

Supplementary Figure S1

Alignment of Ctr9 homologues, made using MegAlign (DNASTar). Residues that are identical to the majority consensus are highlighted in black, and residues that are within the consensus group (consensus #1) in grey. Groups are f-hydrophobic; p-polar, a-acidic, b-basic. Organisms are: Tb- *T. brucei*, At- *Arabidopsis thaliana*, NP_178674.6; Dd- *Dictyostelium discoideum* XP_642310; Eh- *Entamoeba histolytica* EAL45089; Hs- *Homo sapiens* NP_055448; Ng- *Naegleria gruberi* XP_002679971; Sc- *Saccharomyces cerevisiae* Ctr9; Sp- *Schizosaccharomyces pombe* CAA15833.


```
f p . f . p f f p b . f f f f p b p - - - - . f a p f . . p f . f f f . f . b Consensus #1
P X E P S N X L G X G V L L L X K G - - - - S L D X A X S X F X F V L D X X K Majority
                170                180                190                200
78  R P V L Y L E G V A T S G - - - - T S L Q A S M K F E E L R D K TbCtr9
125 H E P S G G Q L L L A K G - - - - E D A L Q A F K V L D T A P AtCtr9
131 P H Q P L G A V L L L K G - - - - D Y R A E S F K Q V L D A K DdCtr9
119 D E A E C G F N Y K K - - - - P C K D F K R L E N K EhCtr9
125 D Q N H L G A C L L E G D - - - - K D A D A F H F V L N Q S P HsCtr9
147 P K S N Y G V L H L L G - - - - A L D K A E S F D Y T D K NgCtr9
134 P W G N L A T V E L Y Y G - - - - H Y D K A L E S D K S I ScCtr9
133 S K S E I N L L G Y R L L P T D K E S L A A R F D F V L Q K S G SpTpr1
```

```
p p - - - - - f f f f p . f p f . f p b b p p b . f f p . p . b f Consensus #1
X N - - - - - I X A L L G X A C I L F N K X N Y X E A L S X Y Q X A Majority
                210                220                230                240
114 H F - - - - - I A R G L A A C F M D Y R S S H Y R A TbCtr9
160 D N - - - - - A L L G Q A E F N G R F S E S L L Y K A AtCtr9
166 N N T - - - - L P V A K L G S A C I L F N Q G N Y I K A L D T Y Q DdCtr9
151 - - - - - A L L G L A L C E K D K D G V A L S Y F I Q A EhCtr9
161 N - - - - - I A L L G K A C I S F N D Y G A L A Y Y K A HsCtr9
182 D N - - - - - I S K L G M A C I K Y H K Y E A L S E F E Q C NgCtr9
169 A E D H R S G R Q S K P N C L L R A K L Y K E N Y M A S L K I F Q E ScCtr9
173 N - - - - - I G L G K A R I L Y A K G N Y S A L K L Y Q A SpTpr1
```

```
f . p p - f p p f f a f b f p f p f p f . . f p . f a b f . . f f a b f f p f a Consensus #1
L X T N - P X C P X D V R L G I G L C F Y K L G R L K K A X X A F E R X L Q L D Majority
                250                260                270                280
143 L E T V G S A P G I V R G G L C Y R L G R A A V K E R L A N TbCtr9
189 L Q V F - P C P A V R L G I G L C R Y K L G Q L K A R Q A F R L Q L D AtCtr9
200 Q N - S C S V R L G G Y C Y F K L G R T K K A K E A F K R L E L D DdCtr9
180 L K K - P T - S R C G I G R I Y Y S O K E K L A I R C Y E S L V L D EhCtr9
190 L R T N - P C P V R L G G H C F V K L K L K A R L A F S R L E L N HsCtr9
211 L L M N - P P D R L G G L C H Y Q L D N L K A K Q C F E R L Q L D NgCtr9
