Supplemental Figure 1

```
CLUSTAL 2.0.12 multiple sequence alignment


HsCobl          -MDAPRASAAKPPTGRKMKARAPPPPGKA-ATLHVHSDQKPPHDGALGSQQNLVRMKEAL 58
MmCobl          -MDAPRALAAKPPTGRKMKARAPPPPGKP-AAQNVHSEQKLPHDATLGSQQSLVYMKEAL 58
GgCobl          METLVRPTAGKPPSGRRMKARAPPPPNQPSATSRIHSEHKSPAETAVISDQSLVSMKENM 60
DrCobl          --MNLGDATTRPPVGRRMKAQAPPPPRPPQPAPRRIFRNAVPDGGGSSGGD----CKENM 54
                        : :** **:***:*****  . .: .    :  *      . :     ** :

HsCobl          RASTMDVTVVLPSGLEKRSVLNGSHAMMDLLVELCLQNHLNPSHHALEIRSSETQQPLSF 118
MmCobl          QNSTLDITVVLPSGLEKQSVVSGSHAMMDLLVELCLQNHLNPSHHVLEIWSSENQQPLSF 118
GgCobl          INRMVDFTVILPSGVEQKSTVQGSKAVMDLLVDLCSRYHLNPSQYSLELKSLETQQPLSY 120
DrCobl          LRSYVDLHISLPTGYQTTINVDGRKALMDLLVDLCSQYHLNPAYHTLELLSP-DAQPVSF 113
                    :*. : **:* :    :.* :*:*****:** : ****: : **: *    **:*:

HsCobl          KPNTLIGTLNVHTVFLKEKVPEEKVKP-GPPKVPEKSVRLVVNYLRTQKAVVRVSPEVPL 177
MmCobl          KPNTLIGSLNVHTVLLKEKVPEERVKP-GLTKAPEKSVRLVVNYLRTQKAVVRVSPEVPL 177
GgCobl          KPNTLIGALDVQTVLLKEKVPEEKIKR-PLPRAPEKSVRLVVNYLKTQKAVVRVSPDVPL 179
DrCobl          KPNALLGALDVSCALIKERVLEDRVIRKPPPKVPEKTVRLVVNYHRSQKAVVRVNPLAPL 173
                ***:*:*:*:*  .::**:* *:::     .:.***:******* ::*******.* .**

HsCobl          QNILPVICAKCEVSPEHVVLLRDNIAGEELELSKSLNELGIKELYAWDNRRETFRKSSLG 237
MmCobl          QNILPVICAKCEVNPEHVILLRDNVAGEELELSKSLNELGIKELYAWDNRREMFRKSSLG 237
GgCobl          HNIIPAICEKCEVSQEHIVLLRDSITGEELELTKSLEELGISELYAWDRKREPSRSVSLS 239
DrCobl          QTLVPVICQKCEFDPAHVLLFKDNINHQQLDLDKSLSDLGIRELYVLDQTLAESLRS--- 230
                :.::*.** ***..  *::*::*.:  ::*:* ***.:*** ***. *.

