKISLSPKPPPEPLKTLLAGITTSQSKLFLRKIRKLSNCFQMTISAATKIIHNEDG : 200
 P._machaon : AFEYDPGIDYSSHAITIGSMDKECQCHAFKYKGESAGLCCASGKISLSPKPPPEPLKTLLAGITTSQSKLFLRKIRKLSNCFQMTISAATKIIHNEDG : 200
 A._rosae : AFEYDPGIDYSSHAITIGSMDKECQCHAFKYKGESAGLCCASGKISLSPKPPPEPLKTLLAGITTSQSKLFLRKIRKLSNCFQMTISAATKIIHNEDG : 200
 P._tepidariorum : MFEYDPGIDYSSHAITIGSMDNECQCHALKYKGESAGLCCASGKISLPLNPSSPEPLKTLLAGTASQSKLFLRKIRKLSNCFQMTISGATKIVHNEGG : 200

C._vestalis : RNFESTFKIQGVVYHQIGSLPMPDADPKFLQIYFMGNEEQQSHTRCVYNHIEQMEEREIVDILRFLQNNHNLVQLFKTSLNRLQNDNYYIVIKADKVP : 300
 P._machaon : RNFESTFKIQGVVYHQIGSLPMPDADPKFLQIYFMGNEEQQSHTRCVYNHIEQMEEREIVDILRFLQNNHNLVQLFKTSLNRLQNDNYYIVIKADKVP : 300
 A._rosae : RNFESTFKIQGVVYHQIGSLPMPDADPKFLQIYFMGNEEQQSHTRCVYNHIEQMEEREIVDILRFLQNNHNLVQLFKTSLNRLQNDNYYIVIKADKVP : 300
 P._tepidariorum : RNFESTFKIQGVVYHQIGSLPMPDADPKFLQIYFMGNEEQQSHTRCVYNHIEQMEEREIVDILRFLQNNHNLVQLFKTSLNRLQNDNYYIVIKADKVP : 300

C._vestalis : YGEHAGTYNVPTINEAVVMAGDPCERRDIRIQRDNTMQIIQDNHRSYDALQYPLIFWEGEDGYHLNLIKQRPNTTGEELTKKVSAMNFYAYRLMIRANE : 400
 P._machaon : YGEHAGTYNVPTINEAVVMAGDPCERRDIRIQRDNTMQIIQDNHRSYDALQYPLIFWEGEDGYHLNLIKQRPNTTGEELTKKVSAMNFYAYRLMIRANE : 400
 A._rosae : YGEHAGTYNVPTINEAVVMAGDPCERRDIRIQRDNTMQIIQDNHRSYDALQYPLIFWEGEDGYHLNLIKQRPNTTGEELTKKVSAMNFYAYRLMIRANE : 400
 P._tepidariorum : --SNAGTYNVPTINEAVVMAGDPCERRDIRIQRDNTMQIIQDNHRSYDALQYPLIFWEGEDGYHLNLIKQRPNTTGEELTKKVSAMNFYAYRLMIRANE : 398

C._vestalis : DNNILRQRLFHQYITDMYVKIESERLYIKFNAQKLRAEEYIHLRDAVIGNVDATNVINIGTYYILPSSYIGSPRHMQEYIQDAMTVVYAYGRPDIFI : 500
 P._machaon : DNNILRQRLFHQYITDMYVKIESERLYIKFNAQKLRAEEYIHLRDAVIGNVDATNVINIGTYYILPSSYIGSPRHMQEYIQDAMTVVYAYGRPDIFI : 500
 A._rosae : DNNILRQRLFHQYITDMYVKIESERLYIKFNAQKLRAEEYIHLRDAVIGNVDATNVINIGTYYILPSSYIGSPRHMQEYIQDAMTVVYAYGRPDIFI : 500
 P._tepidariorum : DNNILRSRLFHQYITDMYVKIESERLYIKFNAQKLREEYIHLRDAIIGNVDATNDINIGTYYILPSSYIGSPRHMQEYIQDAMTVVYAYGRPDIFI : 498

C._vestalis : TFTCNPNWDEIKNLLSGQTSMRHRDITARVFKQKLKSLMNLITHYSVFCETRCWLYSVEWQKRGPLPAHAILIWLVDKVRPEEDIKISAEIPDPNVQDE : 600
 P._machaon : TFTCNPNWDEIKNLLSGQTSMRHRDITARVFKQKLKSLMNLITHYSVFCETRCWLYSVEWQKRGPLPAHAILIWLVDKVRPEEDIKISAEIPDPNVQDE : 600
 A._rosae : TFTCNPNWDEIKNLLSGQTSMRHRDITARVFKQKLKSLMNLITHYSVFCETRCWLYSVEWQKRGPLPAHAILIWLVDKVRPEEDIKISAEIPDPNVQDE : 600
 P._tepidariorum : TFTCNPNWAEIKNLLSGQTSMRHRDITARVLKQKLKSLMLITHYSVFCETRCWLYSVEWQKRGPLPAHAILIWLVDKVRPEEDIKISAEIPDPNVQDE : 598

C._vestalis : LFNIVTTNMIHGPGCTLNMMSPCMNDGKCKRFPKPCQTDITINIDGYSYRRRDVDNGGQSYELRLSNGVRVDIDNRWVVPYSPLLCKTYKAHINVELC : 700
 P._machaon : LFNIVTTNMIHGPGCTLNMMSPCMNDGKCKRFPKPCQTDITINIDGYSYRRRDVDNGGQSYELRLSNGVRVDIDNRWVVPYSPLLCKTYKAHINVELC : 700
 A._rosae : LFNIVTTNMIHGPGCTLNMMSPCMNDGKCKRFPKPCQTDITINIDGYSYRRRDVDNGGQSYELRLSNGVRVDIDNRWVVPYSPLLCKTYKAHINVELC : 700
 P._tepidariorum : LFDIVTTNMIHGPGCSLNMSPCMNDGKCKRFLKPCQTDITISNIDGYSYRRRDVDNGGQSYELRLSNGVRVDIDNRWVVPYSPLLCKTYKAHINVELC : 698

C._vestalis : SSVKSIKYICKYVHKGSDEAIFAVQNVNDNDEITRYQMGRYISSNEAVWRIFTFPIHERDPAVHLAVHLENGQRVYFTEQALQALAPKTTLTEFFN : 800
 P._machaon : SSVKSIKYICKYVHKGSDEAIFAVQNVNDNDEITRYQMGRYISSNEAVWRIFTFPIHERDPAVHLAVHLENGQRVYFTEQALQALAPKTTLTEFFN : 800
 A._rosae : SSVKSIKYICKYVHKGSDEAIFAVQNVNDNDEITRYQMGRYISSNEAVWRIFTFPIHERDPAVHLAVHLENGQRVYFTEQALQALAPKTTLTEFFN : 800
 P._tepidariorum : SSVKSIKYICKYVHKGSDEAIFAVQNVNKNDEITTHQMGRYISSNEAIWRIFTFPIHERDPAVHVLAVHLENGQRVYFTEQALQALAPKTTLTEFFN : 798

C._vestalis : LGNRQDVVGQFAKTLMYTDVPKFFTWNQSKNWEPRKRGTPVPGFADIMTNTLGRLYTVHPKQRCFFLRLLLVNVPGPSTFQYLRKVNGLYDTEFFDA : 900
 P._machaon : LGNRQDVVGQFAKTLMYTDVPKFFTWNQSKNWEPRKRGTPVPGFADIMTNTLGRLYTVHPKQRCFFLRLLLVNVPGPSTFQYLRKVNGLYDTEFFDA : 900
 A._rosae : LGNRQDVVGQFAKTLMYTDVPKFFTWNQSKNWEPRKRGTPVPGFADIMTNTLGRLYTVHPKQRCFFLRLLLVNVPGPSTFQYLRKVNGLYDTEFFDA : 900
 P._tepidariorum : LGNRQDIVGEFTKALMYTDVPKFFTWNQSKSWEPRKRGTPVPGFADIMTNTLGRLYTVLPKQRCFFLRLLLVNVPGPSTFQYLRKVNGLYDTEFFDA : 898

C._vestalis : CRELHLLDDNHDWDLTLADAALSSSPQIIRQLFSIILTTCTPSEASALWNYKDSMSDILHRIRITNQNPDIQFSAEIYNEALIMIEDICILISNMPLI : 1000
 P._machaon : CRELHLLDDNHDWDLTLADAALSSSPQIIRQLFSIILTTCTPSEASALWNYKDSMSDILHRIRITNQNPDIQFSAEIYNEALIMIEDICILISNMPLI : 1000
 A._rosae : CRELHLLDDNHDWDLTLADAALSSSPQIIRQLFSIILTTCTPSEASALWNYKDSMSDILHRIRITNQNPDIQFSAEIYNEALIMIEDICILISNMPLI : 1000
 P._tepidariorum : CRELHLLDDNHDWDLTLADAALSSSPQIIRQLFSIILTTCTPSEASALWNYKDSMSDILYRIRITNQNLCLFSAEIYNEALIMIEDICILISNMPLM : 998

C._vestalis : HFGMPAPNRPAPVDIINSVQREHQFDKTSLATFVANNEQLLTAEQRNVYDQINVSIAAQGGFFFLDAPGGTGKFTLISLILARIRSQNHIALAIASSGI : 1100
 P._machaon : HFGMPAPNRPAPVDIINSVQREHQFDKTSLATFVANNEQLLTAEQRNVYDQINVSIAAQGGFFFLDAPGGTGKFTLISLILARIRSQNHIALAIASSGI : 1100
 A._rosae : HFGMPAPNRPAPVDIINSVQREHQFDKTSLATFVANNEQLLTAEQRNVYDQINVSIAAQGGFFFLDAPGGTGKFTLISLILARIRSQNHIALAIASSGI : 1100
 P._tepidariorum : NFGMPAPSSR-----YHQQRREHQFDMITLATFVANNEQLLTAEQRN--DQINVSIAAQGGFFFLDAPGGTGKFTLISLILARIRSQNHIALAIASSGI : 1091

C._vestalis : AATLLDGGRTAHSALKLP--LVNHTNPEAMCNMKKHSGMAEVLKCKKIIWDECTMAHKHSEALDRSLKDIDKNARLFGGALLLSGDFRQTLVPVPRAT : 1199
 P._machaon : AATLLDGGRTAHSALKLP--LVNHTNPEAMCNMKKHSGMAEVLKCKKIIWDECTMAHKHSEALDRSLKDIDKNARLFGGALLLSGDFRQTLVPVPRAT : 1199
 A._rosae : AATLLDGGRTAHSALKLP--LVNHTNPEAMCNMKKHSGMAEVLKCKKIIWDECTMAHKHSEALDRSLKDIDKNARLFGGALLLSGDFRQTLVPVPRAT : 1200
 P._tepidariorum : AATLLDGGRTAHSALKLP--LNIHTNPEAMCNMKKHSGMAEVLKCKKIIWDECTMAHKHSEALDRSLKDIDKNARLFGGALLLSGDFRQTLVPVPRAT : 1190

C._vestalis : YADEINACLKESYLWPSVTYKLTINMRVLQNDPLASGFSEQLLDIGNGKIQLYENTQYIRLPENFNMVATKDELINSIFPDRLHNYTNHAWLRERAI : 1299
 P._machaon : YADEINACLKESYLWPSVTYKLTINMRVLQNDPLASGFSEQLLDIGNGKIQLYENTQYIRLPENFNMVATKDELINSIFPDRLHNYTNHAWLRERAI : 1299
 A._rosae : YADEINACLKESYLWPSVTYKLTINMRVLQNDPLASGFSEQLLDIGNGKIQLYENTQYIRLPENFNMVATKDELINSIFPDRLHNYTNHAWLRERAI : 1299
 P._tepidariorum : YADEINACLKESYLWPSVTYKLTINMRVLQNDPLASGFSEQLLDIGNGKIQLYEDTQYIRLPONFNMVATKDELINSIFPDRLHNYTNHAWLRERAI : 1290

C._vestalis : LAANKLDVDADINFKIQQSLPGNEITTFKSIDTVVDPDEVVNYVEFLNSLDLPGMPPHNLRLKIGSPIILLRNLNAPRLCNGTRLVKKIMGNILEATILG : 1399
 P._machaon : LAANKLDVDADINFKIQQSLPGNEITTFKSIDTVVDPDEVVNYVEFLNSLDLPGMPPHNLRLKIGSPIILLRNLNAPRLCNGTRLVKKIMGNILEATILG : 1399
 A._rosae : LAANKLDVDADINFKIQQSLPGNEITTFKSIDTVVDPDEVVNYVEFLNSLDLPGMPPHNLRLKIGSPIILLRNLNAPRLCNGTRLVKKIMGNILEATILG : 1400
 P._tepidariorum : LAANKLDVDADINFKIQQSLPGSEITTFKSIDTVVNPDEVVNYVEFLNSLDLPGMPPHNLRLKIGSPIILLRNLNAPKLNCNGTRLVKKIMGNILEATILG : 1390

C._vestalis :

b

	<i>C. vestalis</i>	<i>P. machaon</i>	<i>A. rosae</i>	<i>P. tepidariorum</i>
<i>C. vestalis</i>				
<i>P. machaon</i>	0.041472			
<i>A. rosae</i>	0.054181	0.015385		
<i>P. tepidariorum</i>	0.124495	0.106999	0.11642	

