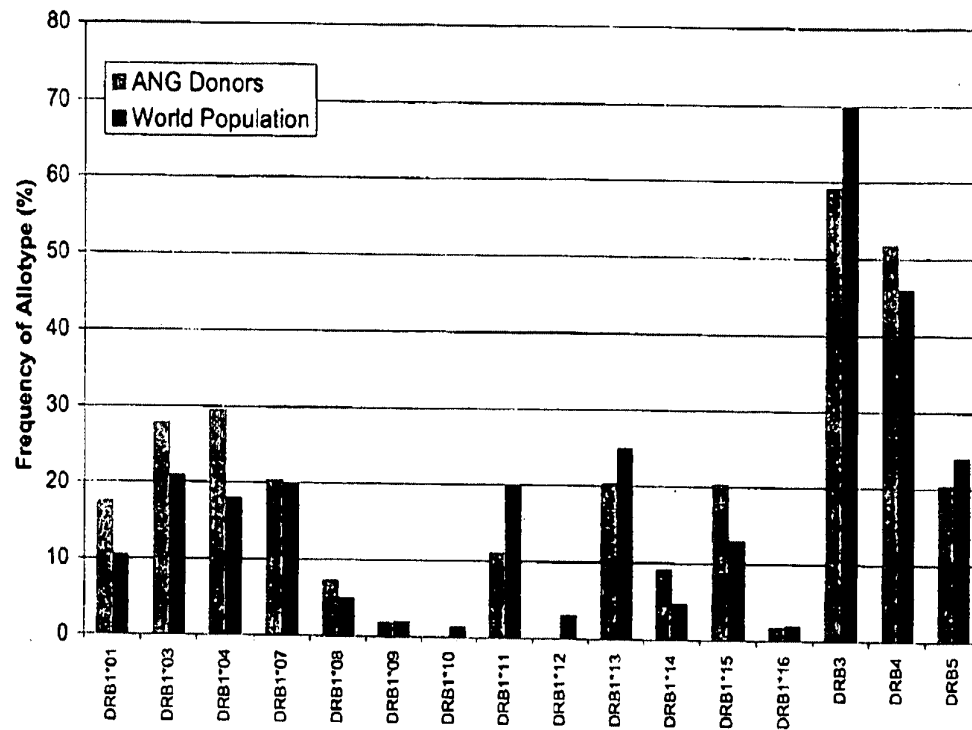


FIGURE 1



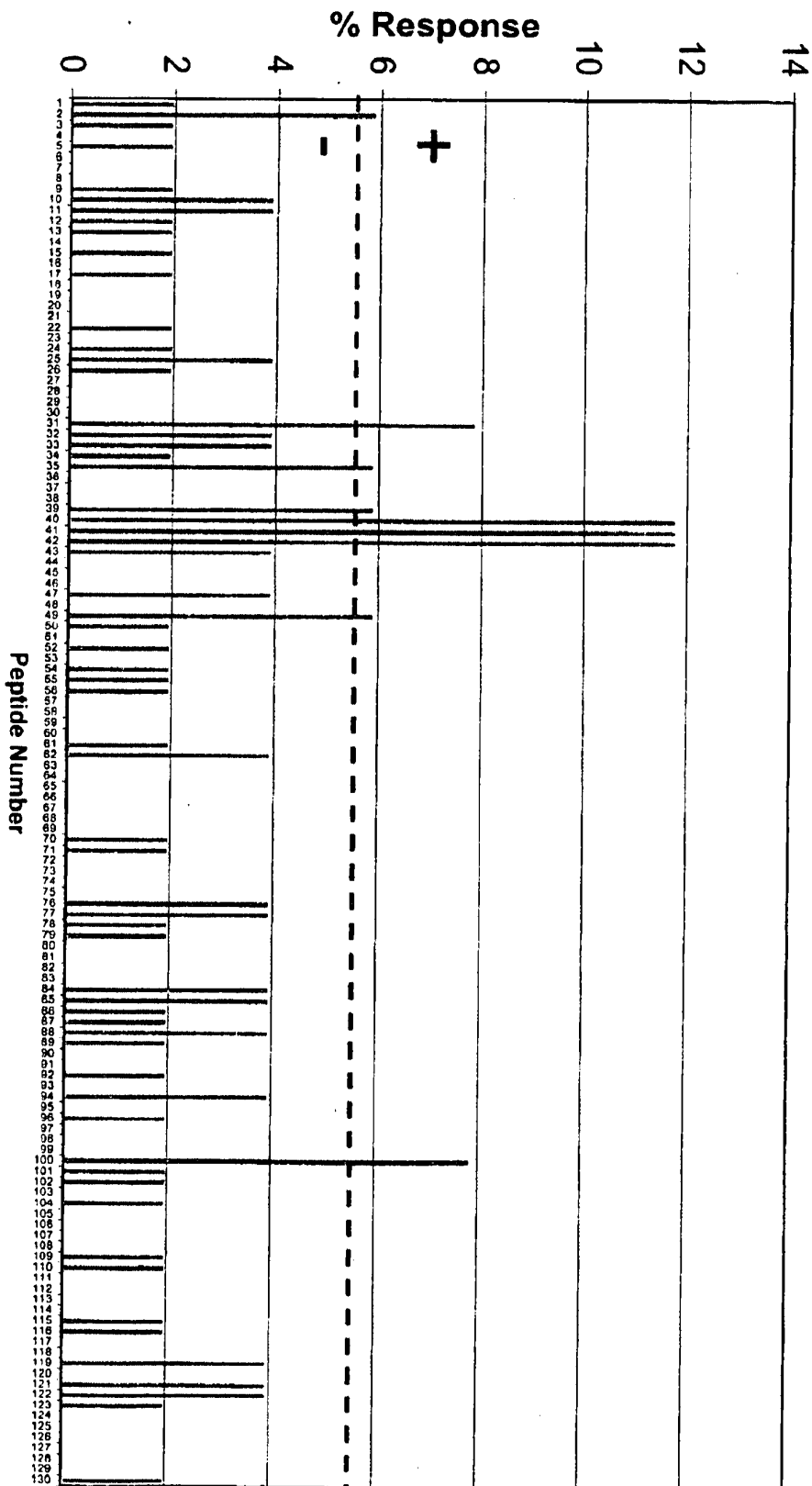


FIGURE 2

FIGURE 3

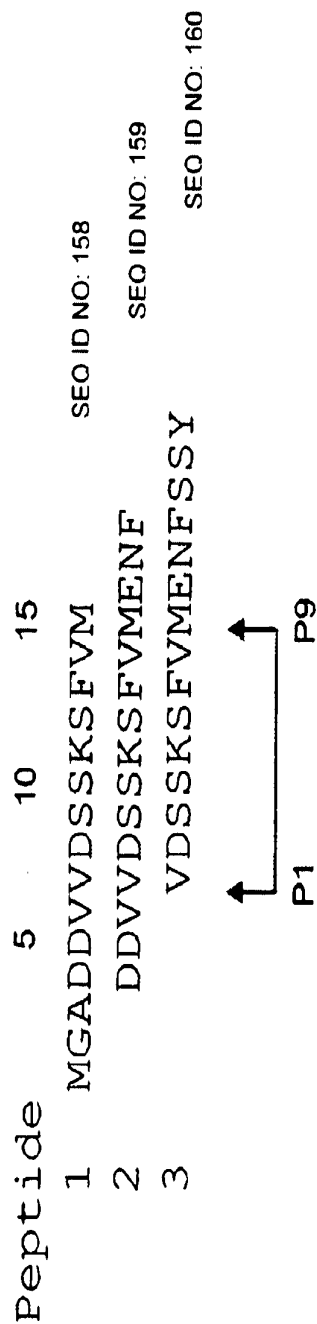


FIGURE 4

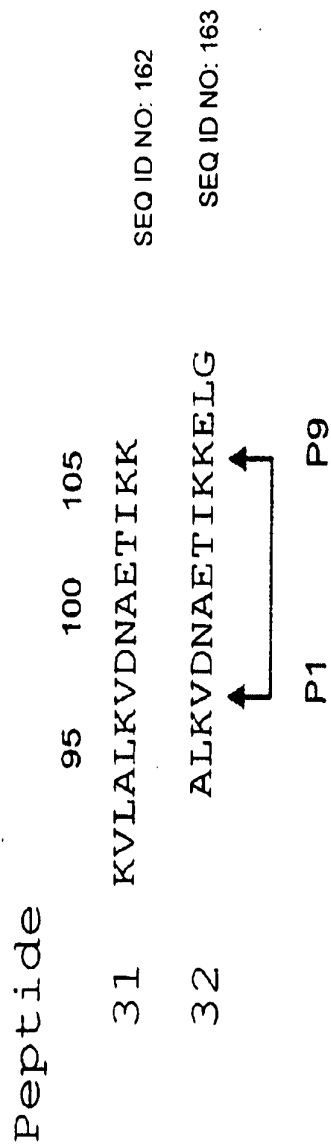


FIGURE 5

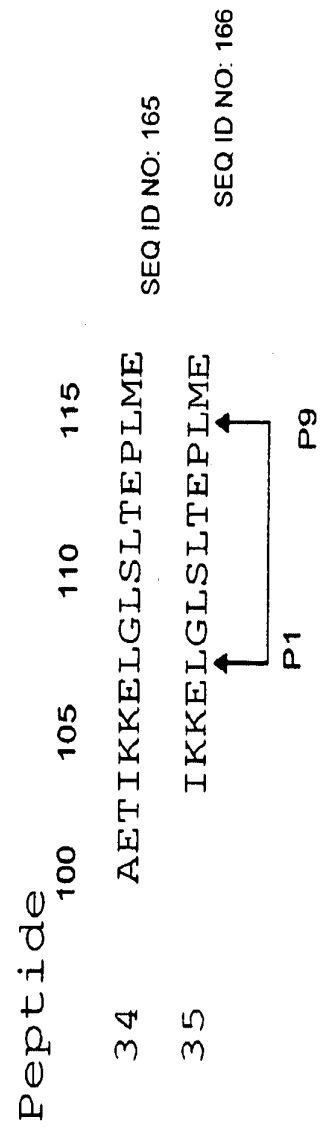


FIGURE 6

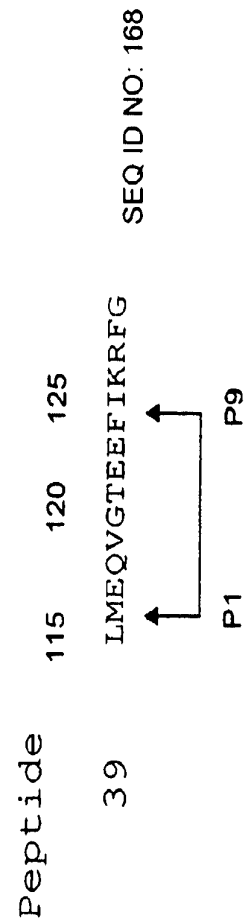


FIGURE 7

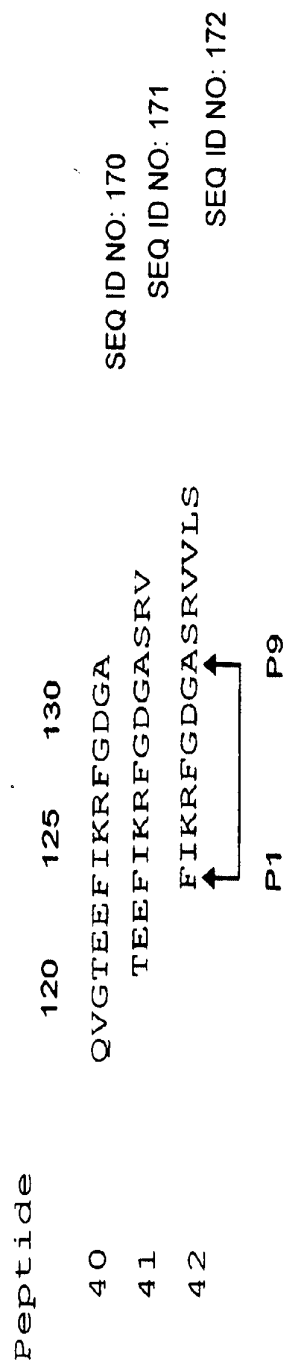


FIGURE 8

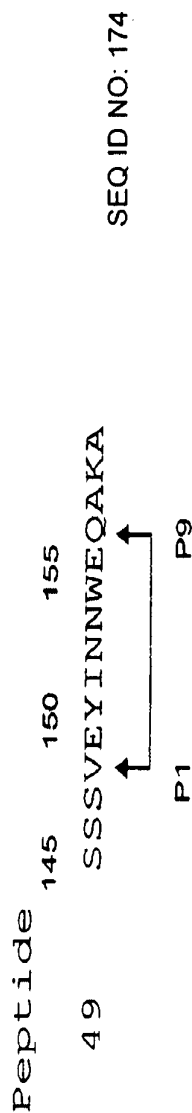
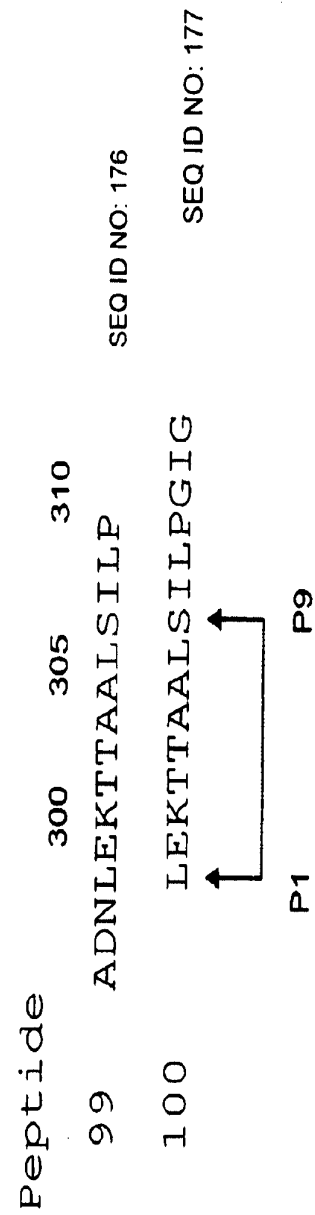


FIGURE 9



DTI-389	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45					
	Donor 36																																																	
	Donor 30*, 36, 47																																																	
