

1_CG15585 .. CR---VVLAL---LLL---VLLHY---CQAKDEGETTQRGAVLVSLT .. -----ENMAKSAGSQL-V--QADPFISRQKQC-----FET-RSLVSCIYKYT
2_CG1148 .. --MAMRALIFL---ALA-----TLVAGEGLRLPDQSSNNIQ .. -----GNDNDFLARTNSNCL-----G-GDLSECFKTOA
3_CG1150 .. QTFKVCALLAF---CFV-LVSAR .. --GSKRRDGTVTISESERK-N--IEDFLLAKLKQNCR-----QED---DRACKMVKM
4_CG10303 .. HLVASCILLAL---G-L--NMSLA---AIHKRSGANS--LGVD--- .. --GKPA-ANPAVS-V--ENTDLLDKLSWK-----ANNASCLYGVA
5_CG15590 .. ---MFRTF-PLLCL---LFLT--- .. --AVRSENC-----DQDAGATLYCRGERA
6_CG1151 .. FVATACILLLLA-AGISADPVKAA .. --EEQGAFAQCL-----ESD---SISCLQLTL
7_CG1153 .. MASHKVTFGVL---CLV--ALSAA .. --LPAEETRGRHARNAI-G--GENDIMDSIYSACL-----RKD---SVSCVKYKL
8_CG15591 .. ---MIKYV---WHV--AALMIVFOWLSSARSASYQH .. --SNPGMGSTGL-W--KDMSMVYRIYQCS-----GDN---MSVCLKVKL
9_CG15592 .. ---MFKFVCL---FAL-IASTA .. --AATSEA-D--SLLTSALKMVKDCG-----ERS---MVLCKMERA
10a_CG15593 .. ---MSPL-DIVLL--LVSF---HQVIGSDFSAMSLE .. --FKQCVRG-----SOK-PKIGECLGRSA
10b_CG15593
11_CG15596 .. --MESRLGLLI---ALL-LAAFQA .. --WAMEA--PSNYNQNSTE-S--GLLRTVRIHYGQC-----AYS-EDVFWCCKIQG
12_CG1154 .. KQWPWQ--ALI---SLLSVLFLA .. CGAATEQL---GSPPGPSPSQ-S--AGARTLLRVYDECT-----RAE-AGFVPCPKKA
13_CG15595 .. FKSSISIVVLH--LLL--LVSTG--GAYTL
14_CG1155 .. ---MKVFAIA-CVTLL-AASCV .. --FAAPSVQDNQVEGDNTLGRAARYLGAC-----LES-DDMATCLAVKG
15_CG1157 .. ---MCAKFCV---VVL--LASLV---C-GSMALPSQDNT .. --FMCKYATAASVQPTVEP-AVAPETIRIPQRA-ESLLSGC-----EAS-SFSWMCKLKF
16_CG31561 .. ---MLLTKTV-KYLFY-LALFA .. FMCKYATAASVQPTVEP-AVAPETIRIPQRA-ESLLSGC-----EAS-SFSWMCKLKF
17_CG15598 .. FLL--LICLIN--SAA---KAD--GTARN--GRLGRHLSTTP .. --PT---RKPM-D-K--MAPSDSLLLRLARR---FASGNELWDGLVRDCYL-KPDVSCFQKNV
18_CG1169 .. ---MKSTA-ACLIV--ALAAL---STAHS .. --PTEGVV--AP-Q--SATQLALDMYHGC-----L-K-DLSVSCVVRKA
19_CG15189 .. ---MAKLLLIVGVAAAL .. --VAAGQAAGGSTE--KMQRLIAEEQNK-----ASG-QDSMACIKERA
20_CG15188 .. AFR---STSL--AFG--CALLL---VASTSVGAAIENA .. --V--TPRI-H--SSDELISTIYDKCF-----H---ANAMHCKLKEV
21_CG14925 .. ---KRLEWLL---LLA--LVASV---STAVTPRRRRHSAVESA .. --PGDWGTAWGL-G--PEMALVRRVYDDC-----QDK-NDFIGCLKQKA
22_CG8644 .. ---MSDLVR---FLL--LSVLC---SSLALAQASSDG .. --NQETST--VS-Q--EAARGLA-SSYEPEDKQALRKNSHIFMGIYKNIYS--TYLGNKTTSEY
