

# APPENDICES

## Appendix 1: Solutions

### Phosphate Buffered Saline

Sodium chloride (NaCl)	8.00g
Potassium chloride (KCl)	0.20g
Di-sodium hydrogen phosphate ( $\text{Na}_2\text{HPO}_4$ )	0.23g
Potassium di-hydrogen phosphate ( $\text{KH}_2\text{PO}_4$ )	0.20g

The chemicals were dissolved in 1 liter distilled water

### 0.1M Carbonate Buffer pH 9.8

0.1M disodium carbonate ( $\text{Na}_2\text{CO}_3$ ) and 0.1M sodium hydrogen carbonate ( $\text{NaHCO}_3$ ) in 2:3 ratio

### Citrate-Phosphate Buffer pH 5.6

21ml 0.1M citric acid + 29 ml 0.2M disodium hydrogen phosphate ( $\text{Na}_2\text{HPO}_4$ ) with 50% distilled water

### 4M Sulphuric Acid

2 parts  $\text{H}_2\text{SO}_4$  + 4 parts  $\text{H}_2\text{O}$

### DMF Purification

Pass high quality DMF through a column packed with fresh aluminium oxide active; 1/3 part acidic alumina at the bottom + 2/3 part basic alumina (Sigma)

### Bromophenol Blue Stock

33.5g bromophenol blue (Sigma)

5.0ml purified DMF

\* makes 10mM solution; may be kept at RT for two weeks in sealed bottle

### 20% Piperidine

Purified by distilling in flask containing NaOH

200ml piperidine + 800ml DMF giving approximately 2.025M solution

**Appendix 2:** The complete sequence of recombinant EA p54. The 10-residue peptide fragments are synthesized according to this synthesis schedule (not shown in full)

Bulk solutions for activator and/or additives ( 166 wells)

Chemistry Group 1 data for synthesis coupling 2

Activator : DIC requires 227.2 mg in 6.0 ml of DMF

Additive 1: HOBT requires 324.6 mg in 23.6 ml of DMF

## WEIGHTS FOR INDIVIDUAL AMINO ACID SOLUTIONS

#	Amino acid description	Batch	Weight (mg)		DMF (ml)	DIC (ml)	HOBT (ml)
			Target	Actual			
32	Fmoc-L-Ala-OH.H2O	.....	104.5	.....	0.00	1.06	4.23
8	Fmoc-L-Asp(OtBu)-OH	.....	37.3	.....	0.00	0.30	1.21
12	Fmoc-L-Glu(OtBu)-OH.H2O	.....	56.9	.....	0.00	0.43	1.71
2	Fmoc-L-Phe-OH	.....	13.1	.....	0.00	0.11	0.45
10	Fmoc-Gly-OH	.....	32.6	.....	0.00	0.36	1.46
2	Fmoc-L-His(Boc)-OH.5DCM	.....	17.6	.....	0.00	0.11	0.45
4	Fmoc-L-Ile-OH	.....	18.7	.....	0.00	0.18	0.70
10	Fmoc-L-Lys(Boc)-OH	.....	51.3	.....	0.00	0.36	1.46
18	Fmoc-L-Leu-OH	.....	65.4	.....	0.00	0.62	2.47
2	Fmoc-L-Met-OH	.....	12.6	.....	0.00	0.11	0.45
8	Fmoc-L-Pro-OH	.....	30.6	.....	0.00	0.30	1.21
4	Fmoc-L-Gln(trt)-OH	.....	32.2	.....	0.00	0.18	0.70
6	Fmoc-L-Arg(PMC)-OH.3IPE	.....	49.8	.....	0.00	0.24	0.96
22	Fmoc-L-Ser(tBu)-OH	.....	85.5	.....	0.00	0.74	2.97
8	Fmoc-L-Thr(tBu)-OH	.....	36.0	.....	0.00	0.30	1.21
6	Fmoc-L-Val-OH	.....	24.3	.....	0.00	0.24	0.96
4	Fmoc-L-Tyr(tBu)-OH	.....	24.3	.....	0.00	0.18	0.70
					0.00	5.83	23.31

Amino acids weighed by :..... Date:.....

Solutions prepared by :..... Date:.....

Solutions dispensed by :..... Date:.....

Comments:-

## PIN POSITIONS for Synthesis coupling 1

## NEW PIN POSITIONS

A 3(1,2) TO A12(7,8) B 3(1,2) TO B11(5,6)

## Well positions for amino acid dispensing

A 4(1,2) A 5(3,4) A 7(3,4) A10(3,4) A 6(7,8) B 4(1,2) TO B 5(1,  
 A 5(1,2) A 8(3,4) B 6(1,2)  
 A 7(7,8) B12(1,2)  
 A 3(3,4) A 9(3,4) A 9(7,8) B 3(3,4) B 5(5,6) B 8(5,6)  
 A 2(5,6) B 2(3,4) B11(5,6)  
 A 7(1,2) A 1(5,6) A 2(7,8)  
 A 5(5,6) B 9(3,4)  
 B 3(5,6)  
 A 3(1,2) A12(3,4) A 4(5,6) A11(5,6) B 7(5,6) B10(5,6)  
 A 6(5,6) A12(5,6) A 4(7,8) B 8(1,2) B11(1,2) B 1(3,4) B 7(3,4)  
 A 3(5,6)  
 A10(1,2) A 2(3,4) A 7(5,6) A10(7,8) B 5(3,4) TO B 6(3,4) B11(3,  
 TO B 1(5,6)  
 A 6(1,2) A 4(3,4) A 9(5,6) A11(7,8) B 8(3,4) B 9(5,6)  
 A 8(5,6) A 1(7,8)  
 A 1(3,4) A 6(3,4) A11(3,4) A 8(7,8) B 9(1,2) B 4(3,4) B10(3,4)  
 B 4(5,6)  
 A12(1,2) A 3(7,8) B 2(5,6)  
 A 8(1,2) TO A 9(1,2) A11(1,2) A10(5,6) A12(7,8) TO B 3(1,2) B 7(1,  
 B10(1,2) B 6(5,6)  
 A 5(7,8)

Bulk solutions for activator and/or additives ( 166 wells)

