

Entropy Based Analysis of Vertebrate Sperm Protamines Sequences: Evidence of Dityrosine and Cysteine-Tyrosine Cross-Linking in Sperm Protamines

Supplemental Tables

Table 1 Highly Conserved Positions in Eutherian P1 Sperm Protamine MSA.

Rank	Position in Alignment	Relative Entropy (bit)	Represented Residues
1	7	6.157	C: 98.6% R: 1.4%
2	49	6.12	C: 97.9% G: 1.4% S: 0.7%
3	50	5.87	C: 95.1% R: 2.1% Y: 1.4% G: 0.7% S: 0.7%
4	60	5.439	C: 89.5% R: 4.9% S: 4.2% Y: 1.4%
5	38	5.187	C: 86.9% G: 4.1% Y: 2.8% R: 1.4% S: 1.4% V: 1.4% A: 0.7% F: 0.7% H: 0.7%
6	17	4.885	C: 79.3% R: 13.1% G: 5.5% S: 1.4% Y: 0.7%
7	29	4.813	C: 77.2% Y: 13.1% S: 5.5% G: 1.4% R: 1.4% F: 0.7% N: 0.7%
8	6	4.604	C: 95.5% R: 4.5%
9	37	4.33	C: 69.0% S: 19.3% F: 5.5% R: 5.5% T: 0.7%

Table 2 Highly Conserved Positions in Truncated Eutherian P2 Sperm Protamine MSA.

Rank	Position in Alignment	Relative Entropy (bit)	Represented Residues
1	59	6.381	C: 100.0%
2	75	6.381	C: 100.0%
3	83	6.381	C: 100.0%
4	93	6.381	C: 100.0%
5	107	6.381	C: 100.0%
6	68	5.513	H: 100.0%
			H: 87.5%
7	89	4.721	N: 6.2%
			P: 6.2%
			H: 87.5%
8	53	4.635	G: 6.2%
			S: 6.2%
			H: 81.2%
9	85	4.543	Y: 12.5%
			Q: 6.2%
			H: 75.0%
10	110	4.371	Y: 18.8%
			Q: 6.2%
			Y: 56.2%
11	54	4.288	H: 43.8%

Table 3 Highly Conserved Positions in Eutherian P2 Sperm Protamine MSA.

Rank	Position in Alignment	Relative Entropy (bit)	Represented Residues
1	59	6.381	C: 100.0%
2	75	6.381	C: 100.0%
3	83	6.381	C: 100.0%
4	93	6.381	C: 100.0%
5	107	6.381	C: 100.0%
6	14	5.513	H: 100.0%
7	68	5.513	H: 100.0%
8	48	5.126	H: 93.8%
			Q: 6.2%
9	44	5.093	Y: 100.0%
10	4	4.836	Y: 93.8%
			C: 6.2%
11	19	4.725	Q: 100.0%
12	26	4.725	Q: 100.0%
13	34	4.725	Q: 100.0%
			H: 87.5%
14	89	4.721	N: 6.2%
			P: 6.2%
			H: 87.5%
15	53	4.635	G: 6.2%
			S: 6.2%
			H: 81.2%
16	85	4.543	Y: 12.5%
			Q: 6.2%
			H: 75.0%
17	110	4.371	Y: 18.8%
			Q: 6.2%
			Y: 56.2%
18	54	4.288	H: 43.8%
19	47	4.171	T: 100.0%

Table 4 Highly Conserved Positions in Metatherian P1 Sperm Protamine MSA.

Rank	Position in Alignment	Relative Entropy (bit)	Represented Residues
1	7	4.98	H: 92.6% R: 5.3% N: 2.1%
2	4	4.835	Y: 95.8% C: 3.2% S: 1.1%
3	57	4.733	Y: 93.7% C: 4.2% K: 2.1%
4	16	4.67	Y: 94.7% N: 3.2% F: 2.1%
5	62	4.599	Y: 92.6% C: 3.2% P: 2.1% S: 2.1%
6	75	4.565	Y: 94.5% C: 3.3% N: 2.2%
7	34	4.536	Y: 91.6% S: 4.2% Q: 2.1% M: 1.1% X: 1.1%

