

Query: KDR12169.1 Cyclic nucleotide-gated olfactory channel [Zootermopsis nevadensis]  
Target: Lko0575001371:300000-400000 [revcomp]  
Model: protein2genome:local  
Raw score: 2922  
Query range: 0 -> 1146  
Target range: 84105 -> 12523

1 : MetLysLeuArgThrThrValGlnLeuSerGlyAlaIle<-><->ThrThrIleGlnLys : 18  
MetLysLeuArgThrThrValGlnLeuSerGlyAlaIleSerSerThrIleThrGlnLys  
84105 : ATGAAGCTGCGGACACGGTGCAGCTGTCCGGAGCCATCTCGTCAACCATCACGCAGAAG : 84048  
19 : LysProProLeuLysArgGluAspSerPheLeuLysArgPheSerThrArgGlnIlePro : 38  
LysAlaProLeuLysArgGluAspSerPheLeuLysArgPheSerThrArgGlnValPro  
84047 : AAGGCGCCTCTCAAGCGAGAAGACTCGTTCCTCAAGCGCTTCTCCACTCGCCAAGTGCCC : 83988  
39 : GluThrGln >>>> Target Intron 1 >>>> GluThrMetAspThrGlyAspA : 49  
1481 bp  
GluAlaGln++ ++GluThrValAspThrGlyAspG  
83987 : GAGGCGCAGgt.....agGAGACTGTGGACACAGGCGACG : 82474  
50 : spGlyAspGlyGlyProSerSerGlnSerThrAlaSerThrArgArgArgArgArgL : 69  
luGlyGlyGluGlyGlyAlaAspThrAlaSerArgAspGluArgArgArgArgArgA  
82473 : AAGGAGGTGAAGGCGGCGCCGATACGGCGAGTCGTGACGAGCGACGCCGCGCGCGAC : 82414  
70 : ysGlnArgLeuProArgThrValValAsnProAspGluAsnPheTyrPheTyrTrpLeuP : 89  
rgGlnArgLeuProArgThrValValAsnProAspGluAsnPheTyrPheTyrTrpLeuL  
82413 : GTCAACGTCTCCCTCGCACCGTCGTCAACCCGACGAGAACTTCTACTTCTATTGGTTGC : 82354  
90 : heLeuLeuSerAlaCysValLeuTyrAsnLeuTrpThrLeuIleValArgGlnSerPheP : 109  
euValLeuThrAlaCysValLeuTyrAsnLeuTrpThrLeuIleValArgGlnSerPheP  
82353 : TGGTGCTCACAGCGTGCCTCTTACAACCTGTGGACACTCATCGTTCGCCAGAGTTTCC : 82294  
110 : roGluLeuGlnSerGlyAlaThrIleLeuTrpPheThrCysAspGlyPheSerAspAlaV : 129  
roGluLeuGlnAlaAlaAlaSerSerPheTrpThrAlaAlaAspAlaPheSerAspThrV  
82293 : CGGAGCTCCAGGCGGCCGCTTCGTCTTCTGGACGGCTGCAGACGCTTCTCCGACACTG : 82234  
130 : alPheLeuLeuAspValAlaValGlnPheArgThr{G} >>>> Target Intron : 141  
alCysValLeuAspValValValGlnPheArgThr{G}++ 852 bp  
82233 : TGTGCGTACTAGACGTGGTCTGCAGTTCCTGACG{G}gt..... : 82194  
142 : 2 >>>> {y}TyrLeuGluGlnGlyLeuMetValTyrAspSerLysLysLeuAlaGlyH : 158  
++{y}TyrLeuGluGlnGlyLeuMetValTyrAspSerLysLysLeuAlaGlyH  
82193 : .....ag{C}TATCTGGAACAGGGTCTGATGGTATACGACAGCAAGAAGTTAGCTGGCC : 81295  
