Figure S4

Alignment of *mct-1* (Seq_1) and *mct-2* (Seq_2) from 3kb before the start codon to 2 kb after the stop codon

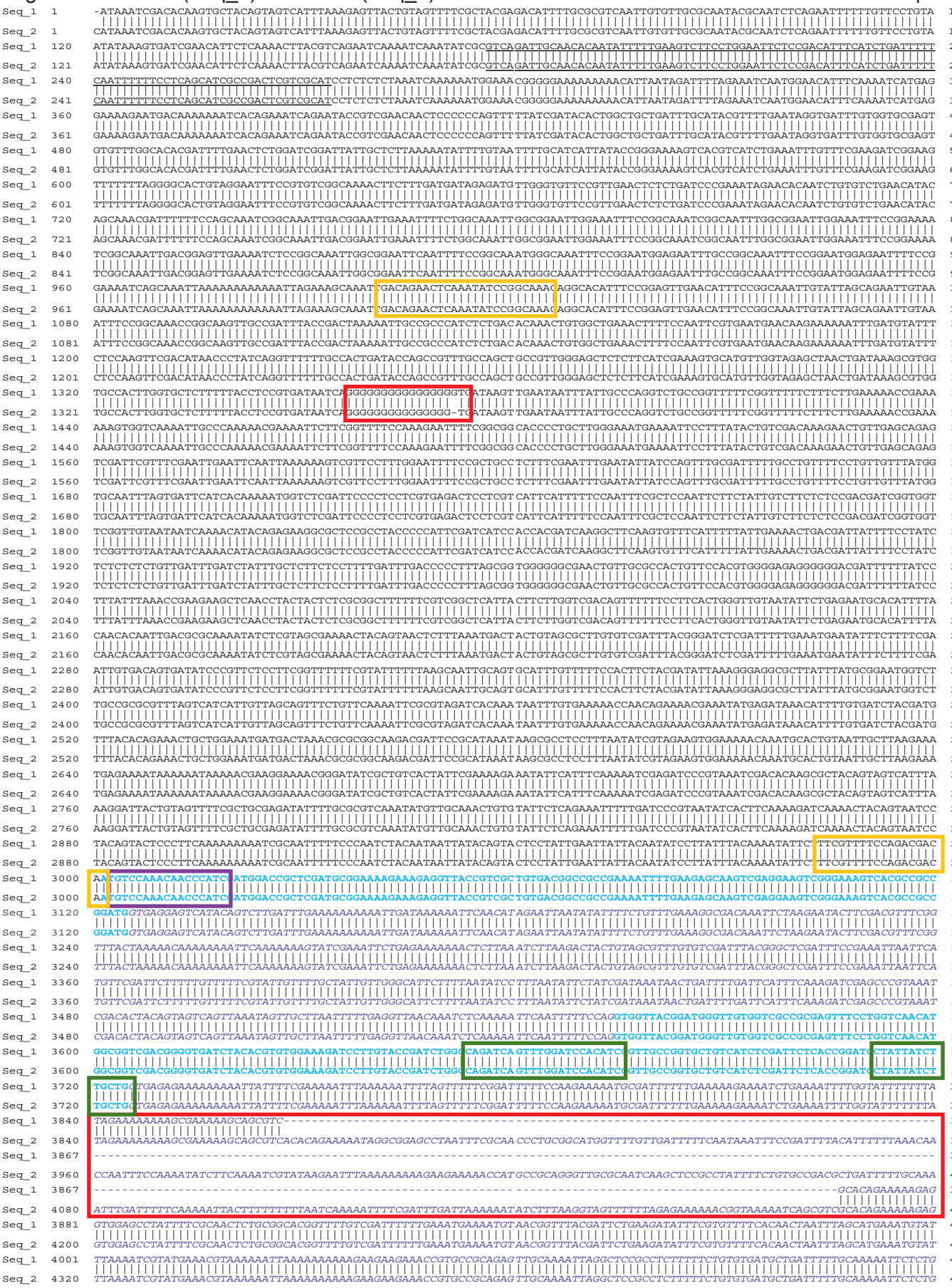

Figure S4

Alignment of *mct-1* (Seq_1) and *mct-2* (Seq_2) from 3kb before the start codon to 2 kb after the stop codon

```
Seq_1  4121  AAATGAAAATTTTTGCATTTTTTGTTGAAAATATCAACAAAAAAAAACGATAAAATTTTTGATTTTCGAAAAAATAATTTTTTTTTAATTCCAACAAAAAAACCCCAATTTCAGGACCAC  4240
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  4440  AAATGAAAATTTTTGCATTTTTTGTTGAAAATATCAACAAAAAAAAACGATAAAATTTTTGATTTTCGAAAAAATAATTTTTTTTTAATTCCAACAAAAAAACCCCAATTTCAGGACCAC  4559

Seq_1  4241  TGCCCTCGTCGTTCGTCAATGTGTTCGGAATCAGATCGGTAGCGATCGCCGGATCGATTCTCGCCACCACCGCCTTCCTCCTGTCCCGTTTCGCCAGCACAATCTGGGAACTTTATCTCC  4360
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  4560  TGCCCTCGTCGTTCGTCAATGTGTTCGGAATCAGATCGGTAGCGATCGCCGGATCGATTCTCGCCACCACCGCCTTCCTCCTGTCCCGTTTCGCCAGCACAATCTGGGAACTTTATCTCC  4679

Seq_1  4361  TGTTCGGAGTTCTCGGTGGAATCGGTTTCGGATGTATGTATCTCCCGTCGATTGTCATTCTCTCGACATATTTCGCGAAAAAACGCAGCGTCGCCACCGGAATTGCCGTCTGCGGCTCGG  4480
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  4680  TGTTCGGAGTTCTCGGTGGAATCGGTTTCGGATGTATGTATCTCCCGTCGATTGTCATTCTCTCGACATATTTCGCGAAAAAACGCAGCGTCGCCACCGGAATTGCCGTCTGCGGCTCGG  4799

Seq_1  4481  GAATCGGTACGATGGTCTTCTCGACGATCAACGGGCCCGTCTTTGATTATTTCGGTAAAGATGTCGGCTCATTTATGGTTTATCTGGCCGCAATTGCCATTTCCGGATCACTTTTCTCGC  4600
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  4800  GAATCGGTACGATGGTCTTCTCGACGATCAACGGGCCCGTCTTTGATTATTTCGGTAAAGATGTCGGCTCATTTATGGTTTATCTGGCCGCAATTGCCATTTCCGGATCACTTTTCTCGC  4919

Seq_1  4601  TTCTTTTCGCTCCACTTAAAGCCACTGAACATCAGGTCAAAAAAGTCGCGAAAATGGTCAGAAATTACGAAGGAAAGCCGGAAGAGCCGACACAGAGACTGCTCGAAGATGTTCGTAACG  4720
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  4920  TTCTTTTCGCTCCACTTAAAGCCACTGAACATCAGGTCAAAAAAGTCGCGAAAATGGTCAGAAATTACGAAGGAAAGCCGGAAGAGCCGACACAGAGACTGCTCGAAGATGTTCGTAACG  5039

