

**S6 Table. Common blocks/patterns among Ca<sup>2+</sup>-ATPase family members**

		<b>Patterns</b>		
	<b>Similarity (%)</b>	<b>444444514454447</b>	<b>744671274747</b>	<b>814544224144</b>
1	100	302-LAVAAIPEGLPAVIT	346-SVICSDKTGTLT	706-NDAPALKKAEIG
2	100	302-LAVAAIPEGLPAVIT	346-SVICSDKTGTLT	705-NDAPALKKAEIG
3	100	302-LAVAAIPEGLPAVIT	346-SVICSDKTGTLT	706-NDAPALKKAEIG
4	100	426-VLVVAVPEGLPLAVT	470-TAICSDKTGTLT	800-NDGPALKKADVG
5	100	450-VLVVAVPEGLPLAVT	494-TAICSDKTGTLT	823-NDGPALKKADVG
6	100	424-VLVVAVPEGLPLAVT	468-TAICSDKTGTLT	797-NDGPALKKADVG
7	100	416-VLVVAVPEGLPLAVT	460-TAICSDKTGTLT	788-NDGPALKKADVG
	<b>Domain</b>	<b>Transmembrane</b>	<b>Before E1_E2_ATPase</b>	<b>-</b>