

Supplementary Material

```
TRI|Q9VKV1|Q9VKV1_DROME|1-1080      1 M S K T S V L V F F C A L G C I H D A ----- D I R S I Q R K S Q C V Q S H P T K P N M L N V H L V A H T H D D V G W L K T V D Q Y F Y G S E T K I Q A G V Q Y I L D S V E A L L R D P E K R F I Y V E S 105
SPI|O00754|MA2B1_HUMAN|1-1011      1 M C A - - Y A R A S G V C A R G C L D S A P W T M S R A L R P P L P P L C F - F L L L L A A G A R A G V E T C P T V Q P N M L N V H L P H T H D D V G W L K T V D Q Y F Y G K I N D I Q A G V Q Y I L D S V I S A L L A D P T R F R I Y V E I 121
SPI|Q29451|MA2B1_BOVIN|1-999        1 M V G - - D A R P S G V R A G C G R G A V G S R T S S R A L R P P L P P L S S L V I F L A A P C A W A A G K T C R K V K R D M L N V H L V P H T H D D V G W L K T V D Q Y F Y G I Y N N I Q P A G V Q Y I L D S V I S S L L A N P T R F R I Y V E I 122

TRI|Q9VKV1|Q9VKV1_DROME|1-1080      106 A F F K W K E K P K V Q E A K M L V E D G R L E F I G A W S M N D E A T H Y Q V I D D F S W G L R L N D T F E C R P R V G W Q I D P F G H S R E V A S M F A Q M G F D G M F F G R L D Y Q D K D E R L M T K N A M I W H C S A N 229
SPI|O00754|MA2B1_HUMAN|1-1011      122 A F F S R W H Q Q T N A T E V V K D L V R Q G R L E F A N G W V M N D E A A T H Y G A I V D M T L G R F L E D T F G N D G R P R V A W H I D P F G H S R E Q A S L F A Q M G F D G F F F G R L D Y Q D K W V R M Q K L E M E Q V W R A S T S L 245
SPI|Q29451|MA2B1_BOVIN|1-999        123 A F F S R W R Q Q T N A T Q K I R F L V R Q G R L E F A N G W V M N D E A T H Y G A I V D M T L G R F L E D T F G S D G R P R V A W H I D P F G H S R E Q A S L F A Q M G F D G F F F G R L D Y Q D K M V R K K T L Q M E Q V W R A S T S L 246

TRI|Q9VKV1|Q9VKV1_DROME|1-1080      230 G - E E A D L F S G A I Y N N Q A P D G F F E F I L C N D A R I I D G K H S P D N V K E R I D T F D F A K T S Q Y Y R T N N I I V T M G C D F T V Q A Q V Y Y K N L D K L I R Y G E R G - A N G S N I L L Y S T P S C V L K S H D A G I 351
SPI|O00754|MA2B1_HUMAN|1-1011      246 K P P T A D L T F G V L P N G V N P P R N L C W D V L Q V D Q P L V E D P R S P E Y N A K E L V D Y F L N V A T A Q G R Y Y R T N H T V M T M G S D F Q Y E N A N M W F K N L D K L I R L V N A Q C - A K G S S V H L Y S T P A C Y L W E I N K A N L 368
SPI|Q29451|MA2B1_BOVIN|1-999        247 K P P T A D L T S V L P M M N P P F G L C W D L L A R K V V E D T R S P E Y N A K E L V D Y F L K L A T D G K I V A T K H T V M T M G S D F Q Y E N A N T W F K N L D K L I Q L V N A Q P A R G I R W N L Y S T P A C Y L W E I N K A N I 370

TRI|Q9VKV1|Q9VKV1_DROME|1-1080      352 T W P T S D D F P P Y A S D P H A Y W T C V F T S R P T L K R F E R D G N H F L O V C K K I S A L A P K K P E E - - F D P H L T F M R E T L G I M D H H D A I T D T E K E V A L D V A K R M S V A F R A C G A T T R A N A I N Q I T V Q S K D N V K 472
SPI|O00754|MA2B1_HUMAN|1-1011      365 T M S V K H D D F F P A D G F H O F W T C Y S S R P A L K R Y E L S Y N F L Q V C N G L E A L V G L R A N V G P P Y S G S S A P L N E A M A V L Q H H D A V S G T S R O H V A N D Y A R Q L A A Q W C P C E V I L S A L A R R E - - - - - 455
SPI|Q29451|MA2B1_BOVIN|1-999        371 S W S V K D D F P Y A D G R Y M F W T C Y S S R P A L K R Y E L S Y N F L Q V C N G L E A L A G P A A N V G P Y S G S A P L N E A M A V L Q H H D A V S G T S R O H V A N D Y A R Q L S E G W F C E V I M S N A L A H S G - - - - - 487

TRI|Q9VKV1|Q9VKV1_DROME|1-1080      473 D T S A K Y V F E E K T A L N I T S C P V S E A N D R A L T I Y N P L A H T W E V Y R I P V P S N R I I B N K V T L E S Q A P I P Q V L I D I K H R N T A K Y E I V F L A T N I P A L Q V R T V E K L D S T E G N T S K - A L P 595
SPI|O00754|MA2B1_HUMAN|1-1011      488 - - - - F R D H T F E Q Q L N I S I C F L S Q T A R F Q V I Y Y N P L G R K W M W M R L P V E C W F V K P R N R T P F S D V I I F S - - - - - S D S Q A P P E L L I F S S L P A L G F S T S A B V R W K P Q A R A P Q I P 597
