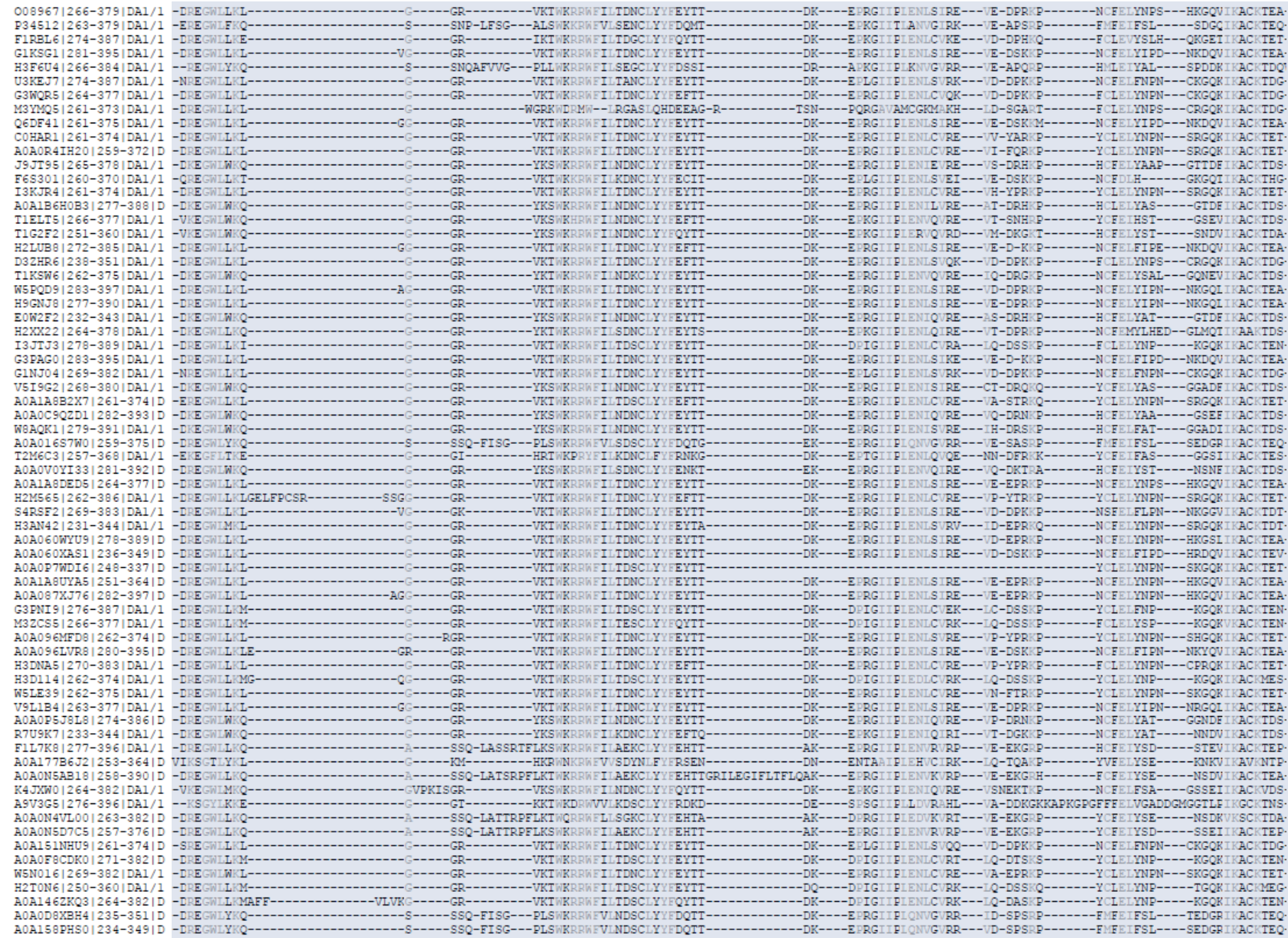


Figure-S1:

Multiple sequence alignment of PH domain regions of ARNO and GRK2 sequences.