Table 5 Fish Protamines

Rank	Range	STD
1	K	0.141
2	H	0.185
3	L	0.222
4	T	0.228
5	A	0.256

Table 6 Eutherian P1 Sperm Protamines

Rank	Range	STD
1	Q	0.182
2	K	0.224
3	T	0.224
4	S	0.242
5	N	0.244

Table 7 Eutherian P2 Sperm Protamines

Rank	Range	STD
1	Q	0.07
2	L	0.09
3	T	0.09
4	K	0.09
5	C	0.099

Table 8 Truncated Eutherian P2 Sperm Protamines

Rank	Range	STD
1	Q	0.116
2	K	0.117
3	T	0.127
4	L	0.145
5	C	0.151

Table 9 Metatherian Sperm Protamines

Rank	Range	STD
1	K	0.177
2	N	0.179
3	G	0.202
4	A	0.223
5	E	0.235

	10	20	30	40
PRTA_ACIST	-ARRRRRHAS	TKLKRRR---	-----RRRH GKKSHK	
PRT_ORYLA	----MRRQAS	LPAARRRRV RTRVVRRRR	VGRRRH	
PRT_PERFV	--PRRRRHAA	RPVRRRRTR RSSRVHRRR	AVRRRR	
PRTB_MUGCE	--PRRRRETS	RPIRRRRAR RAPI-RRRR	VVRRRR	
PRT1_SCOSC	-MPRRRRRAS	RPVRRRRAR RSTA VRRRR	VVRRRR	
PRT2_SCOSC	-MPRRRRRAS	RPIRRRRAR RSTA VRRRR	VVRRRR	
PRT_DICLA	--PRRRRQAS	RPVRRRRTR RSTA ERRRR	VVRRRR	
PRTY_THUTH	--PRRRRQAS	RPVRRRRYR RSTA ARRRR	VVRRRR	
PRTZ_THUTH	--PRRRRRSS	RPVRRRRYR RSTV ARRRR	VVRRRR	
PRTZ1_SAROR	--PRRRRRSS	RPVRRRRYR RSTA ARRRR	VVRRRR	
PRTB_ACIGU	--ARRRRRSS	RPQRRRR-- -----RRHGR RRRGRR		
PRTB_ACIST	--ARRRRRSS	RPQRRRR-- -----RRHGR RRRGRR		
PRTY1_CLUHA	--ARRRRSSS	RPIRRR PRR RT---T RRRR AGRRRR		
PRTY1_CLUPA	--ARRRRSSS	RPIRRR PRR RT---T RRRR AGRRRR		
PRT1_ESOLU	-P RRRRASSG	RPVRRRRP- KMS--RRRR GGRRRR		
PRTZ_CLUPA	ARRRRSRRAS	RPVRRRRP- RVS--RRR- -ARRR		
PRTZ_CLUHA	ARRRRSRRAS	RPVRRRRP- RVS--RRR- -ARRR		
PRT4_ONCMY	-MPRRRR-AS	RRIRRRR P- RVS--RRRG GRRRR		
PRTY2_CLUPA	-P RRRTRRAS	RPVRRRRP- RVS--RRR- -ARRR		
PRTY2_CLUHA	-P RRRTRRAS	RPVRRRRP- RVS--RRR- -ARRR		
PRT3A_ONCMY	-P RRRRRSSS	RPIRRR P- RVS--RRRR GGRRRR		
PRTIB_ONCMY	PRRRRRSSS	RPIRRR P- RVS--RRRR GGRRRR		
PRT1B_ONCMY	-MPRRRR-AS	RRIRRRR P- RVS--RRRR GGRRRR		
PRT1A_ONCMY	-MPRRRR-AS	RRVRRRRP- RVS--RRRR GGRRRR		
PRTC3_ONCMY	-MPRRRR-AS	RPVRRRRP- RVS--RRRR GGRRRR		
PRT2C_ONCMY	-MPRRRRSSR	RPVRRRRP- RVSR-RRRR GGRRRR		
PRT14_ONCMY	-MPRRRRSSR	PPVRRRRP- RVSR-RRRR GGRRRR		
PRT2_ONCMY	--P RRRRSSS	RPVRRRAR- RVSR-RRRR GGRRRR		
PRT2A_ONCMY	--P RRRRSSS	RPVRRRA- RVSR-RRRR GGRRRR		
PRTIA_ONCMY	--P RRRRSSS	RPVRRRRP RVSR-RRRR GGRRRR		
PRT1_ONCKE	-MPRRRRSSS	RPVRRRRP- RVSR-RRRR GGRRRR		
PRT2B_ONCMY	-MPRRRRSSS	RPVRRRRP- RVSR-RRRR GGRRRR		
PRT16_ONCMY	-MPRRRRSSS	RPVRRRA- RVSR-RRRR GRRRR		
PRT17_ONCMY	-MPRRRRSSS	RPVRRRRP- RVSR-RRRR GRRRR		

Supplemental Figure 1. Alignment of fish protamines.