Figure S7

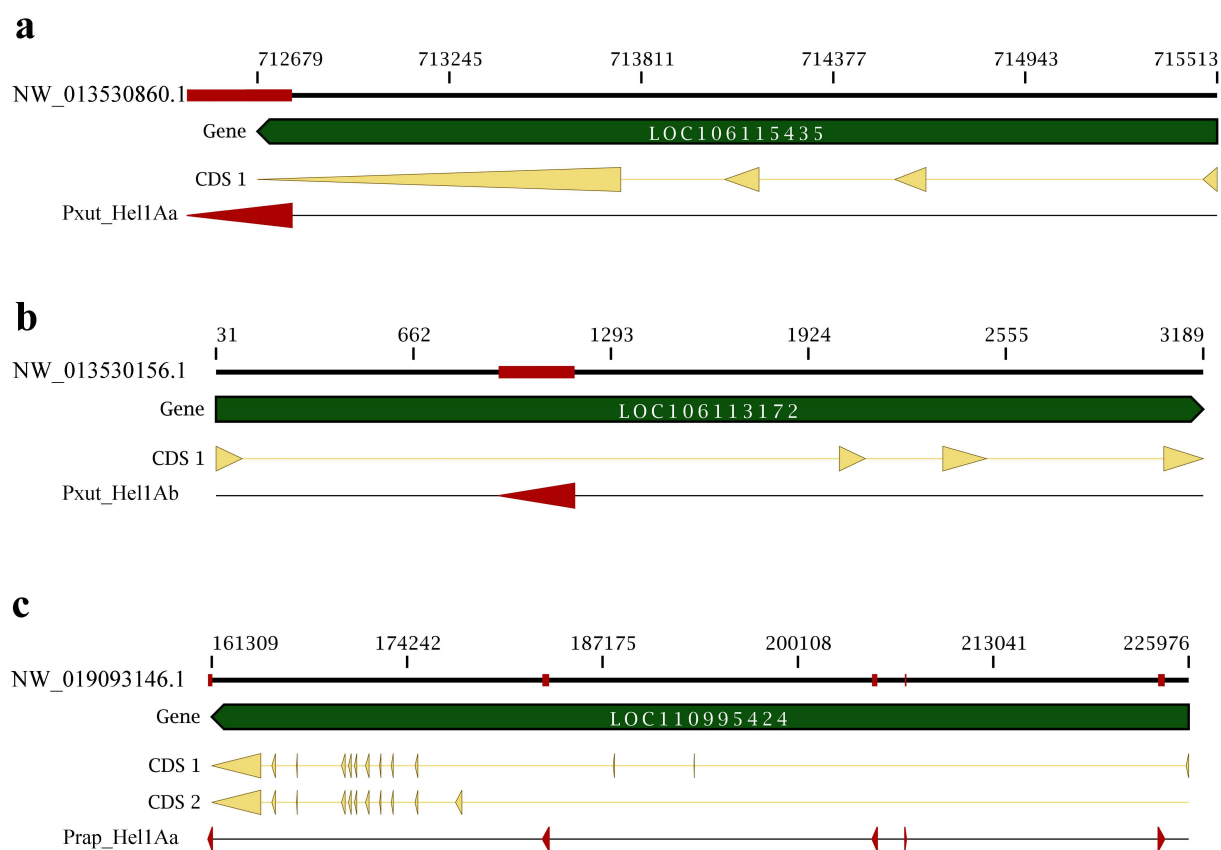


Figure S8

					A1			
A1 insertion	-----ttagattcacaatttgc		CGCTGGACAATGTTTTTTTAATTAATT			agacaggacaacgtctgctg	-----	
NJHR01000652.1	-----tgagaatggtttatttgtc		CGCTGGACAATGTTTTTTTAATTAATT			agtagttgttgatttggaa	-----	
					A2			
A2 insertion	-----tcacaatttgc		cgctggacaatgtttttaattaatc		AGACGTGT	agacaggacaacgtctgctgggtccgctag		
NJHR01000244.1	-----ttgagcaatggtaattaatagttttaaatgcgttaatc		AGACGTGT			atgacagtttggaaatgtttcaaagta	-----	
					B			
B insertion	-----caatgtttttaattaatt		TTTAATTTAT	---46bp---	TTCAAATTAA	agacgtgtagacaggacaac	-----	
NJHR01000585.1	-----atgaaattttaataaatt		TTTAATTTAT	---40bp---	ATCAAATTAA	agacgtgtcctgtctacac	-----	

Figure S9

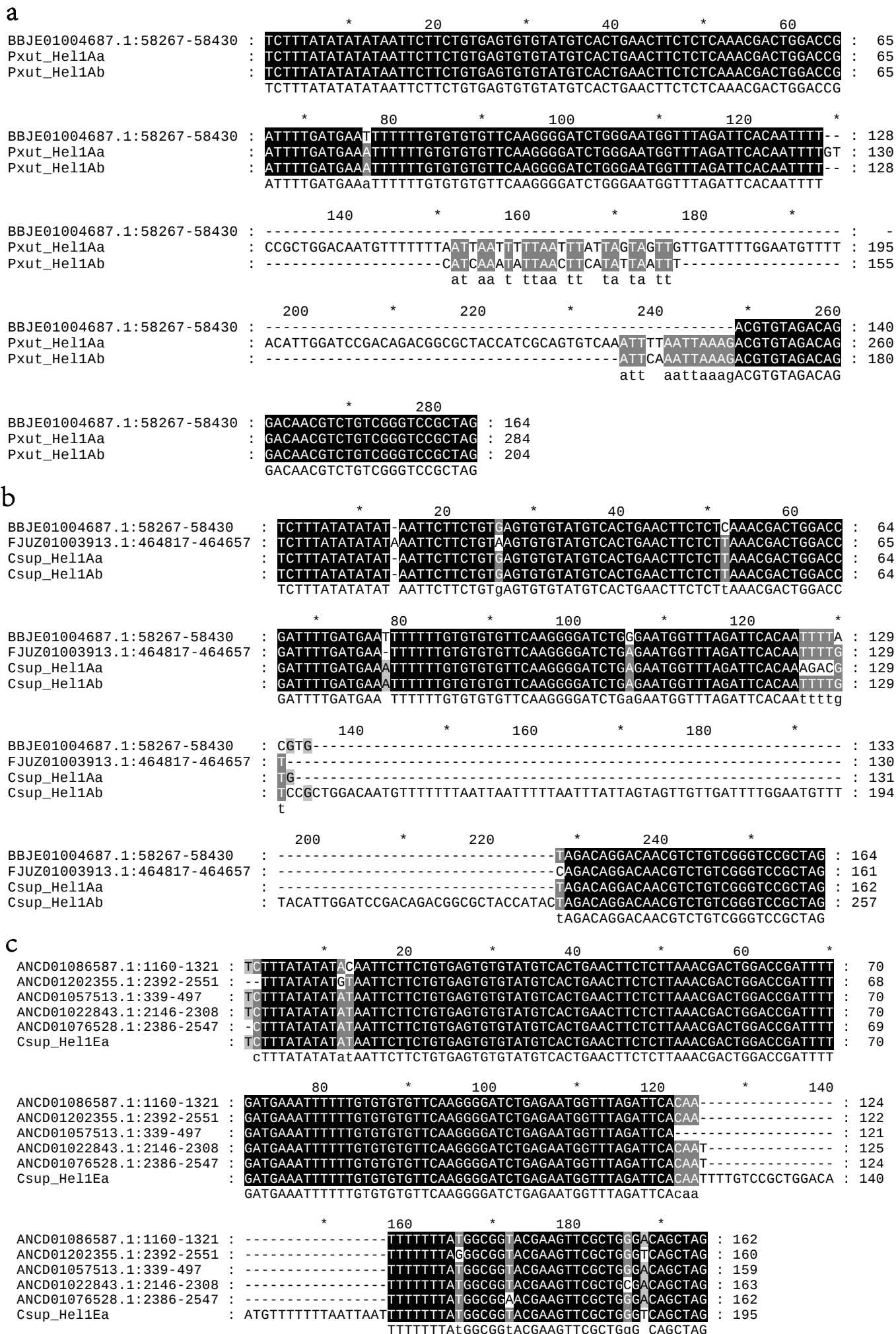


Figure S10

Prap_Hel1Aa

LWME01000121.1	184392-184897	ACGGGTAAATTAACAAATTAATGAAAATAA/ Prap_Hel1Aa /TATACATATATAAATATATATTTATTCATT
JZSA01005098.1	999-1058	AAGGATAAAATTAACAAATTAATGAAAATAA-----GATACATATATAAATATATATTAATTCATT
ANCD01212189.1	161-102	AAGGGTTAATTAACAAGTCAATGAAAATGA-----TATACATATATAAATATATATTTATTCATT

LWME01000121.1	184392-184897	ACGGGTAAATTAACAAATTAATGAAAATAA/ Prap_Hel1Aa /TATACATATATAAATATATATTTATTCATT
JZSA01001834.1	1308-1249	AAGGGTAAATTAACAAATTAATGAAAATAA-----TATACATGTATAAATATATATTTATTCATT

Cves_Hel1Aa

LWME01000373.1	638382-638441	CTAAAGGCCATCCCTGCAACTTCCCGCTAA-----TTCCATTCTGGGCGCTTAAAATTGTACTT
LWME01000063.1	1885-1826	CTAAAGGCTATCCCTGCAACTTCCCGCTAA-----TTCCATTCTGGGCGCTTAAAATTGTACTT
JZSA01007367.1	22473-22810	CTAAAAGCCATCACTGCAACTTCCTGCTAA/ Cves_Hel1Aa /TTCCATATCTAAGCGCTTAAAATTGAACTT
JZSA01006456.1	1015-956	CTAAAGGCCATCCGTGCAACTTCCCGCTAA-----TTCCATTCTGGGCGCTTAAAATTGTACTT
JZSA01003430.1	2650226443	CTAAAGGCCAGCCCTGCAACTTCCCGCTAA-----TTCCATTCTGGGCGCTTAAAATTGTACTT
JZSA01002828.1	55690-55749	CTAAAGGCCATCCGTGCAACTTCCCGCTAA-----TTCCATTCTGGGCGCTTAAAATTGTACTT
JZSA01000944.1	4265-4324	CTAAAGGCCATCCGTGCAACTTCCCGCTAA-----TTCCATTCTGGGCGCTTAAAATTGTACTT
JZSA01007432.1	13875-13817	CTAAAGGCCATCCCT-CAACTTCCCGCTAA-----TTCCATTCTGGGCGCTTAAAATTGTACTT

JZSA01007367.1	22473-22810	CTAAAAGCCATCACTGCAACTTCCTGCTAA/ Cves_Hel1Aa /TTCCATATCTAAGCGCTTAAAATTGAACTT
AZMT02018341.1	4720-4778	CTGAAGGCCATCCCTGTAACCTCCCGCTAA-----TTCCTTACTTAGGTACTT-AAATTGTACTT

Csup_Hel1Aa

ANCD01041172.1	2033-1818	CCATCCCGGACAAAGAATGTGATGCGTAAT/ Csup_Hel1Aa /TATATATATATTAAGAT-AATAATA-----
LWME01000611.1	316533-316590	CCATTGAGGACAAACATTGTGACACGAAAT-----T-TATATATATTAAGATTAAGA-TAAGTAA

Mcin_Hel1Ca

APLT01004244.1	41865-42274	AAATGCATATAGATGTATACACGGTACATA/ Mcon_Hel1Ca /TACCAAAATAAC-TTTTTTACAATTTTTGT
JXPT01029385.1	2455-2396	AAATGCATATCGATGAACTCACGGTACATA-----TACCAAAATAACATTTTTTACAATTTTTGT

