

Crmd Family Alignment

<i>CPXV_GRI_K2R</i>	MMKMTPSYILLVYMFVVVSGDVPYEHINGK	C	NGT	DYNSNSNLL	C	C	KQ	C	DPGMYWTHS	C	NTT	SNTK	65																																																					
<i>CPXV_BRI_221</i>	MMNMTPSYILLVYMFVVVSGDVPYEHINGK	C	NGT	DYNSNSNLL	C	C	KQ	C	DPGMYWTHS	C	NTT	SNTK	63																																																					
<i>ECTV_MOS_003</i>	MMKMTPSYILLVYMFVVVSGDVPYTPINGK	C	NGT	DYNSNSNLL	C	C	KQ	C	DPGMYWTHS	C	NTT	SNTK	63																																																					
<i>ECTV_MOS_11R</i>	MMKMTPSYILLVYMFVVVSGDVPYTPINGK	C	NGT	DYNSNSNLL	C	C	KQ	C	DPGMYWTHS	C	NTT	SNTK	63																																																					
<i>CPXV_GRI_K2R</i>	C	A	K	P	D	G	T	F	T	S	I	P	N	H	I	P	T	C	L	S	C	R	G	K	G	S	S	N	Q	V	E	T	K	S	C	S	N	T	Q	D	R	E	V	C	A	S	G	Y	C	E	F	E	G	S	N	G	C	R	L	C	V	P	130			
<i>CPXV_BRI_221</i>	C	D	K	C	P	D	D	T	F	T	S	I	P	N	H	S	P	A	C	L	S	C	R	G	K	G	S	S	N	Q	V	E	T	K	S	C	S	N	T	Q	D	R	V	C	A	S	G	Y	C	E	F	E	G	S	N	G	C	R	L	C	V	P	128			
<i>ECTV_MOS_003</i>	C	D	K	C	P	D	D	T	F	T	S	I	P	N	H	S	P	A	C	L	S	C	R	G	K	G	S	S	N	Q	V	E	T	K	S	C	S	N	T	Q	D	R	V	C	A	S	G	Y	C	E	F	E	G	S	N	G	C	R	L	C	V	P	128			
<i>ECTV_MOS_11R</i>	C	D	K	C	P	D	D	T	F	T	S	I	P	N	H	S	P	A	C	L	S	C	R	G	K	G	S	S	N	Q	V	E	T	K	S	C	S	N	T	Q	D	R	V	C	A	S	G	Y	C	E	F	E	G	S	N	G	C	R	L	C	V	P	128			
<i>CPXV_GRI_K2R</i>	Q	T	K	C	D	S	G	Y	G	V	Y	G	Y	S	S	K	G	D	V	I	C	K	K	P	G	N	I	D	K	C	D	L	S	S	F	N	S	I	D	V	E	I	N	M	Y	P	V	N	K	T	S	C	N	S	S	V	G	S	S	S	T	I	S	T	S	195
<i>CPXV_BRI_221</i>	Q	T	K	C	D	S	G	Y	G	V	Y	G	Y	S	S	K	G	D	V	I	C	K	K	P	G	N	I	D	K	C	D	L	S	S	F	N	S	I	D	V	E	I	N	M	Y	P	V	N	K	T	S	C	N	S	S	V	G	S	S	S	T	I	S	T	S	193
<i>ECTV_MOS_003</i>	Q	T	K	C	D	S	G	Y	G	V	Y	G	Y	S	S	K	G	D	V	I	C	K	K	P	G	N	I	D	K	C	D	L	S	S	F	N	S	I	D	V	E	I	N	M	Y	P	V	N	K	T	S	C	N	S	S	V	G	S	S	S	T	I	S	T	S	193
<i>ECTV_MOS_11R</i>	Q	T	K	C	D	S	G	Y	G	V	Y	G	Y	S	S	K	G	D	V	I	C	K	K	P	G	N	I	D	K	C	D	L	S	S	F	N	S	I	D	V	E	I	N	M	Y	P	V	N	K	T	S	C	N	S	S	V	G	S	S	S	T	I	S	T	S	193
<i>CPXV_GRI_K2H</i>	E	L	I	I	L	K	H	E	D	C	T	P	V	F	I	G	D	Y	S	V	V	K	L	A	I	S	G	F	F	I	N	D	K	V	H	O	D	L	T	T	C	K	I	N	L	E	I	K	C	S	G	G	E	S	H	Q	L	I	P	I	280					
<i>CPXV_BRI_221</i>	E	L	T	I	L	K	H	E	D	C	T	T	V	F	I	G	D	Y	S	V	V	K	L	A	I	S	G	F	F	I	N	D	K	V	H	O	D	L	T	T	C	K	I	N	L	E	I	K	C	S	G	G	E	S	R	Q	L	T	P	T	258					
<i>ECTV_MOS_003</i>	E	L	T	I	L	T	H	E	D	C	T	P	V	F	I	G	D	Y	S	V	V	K	L	A	I	S	G	F	F	I	N	D	K	V	H	O	D	L	T	T	C	K	I	N	L	E	I	K	C	S	G	R	E	S	R	Q	L	T	P	T	258					
<i>ECTV_MOS_11R</i>	E	L	T	I	L	T	H	E	D	C	T	P	V	F	I	G	D	Y	S	V	V	K	L	A	I	S	G	F	F	I	N	D	K	V	H	O	D	L	T	T	C	K	I	N	L	E	I	K	C	S	G	R	E	S	R	Q	L	T	P	T	258					
<i>CPXV_GRI_K2R</i>	A	K	V	Y	F	M	P	H	S	E	T	V	T	V	V	G	D	C	L	S	N	L	D	Y	I	V	Y	A	N	T	D	A	I	Y	S	D	M	D	V	V	A	Y	H	T	S	Y	K	L	N	V	D	H	I	P	P	N	D	G	E	R	D	322				
<i>CPXV_BRI_221</i>	T	K	V	Y	F	M	P	H	S	E	T	V	T	V	V	G	D	C	L	S	N	L	D	Y	I	V	Y	A	N	T	D	A	I	Y	S	D	M	D	V	V	A	Y	H	T	S	Y	I	L	N	V	D	H	I	P	P	N	D	G	E	R	D	320				
<i>ECTV_MOS_003</i>	T	K	V	Y	F	M	P	H	S	E	T	V	T	V	V	G	D	C	L	S	N	L	D	Y	I	V	Y	A	N	T	D	A	I	Y	S	D	M	D	V	V	A	Y	H	T	S	Y	I	L	N	V	D	H	I	P	P	N	D	G	E	R	D	320				
<i>ECTV_MOS_11R</i>	T	K	V	Y	F	M	P	H	S	E	T	V	T	V	V	G	D	C	L	S	N	L	D	Y	I	V	Y	A	N	T	D	A	I	Y	S	D	M	D	V	V	A	Y	H	T	S	Y	I	L	N	V	D	H	I	P	P	N	D	G	E	R	D	320				