88 ARNO sequences

21 GRK2 sequences



A0A0N5DZ7|259-370|D--DRQGNLWQ-----G---GR-----YRSWKRWFVLSDNCLYFENNG-----DK---EPRGIIPLNVQVRQ---VV-DKTFA-----YSFELYST---NAGLIKACTDS-
A0A1312502|285-396|D--DRQGNLWQ-----G---GR-----YKSWKRWFVINDNCLYFEYTT-----DK---EPRGIIPLNVQVKE---VQ-DRHWP-----NCFELYSV---GSELIKACTDS-
A0A077Y2D5|260-371|D--DRQGNLWQ-----G---GR-----YRSWKRWFVLSDNCLYFENTG-----DK---EPRGIIPLNVQVRQ---VV-DRTFA-----YGFELYST---NAGLIKACTDS-
K1QMG2|263-376|DA1/1--DRQGNLWQ-----G---GR-----IKNWKRWFVINDNCLYFQFTT-----DK---EPRGIIPLNISIREV-PVD-KSNWP-----FSFELFAT---GGDIKACTVDK-
LSM193|206-319|DA1/1--DRQGNLWQ-----G---GR-----VKTWKRWFVILTDCNLYFEYTT-----DK---EPRGIIPLNISIRE---VE-DSKWP-----NCFELYPDP---SKDQVIKACTEA-
A0A0J9R6N9|281-393|D--DRQGNLWQ-----G---GR-----YKSWKRWFVINDNCLYFEYTT-----DK---EPRGIIPLNISVRE---IH-DRSHP-----HCFELFAT---GGADIKACTDS-
H2UST7|262-394|DA1/1--DRQGNLWLDT---PSHRMSPLSLVRSVSG---GR-----VKTWKRWFVILTDCNLYFEYTT-----DK---EPRGIIPLNISIRE---VE-DPRNP-----NCFELYIPN---NRQLIKACTEA-
H2VB39|265-379|DA1/1--DRQGNLWQ-----G---GR-----VKTWKRWFVILTDCNLYFEYTT-----GS-----VKTWKRWFVILTDCNLYFEYTT-----DK---EPRGIIPLNISIRE---VE-DSKWP-----NCFELFIPD---HKDQVIKACTEA-
F1RZ72|262-376|DA1/1--DRQGNLWQ-----G---GR-----VKTWKRWFVILTDCNLYFEYTT-----DK---EPRGIIPLNLGIRE---VE-DSKWP-----NCFELYIPD---SKDQVIKACTEA-
G1SWB5|267-380|DA1/1--DRQGNLWQ-----G---GR-----VKTWKRWFVILTDCNLYFEYTT-----DK---EPRGIIPLNISIRE---VE-DPRNP-----NCFELYIPN---NRQLIKACTEA-
LSKF24|283-396|DA1/1--DRQGNLWQ-----G---GR-----VKTWKRWFVILTDCNLYFEFTT-----DK---EPRGIIPLNISVQK---VD-DPKWP-----FCLFLYNPS---CRGQIKACTDGG-
A0A0K0EDG6|263-373|D--DKKGFLLWQ-----G---S-----YKTWKRWFVILSGKCLYFENQG-----ET---EPRGIIPLNVKVRF---VE-EKNVQ-----HVFELFSS---TSEVIKACTET-
Q7PEK6|250-362|DA1/1--DRQGNLWQ-----G---GR-----YKSWKRWFVINDNCLYFEYTT-----DK---EPRGIIPLNIAVRE---VT-DRSHP-----HCFELHAS---GGADIKACTDS-
A0A0D2WVY4|271-383|D--EREGLTLWQ-----G---GR-----KKNWKRWFVILGNCLYFKETA-----DF---HDLGIIPLDLRVRD---VSVASKWA-----HCFELYNA---TDGFIKACTSS-
C3Y8Z8|261-375|DA1/1--DRQGNLWQ-----G---GR-----HKTWKRWFVILTDCNLYFEYTT-----DK---EPRGIIPLNLQVRL---VE-DSKWP-----NCFELYPSEA---NSKAVIKACTDS-
A0A0K2U7R3|265-376|D--DRQGNLWQ-----G---GR-----YKSWKRWFVINDNCLYFEFTT-----DK---EPRGIIPLNIRVRE---VG-DRNKS---HCFELFSA---GNEVIKACTDS-
T1IR78|273-384|DA1/1--DRQGNLWQ-----G---GR-----YKSWKRWFVINDNCLYFEYTT-----DK---EPRGIIPLNIQVRE---VN-DRSHP-----NCFELFAS---GSDVIKACTDS-
D1LWZ6|270-384|DA1/1--DRQGNLWQ-----G---GR-----YKNWKRWFVILTDCNLYFEYTT-----DK---EPRGIIPLNINVKDN-DIK-ESKWP-----FCELFSS---DGNVVIKACTDA-
A0A0N4U532|260-379|D--DRQGNLWQ-----G---SSQ-LATSRPFLKSWKRWFVILAEKCLYFEHTT-----AK---EPRGIIPLNVVRQ---VE-EKQWP-----YCFELYSV---NTEVIKACTEA-
A0A0P4W3P2|268-379|D--DRQGNLWQ-----G---GR-----YKSWKRWFVINDNCLYFEYTT-----DK---EPRGIIPLNIEVRE---VQ-DRNWP-----NCFELYAT---STDFIKACTDS-
