

ER retrieval motif

Starting methionine short isoform

Hs	Stx5	MIPRKRYGSK	NTDQG	VYLGL	SKTQV	LSPAT	AGSSS	SDIAP	LPPPV	TLVPP	PPDTM	SCRDR	60
Sc	Sed5p	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	----M	NIKDR	6
											*	. : **	

Binding to Scfd1/Sly1p

Hs	Stx5	TQEFL	SACKS	LQTRQ	NGIQT	NK---	-----	-----	-PALR	AVRQR	SEFTL	MAKRI	GKDLS	106
Sc	Sed5p	TSEFQ	QSVLS	YKKRN	KNFRE	QQRER	LOEKE	SENF	NNTTG	NGKSV	SEFQK	KASGI	AHEIS	66
		*. **	. : *	. : *	. : *	. : *	. : *	. : *	. : *	. : *	. : *	. : *	. : *	

Hs	Stx5	NTFAK	LEKLT	ILAKR	KSLFD	DKAVE	IEELT	YIIKQ	DINSL	NKQIA	QLQDF	VRAKG	S--QS	164
Sc	Sed5p	STAQL	LSKLA	VLAKR	KPMFN	DNPVE	IAELS	FLIKR	KIYAI	EQSLV	QLSQL	KKTDV	NGNTS	126
		. *	*. ** :	. : *	. : *	. : *	. : *	. : *	. : *	. : *	. : *	. : *	. : *	

Hs	Stx5	-----	GRHLQ	THSNT	IVVSL	QSKLA	SMSND	FKSVL	EVRTE	NLKQQ	RSRRE	QFSR-	---AP	215
Sc	Sed5p	NQSSK	QPSAV	QHSKN	VVNLL	NTQMK	NISGS	FKDVL	EERQR	LEMAN	KDRWQ	KLTTD	TGHAP	186
				** :	. : *	. : *	. : *	** :	* *	. : *	. : *	. : *	. : *	

Sec24C/D binding

Hs	Stx5	VSALP	LAPNH	LGG--	----G	A----	VVLGA	ESHAS	K--DV	AIDMM	DSRTS	QQLQL	IDE--	261
Sc	Sed5p	ADDQT	-QSNH	AADLT	TYNNS	NPFMT	SLLDE	SSEKN	NNSSN	QGELS	FPQND	SQLML	MEEGQ	245
		. :	** :	. :	. : *	. : *	. : *	. : *	. : *	. : *	. : *	. : *	. : *	

Sec24p binding (A-site)

Sec24p binding (B-site)

Caspase-3 cleavage

Hs	Stx5	--QDS	YIQSR	ADTMQ	NIEST	IVELG	SIFQQ	LAHMY	KEQEE	TIQRI	DENVL	GAQLD	VEAAH	319
Sc	Sed5p	LSNNV	YLQER	NRAVE	TIEST	IQEVG	NLFQQ	LASMV	QEQQE	VIQRI	DANVD	DIDLN	ISGAQ	305
		. : *	*. ** :	. : *	. : *	. : *	. : *	. : *	. : *	. : *	. : *	. : *	. : *	

Monoubiquitination

Hs	Stx5	SEILK	YFQSV	TSNRW	LMVKI	FLILI	VFFII	FVVFL	A	355
Sc	Sed5p	RELLK	YFDRI	KSNRW	LAARK	FFIIF	VFFVI	WVLVN	-	340
		*. ** :	*. ** :	. : *	. : *	. : *	. : *	. : *		

Phosphorylation

Habc domain

SNARE motif

Transmembrane helix