	M	G	A	D	D	V	V	D	S	S	K	S	F	V	M	E	N	F	S	S	Y	H	G	T	K	P	G	Y	V	D	S	I	Q	K	I	Q	K	P	K	S	G	T	Q	G						
DTI-389	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	71	72	73	74	75	76	77	78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88	89	90					
	N	Y	D	D	D	V	K	G	F	Y	S	T	D	N	K	Y	D	A	A	G	Y	S	V	D	N	E	N	P	L	S	G	K	A	G	G	V	K	V	T	Y	P	G	L	T						
DTI-389	91	92	93	94	95	96	97	98	99	100	101	102	103	104	105	106	107	108	109	110	111	112	113	114	115	116	117	118	119	120	121	122	123	124	125	126	127	128	129	130	131	132	133	134	135	136	137	138	139	140
	Donor 23*																																																	
	Donors 12, 23, 30, 36																																																	
	Donors 35*, 36, 40*, 46*, 49, 50																																																	
	Donors 15, 36, 46*, 47, 49, 50																																																	
	Donors 5, 15, 50*																																																	
	Donors 1, 2, 35																																																	
	K	V	L	A	L	K	V	D	N	A	E	T	I	K	K	E	L	G	L	S	L	T	E	P	L	M	E	Q	V	G	T	E	E	F	I	K	R	F	G	D	G	A	S	R	V	L	S	L	P	
DTI-389	141	142	143	144	145	146	147	148	149	150	151	152	153	154	155	156	157	158	159	160	161	162	163	164	165	166	167	168	169	170	171	172	173	174	175	176	177	178	179	180	181	182	183	184	185	186	187	188	189	190
	Donors 30, 39, 49																																																	
	F	A	E	G	S	S	S	V	E	Y	I	N	N	V	E	Q	A	K	A	L	S	V	E	L	E	I	N	F	E	T	R	G	K	R	G	Q	D	A	M	Y	E	M	A	Q	A	C	A	G	N	

[illegible]