Seq_1  4721  ATTTGGAAGAGCTCAATCGCCCCGGACACAATGCTGACACTTTTTACGCCGGAAATGCTCCAGTTAGCAGAAGCCGTTCCAATACTTGTTCGTTTTTGGGAATTTTTCTTTTTAAAAAAA  4840
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  5040  ATTTGGAAGAGCTCAATCGCCCCGGACACAATGCTGACACTTTTTACGCCGGAAATGCTCCAGTTAGCAGAAGCCGTTCCAATACTTGTTCGTTTTTGGGAATTTTTCTTTTTAAAAAAA  5159

Seq_1  4841  TCCAAAATTGTCTCAAATTCAGAGAAACCATAAAAAACAGGAAAAAACGTGATTTTTCAATTTTTAGCTAAATTCCCTCCAAAAGGAGAACTGCAACTTATTACGGGATCGCAAAATTTT  4960
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  5160  TCCAAAATTGTCTCAAATTCAGAGAAACCATAAAAAACAGGAAAAAACGTGATTTTTCAATTTTTAGCTAAATTCCCTCCAAAAGGAGAACTGCAACTTATTACGGGATCGCAAAATTTT  5279

Seq_1  4961  GAGAATGCGTATTACACAACATATTTGACGCGCAAAATATCTCGTAGCGAAAACTACAGTAATCCTGTAAATGACGACTGTATTGCTGCTGATGTCGATTTACGGGGCTCGATTTTCGAA  5080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  5280  GAGAATGCGTATTACACAACATATTTGACGCGCAAAATATCTCGTAGCGAAAACTACAGTAATCCTGTAAATGACGACTGTATTGCTGCTGATGTCGATTTACGGGGCTCGATTTTCGAA  5399

Seq_1  5081  ATAATTTCTTTTTCGAATAGTGACAGCGTAATTTTAATGCAATATCGCTGTCACAATTCGCAAAAAAAAAACCATTTCAAAATTCGATATCCCGTAAATCGACACAAGCGCTACAGTAAC  5200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  5400  ATAATTTCTTTTTCGAATAGTGACAGCGTAATTTTAATGCAATATCGCTGTCACAATTCGCAAAAAAAAAACCATTTCAAAATTCGATATCCCGTAAATCGACACAAGCGCTACAGTAAC  5519

Seq_1  5201  CATTCAAAGGGTTACTGTAGTATTCGCTACGGGATATTTTGCGCGTCAAATATGTTGCAAAATGTGCATTCTCAGAATTTTCAGCTTCCGTAATAGGATACAGTTTTCATTTTGGAGGGA  5320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  5520  CATTCAAAGGGTTACTGTAGTATTCGCTACGGGATATTTTGCGCGTCAAATATGTTGCAAAATGTGCATTCTCAGAATTTTCAGCTTCCGTAATAGGATACAGTTTTCATTTTGGAGGGA  5639

Seq_1  5321  ATTTTGGCCAAAATTTAAAAAAATCGAGTATTTTTTGAATTTGAGGCAATTTTGATTTTTTTTTTTTGAAAGCTTGAAGCTAAATCATGAGGACCCACGAAAAGGGGTCTGGCACTGTGC  5440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  5640  ATTTTGGCCAAAATTTAAAAAAATCGAGTATTTTTTGAATTTGAGGCAATTTTGATTTTTTTTTTTTGAAAGCTTGAAGCTAAATCATGAGGACCCACGAAAAGGGGTCTGGCACTGTGC  5759