Chemistry Group 1 data for synthesis coupling 1

Activator : DIC requires 227.2 mg in 6.0 ml of DMF

Additive 1: HOBt requires 327.4 mg in 23.8 ml of DMF

## WEIGHTS FOR INDIVIDUAL AMINO ACID SOLUTIONS

#	Amino acid description	Batch	Weight (mg)		DMF (ml)	DIC (ml)	HOBt (ml)
			Target	Actual			
14	Fmoc-L-Ala-OH.H2O	.....	48.5	.....	0.00	0.49	1.96
6	Fmoc-L-Cys(Trt)-OH	.....	42.0	.....	0.00	0.24	0.96
4	Fmoc-L-Asp(OtBu)-OH	.....	21.7	.....	0.00	0.18	0.70
12	Fmoc-L-Glu(OtBu)-OH.H2O	.....	56.9	.....	0.00	0.43	1.71
6	Fmoc-L-Phe-OH	.....	27.8	.....	0.00	0.24	0.96
6	Fmoc-Gly-OH	.....	21.3	.....	0.00	0.24	0.96
4	Fmoc-L-His(Boc)-OH.5DCM	.....	27.5	.....	0.00	0.18	0.70
2	Fmoc-L-Ile-OH	.....	12.0	.....	0.00	0.11	0.45
12	Fmoc-L-Lys(Boc)-OH	.....	60.2	.....	0.00	0.43	1.71
14	Fmoc-L-Leu-OH	.....	52.1	.....	0.00	0.49	1.96
2	Fmoc-L-Met-OH	.....	12.6	.....	0.00	0.11	0.45
18	Fmoc-L-Pro-OH	.....	62.5	.....	0.00	0.62	2.47
12	Fmoc-L-Gln(trt)-OH	.....	78.4	.....	0.00	0.43	1.71
4	Fmoc-L-Arg(PMC)-OH.3IPE	.....	36.7	.....	0.00	0.18	0.70
16	Fmoc-L-Ser(tBu)-OH	.....	63.7	.....	0.00	0.55	2.22
6	Fmoc-L-Thr(tBu)-OH	.....	28.5	.....	0.00	0.24	0.96
18	Fmoc-L-Val-OH	.....	62.8	.....	0.00	0.62	2.47
2	Fmoc-L-Tyr(tBu)-OH	.....	15.6	.....	0.00	0.11	0.45
					0.00	5.88	23.51

Amino acids weighed by :..... Date:.....

Solutions prepared by :..... Date:.....

Solutions dispensed by :..... Date:.....

Comments:-

Amino terminus is printed on the left

1 A 1(1,2)PLAQ <	49 B 1(1,2)PLAQ <
2 A 2(1,2)GLAQ <	50 B 2(1,2)GLAQ <
3 A 3(1,2)METTQTLRFK<	51 B 3(1,2)DVGAVEAHVV<
4 A 4(1,2)TLRFKTKALA<	52 B 4(1,2)EAHVVCVAA<
5 A 5(1,2)TKALAVLSKC<	53 B 5(1,2)CSVAADSLAA<
6 A 6(1,2)VLSKCYDHAQ<	54 B 6(1,2)DSLAAALSCL<
7 A 7(1,2)YDHAQTHLKG<	55 B 7(1,2)ALSILCRIPAV<
8 A 8(1,2)THLKGGLVQV<	56 B 8(1,2)RIPAVSVPI<
9 A 9(1,2)GVLQVNLSSV<	57 B 9(1,2)SVPIILRFYRS<
10 A10(1,2)NLLSVNYGGP<	58 B10(1,2)RFYRSGLIIV<
11 A11(1,2)NYGGPRLAAV<	59 B11(1,2)GIIIVVAGLL<
12 A12(1,2)RLAAVANAGT<	60 B12(1,2)VAGLLTSAGD<
13 A 1(3,4)ANAGTAGLIS<	61 B 1(3,4)TSAGDLPLDL<
14 A 2(3,4)AGLISFEVSP<	62 B 2(3,4)LPLDLSVILF<
15 A 3(3,4)FEVSPDAVAE<	63 B 3(3,4)SVILFNHASE<
16 A 4(3,4)DAVAEWQNHQ<	64 B 4(3,4)NHASEEAAAAS<
17 A 5(3,4)WQNHQSPEEA<	65 B 5(3,4)EAAAATASEP<
18 A 6(3,4)SPEEAPAAVS<	66 B 6(3,4)TASEPEDKSP<
19 A 7(3,4)PAAVSFRNLA<	67 B 7(3,4)EDKSPRVAGL<
20 A 8(3,4)FRNLAYGRTC<	68 B 8(3,4)RVQPLGTGLQ<
21 A 9(3,4)YGRTCVLGKE<	69 B 9(3,4)GTGLQQRPRH<
22 A10(3,4)VLGKELFGSA<	70 B10(3,4)QRPRHTVSPS<
23 A11(3,4)LFGSAVEQAS<	71 B11(3,4)TVSPSPSPPP<
24 A12(3,4)VEQASLQFYK<	72 B12(3,4)PSPPPPPRTP<
25 A 1(5,6)LQFYKRPQGG<	73 B 1(5,6)PPRTPTWESP<
26 A 2(5,6)RPQGGSRPEF<	74 B 2(5,6)TWESPARPET<
27 A 3(5,6)SRPEFVKLTM<	75 B 3(5,6)ARPETPSPAI<
28 A 4(5,6)VKLTMEDDK<	76 B 4(5,6)PSPAIPSHSS<
29 A 5(5,6)EYDDKVSKSH<	77 B 5(5,6)PSHSSNTALE<
30 A 6(5,6)VSKSHHTCAL<	78 B 6(5,6)NTALERPLAV<
31 A 7(5,6)HTCALMPYMP<	79 B 7(5,6)RPLAVQLARK<
32 A 8(5,6)MPYMPASDR<	80 B 8(5,6)QLARKRTSSE<
33 A 9(5,6)PASDRLRNEQ<	81 B 9(5,6)RTSSEARQKQ<
34 A10(5,6)LRNEQMIGQV<	82 B10(5,6)ARQKQKHPKK<
35 A11(5,6)MIGQVLLMPK<	83 B11(5,6)KHPKKVKQAF<
36 A12(5,6)LLMPKTASSL<	
37 A 1(7,8)TASSLQKWAR<	
38 A 2(7,8)QKWARQQGSG<	
39 A 3(7,8)QQGSGGVKVT<	
40 A 4(7,8)GVKVTLNPDL<	
41 A 5(7,8)LNPDLYVTTY<	
42 A 6(7,8)YVTTYTSGEA<	
43 A 7(7,8)TSGEACLTLD<	
44 A 8(7,8)CLTLDYKPLS<	
45 A 9(7,8)YKPLSVGPYE<	
46 A10(7,8)VGPYEFTGP<	
47 A11(7,8)AFTGPVAKAQ<	
48 A12(7,8)VAKAQDVGAV<	

Description: No description entered yet

10-mer peptides based on the sequence BMRF1  
Peptide spacing increment is 5

Segment 1: 79 peptides starting at residue 1

First peptide: [METTQTLRFK]