	10	20	30	40	50	60
A0A2K5CXY9_AOTNA	MARHRCRSR	--SQSRSR-R	--DRQKRRCR	-TPRRRSR	--RTA-RRCG	RRR--YKPRC RRR-
HSP1_RHIFE	MARYSCCRSH	--SRSRSH-R	--R-RQRCR	-RRRRRS	--RR--RACY	RRYTVYRRR RRRR
HSP1_HIPCO	MARYRCCRSR	--SRSRCR-R	--R-RRRSR	-RRRRRS	--RR--RAGY	RRY---TVRY RRRR
A8IYA4_ANTAM	MARYRCCLTH	--SRSRCPR	--RRRRRCR	-KLRRRF	-PRR--RVCC	RRY--TAIRC TR--
A8IYA7_9CETA	MARYRCCLTH	--SRSRCPR	--RRRRRCR	-RRRRFCRR	--RR--RVCC	RRY--TVVRC TRQ-
HSP1_CAPI	MARYRCCLTH	--SRSRCR-R	--RRRRRCR	-RRRRFGRR	--RR--RVCC	RRY--TVVRC TRQ-
HSP1_SHEEP	MARYRCCLTH	--SRSRCR-R	--RRRRRCR	-RRRRFGRR	--RR--RVCC	RRY--TVVRC TRQ-
A8IYA2_OVIDA	MARYRCCLTH	--SRSRCR-R	--RRRRRCR	-RRRRFGRR	--RR--RVCC	RRY--TVVRC TRQ-
HSP1_BOVIN	MARYRCCLTH	--SGSRCR-R	--RRRRRCR	-RRRRFGRR	--RR--RVCC	RRY--TVIRC TRQ-
A0A068B2A1_BOSIN	MARYRCCLTH	--SGSRCR-R	--RRRRRCR	-RRRRFGRR	--RR--RVCC	RRY--TVIRC TRQ-
A0A193KZ0_9CETA	MARYRCCLTH	--SGSRCR-R	--RRRRRCR	-RRRRFGRR	--RR-----	-RR-----
C8C436_PLAMN	MARNRCCRSQ	--SRSRCR-R	--P-KRGCR	-SRRRRCYQR	--RR--RVCC	RRY--TTIRC ARQ-
A8IYB4_PHYMC	MARNRCCRSQ	--SRSRCR-R	--P-RRRCR	-SPRRRYQR	--RR--RVCC	RRY--TVTRC ARQ-
C8C437_KOGSI	MARNRCCRSQ	--SRGRCR-R	--P-RRRCR	-SPKRRRYQR	--RR--RVCC	RRS--ATMRC ASQ-
C8C438_KOGBR	MARNRCCRSQ	--SRGRCR-R	--P-RRRYP	-SPRRRYQR	--RR--RVCC	RRS--TTMRC ASQ-
HSP1_PIG	MARYRCCRSR	--SRSRCP	--R-RRRCR	-RRRRCCPR	--RRR-AVCC	RRY--TVIRC RRC-
A8IYC1_POTPR	MARYRCCRSR	--SRSRCP	--R-RRRCR	-RRRRCCPR	--RRR-AVCC	RRY--TVIRC RRC-
F7VJK3_FELCA	MARYRCCRSR	--SRSRCP	--R-RRRCR	-RRRRCCRR	-PRK--RVCS	RRY--RVGRC RRR-
HSP1_OTOHE	MARYRCCRSR	--SRSRCP	--R-RRKCY	-RRRRCSR	--RR--RVCC	RRY--TVMRC RRR-
C8C444_HEXLI	MARYRCCRSR	--SRSRCP	--Q-RRRCR	-RRRRCCRQ	--RR--RVCC	RRY--TMVRC TRQ-
A8IYB9_HIPAM	MARYRCCRSR	--SRSRCP	--Q-RRRCR	-RRRRCCRQ	--RR--RVCC	RRY--TMVRC TRQ-
HSP1_EQUAS	MARYRCCRSQ	--SQSRSR-R	--RRRRCR	-RRRRCVRR	--RR--VCC	RRY--TVLRC RRRR
HSP1_HORSE	MARYRCCRSQ	--SQSRSR-R	--RRRRCR	-RRRRSVRQ	--RR--VCC	RRY--TVLRC RRRR
HSP1_HYPSSA	MARYRCCR	--SRSRCR-R	--R-RRRCH	-RRRRCCR	--RRRRRAC	RRY----RC RRR-
HSP1_NEOBU	MARYRCCR	--SRSRCR-R	--R-RRRCH	-RRRRCCR	--RRRRRAC	RRY----RC RRR-
HSP1_RHIHA	MARYRCCR	--SRSRCPR	----RRCR	-RRRRCCR	--RR--RVCC	RRY--SARC RRRR
HSP1_MURCY	MARYRCCR	--SRSRCPR	--R-RRRCH	-RRRRCSR	--RR--RVCC	RRY--TVIRC RRR-
HSP1_PTEPA	MARYRCCR	--SRSRCPR	--R-RRRCH	-RRRRCCR	--RR--RVCC	RRY--TVRC RRR-
HSP1_DESRO	MARYRCCR	--SRSRCPR	--R-RRRCH	-RRRRCCR	--RR--RVCC	RRY--TVRC RRR-
HSP1_MONRE	MARYRCCR	--SRSRCPR	--R-RRRCH	-RRRRCCR	--RR--RVCC	RRY--TVRC RRR-
HSP1_MORME	MARYRCCR	--SRSRCPR	--R-RRRCH	-RRRRCCR	--RR--RVCC	RRY--TVRC RRR-