FIGURE 11

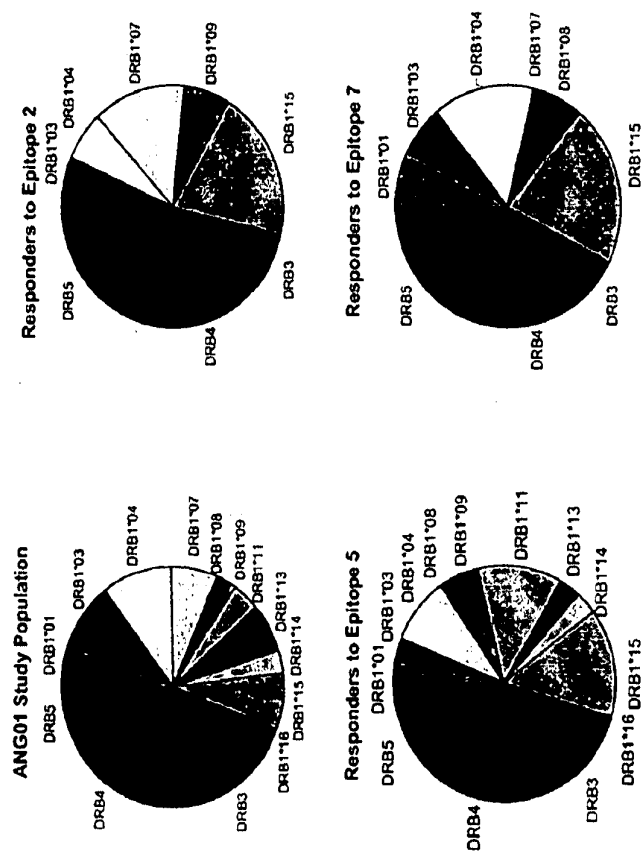


FIGURE 12

PEPTIDE	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	14	15	16	17	18	19	21
1	1.27	1.14	1.31	0.66	1.06	1.21	0.70	1.75	0.67	0.94	0.87	0.95	0.88	0.97	1.77	0.78	1.01	0.75	1.10
2	0.99	1.34	1.34	0.71	1.07	1.42	0.70	1.66	0.72	0.98	0.96	1.05	1.35	1.45	1.38	0.84	1.37	1.29	1.24
3	0.96	1.48	1.18	0.74	0.99	1.10	0.69	1.37	0.83	0.95	0.89	1.00	0.83	1.02	1.59	0.68	1.03	1.22	1.05
4	1.49	0.53	1.15	0.67	0.73	1.29	0.78	1.80	0.83	0.90	0.81	0.75	0.74	1.03	1.26	0.74	1.38	1.49	1.08
5	2.39	0.97	0.95	0.69	1.01	1.20	0.72	1.76	0.82	0.88	0.88	1.00	0.53	0.80	1.34	0.77	0.75	1.55	0.96
6	0.94	0.89	1.10	0.69	0.94	1.15	0.83	1.40	0.92	0.73	0.84	0.87	0.70	0.78	1.26	0.79	0.81	1.45	1.13
7	0.95	1.09	1.03	0.72	1.01	1.18	0.71	1.49	0.90	0.69	0.84	0.96	0.65	1.09	1.29	0.89	1.00	1.42	0.94
8	0.88	1.07	1.13	0.94	1.06	0.90	0.72	1.38	0.97	0.88	0.80	1.07	0.94	1.36	1.29	0.91	1.02	1.19	0.99
9	1.21	1.48	1.18	0.67	1.35	1.25	0.63	1.40	0.80	0.86	0.95	0.86	1.14	1.55	1.60	0.73	1.25	1.10	1.23
10	0.72	1.58	1.24	0.87	1.05	1.29	0.76	1.47	1.00	0.96	0.95	1.05	1.03	1.16	1.42	0.95	1.43	1.18	1.16
11	0.88	1.70	1.21	0.76	1.12	1.23	0.91	1.49	0.94	0.86	1.10	1.22	1.11	1.28	1.55	1.03	1.27	1.11	1.22
12	0.79	0.60	1.13	0.72	0.80	1.07	0.82	1.42	0.81	0.89	0.96	1.01	0.93	0.65	1.28	0.94	1.28	1.16	0.92
13	0.96	1.18	1.10	0.89	1.26	1.18	0.96	1.59	0.89	0.78	1.00	1.17	0.74	1.18	1.23	0.97	1.12	1.11	0.96
14	0.84	1.37	1.12	0.82	1.06	0.93	0.87	1.22	1.02	0.90	0.88	1.02	1.00	0.73	1.31	1.10	1.00	1.07	1.09
15	0.90	1.31	0.97	0.90	1.04	0.96	1.05	1.20	0.92	0.78	0.96	0.92	0.88	1.25	1.04	0.98	1.14	1.38	0.88
16	1.07	0.97	1.15	1.06	0.67	1.32	0.69	1.22	0.95	1.25	1.40	1.23	1.05	1.09	1.14	1.17	0.85	1.00	1.37
17	0.92	1.04	1.15	0.92	0.68	1.12	0.73	1.27	1.63	1.09	1.26	1.45	0.99	1.96	1.33	1.19	0.81	1.30	1.41
18	0.74	1.07	1.07	1.15	0.55	1.27	0.83	1.50	1.05	1.05	1.26	1.37	0.96	1.40	0.97	1.19	0.86	1.41	1.49
19	1.09	0.93	1.16	1.15	0.66	1.42	0.80	1.17	1.00	1.13	1.31	1.17	0.64	1.02	0.98	1.10	0.80	1.46	1.31
20	1.06	1.48	1.14	1.07	0.69	1.35	0.83	1.28	1.03	0.85	1.23	1.46	0.97	1.62	0.78	1.11	0.89	1.26	1.32
21	1.03	1.11	0.98	0.93	0.70	1.43	0.85	1.49	1.21	0.91	1.39	1.22	0.54	1.25	0.98	0.98	0.86	1.14	1.61
22	0.92	1.52	1.17	1.40	0.70	1.89	0.89	1.30	1.07	1.06	1.40	0.95	0.79	1.00	0.71	1.02	0.84	1.32	1.51
23	0.92	1.25	1.20	1.06	0.67	1.29	1.04	1.24	1.03	0.97	1.18	1.00	1.15	1.22	0.91	0.96	0.86	1.06	1.12
24	1.43	1.57	1.09	1.00	0.71	0.84	0.64	1.14	1.07	1.03	1.10	1.16	1.49	1.29	1.04	1.13	0.98	1.53	1.45
25	1.16	1.39	1.09	1.01	0.61	0.98	0.90	1.13	1.05	1.04	1.07	1.66	1.08	1.46	1.32	1.19	1.25	1.80	2.09
26	1.14	1.46	1.11	1.10	0.58	1.02	0.95	1.41	0.97	1.17	0.96	1.60	1.21	1.69	1.16	1.11	1.24	1.83	1.57