Figure S11

a

```

Cv calreticulin : ATGCGA--GCTCTCGTT---GCTGTC-----CTGGCAATTGCCGTAATTGCCACCGTGTCTGC--TGAAGTTTCTTTCGAAGAAGATTTCAGACGA : 86
Pr calreticulin : ATGAAATCTCTTTTATTAGGAGTCTCTCAGCTTCTCTGGCAATT-----TATTCTCTCAACTCTGAAGTCTTTTACGAAGAAGGTTCTAGATCA : 89
          ATG  A  G  T  T  TT      G  TGTC      CTGGCAATT      A      TGTC  C  TGAAGT  TT  T  CGAAGAAG  TT      AGA  GA

          *          20          *          40          *          60          *          80          *          100

Cv calreticulin : TCATGGGAAAAGAACTGGGTACTCAGACCATCCCGGAAAGAATTCCGAATTTCAAGCGGACTGCTGGAAAATTCACCAAGAGATTCAAGAC : 186
Pr calreticulin : CTCATGGGAATCGAACTGGGTGTACAGTGAACACCTTGTAAAGAATTCCGGCAATTTCAAGTTAACTGCTGGAAAATTCACCAATGACCCGAGGAAGAT : 189
          TCATGGGAA  GAA  TGGGT  TAC  GA  CA  CC  GG  AAAGAATTCGG  AA  TTCAG  ACTGCTGGAAA  TTCTAC  A  GA      A  AAGA

          *          120          *          140          *          160          *          180          *          200

Cv calreticulin : ACAGGTATTCAACAACACTGAGGATGCCAGTTCTAGCGCTCTCAGCAAGAGTTCAAGCCATTCCCAATGAAGGACAAGCCATTGGTGTCCAATTACCG : 286
Pr calreticulin : AAAGGCTTCAAACTTCTGAGGATGCCAGATTCTATGCTTTGTCCAGAAAGTTTAAAGCCCTTCTCAATCAAGGCAAGCCCTTAGTAATCCAATTCTCAG : 289
          A  AGG  TTCAAAC  CTGA  GATGCCAG  TTCTA  GC  T  CA  AAAGTT  AAGCC  TTC  C  AAT  A  G  CAAGCC  TT  GT  TCCA  TTC  C  G

          *          220          *          240          *          260          *          280          *          300

Cv calreticulin : TCAAGCATGAACAAAATGATTGTTGGGGTGGGTACCTGAAAGTGTGACTGTTCTATGGACCAAGGTCATGCAAGGAGAGACACCATCCTTCT : 386
Pr calreticulin : TCAAGCATGAGCAAGACATTGATTGGGGGTTGGGTACCTGAAAGTGTGACTGTTCTATGGACCAAGGTCATGCAAGGTCATGCAAGGAGAGACACCAT : 389
          T  AA  CATGA  CAA  ATTGATTG  GG  GGTGG  TACG  GAA  GTGTT  GACTG  TTGGA  AAGG  CATGCA  GG  GAGACACCATA  T

          *          320          *          340          *          360          *          380          *          400

Cv calreticulin : TATGTTTGGCCTGACATTTGTGGACCTGGCAACCAAGCAAGTCTCACTCTTCTATCTACAAGGCAAGAACTGTGTGTCACGAAGACACATCCGTTGC : 486
Pr calreticulin : CATGTTTGGCCTGACATTTGTGGACCTGGCAACCAAGCAAGTCTCACTCTTCTATCTACAAGGCAAGAACTGTGTGTCACGAAGACACATCCGTTGC : 489
          ATGTTTGG  CCTGACAT  TG  GG  CC  GG  ACCAA  AA  GT  CA  GT  ATCTT  A  CTACAAGGG  AAGAA  C  T  ATCAAGAAGACAT  CGTTGC

          *          420          *          440          *          460          *          480          *          500

Cv calreticulin : AAAGACGAGCTATACACTCACTTGTACACTTTGATTGTCAAAACGACACACTTACGAGGTTCTTATCGACAATGAAAGGTTGACTCTGGAGAGCTTG : 586
Pr calreticulin : AAAGATGAGTGTATACACTCACTTGTACACTTTGATTGTCAAAACGACACACTTACGAGGTTCTTATCGACAATGAAAGGTTGACTCTGGAGAGCTTG : 589
          AA  GA  GA  GTATACACTCACTTGTACACT  T  ATTGT  AA  CC  GACACAC  TA  GA  GTTCT  AT  GA  AATGA  AAGGT  GA  TCTGG  CTTG

          *          520          *          540          *          560          *          580          *          600

Cv calreticulin : AAGCCGACTGGGACTTTTGGCCACCAGAGAAATCAAGGACCGGAATGAGCAAGAAACCCGAAGACTGGGATGACCTGGCACCATTCCGATCCAGAAAG : 686
Pr calreticulin : AAGATGACTGGGACTTTTACCTGCTAAGAAATCAAGGACCCATGACCCAAAACCCGAAGACTGGGATGAGAGCCACCATTCCGATCCAGAGATGA : 689
          AAG  GACTGGGACTT  TT  CC  C  AAGAA  ATCAAGGACCC  G  AA  AA  CCCGAAGACTGGGATGA  G  GC  ACCATTCC  GA  CCAGA  GA

          *          620          *          640          *          660          *          680          *          700

Cv calreticulin : CACCAACCCGAAGACTGGGACAAGCCTGAGACTATCCCGGGCCCGAAGCCACCAACCAAGAGATTGGGACGATGAAATGGACGGAGAATGGGAACCA : 786
Pr calreticulin : CAAAAACCCGAAGACTGGGACAAGCCAGACACATTCCAGACCCCTGATGCCACCAACCTGAAGATTGGGACGATGAAATGGATGGAGAATGGGAACCA : 789
          CA  AA  CC  GAAGACTGGGA  AAGCC  GA  AT  CC  G  CCC  GA  GCCACCAACC  GAAGATTGGGACGATGAAATGGA  GGAGAATGGGAACCA

          *          720          *          740          *          760          *          780          *          800

Cv calreticulin : CCAATGATCGACAACCCAGACTTCAAGGCTCAATGGGACCCAAAGCAATTTGATAACCCCGCTTACAAAGGACCATGGGTCCATCCCTGAAATTGACAACC : 886
Pr calreticulin : CCAATGATCGACAACCCAGACTTCAAGGCTCAATGGGACCCAAAGCAATTTGATAACCCCGCTTACAAAGGACCATGGGTCCATCCCTGAAATTGACAACC : 889
          CCAATGAT  GACAACCC  GA  T  CAA  GG  G  TGG  CC  AAGCA  ATTGA  AACCC  GC  TACAA  GG  CC  TGG  T  CA  CC  GAAATTGA  AACC

          *          820          *          840          *          860          *          880          *          900

Cv calreticulin : CTGAGTACGTTAAGGATGAGAACTCTACAAGAAAGACGAAGTCTGCGCATTTGGTTTCGATCTTTGGCAAGTCCAGTCTGGAACCATTTTGACAACGT : 986
Pr calreticulin : CAGATACACAGCAGACCCACTCTGTACAAGCGAGATGAACCTTTGCGCATTTGGTTTCGATCTTTGGCAAGTCCAGTCTGGAACCATTTTGACAACGT : 989
          C  GA  TAC      GA  A  CT  TACAAG  AGA  GAA  T  TCGC  T  GGT  T  GA  T  TGGCA  GTC  A  TCTGGAACCAT  TT  GACAAC  T

          *          920          *          940          *          960          *          980          *          1000

Cv calreticulin : TCTCATTAAGGATGAGAACTCTACAAGAAAGACGAAGTCTGCGCATTTGGTTTCGATCTTTGGCAAGTCCAGTCTGGAACCATTTTGACAACGT : 1086
Pr calreticulin : CCTGTTCAAGGATGAGAACTCTACAAGCGAGATGAACCTTTGCGCATTTGGTTTCGATCTTTGGCAAGTCCAGTCTGGAACCATTTTGACAACGT : 1086
          CT  T  ACTGATGA  CCAG  GC  GC  A  A  G  GAAGA  TT  GAA  AA  TTGA  GG  GA  AA  AAAATGAA  A  G  CA  GATG

          *          1020          *          1040          *          1060          *          1080          *          1100

Cv calreticulin : GCTGAAGAAAATCAATGAGGCGGAGGAACC--AGAAGCCCAAGAGGATGATGATGAAGATGATGATGATGCGGATGAGAGACACACCCGATCC : 1184
Pr calreticulin : GCGGAGAG-----GAGAGGGAATAATCTCAGAAGCC-----TGAGAGATGAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT : 1166
          *          1120          *          1140          *          1160          *          1180          *          1200