HsCobl          NDETDKEKKKFLGFFKVNKRSNSK-------------------------GCLTTPNSPSM 272
MmCobl          NDETDKEKKKFLGFFKANKRSNSKAEHLGLSGADSDEDPAKSASGGDLNGCVTTPNSPSL 297
GgCobl          NDAIEKEKKGFLGFFKAN-RSNSK-------------------------GFSTAPNSPSV 273
DrCobl          NSLSGSEKKGLLGFLKFNRRKSKSEDQSSENMESVDDDSVVDNADINSNGMSVVASGPCV 290
                *.   .*** :***:* * *....                        *  .....*.:

HsCobl          HSRSLTLGPSLSLGSISGVSVKSEMKKRRAPPPPGSGPPVQDKASEKVSLG-SQIDLQKK 331
MmCobl          HSRSLTLGPSLSLGNISGVSMKSDMKKRRAPPPPSPKLLGQDKVSEKASLS-SQADLQKK 356
GgCobl          NSRSSTLGPSLSLGNISGMTANPEVKKRRAPPPPVLTPPLQNMEMSSISQGASLNDLQKK 333
DrCobl          EARPSTLGQSQSVMNISKMSPKVELKKRRAPAPPPAPTQTLPPTSQISLGSPSSHNLLKK 350
                .:*. *** * *: .** :: : ::******.**           .    . *  :* **

HsCobl          KRRAPAPPPQPPPPSPLIPNRTEDKEENRKSTM-------------------------- 365
MmCobl          KRRAPAPPPQQPPPSPVVPNRKEDKEENRKSTVGVGRQVPQKPPRGTARGPPQLVLPPP 416
GgCobl          KRRAPLPP-TQSAPPTPAMPNRREEMEDKRKSTM-------------------------- 366
DrCobl          RKAPAPPPTPPPSTPEPDISTYVPTATVQEHYIP-------------------------- 384
                :: .. ** .  ..* * :..       :.:

HsCobl          -------------------------------VSLPLGSGSHCSPDGAPQVLSEAEETVSV 394
MmCobl          PPYPPPDTDVTEPVTFPGEGAGSETSELRPKLSLPLGPGSHCSMGGVSQVPAESEET--- 473
GgCobl          ------------------------------VTLPLGRGSRCSIGDGKSLLSEVEETASE 395
DrCobl          ---------------------------------ASVERTPRASTPADDSDLSHSIEDSEP 411
                                                  .:   .:.*     .  :.  *

HsCobl          GSCFASEDTTEDSGVMSSPSDIVSLD---SQQDSMKYKDKWATDQEDCSDQDLAGTPDLG 451
MmCobl          ----ASEDTTEDSGVMSSPSDAISLD---SQQDSMRSKDKWSTDQEDGSDQDLAGTPELG 526
GgCobl          SSCFASEDTTEDSGVVSSPSDIVSLD---SQNDSMKLRDIKLVN--GYVDSDTIYGAETC 450
DrCobl          ARSICSSSSGDDAAAVGSSSSSLAEEPVTHRADVIAPFTTSTPEPEPKPEYEPELKKEAS 471
                    .*..: :*:..:.*.*. :: :    : * :        :     : :     :
```

```
HsCobl          PQKSPLWE---KNGSENS--HLRTEKAVTASNDEEDLLIAGEFRKTLAELDEDLEEMEDS 506
MmCobl          PQKSPSWG---KSGSGSS--ILRTEKATMPTNDDEDLFITGHLHQTLAELDEDLEGMEEN 581
GgCobl          SVKNAYCD---DMGYAGTPQSTKNEEMAAAKHENEDIFIDAQLQQTLADLDEDLEAMDVL 507
DrCobl          PRSTPELEPGPRPEVPAAEDLEVEMELKMEETENNRHSGIAWLHSAHESVLERRVQQEVE 531
                . ...           :       :     :::     . ::.:  .: *     :

HsCobl          YETDTSSLTSSIHGASN--HCPQDAM--IPHGDTDAIP------VTFIG----------- 545
MmCobl          YETDTSSLTNSVNGVSN--HSLQEAI--IPDSGVDDIP------VTFIG----------- 620
GgCobl          SNSDSEHMSEVLSPHSGKVEVPQDVASSVPVTVIDDAP------EVTIYNSAGNQETRGS 561
DrCobl          TVSVASSESFADHGYAASEDMAEESGPVSPSERMQSVSPMDIMSLN-------------- 577
                  : :.  :      :   .  ::     *    :  .

HsCobl          -EVSDDPVDSGLFSNRNNNAGSFDSEG--------VASRRDSLAPLQAEHSQPHEKAREE 596
MmCobl          -EVSDEPFDSGLFSSRCNNATTFNTGS--------IASQRSHLSPSQTEHSQPFVRTSRK 671
GgCobl          QNLSADSVNMGNFTNRNNNAGSFDKGHTDG-GAVCIPKDLIHQQPSDNEFSHIPVEQRRD 620
DrCobl          -SDSTLPVKQSKESSSDSDEGCATWGSRQSSGHIQDGQKSIKRQNGYEEDPEITAQIHLT 636
                 . *  ... .  :.  .:                  .         * ..   .

