

Supplemental file 2

>BminCSP1 Bmi004355

MKAALIFFIVVTVQCGETAQKQYTNKFDNVDVDGVLSSNNRILNTYIKCLMDKGPCTPEGRE  
LKELLPDALQTDCKTDTQKKNQKVINFLRVSRPGEWKLLLDKYDSKGVYRSKYEQ  
G

>BminCSP2 Bmi004346

MKLFIFAGILALVYLTTAEDKYTTKYDNDVDDEILKSDRLFNNYFKLIETGKCTPEGRELK  
KTLPDALKTECSKCKSEKQKQNTDKVIRYVIDNKPDEWKQLQAKYDPEGIYVAKYKKEAE  
KQGITI\*

>BminCSP3X1 Bmi010858.1

MLRFIAATVLICTVYYVATTSAAHPPTTAAPLAASEAAYDTKFDNIDLDEVLGQERLLRN  
YIKCLENTGPCTPDSKMLKEILPDAISTGCAKCKSEKQRLGSKVTHFLIDNRPEDWARLEQI  
YDPQGNRYRLAYLAEKDKGDGAEKPTAPVTKPQA

>BminCSP3X2 Bmi010858.2

MLRFIAATVLICTVYYVATTSAAHPPTTAAPLAASEAAYDTKFDNIDLDEVLGQERLLRN  
YIKCLENTGPCTPDSKMLKGFANFRDTPRRYFNRLRQMLGEAEAWLNEGDALLDRQSSG  
GLGAFGADIRARQLPFGFLGGEGQRRWRGETYGSAGY\*