Seq_1  5441  CAACGCACAAAACATACTTTTTCTCAAAGAAAACGATACAACGATGCTCCGAAATTACGCGTCGCGCGTTGTTAAGCGTATCTTCTAGAAGAATTTCGAAAAAAGTCGTGCGTTAAATGA  5560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  5760  CAACGCACAAAACATACTTTTTCTCAAAGAAAACGATACAACGATGCTCCGAAATTACGCGTCGCGCGTTGTTAAGCGTATCTTCTAGAAGAATTTCGAAAAAAGTCGTGCGTTAAATGA  5879

Seq_1  5561  ATAAAAAAGCGTTTTGTGCGTTGGCACAGTGACAATTTCCCCTTTTCGTGGGCCCTCGTTTTCTTCGAGAAAAATCGCGTTTTATGCGTTGGCACTGTGCTAGATCACCTTTTTGCGAAT  5680
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  5880  ATAAAAAAGCGTTTTGTGCGTTGGCACAGTGACAATTTCCCCTTTTCGTGGGCCCTCGTTTTCTTCGAGAAAAATCGCGTTTTATGCGTTGGCACTGTGCTAGATCACCTTTTTGCGAAT  5999

Seq_1  5681  TTCCTTTCCGTGGGGCCTCTAAATAATCTCCAAAAAATCTCAATTTTTCATTTTCAGTGGACCGGAAAGCCGCCGAATCTGCTGAAGCTCATGTCGTCCACGCCACCGAACACCACACCG  5800
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  6000  TTCCTTTCCGTGGGGCCTCTAAATAATCTCCAAAAAATCTCAATTTTTCATTTTCAGTGGACCGGAAAGCCGCCGAATCTGCTGAAGCTCATGTCGTCCACGCCACCGAACACCACACCG  6119

Seq_1  5801  TCCATCATGTCGTCAAGAAGAGCAAATTCACCAAATTCAAGGAATCACTGTGCTCTGTGCTCGACAAGGATCTTCTCTTCTCTCCATCATTCATGACTCTTGCCGTCTCAGGAACTTTCA  5920
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  6120  TCCATCATGTCGTCAAGAAGAGCAAATTCACCAAATTCAAGGAATCACTGTGCTCTGTGCTCGACAAGGATCTTCTCTTCTCTCCATCATTCATGACTCTTGCCGTCTCAGGAACTTTCA  6239

Seq_1  5921  CCGTCCTCTCGTTCCTTGTTCCATTCGTCTACTTGGCTCTTGCCATGAAGCAGAAGAATCCGGATTTTACTGATGCTGAATTGTCACTTCCAGTCACTCTAATCGGTGCTTTCAACATTA  6040
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  6240  CCGTCCTCTCGTTCCTTGTTCCATTCGTCTACTTGGCTCTTGCCATGAAGCAGAAGAATCCGGATTTTACTGATGCTGAATTGTCACTTCCAGTCACTCTAATCGGTGCTTTCAACATTA  6359

Seq_1  6041  TGTTCCGTATCGGATGTGGAATGGTCGCTGATCATCCGAAAATGTCGGCTCTTCAAGTTTCCAACGTCGCCACCATCATCGCCGGAACCTCGATGCTCTTTGTGCCATTTTGCACTGAGC  6160