HSP1_MYODA	MARYRCCR	--SRSRCPR	--R-RRRCH	-RRRRCCR	--RRRRRVCC	RRY---SRC RRR-
F7VJK7_MYOLU	MARYRCCR	--SRSRCPR	--R-RRRCH	-RRRRCCR	--RRRRRVCC	RRY---SRC RRR-
HSP1_GLABE	MARYRCCR	--SRSRCPR	--R-RRRSY	-RRRRCCR	--RR--RVCC	RRY---VRC RRR-
HSP1_NATST	MARYRCCRSQ	--SRSRCP	--R-RRRCP	-TRRRRC	--RR--RVCC	RRY--TVVRC RRR-
HSP1_CHIMC	MARYRCCRSQ	--SRSRCP	--R-RRRCP	-TRRRRC	--RR--RVCC	RRY--TVVRC RRR-
HSP1_EPTFU	MARYRCCRSQ	--SRSRCP	--R-RRRCP	-TRRRRC	--RR--RVCC	RRY--TVIRC RRR-
HSP1_EPTBR	MARYRCCR	--SRSRCP	--R-RRRCP	-TRRRRC	--RR--RVCC	RRY--TVIRC RRR-
HSP1_CORTO	MARYRCCR	--SRSRCP	--R-RRRCP	-TRRRRC	--RR--RVCC	RRY---TRY RRR-
HSP1_PLEAU	MARYRCCR	--SRSRCP	--R-RRRCP	-TRRRRC	--RR--RVCC	RRY--TVVRC RRR-
HSP1_PTEHP	MARYRCCR	--SRSRCP	--R-RRRCP	-TRRRRC	--RR--RVCC	RRY--TVRC RRR-
F7VJK4_CANLF	MARYRCCRSQ	--SRSRCP	--R-RRRCP	-TRRRRC	--RR--RVCC	RRY--TVVRC RRR-
C8C440_EUBGL	MARNRCCRSQ	--SRSRPP	--P-QRQCR	-SQRRLCCRR	--RR--RVCC	RRY--TTVRC ARR-
C8C439_EUBAS	MARNRCCRSQ	--SRSRPP	--P-QRQCR	-SQRRLCCRR	--RR--RVCC	RRY--TTVRC ARR-
B1ACJ7_BALMY	MARNRCCRSQ	--SRSRPP	--P-QRQCR	-SQRRLCCRR	--RR--RVCC	RRY--TTVRC ARR-
B1ACJ8_EUBJA	MARNRCCRSQ	--SRSRPP	--P-QRQCR	-SQRRLCCRR	--RR--RVCC	RRY--TTVRC ARR-
B1ACJ6_CAPMR	MARNRCCRSQ	--SRSRPP	--P-QRQCR	-SQRRLCCRR	--RR--RVCC	RRY--TTVRC ARQ-
B1ACI8_MEGNO	MARNRCCRSQ	--SRSRPP	--P-QRQCR	-SQRRLCCQR	--RR--RVCC	RRY--TTVRC ARQ-
B1ACI9_BALPH	MARNRCCRSQ	--SRSRPP	--P-QRQCR	-SQRRLCCQR	--RR--RVCC	RRY--TTVRC ARQ-
B1ACJ3_BALBN	MARNRCCRSQ	--SRSRPP	--P-QRQCR	-SQRRLCCRR	--RR--RVCC	RRY--TTVRC AGQ-
B1ACJ4_BALAC	MARNRCCRSQ	--SRSRPP	--P-QRQCR	-SQRRLCCRR	--RR--RVCC	RRY--TTVRC AGQ-
B1ACJ1_BALBO	MARNRCCRSQ	--SRSRPP	--P-QRQCR	-SQRRLCCRR	--RR--RVCC	RRY--TTVRC ARQ-
B1ACJ5_ESCRO	MARNRCCRSQ	--SRSRPP	--P-QRQCR	-SQRRLCCRR	--RR--RVCC	RRY--TTVRC ARQ-
B1ACJ2_BALED	MARNRCCRSQ	--SRSRPP	--P-QRQCR	-SQRRLCCRR	--RR--RVCC	RRY--TTVRC ARQ-
B1ACJ0_BALMU	MARNRCCRSQ	--SRSRPP	--P-QRQCR	-SQRRLCCRR	--RR--RVCC	RRY--TTVRC ARQ-
C8C435_BERBI	MARNRCCRSQ	--SRSRPP	--P-QRQCR	-SQRRLCCRR	--RR--RVCC	RRY--TAIRC ARQ-
A8IYB7_ZIPCA	MARNRCCRQ	--SQSRRR-R	--P-RRRYR	-SRRRQCCQK	--RR--RVCC	RRY--TATRC ARQ-
C8C432_MESGR	MARNTCCRQ	--SQSRRR-R	--P-RRRYR	-SRRRQCCQK	--RR--RVCC	RRY--TAIRC ARQ-
C8C434_TASSH	MARNRCCRQ	--SQSRRR-R	--P-RRRYR	-SRRRQCCQK	--RR--RVCC	RRY--TAIRC ARQ-
C8C433_MESBI	MARNRCCRQ	--SQSRRR-R	--P-RRRYR	-SRRRQCCQK	--RR--RVCC	RRY--TAIRC ARQ-
C8C431_MESPE	MARNRCCRQ	--SQSRRR-R	--P-RRRYR	-SRRRQCCQK	--RR--RVCC	RRY--TAIRC ARQ-
