

A.

SsP17DHFR ATGACTAAAAAGATTGTTGCCATTTGGGCTCAAGATGAAAATGGATTGATTGGAAAAGGT 60
SsHE06DHFR ATGACTAAAAAGATTGTTGCCATTTGGGCTCAAGATGAAAATGGATTGATTGGAAAAGGT 60

SsP17DHFR GATAGACTTCCTTGGTCATTGCCAGCTGACTTAGCTCATTTCAAAAAACGACAACAGGT 120
SsHE06DHFR GATAGACTTCCTTGGTCATTGCCAGCTGACTTAGCTCATTTCAAAAAACGACAACAGGT 120

SsP17DHFR CACACGATGGTGATGGGACGTATAACTTTCGACGGCATGGGTAACCTGCTCTTCCCAAT 180
SsHE06DHFR CACACGATGGTGATGGGACGTATAACTTTCGACGGCATGGGTAACCTGCTCTTCCCAAT 180

SsP17DHFR CGTCACACCATCGTTTTGACAACGGATAAAACCTATCAACTAGAGAGTGAACGTATTACC 240
SsHE06DHFR CGTCACACCATCGTTTTGACAACGGATAAAACCTATCAACTAGAGAGTGAACGTATTACC 240

SsP17DHFR ATTTTACACAGTGTGGAAGATGTTCTAGATTGGTATAACAAACAGGAGCAGACACTATTT 300
SsHE06DHFR ATTTTACACAGTGTGGAAGATGTTCTAGATTGGTATAACAAACAGGAGCAGACACTATTT 300

SsP17DHFR GTGATTGGTGGGGACAAATTTTACTGCTTTTGCACCTTACATTGAAACATTAATAGTG 360
SsHE06DHFR GTGATTGGTGGGGACAAATTTTACTGCTTTTGCACCTTACATTGAAACATTAATAGTG 360

SsP17DHFR ACAGATATTCACGGTCAATTTAATGGCGATGTGTATTTCCGAAAGCATTTCTATGGAG 420
SsHE06DHFR ACAGATATTCACGGTCAATTTAATGGCGATGTGTATTTCCGAAAGCATTTCTATGGAG 420

SsP17DHFR AAATTTACAGCTACAAAAGCGCCAATTTACGTCCAAAAGACGAGAAAAACCCGTA TGATTTT 480
SsHE06DHFR AAATTTACAGCTACAAAAGCGCCAATTTACGTCCAAAAGACGAGAAAAACCCGTA TGATTTT 480

SsP17DHFR ACAATAAAAACCTATGAAAGAAGAGATGGTTAG 513
SsHE06DHFR ACAATAAAAACCTATGAAAGAAGAGATGGTTAG 513

B.

Folate binding - red
NADPH binding - blue

SsP17DHFR MTKKIVAIWAQDENGLIGKGDRLPWSLPADLAHFKKTTTGHTMVMGRITFDGMGKRALPN 60
SsHE06DHFR MTKKIVAIWAQDENGLIGKGDRLPWSLPADLAHFKKTTTGHTMVMGRITFDGMGKRALPN 60

SsP17DHFR RHTIVLTTDKTYQLESERITILHSVEDVLDWYNKQEQLFVIGGGQIFATAFAPYIETLIV 120
SsHE06DHFR RHTIVLTTDKTYQLESERITILHSVEDVLDWYNKQEQLFVIGGGQIFATAFAPYIETLIV 120

SsP17DHFR TDIHQFNGDVYFPKAFPMEKFQLQSANLRPKDEKNPYDFTIKTYERRDG 170
SsHE06DHFR TDIHQFNGDVYFPKAFPMEKFQLQSANLRPKDEKNPYDFTIKTYERRDG 170

C.

Folate binding - red
NADPH binding - blue

SsDHFR MTKKIVAIWAQDENGLIGKGDRLPWSLPADLAHFKKTTTGHTMVMGRITFDGMGKRALPN 60
SpDHFR MTKKIVAIWAQDEEGVIGKDNRLPWHLPALQHFKEITLNHAILMGRVTFDGMGRRLLPK 60
*****:*:***.:**** **:* ***:** .*:::***:*****:* **:

SsDHFR RHTIVLTTDKTYQLESERITILHSVEDVLDWYNKQEQLFVIGGGQIFATAFAPYIETLIV 120
SpDHFR RETLILTRNPEEKI--DGVATFQDVQSVLDWYQAQEKPLYIIGGKQIFQAFEPYLDDEVIV 118
.::** : : : : :*.*.*****: **:.*:::** ** ** ***: : :*

SsDHFR TDIHQFNGDVYFPKAFPMEKFQLQSANLRPKDEKNPYDFTIKTYERRDG 170
SpDHFR THIHARVEGDTYFPEELDSL FETVSSKPYAKDEKNPYDFTIQYRKRKEV 168
..:.:*.***: : . * : *:: *****: :*::