

S1 Table. CLUSTAL O(1.2.1) NHBA p variants multiple sequence alignment

p29	MFKRSVIAMACI VALSACGGGGGGSPDVKSADTLSKPAAPVVTEDEVGEEVLPKEKKDEEA	60
p5	MFKRSVIAMACI FALSACGGGGGGSPDVKSADTLSKPAAPVVSEKETEA-----	49
p3	MFKRSVIAMACI FALSACGGGGGGSPDVKSADTLSKPAAPVVSEKETEA-----	49
p1	MFKRSVIAMACI FALSACGGGGGGSPDVKSADTLSKPAAPVVSEKETEA-----	49
p2	MFKRSVIAMACI FALSACGGGGGGSPDVKSADTLSKPAAPVVSEKETEA-----	49
p10	MFKRSVIAMACI FALSACGGGGGGSPDVKSADTPSKPAAPVVAEKETDA-----	49
p20	MFERSVIAMACI FALSACGGGGGGSPDVKSADTLSKPAAPVVAEKETEVE-----	49
p21	MFERSVIAMACI FALSACGGGGGGSPDVKSADTLSKPAAPVVAEKETEVE-----	49
p17	MFERSVIAMACI FALSACGGGGGGSPDVKSADTLSKPAAPVVAEKETEVE-----	49
p18	MFERSVIAMACI FALSACGGGGGGSPDVKSADTLSKPAAPVVAEKETEVE-----	49
	:** . ***** ***** *****:*. :	
p29	VSGAPQAD--TQDATA GKGQDMAAVSAENTGNGGAATTDN PENKDEGPQNDMPQNAADT	118
p5	KEDAPQAGSQGGGAPSAQGGQDMAAVSEENTGNGGAATADNPKNEDE-AQNDMPQNTAGT	108
p3	KEDAPQAGSQGGGAPSAQGSQDMAAVSEENTGNGGAVTADNPKNEDEVAQNDMPQNAAGT	109
p1	KEDAPQAGSQGGGAPSAQGGQDMAAVSEENTGNGGAAATDKPKNEDEGAQNDMPQNAADT	109
p2	KEDAPQAGSQGGGAPSAQGGQDMAAVSEENTGNGGAAATDKPKNEDEGAQNDMPQNAADT	109
p10	KEDAPQAGSQGGGAPSAQGGQDMAAVSAENTGNGGAETADN PENKDEGTQNDMPQNAAES	109
p20	KEDAPQAGSQGGGAPSTQGSQDMAAVSAENTGNGGAATTDKPKNEDEGPQNDMPQNSAES	109
p21	KEDAPQAGSQGGGAPSTQGSQDMAAVSAENTGNGGAATTDKPKNEDEGPQNDMLQNSAES	109
p17	KEDAPQAGSQGGGAPSTQGSQDMAAVSAENTGNGGAATTDKPKNEDEGPQNDMPQNSAES	109
p18	KEDAPQAGSQGGGAPSTQGSQDMAAVSAENTGNGGAATTDKPKNEDEGPQNDMPQNSAES	109
	. **** * * : :*.***** ***** :*:*:*.** **** **:*	
p29	DSSTPNHTPAPNMPTRDMGNQAPDAGESAQPANQPD MANAADGMQGGDPSA-GENAGNTA	177
p5	DSLTPNHTPASNMPAGNMENQAPDAGESAQPENKPD MANAADG IQGGDPSADGENAGNTA	168
p3	DSSTPNHTPDPNMLAGNMENQATDAGESSQPANQPD MANAADGMQGGDPSAGGQNAAGNTA	169
p1	DSLTPNHTPASNMPAGNMENQAPDAGESEQPANQPD MANTADGMQGGDPSAGGENAGNTA	169