```

b

```
Cv hsc70 : ATG---ACGAAAGCACCGCAGTTGGTATTGATTGTTGGGAACACATACTCTGTGTGGAGTTTTCACACCGGAAAGTTGAAATCATCGCCAAAGACC : 97
Pr hsc70 : ATGACTACTAAAAACACACGGCTTATGGGATTGACTTTGGGTACACATACTCTGTGTGGCGTTTSCAGTACGGTAAGTGGACATCATCGCCAAAGACC : 100
      ATG   AC AAA CACC GC GT GG ATTGA TTGGG AC ACATACTC TGTGT GG GT TT CA   ACGG AA GT GA ATCATCGCCAA GACC

Cv hsc70 : AAGGAAACCGACACACACCTTATGTTGTCGCACTTACAGACACTGAGCCGACTTATCGGCGATGCCTGCTAAACACCGGTGGCCATGAATCCCAACAACAC : 197
Pr hsc70 : AAGGCAACCGACACACACCTTATGTTGTCGCACTTACAGACACTGAGCCGACTTATCGGCGATGCCTGCTAAACACCGGTGGCCATGAATCCCAACAACAC : 200
      A GG AAC G AC ACACCT   TATGT GC TT ACAGACAC GA CG CT ATCGG   ATGC GC AA AACCGGT GCC TGAA CC AACACAC

Cv hsc70 : CATTTTGTATGCTAAAGAGCTGATCGGGCGGCGTTCGATGAGGCACTGTTCAAAGCTGACATGAAACACTGGCCCTTTCAGAGTCTTAAAGCAACCGGGA : 297
Pr hsc70 : CATTTTGTATGCTAAAGCTGATCGGGCGTTCGATGAGGCACTGTTCAAAGCTGACATGAAACACTGGCCCTTTCAGAGTCTTAAAGCAACCGGGA : 300
      CAT TTTGATGCTAAA G CT AT GGGCG   TT GA GA GC AC GTTCA GCTGACATGAAACACTGGCC TT GA GT   T AG GA G   GGA

Cv hsc70 : AAGCCAAAGATTCAGGTTCATACAAAGGCGAGTTGAAGACTTTCTTCCCTGAGGAAGTCAAGTTCATGGTATAGTAAAAATGAAGGAAACAGCTGAAG : 397
Pr hsc70 : AAGCCAAAGATTCAGGTTCATACAAAGGCGAGTTGAAGACTTTCTTCCCTGAGGAAGTCAAGTTCATGGTATAGTAAAAATGAAGGAAACAGCTGAAG : 400
      AA CCAAAGAT A GT CA TACAA GG GA   AA AC TTCTTCCC GAGGAAGT AG TC ATGGTA TA   AAAAAATGAAGGAAACAGCTGAAG

Cv hsc70 : CATACCTTGGTCAAAACGCTCAGCAAGGCTGTTATTACTGTACCTGCTTACTTCAAGAGCTCTCAAGCTCAGGCACCAAGAGAGCTGGACAAATTCGCG : 497
Pr hsc70 : TTACCTTGGCAAAACGCTCAGCAAGGCTGTTATTACTGTACCTGCTTACTTCAAGAGCTCTCAAGCTCAGGCACCAAGAGAGCTGGACAAATTCGCG : 500
      TACCTTGG   AAAC GT   AA GC GT ATTAC GT CC GC TACTT AA GACTC CAA G CAGGC AC AA GA   CTGG ACAAT TC GG

Cv hsc70 : CTGGAAGCTCTACGTTATCATCAAGGAGCGCACCGCGCGCGCTATTGCCATAGGCTCTTGACAAAAGAGCCACCGGAGAGCGCAAGCTTTTAACTTTTCGAT : 597
Pr hsc70 : TCTGAAGCTCTCTCGAATCATCAATGAAGCGACTTCTGTCGCGCTATTGCCATAGGCTCTTGACAAAAGAGCGAGGCTGAGAGACGCAAGCTCTTCTTTTCGAT : 600
      TGAACGT CT CG ATCATCA GA CC AC GC GC ATTGC TA GGTCTTGACAA AAGG   GGAGA CG AA GT T AT TTCGAT

Cv hsc70 : TTAGGTGGTGGTACTTTTGTATGTTCAATCTTACCATTGAGGACGGTATCTTGAGGTTAAAGTCAACTGCTGGAACACTCATCTTGGAGAGAGGAGCT : 697
Pr hsc70 : CTTGGCGGTGGTACTTTTGTATGTTCAATCTTACCATTGAGGACGGTATCTTGAGGTTAAAGTCAACTGCTGGAACACTCATCTTGGAGAGAGGAGCT : 700
      T GG GGTGGTACTTTTGTATGT TC AT CT ACCAT GA GACGGTATCTT GA GT AAGTC ACTGC GG GACACTCA T GGAG GAGGACT

Cv hsc70 : TTGACAACCGCATGGTCAACCACTTCTGTCGAGGAAATTCAGCGCAAGTACAAAAAGAGCTTACCGCAACAACAGAGCTCTCGTCTCTCCGTACTGCG : 797
Pr hsc70 : TTGACAACCGCATGGTCAACCACTTCTGTCGAGGAAATTCAGCGCAAGTACAAAAAGAGCTTACCGCTCTCAACAAGAGAGCTCTCGTCTCTCCGTACTGCG : 800
      T GACAACCGCATGGTCAACCACTT GT CA GA TTCAAGCG AAGTACAAAA GAC T CC   ACAA GAGC CT CGTCG T G AC GC

Cv hsc70 : CTGGAGCGTTCGCAAGAGAACTCTTCTTCACTCACTCAGGCTAATTATTGAAATTTGACTCACTCTTTGAGGGTATTGATTCTACACTTCATCACTCGT : 897
Pr hsc70 : TTGTGAGCGTTCGCAAGAGAACTCTTCTTCACTCACTCAGGCTAATTATTGAAATTTGACTCACTCTTTGAGGGTATTGATTCTACACTTCATCACTCGT : 900
      TG GAGCG GCAAGAG ACTCTTTC TC TC AC CAGGCTA ATTGAAAT GA TC CT TTTGAGGGTATTGATT CTACAC TC ATCAC CGT

Cv hsc70 : GCGCGATTTCGCAAGAGAACTCTTCTTCACTCACTCAGGCTAATTATTGAAATTTGACTCACTCTTTGAGGGTATTGATTCTACACTTCATCACTCGT : 997
Pr hsc70 : GCGCGTTCGCAAGAGAACTCTTCTTCACTCACTCAGGCTAATTATTGAAATTTGACTCACTCTTTGAGGGTATTGATTCTACACTTCATCACTCGT : 1000
      GC CG TT GA GA CTG   TGC GACTTATT G   AC T GAGCC GT GAGAA TC CT CG GACGC AAGAT GACAAG CT   T CACG

Cv hsc70 : ACATCGTCTTCTGCGGAGGTTTCACCGTATCCAAAGAGTTCAGAAAGCTCCTTCAAGCTCTTCAACGGCAAGGAGCTTAAACAAGTCCATCAACCCGGA : 1097
Pr hsc70 : ACATCGTCTTCTGCGGAGGTTTCACCGTATCCAAAGAGTTCAGAAAGCTCCTTCAAGCTCTTCAACGGCAAGGAGCTTAAACAAGTCCATCAACCCGGA : 1100
      ACAT GT CT GTCGG GGTTC AC CGTAT CCAA T CAGAAGCTCCTTCA GACTTCTTCAACGGCAAGGA CT AACAAGTCCATCAACCC GA

Cv hsc70 : TGAAGCTGTGCTTACGGTTCAGGCTGTGCAAGCCGCTATCTTACCGGTGAGAAAGTCTGAAGCCGTTCAAGATTCCTTCTGTTGATGTTACCCCTG : 1197
Pr hsc70 : TGAAGCTGTGCTTACGGTTCAGGCTGTGCAAGCCGCTATCTTACCGGTGAGAAAGTCTGAAGCCGTTCAAGATTCCTTCTGTTGATGTTACCCCTG : 1200
      TGA GC GT GC TACGG GC GC GT CA GCCGC AT T CACGGTGA AAGTCTGAAG GT CA GA T CT CTG T GA GT AC CC CTG

Cv hsc70 : TCTCTTGGTATCGAGACTGCTGGTGGTGTGTCATGACACCGTTGATCAAGCGTAACACGACCATTCACACCAACAAACCCAGACCTTCACACACCTACGCTG : 1297
Pr hsc70 : TCTCTTGGTATCGAGACTGCTGGTGGTGTGTCATGACACCGTTGATCAAGCGTAACACGACCATTCACACCAACAAACCAACATTCACACACCTACGCTG : 1300
      TC CT GGTATCGAGAC GCTGGTGGTGTGTCATGAC C TTGAT AAGCGTAACAC ACCAT CC ACCAA CAAACCCA AC TTCAC ACCTA C G

Cv hsc70 : ATAACCAACCCGAGTACTATTCAAGTCTACGAGGAGAGCGCTGATGACCAAGGACAACAATCTTCTTGGAAATTCGAGCTCTCTGGTATCCCAAC : 1397
Pr hsc70 : ATAACCAACCCGAGTACTATTCAAGTCTACGAGGAGAGCGCTGATGACCAAGGACAACAACCTTCTTGGTAAATTCGAGCTCTCTGGTATCCCAAC : 1400
      A AACCAACCCG GT CT ATTCAAGT T   GAGGG GAGCGTGC ATGACC   GACAACAA CTCTT GG AAATTCGAGCTC CTGGTAT CC CC

Cv hsc70 : TGGCGCACGGTGGTGTCCCAAAATTGAGGTTGCTTTCGACATTGAGCGCAACCGGATTTCTAACGATATGAGTATCTCTGGTAAAGGAGAAC : 1497
Pr hsc70 : TGGCGCACGGTGGTGTCCCAAAATTGAGGTTGCTTTCGACATTGAGCGCAACCGGATTTCTAACGATATGAGTATCTCTGGTAAAGGAGAAC : 1500
      GCGCCACG GGTGTCCC CAAATTGA GT AC TTCGACATTGA GC AACGGTAT CT AA GTATC GCTG   GA AA   C   AAGGAGAAC

Cv hsc70 : AAGATCAGCATCACCAAGGACAAGGGGCGTCTCAGCAAGGAAGAAATGAGCGCAATGGTCAATGAGCGGAGAGTACAGGAACGAAGATGAGAAACAGA : 1597
Pr hsc70 : AAGATCAGCATCACCAAGGACAAGGGGCGTCTCAGCAAGGAAGAAATGAGCGCAATGGTCAATGAGCGGAGAGTACAGGAACGAAGATGAGAAACAGA : 1600
      AAGAT AC ATCAGCA GACAAGG CGTCT CAA GAAGAAAT GAGCG ATGGTCAA GA GC GA AA TACA GAACGAAGATGAGAAACA A

Cv hsc70 : AAGGAGCTATCTCTCTAAGAAAGCTCTTGAATCTTACTGCTTCAACATGAAGAGACTCTTGAAGATGAGAAGCTCAAGGATAAAATCAGGCGAGCTGA : 1697
Pr hsc70 : AAGGAGCTATCTCTCTAAGAAAGCTCTTGAATCTTACTGCTTCAACATGAAGAGACTCTTGAAGATGAGAAGCTCAAGGATAAAATCAGGCGAGCTGA : 1700
      A GA AC AT G CTAAGAA G CT GAATCTTACTGCTTCAACATGAAG AC T GA GATGAGAAGCT AAGGA AAAATCA G C GA

Cv hsc70 : CAACCAAACTGTTTCTTGAATGAATGCAATGATTTTAACTGGCTGACGCTAACCAGCTGGCTGAGAAAGAGATATGAGCACAACAAACAAAGAACTT : 1797
Pr hsc70 : CAACCAAACTGTTTCTTGAATGAATGCAATGATTTTAACTGGCTGACGCTAACCAGCTGGCTGAGAAAGAGATATGAGCACAACAAACAAAGAACTT : 1800
      CAA CAAA TT T GA AAATGCAA GA   AT AA TGG T GACGCTAACCAGCTGGCTGA AA GAAGA TATGAGCACAACAA AA GAACT

Cv hsc70 : GAAATATCTGTAATCAATTTGACGAAGCTTACCAAGGAGCTGGTGTATGCTTGGGCGATGCCCGGTGGTATGCCCGGAGGTATGCTGTGCTG--- : 1894
Pr hsc70 : GAGGGTCTGTGCAACCGGATTATACGAAGCTTACCAAGGAGCTGGTGTATGCTTGGGCGATGCCCGGTGGTATGCCCGGAGGTATGCTGTGCTG--- : 1897
      GA T T TG AA CC ATT T ACGAAG T TACCAAGG GC GGTGG   CC GG GG ATGCC GGTGGTATGCC   AGG T CCTGG G

Cv hsc70 : ---CTGGAGCGCTCCCGGAGGCGCTGGAGCAGGATCTGGACCAACCATCGAAGAGTGCATAA : 1956
Pr hsc70 : CGCTGGAGCGCGGGGAGGAGCTCTGGTGGGATCGGACCCACCATCGAAGAGTGCATAA : 1962
      CTGGAGCCG   G AG CCTGG G   GGATC GGACC ACCATCGAAGA GT GA TAA
```

C

```

Cv_opsin : ATGACGGT--GTTAACGGGTCCCAGTTTTCGCGCATATGGCAGCGGTGGTGTCTCGTGG-----GCCAG-----CAATCAAACGGTGGT : 80
Pr_opsin : ATGGCAATCACCAAGCTGGACCCAG---CACCAGGGGTAGCGGCCATG--CAGTCTTTCGGCATCCACGCCAGGCATTCCGGGTCAAACCAAGACGGTCAT : 95
      ATG C T A C GG CCCAG CC T GC GC TG GTC GG GCC AG AA CA AC GT T

Cv_opsin : TGACAAAGTCTTACCGGAAATGTGACACCTAGTTGATGCCCATTTGGTATCAATTCCACCGATGAAACCCACTCTGGCATGCAATCCTTGGTTTGTGTATT : 180
Pr_opsin : AGACAAAGTCTTACCGGAAATGTGACACCTAGTTGATGCCCATTTGGTATCAATTCCACCGATGAAACCCACTCTGGCATGCAATCCTTGGATTACCATC : 195
      GACAA GT CT CC GAAATG TGCACCT TTGA C CA TGGTA CA TT CCACC TGAA CCACT TGGCA GC T CTGG TT AT

Cv_opsin : GCTCTCTGGGTCTGTCTTCAATTATTTGGAAACGGGATGGTCTCTCTCATCTTCACCTCGACTAAAAATTAAAGGACCCAGCAATTATTTGGTTGTCA : 280
Pr_opsin : AGTCTCTGGGTCTGTCTTCAATTATTTGGAAACGGGATGGTCTCTCTCATCTTCACCGATGAAACCCACTCTGGCATGCAATCCTTGGATTACCATC : 295
      G CTGG TT T TC AT A TGG AACGG ATGGT GT T CAT TTCAC CGAC AA T A GAC CC CTCAAACCTGCTAGTTGTGA

Cv_opsin : ATCTTGCTTTTTCAGACTTTTAAATGATGTTTACTATGGCTCCGCCTATGGTAAACAATTGCTTTTATGAACATATGGGTCTTTGGTCCACTGATGTGTCA : 380
Pr_opsin : ATTTGGCTTTTTCAGACTTTTAAATGATGTTTACTATGGCTCCGCCTATGGTAAACAATTGCTTTTATGAACATATGGGTCTTTGGTCCGACCCGATGTC : 395
      AT T GCTTT TC GACTT T ATGATG TA ATGGCTCCGCCT TGGT TCAA G T ATGAACATATGGGT TTTGGTCC TG CA

Cv_opsin : ATTATATGCCTGTGCTGGTCTCCTGTTGGATGTACTGCTATTTGGTCTATGACACGGATTTGACATTTGACAGGTACAAATGTATCGTTAAGGGTTTGA : 480
Pr_opsin : ATTCATATGCCTGTGCTGGTCTCCTGTTGGATGTACTGCTATTTGGTCTATGACACGGATTTGACATTTGACAGGTACAAATGTATCGTTAAGGGTTTGA : 495
      ATT TATGCCTG GG TC CT TT GGATG CTC AT TGG C ATGACAGC ATTGC TT GAC G TACAATGT ATCGT AAGGGT T GC

Cv_opsin : GCAAAACCCATGACCATTGGCGGAGCATTACTACGAATCTTGGGTATCTGGCTGTTCTGCTTGCATGAGACCATCTTCCACTTTTGGATGGAAACGAT : 580
Pr_opsin : GCAAAACCCATGACCATTAAACGTTGTTACTGAGAATCTTGGTCTATGGCTATTTCTCTTGCATGAGACCATCTTCCACTTTTGGATGGAAACGAT : 595
      GC AA CC ATGACCATT C G GC TTA CT GAATC T GGT T TGGCT TTCT TCTTGCATGGAC T CC T TT GG TGA C GAT

Cv_opsin : ACGTACCGGAAAGGTAAATGACTGCTTGTGGTACTGACTACATCAACCAAGATTGGTTCTCAAGATCATACATCCTAGCGTACTCGATATTTGTTTACTA : 680
Pr_opsin : ACGTCCCGAGGGCAACATGACGCTTGTGGTACTGACTACATCAACCAAGATTGGTTCTCAAGATCATACATCCTAGCGTACTCGATATTTGTTTACTA : 695
      ACGT CC GA GG AACATGAC GCTTGTGG ACTGACTAC T A CAA GA TGG C GA TACATC T GTA C AT TACT

Cv_opsin : CTGCCACTCTTCCCTCATCATCTACAGTTACTACTTCAATCTCTGGCTGTAATGCTCACGAGAAAGATATGCGGAAACAGGCCAAGAAAATGAATGTC : 780
Pr_opsin : CTGCCACTTTTCCCTCATCTACTCTGTAAGTTTATTTGACAGGCTGTTTGCAGCAACGAGAGGGCCATGAGGGAACAGGCCAAGAAAATGAACGTT : 795
      C TGCCACT TTCCTCATC TCTAC TACT TT AT T GCTGT C GC CACGAGA G ATG G GAACAGGC AAGAAAATGA A GT

Cv_opsin : GCATCTCTTCTGCTCTCAGGAAATCAAAATCAAGCGCTGAATGCAAAATTTGGCAAGGTTGCAATTAACAATATTTCTCTGTTGTTTATGGCTTGGAGTCT : 880
Pr_opsin : GCCTCTCTTCTGCTCTCAGGAAATCAAAATCAAGCGCTGAATGCAAAATTTGGCAAGGTTGCAATTAACAATATTTCTCTGTTGTTTATGGCTTGGAGTCT : 895
      GC TCTCTT G TCT GGAA A AA AGCGCTGA TGCAA T GC AAGTTGCA T A AC AT TC CT TGGTT ATGGC TGGAC C

Cv_opsin : CATACTTGGTAATAAATACCGCGGAATTTTGAACGATTAATATATCAGTCCACTTTTCACAACTCTGGGGATCGGTATTTGCTAAAGCAATGCTGTCTA : 980
Pr_opsin : CATACTTGGTAATAAATACCGCGGAATTTTGAACGATTAATATATCAGTCCACTTTTCACAACTCTGGGGATCGGTATTTGCTAAAGCAATGCTGTCTA : 995
      C TAC TGGTAAT T TCGG GGA TTTT GA AC A C ATCAG CCACT T AC ATCTGGGG TC GT TTTGCTAAAGC AATGC GT TA

Cv_opsin : CAATCCAATTGTCTATGCTATCAGTCAACCTAAATACAGGAGCATTTATTCGCACGATTTCCCATCTTGGCTTGGCGCTGAAATCATCTGACG----G : 1076
Pr_opsin : CAATCCAATTGTCTATGCTATCAGTCAACCTAAATACAGGAGCATTTATTCGCACGATTTCCCATCTTGGCTTGGCGCTGAAATCATCTGACG----G : 1095
      CAATCCAATTGT TATGG ATCAG CACC AAATAC G GC GC TAT C G TTCCA C TGCG TGC A A CA CTGA G G

Cv_opsin : CGAT--GCTACTCTTCAAGCGGACCTACTACTGAAGGTGAAAAAGCCAAAC--GGGTAA : 1131
Pr_opsin : GSATCACTAGCTCTTCAAGCGGACCTACTACTGAAGGTGAAAAAGCCAAAC--GGGTAA : 1149
      GAT G C TCT C GC ACC CT AC GA G A AA CCA C GC TAA