23_CG15538 .. R--VPSVLVT---FLL--GVILV---DRYAAGEDLADK .. --SW-I--SQMKLRSDLRDCYQSGIHQS-----LWSCFRSRS
24_CG15589 .. NSHRKRRCSP--LYG--IILLC---KVAMIPAAVPE-SELDAGAL .. S-----PRKQESSESA-A-A-FK-----N-----QTITSI-DAELKGLLEDL

1_CG15585 S-KLIWKLA---TNSMGFFPSEYGRDLAGD-----RGRWLRVLQV-----GEPADVVVFNDAKSLEGDSSELTM-----
2_CG1148 L-NTFDEIFF-----KDQYK-----LSDFARVRLPE-----TQQR--SLLQEPF-----EYSEPRGDDDEW
3_CG1150 S-IVMNHLY--L-----NTRID-----LGDRFKVTENGN-----ISMV-----PDDPEVNLRSRM-----GSDEET-----
4_CG10303 N-GLMASYRR-----GETLK-----LGLFDLVKLPEDA-----SRKHKW-----GTGRG-----
5_CG15590 L-RNVLRLNL--RS-----DKPLV-----VIRGLEIVPLQN-----NSIS-----D
6_CG1151 F-RKAKSVF--D-----NPQIE-----LFGGVSLVKSNE-----GRQG-----KSLDNSLAVEAAPT-----EARTAE-----
7_CG1153 F-SFVDKVL--GA-----RDQFA-----LTEGVTVVRSPD-----APQQ-----EAARSI-----SGDES-----
8_CG15591 L-TGLEKAF--RS-----AKSLS-----LMEGIQFVSSGG-----ESEE-----TKRPISEKDIEAVLPRSV-----DAKEQV-----
9_CG15592 L-HYFDAE-----NGDVR-----LTEGIALVKTDE-----IPVG-----RSLNEMQLPEEV-----EAREAE-----
10a_CG15593 L-NFIQKLD--E-----SDNVK-----FVEDFVTVKSET-----AAVR-----SLSNVLDTPVDF-----
10b_CG15593 E-QLLDGAT--RD-----NSTWQ-----ITDYLSIEPK-----V--GISKPE-----TRRMD-----
11_CG15596 V-RLLGRAL--K-----VPQLG-----IVDGVSLVRR-----ESFT-----QDTRSGRSSLLESQ-LSNRDLE-----HLSGKS-----
12_CG1154 I-SFIDRLA--P-----IDAIN-----VAEGIKLVRLET-----APRP-----PATSENELESSLPRSG-----SDRDAK-----
13_CG15595 PPVQ-----MGGAIVAAVEQD-----AEQE--AAAEER-----QRVERHWLSMAE
14_CG1155 I-TALNRAA--R-----SNNIE-----LASGVTQORDPA-----SPVS-----RTGKSMSEQDVYAELPQNA-----DERTGR-----
15_CG1157 V-NMLNRLD--S-----EESVA-----LFGGLRIDRSES-----GRSF--GASKAV-----
16_CG31561 V-KIMEKLA--E-----QEELN-----VLPGISVVKDEN-----A--TELKTS-----ELMAEVARSYP-----SDPSTR-----
17_CG15598 F-SYLDNVLDV-----QDYN-----VTQRLKFFKNQVDYQVDKEKEH-----SEARAA-----SAETPIEE-----
18_CG1169 L-QWFNSAL--R-----QPEVR-----ITERLSIVRTAE-----KVE-----SRS
19_CG15189 M-RFVDNVM--S-----KDSFQ-----VSN-LEVRNNGE-----KTPPINEARAS-----
20_CG15188 L-TYLDTVA--NV-----EEEVS-----GRA-----LGDDV-----
21_CG14925 L-HALSRAL--D-----QDSIK-----IVDGLALEKQNG-----SETESILG-----SLTDARQFG--NL