SPI|Q29451|MA2B1_BOVIN|1-999        488 - - - - L K E D A F R K L N I S I C R L T Q T A E R F Q V I Y Y N P L G R K W M W M R L P V S K H W L V K D P C G K I V P S D V T I F S - - - - - S D S Q - - - - E L L E S A L V P A V G F S I M S S Q M R N Q - - - - - R P 586

TRI|Q9VKV1|Q9VKV1_DROME|1-1080      596 K R - - S V T V Q S H T Q L C F T N G - F I S E V T - - A D G T A L V S E E L F E G A V N N A E F L N R S G A Y I F R P N E N I H A T D Q V E I E V Y G D L H E V H Q F N D I I Q V R V N W K D S Y A E F E W L V G P I 715
SPI|O00754|MA2B1_HUMAN|1-1011      598 R R S W S P A I T I E N E H I A T F D P D T G L M E L I M N N Q L L P V R D T F W Y N A S I G D N E - - S D G A S G A Y I F R P N Q K P E P V S R W A Q I H L V R T P L V O E V H O N F S A W C S O V R L P C O R H L E L E W S V G P I 719
SPI|Q29451|MA2B1_BOVIN|1-999        587 Q K S W S R D L V I Q N E Y L R A R F D P N T G L M E L E N L E Q N L L P V R A Q F Y W N A S T G N N L - - S S Q A S G A Y I F R P N Q N K P L F V S H W A Q T H L V R A S L V O E V H O N F S A W C S O V R L P R Q R H L E L E W T M G P I 708

TRI|Q9VKV1|Q9VKV1_DROME|1-1080      716 I D D G C K E V I T R E N S D I S D I F R T D S N G R E M I K I N H R D W S V K I N E A V A G N Y P I T T K I D V E I D T A R M A I L T D R A G G S S I K D G S L E M V H R R L K D D A F G V G E A N E T E Y D G I I A R G K 839
SPI|O00754|MA2B1_HUMAN|1-1011      720 P V G T W G K E V I S R F D P E E T K R F Y T D S N G R E I L E R R R D Y R P T W K L N Q T E P V A G N Y P V N T R I Y I T D G N M Q L T V L T D R S G G S S L R D G S L E M V H R R L K D D G R G V S E P L M E N - - G S G A W R G R 841
SPI|Q29451|MA2B1_BOVIN|1-999        709 P V G D G W K E V I S R E D T A L A T R K L E Y T D S N G R E I L E R R R Y R P T W K L N Q T E P V A G N Y P V N S R I Y I T D G N M Q L T V L T D R S G G S S L R D G S L E M V H R R L K D D A R G V G E P L M E N - - G S G L W R G R 830

TRI|Q9VKV1|Q9VKV1_DROME|1-1080      840 H L F F C S T D R E G V S L K G I E R I T Q L K E L I T W K F F S M E D Y S D E W Q T A F T N I F S G I S L V L P K P V H L L T E P W H E N Q L V R F E H I M E N D E A - - S Y S Q P V Q F N K V N L S A F D V E G I R E T T I D C N 961
SPI|O00754|MA2B1_HUMAN|1-1011      842 H L V L L D T A Q A A A A - - - G H R L L A E Q E V L A P Q V V L A P - - C G G A A Y N L G A P P R T O F S G L R R D L P P S V H L L T A S W G P E M V L L R L E H Q F A V G E D S G R N L S A P V T L N L R D L F S T F T I T R L O E T T L V A N 959
SPI|Q29451|MA2B1_BOVIN|1-999        831 H L V L L D K K E T A A A - - - R H R L Q A E M E V L A R Q V V L A Q - - C G G A R Y R L E K A P R T Q F S G L R R E L P P S V R L L T A R W G P E T L L R L E H Q F A V G E D S G R N L S V T V L D L T L F S A F T I T N L R E T T L A A N 948

TRI|Q9VKV1|Q9VKV1_DROME|1-1080      962 A W I D E S R R L Q F A P P E E A A F N I Y A T F S O P A E S V H L L S A E K P M L G V K Y A D E A L P A Q L G A E S N R I R R E T E T R Q E K K D E G R S S K S T E G P Y N S F K S D S S N Q E Y I T E L S P M E I R T I I V Y L T P A - - - - 1080
SPI|O00754|MA2B1_HUMAN|1-1011      960 Q L R E A S R L K W T T N T G P T P H Q F Y L D P - - - - - A N I T L P M E I R T I F L A S V O W K E V D C 1011
SPI|Q29451|MA2B1_BOVIN|1-999        949 Q L L Y A S R L Q W T T D T G P T P H P S S R P V S - - - - - A T I T L P M E I R T F L A S V O W E D C - - - - 999
```

Supplementary Figure 1. The sequence alignment of insect, human and bovine lysosomal α -mannosidase. The highlighted bars represent a percentage of residue identity (dark blue – the highest identity). The sequences were obtained from UniProt Database and alignment was prepared using *Jalview* software.