```

d

```

Prap0202 : TCTTAATATATATATTTCTTGTGTGCGTGTGTATGTGACTGAACCTCCTAAACGACTGGACCGATTAGACGAAATTTTTTGTGTGTTCAGGGGGA : 100
Cves_Hel1Aa : TCTTAATATATATATTTCTTGTGTGCGTGTGTATGTGACTGAACCTCCTAAACGACTGGACCGATTAGATGAAATTTTTTGTGTGTTCAGGGGGA : 100
Prap_Hel1Aa : TCTTAATATATATATTTCTTGTGTGCGTGTGTATGTGACTGAACCTCCTAAACGACTGGACCGATTAGACGAAATTTTTTGTGTGTTCAGGGGGA : 100
      TCTTAATATATATATTTCTTGTGTGCGTGTGTATGTGACTGAACCTCCTAAACGACTGGACCGATTAGACGAAATTTTTTGTGTGTTCAGGGGGA

Prap0202 : TCTGGGA----TTTAGATTACAATTTTGTCCGCTGGACAATGTTTTTTAATTAATTTTCAATTTATTAGTTGTTGTTGATTTTGAATGTTTACATT : 196
Cves_Hel1Aa : TCTGGGAATGTTTATAGATTACAATTTTGTCCGCTGGACAATGTTTTTTAATTAATTTTCAATTTATTAGTTGTTGTTGATTTTGAATGTTTACATT : 200
Prap_Hel1Aa : TCTGGGAATGTTTATAGATTACAATTTTGTCCGCTGGACAATGTTTTTTAATTAATTTTCAATTTATTAGTTGTTGTTGATTTTGAATGTTTACATT : 200
      TCTGGGAatggTTTTAGATTACAATTTTGTCCGCTGGACAATGTTTTTTAATTAATTTTCAATTTATTAGTTGTTGTTGATTTTGAATGTTTACATT

Prap0202 : GGATCCGACAGACGGCGCTACCAT----- : 220
Cves_Hel1Aa : GGATCCGACAGACGGCGCTACCATCGCAGTGTCTC : 233
Prap_Hel1Aa : GGATCCGACAGACGGCGCTACCATCGCAGTGTCTCAAAATTTAAATAATATTCGAATTTTAAATTTTAGTCTGTCCCGAAATTTAAAAAAGTTTGTATCA : 300
      GGATCCGACAGACGGCGCTACCATcgcagtgct

Prap0202 : ----- : 227
Cves_Hel1Aa : ----- : -
Prap_Hel1Aa : TTGTGTTATATCGTGTGTGACCATGTGCTGGATCGTTAGATATTGTCATAACATTTGAATAATAATTTTCATCAAATGGCTATTAAAAATTGAAATTT : 400
      gaaattt

Prap0202 : TGAATTAAGACGCTGTAGACAGGACAACGTCTGTCTGGATCCGCTAG : 274
Cves_Hel1Aa : --AAATTAAGACGCTGTAGACAGGACAACGTCTGTCTGGATCCGCTAG : 278
Prap_Hel1Aa : TGAATTAAGACGCTGTAGACAGGACAACGTCTGTCTGGATCCGCTAG : 447
      tgaATTAAGACGCTGTAGACAGGACAACGTCTGTCTGGATCCGCTAG

```

e

```

      *          20          *          40          *          60          *          80          *          100
Cves_Hel1Aa.1 : TCTTAATATATATATTTCTTGTGTGCGTGTGTATGTGACTGAACTCCTCCTAAACGACTGGACCgATTTTGATGAAATTTTTTGTGTGTTC AAGGGGA : 100
Cves_Hel1Aa.2 : TCTTAATATATATATATTTCTTGTGTGCGTGTGTATGTGACTGAACTCCTCCTAAACGACTGGACCgATTTTGATGAAATTTTTTGTGTGTTC AAGGGGA : 100
Cves_Hel1Aa.3 : ----AATATATATATATTTCTTGTGTGCGTGTGTATGTGACTGAACTCCTCCTAAACGACTGGACCgATTTTGATGAAATTTTTTGTGTGTTC AAGGGGA : 96
Cves_Hel1Aa.4 : TCTTAATATATATATATTTCTTGTGTGCGTGTGTATGTGACTGAACTCCTCCTAAACGACTGGACCgATTTTGATGAAATTTTTTGTGTGTTC AAGGGGA : 100
Cves_Hel1Aa.5 : -CTTAATATATATATATTTCTTGTGTGCGTGTGTATGTGACTGAACTCCTCCTAAACGACTGGACCgATTTTGATGAAATTTTTTGTGTGTTC AAGGGGA : 99
Cves_Hel1Aa.6 : TCTTAATATATATATATTTCTTGTGTGCGTGTGTATGTGACTGAACTCCTCCTAAACGACTGGACCgATTTTGATGAAATTTTTTGTGTGTTC AAGGGGA : 100
Cves_Hel1Aa.7 : -CTTAATATATATATATTTCTTGTGTGCGTGTGTATGTGACTGAACTCCTCCTAAACGACTGGACCgATTTTGATGAAATTTTTTGTGTGTTC AAGGGGA : 99
Cves_Hel1Aa.8 : TCTTAATATATATATATTTCTTGTGTGCGTGTGTATGTGACTGAACTCCTCCTAAACGACTGGACCgATTTTGATGAAATTTTTTGTGTGTTC AAGGGGA : 100
Prap0202      : TCTTAATATATATATATTTCTTGTGTGCGTGTGTATGTGACTGAACTCCTCCTAAACGACTGGACCgATTTTGATGAAATTTTTTGTGTGTTC AAGGGGA : 100
               cttAATATATATATATTTCTTGTGTGCGTGTGTATGTGACTGAACTCCTCCTAAACGACTGGACCgATTTTGATGAAATTTTTTGTGTGTTC AAGGGGA

      *          120         *          140         *          160         *          180         *          200
Cves_Hel1Aa.1 : TCTGGGAATGgTTTAGATTcACAATTTTGTCCGCTGGACAATGTTTTTTTAATTAATTTTAAATTTATTAGTAGTTGTTGATTTTGGAAATGTTTTACATT : 200
Cves_Hel1Aa.2 : TCTGGGAATGgTTTAGATTcACAATTTTGTCCGCTGGACAATGTTTTTTTAATTAATTTTAAATTTATTAGTAGTTGTTGATTTTGGAAATGTTTTACATT : 200
Cves_Hel1Aa.3 : TCTGGGAATGgTTTAGATTcACAATTTTGTCCGCTGGACAATGTTTTTTTAATTAATTTTAAATTTATTAGTAGTTGTTGATTTTGGAAATGTTTTACATT : 196
Cves_Hel1Aa.4 : TCTGGGAATGgTTTAGATTcACAATTTTGTCCGCTGGACAAGTGTTTTTTTAATTAATTTTAAATTTATTAGTAGTTGTTGATTTTGGAAATGTTTTACATT : 200
Cves_Hel1Aa.5 : TCTGGGAATGgTTTAGATTcACAATTTTGTCCGCTGGACAATGTTTTTTTAATTAATTTTAAATTTATTAGTAGTTGTTGATTTTGGAAATGTTTTACATT : 199
Cves_Hel1Aa.6 : TCTGGGAATGgTTTAGATTcACAATTTTGTCCGCTGGACAATGTTTTTTTAATTAATTTTAAATTTATTAGTAGTTGTTGATTTTGGAAATGTTTTACATT : 200
Cves_Hel1Aa.7 : TCTGGGAATGgTTTAGATTcACAATTTTGTCCGCTGGACAATGTTTTTTTAATTAATTTTAAATTTATTAGTAGTTGTTGATTTTGGAAATGTTTTACATT : 199
Cves_Hel1Aa.8 : TCTGGGAATGgTTTAGATTcACAATTTTGTCCGCTGGACAATGTTTTTTTAATTAATTTTAAATTTATTAGTAGTTGTTGATTTTGGAAATGTTTTACATT : 200
Prap0202      : TCTGGGA----TTTAGATTcACAATTTTGTCCGCTGGACAATGTTTTTTTAATTAATTTTAAATTTATTAGTAGTTGTTGATTTTGGAAATGTTTTACATT : 196
               TCTGGGAatggTTTAGATTcACAATTTTGTCCGCTGGACAATGTTTTTTTAATTAATTTTAAATTTATTAGTAGTTGTTGATTTTGGAAATGTTTTACATT

      *          220         *          240         *          260         *
Cves_Hel1Aa.1 : GGATCCGACAGACGGCGCTACCATCGCAgTGTCAAATTAAGACGTGTAGACAGGACAACGTCTGTCTCGGgTACGCTAG : 278
Cves_Hel1Aa.2 : GGATCCGACAGACGGCGCTACCATCGCAgTGTCAAATTAAGACGTGTAGACAGGACAACGTCTGTCTCGGgTACGCTAG : 278
Cves_Hel1Aa.3 : GGATCCGACAGACGGCGCTACCATCGCAgTGTCAAATTAAGACGTGTAGACAGGACAACGTCTGTCTCGGgTACGCTAG : 274
Cves_Hel1Aa.4 : GGATCCGACAGACGGCGCTACCATCGCAgTGTCAAATTAAGACGTGTAGACAGGACAACGTCTGTCTCGGgTACGCTAG : 277
Cves_Hel1Aa.5 : GGATCCGACAGACGGCGCTACCATCGCAgTGTCAAATTAAGACGTGTAGACAGGACAACGTCTGTCTCGGgTACGCTAG : 277
Cves_Hel1Aa.6 : GGATCCGACAGACGGCGCTACCATCGCAgTGTCAAATTAAGACGTGTAGACAGGACAACGTCTGTCTCGGgTACGCTAG : 277
Cves_Hel1Aa.7 : GGATCCGACAGACGGCGCTACCATCGCAgTGTCAAATTAAGACGTGTAGACAGGACAACGTCTGTCTCGGgTACGCTAG : 277
Cves_Hel1Aa.8 : GGATCCGACAGACGGCGCTACCATCGCAgTGTCAAATTAAGACGTGTAGACAGGACAACGTCTGTCTCGGgTACGCTAG : 277
Prap0202      : GGATCCGACAGACGGCGCTACCATGAAATTTTGAATTAAGACGTGTAGACAGGACAACGTCTGTCTCGGgTACGCTAG : 274
               GGATCCGACAGACGGCGCTACCATcgCAgTgtCAAATTAAGACGTGTAGACAGGACAACGTCTGTCTCGGgTACGCTAG