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  6360  TGTTCCGTATCGGATGTGGAATGGTCGCTGATCATCCGAAAATGTCGGCTCTTCAAGTTTCCAACGTCGCCACCATCATCGCCGGAACCTCGATGCTCTTTGTGCCATTTTGCACTGAGC  6479

Seq_1  6161  TCTGGCATTACGTCGTTTTCTGCATCCCGTTCAGTGCCGGAGTTGGTGAGTTTTGGAGAAAAATCCCGTTGCTTTTAACGATTTTTACGTCGAAATTGAAAAAAAAGATGTTTAAAATAT  6280
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  6480  TCTGGCATTACGTCGTTTTCTGCATCCCGTTCAGTGCCGGAGTTGGTGAGTTTTGGAGAAAAATCCCGTTGCTTTTAACGATTTTTACGTCGAAATTGAAAAAAAAGATGTTTAAAATAT  6599

Seq_1  6281  CAATTTCGGACTTAAAATATCAATAACCACAAAAAATTTGCGAAATTAAGGTGGAAACGCGCTCCACGGACAATCGGTAATACTCCGCCCACAAAATTTGGGTCTCGTTAGGTATTTGAC  6400
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  6600  CAATTTCGGACTTAAAATATCAATAACCACAAAAAATTTGCGAAATTAAGGTGGAAACGCGCTCCACGGACAATCGGTAATACTCCGCCCACAAAATTTGGGTCTCGTTAGGTATTTGAC  6719

Seq_1  6401  AGAAAAGTCGTATTTTCGAGCATTTTTCATTTTTATTGTTAAATTTTTCGTTGTTTTTATTGATTTTTATGTCGAAATTGATAAAATAATATTTATAATTTTATTTCATTAATTTCAGCT  6520
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  6720  AGAAAAGTCGTATTTTCGAGCATTTTTCATTTTTATTGTTAAATTTTTCGTTGTTTTTATTGATTTTTATGTCGAAATTGATAAAATAATATTTATAATTTTATTTCATTAATTTCAGCT  6839

Seq_1  6521  TAAAATCGATAAGAAAAACAATGGAAAAATGACGAAAAAAGCGAAAATTGGTTGATTCTGGCCTCAATTTGCCGGTTTTAATTTTTTTTTTTGCCGATTTCCCCTGTTTTCTATCATTTT  6640
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  6840  TAAAATCGATAAGAAAAACAATGGAAAAATGACGAAAAAAGCGAAAATTGGTTGATTCTGGCCTCAATTTGCCGGTTTTAATTTTTTTTTTTGCCGATTTCCCCTGTTTTCTATCATTTT  6959

Seq_1  6641  TCGTTGTTTTAATAATTTTCACGTCGAAATTGAATTAAAAAATTTAATTTCGGCTTAAAAATCACAAAAACTACCTAAAAAACGGCGAAAAATGCTTGAAAATTGGCAAACTATTTTAAA  6760
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  6960  TCGTTGTTTTAATAATTTTCACGTCGAAATTGAATTAAAAAATTTAATTTCGGCTTAAAAATCACAAAAACTACCTAAAAAACGGCGAAAAATGCTTGAAAATTGGCAAACTATTTTAAA  7079

Seq_1  6761  AATTTCAAATTTGCGTTTTTATCGCCAAATACCCGATGAGACCCAAATTTTTGGAGGTGGAGTGTTGTCGATTGTCCGTGGAGCGCGTTTTTTCACGAAAAAAAAAACCAAAAATTAAAA  6880