FIGURE 12 CONTINUED

PEPTIDE	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36
1	1.27	1.23	0.89	1.05	1.02	0.82	1.24	0.95	1.64	1.72	0.85	0.93	0.83	1.17	1.79
2	1.02	1.19	0.91	1.20	1.18	0.77	1.12	0.89	2.24	1.59	1.12	0.91	0.87	1.64	2.17
3	0.94	1.24	0.88	0.95	1.11	0.74	0.97	0.76	1.39	1.35	0.94	0.98	0.89	1.49	1.91
4	1.05	1.22	0.99	0.97	0.91	0.71	1.02	0.89	1.14	1.16	1.33	0.95	0.83	1.47	1.78
5	1.07	1.28	0.88	0.93	1.05	0.92	1.20	0.74	1.24	1.17	1.12	1.23	0.76	1.68	1.58
6	1.02	1.27	0.97	0.84	0.89	0.69	0.90	0.77	0.84	1.06	1.01	1.12	0.92	1.46	1.39
7	0.96	1.41	0.83	1.03	0.96	0.93	1.18	0.92	1.21	0.82	1.17	1.26	1.00	1.34	1.32
8	1.00	1.21	0.86	0.96	1.04	0.82	1.03	1.01	1.53	0.99	1.09	1.30	1.22	1.20	0.93
9	1.23	1.11	0.80	1.44	1.10	0.77	1.31	0.70	1.38	1.55	0.88	0.97	1.00	1.03	1.85
10	1.21	0.98	1.13	1.10	1.19	0.85	1.40	0.76	1.04	1.90	1.22	0.94	1.08	1.47	2.06
11	1.23	0.90	1.12	1.10	1.09	0.85	1.33	0.76	1.25	1.73	1.54	0.96	0.87	1.61	1.99
12	1.11	1.05	1.08	0.91	1.01	0.70	1.03	0.64	1.34	1.59	1.13	0.77	0.83	1.62	1.33
13	1.00	1.03	0.94	0.85	0.99	0.87	1.14	0.79	0.97	1.28	1.02	0.88	0.98	1.44	1.22
14	0.97	1.01	0.92	0.74	0.87	0.85	0.81	0.71	0.75	1.28	1.04	1.21	1.07	1.51	1.08
15	1.04	1.09	0.92	0.93	0.91	0.90	1.08	0.76	0.93	1.17	1.04	1.09	1.18	1.18	1.17
16	0.81	1.26	0.62	1.35	1.11	1.22	1.22	0.95	1.61	0.74	0.71	1.22	0.68	1.37	1.63
17	0.90	1.41	0.44	1.41	1.19	1.19	1.19	0.96	1.71	0.71	0.81	1.02	0.84	1.58	1.79
18	0.84	1.53	0.78	1.52	1.21	1.21	1.21	0.91	1.43	0.67	0.88	1.07	0.83	1.59	1.59
19	0.78	1.54	0.76	1.43	1.01	0.98	0.98	0.91	1.35	0.81	0.83	0.93	0.74	1.48	1.75
20	0.89	1.44	0.66	1.43	1.10	1.23	1.23	1.05	1.26	0.77	0.89	1.00	0.78	1.62	1.15
21	0.80	1.69	0.91	1.05	1.04	1.00	1.00	0.74	0.94	0.66	0.92	1.05	0.86	1.29	1.53
22	0.92	1.58	0.85	1.10	1.06	1.05	1.05	1.02	0.95	0.58	0.88	0.86	0.86	1.46	1.42
23	0.94	1.54	0.59	1.35	1.04	0.95	0.95	1.11	1.19	0.93	0.88	0.94	0.96	0.88	0.99
24	0.96	1.09	0.91	1.06	1.10	1.11	1.11	0.94	1.27	0.86	1.03	1.08	0.71	1.09	1.93
25	0.92	1.07	0.97	0.92	1.34	1.15	1.15	0.93	0.98	0.77	0.96	1.10	0.81	1.56	1.88
26	0.91	1.26	1.07	0.93	1.28	1.13	1.13	1.03	1.43	0.82	1.06	1.04	0.82	2.08	1.50