```

Figure S12

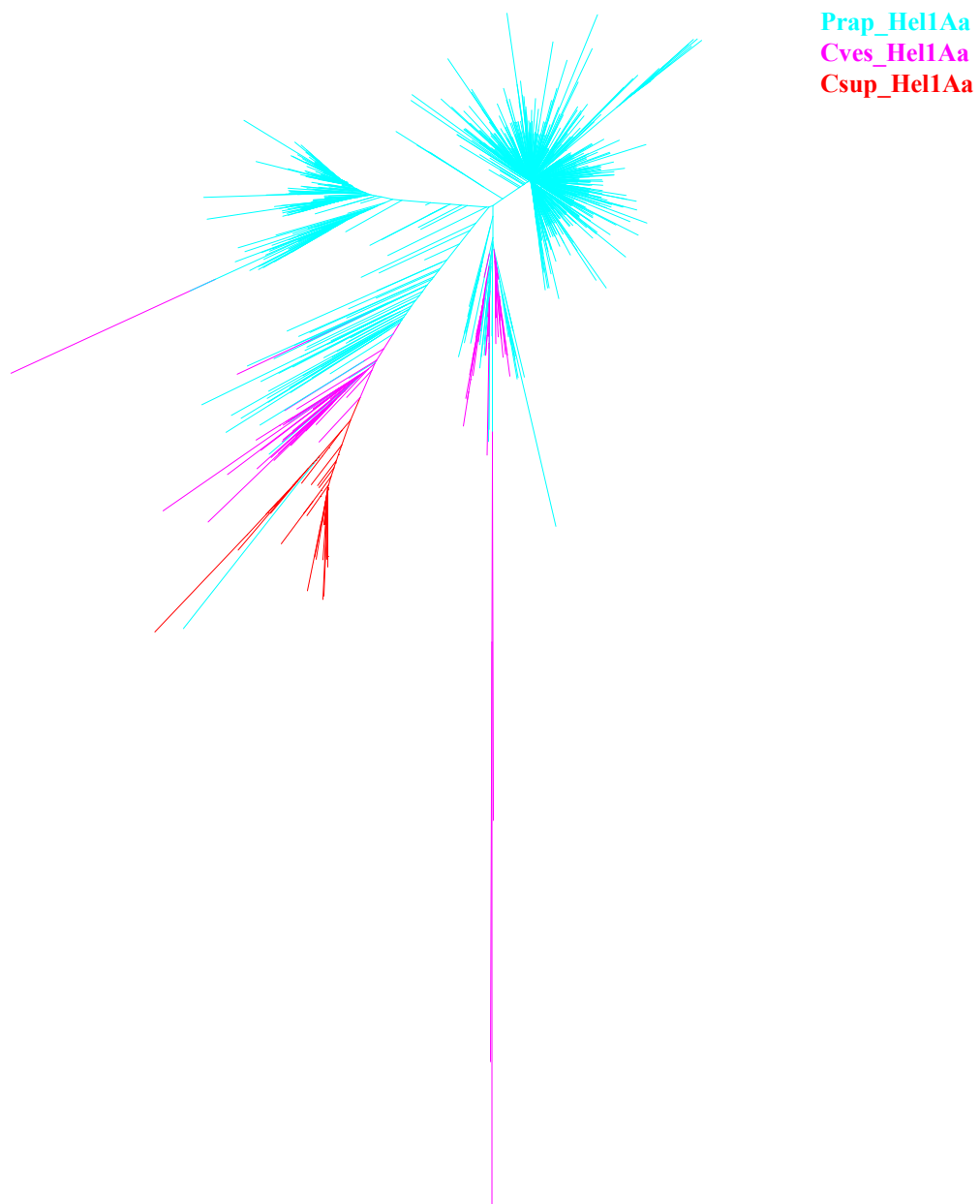


Figure S13

```

      *          20          *          40          *          60          *          80          *          100
sequenced      : GCAAGGCGGCTTCGAGCGAATGTTAAATGTACATAGAAAGAACTCCATTGGTGCACAGTCGGGGATCGAACCTCAGAGATGTCCTGTGTGATGTAGTGT : 100
LWME01000202.1:139357-138278 : GCAAGGCGGCTTCGAGCGAATGTTAAATGTACATAGAAAGAACTCCATTGGTGCACAGTCGGGGATCGAACCTCAGAGATGTCCTGTGTGATGTAGTGT : 100
      GCAAGGCGGCTTCGAGCGAATGTTAAATGTACATAGAAAGAACTCCATTGGTGCACAGTCGGGGATCGAACCTCAGAGATGTCCTGTGTGATGTAGTGT

      *          120          *          140          *          160          *          180          *          200
sequenced      : GATGTGTGATGTAGACCTGAGAGAGTCGCTCAAGCCACTTGGCCAATAATGCTCACAGACATGCCTCAGTTACACACACAATACACACCCACACCCCTAA : 200
LWME01000202.1:139357-138278 : GATGTGTGATGTAGACCTGAGAGAGTCGCTCAAGCCACTTGGCCAATAATGCTCACAGACATGCCTCAGTTACACACACAATACACACCCACACCCCTAA : 200
      GATGTGTGATGTAGACCTGAGAGAGTCGCTCAAGCCACTTGGCCAATAATGCTCACAGACATGCCTCAGTTACACACACAATACACACCCACACCCCTAA

      *          220          *          240          *          260          *          280          *          300
sequenced      : ACGTATTCTCTGTATATGTTTAGAAATTACTGTGCAATTTTAAAGTTAAGTTCACGTACGGTTTTTCTCAATAAAATACAATGGCATGTACAATAAATAA : 300
LWME01000202.1:139357-138278 : ACGTATTCTCTGTATATGTTTAGAAATTACTGTGCAATTTTAAAGTTAAGTTCACGTACGGTTTTTCTCAATAAAATACAATGGCATGTACAATAAATAA : 300
      ACG ATTCTCTGTATATGTTTAGAAATTACT GTCAATTTTAAAGTTAAGTTCACGTACGGTTTTTCTCAATAAAATACAATGGCATGTACAATAAATAA

      *          320          *          340          *          360          *          380          *          400
sequenced      : TAGATTGCATTATTATTACTACATACTTAATTTATTTCTTTAAAAATACATACAAAAATTTACAAACATTATTTATCGTTGTATAAACTTTATTGCAAAAT : 400
LWME01000202.1:139357-138278 : TAGATTGCATTATTATTACTACATACTTAATTTATTTCTTTAAAAATACATACAAAAATTTACAAACATTATTTATCGTTGTATAAACTTTATTGCAAAAT : 399
      TAGATTGCATTATTATTACTACATACTTAATTTATTTCTTTAAAAATACATACAAAAATTTACAAACATTATTTATCGTTGTATAAACTTTATTGCAAAAT
      T G TTGCATTATTATTACTACATACTTAATTTATTTCTTTAAAAATACATACAAAAATTTACAAACATTATTT TCGTTGTATAAACTTTATTGCAAAAT

      *          420          *          440          *          460          *          480          *          500
sequenced      : ATA----- : 403
LWME01000202.1:139357-138278 : ACATCTTAATATATATATTTCTTTGTGTGCGTGTGTATGTGACTGAACTCCTCCTAAACGACTGGACCGATTAGACGAAATTTTTTGTGTGTGTTCAAGG : 499
      A A

      *          520          *          540          *          560          *          580          *          600
sequenced      : ----- : -
LWME01000202.1:139357-138278 : GGATCTGGGATTTAGAGTTCACAATTTTGTCCGCTGGACAATGTTTTTTTAATTAATTTTCAATTTATTAGTTGTGTTGATTTTGGAATGTTTTACATTG : 599

      *          620          *          640          *          660          *          680          *          700
sequenced      : ----- : 426
LWME01000202.1:139357-138278 : GATCCGACAGACGGCGCTACCATGAAATTTTGAAATTAAGACGTGTAGACAGGACAACGCTCTGTCGGATCCGCTAGTGAATATATAAAATTTACAAATGA : 699
      TGAATATATAAAATTTACAAATGA

      *          720          *          740          *          760          *          780          *          800
sequenced      : TAACGTTTCTGAGAACA CAATTATAAGTATAGAAAAGATATTTCTAAGTAAATCACAGGCTGTAAAAGAATCACGTACCTCCCATAACCTTTAAAAATACA : 526
LWME01000202.1:139357-138278 : TAACGTTTCTGAGAACA CAATTATAAGTATAGAAAAGATATTTCTAAGTAAATCACAGGCTGTAAAAGAATCACGTACCTCCCATAACCTTTAAAAATACA : 799
      TAACGTTTCTGAGAACA AATTATAAGTAT GAAAAGATATTTCTAAGTAAATCACAGGCTGTAAAAGAATCACGTACCTCCCATAACCTTTAAAAATACA

      *          820          *          840          *          860          *          880          *          900
sequenced      : ATCCTAATTACCCACAC TAAGGGTTCTTTATGGCGATCATAATTTTATTTCAGATTGAAATATAATAAAAGGACAAATTAAGACACCATAAACGTTTTTTA : 626
LWME01000202.1:139357-138278 : ATCCTAATTACCCACAC TAAGGGTTCTTTATGGCGATCATAATTTTATTTCAGATTGAAATATAATAAAAGGACAAATTAAGACACCATAAACGTTTTTTA : 899
      ATCCTAATTACCCACAC AAGGGTTCTTTATGGCGATCATAATTTTATTTCAGATTGAAATATAATAAAAGGACAAATTAAGACACCATAAACGTTTTTTA

      *          920          *          940          *          960          *          980          *          1000
sequenced      : TAGTTGTATAAACTTTTACGAATAAAATATTGGTTTAAAGTTTTTAATTTGAGATTTAATCGTTTGTGTTTATAGTTTATGAAAATTGAAAAAGTTGTTTTA : 726
LWME01000202.1:139357-138278 : TAGTTGTATAAACTTTTACGAATAAAATATTGGTTTAAAGTTTTTAATTTGAGATTTAATCGTTTGTGTTTATAGTTTATGAAAATTGAAAAAGTTGTTTTA : 999
      TAGTTGTATAAACTTTTACGAATAAAATATTGGTTTAAAGTTTTTAATTTGAGATTTAATCGTTTGTGTTTATAGTTTATGAAAATTGAAAAAGTTGTTTTA

      *          1020          *          1040          *          1060          *          1080
sequenced      : TGGACGAACAAATCTTCGTCGCTTAGACAT AAACGCAAGTTCATAACCTCGAGCATGGCGCAGACATTACTGCATTCTT : 806
LWME01000202.1:139357-138278 : TGGACGAACAAATCTTCGTCGCTTAGACAT AAACGCAAGTTCATAACCTCGAGCATGGCGCAGACATTACTGCATTCTT : 1080
      TGGACGAACAAATCTTCGTCGCTTAGACAT AAACGCAAGTTCATAACCTCGAGCATGGCGCAGACATTACTGCATTCTT