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  7080  AATTTCAAATTTGCGTTTTTATCGCCAAATACCCGATGAGACCCAAATTTTTGGAGGTGGAGTGTTGTCGATTGTCCGTGGAGCGCGTTTTTTCACGAAAAAAAAAACCAAAAATTAAAA  7199

Seq_1  6881  AAAAACTTAAATATTTAAAAAAATCAGTTAAAAAAATTTCGAGCGTGTTTTTGAAAAAAAAAAAAGTAATCAGTTTTTCTTTTTAAAAATCCAAAAAAAAGCGAATGTCCCCATCAAAGGA  7000
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  7200  AAAAACTTAAATATTTAAAAAAATCAGTTAAAAAAATTTCGAGCGTGTTTTTGAAAAAAAAAAAAGTAATCAGTTTTTCTTTTTAAAAATCCAAAAAAAAGCGAATGTCCCCATCAAAGGA  7319

Seq_1  7001  GCCACCGAAAATTTTTTTAAATACTTTTTTGAACGAATTTGGCCCCAATTTTTTTCTGAAAAAAAACGATAAATCTTCGGTTTTGTCGAAAAAAAAAATCGAAAAACCGACACCCTTGGT  7120
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  7320  GCCACCGAAAATTTTTTTAAATACTTTTTTGAACGAATTTGGCCCCAATTTTTTTCTGAAAAAAAACGATAAATCTTCGGTTTTGTCGAAAAAAAAAATCGAAAAACCGACACCCTTGGT  7439

Seq_1  7121  CCCCATATTAAATTAATAAATCTTGAACTATTTCTCCATTTCAGCTTGCTTCGCCGCTCTTCGTTCGGTCATCTGCGTCGAGCTGATCGGAGTCGAAAAGCTGTCGAACGCGTTCGGCAT  7240
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  7440  CCCCATATTAAATTAATAAATCTTGAACTATTTCTCCATTTCAGCTTGCTTCGCCGCTCTTCGTTCGGTCATCTGCGTCGAGCTGATCGGAGTCGAAAAGCTGTCGAACGCGTTCGGCAT  7559

Seq_1  7241  CCTGATGGTTTTCATGGGAATCGGCGCTGTCGTCGGCGGGCCGATTGCCGCTCAAATCAAGGATATCACTGGCAACTACGACATTAGCTTCTACGTGATGGGCATCATTTTCGCCTTCTC  7360
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  7560  CCTGATGGTTTTCATGGGAATCGGCGCTGTCGTCGGCGGGCCGATTGCCGCTCAAATCAAGGATATCACTGGCAACTACGACATTAGCTTCTACGTGATGGGCATCATTTTCGCCTTCTC  7679

Seq_1  7361  CGGCGTCATGACTATCCGTTTGCCAGAGCTGAAGGCGTGGGAAGAGTCGAAAAAACTCGCACGCGCCGGAACCGAGATGCGTGTGATCTCTGAAGCATCCTAATTTTTTGTTTTAAAAAT  7480
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  7680  CGGCGTCATGACTATCCGTTTGCCAGAGCTGAAGGCGTGGGAAGAGTCGAAAAAACTCGCACGCGCCGGAACCGAGATGCGTGTGATCTCTGAAGCATCCTAATTTTTTGTTTTAAAAAT  7799

Seq_1  7481  ATCTCAATTTTTTTTTTAAATTTTTGTTTGTTTGAATATCCTATTCCTTTAATTCTAATTCCGATTTTTATCTGTTTCCCCATTTTCCCCCCAAAAAGTTCCGAAGAGTTCAACTCTCTC  7600
