**Table 2.** Amino acid sequences of *csd* alleles isolated bee samples can be tracked in pedigree

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| Sample codes\* | Amino acid sequence of *csd* alleles | Coverage used\*\* | Coverage in total\*\*\* | Abundance of the relevant alleles |
| Cw1 | IISSLSNKTIHNNNNYKYNYNNNNYNNNYNNNCKKLYYNIINI | 4 627 | 7 848 | 71.34% |
| IISSLSNKTIHNNNNYKYNYNNNYNNNNNYNNYNNTNYKKLYYNINYI | 972 |
| Cw2 | IISSLSNNYNYNNNNYNNYNNNYNKKLYYNINYI | 4 286 | 9 280 | 80.23% |
| IISSLSNNYNYSNYNNYNNNNYNNYKKLYYNINYI | 3 159 |
| Cw3.1a | IISSLSNNYNYSNYNNYNNYNNNYNNYKKLYYNINYI | 11 699 | 23 013 | 78.38% |
| IISSLSNKTIHNNNNYKYNYNNNNNNYKNYNNYKKLYYNINYI | 6 339 |
| Cw3.2a | IISSLSNKTIHNNNNYKYNYNNNNNNYKNYNNYKKLYYNINYI | 7 080 | 13 908 | 76.15% |
| IISSLSNNYNYSNYNNYNNYNNNYNNYKKLYYNINYI | 3 511 |
| Hw1.1b | IISSLSNKTIHNNNNYKYNYNNNCKKLYYNINYI | 15 779 | 31 092 | 81.03% |
| **IISSLSNNYKYSNYNNYNNNNYNNNYNHYNNNYSKKLYYNINYI** | 9 416 |
| Hw1.2b | IISSLSNKTIHNNNNYKYNYNNNCKKLYYNINYI | 13 505 | 30 441 | 81.30% |
| **IISSLSNNYKYSNYNNYNNNNYNNNYNHYNNNYSKKLYYNINYI** | 11 245 |
| Hd1.1c | **IISSLSNNYKYSNYNNYNNNNYNNNYNHYNNNYSKKLYYNINYI** | 914 | 1 325 | 68.98% |
| - |
| Hd1.2c | **IISSLSNNYKYSNYNNYNNNNYNNNYNHYNNNYSKKLYYNINYI** | 17 489 | 19 280 | 90.71% |
| - |
| Hd1.3 c | **IISSLSNNYKYSNYNNYNNNNYNNNYNHYNNNYSKKLYYNINYI** | 139 098 | 149 456 | 93.1% |
|  |
| Hd2 | IISSLSNNTIHNNNYKYNYNNNYNNYKKLYYNINYI | 4 074 | 4 300 | 94.74% |
| - |
| Hd3.1d | IISSLSNNTIHNNNYKYNYNNNYNNYKKLYYNINYI | 5 431 | 5 767 | 94.17% |
| - |
| Hd3.2d | IISSLSNNTIHNNNYKYNYNNNYNNYKKLYYNINYI | 11 949 | 12 708 | 94.03% |
| - |
| Hd4 | IISSLSNNTIHNNNYKYNYNNNYNNYKKLYYNINYI | 14 886 | 15 985 | 93.12% |
| - |
| Hq1.1e | IISSLSNKTIHNNNNYNNNNNNYNNYNNYKKLYYNVINI | 8 701 | 19 005 | 86.35% |
| IISSLSNNYKYSNYNNYNNNYNNYNNNYNNNYKKLYYNINYI | 7 710 |
| Hq1.2e | IISSLSNKTIHNNNNYNNNNNNYNNYNNYKKLYYNVINI | 8 056 | 19 625 | 80.63% |
| IISSLSNNYKYSNYNNYNNNYNNYNNNYNNNYKKLYYNINYI | 7 767 |
| Hq2.1f | IISSLSNKTIHNNNNYNNNNYNNYKKLYYNIINI | 14 248 | 20 762 | 86.76% |
| IISSLSNNYNSNNYNNYNKYNYNNSKKLYYNINYI | 3 765 |
| Hq2.2f | IISSLSNKTIHNNNNYNNNNYNNYKKLYYNIINI | 10 176 | 13 493 | 91.28% |
| IISSLSNNYNSNNYNNYNKYNYNNSKKLYYNINYI | 2 140 |
| Hq3.1g | IISSLSNKTIHNNNNYNNNNNNYNNYNNYKKLYYNVINI | 7 130 | 14 775 | 88.90% |
| IISSLSNNYKYSNYNNYNNNYNNYNNNYNNNYKKLYYNINYI | 6 005 |
| Hq3.2g | IISSLSNNYKYSNYNNYNNNYNNYNNNYNNNYKKLYYNINYI | 6 437 | 14 346 | 89.50% |
| IISSLSNKTIHNNNNYNNNNNNYNNYNNYKKLYYNVINI | 6 402 |
| Hq4 | IISSLSNKTIHNNNNYKPYYNINYI | 11 434 | 22 417 | 91.19% |
| IISSLSNNRNSNNYNNYNYKKLYYNINYI | 9 007 |

\* For detailed information on the sample codes, see Table 1.

\*\* Coverage includes only the two most abundant sequences, that were considered to be relevant

\*\*\* Coverage, involving also singleton sequences

Coverage of the certain alleles are regarded as those sharing the same amino acid sequence at the hypervariable region. Upper indexes: same individuals in different iterations. Bold: one of the two alleles of the queen of hive 445/23 isolated from her drone and found in its female offspring.