```

Figure S14

```

Prap_Hell1Aa      : -----*-----20-----*-----40-----*-----60-----*-----80-----*-----100-----: 80
LWME01005467.1_645_1132 : GTAAAGCCGATTATAATCACTCTTAATATATATATTTCTTGTGTGCGGTGTATGTGACTGAACCTCCTCCTAAACGACTGGACCGATTTAGACGAAATTT : 100
LWME01001026.1_73386_72899 : AAGCCGGGGCGGGTCGTAGCTCTTAATATATATATTTCTTGTGTGCGGTGTATGTGACTGAACCTCCTCCTAAACGACTGGACCGATTTAGACGAAATTT : 100
LWME01000775.1_125775_126262 : ATTCAAATTAGGTTATAATACTCTTAATATATATATTTCTTGTGTGCGGTGTATGTGACTGAACCTCCTCCTAAACGACTGGACCGATTTAGACGAAATTT : 100
LWME01000397.1_220083_219596 : GGAAGTTACAATTATGAATACTCTTAATATATATATTTCTTGTGTGCGGTGTATGTGACTGAACCTCCTCCTAAACGACTGGACCGATTTAGACGAAATTT : 100
LWME01000318.1_189577_189090 : GTTAAATTTAAAAATAGTTTTACTCTTAATATATATATTTCTTGTGTGCGGTGTATGTGACTGAACCTCCTCCTAAACGACTGGACCGATTTAGACGAAATTT : 100
LWME01000220.1_194836_195323 : TTACAGCAAAATGATACATACTCTTAATATATATATTTCTTGTGTGCGGTGTATGTGACTGAACCTCCTCCTAAACGACTGGACCGATTTAGACGAAATTT : 100
LWME01000197.1_94272_93785 : AGCCAAGACTGTTCTGTACATCTCTTAATATATATATTTCTTGTGTGCGGTGTATGTGACTGAACCTCCTCCTAAACGACTGGACCGATTTAGACGAAATTT : 100
LWME01000160.1_219201_219688 : TACATGTCCTTTTATACATACTCTTAATATATATATTTCTTGTGTGCGGTGTATGTGACTGAACCTCCTCCTAAACGACTGGACCGATTTAGACGAAATTT : 100
LWME01000129.1_2104289_2103802 : CGAGATGGAATTAGTCTATACTCTTAATATATATATTTCTTGTGTGCGGTGTATGTGACTGAACCTCCTCCTAAACGACTGGACCGATTTAGACGAAATTT : 100
LWME01000101.1_7839_8326 : AATTGGCGTTAAAAATTTATACTCTTAATATATATATTTCTTGTGTGCGGTGTATGTGACTGAACCTCCTCCTAAACGACTGGACCGATTTAGACGAAATTT : 100
LWME01000079.1_22151_22638 : ATTTAAATAGAAAACTTAACTCTTAATATATATATTTCTTGTGTGCGGTGTATGTGACTGAACCTCCTCCTAAACGACTGGACCGATTTAGACGAAATTT : 100
CTCTTAATATATATATTTCTTGTGTGCGGTGTATGTGACTGAACCTCCTCCTAAACGACTGGACCGATTTAGACGAAATTT

Prap_Hell1Aa      : -----*-----120-----*-----140-----*-----160-----*-----180-----*-----200-----: 180
LWME01005467.1_645_1132 : TTTGTGTGTGTTCAAGGGGATCTGGGAATGGTTTAGATTACACAATTTTGTCCGCTGGACAATGTTTTTTTAATTAATTTTCAATTTATTAGTTGTTGTTG : 200
LWME01001026.1_73386_72899 : TTTGTGTGTGTTCAAGGGGATCTGGGAATGGTTTAGATTACACAATTTTGTCCGCTGGACAATGTTTTTTTAATTAATTTTCAATTTATTAGTTGTTGTTG : 200
LWME01000775.1_125775_126262 : TTTGTGTGTGTTCAAGGGGATCTGGGAATGGTTTAGATTACACAATTTTGTCCGCTGGACAATGTTTTTTTAATTAATTTTCAATTTATTAGTTGTTGTTG : 200
LWME01000397.1_220083_219596 : TTTGTGTGTGTTCAAGGGGATCTGGGAATGGTTTAGATTACACAATTTTGTCCGCTGGACAATGTTTTTTTAATTAATTTTCAATTTATTAGTTGTTGTTG : 200
LWME01000318.1_189577_189090 : TTTGTGTGTGTTCAAGGGGATCTGGGAATGGTTTAGATTACACAATTTTGTCCGCTGGACAATGTTTTTTTAATTAATTTTCAATTTATTAGTTGTTGTTG : 200
LWME01000220.1_194836_195323 : TTTGTGTGTGTTCAAGGGGATCTGGGAATGGTTTAGATTACACAATTTTGTCCGCTGGACAATGTTTTTTTAATTAATTTTCAATTTATTAGTTGTTGTTG : 200
LWME01000197.1_94272_93785 : TTTGTGTGTGTTCAAGGGGATCTGGGAATGGTTTAGATTACACAATTTTGTCCGCTGGACAATGTTTTTTTAATTAATTTTCAATTTATTAGTTGTTGTTG : 200
LWME01000160.1_219201_219688 : TTTGTGTGTGTTCAAGGGGATCTGGGAATGGTTTAGATTACACAATTTTGTCCGCTGGACAATGTTTTTTTAATTAATTTTCAATTTATTAGTTGTTGTTG : 200
LWME01000129.1_2104289_2103802 : TTTGTGTGTGTTCAAGGGGATCTGGGAATGGTTTAGATTACACAATTTTGTCCGCTGGACAATGTTTTTTTAATTAATTTTCAATTTATTAGTTGTTGTTG : 200
LWME01000101.1_7839_8326 : TTTGTGTGTGTTCAAGGGGATCTGGGAATGGTTTAGATTACACAATTTTGTCCGCTGGACAATGTTTTTTTAATTAATTTTCAATTTATTAGTTGTTGTTG : 200
LWME01000079.1_22151_22638 : TTTGTGTGTGTTCAAGGGGATCTGGGAATGGTTTAGATTACACAATTTTGTCCGCTGGACAATGTTTTTTTAATTAATTTTCAATTTATTAGTTGTTGTTG : 200
TTTGTGTGTGTTCAAGGGGATCTGGGAATGGTTTAGATTACACAATTTTGTCCGCTGGACAATGTTTTTTTAATTAATTTTCAATTTATTAGTTGTTGTTG

Prap_Hell1Aa      : -----*-----220-----*-----240-----*-----260-----*-----280-----*-----300-----: 280
LWME01005467.1_645_1132 : ATTTTGGAAATGTTTTACATTGGATCCGACAGACGGCGCTACCATCGCAGTGTCAAATTTTAAATAAATATTCGAAATTTTAATTTTAGTCTGTGCCGAAATTT : 300
LWME01001026.1_73386_72899 : ATTTTGGAAATGTTTTACATTGGATCCGACAGACGGCGCTACCATCGCAGTGTCAAATTTTAAATAAATATTCGAAATTTTAATTTTAGTCTGTGCCGAAATTT : 300
LWME01000775.1_125775_126262 : ATTTTGGAAATGTTTTACATTGGATCCGACAGACGGCGCTACCATCGCAGTGTCAAATTTTAAATAAATATTCGAAATTTTAATTTTAGTCTGTGCCGAAATTT : 300
LWME01000397.1_220083_219596 : ATTTTGGAAATGTTTTACATTGGATCCGACAGACGGCGCTACCATCGCAGTGTCAAATTTTAAATAAATATTCGAAATTTTAATTTTAGTCTGTGCCGAAATTT : 300
LWME01000318.1_189577_189090 : ATTTTGGAAATGTTTTACATTGGATCCGACAGACGGCGCTACCATCGCAGTGTCAAATTTTAAATAAATATTCGAAATTTTAATTTTAGTCTGTGCCGAAATTT : 300
LWME01000220.1_194836_195323 : ATTTTGGAAATGTTTTACATTGGATCCGACAGACGGCGCTACCATCGCAGTGTCAAATTTTAAATAAATATTCGAAATTTTAATTTTAGTCTGTGCCGAAATTT : 300
LWME01000197.1_94272_93785 : ATTTTGGAAATGTTTTACATTGGATCCGACAGACGGCGCTACCATCGCAGTGTCAAATTTTAAATAAATATTCGAAATTTTAATTTTAGTCTGTGCCGAAATTT : 300
LWME01000160.1_219201_219688 : ATTTTGGAAATGTTTTACATTGGATCCGACAGACGGCGCTACCATCGCAGTGTCAAATTTTAAATAAATATTCGAAATTTTAATTTTAGTCTGTGCCGAAATTT : 300
LWME01000129.1_2104289_2103802 : ATTTTGGAAATGTTTTACATTGGATCCGACAGACGGCGCTACCATCGCAGTGTCAAATTTTAAATAAATATTCGAAATTTTAATTTTAGTCTGTGCCGAAATTT : 300
LWME01000101.1_7839_8326 : ATTTTGGAAATGTTTTACATTGGATCCGACAGACGGCGCTACCATCGCAGTGTCAAATTTTAAATAAATATTCGAAATTTTAATTTTAGTCTGTGCCGAAATTT : 300
LWME01000079.1_22151_22638 : ATTTTGGAAATGTTTTACATTGGATCCGACAGACGGCGCTACCATCGCAGTGTCAAATTTTAAATAAATATTCGAAATTTTAATTTTAGTCTGTGCCGAAATTT : 300
ATTTTGGAAATGTTTTACATTGGATCCGACAGACGGCGCTACCATCGCAGTGTCAAATTTTAAATAAATATTCGAAATTTTAATTTTAGTCTGTGCCGAAATTT

Prap_Hell1Aa      : -----*-----320-----*-----340-----*-----360-----*-----380-----*-----400-----: 380
LWME01005467.1_645_1132 : TAAAAAAAGTTTTGTTATCATTGTGTTATATCGTGTGTGACCATGTGCTGGATCGTTAGATATTGTCATAACATTTGAATAATAAATTTTCATCAAAATGG : 400
LWME01001026.1_73386_72899 : TAAAAAAAGTTTTGTTATCATTGTGTTATATCGTGTGTGACCATGTGCTGGATCGTTAGATATTGTCATAACATTTGAATAATAAATTTTCATCAAAATGG : 400
LWME01000775.1_125775_126262 : TAAAAAAAGTTTTGTTATCATTGTGTTATATCGTGTGTGACCATGTGCTGGATCGTTAGATATTGTCATAACATTTGAATAATAAATTTTCATCAAAATGG : 400
LWME01000397.1_220083_219596 : TAAAAAAAGTTTTGTTATCATTGTGTTATATCGTGTGTGACCATGTGCTGGATCGTTAGATATTGTCATAACATTTGAATAATAAATTTTCATCAAAATGG : 400
LWME01000318.1_189577_189090 : TAAAAAAAGTTTTGTTATCATTGTGTTATATCGTGTGTGACCATGTGCTGGATCGTTAGATATTGTCATAACATTTGAATAATAAATTTTCATCAAAATGG : 400
LWME01000220.1_194836_195323 : TAAAAAAAGTTTTGTTATCATTGTGTTATATCGTGTGTGACCATGTGCTGGATCGTTAGATATTGTCATAACATTTGAATAATAAATTTTCATCAAAATGG : 400
LWME01000197.1_94272_93785 : TAAAAAAAGTTTTGTTATCATTGTGTTATATCGTGTGTGACCATGTGCTGGATCGTTAGATATTGTCATAACATTTGAATAATAAATTTTCATCAAAATGG : 400
LWME01000160.1_219201_219688 : TAAAAAAAGTTTTGTTATCATTGTGTTATATCGTGTGTGACCATGTGCTGGATCGTTAGATATTGTCATAACATTTGAATAATAAATTTTCATCAAAATGG : 400
LWME01000129.1_2104289_2103802 : TAAAAAAAGTTTTGTTATCATTGTGTTATATCGTGTGTGACCATGTGCTGGATCGTTAGATATTGTCATAACATTTGAATAATAAATTTTCATCAAAATGG : 400
LWME01000101.1_7839_8326 : TAAAAAAAGTTTTGTTATCATTGTGTTATATCGTGTGTGACCATGTGCTGGATCGTTAGATATTGTCATAACATTTGAATAATAAATTTTCATCAAAATGG : 400
LWME01000079.1_22151_22638 : TAAAAAAAGTTTTGTTATCATTGTGTTATATCGTGTGTGACCATGTGCTGGATCGTTAGATATTGTCATAACATTTGAATAATAAATTTTCATCAAAATGG : 400
TAAAAAAAGTTTTGTTATCATTGTGTTATATCGTGTGTGACCATGTGCTGGATCGTTAGATATTGTCATAACATTTGAATAATAAATTTTCATCAAAATGG

Prap_Hell1Aa      : -----*-----420-----*-----440-----*-----460-----*-----480-----: 447
LWME01005467.1_645_1132 : CTTATTAAAAAATTGAAATTTTGAATTTAAAGACGTGTAGACAGGACAACGCTGTGCGGATCCGCTAG----- : 447
LWME01001026.1_73386_72899 : CTTATTAAAAAATTGAAATTTTGAATTTAAAGACGTGTAGACAGGACAACGCTGTGCGGATCCGCTAGTACTACATATAAATATCAAT : 487
LWME01000775.1_125775_126262 : CTTATTAAAAAATTGAAATTTTGAATTTAAAGACGTGTAGACAGGACAACGCTGTGCGGATCCGCTAGTATATTATAAATATTGAGAG : 487
LWME01000397.1_220083_219596 : CTTATTAAAAAATTGAAATTTTGAATTTAAAGACGTGTAGACAGGACAACGCTGTGCGGATCCGCTAGTTATAATATAAATATATATA : 487
LWME01000318.1_189577_189090 : CTTATTAAAAAATTGAAATTTTGAATTTAAAGACGTGTAGACAGGACAACGCTGTGCGGATCCGCTAGTAAGTATATAAAGGGAGG : 487
LWME01000220.1_194836_195323 : CTTATTAAAAAATTGAAATTTTGAATTTAAAGACGTGTAGACAGGACAACGCTGTGCGGATCCGCTAGTACGATATAAATGTTTGT : 487
LWME01000197.1_94272_93785 : CTTATTAAAAAATTGAAATTTTGAATTTAAAGACGTGTAGACAGGACAACGCTGTGCGGATCCGCTAGTGTTTATGTATTTTGTCTCAC : 487
LWME01000160.1_219201_219688 : CTTATTAAAAAATTGAAATTTTGAATTTAAAGACGTGTAGACAGGACAACGCTGTGCGGATCCGCTAGTTATTATTATATATTTCCCT : 487
LWME01000129.1_2104289_2103802 : CTTATTAAAAAATTGAAATTTTGAATTTAAAGACGTGTAGACAGGACAACGCTGTGCGGATCCGCTAGTATATATACAAATATTTT : 487
LWME01000101.1_7839_8326 : CTTATTAAAAAATTGAAATTTTGAATTTAAAGACGTGTAGACAGGACAACGCTGTGCGGATCCGCTAGTTTATTATATATAAGAGAA : 487
LWME01000079.1_22151_22638 : CTTATTAAAAAATTGAAATTTTGAATTTAAAGACGTGTAGACAGGACAACGCTGTGCGGATCCGCTAGTTATTATATAATATTAAGTC : 487
CTTATTAAAAAATTGAAATTTTGAATTTAAAGACGTGTAGACAGGACAACGCTGTGCGGATCCGCTAG