209 L V I N - P V L Q D R G I G L C F W Q L K D S K M A I K S Q R L Q L N ScCtr9
202 L V N - P F K D R G I G L C F W N L D M K T D A L S A T R Q Q L D SpTpr1
```

```
f . p - - f a f f f p f . f f a f p f . . - - - - - p f b b f f . - f f Consensus #1
P K N - - V X A L I G L A X X D L N F R X X - - - - - X X I K K A L X - L L Majority
                290                300                310                320
183 G E D - - V A A L L L Y L A Q R - - - - - R I K E D - TbCtr9
228 P D N - - V A A L A L G D L N D S - - - - - I K G D - R AtCtr9
239 R D N - - V A I G L A L N E N - - - - - I P E A K - L DdCtr9
218 N I - - A L I L S R Y D R T P - - - - - Q K A L E - L EhCtr9
229 S K - - V G A L G L A L N N K E A - - - - - D I K N G Q - L L HsCtr9
250 P N N - - V S A L I L A I D L N S R D E - - - - - E L Q N A K N Y L NgCtr9
248 P K N T S S L L L G E R E F T N S T N D K T F K E A T K A L S - D L ScCtr9
241 P K N T V V T Y I G L Y Y Y D L A F Q N V N - N D S F V Q Y G K A L Q - H SpTpr1
```



```
----- f f . p f b b f p . f . f . . . p f f f . Consensus #1  
----- A L E Y L K K A T X L D P D D S N A L I X Majority  
490 500 510 520  
351 - - - - - A L E S K L T E S V P G D V S T TbCtr9  
396 - - - - - A L E Y K A T K L D P R D A A G AtCtr9  
415 N N N I N I N N N N N L S N E I I N K K N V L K K A T E L N P N D S N E E DdCtr9  
384 - - - - - E Y L E K A V K D Y T I E L I V EhCtr9  
397 - - - - - A K G H L K K T E Q Y P D D V E A I E HsCtr9  
416 - - - - - S L A Y L K K L K K D P E N I N A L R NgCtr9  
428 - - - - - T S A K E Q S N L N E K A L K Y L E Y L K L T A T K N Q L I ScCtr9  
417 - - - - - M L L D R A N L G S S K L R V D S D Y I T SpTpr1
```

```
f p . f f a . p . f p . f f a f . p b f f . f f . . . f . f . f Consensus #1  
L X X L L E X X X X X A L X A Y K X A L - I L E X - - - - - X - X I X V P X Majority  
530 540 550 560  
372 L A A C S R L N S E E S K L T L H I Y E E L G - - - - - T P V P TbCtr9  
417 L E L L I S D T A A L A F K M A R - T L M K - - - - - K G G Q E V P AtCtr9  
455 L Q L E S E T A L A Y E G L - N L L K - - - - - K D G I V S DdCtr9  
404 S L L E E - K Q K K A L H Y N - - - - - E I N S T EhCtr9  
418 L A Q L E Q D G A L S A Y T A T R I L Q E - - - - - K V Q D V P HsCtr9  
437 E H E R - H Q L A L S L K E A L T I E E G - - - - - E T E V V T H NgCtr9  
461 S R A Y L V I Q E Q N Q Y K T S L D Y L S K A L E E M E F I K K E P ScCtr9  
443 Q A R L E K E D T K K S L G L A L D L E S - - - - - A H S V G SpTpr1
```

```
a f f p p f f f f . p . f p . f f a f . a p f f . f f p f f . - - - - - b . Consensus #1  
E X L N N I A V L H X X L G X L I E A X E X F X K A L S L A - - - - - X X Majority  
570 580 590 600  
405 K R A N K A S C D G T L Q N L E E G E D F L S - - - - - P TbCtr9  
450 E L N D I G L H F E R E E L E S A L E F K E A L D G I W I S F L D E E AtCtr9  
488 E Q N N I A V L R H Q K G L L E A E Q Y D K Q - - - - - S G Y Q L N Q DdCtr9  