159 : isTyrIleArgSerArgAlaPheLeuMetAspLeuCysAlaLeuLeuProLeuAspLeuL : 178  
isTyrValArgSerArgAlaPheLeuMetAspLeuAlaAlaLeuLeuProLeuAspLeuL  
81294 : ATTACGTACGCTCCAGAGCCTTCCTCTGGATCTGGCCGATTGCTACCTCTAGATCTGC : 81235  
179 : euGlnPheTyrValGlyIleGlnProIleLeuArgPheProArgPheLeuLysValTyrA : 198  
euGlnPheAlaThrGlyProLeuProIleLeuArgCysProArgPheLeuLysIleTyrA  
81234 : TCCAGTTCGCGACGGGACCGCTCCCCATCTTGCCTGCGCTTCCTTAAGATCTACC : 81175  
199 : rgValTyrAsnTyrTyrTyrMetValGluSerArgThrValTyrProAsnLeuTrpArgV : 218  
rgValTyrHisTyrTyrTyrMetValGluSerArgThrValTyrProAsnLeuTrpArgV

} PF00520  
lon\_trans

81174 : GCGTGACCACCTACTACTACATGGTGGAGTCCGCTACCGCTACCCGAACCTTTGGCGAG : 81115  
219 : aIValAsnLeuValHisIleLeuLeuIleLeuAlaHisTrpPheGlyCysPheTyrTyrL : 238  
aIIleAsnLeuValHisIleLeuLeuIleLeuAlaHisTrpPheGlyCysPheTyrTyrL  
81114 : TCATCAACCTGGTACACATTCTACTCATCTGGCACATTGGTTCGGATGCTTCTACTACT : 81055  
239 : euLeuSerGluAlaGlnGlyPheIle >>>> Target Intron 3 >>>> GlyVa : 248  
||||| 6659 bp |||||  
euLeuSerGluAlaGlnGlyPheIle++ ++GlyAs  
81054 : TGCTGTCCGAAGCGGAAGACTTTCAggt.....agGGCGA : 74366  
249 : tTrpGlyTyrProTyrAsnGluProGlyTyrGlnGlnLeuThrArgLysTyrLeuGlySe : 268  
|||||... |||||  
pTrpValTyrProTyrArgProGlyAspTyrAlaThrLeuThrArgLysTyrLeuGlySe  
74365 : CTGGGTGTACCCGTATCGACCCGGCGACTACGCAACGCTAACACGCAAGTACCTCGGCTC : 74306  
269 : rLeuTyrTrpSerThrLeuThrLeuThrThrIleGlyAspLeuProThrProGlyThrAs : 288  
|||||... |||||  
rLeuTyrTrpSerThrLeuThrLeuThrThrIleGlyAspLeuProThrProGlyThrAs  
74305 : GCTGTACTGGTCCACGCTGACGCTACCACCATCGGAGATCTCCGACGCCCGAAACCAA : 74246  
289 : nVal{G|} >>>> Target Intron 4 >>>> {u}TyrValPheThrIleAlaSe : 297  
{!..!{||} 5736 bp {||}...{||}  
nAla{G|}++ ++{u}TyrValPheThrIleAlaSe  
74245 : CGCA{GA}gt.....ag{A}TACGTGTTCCACCATCGTCAG : 68483  
298 : rTyrLeuIleGlyValPheIlePheAlaThrIleVal{G|} >>>> Target Intron : 310  
|||||... ||||| 3163 bp  
rTyrLeuIleGlyValPheIlePheAlaThrIleVal{G|}++  
68482 : CTATCTCATCGGAGTCTTCATTTTCGCCACTATTGTG{G|}gt..... : 68441  
311 : 5 >>>> {ly}GlnValGlyAsnValIleThrAsnArgAsnAlaAsnArgLeuGluPh : 326  
{||}...{||}  
++{ly}GlnValGlyAsnValIleThrAsnArgAsnAlaAsnArgLeuGluPh  