>BminCSP4 Bmi004554

MKITNVSKDIGLKCIFLLLVIYTCCKTDSDDKNINKLLNNQVIVSRQIMCVLEKSPCDQLGR  
QLKAALPEVILRNCRNCSPQQAQNAQKLTNFLQARYPDVWAMLLKKYQNM\*

```
10 20 30 40 50 60 70 80 90 100 110 120
BlatCSP1X2 : MK--AAIIFLIVVVVYGAAGQYTNKFDNVDVDGVLSSNNRILNTYIKCLMDKGPCTPEGRELKLLPDALQTDCKTDTQKKNQKVINFLRVSRPGEWKLLLDKYDSKGVYRSKYEQG : 120
BlatCSP1X3 : MK--AAIIFLIVVVVYGAAGQYTNKFDNVDVDGVLSSNNRILNTYIKCLMDKGPCTPEGRELKLLPDALQTDCKTDTQKKNQKVINFLRVSRPGEWKLLLDKYDSKGVYRSKYEQG : 120
BlatCSP1X1 : MK--AAIIFLIVVVVYGAAGQYTNKFDNVDVDGVLSSNNRILNTYIKCLMDKGPCTPEGRELKLLPDALQTDCKTDTQKKNQKVINFLRVSRPGEWKLLLDKYDSKGVYRSKYEQG : 120
BdorCSP1X1 : MK--AAIIFLIVVVVYGAAGQYTNKFDNVDVDGVLSSNNRILNTYIKCLMDKGPCTPEGRELKLLPDALQTDCKTDTQKKNQKVINFLRVSRPGEWKLLLDKYDSKGVYRSKYEQG : 120
BdorCSP1X2 : MK--AAIIFLIVVVVYGAAGQYTNKFDNVDVDGVLSSNNRILNTYIKCLMDKGPCTPEGRELKLLPDALQTDCKTDTQKKNQKVINFLRVSRPGEWKLLLDKYDSKGVYRSKYEQG : 120
BoleCSP1X2 : MK--AALIFFIIVAVQYGAAGQYTNKFDNVDVDGVLSSNNRILNTYIKCLMDKGPCTPEGRELKLLPDALQTDCKTDTQKKNQKVINFLRVSRPGEWKLLLDKYDSKGVYRSKYEQG : 120
BoleCSP1X3 : MK--AALIFFIIVAVQYGAAGQYTNKFDNVDVDGVLSSNNRILNTYIKCLMDKGPCTPEGRELKLLPDALQTDCKTDTQKKNQKVINFLRVSRPGEWKLLLDKYDSKGVYRSKYEQG : 120
BoleCSP1X1 : MK--AALIFFIIVAVQYGAAGQYTNKFDNVDVDGVLSSNNRILNTYIKCLMDKGPCTPEGRELKLLPDALQTDCKTDTQKKNQKVINFLRVSRPGEWKLLLDKYDSKGVYRSKYEQG : 120
BoucCSP1 : MK--AALIFFIIVAVQYGAAGQYTNKFDNVDVDGVLSSNNRILNTYIKCLMDKGPCTPEGRELKLLPDALQTDCKTDTQKKNQKVINFLRVSRPGEWKLLLDKYDSKGVYRSKYEQG : 120
BminCSP1 : MK--AALIFFIIVVVTVQCGETAQKQYTNKFDNVDVDGVLSSNNRILNTYIKCLMDKGPCTPEGRELKLLPDALQTDCKTDTQKKNQKVINFLRVSRPGEWKLLLDKYDSKGVYRSKYEQG : 120
RzepCSP1X2 : MK--AILMLLVIIVAVQHASQKQYTNKFDNVDVDGVLSSNNRILNTYIKCLMEKGPCTPEGRELKLLPDALQTDCKTDTQKKNQKVINFLRVSRPGEWKLLLDKYDSKGVYRAKYEQG : 120
RzepCSP1X3 : MK--AILMLLVIIVAVQHASQKQYTNKFDNVDVDGVLSSNNRILNTYIKCLMEKGPCTPEGRELKLLPDALQTDCKTDTQKKNQKVINFLRVSRPGEWKLLLDKYDSKGVYRAKYEQG : 120
RzepCSP1X1 : MK--AILMLLVIIVAVQHASQKQYTNKFDNVDVDGVLSSNNRILNTYIKCLMEKGPCTPEGRELKLLPDALQTDCKTDTQKKNQKVINFLRVSRPGEWKLLLDKYDSKGVYRAKYEQG : 120
CcapCSP1 : MKT-TFLIITLITIAVQALAQK-YTNKFDNVDVDGVLSSNNRILNTYIKCLMEKGPCTPEGRELKLLPDALQTDCKTDTQKKNQKVINFLRVSRPGEWKLLLDKYDSKGVYRAKHEGH- : 120
DmelCSP1 : MKASLALVFLVAVGLAAAEKTYTNKFDNVDVDGVLSSNNRILNTYIKCLMDKGPCTPEGRELKLLPDALQTDCKTDTQKKNQKVINFLRVSRPGEWKLLLDKYDSKGVYRAKHEGH- : 121
      M k a          v q          qRqYTNKFDNVDVDGVLSSNNRILNTYIKCLM KGPCT EGRELKLLPDALQTDCKTDT QKKNQKVINFLR nRPGEWKLLLDKYDs G R YkEqkg
```