430 E L N N G C C Y F E L I K S K E F E K A L D - - - - - EhCtr9  
452 E L N N G L H F R L G N L G E A K K F A S L D R A K A E A E H D E Y HsCtr9  
471 E Y N N I A V H Y K L G K N T E S E E F K K A L S L A E C N V M D N L D D NgCtr9  
501 E L N N A C Y H F I N G D I K A D L F K Q A K A K S - - - - - D K ScCtr9  
476 E L N N I A V L Q H L G L E A H G L K A K S P - - - - - D A SpTpr1
```

```
p . . f p - - - - - f p f f p p Consensus #1  
N L E X N - - - - - V T L X Y N Majority  
610 620 630 640  
437 E L P N - - - - - Y V P Y N TbCtr9  
490 N L E O G V S V L G Y K D T G I F H R L I E S G H S V D V P W N K V T T F N AtCtr9  
524 F K S N - - - - - T S T Y N DdCtr9  
461 S E R - - - - - T T L F N EhCtr9  
492 N A - - - - - V T T S Y N HsCtr9  
511 L H Q I E V K - - - - - H L Y N NgCtr9  
534 D E S N - - - - - T L E Y N ScCtr9  
509 N P E - - - - - L L D Y N SpTpr1
```

```
f f b f . a . f . . f a . f p . f p . p f f b . b f p p f a f p f b - - f p . f Consensus #1  
L A R L L E X M X D T X X A E X L Y X X I L K E H P X Y I D A Y L R - - L X X X Majority  
650 660 670 680  
449 A R L L E T S - D K V R A E L Y S K H H P F S Y Y R - - L E TbCtr9  
530 L A R L L E Q H K T A A F Y R L I L F K Y P Y I D A Y L R - - L A A S AtCtr9  
535 L A R L Y E T M G Q N K A E E L Y K I K E H P Y Y D C Y L R - - L C DdCtr9  
472 K G R L E E M K L E A E K C Y Q E I K E N P W Y D A R L R - - R Y H EhCtr9  
503 L A R L Y E A M C E H E A E K L Y K I L E H P Y D C Y L R - - L A HsCtr9  
526 A R K E V S K S D A K L Y L K I A Q H P Y I N A Y L R - - L K NgCtr9  
545 A R T N E K N - D C K S E S Y S T S L H P A Y I A A R R N L Y L K ScCtr9  
520 L A R C E E E G N T S V A E Y V I L E K H P F I D A R R - - K L SpTpr1
```

```
f b . p p p . p a f . . f f b a f f p f . f p p f a f f f f p . f f f . p . a Consensus #1  
A K X X G N Y X E A X E X X N E A L X X X P D N P E A W X L L G X L L L X Q K E Majority  
690 700 710 720  
486 A K A E R W R K A I M N L R I P D E P R A Y L L E Q R R TbCtr9  
568 A K A N L P L A I E N E A L K D D K N P N A S L L G E L E L K D AtCtr9  
573 C K Q G D Y E A G E E L D Q P D N Q E A W L Y G N L H L Y K E E DdCtr9  
510 W D E K Y L A S Q E V E T I N F P N Q E A K L L G E L C Q Q G K EhCtr9  
541 A D K G N F E A S D I E A L N Q D H P A W S L G N L H L A K Q E HsCtr9  
564 Q Q K G N H E K A I H C L A T E P N A T W L G Q T Y L E Q N N NgCtr9  
584 A Q S K I E D S T E N K L D I N K S D E R S Y G W Y L K N K E ScCtr9  
558 Q L S - P N E E T F K E H H D S O N E R A G W Y L S K Q K R SpTpr1
```

```
f . f f . b . f . . f p p p f - - . . b p a . p f f f p f p - p f p f b p f b p Consensus #1  
W X P A Q K I F X H I T X X X - - - X K X D X Y A L L X L G - N V Y X X A A R Q Majority  
730 740 750 760  
526 Y A A M N I R L K R - - - - - C V L A L G - Y H A Q Q TbCtr9  
608 W V K A K E T F R - A D - - T D G K D S Y A L L G N W N Y A A R AtCtr9  
613 W Y P A Q K N F E Q I T E - - D N K T Y A S L L G - N Y N A K F DdCtr9  