HSP1_ORCOR	MARNR-CRSP	--SQSRCR-R	--P-RRRCP	-RRIRCCR	--QR--RVCC	RRY--TTTRC ARQ-
C8C425_GLOMA	MARNR-CRSP	--SQSRCR-R	--P-RRRCP	-RRRQCCR	--RR--RVCC	RRY--TTTRC ARQ-
C8C426_GRAGR	MARNR-CRSP	--SQSRCR-R	--P-RRRCP	-RRRQCCR	--RR--RVCC	RRY--TTTRC ARQ-
B4YVM8_PSECS	MARNR-CRSP	--SQSRCR-R	--P-RRRCP	-RRRQCCR	--RR--RVCC	RRY--TTTRC ARQ-
C8C424_FERAT	MARNR-CRSP	--SQSRCR-R	--P-RRRCP	-RRRQCCR	--RR--RVCC	RRY--TTTRC ARQ-
F5CBDO_PENEL	MARNR-CRSP	--SQSRCR-R	--P-RRRCP	-RRRQCCR	--RR--RVCC	RRY--TTTRC ARQ-
C8C423_LAGAC	MARNR-CRSP	--SQSRCR-R	--P-RRRCP	-RRRQCCR	--RR--RVCC	RRY--TTTRC AR--
F5CBC9_CEPCM	MARNR-CRSP	--SQSRCR-R	--P-RRRCP	-RRRQCCR	--RR--RVCC	RRY--ATTRC ARQ-
F5CBC8_LAGAL	MARNR-CRSP	--SQSRCR-R	--P-RRRCP	-RRRQCCR	--RR--RVCC	RRY--TTTRC ASQ-
C8C421_TURTR	MARNR-CRSP	--SQSRCR-R	--P-RRRCP	-RRRLCCR	--RR--RVCC	RRY--TTTRC ARQ-
F5CBC0_TURAD	MARNR-CRSP	--SQSRCR-R	--P-RRRCP	-RRRLCCR	--RR--RVCC	RRY--TTTRC ARQ-
B4YVN1_STECO	MARNR-CRSP	--SQSRCR-R	--P-RRRCP	-RRRLCCR	--RR--RVCC	RRY--TTTRC ARQ-
F5CBC1_STELO	MARNR-CRSP	--SQSRCR-R	--P-RRRCP	-RRRLCCR	--RR--RVCC	RRY--TTTRC AR--
F5CBC5_LAGHO	MARNR-CRSP	--SQSRCR-R	--P-RRRCP	-RRRLCCR	--RR--RVCC	RRY--TTTRC AR--
F5CBB9_DELCA	MARNR-CRSP	--SQSRCR-R	--P-RRRCP	-RRRRCCR	--RR--RVCC	RRY--TTTRC AR--
F5CBC3_STEAT	MARNR-CRSP	--SQSRCR-R	--P-RRRCP	-RRRRCCR	--RR--RVCC	RRY--TTTRC AR--
F5CBC4_SOUCHE	MARNR-CRSP	--SQSRCR-R	--P-RRRCP	-RRRRCCR	--RR--RVCC	RRY--TTTRC ARQ-
F5CBD1_9CETA	MARNR-CRSP	--SQSRCR-R	--P-RRRCP	-RRRRCCR	--RR--RVCC	RRY--TTTRC ARQ-
F5CBC7_LAGOL	MARNR-CRSP	--SQSRCR-R	--P-RRRCP	-RRRRCCR	--RR--RVCC	RRY--TTTRC AR--
B4YVM9_STEBR	MARNR-CRSP	--SQSRCR-R	--P-RRRCP	-RRRRCCR	--RR--RVCC	RRY--TTTRC ARQ-
F5CBC2_STEFR	MARNR-CRSP	--SQSRCR-R	--P-RRRCP	-RRRRCCR	--RR--RVCC	RRY--TTTRC ARQ-
F5CBC6_SOTFL	MARNR-CRSP	--SQSRCR-R	--P-RRRCP	-RRRRCCR	--RR--RVCC	RRY--TTTRC AR--
C8C422 LISBO	MARNR-CRSP	--SQSRCR-R	--P-RRRCP	-RRRRCCR	--RR--RVCC	RRY--TTTRC ARQ-
B4YVN0_DELDE	MARNR-CRSP	--SQSRCR-R	--P-RRRCP	-RRRRCCR	--RR--RVCC	RRY--TTTRC AR--
C8C428_NEOPH	MARNR-CRSP	--SQSRCR-C	--P-RRRYP	-SKRRRC	--RR--RVCR	RRY--TRRC ARQ-
C8C427_9CETA	MARNR-CRSP	--SQSRCR-C	--P-RRRYP	-SKRRRC	--RR--RVCR	RRY--TRRC ARQ-
B4YVM6_PHOPH	MARNR-CRSP	--SQSRCR-C	--P-RRRYP	-SKRRRC	--RR--RVCR	RRY--TRRC ARQ-
F5CIP3_LIPVE	MARNR-CRSP	--SQSRCR-R	--P-RRRYP	-SKRRRC	--RR--RVCC	RRY--TTMRC AKQ-
C8C430_DELLE	MARNR-CRSP	--SQSRCR-R	--P-RRRYP	-SKRRRC	--RR--RVCC	RRY--TTMRC ARQ-
C8C429_MONMO	MARTR-CRSP	--SQSRRR-R	--P-RRRYR	-SKRRRC	--RR--RVCC	RRY--TTTRC ARQ-
A8IYB2_PONBL	MARNR-CRSP	--SQNRRGR	--P-RRRYR	-SRRRRC	--RR--RVCC	RRY--TSVRC ARQ-