68440 : .....ag{GT}CAAGTAGGGAACGTGATACCAATCGCAACGCCAATCGCTGGAGTT : 65233  
327 : eGluArgLeuLeuAspGlyAlaLysThrTyrMetArgHisHisLysValProGlyGlyMe : 346  
|||||... |||||  
eGluArgLeuLeuAspGlyAlaLysThrTyrMetArgHisHisLysValProGlyGlyMe  
65232 : CGAGCGTCTCTTGGACGGTGCCAAGACATACATGCGTCACCACAAGGTACCAGGTGGCAT : 65173  
347 : tLysArgArgValLeuArgTrpTyrAspTyrSerTrpSerArgGlyArgIleGlnGlyGl : 366  
|||||... |||||  
tLysArgArgValLeuArgTrpTyrAspTyrSerTrpSerArgGlyArgIleGlnGlyGl  
65172 : GAAACGTCGTGTGCTGCGCTGGTACGACTACAGCTGGAGCCGTGGTCGATCCAAGGTGG : 65113  
367 : yGlyAspIleAsnThrAlaLeuGlyLeuLeuProAspLysLeuLysThrGluLeuAlaLe : 386  
|||||... |||||  
yGlyAspIleAsnThrAlaLeuGlyLeuLeuProAspLysLeuLysThrGluLeuAlaLe  
65112 : TGGTGACATCAATACGGCGCTGGGTTGCTTCCAGACAAACTAAGACAGAGTTGGCGCT : 65053  
387 : uHisValAsnLeuSerValLeuLysLys >>>> Target Intron 6 >>>> Val : 396  
||||| 8064 bp |||||  
uHisValAsnLeuSerValLeuLysLys+ ++Val  
65052 : ACATGTCAACCTCTCGGTGCTGAAGAAgGc.....agGTC : 56959  
397 : ThrIlePheGlnGluCysGlnProGluPheLeuHisAspLeuValLeuLysMetLysAla : 416  
|||||... |||||  
ThrIlePheGlnGluCysGlnProGluPheLeuHisAspLeuValLeuLysMetLysAla  
56958 : ACCATCTTCCAGAGTGTGAGCTGAGTTCTGTCATGATCTGGTTCTCAAGATGAAGCGG : 56899  
417 : TyrIlePheThrProGlyAspLeuIleCysArgLysGlyGluValAlaArgGluMetPhe : 436  
|||||... |||||  
TyrIlePheThrProGlyAspLeuIleCysArgLysGlyGluValAlaArgGluMetPhe  
56898 : TATATCTTCCACACGAGGAGATCTCATCTGCCGCAAGGAGAAGTGGCTCGCGAGATGTTCT : 56839



```

674 : erProIleSerProProProAlaProAsnThrLeuSerProProSerPheArgLeuGlnP : 693
      ! ! ! ! ! | ! ! ! ! ! | ! ! ! ! ! | ! ! ! ! ! | ! ! ! ! ! | ! ! ! ! ! | ! ! ! ! ! | ! ! ! ! ! |
      alAlaThrSerSerSerProAlaProGlyProLeuSerProAlaSerSerLeuSerProP
52681 : TGGCGACCTCTTCGTGCGCCGCCCGCCGCTCTGTCTCCCGCGTCTGTCTGTGCCAC : 52622

694 : ro >>>> Target Intron 9 >>>> ProGluGlnGluProGlnGluGlnGluVa : 703
      || 219 bp |||..!:!!!!: ! !!!!!: !!
      ro++ ++ProSerGluAspGluThrGlnProGlnAr
52621 : CGgt.....agCCCTCGGAGGACAAACGCAGCCTCAGCG : 52373

704 : l{Il} >>>> Target Intron 10 >>>> {e}GlyAlaGlyLeuProLeuIleG : 712
      !{}! 1089 bp {}|||!!!!!!:!!! !!!!!:!!