p2	DSLTPNHTPASNMPAGNMENQAPDAGESEQPANQPD MANTADGMQGGDPSAGGENAGNTA	169
p10	ANQ-----	112
p20	ANQ-----	112
p21	ANQ-----	112
p17	ANQ-----	112
p18	ANQ-----	112
	.	
p29	DQAANQAENNVGGSQNPASSTNPNATNGGSD FGRINVANGIKLDSGSENVTLTHCKDKV	237
p5	AQGTNQAENNVTAGSQNPASSTNPNATNGGGDFGRITNVGNSVVIDGPSQNI TLTHCKGDP	228
p3	AQQANQAGNNQAAGSSDPI PASNPAPANGGSNFRV DLANGVLIDGPSQNI TLTHCKGDS	229
p1	AQGTNQAENNVTAGSQNPASSTNPNATNSGGDFGRITNVGNSVVIDGPSQNI TLTHCKGDS	229
p2	AQGTNQAENNVTAGSQNPASSTNPNATNSGGDFGRITNVGNSVVIDGPSQNI TLTHCKGDS	229
p10	-----TGNNQSAGSSDSAPASN PAPANGGDFGRITNVGNSVVIDGPSQNI TLTHCKGDS	166
p20	-----TGNNQPADSSDSAPASN PAPANGGSNFRV DLANGVLIDGPSQNI TLTHCKGDS	166
p21	-----TGNNQPADSSDSAPASN PAPANGGSNFRV DLANGVLIDGPSQNI TLTHCKGDS	166
p17	-----TGNNQPADSSDSAPASN PAPANGGSNFRV DLANGVLIDGPSQNI TLTHCKGDS	166
p18	-----TGNNQPADSSDSAPASN PAPANGGSNFRV DLANGVLIDGPSQNI TLTHCKGDS	166
	: ** . *: :*: *.*:*** :*:*: *. *:***** .	
p29	CDR-DFLDEEAPPKSEFEKLSDEEKINKYKKDEQ----RENFVGLVADRVEKNGTNKYVI	292
p5	CNGDNLLDEEAPSKSEFEKLSNESERIEKYKKDGK----DKFVGLVATTVKMEGINKYII	283
p3	CSGNNFLDEEVQLKSEFEKLSADAKI SNYKKDG----KNDKFVGLVADSVQMKGINQYII	285
p1	CSGNNFLDEEVQLKSEFEKLSADAKI SNYKKDGKNDGKNDKFVGLVADSVQMKGINQYII	289
p2	CSGNNFLDEEVQLKSEFEKLSADAKI SNYKKDGKNDGKNDKFVGLVADSVQMKGINQYII	289
p10	CNGDNLLDEEAPSKSEFDNLSESERMEKYKKDGK----SDKFTGFVADKLQMKGTNQYII	222
p20	CNGDNLLDEEAPSKSEFENL NESERIEKYKKDGK----SDKFTNLVATAVQANGTNKYVI	222
p21	CNGDNLLDEEAPSKSEFENL NESERIEKYKKDGK----SDKFTNLVATAVQANGTNKYVI	222
p17	CNGDNLLDEEAPSKSEFENL NESERIEKYKKDGK----SDKFTNLVATAVQANGTNKYVI	222
p18	CNGDNLLDEEAPSKSEFENL NESERIEKYKKDGK----SDKFTNLVATAVQANGTNKYVI	222
	. ::****. *****:*. : :*:***** :*:*. **: :*:*****	
p29	IYKDKSASSSSARFRRSARSRRSLPAEMPLIPVNQADTLIVDGEAVSLTGHSNIFAPEG	352
p5	FYTDKP--P-----TRSARSRRSLPAEMPLIPVNQADTLIVDGEAVSLTGHSNIFAPEG	336