550 D D A F K I F N S T H N - - - N L Y A L A L A - R V M G R Q EhCtr9  
581 W G P G Q K K F E R I L K - - S T Q D T Y S L A L G - N V W Q Q HsCtr9  
604 Y T E A Q K A F E Y I T - - I D K D I Y A L L G - N V Y R NgCtr9  
624 R K N N E K S T T H N K E V K Y N S H D A Y A L L A - N Y T I A R D ScCtr9  
597 R P E D P E R H C R - H W D D I Y S L L G - N A Y A R E SpTpr1
```

```
. b - - - - b a . a b . . b . . b f f . f p p b f f p f a f p p f p f f p p Consensus #1  
- K - - - - X E X X K X X K H L L K A X Q L Y X K V L X K D P X N X Y A A N G Majority  
770 780 790 800  
558 H S - - - - G D S Y F L E L A K D R F H F L K D K N L A A H G TbCtr9  
645 E K - - - - N P K L E A T H L E K A K E L Y K V L Q H N N Y A A N G AtCtr9  
650 - - - - - N P K V E K Y I L N A E Q Y V L K N P N Y A A N G DdCtr9  
585 - - - - - - - P K Q Q L E A K L Y K L D P N L A G EhCtr9  
618 P T - - - - R K E K H Q D A A Y K Q V L R N D K N Y A A N G HsCtr9  
640 A K P N P D E E Q I E K H L D Y A L F E K T L K D N N Y A A L NgCtr9  
663 G K K S R N P E Q G K S K S Y L K A Q L Y K V L D P F N F A A G ScCtr9  
635 F V H N D - E K L K R Q K L Y I K A Q S Y D Q K D P K N H A A G SpTpr1
```

```
f . f f f f a b p p f p . f f . f f p b f b a f f f - - - - . p f a f f f p Consensus #1
I X I X L A E K G X F X X A L X X F S Q V R E A L X - - - - D C X D V W X N Majority
      810          820          830          840
590 A C C L G L E G R H E S C L L D V G E I - - - - N C S Y V R K H TbCtr9
680 S G I L A E K G F D I A K D F Q V Q E A S G S - V F L Q M D V W N AtCtr9
682 I G I L A E K G L A G E T F L Q R E A S - - - - D C P V S N DdCtr9
613 A T T A E K E N S N I F V I E S L Q R V N D V C P Y V V EhCtr9
653 I G I L A H K G F R E A R D F A Q V R E A T - - - - D I S D V W N HsCtr9
680 S G C L C E N G T E E G K A S V R E A C G D - D M K D T Y N NgCtr9
703 A I I A E S K R P A L E R V R S L D - - - - E D V Q N ScCtr9
674 I A I L A Q N R F K A L L S V R E A K - - - - D T T N SpTpr1
```

```
f f b f p f . f b p f p . f f b f p a p p f b b f p p . - a p f . f f . p f f b Consensus #1
L A H C Y X E Q K Q F S X A I K X Y E X C L K K F X N - - E N P E V L X Y L A R Majority
      850          860          870          880
624 Y E A H M N K I S D S K Q A I D L Q D P - - R A P L Q S S L A F TbCtr9
719 L A H Y A Q G F A L T K Y Q C L A K F F N - T D S Q L Y L A R AtCtr9
716 L A H Y S K G L F D N A I K Y E C L K K S P K E I E T M Y L A DdCtr9
653 G T C Y Y M A K S F E L N Q Y - - E E V L N L A Q EhCtr9
687 L A H Y E Q K Q Y I S A Q Y E C L K F K H - Q N T E V L Y L A R HsCtr9
719 L G H A I Q K Q F S Q A E K Y S C S K F F N D - E N P M V L A Y L A R NgCtr9
736 L A H C Y E E Y K A I E N Y E L V L K K F D N E K T R P H L N L L G R ScCtr9
707 G N C L A E K Q F S R A I E F E V Y S S T E S - Y G V L S L G R SpTpr1
```

```
. f f . . p b - - - - - f p a p f . p f b b f f . f . f p p f p - - - - - Consensus #1