A8IYB9_INIGE	MARNR-CRSP	--SQSRRGR	--P-RRRYR	-SRRRRC	--RR--RVCC	RRY--TTVRC ARQ-
F7VJK6_LOXAF	MARYRCCRSR	--SRSRSH	--R-RRRSR	-RRRRRCARR	--RRRTRRG	RRR--YSLRR RRY-
HSP1_PONPY	MARYRCCRSQ	--SQSRSR-R	--R-QRQCR	-RRRRCCQT	--RRRAMRCC	RRR--YLRIC RRR-
H2NQ55_PONAB	MARYRCCRSQ	--SQSRSR-R	--R-QRQCR	-RRRRCCQT	--RRRAMRCC	RRR--YLRIC RRR-
HSP1_GALVR	MARYRCCR	--SRSRCP	--R-RRSRR	-RRRRCCRR	--RA--RRSC	RRR--YSLRC CRRY
HSP1_SAGIM	MARYRCCR	--SRSRCP	--Q-RRRGR	-RRRRCCRR	--RRA-SRCC	RRR--YKLTC RRY-
AOA2R8PK40_CALJA	MARYRCCRSQ	--SRSRCP	--Q-RRRGR	-RRRRCCRR	--RRA-SRCC	RRR--YKLPC RRY-
HSP1_ALOSE	MARYRCCRSR	--SLSRSRCP	--Q-PRPRCR	-RRRRCCRR	--PRA--SRCC	RRR--YLRIC RRY-
HSP1_SAISC	MARYRCCRSR	--SRSRCP	--R-RRRCP	-TRRRRC	--RRA-RRCC	RRR--YKLRC RRY-
AOA2K6TB39_SAIBB	MARYRCCRSR	--SRSRCP	--R-RRRCP	-TRRRRC	--RRA-RRCC	RRR--YKLRC RRY-
AOA2K5R6E55_CEBCA	MARYRCCRSR	--SRSRCP	--Q-RRRCP	-RRRRCRSR	--RA--RRCC	RRR--YLRIC RRY-
HSP1_RABIT	MVRYRCCRSQ	--SRSRCP	--R-RRRCP	-RRRRCCR	--RRV-RKCC	RRT--YTLRC RRY-
HSP1_CAVPO	MARYRCCRSQ	--SRSRCP	--R-RRRCP	-RRRRFY	--RRR-RCHRR	--RR--RCC RRR--YTRRC KRY-
HSP1_COLGU	MARYRCCRSQ	--SRSRCC	--Q-RRRCP	-RRRRQRFRA	--RKRAMRCC	HRR--YLRIC RRY-
F7VJK5_ERIEU	MARYRCCRSQ	--SRSRCS	--R-RRRCP	-RRRRSCRR	--RRR-ACC	RYR--Y---- RRY-
C3U1R1_9MURI	MARYRCCRSQ	--SRSRCP	--R-RRRCP	-RRRRSCRR	--RR--RRCC	RRY--TTMRC KKY-
HSP1_MOUSE	MARYRCCRSQ	--SRSRCP	--R-RRRCP	-RRRRSCRR	--RR--RRCC	RRY--TTMRC KKY-
C3U1R5_MUSSP	MARYRCCRSQ	--SRSRCP	--R-RRRCP	-RRRRSCRR	--RR--RRCC	RRY--TTMRC KKY-
C3U1Q6_MUSMB	MARYRCCRSQ	--SRSRCP	--R-RRRCP	-RRRRSCRR	--RR--RRCC	RRY--TTMRC KKY-
C3U1Q9_MOUSE	MARYRCCRSQ	--SRSRCP	--R-RRRCP	-RRRRSCRR	--RR--RRCC	RRY--TTMRC KKY-
C3U1R0_MOUSE	MARYRCCRSQ	--SRSRCP	--R-RRRCP	-RRRRSCRR	--RR--RRCC	RRY--TTMRC KKY-
C3U1Q8_MUSMC	MARYRCCRSQ	--SRSRCP	--R-RRRCP	-RRRRSCRR	--RR--RRCC	RRY--TTMRC KKY-
C3U1R4_MUSSI	MARYRCCRSQ	--SRSRCP	--R-RRRCP	-RRRRSCRR	--RR--RRCC	RRY--TTMRC KKY-
C3U1Q7_MUSCO	MARYRCCRSQ	--SRSRCP	--R-RRRCP	-RRRRSCRR	--RR--RRCC	RRY--TTMRC KKY-
C3U1R3_MUSMA	MARYRCCRSQ	--SRSRCP	--R-RRRCP	-RRRRSCRR	--RR--RRCC	RRY--TTMRC KKY-
C3U1R2_MUSPA	MARYRCCRSQ	--SRSRCP	--R-RRRCP	-RRRRSCRR	--RR--RRCC	RRY--TTMRC KKY-
HSP1_RAT	MARYRCCR	--SRSRCP	--R-RRRCP	-RRRRSCRR	--RR--QRCC	RRR--YRSLRR RRY-
C3U1S7_APOSY	MARYRCCR	--SRSRCP	--R-RRRCP	-RRRRSCRR	--RR--RRCC	RRR--YRSLRR RRY-
HSP1_NASLA	MARYRCCR	--SRSRCP	--R-RRRCP	-RRRRSCRR	--RR--RRCC	RRR--YRSLRC RRY-
HSP1_TRAPO	MARYRCCR	--SRSRCP	--R-RRRCP	-RRRRSCRR	--RR--RRCC	RRR--YRSLRC RRY-
LOC						