HsCobl          VPALHPASHDVGKGIRVALSNISKDGN-LMETAPRVTSFASNLHTDNLNAKVKDKVYG-C 654
MmCobl          EPDPSPPSQDNRKRNQPTLANTSENEN-PVETDPTVTSLVSKLLIDDPKAKDKGKVHG-S 729
GgCobl          MFESLTSSFEKRSEKNVRVEAPPRHVMKSEECKSKLTSSHSKTATEINTAKEKVNPFN-E 679
DrCobl          LADLDANLADMNHSDGASVFVDDEIPVSIVDMDIPVTAIDEVLDDDQCSASECESVLLRS 696
                     .   :        :    .      :    :*:  .    :  .*.   .

HsCobl          ADGERTQATERVNSQPVNEKDSNDKNAALAP--TSWHQRGQNPGKSYRLKHGLTTYKIIP 712
MmCobl          SHSEKTQAGHGINSLRVNPRDGKDESSNSAP--PPWSHHGQALGGSYGLKYGLTTYKIVP 787
GgCobl          CSKRERPLKKSKSELEIKRPPAKKIEVEEVPSTPPWCHRAQKLETSYEPKMGLTTFKVVP 739
DrCobl          TQSISSQPCTPCGVIQNKNNNACLTEEKHRSPFPDIEKQLQTATLTVIDKPTIQSPTSKK 756
                            .   :   .   .    .  .   :: *    :   *  : : .

HsCobl          PKSEMRCYDRDVSLSTGAIKIDELGNLVSPHATGIRIISLSSSVPEAESQPIGKVREFWR 772
MmCobl          PKSEMRCYDRDVSFSTGAIKIDELGNLVSPHMNGSRTISPPSAVVETDTPPIGKVKEFWR 847
GgCobl          PKPEVKNFDRGLSVSTGAIKIDELGNLINPKPVVSKNIP-GTSAGESEEIPLGKVKAFWR 798
DrCobl          PSQDAKITDNMEQKTTFNSEAKSKSETVELTSQKDTVLQKSQSFVRPDVQSVQKERTSST 816
                *. : :  *.  . :*   : .. .: :.        :    :  ..:  .: * :

HsCobl          --CNSVEKHLGRPSESSARGPPSTPVP-TQTQNP--ESRLQADPKPISPQQKSAHHEGRN 827
MmCobl          --RNSMEKYLNGPAECTIKRAPSTTIT-ATPEKPQQDNGMKAAFTVTTPQQQPASQEYGA 904
GgCobl          --SSSMEKQSDDSAEHLAKKPAVTTNSKSFVTKQECKPVCLAAPKPVPPQTVISQVGEKQ 856
DrCobl          RVLPTQGKITLSSFSRFGMKTFTVIPPKPAVSQTKPAGSLVTGAIKIDEQGNMVTQRQIS 876
                    :  *    . .     .  .  . .   :        :       *

HsCobl          PLGEGRNQPPTMGMGHVR---VPAAHT--TEVTFLKPQRRTSSQYVASAIAKRIGAPKVH 882
MmCobl          HLEEERSRPQSAVSCSVK---VPASNP--TDITFLKPQRRTSSQYVASAIAKKMGPPKVH 959
GgCobl          SENEKTKPPLPVTQSQVKPLVVPAINKDKPELPFLKPHRRTSSQYVASAIAKHINLPTFK 916
DrCobl          SGPEKNNTPSVDTTRADKTPLVKAKAFWSTTEKQEKSTTAKTEPIVNNGDTDVFKASAVT 936
                   *  . *        :   * *     .     *.   .:.  * .. :. :  . .

HsCobl          ADVVRPHGYAEKGY-AGKAPVLAAPPVTVKDDRTSSPHSETQGWKDGAQWPCVTPPNNHG 941
MmCobl          ADVVRPH-KATTEQ-CHEEAKLARSPPTRKDDAAPNLHSEARQHEHGTNQSSVCLPSNPG 1017
GgCobl          TDSTDLHEKDENKHGAGEVKTEAEVSPKRCIIVAKYSPVETESAETREKISSIFTCSQKA 976
DrCobl          GSFKLSPPEETHKEVIIVERKPISGVASKPSFSENHAEKRDLSFLIPSRRTSSQYVASVI 996
                 .                        .           .        . ..     .
