

```

hDUOX1alpha  MATLGHTFPFYAGPKPTFP-MDTTLASIIIMIFLTALATFIVILPGIRGKTRLFWLLRVVT 59
hDUOX2       MTLWNGVLPFYPOPRHAAG-FSVPLLIVILVFLALAASFLLILPGIRGHSRWFVLRVLL 59
DOXA-1       MWVFGGNPSPSDYPNAAIPNFMHAFVIFSFLIPLIAYILILPGVR-RKRVVTTVTYVL 59
* . . * . : : . : : * * : : : * * * : * . : :

hDUOX1alpha  SLFIGAAILAVNFSSEWSVGOVSTNTSYKAFSSEWISADIGLQVGLGGVNITLTGTPVQQ 119
hDUOX2       SLFIGAEIVAVHFSAEWVFGTVNTNTSYKAFSAARVTARVLLVGLGINITLTGTPVHQ 119
DOXA-1       MLAVGGALIASLIYPCWASGSQMIYTQFRGHSNERILAKIGVEIGLQKVNVTLKFERLLS 119
* : * . : : * : . * * * : : : * : : * : : * * * : * : .

hDUOX1alpha  LNETIN-----YNEEFTWRLGENYAEYAKALEKGLPDPVLYLAEKFTP-RSPCGLY 170
hDUOX2       LNETID-----YNEQFTWRLKENYAEYANALEKGLPDPVLYLAEKFTP-SSPCGLY 170
DOXA-1       SNDVLPGSDMTELYYNEGFDISGISSMAEALHHGLENGLPYPMLSVLEYFSLNQDSFDWG 179
* : : : * * * * . . * . : : * * * * * : * : * : * : .

hDUOX1alpha  ROYRLAGHYTSAMLWVAFLCWLLANVMLSMPVLVYGGYMLLATGIFOLLALLFFSMATSL 230
hDUOX2       HQYHLAGHYASATLWVAFCFWLLSNVLLSTPAPLYGGLALLTTGAFALFGVFALASISSV 230
DOXA-1       RHYRVAGHYTHAAIWFAFACWCLS-VVLMFLPHNAYKSILATGISCLIACLVYLLSPC 238
: : : : * * * : * : * * * * * : * : * * * * * : : .

hDUOX1alpha  TSPCLH---LGASVLHTHHGPAFWITLTTGLLCVLLGLAMAVAHMOPHRLKAFFNQSV 287
hDUOX2       P-LCPLR---LGSSALTTQYGAAFWVTLATGVLCFLGGAVVSLQYVRPSALRTLLDQSA 286
DOXA-1       ELRIAFTGENFERVDLTATFSFCFYLFIFAIGILCVLCGLGLGICEHWRIYTLSTFLDASL 298
. : . : * : . . * : : : * : * : : * : . : . : * : : : *

hDUOX1alpha  DEDPMLEWSPEEGLLSPRYRSMADS-----P 314
hDUOX2       KD-----CSQERG--SP---LILGD-----P 303
DOXA-1       DEHVGPKWKKLPTGGPALQGVQIGAYGTNTTNSRDKNDISSDKTAGSSGFQSRSTSTCQS 358
. : . . * : : : .

hDUOX1alpha  KSQDIPLSEASSTKAYCKEAHPKDPDCAL----- 343
hDUOX2       LHKQAALPDLKCITTNL----- 320
DOXA-1       SASSASLRSQSSIETVHDEAELERTHVHFLQEPCCSSST 397
. . * . . . :

```

Fig. S3