

L350H



I398F



P412T



V415D



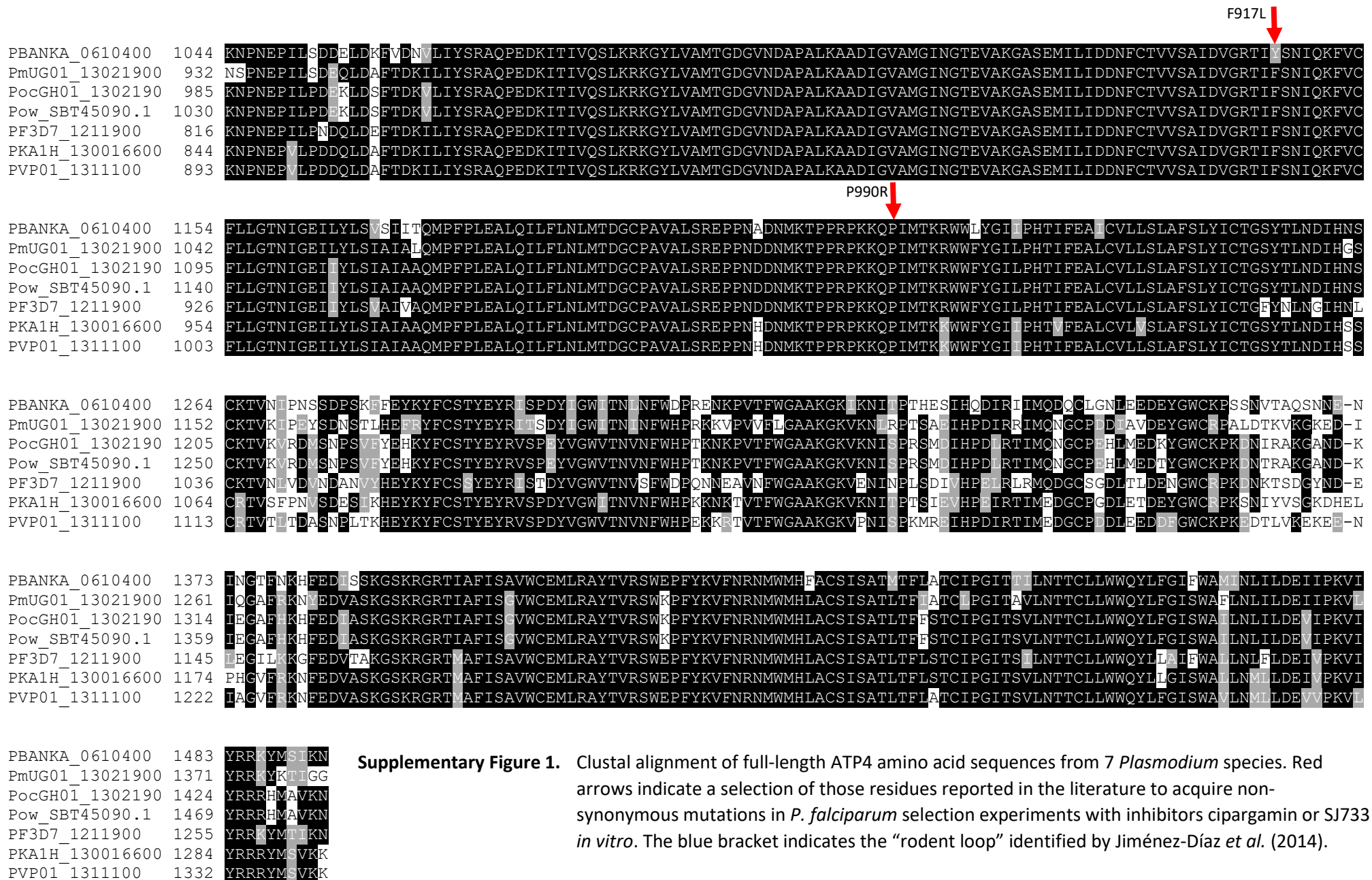
PBANKA_0610400 520 CFATTSVTNGCGKGVISTGLNTQVGKIASQLKKSSEGSKLTPLQVSLNPLGGLIGLIAIIVLMLIITLALINLYKDPAHADKDPILVIIIGVGFVAVSSVPEGLPMVVT
PmUG01_13021900 393 CFATTSVTNGSGKGVISTGLDQVGKIASQLKKSSEGSKLTPLQVALNKLGGGLIGLIAIIVLIIITLAVLINYRDPAHADKDPILAVIIIGVGFVAVSSVPEGLPMVVT
PocGH01_1302190 459 CFATTSVTNGYVGGKGVISTGLFTQVGKIASQLKKSSEGSKLTPLQVALNKLGGGLIGLIAIIVLFIITLAVLINYRDPAHADKDPILVIIIGVGFVAVSSVPEGLPMVVT
Pow_SBT45090.1 504 CFATTSVTNGYVGGKGVISTGLFTQVGKIASQLKKSSEGSKLTPLQVALNKLGGGLIGLIAIIVLFIITLAVLINYRDPAHADKDPILVIIIGVGFVAVSSVPEGLPMVVT
PF3D7_1211900 307 CFATTSVTSGSGKGVISTGLDQVGKIASQLKKSSEGSKLTPLQVALNKLGGGLIGLIAIIVLVIISLAVLTKYRDPAHADKDPTEVIIIGVGFVAVSSPEGLPMVVT
PKA1H_130016600 325 CFATTSVTNGSGKGVISTGLNTQVGKIASQLKKSSEGSKLTPLQVALNKLGGGLIGLIAIIVLFIISLAVLINYRDPAHADKDPILVIIIGVGFVAVSSVPEGLPMVVT
PVP01_1311100 382 CFATTSVTNGSGKGVISTGLNTQVGKIASQLKKSSEGSKLTPLQVALNKLGGGLIGLIAIIVLFIISLAVLINYRDPAHADKDPILVIIIGVGFVAVSSVPEGLPMVVT