Last peptide: [KHPKKVKQAF]

Protein sequence: BMRF1 (404 residues)

1:	METTQTLRFK	TKALAVLSKC	YDHAQTHLKG	GVLQVNLLSV	NYGGPRLAAV
51:	ANAGTAGLIS	FEVSPDAVAE	WQNHQSPEEA	PAAVSFRNLA	YGRTCVLGKE
101:	LFGSAVEQAS	LQFYKRPQGG	SRPEFVKLTM	EYDDKVSKSH	HTCALMPYMP
151:	PASDRLRNEQ	MIGQVLLMPK	TASSLQKWAR	QQGSGGVKVT	LNPDLVTTY
201:	TSGEACLTLD	YKPLSVGPYE	AFTGPKVAKAQ	DVGAVEAHVV	CSVAADSLAA
251:	ALSLCRIPAV	SVPIILRFYRS	GIIAVVAGLL	TSAGDLPLDL	SVILFNHASE
301:	EAAASTASEP	EDKSPRVQPL	GTGLQQRPRH	TVSPSPSPPP	PPRTPTWESP
351:	ARPETPSPAI	PSHSNTALE	RPLAVQLARK	RTSSEARQKQ	KHPKKVKQAF
401:	NPLI				

Amino Acid set to be used - AASET1

asset 1:Free acid L-Fmoc amino acids - DIC/HOBT chemistry

Positive Control Peptide PLAQ

Negative Control Peptide GLAQ

Number of copies of each peptide 2

Schedule based on a 150 microlitre fill/well

(Well concentration is 60 mM)

Details of pins used in the synthesis

Pin Batch No. ....  
Acid level ..... microMole  
HMD level ..... mMole  
Beta-Alanine ..... mMole

Blocks A to B = 2 Blocks

Input Data checked and found to be correct

Synthesis authorized to proceed

## Appendix 3:

## DNASTS Protein 2D Structure Table [BMRB1]

Res.No	Residue	Helix	<Helix>	Sheet	<Sheet>	Turn	Pt	<Turn>
1	Met M	1.45 H	1.16	1.05 h	0.95 #	0.60	0.21	0.82
2	Glu E	1.51 H	1.07	1.37 B	0.96 #	0.74	0.39	0.91
3	Thr T	0.83 i	0.90	1.19 h	1.17 #	0.96	0.27	0.97
4	Thr T	0.83 i	1.00	1.19 h	1.20 #	0.96	0.38	0.87
5	Gln Q	1.11 h	1.03 #	1.10 h	1.13 #	0.98	0.24	0.87
6	Thr T	0.83 i	1.04 #	1.19 h	1.20 #	0.96	0.14	0.78
7	Leu L	1.21 H	1.12 #	1.30 h	1.09 #	0.59	0.40	0.79
8	Arg R	1.03 #	1.03 #	0.93 i	1.06 #	0.60	0.16	0.88
9	Phe F	1.13 h	1.07 #	1.38 h	1.01 #	0.60	0.42	0.90
10	Lys K	1.16 h	1.14 #	0.74 b	0.88 #	1.01	0.25	0.91
11	Thr T	0.83 i	1.16 #	1.19 h	1.02 #	0.96	0.24	0.81
12	Lys K	1.16 h	1.30 #	0.74 b	0.93 #	1.01	0.09	0.73
13	Ala A	1.42 H	1.28 #	1.30 h	1.17 #	0.66	0.03	0.60
14	Leu L	1.21 H	1.12 #	0.83 i	1.15 #	0.59	0.09	0.59
15	Ala A	1.42 H	1.12 #	0.83 i	1.15 #	0.66	0.11	0.80
16	Val V	1.06 h	1.05 #	1.70 H	1.12 #	0.50	0.18	0.88
17	Leu L	1.21 H	0.96 #	1.30 h	1.00 #	0.59	0.78	1.06 #
18	Ser S	0.77 i	0.83	0.75 b	1.04	1.43	2.02	1.19 #
19	Lys K	1.16 h	0.89	0.74 b	0.99	1.01	0.27	1.20 #
20	Cys C	0.70 i	0.85	1.19 h	1.02	1.19	0.94	1.19 #
21	Tyr Y	0.69 b	1.03	1.47 H	0.93	1.14	0.49	1.05 #
22	Asp D	1.01 I	1.14	0.54 B	0.84	1.46	0.24	1.01 #
23	His H	1.00 I	1.09 #	0.87 i	1.00 #	0.95	0.31	0.89 #
24	Ala A	1.42 H	1.09 #	0.83 i	1.00 #	0.66	0.21	0.89
25	Gln Q	1.11 h	1.04 #	1.10 h	1.12 #	0.98	0.52	0.87
26	Thr T	1.00 I	0.99 #	1.19 h	1.03 #	0.96	0.14	0.88
27	His H	1.00 I	0.88 #	0.87 i	0.92 #	0.95	0.38	1.03
28	Leu L	1.21 H	0.84 #	1.30 h	0.89 #	0.59	2.03	1.18 #
29	Lys K	1.16 h	0.84 #	0.74 b	0.99	1.01	0.47	1.16 #
30	Gly G	0.57 B	0.85 #	0.75 b	1.13	1.56	0.17	1.05 #
31	Gly G	0.57 B	0.99 #	0.75 b	1.21	1.56	0.17	0.91 #
32	Val V	1.06 h	1.11 #	1.70 H	1.45 #	0.50	0.03	0.64
33	Leu L	1.21 H	1.01 #	1.30 h	1.25 #	0.59	0.15	0.91
34	Gln Q	1.11 h	1.01 #	1.10 h	1.25 #	0.98	0.47	0.91
35	Val V	1.06 h	1.04 #	1.70 H	1.30 #	0.50	0.13	0.81
36	Asn N	0.67 b	0.97 #	0.89 i	1.06 #	1.56	0.15	1.04
37	Leu L	1.21 H	1.06 #	1.30 h	1.16 #	0.59	0.10	0.78
38	Leu L	1.21 H	0.93 #	1.30 h	1.16 #	0.59	0.22	1.02
39	Ser S	0.77 i	0.80 #	0.75 b	1.20 #	1.43	1.38	1.16
40	Val V	1.06 h	0.75 #	1.70 H	1.20 #	0.50	0.89	1.19
41	Asn N	0.67 b	0.63	0.89 i	0.97 #	1.16	3.02	1.46 #
			0.60	1.47 h	0.88	1.54	0.90	1.45 #

