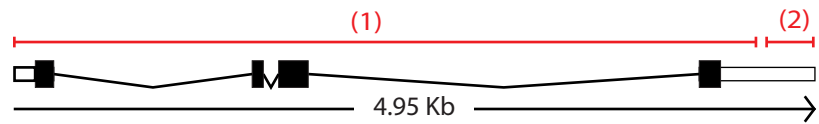


# Supplementary Figure 4

## IFNG



(1) ● 1 GATCATCTGAAGATCAGCTATTAGAAGAGAAAGATCAGTTAAGCCCTTTGGACCCGATCAACTTGATACAAGAACTTCTGATTTCAACTTCTTTGGCTTA 100  
 ● 1 GATCATCTGAAGATCAGCTATTAGAAGAGAAAGATCAGTTAAGCCCTTTGGACCCGATCAACTTGATACAAGAACTTCTGATTTCAACTTCTTTGGCTTA 100

1 -----M--K--Y--T--S--Y--I--L--A--F--Q--L--C--I--V--L--G--S--L--G--C--Y--C--Q--D--P--Y--V-- 28  
 101 ACTCTCTCTGAAACGATGAAATAACAAGTTATATCTTGGCTTTTCAGCTCTGCATTGTTTTGGGTTCTCTTGGCTGTTACTGCCAGGACCCATATGTAA 200  
 101 ACTCTCTCTGAAACGATGAAATAACAAGTTATATCTTGGCTTTTCAGCTCTGCATTGTTTTGGGTTCTCTTGGCTGTTACTGCCAGGACCCATATGTAA 200  
 1 -----M--K--Y--T--S--Y--I--L--A--F--Q--L--C--I--V--L--G--S--L--G--C--Y--C--Q--D--P--Y--V-- 28  
 29 K--E--A--E--N--L--K--K--Y--F--N--A--G--D--P--D--V--A--D--N--G--T--L--F--L--D--I--L--R--N--W--K--E--E 62  
 201 AAGAAGCAGAAAACCTTAAGAAATATTTTAAATGCAGGTGATCCAGATGTAGCAGATAATGGAACCTTTTTCTTAGACATCTTGAGGAATGGAAAGAGGA 600  
 201 AAGAAGCAGAAAACCTTAAGAAATATTTTAAATGCAGGTGATCCAGATGTAGCAGATAATGGAACCTTTTTCTTAGACATCTTGAGGAATGGAAAGAGGA 600  
 29 K--E--A--E--N--L--K--K--Y--F--N--A--G--D--P--D--V--A--D--N--G--T--L--F--L--D--I--L--R--N--W--K--E--E 62  
 63 --S--D--R--K--I--M--Q--S--Q--I--V--S--F--Y--F--K--L--F--K--N--F--K--D--D--Q--R--I--Q--K--S--V--E--T 95  
 301 GAGTGACAGAAAATTAATGCAGAGCCAAATTTGCTCCTTTTACTTCAAACCTTTTAAAACTTCAAAGATGACCAGAGGATCCAAAAGAGTGTGGAGACC 400  
 301 GAGTGACAGAAAATTAATGCAGAGCCAAATTTGCTCCTTTTACTTCAAACCTTTTAAAACTTCAAAGATGACCAGAGGATCCAAAAGAGTGTGGAGACC 400  
 63 --S--D--R--K--I--M--Q--S--Q--I--V--S--F--Y--F--K--L--F--K--N--F--K--D--D--Q--R--I--Q--K--S--V--E--T 95  
 96 I--K--E--D--I--N--V--K--F--F--N--S--N--K--K--K--R--D--D--F--E--K--L--T--N--Y--S--V--T--D--L--N--V-- 128  
 401 ATCAAGGAAGACATTAATGCAAGTTTTTCAATAGCAACAAAAAGAAACGGGATGACTTGAAAAGCTGACCAATTTTCGGTAACTGACTTCAATGTCC 500  
 401 ATCAAGGAAGACATTAATGCAAGTTTTTCAATAGCAACAAAAAGAAACGGGATGACTTGAAAAGCTGACCAATTTTCGGTAACTGACTTCAATGTCC 500  
 96 I--K--E--D--I--N--V--K--F--F--N--S--N--K--K--K--R--D--D--F--E--K--L--T--N--Y--S--V--T--D--L--N--V-- 128  
 129 Q--R--K--A--V--H--E--L--I--Q--V--M--A--E--L--S--P--A--A--K--I--G--K--R--K--R--S--Q--M--F--R--G--R--R 162  
 501 AACGCAAAGCAGTACATGAACCTCATCCAAGTGTGGCTGAACCTGTCACAGCAGCTAAAATAGGAAGCGAAAAGGAGTCAAGTGTTCGAGGTCGAAG 600  
 501 AACGCAAAGCAGTACATGAACCTCATCCAAGTGTGGCTGAACCTGTCACAGCAGCTAAAATAGGAAGCGAAAAGGAGTCAAGTGTTCGAGGTCGAAG 600  
 129 Q--R--K--A--V--H--E--L--I--Q--V--M--A--E--L--S--P--A--A--K--I--G--K--R--K--R--S--Q--M--F--R--G--R--R 162  
 163 --A--S--Q--\*----- 166  
 601 AGCATCCCAATAATGGTTGCTGCTGCTGCACTATTTGNN 700  
 601 AGCATCCCAATAATGGTTGCTGCTGCTGCACTATTTGNN 700  
 163 --A--S--Q--\*----- 166  
 701 ACTCATCAATCAAATAAGTATTTATAATAGCAACTTTTGTGTAATGAAAATGAATATCTATTAATATATGTATTATTTATAATTCTATATCCTGTGACT 800  
 701 ACTCATCAATCAAATAAGTATTTATAATAGCAACTTTTGTGTAATGAAAATGAATATCTATTAATATATGTATTATTTATAATTCTATATCCTGTGACT 800  
 801 GTTTCACCTTAATCTTTTGTGTTTCTGACTAATTAGGCGAGGCTATGTGATTACAAGGTTTATCTCAGGGGCCACCTAGGCAGCCAACCTAAGCAAGATCC 900  
 801 GTTTCACCTTAATCTTTTGTGTTTCTGACTAATTAGGCGAGGCTATGTGATTACAAGGTTTATCTCAGGGGCCACCTAGGCAGCCAACCTAAGCAAGATCC 900