Supplemental figure 2-1 The alignment of CSP1

```
10 20 30 40 50 60 70 80 90 100 110 120
CcapCSP2X1 : MKLLIFAGLLALVTLVAEERKYTTKYDNDVDDEILKSDRLFNNYFKLIETGKCTPEGRELKLLPDALKTECSKSEKQKQNTDKVIRYVIDNKPDEWKQLQAKYDPEGIYVAKYKKEAEKQGITI : 127
CcapCSP2X2 : MKLLIFAGLLALVTLVAEERKYTTKYDNDVDDEILKSDRLFNNYFKLIETGKCTPEGRELKLLPDALKTECSKSEKQKQNTDKVIRYVIDNKPDEWKQLQAKYDPEGIYVAKYKKEAEKQGITI : 127
BoucCSP2 : MKLLILASFLSLVSLTAIEDKYTTKYDNDVDDEILKSDRLFNNYFKLIETGKCTPEGRELKLLPDALKTECSKSEKQKQNTDKVIRYVIDNKPDEWKQLQAKYDPEGIYVAKYKKEAEKQGITI : 127
BminCSP2 : MKLFIFAGILALVYLTTAEDKYTTKYDNDVDDEILKSDRLFNNYFKLIETGKCTPEGRELKLLPDALKTECSKSEKQKQNTDKVIRYVIDNKPDEWKQLQAKYDPEGIYVAKYKKEAEKQGITI : 127
BoleCSP2 : MKLFIFAGILALVYLTTAEDKYTTKYDNDVDDEILKSDRLFNNYFKLIEMGKCTPEGRELKLLPDALKTECSKSEKQKQNTDKVIRYVIDNKPDEWKQLQAKYDPEGIYVAKYKKEAEKQGI : 127
BdorCSP2 : MKLFILAGVLALAYFTTAEDKYTTKYDNDVDDEILKSDRLFNNYFKLIETGKCTPEGRELKLLPDALKTECSKSEKQKQNTDKVIRYVIDNKPDEWKQLQAKYDPEGIYVAKYKKEAEKQGITI : 127
BlatCSP2 : MKLFILGTGLALAYFTTAEDKYTTKYDNDVDDEILKSDRLFNNYFKLIETGKCTPEGRELKLLPDALKTECSKSEKQKQNTDKVIRYVIDNKPDEWKQLQAKYDPEGIYVAKYKKEAEKQGI : 127
RzepCSP2X1 : MKLLILSGILAFALVAEERKYTTKYDNDVDDEILKSDRLFNNYFKLIETGKCTPEGRELKLLPDALKTECSKSEKQKQNTDKVIRYVIDNKPDEWKQLQAKYDPEGIYVAKYKKEAEKQGI : 127
RzepCSP2X2 : MKMLIALVVLGLV-LVAEERKYTTKYDNDVDDEILKSDRLFNNYFKLVDNGKCTPEGRELKLLPDALKTECSKSEKQKQNTDKVIRYVIDNKPDEWKQLQAKYDPEGIYVAKYKKEAEKQGI : 127
DmelCSP2 : MKMIALVVLGLV-LVAEERKYTTKYDNDVDDEILKSDRLFNNYFKLVDNGKCTPEGRELKLLPDALKTECSKSEKQKQNTDKVIRYVIDNKPDEWKQLQAKYDPEGIYVAKYKKEAEKQGI : 127
      M k l l i f a g l l a l v t l v a e e r k y t t k y d n d v d d e i l k s d r l f n n y f k l i e t g k c t p e g r e l k l l p d a l k t e c s k s e k q k q n t d k v i r y i d n k p d e w k l q a k y d p e g i y a k y k k e a e k q g i t i
      M k l l i f a g l l a l v t l v a e e r k y t t k y d n d v d d e i l k s d r l f n n y f k l i e t g k c t p e g r e l k l l p d a l k t e c s k s e k q k q n t d k v i r y i d n k p d e w k l q a k y d p e g i y a k y k k e a e k q g i t i
      M k l l i l a s f l s l v s l t a i e d k y t t k y d n d v d d e i l k s d r l f n n y f k l i e t g k c t p e g r e l k l l p d a l k t e c s k s e k q k q n t d k v i r y i d n k p d e w k l q a k y d p e g i y a k y k k e a e k q g i t i
      M k l f i f a g i l a l v y l t t a e d k y t t k y d n d v d d e i l k s d r l f n n y f k l i e t g k c t p e g r e l k l l p d a l k t e c s k s e k q k q n t d k v i r y i d n k p d e w k l q a k y d p e g i y a k y k k e a e k q g i t i
      M k l f i f a g i l a l v y l t t a e d k y t t k y d n d v d d e i l k s d r l f n n y f k l i e m g k c t p e g r e l k l l p d a l k t e c s k s e k q k q n t d k v i r y i d n k p d e w k l q a k y d p e g i y a k y k k e a e k q g i
      M k l f i l a g v l a l a y f t t a e d k y t t k y d n d v d d e i l k s d r l f n n y f k l i e t g k c t p e g r e l k l l p d a l k t e c s k s e k q k q n t d k v i r y i d n k p d e w k l q a k y d p e g i y a k y k k e a e k q g i t i
      M k l f i l g t g l a l a y f t t a e d k y t t k y d n d v d d e i l k s d r l f n n y f k l i e t g k c t p e g r e l k l l p d a l k t e c s k s e k q k q n t d k v i r y i d n k p d e w k l q a k y d p e g i y a k y k k e a e k q g i
      M k l l i l s g i l a f a l v a e e r k y t t k y d n d v d d e i l k s d r l f n n y f k l i e t g k c t p e g r e l k l l p d a l k t e c s k s e k q k q n t d k v i r y i d n k p d e w k l q a k y d p e g i y a k y k k e a e k q g i
      M k m i a l v v l g l v - l v a e e r k y t t k y d n d v d d e i l k s d r l f n n y f k l v d n g k c t p e g r e l k l l p d a l k t e c s k s e k q k q n t d k v i r y i d n k p e e w k l q a k y d p e g i y a k y k k e a e k q g i
      M k i l g l a l v l a e e r k y t t k y d n d v d d e i l k s d r l f n n y f k l i e t g k c t p e g r e l k l l p d a l k t e c s k s e k q k q n t d k v i r y i d n k e w k l q a k y d p e g i y a k y k k e a e k q g i
```

