

Figure S1

Homer

EVH1-domain

Hsap_1	MGE QPI F STRAHVF QIDPNTKKWV PTKS KHAVTVSYFYDSTRNVYRIISLD-	GSKAI INSTITPNMFTKTSQKFGQWADS RANTVYGLGFSSEHHLSKFAEKFQEKFKE
Mmus_1	MGE QPI F STRAHVF QIDPNTKKWV PTKS KHAVTVSYFYDSTRNVYRIISLD-	GSKAI INSTITPNMFTKTSQKFGQWADS RANTVYGLGFSSEHHLSKFAEKFQEKFKE
Hsap_2	MGE QPI F STRAHVF QIDPNTKKWV PTKS KHAVTVSYFYDSTRNVYRIISLD-	GSKAI INSTITPNMFTKTSQKFGQWADS RANTVYGLGFSSEHHLSKFAEKFQEKFKE
Mmus_2	MGE QPI F STRAHVF QIDPNTKKWV PTKS KHAVTVSYFYDSTRNVYRIISLD-	GSKAI INSTITPNMFTKTSQKFGQWADS RANTVYGLGFSSEHHLSKFAEKFQEKFKE
Hsap_3	MGE QPI F STRAHVF QIDPNTKKWV PTKS KHAVTVSYFYDSTRNVYRIISLD-	GSKAI INSTITPNMFTKTSQKFGQWADS RANTVYGLGFSSEHHLSKFAEKFQEKFKE
Mmus_3	MGE QPI F STRAHVF QIDPNTKKWV PTKS KHAVTVSYFYDSTRNVYRIISLD-	GSKAI INSTITPNMFTKTSQKFGQWADS RANTVYGLGFSSEHHLSKFAEKFQEKFKE
Spur	MSTAR EQPI F STRAHVF QIDPNTKKWV PTKS KHAVTVSYFYDSTRNVYRIISLD-	GAKVII INSTITPNMFTKTSQKFGQWADS RANTVYGLGFSSEHHLSKFAEKFQEKFKE
Dmel	MGE QPI F STRAHVF QIDPNTKKWV PTKS KHAVTVSYFYDSTRNVYRIISLD-	GAKVII INSTITPNMFTKTSQKFGQWADS RANTVYGLGFSSEHHLSKFAEKFQEKFKE
Nvec	MTLI FSKFSCRE QPVI F STRAHVF QIDPNTKKWV PTKS KHAVTVSYFYDSTRNVYRIISLD-	GAKVII INSTITPNMFTKTSQKFGQWADS RANTVYGLGFSSEHHLSKFAEKFQEKFKE
Ocar	MGE QPI F STRAHVF QIDPNTKKWV PTKS KHAVTVSYFYDSTRNVYRIISLD-	GAKVII INSTITPNMFTKTSQKFGQWADS RANTVYGLGFSSEHHLSKFAEKFQEKFKE
Aque	MGE KPV FSSRAIFQIDPDTKKS WLPCKSQSPVAFYHDHSRTYR IISVD-	GSKAI INSTIVPTNMFTKTSQKFGQWSDPKVS VFGLEGPSEAEFLTKFVIFQEVKE
Sros	MSSEKAVLSVQAHVFQIDPDTKKS WLPCKSQSPVAFYHDHSRTYR IISVD-	GSKAI INSTIVPTNMFTKTSQKFGQWSDPKVS VFGLEGPSEAEFLTKFVIFQEVKE
Mbre	MFKTQAHVFQIDPDTKKS WLPCKTAI PVSIV-KOEDGTHRIIRAAPADGDEVMSSTLSQGMLFTKTAPKFGQWTDTKAGTL YGLGFGAETDTLNFAFADSEALAM	GKPKPLVNINSTANNSFNKTSPKFGQWSDHRANTLYGLGFTEKDLIMFSSDKFMEAKT
MEFAERVELLRSDVASNGSEKAIHKTSAHFRIDPATKSSWQPIKSRVAPVHVYHDADKFKSIRIVAME-GSSALINCILSEGIFTKTSQKFGQWRDPRAKAVYGLGFGATEDEMQGFADFDQAMQ		