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  7800  ATCTCAATTTTTTTTTTAAATTTTTGTTTGTTTGAATATCCTATTCCTTTAATTCTAATTCCGATTTTTATCTGTTTCCCCATTTTCCCCCCAAAAAGTTCCGAAGAGTTCAACTCTCTC  7919

Seq_1  7601  ATCTCCATCCCTCAAGCATTTTTTTTCAAATAGGTGCCTTTTCACGTGGTGACAGGCTGTCCCATTACAGTTTGATCTACAAAAAATGCGGGAATTTTTTGATCAAAAAGATTTGACG  7720
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  7920  ATCTCCATCCCTCAAGCATTTTTTTTTCAAATAGGTGCCTTTTCACGTGGTGACAGGCTGTCCCATTACAGTTTGATCTACAAAAAATGCGGGAATTTTTTGATCAAAAAGATTTGACG  8039

Seq_1  7721  TCATCACGTTCTTAACCAATCAGTTGGGTAGTCTGCGTCTCTCTTTTCCCGCATTTTTTGTAGATCAAGTCTGCCACCACGTTTTTTCCGCTTTTTTGCCACCGGTTGTCATCACTTCCA  7840
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  8040  TCATCACGTTCTTAACCAATCAGTTGGGTAGTCTGCGTCTCTCTTTTCCCGCATTTTTTGTAGATCAAGTCTGCCACCACGTTTTTTCCGCTTTTTTGCCACCGGTTGTCATCACTTCCA  8159

Seq_1  7841  CCCCATCAAATGAATTCACTCAGTTCCCGCACACTGACTTTTTTAATCTCTTTTTGAATAATTGTCCAAGATTGTTAATTAATTTCATTAATAACCACTGATAATTGATAATTGAGCTAG  7960
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  8160  CCCCATCAAATGAATTCACTCAGTTCCCGCACACTGACTTTTTTAATCTCTTTTTGAATAATTGTCCAAGATTGTTAATTAATTTCATTAATAACCACTGATAATTGATAATTGAGCTAG  8279

Seq_1  7961  TAATAAAGTCACAGTTTTTTCTCAAAAATTGTAACTTTTTGCCATTTTTTTCTCTCTCTTTCCCCGACCATTCGATCATCATCATCACCAACTATCACTGTTCACTTCCGCTGATGCAC  8080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  8280  TAATAAAGTCACAGTTTTTTCTCAAAAATTGTAACTTTTTGCCATTTTTTTCTCTCTCTTTCCCCGACCATTCGATCATCATCATCACCAACTATCACTGTTCACTTCCGCTGATGCAC  8399

Seq_1  8081  CATGCCTCCTGGAATATTCAAATGAGGGTACACAGAAGTCACGAATTCACGGAGGACTACACGAGTCTAGTACGACTTATAAAAACTTTGAAATGTCATGGTTTTTCCAGATTTTTCCAG  8200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  8400  CATGCCTCCTGGAATATTCAAATGAGGGTACACAGAAGTCACGAATTCACGGAGGACTACACGAGTCTAGTACGACTTATAAAAACTTTGAAATGTCATGGTTTTTCCAGATTTTTCCAG  8519