(2) ● 1 ACTTATAAGTGAAGTGATACTATCCAGTTACTGCCTGTTTGAAGAACTTGCCTGCATTCTGAGCCACTGCTTTAATGGTATGTGAGACAGAACTTGAATGT 100  
 ● 954 ACTTATAAGTGAAGTGATACTATCCAGTTACTGCCTGTTTGAAGAACTTGCCTGCATTCTGAGCCACTGCTTTAATGGTATGTGAGACAGAACTTGAATGT 1054

101 GTCAGGTGACCCTGATGAAAACATAGCATCTCAAGAGATTTTCATGCCTGGTGCTTCCAAATATTGTTGACAACCTGTGACTGTACCCAAATGGAAAGTAAC 200  
 1055 GTCAGGTGACCCTGATGAAAACATAGCATCTCAAGAGATTTTCATGCCTGGTGCTTCCAAATATTGTTGACAACCTGTGACTGTACCCAAATGGAAAGTAAC 1154  
 201 TCATTTGTTAAGATTATCAATATCTAATATATATGAATAAAGTGAAGTTCACAACCT 257  
 1155 TCATTTGTTAAGATTATCAATATCTAATATATATGAATAAAGTGAAGTTCACAACCT 257

● *Macaca mulatta* ● *Chlorocebus sabaeus*

■ signal peptide ■ chain ■ propeptide