22_CG8644 KKRLRDRVSA-----PQMAENETPEMVEPDQEDQRDSLAEIRQDAQAE-----ALME--TQTESPNYDDSESLAAKRRRKRKRDRNKRDE-----V-----ESETD
23_CG15538 L-HIFEGIM--S-----SPEIS-----IYDGVRLVAA-----P--NS--TD-NATRPDDERKDLKHLT-----
24_CG15589 V-DYVEQFFS-----NGRYE-----PTPGLVLAQON-----HSHP--QSYTG-----KR-----

```

1_CG15585    ---ILKFL---KRAMETFGRNH-GLQLRLN---SEGGARVMEES----- .. E----AR- .. -----LK-RKKKK--WLI---ILPLVILMKIA--HLK--
2_CG1148    --NQLLKYG----LRRARFIKST-ALEVEWP---E-ELTEAGRYEARFIGNDIDGELDLIDDG .. QRAGHFSR- .. -----K-KL-KK---M---IIPLLLVLKIF-KLKL--
3_CG1150    ---FALLM---ANKLWKFIRSR-SLRYKFS--E-NTDFVI---NSDPEGSNLGVSVRPL .. E----GR- .. -----G-KM-K---N---MGPLIMMAAK---T-
4_CG10303    -----LSGFMDFVTEN-AIRVPVG---P-MVFSVQRAEDDSYIEVALLKKTSSST .. -----GRL .. G--RRRHQH-QDK-KQ-FQ---M---FIPMYLAATTF---G-
5_CG15590    EEPDQEQGL---LDSLSFYLRTH-EINVKLA---D-LLEDES---QVS----- .. E----AR- .. -----KK-DK---G---QGMLLAMALMF---G-
6_CG1151    ---MGNYF---MDNAKSFFAER-SLNFNFA---NAARSVARAI PDDIKADLREL .. E----SR- .. -----TRKK-KL-LK---K---FLPILLGVGAK---I-
7_CG1153    ---FESLA---LNRISFNLNH-TIKVELK---G-ADIVQA--VSSTGR----- .. E----SR- .. -----GKKK-KA-AK---I---LGPILALVALK---A-
8_CG15591    ---LNNMI---LKRVGNFQDH-TLQVKFDN---EANSV----- .. E----GR- .. -----K-KKEKK---G---NGAMIMIPLLL---G-
9_CG15592    ---VDSLL---VERVARFFGTH-TLQFKVP--K-----DSIQDMQRALE----- .. E----SR- .. -----GKKK-EK-KK---Y---LMPLLMLFKLK---M-
10a_CG15593  ---RGI---LENAGAVMQR-SMEWHMD----- .. T----GR- .. -----V-LT-KQ---Y---LLPFLGLGKFN---L-
10b_CG15593  ---MGL---PGKLELVQGR-ALRLQLP--R-QLTISNAIDDFGSELGLD----- .. Q----GR- .. -----K-KK-DK---D---KNMAMMGMMIM---M-
11_CG15596    ---LDALL---LERFLNFVHSH-QLQVNLN---RLLRFGE--RNVQDWLLHVGVYFMPAS .. E----GR- .. -----KKKDDK---Y---LGPPIAAVLLK-----
12_CG1154    ---LTNML---IERLSYFFNGH-SLQVSFP--K-----LTSDEIGRGLE----- .. E----GR- .. -----G-KM-KK---M---MGMMMGMAMK---M-
13_CG15595    --TQLHSLITDDLSTEEVNML----- .. ETWSTEGR- .. --GKH--KKQK-KL-MK---M---VYPLAAVA---K-
14_CG1155    ---LVDLA---VSSAADFLSTH-NLEFKLP--A-----ETTQQVARALD----- .. E----GR- .. -----G-KI-KK---M---LGPVALAIGAK---L-