	10	20	30	40	50	60
PRM2_RATTU	MVRYRMRSPS	ESPHQPGQD	HESEEQG---	-QQQELNPER	VEDYGRTHRQ	--HHHRRC
PRM2_MOUSE	MVRYRMRSPS	EGPHQPGQD	HEREEQG---	-QQQGLSPER	VEDYGRTHRQ	HHHHHRRC
PRM2_RATFU	MVRYRMRSPS	EGPHQPGQD	HEREEQG---	-QQQELSPER	VEDYGRTHRQ	--HHHRRC
PRM2_ALOSE	MVRYHVRSPS	ERPHREYRQL	VNGQEGRHG	QEEQGMSAEG	VEGYGRTHQG	CYGYRRRLCS
PRM2_CALJA	MVRYRVRSPS	ERPHEEYRQL	VNWQEGRNG	QEEQGLSAEG	GEVYGRTHQG	YSSYRRRLCS
PRM2_SEMEN	MVRYRMRSLs	ERPHEVHGQQ	VYGQEGRHNG	QEEQGLSPEH	VEVYERTHQG	YSHHRRRLCS
PRM2_ERYP	MVRYRTRSLs	ERPHEVHGQQ	VHGQDQGHNG	QEEQGLSPEH	VEVYERTHQG	HSHHRRRLCS
PRM2_MACNE	MVRYRMRSLs	ERPHEVHGQQ	VHGQDQGHNG	QEEQGLNPEH	VEVYERTHRC	HSHHRRRLCS
PRM2_MACFU	MVRYRMRSLs	ERPHEVHGQQ	VHGQDQGHNG	QEEQGLNPEH	VEVYERTHRC	HSHHRRRLCS
PRM2_MACMU	MVRYRMRSLs	ERSHEVHGQQ	VHGQDQGHNG	QEEQGLNPEH	VEVYERTH-G	HSHYRRRHCS
PRM2_GORGO	MVRCRVRSPS	ERSHEVYRQQ	LHGQEGRHHG	QEEQGLSPEH	VEVYERTH-G	HSHYRRRHCS
PRM2_PANPA	MVRYRVRSPS	EPSHEVYRQQ	LHGQEGRHHG	QEEQGLSPEH	VEVYERTH-G	HSHYRRRHCS
PRM2_PANTR	MVRYRVRSPS	EPSHEVYRQQ	LHGQEGRHHG	QEEQGLSPEH	VEVYERTH-G	HSHYRRRHCS
PRM2_HUMAN	MVRYRVRSLs	ERSHEVYRQQ	LHGQEGRHHG	QEEQGLSPEH	VEVYERTH-G	QSHYRRRHCS
PRM2_PONPY	MVRYCVRSLs	ERSHEVYQQQ	LHGQEGRHHHD	QEEQGLSPEQ	VEVYERTH-G	HSHYRRRHCS
PRM2_HYLLA	MVRYCVRSLs	ERSHEVYQQQ	LRGQEGRHHG	QEEQGLSPED	VEVYERTH-G	HSHYRRRHCS
	70	80	90	100	110	120
PRM2_RATTU	RKRLHRIHKR	R-RSCRRRRR	HSCCHRRRHR	RGCRSSRRRR	RCCRCKCRRQ	CH
PRM2_MOUSE	RKRLHRIHKR	R-RSCRRRRR	HSCRHRRRHR	RGCRSSRRRR	RCCRCKCRRH	HH
PRM2_RATFU	RKRLHRIHKR	R-RSCRRRRR	HSCCHRRRHR	RGCRSSRRRR	RCKCRKCRRH	CH
PRM2_ALOSE	RRLRLYRVHRR	QRRSCKRRR-	--CRYRRRN	RGCRT-RRRT	-----CRRH	--
PRM2_CALJA	RRLRLYRIHRR	RSRSCRRRRR	RSCRYRRRPR	RGCRSRRRR	-----CRRY	--
PRM2_SEMEN	RRLRLYRIHRR	RHRSCRRRRR	RSCRHRRRHR	RGCRT-RRRR	-----CRRY	--
PRM2_ERYP	QRLRLHRIHRR	RHRSCRRRRR	RSCRHRRRHR	RGCRT-RRRR	-----CRRY	--
PRM2_MACNE	RRLRLHRIHRR	RHRSCRRRRR	RSCRHRRRHR	RGCRT-RRRR	-----CRRH	--
PRM2_MACFU	RRLRLHRIHRR	RHRSCRRRRR	RSCRHRRRHR	RGCRT-RRRR	-----CRRH	--
PRM2_MACMU	RRLRLHRIHRR	RHRSCRRRRR	RSCRHRRRHR	RGCRT-RRRR	-----CRRH	--
PRM2_GORGO	RRLRLRRIHRRQ	QHRSCRRRKR	RSCRHRRRHR	KGCRT-RRRT	-----CRRH	--
PRM2_PANPA	RRLRLRRIHRRQ	QHRSCRRRKR	RSCRHRRRHR	RGCRT-RRRT	-----CRKH	--
PRM2_PANTR	RRLRLRRIHRRQ	QHRSCRRRKR	RSCRHRRRHR	RGCRT-RRRT	-----CRRH	--
PRM2_HUMAN	RRLRLHRIHRR	QHRSCRRRKR	RSCRHRRRHR	RGCRT-RKRT	-----CRRH	--
PRM2_PONPY	RRLRLHRIHRRQ	QHRSCRRRRR	HSCRHRRRHR	RGCRT-RRRT	-----CRRH	--
PRM2_HYLLA	RRLRLHRIHRRQ	QHRSCGRRRR	RSCRQRRRHR	RGCRT-RRRR	-----CRRH	--

