

# Multiple sequence alignment of identified NHXs peptides in *G. max* (GmNHX1-9)

[Alignment highlighted by the black rectangle indicates the motif sequences described with the Na<sub>+</sub>/H<sup>+</sup> Exchanger activity (Pfam)]

	1	10	20	30	40	50
GmNHX2	...MM	EEDGTSKEQQQ	AAGVGI	LQIMMLV	LSFV	LGHVLR
GmNHX4	MTSEL	EISPAD	TRKAPGKEQQ	AAGVGI	LQIMMLV	LSFV
GmNHX6	MASEL	EISPAD	ARKAPGKEQQ	AAGVGI	LQIMMLV	LSFV
GmNHX3	MGMVP	.VNL	IPEVLRNLV	HEH	ALVVP	ISL
GmNHX7	MAVEA	.LY	LDKLT	VTMTSDH	ASVSM	NLF
GmNHX5	MVFEI	.SS	VVSKLQ	TLSTSDH	ASVSM	NLF
GmNHX9	MVFEI	.ST	VVSKLQ	TLSTSDH	ASVSM	NLF
GmNHX1	MGGEL	.SY	VLSKME	.MLTSDH	ASVSM	NLF
GmNHX8	MGGEL	.SY	VLSKME	.MLTSDH	ASVSM	NLF

	60	70	80	90	100	110
GmNHX2	IGLV	GTLAN	ISHTQT	SIR	RAWFN	FHEEF
GmNHX4	IGLV	GILANI	ISDTE	SIR	RGWFN	FHEEF
GmNHX6	IGLV	GILANI	ISDTE	NIR	RAWFN	FHEEF
GmNHX3	VGFI	GIIL	LVTKG	SSH	.ILTF	NEEL
GmNHX7	IGLV	CTGV	VLFTTG	GKSSH	.ILV	FSEDL
GmNHX5	IGVCT	GVVIL	LFSG	GKSSH	.ILV	FSEDL
GmNHX9	IGVCT	GIVIL	LFSG	GKSSH	.ILV	FSEDL
GmNHX1	IGICT	GVVIL	LLSR	GKSSH	.LLV	FSEDL
GmNHX8	IGICT	GIVIL	LLSR	GKSSH	.LLV	FSEDL

**Motif 2**

	120	130	140	150	160
GmNHX2	AIFGT	FIASI	VTGVL	VYLG	GLMY
GmNHX4	AIFGT	FIASI	VTGIL	VYLG	GLLF
GmNHX6	AIFGT	FIASI	VTGIL	VYLG	GLLF
GmNHX3	GVI	GVFIS	VSITC	....	GSWW
GmNHX7	GAVGT	LISFC	IISL	....	GAIHF
GmNHX5	GAI	GTI	ISCT	IITL	....
GmNHX9	GAI	GTI	ISCT	IITL	....
GmNHX1	GAVGT	LISCS	IITF	....	GVTQ
GmNHX8	GAVGT	LISCS	IITF	....	GVTQ

	170	180	190	200	210	220
GmNHX2	LGT	DVN	LYAL	LVFGE	SVL	NDAMA
GmNHX4	LGT	DVN	LYAL	LVFGE	SVL	NDAMA
GmNHX6	LGT	DVN	LYAL	LVFGE	SVL	NDAMA
GmNHX3	DET	PL	LYS	LVFGE	GVV	NDATS
GmNHX7	DET	PL	LYS	LVFGE	GVV	NDATS
GmNHX5	DET	PL	LYS	LVFGE	GVV	NDATS
GmNHX9	DET	PL	LYS	LVFGE	GVV	NDATS
GmNHX1	DET	PL	LYS	LVFGE	GVV	NDATS
GmNHX8	DET	PL	LYS	LVFGE	GVV	NDATS

**Motif 4**

	230	240	250	260	270	280
GmNHX2	VGV	GFIS	ALLFK	..YAG	LDID	NLQNL
GmNHX4	VGV	GFIS	ALLFK	..YAG	LDID	NLQNL
GmNHX6	VGV	GFIS	ALLFK	..YAG	LDID	NLQNL
GmNHX3	VIT	GLLT	AYIL	KALS	FG..RHS	SVRE
GmNHX7	IFA	GLLS	AYIK	KLYFG	KLIRHS	TDRE
GmNHX5	VLT	GLLS	AYIK	KLYIG	..RHS	TDRE
GmNHX9	VLT	GLLS	AYIK	KLYIG	..RHS	TDRE
GmNHX1	VLA	GLLS	AYIK	KLYIG	..RHS	TDRE
GmNHX8	VLA	GLLS	AYIK	KLYIG	..RHS	TDRE

**Motif 1**

	290	300	310	320	330
GmNHX2	KHY	TSN	LSR	SSQR	FVSAF
GmNHX4	KHY	TSN	LSR	SSQR	FVSAF
GmNHX6	KHY	TSN	LSR	SSQR	FVSAF
GmNHX3	SHY	AWN	VTET	SRIT	TRHV
GmNHX7	SHY	TWH	NVTE	SRIT	TKHV
GmNHX5	SHY	TWH	NVTE	SRIT	TKHS
GmNHX9	SHY	TWH	NVTE	SRIT	TKHS
GmNHX1	SHY	TWH	NVTE	SRIT	TKHA
GmNHX8	SHY	TWH	NVTE	SRIT	TKHA