PBANKA_0610400 630 ITLSAGAKDMVKKANVRKLPVAVETLGCCSVICSDKTGTLTEGKMTAINVTFCKNSKLHDK-----NELTKTYDFYPTKGFEPSSGGLFDSLELTSEIKKKIVIAKNK
PmUG01_13021900 503 ITLSAGAKDMVKKANVRKLPVAVETLGCCSVICSDKTGTLTEGKMTAINAVTFCKNSLSDN-----NNKLTKTDFDYPTKGFEPYGGGLFDSSELTSEIKKKIVIAKNE
PocGH01_1302190 569 ITLSAGAKDMVKKANVRKLPVAVETLGCCSVICSDKTGTLTEGKMTAINAVTFCKNSLSDLTDPDNIVENGLTKTDFDYPTKGFEPYGGGLFDSNLTSEIKKKIVIAKNQ
Pow_SBT45090.1 614 ITLSAGAKDMVKKANVRKLPVAVETLGCCSVICSDKTGTLTEGKMTAINAVTFCKNSLSDLTDPDNIVENGLTKTDFDYPTKGFEPYGGGLFDSNLTSEIKKKIVIAKNQ
PF3D7_1211900 417 ITLSAGAKDMVKKANVRKLPVAVETLGCCSVICSDKTGTLTEGKMTAINAVTICKNSLSD-----NNKLTKTDFDYPTKGFEPYGGGLFDSNELTSEIKKKIVIAKNQ
PKA1H_130016600 435 ITLSAGAKDMVKKANVRKLPVAVETLGCCSVICSDKTGTLTEGKMTAINAVTFAKNSLSDK-----NNMLTKTDFDYPTKGFEPYGGGLFDSGKLTNELKKKIVIAKNQ
PVP01_1311100 492 ITLSAGAKDMVKKANVRKLPVAVETLGCCSVICSDKTGTLTEGKMTAINLVTFCKNSLSDK-----NNKLTKTDFDYPTKGFEPYGGGLFDSKLTNELKKKIVIAKNQ

PBANKA_0610400 733 NISYDSILQNYGNPESKNIINVYKTRSLMLAAYLNSYDITLTKNLKTKGWEIQGNMSEGPVVAAAKAGYNIFFNSENNEENYIKKIKRLEDLEITFNSSRKMKIIFYKLI
PmUG01_13021900 607 NKSFFSILYNYGNPDKNSFAVDKTRALMFAAYLNSYDITLTKRDSKTAKIWIQGNMSEGPVVAAAKAGYNIFFNSENNEENYIKKIKRLEDLEITFNSSRKMKIIFYKLI
PocGH01_1302190 679 SISYDILYNYGNPENKSVHVCKIRSLMFAAYLNSYDITLTKSRDPKTSKWTIQGNMSEGPVVAAAKAGYNIFFNSENNEENYIKKIKRLEDLEITFNSSRKMKIIFYKLI
Pow_SBT45090.1 724 SISYDILYNYGNPENKSVHVCKIRSLMFAAYLNSYDITLTKSRDPKTSKWTIQGNMSEGPVVAAAKAGYNIFFNSENNEENYIKKIKRLEDLEITFNSSRKMKIIFYKLI
PF3D7_1211900 521 NTSYDKVLYNYGNPESKNSVIVDKTRSLMFAAYLNSYDITLTKSRDPKTKWGIHQGNMSEGPVVAAAKAGYNIFFNSENNEENYIKKIKRLEDLEITFNSSRKMKIIFYKLI
PKA1H_130016600 539 NISYDSILYDYGNEPKNSIDVKKTRSLMFAAYLNSYDITLTKSRDPKTSKWTIQGNMSEGPVVAAAKAGYNIFFNSENNEENYIKKIKRLEDLEITFNSSRKMKIIFYKLI
PVP01_1311100 596 SISFFSILYNYGNPENKSVHVCKIRSLMFAAYLNSYDITLTKSRDPKTSKWTIQGNMSEGPVVAAAKAGYNIFFNSENNEENYIKKIKRLEDLEITFNSSRKMKIIFYKLI