      g{Ar}++ ++{g}GlyAlaGlyValArgLeuLeuS
52372 : G{AG}gt.....ag{A}GGTGCGGGTGTCCGACTGCTCT : 51257

713 : lnArgLeuLeuLeuLysGlnLysGluAspHisGluArgLeuThrMetGlnAlaThrA : 732
      .! ! ! ! ! | ! ! ! ! ! | ! ! ! ! ! | ! ! ! ! ! | ! ! ! ! ! | ! ! ! ! ! | ! ! ! ! ! |
      erLysLeuAlaThrLeuThrSerLysGluSerSerGlyProAsnAlaIleAlaLaS
51256 : CGAAGCTCGTACGCTACCAGCAAAGAGTCTCTCCGCCCAACGCCATCGCCGCTT : 51197

733 : laThrValAlaAlaAspValLeuAla{T} >>>> Target Intron 11 >>>> { : 741
      !! ! ! ! ! ! | ! ! ! ! ! | ! ! ! ! ! | ! ! ! ! ! | 11852 bp {}
      erProThrThrProIleAlaThrSer{V}+-+{
51196 : CCCCCACGACGCCCATGCCACCTCC{G}ga.....aa{ : 39317

742 : hr{ThrValLysThrGlnGlnGluValAspProLysSerMetGlnSerIleValSerPro : 760
      .! ! ! ! ! | ! ! ! ! ! | ! ! ! ! ! | ! ! ! ! ! | ! ! ! ! ! | ! ! ! ! ! | ! ! ! ! ! |
      al{ThrIleSerHisAsnIleValSerAspProProGlnLeuLeuProGluIleThrAla
39316 : TC}ACAATCAGCCACAACATCGTTTCCGATCTCCGAGGTACTTCTGAAATTACCGCG : 39261

761 : SerGluAsnLysLeuLysGluLysThrThr{Gl} >>>> Target Intron 12 >> : 771
      |||..!!!.!.!!!!!!:.! !!!!!{|} 106 bp
      SerSerLysIlePheGlnHis***SerThr{Cy}++
39260 : TCCAGTAAGATATTCCAACATTAGTCGACC{TG}gt..... : 39224

772 : >> {u}AsnCysSerGluGluGluLysLysSerSerPheGluTyrSerIleGluThrAl : 789
      {}||| !!!!!: ||||... |||| !.! !!!!!!! !..||||
      ++{s}AsnArgAsnThrGluSerCysPheLeuSerThrHisTyrAlaThrSerThMe
39223 : ..ag{C}AATCGCAATACAGAGTCTGTTTTCTGTCAACTCACTACGCAACTTCAACAAT : 39068

790 : aSerSerValGly >>>> Target Intron 13 >>>> IleThrGluLysThrVa : 799
      !||!|.!.||| 1874 bp !:!! ||||: !!
      tSerLysSerGly++ ++ValCysGluProSerSe
39067 : GTCCAATCCGGGgt.....agGTTTGGAACCTTCATC : 37164

800 : lAspGlnProProValArgValMetValProSerValLeuSerGlnAlaGluThrSerAl : 819
      ! ! ! ! ! | ! ! ! ! ! | ! ! ! ! ! | ! ! ! ! ! | ! ! ! ! ! | ! ! ! ! ! | ! ! ! ! ! |
      rProLeuAlaProSerSerTyrAlaAlaIleAlaAlaSerAspAspThrAlaAlaThrPr
37163 : CCCGCTGGCTCCGCTCTCGTATGCCGCATCGCCGCTCCGATGACACCGCCGCCACCCC : 37104

820 : aAlaSerProGln<->ArgArgArgProLysProSerLeuArgLeuGlnLys<-><- : 837
      !!!!!!!!!!!!!: !!! !!!!!| ||| ! ! !!!!!!! !
      oAlaSerProLysProLysProArgProAlaProLeuArgLeuArgSerValProGlyGl
37103 : CGCATCACCAAAGCCGAAGCCGCGACCCGCGCCACTGCGCTCCGCTCAGTTCGGGGG : 37044

838 : >AspThrLysSerTyrMetSerIleAspAspLeuSerProGluTyrSerGlyLeuProPh : 856
      !.!.!||| !||| |!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!:!!
      yGlyAlaLysArgTyrAlaSerIleAspAspLeuSerProGluTyrAlaProLeuProPh
37043 : CGGCGCTAAACGCTACGCTCCATCGACGACCTGTCAACCGAATACGCGCGCTGCTTTT : 36984

857 : eValLysLysLeuLysIleLeuAsnGluArgGlnLysLeuAlaGluLeuGluGlnLys : 876
      |||!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!!:!!
