

1 . 21 41 . 1.30 1.63 1.34
 4AMJ MG[]AELLQQWEAGMSLLMALVLLVAGNVLVIAAIGstQR
 β1AR MGDGWLPPDCGPHNRSGGGGATAAPTGSRQVSAELLQQWEAGMSLLVVALVLLVAGNVLVIAAIGRTQR
 humanTAAR1 -----MMPFCHNIINISCVKNNWSNDVRASLYSLMVLIIITTLVGNLIVIVSISHFKQ
 mouseTAAR3 -----MDLIYIPEDLSSCPKFGNKS CPPTNRSFRVRMIMYLEMTGAMVITIFGNLVIIISISHFKQ
 elephantTAAR7a -----MSTELSPAPVQLCYENLNGSCVKTSYSPGPRVMLYL VFGSGAVLAVGNLLVMISMLHFKQ
 mouseTAAR8a -----MTSNFSQPALQLCYENTNGSCIKTPYSPGPRVILYMVYFGAVLAVCGNLLVVISVLHFKQ
 <-----TM1-----><----->

54 61 . 81 101 . 121
 4AMJ LQTLTNLFITSLACADLVvGLLVVPFGATLVVRGTWLVGSLFCEIWTSLDVLCTASIEITLCVIAIDRYLA
 β1AR LQTLTNLFITSLACADLVvGLLVVPFGATLVVRGTWLVGSLFCEIWTSLDVLCTASIEITLCVIAIDRYLA
 humanTAAR1 LHTPTNWLIIHSMATVDFLLGCLVMPYSMVESAHCWYFGEVFCIKTSTGIMLSSASIFHLSFISIDRYYA
 mouseTAAR3 LHSPTNFLIILSMATTDFFLLGFVIMPYSMVRSVESWCWYFGDSFCKFHASFDMMLSLTSIFHLCSIAIDRFYA
 elephantTAAR7a LHSPANFLIASLACADFLVGVTVMFPSTVRSVESWCWYFGEIYCTFHSCFNGSFCYASIFHLCFISVDKFI
 mouseTAAR8a LHSPANFLIASLASADFLVGISVMPFSMVRSTESWCWYFGDAFCSLHSCCDVAFCYSSVLHLCFISVDRYIA
 Δ Δ Δ
 IC1--<-----TM2-----><-----EC1-----><-----TM3----->

125 . 151 . 181
 4AMJ ITSPFRYQSLMTTRARAKVIICTVWALSALVSFLPIMMHWWRDEDPQ-ALKCYQDPGCDENVNRAVYAIASS
 β1AR ITSPFRYQSLMTTRARAKVIICTVWALSALVSFLPIMMHWWRDEDPQ-ALKCYQDPGCDENVNRAVYAIASS
 humanTAAR1 VCDPLRYKAKMNILVICVMIFISWSVPAVAFGMIFFLEINFKGABEIIYKHVHCRGGCSVEFSKISGVLTIF
 mouseTAAR3 VCDPLHYTTMTVSMIKRLLAFCAWAPALFSFGLVLSEANVSGMQS-YEILVACFNFCALTFNKFWGTILF
 elephantTAAR7a VTDPLIYPTRETASVSGICIAFWSLLSILYSFSLLCGANETGLEE-LVSGLSVCGGQCIIVNSNWVFN
 mouseTAAR8a VTDPLVYPTKFTVSVSGICISISWILPLVYSSAVFYTGISAKGIES-LVSALNCVGGCQIVINQDFVLISE
 Δ Δ Δ Δ Δ Δ Δ Δ
 -----IC2-----><-----TM4-----><-----EC2-----><----->

196 201 . 231 241
 4AMJ IISFYIPLLIMIFVLRVYREAKEQIRKIDR[]ASKRKTSRVMI
 β1AR IISFYIPLLIMIFVYLRVYREAKEQIRKIDRCEGRFYGSQEQPQPPLPQHQPILGNRASKRKTSRVMI
 humanTAAR1 MTISFYIPGSIMLCVYYRIYLIAKEQARLISDANQKLQIGL-----EMKNGISQS
 mouseTAAR3 TTCFFTPGSIMVGIYKIFIVSRHRARALSDMPANTKG-----AVGKNLSKK
 elephantTAAR7a V-LFFIPTLVMIIVYSKIFLVAKQQARKIESLSNKTETSS-----DSYKDRVAK
 mouseTAAR8a L-LFFIPTLVMIILYSKIFLVAKQQAVKIETSVSGNRGESS-----ESHKARVAK
 -----TM5-----><-----IC3----->

245 . 261 . 301 .
 4AMJ REHKALKTLGIIMGVFTLCWLPFFLVNIVNVNRLDLPDVLVFNWLGYSANSAmNPIIYCR-SPDFRKAF
 β1AR REHKALKTLGIIMGVFTLCWLPFFLVNIVNVNRLDLPDVLVFNWLGYSANSAFNPIIYCR-SPDFRKAF
 humanTAAR1 KERKAVKTLGIIMGVFTLCWLPFFLVNIVNVNRLDLPDVLVFNWLGYSANSAFNPIIYCR-SPDFRKAF
 mouseTAAR3 KDRKAAKTLGIIMGVFTLCWLPFFLVNIVNVNRLDLPDVLVFNWLGYSANSAFNPIIYCR-SPDFRKAF
 elephantTAAR7a RERKAAKTLGIIVIAFLISWLPYFIDIVIDAFLGFITPTIYIYELVWFAYYNSAMNPLIYAFFYPWFRKAI
 mouseTAAR8a RERKAAKTLGVTVVAFMVSWLPYITDALVDAFMGFITPAYVYEICWGTYYNSAMNPLIYAFFYPWFRKAI
 -----><-----TM6-----><-----EC3-----><-----TM7----->

316 321 .
 4AMJ KRLLaFPRKADRRLLhhhhh[]
 β1AR KRLLCFPRKADRRLLHAGGQAPAPLPGGFISTLGSPHSPGGTWSDCNGGTRGGSESSLEERHSKTSRSESKM
 humanTAAR1 KMMLFGKIFQKDSRCKLFLELSS-----
 mouseTAAR3 QFIVSGKIFRSNSDTANLFPEAH-----
 elephantTAAR7a KLIITGKVLRENSSTTNLFSD-----
 mouseTAAR8a KLILSGEILKGHSSTANLFSE-----

4AMJ]
 β1AR EREKNILATTRYCTFLGNGDKAVFCTVLRIVKLFEDATCTCPHTHKLKMKWRFKQHQ
 humanTAAR1 -----
 mouseTAAR3 -----
 elephantTAAR7a -----
 mouseTAAR8a -----