PBANKA_0610400 843 ENNKFEINLKNKNTNVAYTHIAFKIGAPDKLIDISTNLLKET-QGEIQVSWDKQISDNEKILITNKNIELSOKALRVLAVCIKPLTDTQIEHLRTYEDADERLKFVKT
PmUG01_13021900 715 IENQFEQIVLHN--ENEKYTHIALIKGAPDKLLDRSTHLLLEET-DKGVATEWNNKITEQEKNIYLNKLELSRQKALRVLAVCIKPLTDKNEIELKILDDADERLKFVNYG
PocGH01_1302190 789 VENRFEYIHLN--GDKKYTHIALIKGAPDKLLDRSTHLLLEET-KRGAQIAWSSKITEKEKDILIKKLELSQKALRVLAVCIKPLTDENIAHLKSLDADERLKFVNL
Pow_SBT45090.1 834 VENRFEYIHLN--GNKKYTHIALIKGAPDKLLDRSTHLLLEET-KRGAQIAWSSKITEKEKDILIKKLELSQKALRVLAVCIKPLTDENIAHLKSLDADERLKFVNL
PF3D7_1211900 629 TVNVFENVYLLK--PGKVYTHIALIKGAPDKLLDRSTHLLLEETSMKKVQVSWNSTITQEERNVLIKKLELSQKALRVLSICIKPLTDONIEELKKLEDADERLKFVNYD
PKA1H_130016600 647 KENMFEYIHLR--TGKVFETHIALIKGAPDKLLDRSTHLLLEES-PKGPQICWSAKISENEKDVLAQKLELSQKALRVLAVCIKPLTSEHISLKSLLDADERLKFVTTD
PVP01_1311100 704 KEDTFEYIHLR--PGKVFETHIALIKGAPDKLLDRSTHLLLEES-PKGPQICWSAKISENEKDVLAQKLELSQKALRVLAVCIKPLTSEHIDMLKRLDDADERLKFVTTD

PBANKA_0610400 952 EQ-CGFIPPLGYIASFDPPRSGVKEAIQTCRNAQVKVIMITGDQKPTAIAIGKLIIGLILNKKSEDEIKDN-----EQYDLDNNSNIIRAIECSELHIN
PmUG01_13021900 822 QYGGGIPPLGYIASFDPPRPGVKEAIQTCREAKQVKVIMITGDQKPTAIAIGKLIIGLILKSEGVVGEKEEVEVHKVEGISKDDDDGKCNNGNDVHKVEEAIECSELHIN
PocGH01_1302190 896 PQ-GGFIPPLGYIASFDPPRPGVKEAIQTCREAQQVKVIMITGDQKPTAIAIGKLIIGLILSEKGEEDDK-----EG-----NTVEQSLGQSEAIECSELHIN
Pow_SBT45090.1 941 PQ-GGFIPPLGYIASFDPPRPGVKEAIQTCREAQQVKVIMITGDQKPTAIAIGKLIIGLILSEKGEEDDK-----EG-----NTVEQSLGQSEAIECSELHIN
PF3D7_1211900 737 EN-GGFIPPLGYIASFDPPRPGVKEAIQTCREAQQVKVIMITGDQKPTAIAIGKLIIGLILSEKSEQV-----EDINSLAIECSELHIN
PKA1H_130016600 754 ED-SGFIPPLGYIASFDPPRPGVKEAIQTCRNAQVKVIMITGDQKPTAIAIGKLIIGLIGEDKAGQAQQA-----DG-----HGDRANEADAQAEIECSELHIN
PVP01_1311100 811 EE-SGFIPPLGYIASFDPPRPGVKEAIQTCRNAQVKVIMITGDQKPTAIAIGKLIIGLILSEKSEQV-----EGPGQTGA-----ATANMQAEIECSELHIN



Supplementary Figure 1. Clustal alignment of full-length ATP4 amino acid sequences from 7 *Plasmodium* species. Red arrows indicate a selection of those residues reported in the literature to acquire non-synonymous mutations in *P. falciparum* selection experiments with inhibitors cipargamin or SJ733 *in vitro*. The blue bracket indicates the “rodent loop” identified by Jiménez-Díaz *et al.* (2014).