



BIOLOGICAL  
CRYSTALLOGRAPHY

**Volume 71 (2015)**

**Supporting information for article:**

**Iron binding to human heavy-chain ferritin**

**Cecilia Pozzi, Flavio Di Pisa, Caterina Bernacchioni, Silvia Ciambellotti, Paola Turano and Stefano Mangani**

```

      5      10      20      30      40
HuHf  MTTASTSQVRQNYHQDSEAAINRQINLELYASYVYLSMSYFFDRDDVALK
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
RcMf  ----MVSQVRQNYHSDCEAAVNRMLNLELYASYTYSSMYAFFDRDDVALH
      1      10      20      30      40

      50      60      70      80      90
HuHf  NFAKYFLHQSHEEREHAEKLMKLNQRGGRIFLQDIKKPDCDDWESGLNA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
RcMf  NVAEFFKEHSHEEREHAEKFMKYQNKRGRVVLQDIKKPERDEWGNLEA
      50      60      70      80      90

      100     110     120     130     140
HuHf  MECALHLEKKNVNQSLLELHKLATDKNDPHLCDFIETHYLNEQVKAIKELG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
RcMf  MQAALQLEKTVNQALLDLHKLATDKVDPHLCDFLESEYLEEQVKDIKRIG
      100     110     120     130     140

      150     160     170     180
HuHf  DHVTNLRKMGAPESGLAEYLFDKHTLGDSDNES
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
RcMf  DFITNLKRLGLPENGMGEYLFDKHSVKESS---
      150     160     170

```

**Figure S1** Amino acid sequence alignment prepared with EMBOSS (Rice *et al.*, 2000). The different numbering of the two sequences is maintained. Yellow bars highlight the residues acting as iron ligands of Fe1 and Fe2, the cyan bars the amino acids in additional binding sites in the oxydoreductase cavity, the green and the magenta bars indicate the residues involved in the interactions with Fe-aquaions or Fe binding in the 3-fold and four-fold axis pores, respectively.