

<i>Ec</i>	<i>SufE</i>	-----M-----	1
<i>Pf</i>	<i>SufE</i>	-----DEY-----	103
<i>Pf</i>	<i>MnmA</i>	-----INDVQKIYDEVNNIKDKEQKINYLMEO-----C-----SSLCK-----	178
<i>Bm</i>	<i>MnmA</i>	-----	84
<i>Ta</i>	<i>MnmA</i>	-----LEDNLNKSDFVQELARL--GRSIY---SNIPTP	144
<i>Tg</i>	<i>MnmA</i>	LPPRMRELLSELRRQKDLHAVFEKLVSFASSVP--LYPARDASAVSSRASTASPPSPRP	394
<i>Et</i>	<i>MnmA</i>	-----RRWLTLCRVFRGAPTAESRI---KILMHLAF-----	172
<i>Ec</i>	<i>SufE</i>	-----ALLPDKEKLLRNFL-----RCANWEEKYLYIIELG	31
<i>Pf</i>	<i>SufE</i>	-----NLTPKLLKKTVELFQS---MP-NSPYY--KSQQVILMG	134
<i>Pf</i>	<i>MnmA</i>	-----ENYFPPILNLNKAYRN--KRIDEFNKGNKNFYINEVG	213
<i>Bm</i>	<i>MnmA</i>	-----KDEHFHLFNLS	95
<i>Ta</i>	<i>MnmA</i>	----TL-----FKSVPNGINLLKSFNS--NDFNSLGCNGRDYFLVKSP	181
<i>Tg</i>	<i>MnmA</i>	VPSASLSPAPPPKATETSGRADDRLLPPAQLLQQPRRE-----AS	434
<i>Et</i>	<i>MnmA</i>	-----QETNG-SDFLSFTGKRPLTRIKQSAHGPSASSEALESGSAAGVDEA	217
<i>Ec</i>	<i>SufE</i>	QRLPELRD-EDRSPQNSIQGCQSQVWIVMRQN---AQGIIEIQGSDAA-IVKGLIYAVV	85
<i>Pf</i>	<i>SufE</i>	KKISSMPD-KHKIRQNQVLGCQSVVYIYPKVEENEDKKKVIWVLGHSDDLTKGIVYIL	192
<i>Pf</i>	<i>MnmA</i>	KN-----IWYKYVNRCEILFMAIDIQIDEDEQRNNS---IKDVHDVHDDNIKTC	260
<i>Bm</i>	<i>MnmA</i>	QFSPEFADQFGAKPYAKLQDCITPIYLAAL-----	125
<i>Ta</i>	<i>MnmA</i>	VP-----VDYKLLDDCSSIYIISIHLDKDKKIYLDG---ISDSFVF-KGITI---	223
<i>Tg</i>	<i>MnmA</i>	EEADEEGD--SPEAWERVAGCAALVRIRVCLRRVLSPKREG-----ESRAC	478
<i>Et</i>	<i>MnmA</i>	SVCPSTSDLVLSDIWRPVTGCAAVAAVKVSLHYVVRPQQRSLAASI-----TSNSRLC	270
<i>Ec</i>	<i>SufE</i>	-----FILDYDQM-----TPQDIVNFDVRPWFE-KMALTQHLTPSRSQ	121
<i>Pf</i>	<i>SufE</i>	-----TDGLSGY-----MPEDILKVN--PNFITLTGISEFLTMSRIN	227
<i>Pf</i>	<i>MnmA</i>	TLIKDDKHFEKY-----K--DIHNDNILKNIL---PLD-----KKID	292
<i>Bm</i>	<i>MnmA</i>	-----	125
<i>Ta</i>	<i>MnmA</i>	LLISLIGWKNS-----T--EVE-----	239
<i>Tg</i>	<i>MnmA</i>	SVFREADVREEPQQGALASLSVAASSSSGASCHDVEGAKKER-----RELRRDRD	529
<i>Et</i>	<i>MnmA</i>	CVA-----	273
<i>Ec</i>	<i>SufE</i>	GLEAMIRA---IRAKAA-----ALS-----	138
<i>Pf</i>	<i>SufE</i>	GYLNIMNK---IKIFCT-----NILKNMDN-----	249
<i>Pf</i>	<i>MnmA</i>	SIKNMLNHKYMKKKCCIITIDAYSNNLILYCFLYLILKHINKMYLYSFMNIQIKE---IT	349
<i>Bm</i>	<i>MnmA</i>	-----RYWHEGVERLAIDGTSNSLVGKTYLALMLSALHGNPLDELASIFESK-----	172
<i>Ta</i>	<i>MnmA</i>	-VDNVKHKHFFKVIDH-----GIISENSLNSILNHIKN-----	272
<i>Tg</i>	<i>MnmA</i>	GEDE--RR---RWELRVDLRGWSDSLVRAWLAILVGLNNAAPDTVLLALSTDD---IL	580
<i>Et</i>	<i>MnmA</i>	-----AKQGAKVHVHGESDSLVRVGGLLQLLSRSLSGSAPCGVFALSALGSTKLL	322
<i>Ec</i>	<i>SufE</i>	-----	138
<i>Pf</i>	<i>SufE</i>	-----	249
<i>Pf</i>	<i>MnmA</i>	AKLKE-----	354
<i>Bm</i>	<i>MnmA</i>	-----GRTFEQLSRFTDGISQRICQELFRLIGFNTN-----KAAGYDDSE--	212
<i>Ta</i>	<i>MnmA</i>	-----	272
<i>Tg</i>	<i>MnmA</i>	REAGLMPSSSTPSGGKGHKDTVKETQGEPEKQTE-----EGEDGH-----REAEAEAEAEAE	630
<i>Et</i>	<i>MnmA</i>	QFSSLLNLLPDSRVRGFRRTAMHILMGSTQDLLQRYFCNEVLPPPAPLQNAHGEQGT-AP	381
<i>Ec</i>	<i>SufE</i>	-----	138
<i>Pf</i>	<i>SufE</i>	-----	249
<i>Pf</i>	<i>MnmA</i>	-----LFDLHFNV	362
<i>Bm</i>	<i>MnmA</i>	--ADMD-----KNDKFQFKRLVPKPAL-----RN-----	234
<i>Ta</i>	<i>MnmA</i>	-----	272
<i>Tg</i>	<i>MnmA</i>	EEAEAEAEAEAEAEKEREKSGSKRESEEEERLQEGEERLREEETRKCREEEKRRLVVPQGLEFML	690
<i>Et</i>	<i>MnmA</i>	NKQDITTGRTQAKVPGTSLRPPRPAN-DALSGYRQEPHGD-----QWGNPIPQH---AL	432

<i>Ec</i> SufE	-----	138
<i>Pf</i> SufE	-----	249
<i>Pf</i> MnmA	HHI IDYIHEYIYNFLMSY	380
<i>Bm</i> MnmA	-----	234
<i>Ta</i> MnmA	-----	272
<i>Tg</i> MnmA	RSIQRQVREQLSRLAEEE	708
<i>Et</i> MnmA	PSI PRS--KEIAKL----	444

Figure 3- figure supplement 8- source data 3. Multiple sequence alignment used for **Figure 3- figure supplement 8(H)**.