15_CG1157    ---ESF---EDRAERYLETH-ELNLSFS--G-DEQDENSENEYTGRAMD----- .. E----SR- .. -----SK-RM-KK---M---LLPPLLALKLK---K-
16_CG31561    ---LNGYI---VAKLENLLRTR-FLRFRL--D-DKSLV----- .. E----GR- .. -----KHKFGK-KG-----G---LEALVAAGVMM---K-
17_CG15598    ---VTSAL---YGKSIKAMTHDLEVDLPE-----VM- .. ALLLIKI- .. -----IK-----IKLFWLLPIVIGVGAACKLLLLK
18_CG1169    ---MNPERR---FDDIDSYLGS-SLRIQAP--E-YFRTSE-ARSLVPDFLMSNPLTQGGLV .. E----GR- .. -----G-MI-RK---A---VLPFLLGLKLK---T-
19_CG15189    ---SADGF---LDAIENYIRGH-DVSMCLP--L-ADAKVTVSARNLVNQLSLNLQNGDD .. E----AR- .. GKKGNIFKKGKHH-RL-RK---L---AMPILVLILLK---A-
20_CG15188    ---LDKVI---VDRLGRLNLTN-EMRLQLP--Q-TFFAGSVVTVRSRDRG--FDLE-LPKD .. E----KK- .. -----K-DK---L---FLPLLLLMKFK---L-
21_CG14925    ---SPIDRAL---LSKADKLMRTH-TLKIDMDVGGGDS--VGR----- .. EH- .. -----GHKK-KKHKEGGH---IKYVVAALLTA---M-
22_CG8644    --QPDPAPE---DETIQRYNVGP-GLNVSID--MS-NDIVHVKLDGENLKEIIGARWLTLDNS .. E----GRG .. -----KKYDMITK---VLPFLAIPFLI---Q-
23_CG15538    ---WFDQL---AVSLAKGLTTH-TLQVNLG--K-LTERYLSSDP-----VG----- .. S----AR- .. -----RR-HR-YN---M---IITMMFGVTAL---G-
24_CG15589    ---TTRSI---LE----- .. RLLFFSGL- .. -----KK-----V---MWPIYMLQVLKSVLF--

```



```

1_CG15585    MTLVSMIMG---VLGMNVL .. LVGGVGLIHYLKYTMCKIHP----- .. WATSKAYNA-HNYLDTISKRIQ----- ..
2_CG1148    LLFLPFIILGIAGLKK--- .. ILGLAAIIVLPGI---FAYFK-----LCRPPGGVGA-FGGGLSGLFGKNT .. -PQEAAYNGYGRNSGKDIVAEQQPQKS ..
3_CG1150    GMVGALLLKGFLFLLAGKAL .. IVSKIALLLAVI---ISLKK-----LL-S--SK----- .. -AQNMAYSG-QQPGKVAQ----- ..
4_CG10303    -GWTMVAAKAVGLLTLKAL .. ILSKIAFVVAAI---VLIKK-----LMDN----- .. HM--PYRS----- ..
5_CG15590    KMMAVMGLGGIAALAMKAL .. GVSIVALMMAGM---LGLKT---AA-Q--HG----- .. -LAYRG-WD----- ..
6_CG1151    AVLGVGSIFGLLFLAKKAL .. VVSVIAFFLALA---AGASS-----GLGRIGSGG-GGGLLGLGGLFGGK .. -AQTIAQQG-YKQARR----- ..
7_CG1153    AALLPPLLGAIALIAGKAL .. LIGKIALVLSAV---IGLKK-----LL-S--QE----- .. -AQDLAYGA-QKPVQA----- ..
8_CG15591    GTIVPLAYGALAMLAGKAL .. IVSKLALVLASI---IGIKK-----LL-S--GGGG-G----- .. -ELDTAYSG-WKPAAKESAGSAKSL--- ..
9_CG15592    AALLPLAIGFLALISFKAL .. VIGKIALLLSGI---IGLKK-----LL-E--SK----- .. -AQQLAYAA-YKQ----- ..