DNASTS	Protein 2D	structure	Table [amrml]	1.56	0.25	1.40 #*
43	Gly G	0.57 B	0.67	0.75 b	0.75	1.40 #*
44	Gly G	0.57 B	0.83	0.75 b	0.88	2.13 1.16 #*
45	Pro P	0.57 B	1.05	0.55 B	0.90	0.23 0.93 #*
46	Arg R	0.98 i	1.26	0.93 i	0.97	0.04 0.72 #*
47	Leu L	1.21 H	1.28 #	1.30 h	1.17	0.09 0.60 #*
48	Ala A	1.42 H	1.33 #*	0.83 i	1.05	0.66 0.07 0.62
49	Ala A	1.42 H	1.14 #	0.83 i	1.06	0.66 0.09 0.85
50	Val V	1.06 h	1.02 #	1.70 H	1.06 #*	0.50 0.52 1.11
51	Ala A	1.42 H	1.02 #	0.83 i	0.83 #*	0.66 0.26 1.11
52	Asn N	0.67 b	0.87 #	0.89 i	0.92 #	1.84 1.19 0.96 #*
53	Ala A	1.42 H	1.06 #	0.83 i	0.90 #	0.66 0.19 0.96 #*
54	Gly G	0.57 B	1.01	0.75 b	1.56	0.59 1.19 #*
55	Thr T	1.42 H	1.07	1.19 h	1.02 #	0.87 0.94 #*
56	Ala A	1.42 H	0.91 #*	0.83 i	1.12 #*	0.66 0.10 0.82
57	Gly G	0.57 B	1.05 #*	0.75 b	1.10 #	0.66 0.04 1.01
58	Leu L	1.21 H	1.12 #*	1.30 h	1.26 #	0.59 0.17 0.77
59	Ile I	1.08 h	1.12 #*	1.60 H	1.03 #	0.47 0.25 0.81
60	Ser S	1.13 h	1.12 #*	0.75 b	1.05 #	1.43 0.20 0.82
61	Phe F	1.51 H	0.98 #*	1.38 h	1.05 #	0.60 0.11 0.82
62	Glu E	1.06 h	0.85 #*	0.37 B	0.84 #	0.74 0.23 1.05
63	Val V	0.77 i	0.94	1.70 H	0.89 #	0.50 0.24 1.23
64	Ser S	0.57 B	1.02	0.75 b	0.67	1.43 3.75 1.27 #*
65	Pro P	1.01 I	1.23	0.55 B	0.91	1.52 0.21 1.04 #*
66	Asp D	1.42 H	1.35 #	0.54 B	0.98	1.46 0.18 0.82 #*
67	Val V	1.06 h	1.27 #*	0.83 i	0.93	0.66 0.06 0.64 #*
68	Ala A	1.42 H	1.28 #*	1.70 H	1.07 #	0.50 0.61 0.72
69	Glu E	1.51 H	1.09 #*	0.83 i	0.92 #	0.66 0.23 0.84
70	Tyr Y	1.08 h	0.97 #	1.37 B	0.93 #	0.74 0.02 1.06
71	Gln Q	1.11 h	0.97 #	1.10 h	0.99 #	0.96 0.78 1.11 #*
72	Asn N	0.67 b	0.89 #	0.89 i	0.90 #	0.98 0.56 1.12 #*
73	His H	1.00 I	0.86	0.87 i	0.82	0.30 1.23 #*
74	Gln Q	1.11 h	0.99 #	1.10 h	0.69 #	1.17 1.22 #*
75	Ser S	0.57 B	1.25 #	0.75 b	0.51	0.22 1.17 #*
76	Pro P	1.51 H	1.23 #	0.55 B	0.53	1.43 1.78 1.11 #*
77	Glu E	1.42 H	1.21 #*	0.37 B	0.65	0.27 0.92 #*
78	Ala A	1.42 H	1.17 #*	0.83 i	0.76	0.74 0.08 0.90 #*
79	Pro P	0.57 B	1.12 #*	0.55 B	0.98	0.66 0.37 0.88
80	Ala A	1.42 H	1.17 #*	0.83 i	0.98	1.52 0.14 0.84
81	Pro P	0.57 B	1.17 #*	0.83 i	1.03	0.66 0.23 0.81
82	Ala A	1.42 H	1.10 #*	0.83 i	1.17	0.66 0.48 0.87
83	Val V	1.06 h	0.99 #*	1.70 H	1.19	0.50 0.48 1.14
84	Val V	1.06 h	0.77 i	0.89 #	0.99	1.43 0.44 1.14
85	Ser S	0.77 i	1.13 h	1.00 #	1.13	0.60 0.84 0.93
86	Phe F	0.98 i	1.07 #*	1.38 h	1.13	0.95 0.12 0.94
87	Arg R	0.67 b	1.00 #	0.93 i	0.99	1.56 0.18 0.99
88	Asn N	0.98 i	1.00 #	0.89 i	1.12	1.56 0.18 0.99
89	Leu L	1.21 H	0.97	1.30 h	1.09	0.59 1.40 #*

DNASIS Protein 2D Structure Table [EMRFF1]