```

```
HsCobl          -EDLAVGAPPRGEVIGPHRKLSTQDRPAAIHRS-SCFSLVQSSQRDRVSVGQSCG----F 995
MmCobl          -VQLPAGGHPKVEVNSTYGKSSTQDYPAAVHRN-SYFLPGRSSHRDRVSVGQSCG----F 1071
GgCobl          SHRFTPGDNSGMENKVVNIRAPSQATPASFYKKNASVPLTKSSSKDNNKAEDDHS----L 1032
DrCobl          AKNNKNSSIPKTKIDTTPAPLSISGVQNPVNQLLNNEVKPTSIHKPAVTVKPTENPVPSF 1056
                      .  .  :        . .    .. :         *  :   ..    .    :

HsCobl          SGKQSTSSQEASSASEPR-RAPDGTDPPPPHTSDTQACSRELVNGSVRA----PGHGEPS 1050
MmCobl          NEKQTTSNQKANSTSNFS-QALDKAHPPPLLLAEARDSGRILMNGSART----PGNCEPP 1126
GgCobl          NSKQGTAEKKMHLLFDQKYETLPRSNSASSLKSPDLQGASSSFSSSLRITKWPPADSVQV 1092
DrCobl          RPKCLQSYVAEKPTSSERISTLHGGDRTKSLDSQPLSIKIQPFPHVSAHIKSFSEEATSI 1116
                  *   :        .    :    . .    :         .          . .

HsCobl          HPPGGSGTESHILLEREEKPSVFSTDGNE-----TDSIWPPSIFGPKKKFKPVVQRPVPK 1105
MmCobl          HSPKESTLTSYIILQTEEKPSSLSTDGQD-----ADDTLPSSIFGPKKKFKPVIQRPLPK 1181
GgCobl          SSLKASPEFSGVTAKAESEQNDKSDDSAANAIGELDVNVQTNIFGPKKKFKPVVQKPIPK 1152
DrCobl          NNFPDTSSARQTPTDTTHPPLAKKPELHKS--EIPSEPNQGNVFGPVKKFKPVIFKPVQQ 1174
                     :        .        . :         .     .:*** ******: :*: :

HsCobl          DTSLHSALMEAIHSAGGKDRLRKTAEHTGEGRPAKLSYTEAEGERSALLAAIRGHSGTCS 1165
MmCobl          DVSLHSALMEAIHSSGGREKLRKVAEQTSEGRPKKPSYVEAESERSALLAAIRGHSGTLS 1241
GgCobl          DTSLHSALMEAIQTGGGKEKLRKVSDSALNGNHKKPSYSEPENERSALLAAIRGHSGTCK 1212
DrCobl          ETSIHSSLMEAIQSGEGIERLRKVSDLPTSCTVKKPSYNDPENERSALLSAIRASSTSAK 1234
                :.*:**:*****::. * ::***.:: . .    * ** :.*.******:***. * : .

HsCobl          LRKVASSASEELQSFRDAALS-----AQGSESPLLEDLGLLSPPAIPPPPPPPSQALSAP 1220
MmCobl          LRKVSSLASEELQSFRNAALG-----APGLDKPQQEDLGLPPPPALPPTPAPAPQAPSAS 1296
GgCobl          LKKISSLASEELQSFRNAELS-----SQKAEDPQEEQLCIPPAPAQPPPPPPP----QLS 1263
DrCobl          LKKTKSVASKELEQLRKVEEDRNVHTEVISPRPTSPDFVPPLPPSFSPPPPPPP---PLA 1291
                *:*  * **:**:.:*..  .           *   ::    .*: .*.*.*.      .

HsCobl          RTASRFSTGTLSNTADARQALMDAIRSGTGAARLRKVPLLV------------------- 1261
MmCobl          VTVSRFSTGTPSNSVNARQALMDAIRSGTGAARLRKVPLLV------------------- 1337
GgCobl          TATFKFSATTTGDPGEARRALMEAIRSGAGAAKLKKVNILLYFLVDEITWSWSALGAVCK 1323
DrCobl          PAKPPVVLPPGGNPEAAREALLEAIRSGSGAQRLRKVPVTQTRRQVNGRLGTIQATSPLS 1351
                 :   .   . .:.  **.**::*****:** :*:** :

HsCobl          ---
MmCobl          ---
GgCobl          LF- 1325
DrCobl          YGH 1354
```