FIGURE 12 CONTINUED

PEPTIDE	37	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54
1	0.86	0.70	1.11	0.82	1.90	1.13	0.69	0.84	1.17	1.39	1.54	0.69	1.20	1.33	1.02	1.04	1.24
2	0.96	0.53	1.03	1.13	1.66	1.09	0.99	1.10	1.28	2.55	1.03	0.85	1.26	1.23	1.02	1.20	1.43
3	0.86	0.56	1.21	1.19	1.47	1.14	0.92	0.85	1.20	1.39	1.04	0.90	1.38	1.28	1.02	1.00	1.27
4	1.07	0.56	1.02	1.17	1.41	1.02	0.86	0.97	1.29	1.58	0.81	1.25	1.03	1.23	1.05	1.17	1.28
5	0.93	0.92	1.07	1.04	1.21	1.16	0.89	1.18	1.28	1.45	0.82	1.01	1.28	1.17	1.04	1.01	1.34
6	1.00	0.62	1.30	1.13	1.19	1.19	0.77	1.09	1.18	1.57	0.76	0.50	0.93	0.82	1.09	0.90	1.21
7	0.92	0.55	1.18	1.02	1.19	1.12	0.94	1.02	1.33	1.40	0.84	0.74	0.87	0.80	1.33	1.00	1.06
8	0.99	0.74	1.50	0.97	1.12	1.13	1.00	1.06	1.13	1.50	1.15	1.19	1.13	0.68	1.08	1.15	0.83
9	0.75	1.27	0.80	0.69	1.43	1.11	0.99	0.87	1.25	2.20	1.36	1.08	1.33	1.05	0.76	1.14	1.16
10	0.96	0.75	1.23	1.34	1.57	0.99	0.99	1.00	1.87	3.65	0.97	0.85	1.50	1.16	0.74	1.17	1.32
11	1.02	0.94	1.31	1.13	1.44	1.17	1.01	0.96	1.72	2.69	1.28	0.98	1.31	1.15	0.79	1.26	1.43
12	0.97	0.66	1.04	1.22	1.19	1.16	1.15	0.93	1.46	4.03	1.25	0.94	1.09	1.10	0.89	0.96	1.33
13	0.96	0.96	1.03	1.07	1.11	1.53	1.11	1.00	1.24	2.10	0.64	0.57	1.08	1.00	1.03	0.83	1.20
14	1.17	0.77	1.12	1.17	1.06	1.59	1.04	1.08	1.40	2.05	0.71	0.77	1.02	1.17	1.09	0.93	1.27
15	1.07	0.86	0.93	1.43	1.00	1.38	0.95	1.17	1.11	1.95	0.89	0.89	0.97	1.15	1.02	0.91	1.12
16	1.24	0.83	0.99	0.59	1.49	1.17	1.41	0.79	1.18	1.11	1.31	0.89	1.59	1.44	1.25	0.97	1.08
17	1.12	0.59	1.39	1.11	1.49	1.04	1.20	0.80	1.32	1.42	0.82	1.06	1.72	1.37	1.23	1.04	1.13
18	1.18	0.90	0.91	1.14	1.33	1.17	1.61	0.99	1.43	1.09	0.89	0.66	1.37	1.23	1.01	1.04	1.11
19	1.14	0.65	0.87	1.15	1.21	1.20	1.30	0.83	1.12	1.05	0.74	0.49	1.24	1.24	1.02	0.78	1.12
20	1.48	0.64	0.94	1.00	1.22	1.26	1.23	1.01	1.33	1.59	0.93	0.69	1.24	1.31	1.10	1.00	1.13
21	1.50	0.58	1.16	0.96	1.14	1.07	1.41	1.09	1.03	1.11	0.87	0.56	1.16	1.14	0.97	0.84	1.00
22	1.07	0.80	1.01	0.95	1.07	1.15	1.45	0.99	0.89	0.96	0.79	0.60	1.00	1.10	1.04	0.97	1.09
23	1.07	0.47	1.25	0.87	1.24	1.25	1.40	1.08	0.80	1.00	0.81	0.50	1.62	0.91	0.80	1.03	1.00
24	0.68	1.11	0.76	0.69	1.71	1.10	1.24	0.87	1.17	1.09	1.37	1.63	1.47	1.25	1.01	1.09	1.16
25	0.92	1.17	0.79	1.16	1.36	1.14	1.40	0.93	1.63	1.50	0.78	1.33	1.54	1.20	1.32	1.17	1.30
26	1.02	1.00	1.07	1.06	1.32	1.18	1.59	0.90	1.64	1.25	1.10	0.79	1.27	1.30	1.03	1.21	1.32