90	Ala A	1.42 H	0.92	0.83 i	1.00 #	0.66 *	0.63	1.08
91	Tyr Y	0.69 b	0.77	1.47 H	1.09 #	1.14	0.55	1.15
92	Gly G	0.57 B	0.77	0.75 b	1.02 #	1.56	0.90	1.17
93	Arg R	0.98 i	0.89	0.93 i	1.25 #	0.95	0.47	0.90
94	Thr T	0.83 i	0.95	1.19 h	1.35 #	0.96	0.09	0.81
95	Cys C	0.70 i	0.89	1.19 h	1.24 #	1.19	0.39	0.96
96	Val V	1.06 h	1.00	#	1.70 H	1.12 #	0.50	0.92
97	Leu L	1.21 H	1.11 #	1.30 h	0.79 #	0.59	0.24	0.98
98	Gly G	0.57 B	1.11 #	0.75 b	0.79	1.56	0.63	0.98
99	Lys K	1.16 h	1.25 #	0.74 b	0.95	1.01	0.08	0.74
100	Glu E	1.51 H	1.11 #	0.37 B	0.95	0.74	0.14	0.87
101	Leu L	1.21 H	0.92 #	1.30 h	1.05	0.59	0.50	1.05
102	Phe F	1.13 h	0.97 #	1.38 h	0.93	0.60	0.36	1.06
103	Gly G	0.57 B	0.96 #	0.75 b	1.01	1.56	0.26	1.04
104	Ser S	0.77 i	1.19 #	0.75 b	0.91	1.43	0.16	0.83
105	Ala A	1.42 H	1.28 #	0.83 i	1.00	0.66	0.22	0.72
106	Val V	1.06 h	1.28 #	1.70 H	1.00	0.50	0.08	0.72
107	Glu E	1.51 H	1.20 #	0.37 B	0.76 #	0.74	0.20	0.95
108	Gln Q	1.11 h	1.13 #	1.10 h	1.00 #	0.98	0.49	0.92
109	Ala A	1.42 H	1.13 #	0.83 i	1.00 #	0.66	0.29	0.92
110	Ser S	0.77 i	1.06 #	0.75 b	1.13 #	1.43	0.07	0.90
111	Leu L	1.21 H	1.04 #	1.30 h	1.31 #	0.59	0.49	0.83
112	Gln Q	1.11 h	1.02 #	1.10 h	1.17 #	0.98	0.33	0.93
113	Phe F	1.13 h	0.99 #	1.38 h	1.13 #	0.60	0.23	0.93
114	Tyr Y	0.69 b	0.85	1.47 H	0.92 #	1.14	0.63	1.16
115	Lys K	1.16 h	0.96	0.74 b	0.83	1.01	0.19	1.12
116	Arg R	0.98 i	0.81	0.93 i	0.83	0.95	1.18	1.25
117	Pro P	0.57 B	0.71	0.55 B	0.79	1.52	2.89	1.41
118	Gln Q	1.11 h	0.76	1.10 h	0.84	0.98	1.27	1.38
119	Gly G	0.57 B	0.72	0.75 b	0.80	1.56	0.92	1.38
120	Gly G	0.57 B	0.72	0.75 b	0.75	1.56	0.95	1.37
121	Ser S	0.77 i	0.96	0.75 b	0.65	1.43	0.28	1.16
122	Arg R	0.98 i	1.05	0.93 i	0.81	0.95	1.05	0.95
123	Pro P	0.57 B	1.07	0.55 B	1.00	1.52	0.21	0.84
124	Glu E	1.51 H	1.22 #	0.37 B	1.05	0.74	0.06	0.71
125	Phe F	1.13 h	1.14 #	1.38 h	1.28 #	0.60	0.14	0.68
126	Val V	1.06 h	1.07 #	1.70 H	1.23 #	0.50	0.20	0.77
127	Lys K	1.21 H	1.16 #	0.74 b	1.07 #	1.01	0.05	0.79
128	Leu L	1.21 H	1.25 #	1.30 h	0.98 #	0.59	0.06	0.72
129	Thr T	0.83 i	1.12 #	1.19 h	1.02 #	0.96	0.68	0.86
130	Met M	1.45 H	1.17 #	1.05 h	0.86 #	0.60	0.38	0.99
131	Glu E	1.51 H	1.06 #	0.37 B	0.73 #	0.74	0.53	1.20
132	Tyr Y	0.69 b	0.97	1.47 H	0.82 #	1.14	1.53	1.27
133	Asp D	1.01 I	1.06	0.54 B	0.88	1.46	0.62	1.11
134	Asp D	1.01 I	1.00	0.54 B	0.93	1.46	0.50	1.10
135	Lys K	1.16 h	1.04	0.74 b	0.98	1.01	0.31	0.99
						0.50	0.65	1.09

DNASIS	Protein	2D structure	Table [amrfl]	1.43	0.93	1.21
137	Ser S	0.77 i	0.93 #	1.43	0.93	1.21 #*
138	Lys K	1.16 h	0.98 #	1.01	0.38	1.09 #*
139	Ser S	0.77 i	0.90 #	1.43	0.41	1.07 #*
140	His H	1.00 I	0.88 #	0.95	0.55	1.01 #*
141	His H	1.00 I	0.99 #*	0.95	1.03	0.94
142	Thr T	0.83 i	1.04 #	0.96	0.85	0.11
143	Cys C	1.70 i	1.20 #	0.96	0.11	0.85
144	Ala A	1.42 H	1.16 #	0.96	0.11	0.76
145	Leu L	1.21 H	0.98 #	0.66	0.01	0.84
146	Met M	1.45 H	1.04 #	0.59	0.21	0.96
147	Pro P	0.57 B	0.82 #	0.60	1.28	0.97
148	Tyr Y	0.69 b	0.82 #	1.52	0.06	1.20
149	Met M	1.45 H	1.00 #*	1.14	0.16	1.20
150	Pro P	0.57 B	0.83	0.60	0.40	1.08
151	Pro P	0.57 B	0.94	1.52	1.14	1.28 #*
152	Ala A	1.42 H	1.05	0.66	0.78	1.27 #*
153	Ser S	0.77 i	0.99	1.52	1.27	1.13 #*
154	Asp D	1.01 I	1.05	1.46	0.91	1.11 #*
155	Arg R	0.98 i	0.96	1.46	0.48	0.99 #*
156	Leu L	1.21 H	1.09 #	0.95	0.16	1.01 #*
157	Arg R	0.98 i	1.07 #*	0.59	0.79	0.96 #*
158	Asn N	0.67 b	1.19 #*	0.95	0.44	1.06
159	Glu E	1.51 H	1.29 #*	1.56	0.20	0.97
160	Gln Q	1.11 h	1.05 #	0.74	0.04	0.70
161	Met M	1.45 H	0.96 #*	0.98	0.12	0.90
162	Ile I	1.08 h	1.05 #	0.60	0.43	0.90
163	Gly G	0.57 B	0.99 #*	0.47	0.07	0.88
164	Gln Q	1.11 h	1.15 #*	1.56	0.20	0.91
165	Val V	1.06 h	1.23 #*	0.98	0.09	0.67
166	Leu L	1.21 H	1.11 #*	0.50	0.03	0.57
167	Leu L	1.21 H	1.10 #*	0.59	0.01	0.83
168	Met M	1.45 H	1.00 #	0.59	0.16	0.93
169	Pro P	0.57 B	1.00 #	0.60	1.16	1.02
170	Lys K	1.16 h	1.05 #	1.52	0.44	1.04 #*
171	Thr T	0.83 i	0.95	1.01	0.22	1.02 #*
172	Ala A	1.42 H	1.04 #	0.96	0.87	1.12 #*
173	Ser S	0.77 i	0.97 #	0.66	0.73	1.03 #*
174	Ser S	0.77 i	1.06 #	1.43	0.59	1.11 #*
175	Leu L	1.21 H	1.14 #*	1.43	0.11	1.00 #*
176	Gln Q	1.11 h	1.19 #*	0.59	0.72	0.89
177	Lys K	1.16 h	1.16 #*	0.98	0.32	0.90
178	Trp W	1.08 h	1.15 #*	1.01	0.02	0.90
179	Ala A	1.42 H	1.16 #*	0.96	0.57	0.89
180	Arg R	0.98 i	0.94 #*	0.66	0.23	0.89
181	Gln Q	1.11 h	0.89 #	0.95	0.39	1.12
182	Gln Q	1.11 h	0.76	0.98	1.46	1.24 #*
				0.98	1.20	1.38 #*
				0.98	1.20	1.38 #*