10a_CG15593  VALVPLIFAGICLLLKSL .. FLVKLAIYVSSF---LGLGG-----IVGGL-----GGLG .. -TVFGKQDEFHH-----QYD ..
10b_CG15593  ATLAQMFGLKGVILIAGSAF .. IMAKIALVISLL---GSLKK-----GS-T--GHS----- .. GSHMEYYQA-YQMEPLKRR----- ..
11_CG15596    TAILKMAYHSIAIVAGKAL .. IVGKIALIISAI---IGLKK-----LV-G--HDGG----- .. -MQDKAYQA-WMPHVAASPSVAKGS--- ..
12_CG1154    MGMPIAMGALYILAGKAL .. IISKIALLAGI---IGLKK-----LM-S--GKSS-GGSSGWSS----- .. -AQELAYRA-HHQEQVAHAQSRPQ--- ..
13_CG15595    VVLLPLILKWLTAALSTSSF .. VMGKIALVTSGI---LALKW-----ILSGGAHDRL-E----- .. -IISH--APLVKGLH---ASDLSS ..
14_CG1155    FAVIPLVLGFLALLTFKAV .. IVAKLAFFLAIL---VGGSR-----LL-G--GFGN-KFGG---NSFAGAY .. -AQQLAYAG-QQQ----- ..
15_CG1157    AVVVKIMFTTIKFIKAL .. AISFLALILAGA---TFFKD-----LL-A--KKK----- .. -AADLAYNH-YGLAQPF----- ..
16_CG31561    GMLMAMGLGALAMGKAL .. MTALMALTSVSGV---LGLKS-----LA-G--GGG----- .. -FGYGG-YARSLKVDQSANKI--- ..
17_CG15598    LLFLFPALSHLFLKCSHYQ .. ILLKIDKIIIEQL-----GVKN--DLCKERIVCSMYKDPATYSP-HSNFISAELSRDTS .. -YRLIQAARDQDQKDCQSLYPQCN ..
18_CG1169    TVLVPLALGLIALKTKWAM .. TLGLLSLVLSGA---LVIFK-----IAKP----- .. -AQDLAYAGQK----- ..
19_CG15189    ITVIPMAIGILKIKAFNAL .. ALGFFSFIVSG---LAIFQ-----LCK----- .. LGQALAYQA-YA----- ..
20_CG15188    KVIMPILLALIGLKATKAL .. ILSKIAIKLVLG---FLIYN-----LI-Q--KLG--GMK--MNMVMPMA .. -SQNLAYSS-YHPSSSSSYSSGSSGSS ..
21_CG14925    GIAGPLGLKALAAIAGKAL .. VISKVALTIAGI---IALKK-----LFSH----- .. -DPYRYYYEYHQ----- ..
22_CG8644    SAIVPFLVTKLKLKLVKSI .. LVGKLAIFLLII---SAIKN----- .. SAAAAAYNG-YRVEGKPTTWIS----- ..
23_CG15538    AILVPMGFQMLSIVSGKAL .. LLAKMALLLAI---NGLKR-----VA----- .. -NNGLHYGLYHPGE---HLGGY-YDRG ..
24_CG15589    AMFLPTIISVSRLIGKGI . ATLSRY . LLSRLDSVFAQL-----KLNPNENACREKLICLMYANPAKYAP-YSNLVAQLSRELN .. -FKYMRRAKDQGDVDCDESAKCK ..

```

Figure S1 Alignment of *D. melanogaster* Osiris protein sequences. Multiple alignment was generated using the entire Osiris sequences and aligned *D. melanogaster* sequences are extracted and presented above. The five Osiris signatures are color-coded: predicted signal peptide in red, 2-Cys region in orange, duf1676 region in blue, predicted transmembrane

region in green, and AQXLAY motif in purple. Long insertion regions are excluded and indicated by "..". Osiris 10 proteins are divided into two parts, and included in the alignment as 10a and 10b.