FIGURE 12 CONTINUED

PEPTIDE	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	14	15	16	17	18
27	1.01	1.16	0.97	0.80	0.67	1.02	0.88	1.23	0.92	1.01	1.17	1.33	0.96	1.07	1.31	1.01	1.04
28	1.20	1.19	0.90	0.99	0.63	1.06	0.83	1.20	1.00	0.89	1.02	1.20	1.00	1.09	1.27	1.01	1.18
29	1.53	1.23	0.85	1.00	0.67	1.16	0.81	1.13	0.98	0.94	1.03	1.22	0.54	1.31	1.06	0.94	1.13
30	1.49	1.25	0.91	1.05	0.82	1.25	0.72	1.07	1.03	0.93	1.02	0.98	1.01	1.17	0.94	1.04	0.91
31	1.14	0.81	0.67	0.80	1.45	0.71	0.79	1.13	0.90	0.83	0.93	2.12	1.01	1.12	1.17	1.15	1.10
32	0.99	0.65	0.72	0.84	1.55	0.88	0.96	1.12	1.01	0.89	1.06	1.54	0.81	1.77	1.18	1.29	1.11
33	1.77	0.65	0.59	0.81	1.43	0.99	1.03	1.11	0.93	0.77	1.07	1.56	0.82	1.49	1.04	1.28	1.13
34	1.77	0.76	0.72	0.81	0.85	0.98	0.86	1.02	0.91	0.67	1.19	1.41	0.67	1.17	1.20	1.17	1.11
35	4.35	2.86	0.64	0.74	1.40	1.20	1.00	1.55	1.04	0.75	1.16	1.05	0.73	1.75	0.70	1.14	1.14
36	0.89	0.65	0.73	0.83	0.88	1.00	0.83	0.93	0.85	0.79	1.10	0.97	0.64	1.76	0.87	1.22	0.97
37	0.84	0.75	0.82	0.92	1.30	1.01	0.85	0.90	1.13	0.94	1.21	0.78	0.68	1.44	0.92	1.16	1.03
38	0.99	0.95	1.03	0.95	1.35	0.89	1.02	0.85	0.89	1.02	1.08	0.91	0.80	1.89	0.94	1.13	0.95
39	1.28	0.91	0.63	0.79	2.34	0.77	0.78	1.21	1.02	0.97	1.06	0.80	0.66	2.27	1.13	1.26	1.31
40	1.13	0.82	0.60	0.74	1.45	0.87	0.87	1.41	1.12	0.85	0.96	1.42	1.09	2.07	0.99	1.37	1.35
41	0.95	1.20	0.75	0.80	1.84	1.02	0.92	1.63	0.98	0.81	0.93	1.22	1.01	1.55	1.18	1.39	1.20
42	0.71	0.94	0.75	0.86	1.11	0.89	0.98	1.31	1.06	0.93	0.89	1.10	0.93	1.40	1.17	1.20	1.13
43	0.92	1.26	0.65	0.56	1.32	1.02	0.97	1.21	1.11	0.82	1.03	1.14	0.86	1.45	0.85	1.22	1.06
44	0.79	0.93	0.75	1.84	1.06	1.02	1.12	1.25	1.14	0.87	1.09	0.95	0.83	1.32	1.32	1.28	1.11
45	0.95	1.02	0.75	1.01	1.17	0.97	0.86	1.11	1.16	0.98	0.92	0.83	0.70	1.19	1.27	1.22	1.03
46	1.24	0.78	1.05	1.15	1.06	0.52	0.66	1.22	0.61	0.83	0.72	1.00	0.65	1.69	0.93	0.84	1.71
47	1.35	1.00	1.02	0.90	0.89	0.60	0.68	1.49	0.70	0.80	0.77	1.54	0.58	1.62	0.94	0.89	1.21
48	1.19	0.95	0.84	1.13	1.05	0.69	0.75	1.29	0.94	0.84	0.89	1.25	0.82	1.46	0.72	0.93	1.37
49	1.03	1.02	0.91	1.31	0.82	0.78	0.69	1.23	0.88	0.78	0.82	1.31	0.47	1.02	0.85	0.89	1.07
50	1.03	1.19	0.89	0.98	0.88	0.68	0.88	1.61	0.87	0.82	0.92	1.29	0.62	1.84	0.86	0.93	1.32
51	0.99	0.94	0.92	1.04	0.95	0.75	0.66	1.19	0.89	0.67	0.80	1.28	0.60	1.31	0.91	0.83	1.16
52	1.07	1.14	0.79	1.13	0.98	0.80	0.80	1.19	0.66	0.63	0.58	1.14	0.81	0.81	0.68	0.78	1.36

FIGURE 12 CONTINUED

PEPTIDE	19	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36
27	1.57	1.34	0.89	0.95	0.86	0.81	1.15	1.07	1.07	0.83	1.12	0.79	0.99	1.00	0.86	1.73	1.47
28	1.57	1.30	1.05	1.05	0.84	0.80	1.14	1.14	1.14	0.94	0.91	0.95	0.98	0.99	0.83	1.42	1.37
29	1.88	1.22	1.03	1.06	0.82	0.79	1.02	0.91	0.91	0.94	1.24	0.77	0.97	1.19	0.87	1.58	1.63
30	1.59	1.27	1.10	0.92	0.79	0.87	1.11	1.05	1.05	0.97	1.04	0.68	0.96	1.07	0.92	1.26	1.47
31	1.18	1.18	0.83	0.91	0.91	1.15	0.96	0.68	0.64	1.09	1.80	1.54	1.02	1.03	0.73	1.47	2.07
32	1.32	1.09	0.84	1.69	0.63	1.30	1.04	0.76	0.77	0.90	1.76	1.10	1.23	0.97	0.69	1.74	1.87
33	1.18	0.85	0.85	1.60	0.68	0.97	0.83	0.73	0.71	0.85	1.47	0.94	1.13	1.05	0.68	1.69	1.97
34	1.22	0.96	0.80	1.65	0.47	0.99	0.77	0.67	0.60	1.05	1.42	1.03	1.15	0.77	0.71	1.83	1.81
35	1.30	1.05	0.97	1.41	0.51	0.92	0.85	0.77	0.90	1.01	1.24	0.87	0.99	0.64	0.99	2.15	1.29
36	1.25	1.22	0.87	1.42	0.85	0.73	0.77	0.68	0.68	0.84	1.22	0.93	1.09	0.80	1.01	1.64	1.29
37	1.12	0.86	1.00	1.14	0.70	1.00	0.77	0.93	0.85	0.90	1.23	0.83	1.14	0.78	0.85	1.38	1.42
38	1.05	1.11	1.00	1.17	0.70	0.96	0.88	0.84	0.84	0.92	1.04	0.90	1.07	0.83	1.04	1.32	0.96
39	1.22	1.01	0.84	1.30	0.79	0.84	1.13	0.70	0.70	0.96	1.44	1.16	1.11	0.89	0.69	1.37	2.00
40	1.45	1.10	0.93	1.32	0.77	1.08	1.32	0.86	0.97	0.94	1.48	1.03	1.38	0.96	0.68	1.68	2.47
41	1.33	1.31	0.96	1.16	0.87	1.14	1.12	0.97	0.83	0.98	1.30	1.00	1.29	1.07	0.88	2.03	2.27
42	1.33	0.99	0.81	1.12	0.66	1.00	1.09	0.83	0.84	0.95	1.01	0.91	1.50	0.95	1.00	2.13	2.61
43	1.57	0.94	0.93	1.00	0.75	1.01	1.11	0.94	0.96	1.05	0.97	0.81	1.14	0.84	0.93	1.68	1.74
44	0.87	1.10	1.00	1.01	1.01	0.90	0.99	0.94	0.63	0.90	0.95	1.06	1.38	0.98	0.88	1.66	1.76
45	0.91	0.84	0.98	1.12	0.98	1.17	0.99	1.06	1.02	0.85	0.87	1.04	1.25	0.94	1.01	1.46	1.79
46	0.81	0.66	1.40	1.29	0.79	1.02	1.38	1.14	1.39	0.71	1.79	1.28	0.84	1.22	0.81	1.42	0.68
47	0.84	0.79	1.35	1.54	0.77	0.94	1.45	1.01	1.44	0.79	2.14	1.00	1.23	1.30	0.90	1.54	0.77
48	0.88	0.76	1.23	1.40	0.92	1.00	1.54	0.95	1.38	0.66	2.01	0.94	1.19	1.21	0.85	1.48	0.82
49	0.80	1.14	1.15	1.18	0.82	0.85	1.31	0.84	1.12	0.77	2.27	0.97	1.25	0.97	0.93	1.36	0.64
50	1.07	0.81	1.18	1.96	0.86	0.97	1.57	1.14	1.40	0.81	1.50	0.91	1.47	1.18	0.94	1.47	0.79
51	1.16	0.73	1.05	1.63	0.83	0.78	1.01	0.82	1.06	0.66	0.99	0.86	1.23	0.92	0.84	1.10	1.21
52	0.83	0.67	0.87	1.38	0.66	0.64	0.93	0.73	1.02	0.93	1.50	0.89	1.08	0.98	0.96	1.30	1.21