DNASTS Protein 2D Structure Table [BMRB1]

DNASTS	Protein	2D	Structure	Table	[BMRB1]	1.43	1.03	1.26 #*
184	Ser S	0.77 i	0.74	0.75 b	0.99	1.43	1.03	1.26 #*
185	Gly G	0.57 B	0.84	0.75 b	0.99	1.56	0.23	1.16 #*
186	Gly G	0.57 B	0.96	1.22	1.56	0.19	0.89 #*	1.89 #*
187	Val V	1.06 h	1.03	1.70 H	1.33 #	0.50	0.16	0.74 #*
188	Lys K	1.16 h	1.07	0.74 b	1.23 #*	1.01	0.12	0.77
189	Val V	1.06 h	0.94	1.70 H	1.27 #*	0.50	0.22	0.90
189	Val V	0.83 i	0.82	1.19 h	0.98 #*	0.96	0.28	1.16
190	Thr T	1.21 H	0.87	1.30 h	0.82 #*	0.59	0.14	1.28
191	Leu L	0.67 B	0.87	0.89 i	0.82	1.56	6.07	1.28 #*
192	Asn N	0.57 B	0.87	0.55 B	0.97	1.52	0.50	1.18 #*
193	Pro P	0.57 B	0.99	0.54 B	1.25	1.46	0.22	0.92 #*
194	Asp D	1.01 I	0.99	1.30 h	1.42 #	0.59	0.09	0.80 #*
195	Leu L	1.21 H	0.95	1.47 H	1.39 #*	1.14	0.20	0.89
196	Tyr Y	0.69 b	0.85	1.70 H	1.39 #*	0.50	0.54	0.89
197	Val V	1.06 h	0.80	1.19 h	1.26 #*	0.96	0.84	1.01
198	Thr T	0.83 i	0.78	1.19 h	1.15 #*	0.96	0.39	1.12
199	Thr T	0.69 b	0.92	1.47 H	1.04 #	1.68	1.27	1.27 #*
200	Tyr Y	0.83 i	0.92	1.19 h	0.77	0.96	1.45	1.17 #*
201	Thr T	0.77 i	1.07	0.75 b	0.68	1.43	0.46	1.10 #*
202	Ser S	0.57 B	1.05	0.75 b	0.79	1.56	0.27	1.04 #*
203	Gly G	1.51 H	1.21 #	0.37 B	0.92	0.74	0.35	0.80 #*
204	Glu E	1.42 H	1.04 #*	0.83 i	1.13	0.66	0.09	0.85
205	Ala A	0.70 i	0.99 #	1.19 h	1.25 #*	1.19	0.17	0.83
206	Cys C	1.21 H	1.07 #	1.30 h	1.08 #*	0.59	0.19	0.90
207	Leu L	1.21 H	0.94 #	1.19 h	1.13 #*	0.96	0.48	1.04
208	Thr T	1.21 H	1.02 #*	1.30 h	1.01 #	0.59	0.73	1.05
209	Leu L	1.21 H	0.86 #*	0.54 B	0.83 #*	1.46	0.47	1.28
210	Asp D	1.01 I	0.91	1.47 H	1.02 #*	1.14	0.22	1.07
211	Tyr Y	0.69 b	0.93	0.74 b	0.84	1.01	0.63	1.14
212	Lys K	1.16 h	0.93	0.74 b	1.08	1.52	0.17	1.01
213	Pro P	0.57 B	0.90	0.55 B	1.08	0.59	0.36	1.02
214	Leu L	1.21 H	0.90	1.30 h	1.13	0.74	1.25	1.25
215	Ser S	0.77 i	0.74	0.75 b	0.94	1.43	0.74	1.25
216	Val V	1.06 h	0.72	1.70 H	1.12	0.50	0.22	1.18
217	Gly G	0.57 B	0.84	0.75 b	0.79 #	1.56	2.24	1.24 #*
218	Pro P	0.69 b	1.05	0.55 B	0.81 #	1.52	0.30	1.02 #*
219	Tyr Y	1.51 H	1.19	1.47 H	1.01 #	1.14	0.11	0.79 #*
220	Glu E	1.42 H	1.22	0.37 B	0.94 #*	0.74	0.22	0.74 #*
221	Ala A	1.42 H	0.99	0.83 i	1.04 #*	0.66	0.24	0.95
222	Phe F	1.13 h	0.78	1.38 h	1.07 #*	0.60	0.82	1.16 #*
223	Thr T	0.83 i	0.76	1.19 h	1.05 #*	0.96	0.13	1.14 #*
224	Gly G	0.57 B	0.91	0.75 b	0.96 #	1.56	0.50	1.06 #*
225	Val V	0.57 B	1.05	0.55 B	0.96 #	1.52	0.16	0.92 #*
226	Val V	1.06 h	1.27 #*	1.70 H	1.03 #	0.66	0.20	0.71
227	Ala A	1.42 H	1.18 #*	0.83 i	0.88	0.66	0.24	0.83
						1.01	0.13	1.03
						0.75		0.90

2D structure Table [BMRFL]