Hsap_1	AARLAKE - KSQEK - - - - - MELT STPSQESAGGDQLQSPLTPESINGTD-DERTPD - - - - - VTQN - - - - -	
Mmus_1	AARLAKE - KSQEK - - - - - MELT STPSQESAGGDQLQSPLTPESINGTD-DERTPD - - - - - VTQN - - - - -	
Hsap_2	AAKIAKD - KTEQK - - - - - IETSSNHSQES-GRETTPSTQASSVNGND-DEKASH - - - - - A - - - - -	
Mmus_2	AARLARD - KSQEK - - - - - TETSSNHSQES-GCETPSTQASSVNGND-DEKASH - - - - - A - - - - -	
Hsap_3	AARLARE - KSDQG - - - - - GEITSPALGLASHQVSPPLV - - - - - SPAD - - - - -	
Mmus_3	AARLARE - KSDQG - - - - - GEFTSTGLALASHQVSPPLV - - - - - QSDA - - - - -	
Spur	AALLEITS - EPSSK - - - - - GIDSTPVGQNESAKITNNENIHAKOSISGDS TGSIPNPVHIM - - - - - QSDA - - - - -	
Dmel	ATKNAMK - SANGSNNAVTPTTSANTSPIGRAV - - - - - GDSMQNNDNTAIDPHHTVEPPNMSNTTQAN - - - - - ASSD - - - - -	
Nvec	STKSISS - SSLSI - - - - - GGSNSPKPSLPNAVIPSOMN - - - - - GNT - - - - -	
Ocar	NVRASSI - KSSSE - - - - - GQVDIDVVTNGSDVNRKXVSERKEEKGSLTRORKLSE - - - - - EAGL - - - - -	
Aque	AAKALIEF RKKQDQQQFATSSQDSSNMDNSTI - - - - - QDTSTSSTNSKLDSRSDSIDI LIPSDONGGGTPPLSPSPST - - - - -	
Sros	KLDDOSTT - STTPA - - - - - SPPKVAKPATAAKPRAKPEKEFSAKPNKPSASTGDAIGSPV - - - - - SQEV - - - - -	
Mbre	QAVGEST - APVQS - - - - - TPASTPSTMSPTPAPPQAPSESPAAPAPIKARDTTSTA AVASAPQPTDT - - - - - TPPDATAK	

CC-domain 1

Hsap_1	-- - SE PRAEPTQN ALPFS HSSAI - - - - - SKHWAEALATLKGNNAKLTAALLESSTANVQWKQQLAAYQEEAERLHKRVTELECV - - - - - SQANAVH THK - - - - -	
Mmus_1	-- - SE PRAEPTQN ALPFS HSSAI - - - - - SKHWAEALATLKGNNAKLTAALLESSTANVQWKQQLAAYQEEAERLHKRVTELECV - - - - - SQANAVH THK - - - - -	
Hsap_2	-- - TH LKSENDLKLIAQSAA - - - - - VKKWEIELTOLRESNARLTALQESAAVSEQWKRQFSLI RDENDRDRNLKIDLEEQ-C - - - - - SEINREKEKN-TLLKRRIEELEAELE - - - - -	
Mmus_2	-- - TH LKSENDLKLIAQSAA - - - - - VKKWEIELTOLRESNARLTALQESAAVSEQWKRQFSLI RDENDRDRNLKIDLEEQ-C - - - - - SEINREKEKN-TLLKRRIEELEAELE - - - - -	
Hsap_3	-- - APGPTTERERLKKM1SEGSVG - - - - - EVQWEAEFFALQSNNSKKLALAREANAAQWRQOLEAQRAEAERLQRVAEEFAQ-AA - - - - - SEVTPTEKEEGLGQGOSLEELALVQT - - - - -	
Mmus_3	-- - TP GPTTERERLKKM1SEGSVG - - - - - EVQWEAEFFALQSNNSKKLALAREANAAQWRQOLEAQRAEAERLQRVAEEFAQ-AA - - - - - SEVTPTEKEEGLGQGOSLEELALVQT - - - - -	
Spur	-- - AQLKYENDRLKIALAQSSN - - - - - AKKWEELQTLKNNNARLTALQESTSNVEEWRLKRMKELFAT-VE - - - - - PEAOONGHSDT-AELESRVQELTLAHK - - - - -	
Dmel	-- - QQLKYENERLKMALAQSCAN - - - - - AKKWEELQTLKNNNARLTALQESTSNVEEWRLKRMKELFAT-VE - - - - - PEAOONGHSDT-AELESRVQELTLAHK - - - - -	
Nvec	-- - AQLKYENDRLKMLAQSSGN - - - - - AKKWEELQTLKNNNARLTALQESTSNVEEWRLKRMKELFAT-VE - - - - - PEAOONGHSDT-AELESRVQELTLAHK - - - - -	
Ocar	-- - QEMPHENDRLKHALLASSCH - - - - - RFWKEAEFROKLMNNTLRLTGLOFSKMNVEFWSKMKQOFEENHKLKOKVKHELEAGFAGVE SRLTSMGNLORDKEA LERRVLEELAALOE - - - - -	
Aque	AQVESLKFENS K-KVALASSAQN - - - - - VKKWESEMOTLRNSNTMLKTALEQESAQHVTEWKQLOQK YKDECQDLKKKIVKQEDN - - - - - REIESVTKEN-EELKEVVISAVOTDLQD - - - - -	
Sros	-- - ATLRYENERLRAALASSAN - - - - - AKKWEELQTLKNNNARLTALQESTSNVEEWRLKRMKELFAT-VE - - - - - STRDASSTAS-QPDDEVVTKL - - - - -	
Mbre	SDAAALKYENERLRLNALSKSKAN - - - - - ASKWEELRNLNTRNATARLTAMQDSAKNVEWKHQLAAWKSETEKLKADLKAEDRASA - - - - - LEQAAASTGTPTPEQDAEDELRLQALEA - - - - -	