Supplemental figure 2-2 The alignment of CSP2

```

10          20          30          40          50          60          70          80          90          100          110
BdorCSP3X1 : ----MLRFVAASVLI1CAIYHVT--ITSAAPHPP-TTAAPLVA--NQAAYDTKFDNIDLDELVNQERLLRNYIK2LENTGPT3TPDSKMLKEILPDAISTD4AK5SEKQRLGSAKV : 105
BlatCSP3X1 : ----MLRFIVASVLI1CAVYHVA--ITSAAPHPP-TTAAPLVA--NQAYDTKFDNIDLDELVNQERLLRNYIK2LENTGPT3TPDSKMLKEILPDAISTD4AK5SEKQRLGSAKV : 105
BoleCSP3X1 : ----MLRFVAALVLI1CTVYHVA--TTAAPHPP-TTAAPLLA--NQAAYDTKFDNIDLDELVSQERLLRNYIK2LENTGPT3TPDSKMLKEILPDAISTD4AK5SEKQRLGSAKV : 105
BcucCSP3X1 : ----MLRFIAATALI1CAVYHVA--TTAAPHPP-TTAAPLVG--NQPAYDTKFDNIDLDELVNQERLLRNYIK2LENTGPT3TPDSKMLKEILPDAISTD4AK5SEKQRLGSAKV : 105
BminCSP3X1 : ----MLRFIAATVLI1CTVYVYA--TTAAPHPP-TTAAPLAA--SEAAAYDTKFDNIDLDELVGQERLLRNYIK2LENTGPT3TPDSKMLKEILPDAISTD4AK5SEKQRLGSAKV : 105
CcspCSP3X1 : ----MFLIIVALALILSIYHAP--SVHGAPHP-TTAAPLVA--NQGAYDTKFDNIDLDELVSQERLLRNYIK2LENTGPT3TPDSKMLKEILPDAISTD4AK5SEKQRLGSAKV : 105
RzepCSP3X1 : ----MFLVAFVLI1CTVYVYA--GIGAAPHPPATTSAPLVA--NQAYDTKFDNIDLDELVSQERLLRNYIK2LENTGPT3TPDSKMLKEILPDAISTD4AK5SEKQRLGSAKV : 105
Dme1CSP3 : MGQPGFRRATIGHVSVLWALM1ET2FQVEGLPHHPATSPSPMMERMVQAYDDKFDNDVLDLDELINQERLLINVIK3LEGTGPT4TPDKMLKEILPDAIQD5TK6STEQKRVGAEKV : 115
BdorCSP3X2 : ----MLRFVAASVLI1CAIYHVT--ITSAAPHPP-TTAAPLVA--NQAAYDTKFDNIDLDELVNQERLLRNYIK2LENTGPT3TPDSKMLKGFANFRDTPRRYFNRLRQMLGEAEA : 105
BlatCSP3X2 : ----MLRFIVASVLI1CAVYHVA--ITSAAPHPP-TTAAPLVA--NQAYDTKFDNIDLDELVNQERLLRNYIK2LENTGPT3TPDSKMLKGFANFRDTPRRYFNRLRQMLGEAEA : 105
BoleCSP3X2 : ----MLRFVAALVLI1CTVYHVA--TTAAPHPP-TTAAPLLA--NQAAYDTKFDNIDLDELVSQERLLRNYIK2LENTGPT3TPDSKMLKGFANFRDTPRRYFNRLRQMLGEAEA : 105
BcucCSP3X2 : ----MLRFIAATALI1CAVYHVA--TTAAPHPP-TTAAPLVG--NQPAYDTKFDNIDLDELVNQERLLRNYIK2LENTGPT3TPDSKMLKGFANFRDTPRRYFNRLRQMLGEAEA : 105
BminCSP3X2 : ----MLRFIAATVLI1CTVYVYA--TTAAPHPP-TTAAPLAA--SEAAAYDTKFDNIDLDELVGQERLLRNYIK2LENTGPT3TPDSKMLKGFANFRDTPRRYFNRLRQMLGEAEA : 105
RzepCSP3X2 : ----MFLVAFVLI1CTVYVYA--GIGAAPHPPATTSAPLVA--NQAYDTKFDNIDLDELVSQERLLRNYIK2LENTGPT3TPDSKMLKGFANFRDTPRRYFNRLRQMLGEAEA : 105
CcspCSP3X2 : ----MFLIIVALALILSIYHAP--SVHGAPHP-TTAAPLVA--NQGAYDTKFDNIDLDELVSQERLLRNYIK2LENTGPT3TPDSKMLKGFANFRDTPRRYFNRLRQMLGEAEA : 105
m Rf a Li y v aapHP TtaaP1 a nq YDtKFDNiDLDeVl QERLLrNYIKLENTGPTpDsKMLK Q lg a

