

```

1  -----MATATGVAEERLLAA--LAYLQCAVGC VFA 29 P18405 S
1  MDLSAASHRIPLSDGNSIPIIIGLGT YSEPKSTPKGACATSVKVAIDTGYR-HIDGAYIQ 59 P51857 A
      : * . * . . : . * . * * . : :
      : * . * . . : . * . * * . : :

30  RNRQTNSVYGRHALPSHRL----RVPARAAWVVQELPSLALPLYQYA----- 72 P18405 S
60  NEHEVGEAI-REKIAEGKVRREDIFYCGKLYATNHVPEMVRPTLERTLRVLQLDYVDLYI 118 P51857 A
      . : : . . * . : : . . * . : : * . : :
      . : : . . * . : : . . * . : : * . : :

73  -----SESAPRLRSAPNCILLAMFLVHYGHRCLIYPF----- 104 P18405 S
119 IEVPMFAFKPGDEI YPRDEN-----GKWLYHKS NL CATWEAMEACKDAGLVKSLGVSNF 171 P51857 A
      . * * * . . . : * * . . * :
      . * * * . . . : * * . . * :

105 -----LMRGGKPM-----PLLACTMAIMFCTCNGYLQSRYL SHCAVYADDWV 146 P18405 S
172 NRRQLELILNKPGLKHKPVSNI VECHPYFTQPKLLKFCQQHDI VITAYSPLGTSRNP--- 228 P51857 A
      * * * * : : * * . : : * :
      * * * * : : * * . : : * :

147 TDP RFLIGFGLWLTGMLINIHS DHILRNLRKPGD-----TG YKIPRGGLFEYVTAANY 199 P18405 S
229 -----IIVNVSSPPLLKDALLNSLGKRYNK TAAQIVLRFNIQRGVVVI----P-- 272 P51857 A
      : * : . : . * : * . * * : : : * * * :
      : * : . : . * : * . * * : : : * * * :

200 FGEIM EWCGYALASWSVQGAFAFFFTFCFLS GRAKEHHE-----WYLRKFEEYPK 249 P18405 S
273 -----KSFNL---ERIKENFQIFDFSLTEEEMKDIEALNKNVRFV ELLMWRDHPEYPF 322 P51857 A
      . : * . . * : * * . : . * : . * . * *
      . : * . . * : * * . : . * : . * . * *

250 FRKIIIPFLF 259 P18405 S5A1_HUMAN
323 HDEY----- 326 P51857 AK1D1_HUMAN
      . :

```

Supporting Figure S3. 5AR type 1 and 5BR sequence alignment. Binding site residues are sharpened in light green; active site residues are sharpened in olive green.