Seq_1  8201  TTCAAATGGCATTTTTTTGGTGAAATTTCTGCTTATTATGTGGACGCAGAAAAATGTGTTTTTTTGCAAGCGCGCTCCACGGCTAATCACCAAACGCTGCGTTCTCCGGGTCTCGTTAGG  8320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  8520  TTCAAATGGCATTTTTTTGGTGAAATTTCTGCTTATTATGTGGACGCAGAAAAATGTGTTTTTTTGCAAGCGCGCTCCACGGCTAATCACCAAACGCTGCGTTCTCCGGGTCTCGTTAGG  8639
```

Figure S4

Alignment of *mct-1* (Seq_1) and *mct-2* (Seq_2) from 3kb before the start codon to 2 kb after the stop codon

```
Seq_1  8321  AATTTGGCGGCGAATTTGTTGAATTTTGCAATTTTTGTTAGGTTTTCCGTTTTTTTAGTGATTTTTATGTCGAAATTGAGAAAAAAAATGTTTAAAAATTCGATTTCGGAATAAAAATCA  8440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  8640  AATTTGGCGGCGAATTTGTTGAATTTTGCAATTTTTGTTAGGTTTTCCGTTTTTTTAGTGATTTTTATGTCGAAATTGAGAAAAAAAATGTTTAAAAATTCGATTTCGGAATAAAAATCA  8759

Seq_1  8441  CAAAAAGTTGTGAAAACGCGCTCCACGGACAATCGATAACACTCCGCCTCTAAAAATTGGGTCTCGTTAGGTTTTTGGCACAGAAAAACCGTTTTTTCGACGATTTCCAAGCATTTTTCA  8560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  8760  CAAAAAGTTGTGAAAACGCGCTCCACGGACAATCGATAACACTCCGCCTCTAAAAATTGGGTCTCGTTAGGTTTTTGGCACAGAAAAACCGTTTTTTCGACGATTTCCAAGCATTTTTCA  8879

Seq_1  8561  CTTTTTTTGTTAAGTTTTCCGTTGTTTTTAGTGATTTTTACGTCGAAATGTACAAAAAAAGCTCAAAACTTTAATTTCAACGTGAAAATCATTAAACACTCGACAAAAACCCCGAAAAAT  8680
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  8880  CTTTTTTTGTTAAGTTTTCCGTTGTTTTTAGTGATTTTTACGTCGAAATGTACAAAAAAAGCTCAAAACTTTAATTTCAACGTGAAAATCATTAAACACTCGACAAAAACCCCGAAAAAT  8999

Seq_1  8681  GACAGAAAACTTTTGAATTTACGGTTTTGCCGCCAAAGGCCAGTGGAGCGCACTTGCACTTCTGTTTTAAAATCGGCGTGTTTTCCCACACTGTATTTGTTTTTCCACTTCTACACTTAA  8800
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  9000  GACAGAAAACTTTTGAATTTACGGTTTTGCCGCCAAAGGCCAGTGGAGCGCACTTGCACTTCTGTTTTAAAATCGGCGTGTTTTCCCACACTGTATTTGTTTTTCCACTTCTACACTTAA  9119

Seq_1  8801  AGGATGACGTTTTTATACGAAATGGTCTCGCCACGTGCCCCAAAAATCAGGCGCGTGGTGAGACCATTTCGTATAAACTCCTTTAAAGGCGGAGAAGTGGAAAAATTGTCTCATTTCGGT  8920