Supplemental Figure 3. Alignment of Eutherian P2 type sperm protamines.

	10	20	30	40	50	60
HSP1_PERGU	MASYR-NSRS	RSRSRF-RRR	RRGRSRVRGR	DARQGRSSR-	RRRGKGR--	--AHSGKKGR
HSP1_ISOMA	MASYR-NSRS	RSRSRF-RRR	RGGRSRVRGR	DARQGRSSR-	RRRGKGR--	--AHSGKKGR
HSP1_MONDO	MARYRRSRS	RSRSRYGRRR	RRSRS---R	RRRSRRRR-	---RRGRR--	---GRGYHRR
HSP1_DIDVI	MARYRRSRS	RSRSRYGRRR	RRSRS---R	RRRSRRRR-	---RRGRR--	---GRGYHRR
HSP1_DROGL	MVRYRHSRS	RSRSRY-RRR	RRRR--LRNR	RRRYRRSRRG	RRRRRGSG--	---RRGYSR
HSP1_NOTTY	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSQ	RRYYRRHRRS	GRRRRRGR--	---RRGYSR
HSP1_PHACI	MARYR-HSRS	RSRSRY-QRR	RRRRSRYRSQ	RRYYRRRGS	RRRRRGGR--	---RRGY-RR
HSP1_HYPMS	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRGR	RRYYRRSRR-	RRSRRGR--	---RGYVRR
HSP1_LAGHI	MARYR-HSRS	RSRSGY-RRQ	RRRRSRYRSR	RRYYRR-Q-	-RRSRRGR--	---RGYVSR
HSP1_DENDO	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRXRSRYSX	RRYYRGRRR-	RRSRRGRR--	---RGYVSR
HSP1_AEPRU	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRYYRGSSR-	RRSRRRR--	---RGYVRR
HSP1_PSECU	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRGR	RRYYRRSRR-	RRRRGRRGN	CLGRRGVRR
HSP1_TRIVU	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRYYRRSRR-	-RRRGRR--	---RGYVSR
HSP1_ONCFR	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRYYRRSRR-	--RRRGRR--	---RGYVSR
HSP1_MACRU	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSQ	RRYYRGRRR-	--RRRGGR--	---RGYVSR
HSP1_PETCN	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRYYRGSSR-	SRSRRRGR--	---RGYVRR
HSP1_MACPA	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRYYRGSSR-	SRSRRRGR--	---RGYVRR
HSP1_MACEU	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRYYRGSSR-	SRSRRRGR--	---RGYVRR
HSP1_MACAG	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSQ	RRYYRGRRR-	-RRSRRGR--	---RGYVRR
HSP1_DORVA	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRXXR--R	RRSRRGRR--	---RGYVSR
HSP1_PETXA	MARYR-HSXS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRYYRGRRR-	RRSRRGRR--	---RGYVSR
HSP1_THYST	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRYYRGRRR-	RRSRRGRR--	---RGYSCR
HSP1_MACGI	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRYYRGRRR-	RRSRRGRR--	---RGYVSR
HSP1_DORMU	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRYYRGRRR-	RRSRRGRR--	---RGYVSR
HSP1_WALBI	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRYYRGRRR-	RRSRRGRR--	---RGYVSR
HSP1_MACRG	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRYYRGRRR-	RRSRRGRR--	---RGYVSR
HSP1_ONYUN	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRYYRGRRR-	-RRSRRGR--	---RGYVSR
HSP1_DENG0	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRYYRGRRR-	-RRSRRGR--	---RGYVSR
HSP1_SETBR	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRYYRGRRR-	-RRSRRGR--	---RGYVSR
HSP1_DASHA	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRYYRGRRR-	-RRSRRGR--	---RGYVSR
HSP1_SARHA	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRYYRGRRR-	-RRSRRGR--	---RGYVSR
HSP1_DASMA	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRYYRGRRR-	-RRSRRGR--	---RGYVSR
HSP1_DASSP	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRYYRGRRR-	-RRSRRGR--	---RGYVSR
HSP1_NEOLO	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_DASVI	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_PHADO	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_DASAL	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_DASGE	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_DASRO	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_PSEBA	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_PARAP	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_PSENI	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_DASBY	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_MYOME	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_MYOWA	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_PSEM0	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_PSEWO	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_SMIGR	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_SMIBI	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_SMILO	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_ANTFL	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_NINTI	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_NINYV	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_PARRT	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_SMILE	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_PHATA	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_SMIPS	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_ANTBE	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_MICHA	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_ANTGO	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_ANTMI	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_ANTNA	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_ANTSW	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_MURME	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_SMIDO	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_SMIHI	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_SMIMA	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_SMIO0	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_SMIYO	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_PLAMM	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_SMIAR	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_DASCR	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_ANTLE	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_ANTST	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_MURLO	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_MYRFA	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_NINRI	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_SMIGA	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_SMIGI	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_PHACL	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_SMIMU	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_SMIVI	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_THYCY	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_SMIAI	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_SMICR	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_SMIDL	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_ANTLA	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_PLAMS	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_PLAIN	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_PLAGI	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
HSP1_PLATE	MARYR-HSRS	RSRSRY-RRR	RRRRSRYRSR	RRTYRRSRR-	HSRRRRGR--	---RGYVSR
	70	80	90			
HSP1_PERGU	RSG----SR	RRKRNNNTEN	K			
HSP1_ISOMA	RSG----SR	RRKRNNEN	-			
HSP1_MONDO	SPHRR---RR	RRRR	-----			
HSP1_DIDVI	SPHRR---RR	RRRR	-----			
HSP1_DROGL	RYQSR---RR	RRRY	-----			
HSP1_NOTTY	RYH----S	RRRY	-----			
HSP1_PHACI	RYS----RR	--RRY	-----			
HSP1_HYPMS	RYS----RR	RRRY	-----			
HSP1_LAGHI	RYS----RR	RRRY	-----			
HSP1_DENDO	RYS----RR	RRRY	-----			
HSP1_AEPRU	RYS----RR	RRRY	-----			
HSP1_PSECU	RYS----RR	RRRY	-----			
HSP1_TRIVU	RYS----RR	RRRY	-----			
HSP1_CAEFU	RYS----RR	RRRY	-----			
HSP1_POTLO	RYS----RR	RRRY	-----			
HSP1_LAGFA	RYS----RR	RRRY	-----			
HSP1_BETPE	RYS----RR	RRRY	-----			
HSP1_ONCFR	RYS----RR</td					