p3 FYKPKP--TSFARFRRSARSRRSLPAEMPLIPVNQADTLIVDGEAVSLTGHSIGNIFAPEG 343
p1 FYKPKP--TSFARFRRSARSRRSLPAEMPLIPVNQADTLIVDGEAVSLTGHSIGNIFAPEG 347
p2 FYKPKP--TSFARFRRSARSRRSLPAEMPLIPVNQADTLIVDGEAVSLTGHSIGNIFAPEG 347
p10 FYKPKT--TSSARFRRSARSRRSLPAEMPLIPVNQADTLIVDGEAVSLTGHSIGNIFAPEG 280
p20 IYKDKSASSSSARFRRSARSRRSLPAEMPLIPVNQADTLIVDGEAVSLTGHSIGNIFAPEG 282
p21 IYKDKSASSSFARFRRSARSRRSLPAEMPLIPVNQADTLIVDGEAVSLTGHSIGNIFAPEG 282
p17 IYKDKST--SSARVRRSARSRRSLPAEMPLIPVNQADTLIVDGEAVSLTGHSIGNIFAPEG 280
p18 IYKDKST--SSARVRRSARSRRSLPAEMPLIPVNQADTLIVDGEAVSLTGHSIGNIFAPEG 280
: * . * *****

p29 NYRYLTYGAEKLSGGSYALSVQGEPAKGEMLAGTAVYNGEVLHFHMENGRPSPSGRFAA 412
p5 NYRYLTYGAEKLSGGSYALSVQGEPAKGEMLAGTAVYNGEVLHFHTENGRPYPTRGRFAA 396
p3 NYRYLTYGAEKLPGGSYALRVQGEPAKGEMLAGAAVYNGEVLHFHTENGRPYPTRGRFAA 403
p1 NYRYLTYGAEKLSGGSYALSVQGEPAKGEMLAGTAVYNGEVLHFHTENGRPYPSRGRFAA 407
p2 NYRYLTYGAEKLPGGSYALRVQGEPSKGEMLAGTAVYNGEVLHFHTENGRPSPSRGRFAA 407
p10 NYRYLTYGAEKLSGGSYALRVQGEPAKGEMLAGTAVYNGEVLHFHTENGRPYPSRGRFAA 340
p20 NYRYLTYGAEKLPGGSYALRVQGEPAKGEMLAGTAVYNGEVLHFHTENGRPYPTRGRFAA 342
p21 NYRYLTYGAEKLPGGSYALRVQGEPAKGEMLAGTAVYNGEVLHFHTENGRPYPTRGRFAA 342
p17 NYRYLTYGAEKLSGGSYALSVQGEPAKGEMLAGTAVYNGEVLHFHTENGRSYPTRGRFAA 340
p18 NYRYLTYGAEKLSGGSYALSVQGEPAKGEMLAGTAVYNGEVLHFHTENGRSYPTKGRFAA 340
***** * : *****

p29 KVDFGSKSVLDGIIDSGDDLHMGTQKFKAIDGNGFKGTWTENGGDVSGRFYGPAGEEVA 472
p5 KVDFGSKSVLDGIIDSGDDLHMGTQKFKAIDGNGFKGTWTENGGDVSGRFYGPAGEEVA 456
p3 KVDFGSKSVLDGIIDSGDDLHMGTQKFKAIDGNGFKGTWTENGGDVSGRFYGPAGEEVA 463
p1 KVDFGSKSVLDGIIDSGDDLHMGTQKFKAIDGNGFKGTWTENGGDVSGRFYGPAGEEVA 467
p2 KVDFGSKSVLDGIIDSGDGLHMGTQKFKAIDGNGFKGTWTENGGDVSGRFYGPAGEEVA 467
p10 KVDFGSKSVLDGIIDSGDDLHMGTQKFKAIDGNGFKGTWTENGGDVSGRFYGPAGEEVA 400
p20 KVDFGSKSVLDGIIDSGDDLHMGTQKFKAIDGNGFKGTWTENGGDVSGRFYGPAGEEVA 402
p21 KVDFGSKSVLDGIIDSGDDLHMGTQKFKAIDGNGFKGTWTENGGDVSGRFYGPAGEEVA 402
p17 KVDFGSKSVLDGIIDSGDDLHMGTQKFKAIDGNGFKGTWTENGGDVSGRFYGPAGEEVA 400
p18 KVDFGSKSVLDGIIDSGDDLHMGTQKFKAIDGNGFKGTWTENGGDVSGRFYGPAGEEVA 400
***** * : *****

p29 GKYSYRPTDAEKGFGVFAGKKEQD 497
p5 GKYSYRPTDAEKGFGVFAGKKEQD 481
p3 GKYSYRPTDAEKGFGVFAGKKEQD 488
p1 GKYSYRPTDAEKGFGVFAGKKEQD 492
p2 GKYSYRPTDAEKGFGVFAGKKEQD 492
p10 GKYSYRPTDAEKGFGVFAGKKEQD 425
p20 GKYSYRPTDAEKGFGVFAGKKEQD 427
p21 GKYSYRPTDAEKGFGVFAGKKEQD 427
p17 GKYSYRPTDAEKGFGVFAGKKEQD 425
p18 GKYSYRPTDAEKGFGVFAGKKEQD 425