CC-domain 2

Hsap_1	KEEEIERLKQEDNARELQE - - - - - QRDSLTLQKQLEVEIRNPKDLEQLSDLEQRLKQNEQEAFRNRLKTLLEILDGKIFELTELDRDNLAKEES - - - - -	
Mmus_1	KEEEIERLKQEDNARELQE - - - - - QRDSLTLQKQLEVEIRNPKDLEQLSDLEQRLKQNEQEAFRNRLKTLLEILDGKIFELTELDRDNLAKEES - - - - -	
Hsap_2	KETEEDLRLRKQSEIIIPQLMS - - - - - ECEVWSEKLEAAERDQNLEDKVRSLKTDIEEKKYRQRHLKVELKSFLLEVLDGKIDDLHDFRRGSKLGTCN - - - - -	
Mmus_2	KEMEEDLRLRKQSEIIIPQLMS - - - - - ECEVWSEKLEAAERDQNLEDKVRSLKTDIEEKKYRQRHLKVELKSFLLEVLDGKIDDLHDFRRGSKLGTCN - - - - -	
Hsap_3	KDQEIQTLKNSQTGTREAPDTAEREFETQQKVQDLERNAELEHQLRAMERSLEEAEERAERARAEVGRAAOQLLDVSLFELSELREGALARLAEAAP - - - - -	
Mmus_3	KDQEIQTLKNSQTGTREAPDTAEREFETQQKVQDLERNAELEHQLRAMERSLEEAEERAERARAEVGRAAOQLLDVSLFELSELREGALARLAEAAP - - - - -	
Spur	KDQEVEGLSKRLEEVSGLAE - - - - - ENTRLSSELEKTTSNVNDALTSLRDLERLQQLERATREENSTOMTTLHEQLSTLEQLASLHIHGS - - - - - PEAONGHSDT-AELESRVQELTLAHK - - - - -	
Dmel	LQKEVLM - - - - - QELELSANISLREKSNDLTAK - - - - - LSVNGVFAKHLSELYGVQKDMESLQI AKCT - - - - -	
Nvec	KDEEISGLKG - - - - - TNAIDLSSQIKESKVKRNQELLEQRVKDLED RMSQASV NQNA - - - - -	
Ocar	KNEE - - - - - KLEMONDALSDLKVKDMLKIQVTTADLRIERAGMSKTLSEKLOEMQLQIKEIDLLFO - - - - -	
Aque	KRTEVTTLQASLKA SQD - - - - - KQEAATATNAILESLQSDIKEELNNLKSQHSSSLSLAKEKXVKLGQQOLILATHDGLGALK - - - - -	
Sros	AKAELAEVRQQLEASQNAEK - - - - - SAVDQOQQAETAVVQLKEQIKTL-TAAEYQSKYERLAEDMDAWNTSYANLADLDDLVHVALGALLQRS - - - - -	
Mbre	KTEAHKRAEQ - - - - - EREESHAA LAERDV TIANLERKVQEME - - - - - GLAFAKEHSEMLEMLQREMVAWKHSFAEKYAEGLDFLTAFDGLLHQ - - - - -	