DNASIS	Protein	2D	structure	Table	[BMRFL]	0.78	1.05							
231	ASP	D	1.01	I	1.02	#	0.54	B	0.96	0.46	0.81	#	*	
232	Val	V	1.06	h	1.03	#	1.70	H	1.25	0.50	0.10	0.87	#	*
233	Gly	G	0.57	B	1.14	#	0.75	b	0.91	1.56	0.14	0.64	#	*
234	Ala	A	1.42	H	1.35	#	0.83	i	0.93	0.66	0.07	0.71		
235	Val	V	1.06	h	1.25	#	1.70	H	0.94	0.50	0.21	0.71		
236	Glu	E	1.51	H	1.25	#	0.37	B	0.94	0.74	0.21	0.65		
237	Ala	A	1.42	H	1.14	#	0.83	i	1.28	0.66	0.04	0.79		
238	His	H	1.00	I	0.96	#	0.87	i	1.37	0.95	0.24	0.91		
239	Val	V	1.06	h	0.90	#	1.70	H	1.34	0.50	0.37	0.91		
240	Val	V	1.06	h	0.90	#	1.70	H	1.34	0.50	0.22	0.91		
241	Cys	C	0.70	i	0.99	#	1.19	h	1.12	0.34	0.95	0.81		
242	Ser	S	0.77	i	1.17	#	0.75	b	1.03	1.43	0.12	0.82		
243	Val	V	1.06	h	1.23	#	1.70	H	0.98	0.50	0.13	0.82		
244	Ala	A	1.42	H	1.16	#	0.83	i	0.74	0.66	0.87	1.05		
245	Ala	A	1.42	H	1.10	#	0.83	i	0.86	0.66	0.58	1.04		
246	ASP	D	1.01	I	1.10	#	0.54	B	0.86	1.46	0.43	1.04		
247	Ser	S	0.77	i	1.21	#	0.75	b	0.93	1.43	0.06	0.84		
248	Leu	L	1.21	H	1.37	#	1.30	h	0.95	0.59	0.09	0.64		
249	Ala	A	1.42	H	1.37	#	0.83	i	0.95	0.66	0.11	0.64		
250	Ala	A	1.42	H	1.15	#	0.83	i	0.93	0.66	0.17	0.84		
251	Ala	A	1.42	H	1.21	#	0.83	i	1.05	0.66	0.13	0.82		
252	Leu	L	1.21	H	0.97	#	1.30	h	1.14	0.59	0.39	0.95		
253	Ser	S	0.77	i	0.92	#	0.75	b	1.04	1.43	0.30	1.04		
254	Leu	L	1.21	H	0.99	#	1.30	h	1.26	0.59	0.18	0.80		
255	Cys	C	0.70	i	0.83		1.19	h	1.07	1.19	0.14	1.03		
256	Arg	R	1.08	h	1.03		0.93	i	0.98	0.95	0.05	0.90		
257	Ile	I	1.08	h	0.96		1.60	H	1.17	0.47	0.24	0.79		
258	Pro	P	0.57	B	0.96		0.55	B	0.96	1.52	0.23	1.03		
259	Ala	A	1.42	H	1.08		0.83	i	1.25	0.66	0.19	0.77		
260	Val	V	1.06	h	0.87		1.70	H	1.18	0.50	0.16	0.99		
261	Ser	S	0.77	i	0.87		0.75	b	1.15	1.43	0.11	0.98		
262	Val	V	1.06	h	0.98		1.70	H	1.29	0.50	0.17	0.77		
263	Pro	P	0.57	B	0.96		0.55	B	1.10	1.52	0.11	0.88		
264	Ile	I	1.08	h	1.10		1.60	H	1.30	0.47	0.07	0.65		
265	Leu	L	1.21	H	1.00		1.30	h	1.27	0.59	0.53	0.82		
266	Arg	R	0.98	i	0.95		0.93	i	1.18	0.95	0.28	0.91		
267	Phe	F	1.13	h	0.89		1.38	h	1.13	0.60	0.40	1.03		
268	Tyr	Y	0.69	b	0.75		1.47	H	0.98	1.14	1.65	1.27	#	*
269	Arg	R	0.98	i	0.85		0.93	i	1.01	0.95	1.04	1.10	#	*
270	Ser	S	0.77	i	0.88		0.75	b	1.18	1.43	0.07	0.98	#	*
271	Gly	G	0.57	B	1.04		0.75	b	1.20	0.56	0.03	0.79	#	*
272	Ile	I	1.08	h	1.16	#	1.60	H	1.43	0.47	0.05	0.53		
273	Ile	I	1.08	h	1.16	#	1.60	H	1.46	0.47	0.05	0.53		
274	Ala	A	1.42	H	1.24	#	0.83	i	1.27	0.66	0.05	0.58		
275	Val	V	1.06	h	1.03	#	1.70	H	1.25	0.50	0.16	0.81		
275	Val	V	1.06	h	1.07	#	1.70	H	1.15	0.50	0.63	0.83		
275	Val	V	1.06	h	1.07	#	1.70	H	1.15	0.50	0.63	0.83		

DNASIS Protein 2D Structure Table [BMRF1]

278	Gly G	0.57 B	0.96 #	0.75 b	1.14 #*	1.56	0.07	0.93
279	Leu L	1.21 H	1.01 #	1.30 h	1.14 #*	0.59	0.11	0.89
280	Leu L	1.21 H	1.06 #*	1.30 h	1.02 #	0.59	0.48	0.91
281	Thr T	0.83 i	0.90	1.19 h	0.88 #*	0.96	0.64	1.15
282	Ser S	0.77 i	0.94	0.75 b	0.72	1.43	1.40	1.28 #*
283	Ala A	1.42 H	1.05	0.83 i	0.86	0.66	0.64	1.07 #*
284	Gly G	0.57 B	0.84	0.75 b	0.79	1.56	0.27	1.28 #*
285	Asp D	1.01 I	1.00	0.54 B	0.92	1.46	0.09	1.04 #*
286	Leu L	1.21 H	1.00	1.30 h	0.92 #*	0.59	0.54	1.04
287	Pro P	0.57 B	1.00	0.55 B	0.92 #*	1.52	0.32	1.04
288	Leu L	1.21 H	1.05	1.30 h	0.97 #*	0.59	0.26	1.02
289	Asp D	1.01 I	1.01 #	0.54 B	1.07 #*	1.46	0.24	1.00
290	Leu L	1.21 H	1.03 #	1.30 h	1.34 #*	0.59	0.13	0.75
291	Ser S	0.77 i	1.03 #	0.75 b	1.34 #*	1.43	0.05	0.75
292	Val V	1.06 h	1.12 #	1.70 H	1.50 #*	0.50	0.05	0.54
293	Ile I	1.08 h	1.02 #	1.60 H	1.29 #*	0.47	0.06	0.81
294	Leu L	1.21 H	1.00 #	1.30 h	1.11 #*	0.59	0.26	0.93
295	Phe F	1.13 h	1.06 #*	1.38 h	0.99 #	0.60	0.26	0.94
296	Asn N	0.67 b	0.97 #*	0.89 i	0.84	1.56	0.28	1.15
297	His H	1.00 I	1.18 #*	0.87 i	0.71	0.95	0.85	0.95
298	Ala A	1.42 H	1.30 #*	0.83 i	0.58	0.66	0.41	0.89
299	Ser S	0.77 i	1.30 #*	0.75 b	0.58	1.43	0.32	0.89
300	Glu E	1.51 H	1.47 #*	0.37 B	0.60	0.74	0.07	0.70
301	Glu E	1.51 H	1.44 #*	0.37 B	0.72	0.74	0.09	0.68
302	Ala A	1.42 H	1.26 #*	0.83 i	0.81	0.66	0.17	0.85
303	Ala A	1.42 H	1.11 #*	0.83 i	0.90	0.66	0.45	0.93
304	Ala A	1.42 H	1.11 #*	0.83 i	0.90	0.66	0.31	0.93
305	Ser S	0.77 i	0.95 #*	0.75 b	0.88	1.43	0.48	1.12
306	Thr T	0.83 i	1.13 #*	1.19 h	0.79	0.96	0.52	0.95
307	Ala A	1.42 H	1.07 #*	0.83 i	0.63	0.66	0.44	1.09
308	Ser S	0.77 i	1.09 #*	0.75 b	0.51	1.43	0.16	1.11
309	Glu E	1.51 H	1.15 #*	0.37 B	0.46	0.74	1.05	1.12
310	Pro P	0.57 B	1.06 #	0.55 B	0.55	1.52	1.04	1.18 #*
311	Glu E	1.51 H	1.11 #	0.37 B	0.60	0.74	0.47	1.16 #*
312	Asp D	1.01 I	0.88	0.54 B	0.65	1.46	1.44	1.36 #*
313	Lys K	1.16 h	0.87	0.74 b	0.74	1.01	0.22	1.23 #*
314	Ser S	0.77 i	0.85	0.75 b	0.98	1.43	1.90	1.10 #*
315	Pro P	0.57 B	0.93	0.55 B	1.07	1.52	0.30	0.99 #*
316	Arg R	0.98 i	0.93	1.70 H	1.16 #	0.95	0.08	0.99 #*
317	Val V	1.06 h	0.99	1.10 h	0.93 #	0.50	0.14	0.90 #*
318	Gln Q	1.11 h	0.87	1.10 h	0.93 #	0.98	1.22	1.16 #*
319	Pro P	0.57 B	0.80	0.55 B	0.80	1.52	0.38	1.16 #*
320	Leu L	1.21 H	0.80	1.30 h	1.00 #	0.59	0.51	1.17 #*
321	Gly G	0.57 B	0.80	0.75 b	1.00	1.56	1.47	1.17 #*
322	Thr T	0.83 i	0.93	1.19 h	1.09 #	0.96	0.26	1.02 #*

