

Supplementary Figure 2

Hco-acr-17H

```
-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1  ATGATCAGGATGTTAGCAATTCTTACATTATACCTATGGTCCGAGCCGAAGCCAACAGCAACAGCTAATGGCCGAGTTATTCGGTAACTACAGGAAAG 100
1  M I R M L A I L T L Y P M V R A E G Q Q Q Q L M A E L F G N Y R K E 34
Export signal
-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
101 AATTGAGACCAGTGAAATCGTTTGATTTCGGGTCCACAAATGTCACTGTTCAATTATACCTTCAAGCAAATCCAAAAAGTACAAGAAAATGATCAGATAAT 200
35  L R P V K S F D S G P T N V T V Q L Y F K Q I Q K V Q E N D Q I I 67
-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
201 TACCATCTACTGCTGGCTCGAAGAGTACTGGTATGACGAATTCCTTACGTGGAAACCTGAAGAATTTGGCGGCGTCAAGGAACCTTCACGTGCCTTCACAA 300
68  T I Y C W L E E Y W Y D E F L T W K P E E F G G V K E L H V P S Q 100
-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
301 ATGATTTGGCGACCAGATTTGCTAGTGACAAATATGCCAACATGAACATACGAGAAAAACGAGATGCAAAACGAATGTCCAGATCGAACACACTGGCCGCA 400
101 M I W R P D L L V Y N N A N M N I R E N E M Q T N V Q I E H T G R I 134
-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
401 TTTTCGCTATTCGGTGCCTGATCACCAGATACACTTGCATCTACGGCTTGAGCGATTTCCTTACGATCAGCAAATTTGTTACATTTTACTGGCGTCGTG 500
135 S L F R A L I T D I T G D L R L E R F P Y D Q Q I C Y I L L A S W 167
Cys-loop
-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
501 GTCGTATGACGGCTCACAAATCATGCTTTATACAGCGGAGGAGCCTACAGCTGAACCAAGCAGAACAGGCATTCTGCGCAACAAATCCTCTCAGGACC 600
168 S Y D G S Q I M L Y T A E E P T A E P S T N R H S A Q Q N P L R T 200
-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
601 AATCTCGCCGCACTAAATCACTATATTCTTAATATGGAATGGACACTGGTGGATTTCAGTACAGGAGCAATCTCAAATATTACGATTGCTGTCCAAATC 700
201 N L A A L N H Y I P N M E W T L V D F K Y R S N L K Y Y D C C P N P 234
-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
701 CATATCCGGACATTTCTGACTTTTTTGCTATCAAACGGAAACCCGTCATACTATCTATTTACTCTGATCATTCCTGCTGCGTTTCATCACAATCGTTACGGT 800
235 Y P D I S Y F F A I K R N P S Y Y L F T L I I P S A F I T I V T V 267
TMD1
-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
801 GATCGGTTTCTTCACGCCACATTATCAACTGGTGAAAAACCCGAGAAAGTCAAGTCTGGGAGTCACTGCTCTGCTGTCTTTGGCTATAATACTGATGATG 900
268 I G F F T P H S S T G E N T E K V S L G V T A L L S L A I I L M M 300
TMD2
-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
901 GTTCCGACAAACTACCAGCCACGTCCAACCTCCGTACCGTTGCTAGGGCAATATACTATATTGGTCTGATATTCATCATGTTCTCCTCGCCACTTATTGCACGA 1000
301 V S D K L P A T S N S V P L L G Q Y Y I G L I F I M F L A T Y C T T 334
TMD3
-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1001 CGTTACAGCTTGGGCTTCAGATGTCAGGGAATACGGGCCAACCTATTTCCTGTCGAGTACGTGGGTTCCCTACTCTCAATACGAGTTAACAAATCTTCGTT 1100
335 F T L G L Q M Q G N T G Q P I S R R V R G F L L S I R V N K S S L 367
-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1101 ACTTCAATGGTTTTTCGGTAAAGAACTGATGAACACCCAGGAAACCATCAAGATGCGGTAAAAAATACGACAAGTGTCCGAATTGAAGAAAACATTT 1200
368 L Q W F F G K E L M N T Q E T I K M R L K K Y D K L S E L K K T F 400
-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1201 GCCAAGAACTTCGTGACTTTCCAAACAAAGTTCCTCAAGACAGAAGAACCGAAGCATCAAAGTTACCCATGATTGACAGCAATGAGGAAGAGGAGGCCA 1300
401 A K N F V T F Q T K F L K T E E P K H Q K L P M I D S N E E E E A M 434
-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1301 TGCGTAAAGTAAACGATCCTATGCTGCATAACATAGTCATCGACCTTTTGGAAGGTGTCCAAGCTATCAGGCAAGAAATGCTTATGCAGGAGCATGTGAA 1400
435 R K V N D P M L H N I V I D L L E G V Q A I R Q E M L M Q E H V K 467
-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1401 ACGAATTCGAAGAGAATGGCAAAATGTTGGCCAGAATGATGAAAAGATGATCATGTGGGTATTCAATTGTGTGTACGATTCTATTCGCCTTATTTATGCTC 1500
468 R I R R E W Q M L A R M M E K M I M W V F I V C T I L F A L F M L 500
TMD4
-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1501 TACGATGACAAGATCCGCCAGTGATCACTGATGAATACATGAAAGAGAAGGCAGACGCTTGA 1563
501 Y D R Q D P P V I T D E Y M K E K A D A * 520
```