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  9120  AGGATGACGTTTTTATACGAAATGGTCTCGCCACGTGCCCCAAAAATCAGGCGCGTGGTGAGACCATTTCGTATAAACTCCTTTAAAGGCGGAGAAGTGGAAAAATTGTCTCATTTCGGT  9239

Seq_1  8921  TAGATCTACGTAGATCTACAAAAAATGCGGCAGAGTTCTCAACTGATTTCGCATGGTTAAGAACGTGCTGACGTCACATTTTTTTGGGCGAAAAATTCCCGCTTTTTTGTAGATCAAACC  9040
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  9240  TAGATCTACGTAGATCTACAAAAAATGCGGCAGAGTTCTCAACTGATTTCGCATGGTTAAGAACGTGCTGACGTCACATTTTTTTGGGCGAAAAATTCCCGCTTTTTTGTAGATCAAACC  9359

Seq_1  9041  GTAATGGGACAGTCTGGCACCTCGTGATAAGTTTGCGGTTAAGTAAATAAAAATTAAATTTTTAGGAAGCTTTCTCAGAAATGGGACAAAGCTCGGAAGTTCACCCGGAATTTGGATTCC  9160
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  9360  GTAATGGGACAGTCTGGCACCTCGTGATAAGTTTGCGGTTAAGTAAATAAAAATTAAATTTTTAGGAAGCTTTCTCAGAAATGGGACAAAGCTCGGAAGTTCACCCGGAATTTGGATTCC  9479

Seq_1  9161  CACAAATTCGGAAAACGTCAAGTTTTGTATTCTGGAATCGGACGCGGCTTTATATTATGGTTTTGACGTGGGTTTTATTTTTTTTTTAATCGATAAAATATCTCCATATCTGGGGTGGAT  9280
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  9480  CACAAATTCGGAAAACGTCAAGTTTTGTATTCTGGAATCGGACGCGGCTTTATATTATGGTTTTGACGTGGGTTTTATTTTTTTTTTAATCGATAAAATATCTCCATATCTGGGGTGGAT  9599

Seq_1  9281  TTACGGCGCGTTGCGTGTCGCGTCGCGGCTCGATTTTAGTTGTAAGACTATAGTTATTTGTCCGTGTGGAGTTCACGACACTTTTCCACGCGTTGTCCGACTGGCGATTGTCAATGGAGC  9400
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  9600  TTACGGCGCGTTGCGTGTCGCGTCGCGGCTCGATTTTAGTTGTAAGACTATAGTTATTTGTCCGTGTGGAGTTCACGACACTTTTCCACGCGTTGTCCGACTGGCGATTGTCAATGGAGC  9719

Seq_1  9401  GCGAAAAACGTAACGAGGGAGGCCAGGAGCCCGTGATTAAATATTTCATTTCTTCAAATTTTG  9463
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Seq_2  9720  GCGAAAAACGTAACGAGGGAGGCCAGGAGCCCGTGATTAAATATTTCATTTCTTCAAATTTTG  9782
```

light blue = exons

dark blue = introns

black (underlined) = exons of other genes

red boxes = differences between two sequences

purple boxes = promoter cloning primers

yellow boxes = cDNA cloning primers

green boxes = qPCR primers (reverse across exon 2-3 junction)