Figure S4. Sequence alignment of the CrmD family members. Cysteine residues are boxed in yellow. Predicted N-linked glycosylation sites are boxed in blue.

SCP-1 Family Alignment

<i>MPXV_SL_170</i>	M	T	I	Y	G	L	I	A	Y	L	I	F	V	T	S	S	I	A	S	P	L	Y	I	P	V	I	P	P	I	S	E	D	K	S	F	N	S	V	E	V	L	V	S	L	F	P	D	D	Q	K	D	Y	T	V	T	S	Q	F	N	NY	I	G	T	65	
<i>MPXV_296_B20R</i>	M	T	I	Y	G	L	I	A	Y	L	I	F	V	T	S	S	I	A	S	P	F	Y	I	P	V	I	P	P	I	S	E	D	K	S	F	N	S	V	E	V	L	V	S	L	F	P	D	D	Q	K	D	Y	T	V	T	S	Q	F	N	NY	I	G	T	65	
<i>CMLV_M96_206</i>	M	M	I	Y	G	L	I	A	G	L	I	F	V	T	S	S	I	A	S	P	L	Y	I	P	G	I	P	P	I	T	E	D	K	S	F	N	S	V	E	V	L	V	S	L	F	R	D	D	Q	K	D	Y	T	V	T	S	Q	F	N	NY	T	I	D	65	
<i>TATV_DAH68_218</i>	M	M	I	Y	G	L	I	A	G	L	I	F	V	T	S	S	I	A	S	P	L	Y	I	P	V	I	P	P	I	T	E	D	K	S	F	N	S	V	E	V	L	V	S	L	F	R	D	D	Q	K	D	Y	T	V	T	S	Q	F	N	NY	T	I	D	65	
<i>HSPV199</i>	M	M	I	Y	G	L	I	A	G	L	I	F	V	T	S	S	I	A	S	P	L	Y	I	P	V	I	P	P	I	T	E	D	K	S	F	N	S	V	E	V	L	V	S	L	F	R	D	D	Q	K	D	Y	T	V	T	S	Q	F	N	NY	T	I	D	65	
<i>CPXV_GRI_B21R</i>	M	M	I	Y	G	L	I	A	G	L	I	F	V	T	S	S	I	A	S	P	L	Y	I	P	V	I	P	P	I	T	E	D	K	S	F	N	S	V	E	V	L	V	S	L	F	R	D	D	Q	K	D	Y	T	V	T	S	Q	F	N	NY	T	I	D	65	
<i>CPXV_BRI_218</i>	M	M	I	Y	G	L	I	A	G	L	I	F	V	T	S	S	I	A	S	P	L	Y	I	P	V	I	P	P	I	T	E	D	K	S	F	N	S	V	E	V	L	V	S	L	F	R	D	D	Q	K	D	Y	T	V	T	S	Q	F	N	NY	T	I	D	65	
<i>CPXV_GERS1_204</i>	M	M	I	Y	G	L	I	A	G	L	I	F	V	T	S	S	I	A	S	P	L	Y	I	P	V	I	P	P	I	T	E	D	K	S	F	N	S	V	E	V	L	V	S	L	F	R	D	D	Q	K	D	Y	T	V	T	S	Q	F	N	NY	T	I	D	65	
<i>VACV_WR_C13L</i>	M	M	I	Y	G	L	I	A	G	L	I	F	V	T	S	S	I	A	S	P	L	Y	I	P	V	I	P	P	I	T	E	D	K	S	F	N	S	V	E	V	L	V	S	L	F	R	D	D	Q	K	D	Y	T	V	T	S	Q	F	N	NY	T	I	D	65	
<i>MPXV_SL_170</i>	K	D	W	T	I	N	V	L	S	T	P	D	G	L	D	I	P	L	N	I	T	Y	W	S	R	F	.	T	I	G	R	A	L	F	K	S	E	S	E	D	I	F	Q	K	K	M	S	I	L	G	V	S	I	E	G	K	K	P	S	T	L	L	T	F	129
<i>MPXV_296_B20R</i>	K	D	W	T	I	N	V	L	S	T	P	D	G	L	D	I	P	L	N	I	T	Y	W	S	R	F	.	T	I	G	R	A	L	F	K	S	E	S	E	D	I	F	Q	K	K	M	S	I	L	G	V	S	I	E	G	K	K	P	S	T	L	L			