T1PAQ9|281-393|DA1/1--DRQGNLWQ-----G---GR-----YKSWKRWFVINDNCLYFEYTT-----DK---EPRGIIPLNICVRE---IH-DRSHP-----NCFELFAT---GGAEIKACTDS-
P25098|560-650|DA2/1--IMHGYSNM-----G---NP-----FLTQWQRRYFYLFNRLNWRGEGE-----G---NP-----FLTQWQRRYFYLFNRLNWRGEGE-----G---NP-----SRQNLNMEQISVVEE---TQI-KENK---CLLKRK-----G-
P26819|560-647|DA2/1--IMHGYSNM-----G---NP-----FLTQWQRRYFYLFNRLNWRGEGE-----G---NP-----SRQNLNMEQISVVEE---TQI-KDNK---CILLRVK-----G-
P32865|560-656|DA2/1--LHGYSNM-----G---GS-----FASLWQTRYAKLYPNRLELHSESG-----NN---KPELLFMDQIEDISSDFILH-KNEN---CIQIRIN-----DGTR-
F1RUX3|523-613|DA2/1--IMHGYSNM-----G---NP-----FLTQWQRRYFYLFNRLNWRGEGE-----G---NP-----SRQNLNMEQISVVEE---TQI-KENK---CLLKRK-----G-
G1R853|530-619|DA2/1--IMHGYSNM-----G---NP-----FLTQWQRRYFYLFNRLNWRGEGE-----G---NP-----SRQNLNMEQISVVEE---TQI-KDNK---CILFRK-----G-
M3YQE1|569-657|DA2/1--IMHGYSNM-----G---NP-----FLTQWQRRYFYLFNRLNWRGEGE-----G---NP-----SRQNLNMEQISVVEE---TQI-KDNK---CILLRK-----G-
F7DR73|561-649|DA2/1--LHGYSNM-----G---NP-----FLTQWQRRYFYLFNRLNWRGEGE-----G---NP-----SRQNLNMEQISVVEE---TQI-KDNK---CILLRVK-----G-
A0A1B0B9X5|560-656|D--LHGYSNM-----G---GS-----FASLWQTRYAKLYPNRLELHSESG-----NN---KPELLFMDQIEDISSDFVPI-KGEQ---CIQIRVN-----DGSR-
C3YDG6|559-650|DA2/1--IIGHLLWQ-----G---GP-----FLTAWQTRYAKLYPNRLEWQGEAE-----G---NP-----KGNVULVLESVLAVEE---TTV-KGNK---CIQLVK-----G-
T1JT63|559-655|DA2/1--LHGYSNM-----G---GP-----FASNWQTRYAKLYPNRLELHSESV-----NT---KPELLFMDQIEDISPEYVQI-KSEN---SILLK-----GEPGK-
X1X0Z1|561-655|DA2/1--LHGYSNM-----G---GP-----FASAWQTRYAKLYPNRLELHSDSG-----SV---KTEVITLDQVLEVSPELVIV-KNEQ---CIVLRMK-----DG-K-
A0A158R463|563-660|D--VIHGYIKML-----G---GP-----FASAWQTRYAKLYPNRLELHSESL-----SG---RPELVFMDQIEDVSGSELVSP-KGET---TIVIKL-----EGFK-
U3FBJ7|560-650|DA2/1--IMHGYSNM-----G---NP-----FLTQWQRRYFYLFNRLNWRGEGE-----G---NP-----SPQSLNMEQISVVEE---TQV-KDNK---CILLKR-----G-
Q9U756|561-654|DA2/1--IIGHGYIKML-----G---GP-----FTSAWQTRYAKLYPNRLELHSESS-----G---NP-----KPELLFMDQIEDVSSDFVQI-KGEN---CIVLKT-----K-
A0A0V1EVP4|557-653|D--VIHGYIKML-----G---GP-----FTTAWQTRYAKLYPNRLELHSESL-----SG---RPELVFMDQIEDVSDLRFPV-KGEQ---SIVIRFR-----DGTK-
A0A151NSD8|543-633|D--IMHGYSNM-----G---NP-----FLTQWQRRYFYLFNRLNWRGEGE-----G---NP-----SRQNLNMEQISVVEE---TQI-KDNK---CILLRK-----G-
WSM5B5|560-650|DA2/1--IMHGYSNM-----G---NP-----FLTQWQRRYFYLFNRLNWRGEGE-----G---NP-----SRQNLNMEQISVVEE---TQV-KENK---CILLRK-----G-
H2VXC8|557-647|DA2/1--LHGYSNM-----G---GPL-----ALTTWQTRYAKLYPNRLEWQDYDG-----G---NP-----SRNLVVFESVMIKE---GQA-KGNK---YCLFISTR-----ES-
O97020|557-653|DA2/1--IVEGELWQ-----G---GP-----FLNSWQTRYAKLYPNRLEWQKQR-----G---NP-----DGGIQKNKVELITMYDIKEVOCQEFQKLNKTDN---CIVMLK-----N-
LSLP7|548-636|DA2/1--IMHGYSNM-----G---NP-----FLTQWQRRYFYLFNRLNWRGEGE-----G---NP-----SRQNLNMEQISVVEE---TQF-KDNK---CILLRK-----G-
A0A0N5E479|558-654|D--VIHGYIKML-----G---GP-----FTSAWQTRYAKLYPNRLELHSESL-----SA---KPELLFMDQIEDVAAELRSV-KGEQ---SIVIKYR-----DTGK-