      eValLysLysLeuLysIleLeuAsnGluArgGlnLysLeuPheGluLeuGluArgGln++
36983 : CGTCAAGAAGCTCAAATTCTCAACGAGCGACAGAAGCTCTTCAACTGGAGAGACAggt : 36924

877 : >>>> Target Intron 14 >>>> Val<->AlaHisValLeuMetArgSerSerSe : 885

```

```

3014 bp
      |||  |||  !!.!!!  |||||!!!|
      ++ValGluAlaGlyAlaLeuSerArgSerTrpSe
36923 : .....agGTGGAAGCGGGTGCGTTGTCCCGACGCTGGAG : 33880
      886 : rLeuAspSerSerAsnAlaValSerCysAlaSerGlyGlySerGlyAspSerAlaGluAs : 905
      |||||!!!.!!...!! |||| !.!!...!!...!! |||||  !!! :!
      rLeuAspSerGlyGlyCysGlySerGlyThrGlyAlaSerSerGly-----ValGlyAs
13379 : TCTGGACTCGGGTGGGTGTGGGAGCGGGACCGGAGCGAGCAGTGGA-----GTGGGCGA : 33826
      906 : nSerLeuAspProMetAsnLeuThrArgSerHisSerGluAlaSerAlaMetGlnTyrVa : 925
      !..! |||| !!!!!...!!!! ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
      pGlyAlaAspAlaLeuGlyLeuThrArgSerSerSerGluAlaSerAlaMetAlaTyrVa
133825 : CGGCGCTCAGGCCCTAGGCCCTACGCGTTCATCATCCGAAGCCTCCGCCATGGCGTATGT : 33766
      926 : lArgSerGlnGlnHisLysLeuProGln >>>> Target Intron 15 >>>> As : 935
      ||||:||||||| :!||| !..! 8736 bp
      lArgAlaGlnGlnLeuArgLeuAlaAsn+- ++Th
133765 : GCGCGCGCAGCAGCTGCGACTGGCCCAACgc.....agAC : 25000
      936 : pProSerThrGluAla{A} >>>> Target Intron 16 >>>> {la}GlnSerL : 944
      |||!!!! |||| !{ } 5256 bp { !}.!!!!
      rProCysLysGluLys{A}++ ++{rg}AspGluP
24999 : ACCATGTCAGGAAAA{A}gt.....ag{GG}GATGAAC : 19717
      945 : euThrSerProGluSerAsnGluThrLeuGluArgArgAsnLeuLysSerIleLeuLysL : 964
      ! ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
      roHisSerProGluSerAsnGluThrLeuGluArgArgHisLeuLysSerIleLeuLysL
19716 : CACATTACCCAGAGAGCAACGAGACCTTGGAACGCCGCCATCTGAAGAGCATCCTCAAGA : 19657
      965 : ysLeuSerAlaSerSerLeuPheSerGlySerThrGluGluAspLysGluSerSerSerI : 984
      |||||!!!!!!|!!!!!! |!!!!!!|...!!!! !! |||| !!!!!
      ysLeuSerAlaSerAsnLeuLeu-----SerSerGluSerAspThrGluSerProCysG
19656 : AGTTGTGCGGCTCCAAATTTGTTG-----TCGAGTGAGAGCGACACGGGAAGCCTTG : 19603
      985 : leSerGluLysSerGluIleSerAlaMetLysGlyIleProThrAspLeuProThrAlaL : 1004
      !..!! !..||| !:!!...!! ! !..!! ||||
      lyAspGlySerSerThrValThrGlySerGlyAlaSerPro-----
19602 : GAGACGGGAGCAGTACGCTGACGGGGTCGGGGGCGAGTCCC----- : 19561
      1005 : ysSerSerAsnValAsnMetGlnLysLeuMetArgAlaProThrIleGluGlyTyrAlaA : 1024
      !! !! !..!..!!...!!...!!...!!...!!...!!...!!...!!...!!