```

Figure S15

a

```

      *      20      *      40      *      60      *      80
Bmor_Hel1Ca : TCTTTATA TATATA TTCTTCTG TGGTGTGTTT GTCACTGAACCTCTCTT AACGGCTGG ACCGATTT -AATG - -ATTT : 78
Cvic_Hel1Ca : TCTTTATA TATATA TTCTTCTG TGGTGTGTTT GTCACTGAACCTCTCTT AACGGCTGG CCGATTT CGATGAAATTT : 80
Emus_Hel1Ca : TCTTTATA TATATA TTCTTCTG TGGTGTGTTT GTCACTGAACCTCTCTT AACGGCTGG CCGATTT CGATGAAATTT : 80
      TCTTTATA TATATAaTTCTTCTGtacGTGTGTTaGTaACTGAACCTCTCTtAACGGCTGGgCCGATTTcgATGaaATTT

      *      100     *      120     *      140     *      160
Bmor_Hel1Ca : TTTGTATCTTT --- GGTGGCCCTGGATGGTTTAGATT CACAAATCAGCCCGGCAGA ----- TGGCGCTGC --- : 141
Cvic_Hel1Ca : GTTGTGTGTGTTTGTAGTGGGTCCCTGGATGGTTTAGATT CACAATTGACCTATATAGG -ACAATGGGCATGGCACCTCCCA : 160
Emus_Hel1Ca : TTTGTGTGTATTAGAGTTGGTCCCTGGATAGTTTAGATT TACAATTGACCTATATAGGTACAATGGGCGTGGCACCTCCCA : 161
      tTTGTgTgT Tt gaGttGGtCCCTGGATgGTTTAGATTcACAAtTgAcCtatatAGg acaatgggc TGGCaCctCcca

      *      180     *      200     *      220     *      240
Bmor_Hel1Ca : -----AGTCGGTATCTAGGTTATTTTATCTTT ----- CCTAGAAATAATTTATAT ----- : 186
Cvic_Hel1Ca : TACAAAGTAAAAATTTA -TTATTGCATATCTGGAGTACTATTATAGTGGGAGTCTTCAAAC -TTTGTGTGAGCTAT --- : 234
Emus_Hel1Ca : TACGAAGTAAAAATTTA -TWATTGCATATCTGAAGCACTATTACAGCGGGAGTCTTCAAAC -TTTGTGTGAGCTGTTT --- : 238
      tac aAGTaaaaATtTA TtATTgCATAtCtG ag actatta ag gggagtCTtcAAAC TTTgTgTgagct t

      *      260     *      280     *      300     *      320
Bmor_Hel1Ca : ----- GGCAAAACAACGTTTGCCGGGCAGCTAG : 215
Cvic_Hel1Ca : ----- GGCAGAAACAACGTTTGCCGGGACAGCTAG : 263
Emus_Hel1Ca : GATAATAATATGCTATTTTGTTGAAAAGTCATTAGCCTTAAATACAATTTTA GGCAGGACAACGTCGCCGGGTCAGCTAG : 318
      GGCAgaACAACGTTtGCCGGG CAGCTAG

```

b

```

      *      20      *      40      *      60      *      80      *      100
Cvic_Hel1Ca.1 : -CTTTATATATATAATTCTTCTGTACGTGTGTTTGTAACTGAACCTCTCTT AACGGCTGG ACCGATTTCGATGAAATTTGTTGTGTGTGTTT GAGTGGG : 99
Cvic_Hel1Ca.2 : -CTTTATATATATAATTCTTCTGTACGTGTGTTTGTAACTGAACCTCTCTT AACGGCTGG CCGATTTTCGATGAAATTTGTTGTGTATGTTT GAGTGGG : 99
Emus_Hel1Ca : TCTTTATATATATAATTCTTCTGAAAGGTGTGTTTGTAACTGAACCTCTCTT AACGGCTGG CCGATTTTCGATGAAATTTT TGTGTGTATTAGAGTTGG : 100
Bmor_Hel1Ca.1 : TCTTGATATATATA TTCTTCTG TGGTGTGTTT GTCACTGAACCTCTCTT AACGGCTGG ACCGATTTCAATGAAATTTCTGTGTATCTT CAGTSGA : 100
      CTTtATATATATAaTTCTTCTGtacGTGTGTTaGTaACTGAACCTCTCTtAACGGCTGG CCGATTTcGATGAAATTTtTGTGT T TT GAgtgGg

      *      120     *      140     *      160     *      180     *      200
Cvic_Hel1Ca.1 : TCCCTGGATGGTTTAGATT CACAATTGACATATATAGGTACAATGGGATGGCAATTCCTATACAAAGTAAAAATTTATATTGCATATCTGGAGTACTA : 199
Cvic_Hel1Ca.2 : TCCCTGGATAGTTTAGATT CACAATTGACCTATATAGGTACAATGGGATGGTAACTCCCATACAAAGTAAAAATTTATATTGCATATCTGGAGTACTA : 199
Emus_Hel1Ca : TCCCTGGATAGTTTAGATT TACAATTGACCTATATAGGTACAATGGGATGGGACCTCCCATACGAAGTAAAAATTTATATTGCATATCTGAAGCACTA : 200
Bmor_Hel1Ca.1 : TTCGAGATGGTTTAGATT TACAATCAGCCGGCAGAT --- GGCGTTGCCAGTCGGCTCTAGGT --- ATTTATCTTTCC --- : 175
      TcCctGgAT GTTTAGATT ACAAtTgAcCtatatAGgtTacaatgGgc TgGCa tccCaTacaagTaaaaATTTAT aTTgCatatctg ag acta

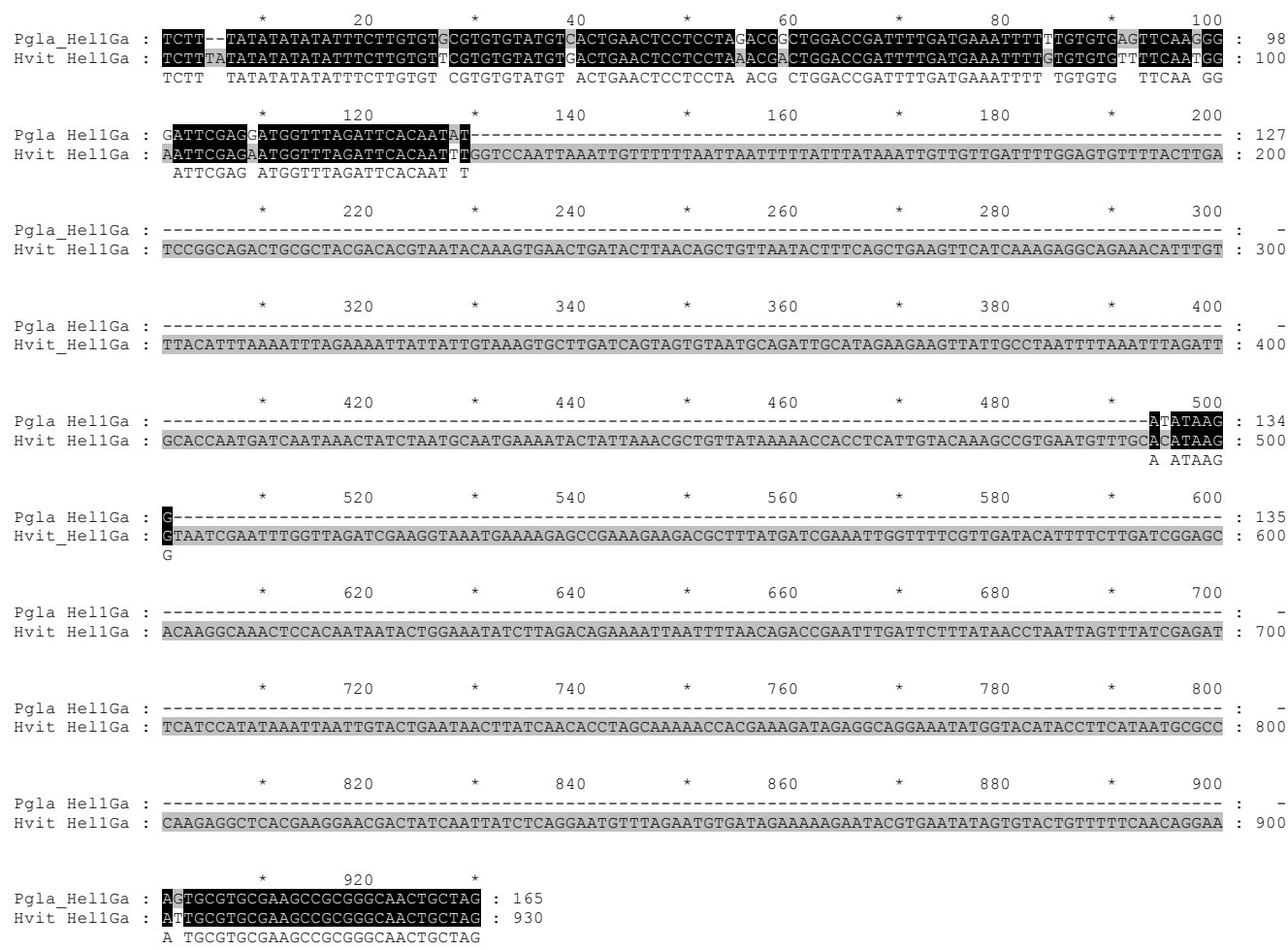
      *      220     *      240     *      260     *      280     *      300
Cvic_Hel1Ca.1 : TTAATAGTGGGAGTCTTCAAACTTTGTGTGGCTAT ----- AACAGAAACAAC : 245
Cvic_Hel1Ca.2 : TTAATAGTGGGAGTCTTCAAACTTTGTGTAGCTAT ----- GGCAGAAACAAC : 245
Emus_Hel1Ca : TTAAGCGGGAGTCTTCAAACTTTGTGTAGCTGT TTTGATAATAATATGCTATTTGTTGAAAAGTCATTAGCCTTAAATACAATTTTA GGCAGGACAAC : 300
Bmor_Hel1Ca.1 : ----- CAGAAAT ----- AATTATAT ----- GACAAACAAC : 202
      tta ag gGgAgTcttcaaAcTTTgTg gct t g CAgAACAAC

      *
Cvic_Hel1Ca.1 : GTTTGCCGGGATAGCAAG : 263
Cvic_Hel1Ca.2 : GTTTGCCGGGACAGCTAG : 263
Emus_Hel1Ca : GTCTGCCGGGTCAGCTAG : 318
Bmor_Hel1Ca.1 : GTTTGCCGGGCAGATA- : 219
      GTTTGCCGGG cAGctAg

```

Figure S16

a



b

	Pgla_Hel1Ga	Hvit_Hel1Ga
Pgla_Hel1Ga		
Hvit_Hel1Ga	0.079	

Figure S17

Csup_He11Aa : TCTTTATATATAATTCTTCTGTGAGTGTGTATGTCAC TGAAC TTCTCTTAAACGACTGGACCGATTTTGATGAAATTT : 80
Csup_He11Ab : TCTTTATATATAATTCTTCTGTGAGTGTGTATGTCAC TGAAC TTCTCTTAAACGACTGGACCGATTTTGATGAAATTT : 80
TCTTTATATATAATTCTTCTGTGAGTGTGTATGTCAC TGAAC TTCTCTTAAACGACTGGACCGATTTTGATGAAATTT

Csup_He11Aa : TTTGTGTGTGTTCAAGGGGATCTGAGAATGGTTTAGATT CACAA ----- : 124
Csup_He11Ab : TTTGTGTGTGTTCAAGGGGATCTGAGAATGGTTTAGATT CACAA TTTGTCCGCTGGACAATGTTTTTTAATTAATTT : 160
TTTGTGTGTGTTCAAGGGGATCTGAGAATGGTTTAGATT CACAA

Csup_He11Aa : -----AGACGT-----GTAGACAGGACAACG : 145
Csup_He11Ab : TAATTTATTAGTAGTTGTTGATTTTGGAATGTTTACATT GGATCCGACAGACGGCGCTACCATAGTAGACAGGACAACG : 240
AGACG TAGACAGGACAACG

Csup_He11Aa : TCTGTCGGGTCCGCTAG : 162
Csup_He11Ab : TCTGTCGGGTCCGCTAG : 257
TCTGTCGGGTCCGCTAG

Figure S18

		*	20	*	40	*	60	
Pxut_He11Aa :	TCTTTATATATATAATTCTTCTGTGAGTGTGTATGTC	ACTTCTCTCAAACGACTGGACCG	:	65				
Pxut_He11Ab :	TCTTTATATATATAATTCTTCTGTGAGTGTGTATGTC	ACTTCTCTCAAACGACTGGACCG	:	65				
	TCTTTATATATATAATTCTTCTGTGAGTGTGTATGTC							
		*	80	*	100	*	120	*
Pxut_He11Aa :	ATTTTGATGAAATTTTTGTGTGTGTTCAAGGGGATCTGGGAATGGTTTAGATT	CACAATTTTGT	:	130				
Pxut_He11Ab :	ATTTTGATGAAATTTTTGTGTGTGTTCAAGGGGATCTGGGAATGGTTTAGATT	CACAATTTT--	:	128				
	ATTTTGATGAAATTTTTGTGTGTGTTCAAGGGGATCTGGGAATGGTTTAGATT							
	140	*	160	*	180	*		
Pxut_He11Aa :	CCGCTGGACAATGTTTTTTTAATTAAATTTTAATTTATTAGTAGTTGTTGATTTT	GGAATGTTTT	:	195				
Pxut_He11Ab :	-----CATCAAATATTAACATTAATT	-----	:	154				
							AT AA T TTAA TT TA TA TT	
	200	*	220	*	240	*	260	
Pxut_He11Aa :	ACATTGGATCCGACAGACGGCGCTACCATCGCAGTGTCAAATTTTAAATAA	TATTCAAATTAAAG	:	260				
Pxut_He11Ab :	-----	TATTCAAATTAAAG	:	168				
							TATTCAAATTAAAG	
	*	280	*					
Pxut_He11Aa :	ACGTGTAGACAGGACAACGTCTGTCTCGGGTCCGCTAG	:	296					
Pxut_He11Ab :	ACGTGTAGACAGGACAACGTCTGTCTCGGGTCCGCTAG	:	204					
	ACGTGTAGACAGGACAACGTCTGTCTCGGGTCCGCTAG							

Figure S19