```

```

120          130          140          150          160          170
BdorCSP3X1 : TH----FLIDNRPED-WARLEQIYDPQGNRYRLNYLAAKD----KGDGMEKTTEA-VTKTQA- : 156
BlatCSP3X1 : TH----FLIDNRPED-WARLEQIYDPQGNRYRLNYLAAKD----KSDGVEKTTEA-VTKPEA- : 156
BoleCSP3X1 : TH----FLIDNRPED-WARLEQIYDPQGNRYRLAYLAEKD----KSDGMEKTTEA-VTKQA- : 156
BcucCSP3X1 : TH----FLIDNRPED-WARLEQIYDPQGNRYRLAYLAEKD----KGDGMEKTTEA-VTKALA- : 157
BminCSP3X1 : TH----FLIDNRPED-WARLEQIYDPQGNRYRLAYLAEKD----KGDGMEKTTEA-VTKQA- : 157
CcspCSP3X1 : TH----FLIDNRPED-WARLEQIYDPQGNRYRLAYLAEKD--KNGDQKQTEA-VTKTNEA : 162
RzepCSP3X1 : TH----FLIDNRPED-WARLEQIYDPQGNRYRLAYLAEKAK--NGDDKQKTEA-ETKA--- : 155
Dme1CSP3 : TR----HLIDNRPD-WERLEKIYDPGTYRKYQEMKS-----KANEPP----- : 155
BdorCSP3X2 : WLSEGDALFDRQSSGGLGTFGADIRSRQLPFELFGGEGQ-----KRWGENYG-SGY---- : 157
BlatCSP3X2 : WLSEGDALFDRQSSGGLGTFGADIRSRQLPFELFGGEGQ-----KRWGENYG-SGY---- : 157
BoleCSP3X2 : WLSEGDALFDRQSSGGLGTFGADIRSRQLPFELFGGEGQ-----KRWGENYG-SGY---- : 157
BcucCSP3X2 : WLSEGDALFDRQSSGGLGTFGADIRSRQLPFELFGGEGQ-----KRWGENYG-SGY---- : 158
BminCSP3X2 : WLNEGDALDRQSSGGLGTFGADIRSRQLPFELFGGEGQ-----KRWGENYGSAGY---- : 158
RzepCSP3X2 : WLSEGDALFDRQSSGGLGTFGADIRSRQLPFLSLLSGEG----- : 144
CcspCSP3X2 : WLSEGDALFDRQSSGGLGTFGADIRSRQLPFLSLLSGEGQQRQPERHWRADSPG-SGY---- : 162
1 D