DNASIS Protein 2D structure Table [BMRFl]

325	Gln Q	1.11 h	0.94	1.10 h	0.92 #*	0.98	0.49	1.11
326	Gln Q	1.11 h	0.91	1.10 h	0.88 #*	0.98	0.23	1.10
327	Arg R	0.98 i	0.88	0.93 i	0.82	0.95	1.13	1.09 #*
328	Pro P	0.57 B	0.85	0.55 B	0.89	1.52	0.79	1.10 #*
329	Arg R	0.98 i	0.97	0.93 i	1.17	0.95	0.11	0.84 #*
330	His H	1.00 I	0.92	0.87 i	1.13	0.95	0.45	0.96 #*
331	Thr T	0.83 i	0.81	1.19 h	1.05	0.96	0.35	1.10 #*
332	Val V	1.06 h	0.79	1.70 H	0.94	0.50	0.31	1.22
333	Ser S	0.77 i	0.67	0.75 b	0.65	1.43	3.07	1.48 #*
334	Pro P	0.57 B	0.67	0.55 B	0.65	1.52	0.51	1.48 #*
335	Ser S	0.77 i	0.67	0.75 b	0.65	1.43	3.07	1.48 #*
336	Pro P	0.57 B	0.62	0.55 B	0.60	1.52	0.33	1.50 #*
337	Ser S	0.77 i	0.62	0.75 b	0.60	1.43	0.84	1.50 #*
338	Pro P	0.57 B	0.57	0.55 B	0.55	1.52	0.71	1.52 #*
339	Pro P	0.57 B	0.57	0.55 B	0.55	1.52	0.71	1.52 #*
340	Pro P	0.57 B	0.67	0.55 B	0.65	1.52	0.89	1.38 #*
341	Pro P	0.57 B	0.74	0.55 B	0.81	1.52	2.40	1.24 #*
342	Pro P	0.57 B	0.74	0.55 B	0.81	1.52	0.48	1.24 #*
343	Arg R	0.98 i	0.80	0.93 i	0.97	0.95	0.20	1.10 #*
344	Thr T	0.83 i	0.83	1.19 h	1.08 #	0.96	2.81	1.10 #*
345	Pro P	0.57 B	1.00	0.55 B	0.87 #	1.52	0.45	1.05 #*
346	Thr T	0.83 i	1.05	1.19 h	0.92 #	0.96	0.09	1.02 #*
347	Tyr Y	1.08 h	0.98	1.37 h	0.76 #	0.96	0.39	1.16 #*
348	Glu E	1.51 H	1.07	0.37 B	0.63	0.74	0.15	1.09
349	Ser S	0.77 i	0.94	0.75 b	0.77	1.43	1.07	1.14 #*
350	Pro P	0.57 B	0.89	0.55 B	0.72	1.52	0.52	1.16 #*
351	Ala A	1.42 H	1.12	0.83 i	0.67	0.66	0.14	0.97 #*
352	Arg R	0.98 i	0.97	0.93 i	0.76	0.95	1.28	1.04 #*
353	Pro P	0.57 B	0.87	0.55 B	0.67	1.52	0.27	1.19 #*
354	Glu E	1.51 H	0.92	0.37 B	0.72	0.74	0.22	1.16 #*
355	Thr T	0.83 i	0.69	1.19 h	0.76	0.96	2.20	1.36 #*
356	Pro P	0.57 B	0.83	0.55 B	0.67	1.52	0.28	1.28 #*
357	Ser S	0.77 i	0.96	0.75 b	0.93	1.43	0.71	1.02 #*
358	Pro P	0.57 B	0.91	0.55 B	0.88	1.52	0.07	1.04 #*
359	Ala A	1.42 H	0.96	0.83 i	0.93	0.66	0.07	1.02
360	Ile I	1.08 h	0.86	1.60 H	0.94	0.47	0.87	1.09 #*
361	Pro P	0.57 B	0.78	0.55 B	0.73	1.52	1.40	1.33 #*
362	Ser S	0.77 i	0.83	0.75 b	0.70	1.43	0.75	1.31 #*
363	His H	1.00 I	0.80	0.87 i	0.82	0.95	2.21	1.34 #*
364	Ser S	0.77 i	0.76	0.75 b	0.90	1.43	2.52	1.35 #*
365	Ser S	0.77 i	0.92	0.75 b	0.92	1.43	0.38	1.15 #*
366	Asn N	0.67 b	1.03	0.89 i	1.05	1.56	0.43	0.94 #*
367	Thr T	0.83 i	1.24	1.19 h	0.92	0.96	0.15	0.74 #*
368	Ala A	1.42 H	1.28	0.83 i	0.86	0.66	0.10	0.74
						0.25	0.10	0.25
						0.95	0.10	0.95