      --ArgArgProAlaAspLeuArgArgLeuLeuArgAlaProThrValGluGlyTyrAlaA
19560 : --CGACGCCCTGCGGACCTGCGACGCTTGCTACGGGCGCCACCGTCGAAGGATACGCGG : 19504
      1025 : laArgHisSerLysLeuIleLysSerValThrPheAsnArgAspThrLeuGlnSerProP : 1044
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
      laArgHisSerLysLeuCysLysSerValThrPheAsnArgAspThrLeuGlnSerProP
19503 : CGCGACATTCCAAGCTGTGCAAGAGCGTCACCTTCAATCGAGACACCTGCAGAGTCCGC : 19444
      1045 : roAlaThr{A} >>>> Target Intron 17 >>>> {la}ThrThrProThrLys : 1052
      |||.! !{!} 1499 bp { !}:!! ! ! !|||
      roGlyAsp{G}++ ++{lu}SerMetGluArgLys
19443 : CCGGTGAC{G}gt.....ag{AA}TCAATTGGAAGAAAG : 17921
      1053 : PheProGlnGluAlaSerGlySerLeuPheProLeuLeuLysProLeuThrAlaAsnGlu : 1072
      !! !...|||...!! !!!!! ! !! !||| ||||| !!! ...
      SerLeuSerGluCysHisValThrProGluCysSerTyrLysThrLeuPheValTrpArg
17920 : AGTCTTAGTGAGTGCCATGTACGCCTGAATGCTCTTACAAAACCTTGTTGTATGCGCT : 17861
      1073 : LysAsnPhePheArgProSerLeuLeuLeuProSerHisAlaSerLeu{G} >>>> Ta : 1089
      :!! ! !!!!! |||||:!!!! ! |||| !... !!!!!{.}
      GluAlaCysLeuSerProSerValTyrLysProLeuArgTyrAsnIle{H}++
17860 : GAAGCTTGCTGTGCACCGTCCGTCTACAAGCCTTTAAGGTATAATATC{C}gt..... : 17807
      1090 : rget Intron 18 >>>> {lu}GluGluTyrPheSerGluValIleValGlyIleLy : 1101
      4304 bp {!.}!::|||||||.!!|||||||! !|||||||

```

```

++{is}AspGluTyrPheGlyGluValIleGlyGlyIleLy
17806 : .....ag{AC}GACGAATACTTCGGGGAGGTGATCGGCGCATCAA : 13470

1102 : sGlnValIleGlnGlyHisLeu >>>> Target Intron 19 >>>> GluAspVa : 1111
      |||||:::|||||.||||| 809 bp |||:::|
      sGlnValLeuGlnAlaHisLeu++ ++GluGluIl
13469 : GCAGGTGCTGCAGGCGCACTTgt.....agGAGGAGAT : 12631

1112 : lGlnAsnLysPheGlnSerGlnPheGlnSerLeuGluLeuGluValLysArgArgAspGl : 1131
      |||||:::|||||.||||| |||:::|
      eGlnSerLysPheGlnArgArgPheGlnSerLeuGluLeuGluValArgLysArgAspGl
12630 : TCAGAGCAAGTTTCAACGTCGCTTCCAGTCCCTGGAGCTGGAGGTGCGCAAGCGTGACGA : 12571

1132 : uIleIleSerGlnLeuGlnLysArgIleHisGluLeuGluValCys : 1146
      |||||:::|||||.||||| |||:::|
      uIleIleSerGlnLeuGlnLysArgIleArgGluLeuGluValCys
12570 : AATCATCAGTCAATTACAGAAGCGCATCCGCGAACTCGAGGTATGT : 12524

```

**Figure S6.** Alignment between protein sequences of the termite *Zootermopsis nevadensis* cyclic nucleotide-gated olfactory channel-like protein (NCBI accession: KDR12169.1) and the putative cyclic nucleotide-gated ion channel-like gene of *Laupala* using the protein2genome local exhaustive model in Exonerate. The red and blue shaded areas are the conserved domain regions. The conserved domain Ion\_trans2 (PF07885) in both sequences is nested within Ion\_trans, hence, is not shown. The red arrow indicates the non-synonymous SNP between *L. kohalensis* and *L. paranigra*, and the red box indicates the amino acid affected by this SNP