```

### Supplemental figure 2-3 The alignment of CSP3

```

10          20          30          40          50          60          70          80          90          100          110
BdorCSP4 : MKITNVTKDI1GFK2IFLLLV3IT4ETSDDKNINKLLNNQVIVSRQIM5VLEKSP6DLGRQLKAALPEVILRN7RNS8SFQQAQNAQKLTNPLQARYPDVWVWMLLKKYQNI : 111
BlatCSP4 : MKITNVTKDI1GFK2IFLLLV3IT4ETSDDKNINKLLNNQVIVSRQIM5VLEKSP6DLGRQLKAALPEVILRN7RNS8SFQQAQNAQKLTNPLQARYPDVWVWMLLKKYQNI : 111
BoleCSP4 : MKITNVTKDI1GFK2IFLLLV3IT4ETSDDKNINKLLNNQVIVSRQIM5VLEKSP6DLGRQLKAALPEVILRN7RNS8SFQQAQNAQKLTNPLQARYPDVWVWMLLKKYQNI : 111
BminCSP4 : MKITNVTKDI1GFK2IFLLLV3IT4ETSDDKNINKLLNNQVIVSRQIM5VLEKSP6DLGRQLKAALPEVILRN7RNS8SFQQAQNAQKLTNPLQARYPDVWVWMLLKKYQNI : 111
RzepCSP4 : MKGTGKDPQSNFK1IIVLLV2IF3ETSDDKNINKLLNNQVIVSRQIM5VLEKSP6DLGRQLKAALPEVILRN7RNS8SFQQAQNAQKLTNPLQARYPDVWVWMLLKKYQNI : 111
CcspCSP4 : MKVSSFLRS1SGIK2IFMLV3IT4SKVNSDEKNINKLLNNQVIVSRQIM5VLEKSP6DLGRQLKAALPEVILRN7RNS8SFQQAQNAQKLTNPLQARYPDVWVWMLLKKYQNI : 111
Dme1CSP4 : MLLLNKRVISLVVNI1IFII2ILISSVQADERNINKLLNNQVIVSRQIM5VLEKSP6DLGLQLKAALPEVITR7RNS8SFQQAQNAQKLTNPLQARYPDVWVWMLLKKYQNI : 112
Mk kif LvI sD kNINKLLNNQVIVSRQIMCvLeKSpCdQLGrQLKAALPEVILRNCRNCSFQQAQNAQKLTnPLQ RYPDVWVWMLLKKY n

```

### Supplemental figure 2-4 The alignment of CSP4