## Figure S1

```
Set8 (Q9VFK6)
MIMVRRRQRPAKEAASSSSGGASSGSGIPVDQALPLNVAGNLLEDQ
```


## KMT5A (Q9NQR1-2)



47 YFASPKRKDCRLMKVTQNGQLPEATMMAHNKDNKAGRTIGVPLATR


93 SQTRTIENFFKANAAAKDSQKTIHTEEQLNLGNQELKLDDEELNGQ

139 I KLDDEVLKLADKQINENLPFADEVDAKAEQKLMDEELQQVVEELL

185 FDGSSRASSNSPFYQHDMDVMQEIQQTPEIPHIKKVTEPLEGLGSL


231 ADFQTHRSALRDSHSSTHSSSTDNIFLQEPVLTLDIDRTPTKASSI

277 KINRSFELAGAVFSSPPSVLNACLNGRFNQIVSLNGQKEALDLPHF

323 DLDQHDSSSCDSGVACGLTANTESPAGQPRRRKPATPHRILCPSPI


369 KTALKVTGGICKVGSADPLSPRKSPRKLPTTTAA------VAACKS
23 AAVAATAPGPEMVERRGPGRPRTDGENVFTGQSKIYSYMSPNKCSG
368 : . . : * * . * ** . . . : * : * .

409 RRRLNQPKPQAPYQPQLQKPPSQQ-QQQQQDDIVVVLDDDDDEGDD

 105 GNAVRSAMKSEEQKIKDARKGPLVPFPNQKSEAAEPPKTPPSSCDS


480 NKAGMKTMLKPAPVKSKTKSKGPTKGQPPLPLAATNGNREMTDFFP
 . : . : . * : * * . * : * *: : * * * : *

526 VRRSVRKTKTAVKEEWMRGLEQAVLEERCDGLQVRHFMGKGRGVVA 190 VRRSSRKSKAELQSEERKRIDELIESGKEEGMKIDLIDGKGRGVIA * * * * * * : * : : : . * : : : : : . : : : : : * * * * * * : *

572 DRPFKRNEFVVEYVGDLISIGEAAEREKRYALDENAGCYMYYFKHK 236 TKQFSRGDFVVEYHGDLIEITDAKKREALYAQDPSTGCYMYYFQYL


618 SQQYCIDATVDTGKLGRLINHSRAGNLMTKVVLIKQRPHLVLLAKD 282 SKTYCVDATRETNRLGRLINHSKCGNCQTKLHDIDGVPHLILIASR


664 DIEPGEELTYDYGDRSKESLLHHPWLAF
328 DIAAGEELLYDYGDRSKASIEAHPWLKH