X L F D X X R - - - - - Y Q E X X X T L K K A L H L X P S N X S - - - - - Majority
      890          900          910          920
662 C L F C E R - - - - - Y A A A V Q K K A D E L P S E - - - - - TbCtr9
758 T H Y E A E Q - - - - - Q E K K T L L A H L T P S N Y - - - - - AtCtr9
756 V Y F D A R - - - - - K Q T L K K A H Y P H N S - - - - - DdCtr9
690 C E F M L R - - - - - Y K E A E H L E A L K E P V - - - - - EhCtr9
726 A L F K C - - - - - Q E K Q T L L K A R H A P S D T V - - - - - HsCtr9
758 S L F D N A - - - - - H E E S N I L K K Q E Q D N - - - - - NgCtr9
776 A Y A R A I K E T S V N F Y Q K A E K T A L D L F K E S S K S K F I H ScCtr9
746 V Q R R E S K N V D Y K E R T L A L E K N P E N S - - - - - SpTpr1
```

```
- f b f p f f f f f p . f f p . f p . - - . b p f p a f . p f f . p f a f f Consensus #1
- L X F N X A L V Y Q Q X A X X T L X K - - K K R T V X E V X N X X X E L E X A Majority
      930          940          950          960
688 L L F N A L Y A S V A S Q - K Q E Q V E K E R S F L T E G TbCtr9
785 - F D G V Q K S S S T L K - - K K R T D E V R T A E E N A AtCtr9
783 - F N A S E M Q A I F L E K - - H Q E T F N K E L E A DdCtr9
715 - - - Y N Y Q L A C Y L E E - - - Q K O K K K L K E E L E Q R EhCtr9
753 - L M E N A L V Q R A S V L K D - - E K S K E V L N K E L E A HsCtr9
785 - Y N I A L E K V A T L D - - S N D K V Q I E D N Q T NgCtr9
816 S F N I A L H F Q A E T L R R S N P K F R T V Q K D S E L K E G ScCtr9
780 - L L F N A V Q F Q C E L I R K P E N S R T V E N F Q L S SpTpr1
```


	p f p a . . a p b p f p a p p a p a . . . p . . p a . . f . . . p a a . a . . .	Consensus #1
	X V X E E E X N R X I E E S D X N E S X D X E A X D X X E X X - X D E X E X - -	Majority
	1290 1300 1310 1320	
873	A V L F S G N F A G V S A E D K S D T A D G N	TbCtr9
1053	E L M E E S H P S P K K E E S N E A D P N E E E E E E E A N	AtCtr9
1061	D E E E T N R E E D D N E K V D E M D A K E A E K K E V E D F F	DdCtr9
903	E E K K N I E Q S D V V S L	EhCtr9
1106	V S G R S H S E D S R P A S P A E D H E S E R G D N E G S G Q	HsCtr9
1020	D V P Q S S S A R V I E N E E D E Y E G S R A D E G E E E F	NgCtr9
1037	L S E F I D S D E E E A M G S E Q K N D D N D E N N D D N G L F	ScCtr9
1002	N E E E V R I E E K N I T D Q D D N K E N L F E D E E	SpTpr1
	Consensus #1
	-----	Majority
	1330 1340	
901		TbCtr9
1091		AtCtr9
1101	G S E N E M	DdCtr9
922		EhCtr9
1146	G S G N E S E P E G S N N E A S D R G S E H G S D D S D	HsCtr9
1060	A F D E	NgCtr9
1076		ScCtr9
1039		SpTpr1

Consensus 'Consensus #1': When 50% (4) match the residue group of the Consensus show the group label of the Consensus, otherwise show '.'. Residue Groupings of Consensus #1 are: a=(DE), b=(HKR), f=(AFILMPVW), p=(CGNQSTY).

Decoration 'Decoration #1': Shade (with black at 50% fill) residues that match the consensus named 'Consensus #1' exactly.

Decoration 'Decoration #2': Shade (with solid black) residues that match the Consensus exactly.