FIGURE 12 CONTINUED

PEPTIDE	37	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54
27	0.89	0.86	0.83	1.17	1.05	1.29	1.19	0.82	1.63	1.16	0.96	1.12	1.17	1.20	0.94	1.02	1.25
28	0.96	1.00	1.05	1.03	0.89	1.22	1.35	1.02	1.17	1.36	0.92	1.05	1.17	1.08	1.26	1.08	1.12
29	1.11	0.73	1.00	0.95	0.87	1.41	1.34	1.13	1.19	1.13	0.72	0.75	1.17	1.17	1.12	1.08	1.24
30	0.98	0.74	1.01	0.99	1.06	1.39	1.59	1.13	0.99	1.11	0.94	1.03	1.19	1.09	1.05	1.00	1.12
31	1.63	0.41	0.90	1.22	1.01	1.14	1.11	0.92	1.62	1.36	1.66	0.96	1.70	0.88	1.46	1.45	0.82
32	1.55	0.36	1.00	1.13	0.94	1.28	1.15	1.01	1.66	1.77	0.92	1.11	1.96	0.91	1.52	1.72	0.93
33	1.32	0.34	1.02	1.16	0.92	1.27	1.77	0.88	1.98	1.51	0.93	1.63	1.54	0.86	1.32	1.46	0.87
34	1.25	0.29	1.43	1.07	0.87	1.22	1.34	0.82	1.53	1.95	0.88	0.79	1.54	0.85	1.29	1.40	0.83
35	1.15	0.24	1.02	1.04	1.03	1.52	1.03	0.74	1.37	1.19	0.81	1.05	1.55	1.08	1.34	1.20	0.95
36	1.07	0.18	1.25	0.90	0.90	1.37	1.14	0.87	1.32	1.30	0.82	1.53	1.27	0.89	1.36	1.14	0.90
37	1.09	0.32	1.28	1.00	1.04	1.31	1.36	0.91	1.07	1.21	0.98	1.01	1.34	0.87	1.04	1.14	0.89
38	1.10	0.36	1.83	1.21	1.00	1.29	1.12	0.84	0.99	0.82	1.34	1.75	1.27	0.86	0.81	0.99	0.93
39	1.04	0.49	1.54	1.25	0.92	1.18	1.14	1.01	1.86	1.35	1.37	1.29	1.96	0.88	1.42	1.53	0.67
40	1.34	0.77	1.66	1.36	0.93	1.20	1.24	1.08	1.96	2.26	1.22	1.92	2.13	0.96	1.33	1.45	0.95
41	1.33	0.63	1.99	1.41	0.83	1.26	1.16	1.03	1.83	1.56	1.01	2.55	2.10	1.07	1.31	1.87	0.96
42	1.20	0.59	2.41	1.19	0.89	1.25	1.07	1.02	1.45	4.51	1.07	3.66	2.02	0.97	1.17	1.81	0.87
43	1.00	0.57	1.69	1.22	0.83	1.35	1.05	1.04	1.62	1.37	0.99	3.41	1.54	0.90	1.19	0.98	1.00
44	1.11	0.64	1.01	1.34	0.99	1.49	1.40	0.89	1.34	1.44	0.94	1.23	1.54	1.06	1.22	1.00	1.09
45	1.14	0.94	1.32	1.21	0.91	1.41	1.19	0.91	1.11	0.99	1.02	0.96	1.29	1.04	1.13	1.00	0.99
46	1.14	0.34	0.66	1.18	1.42	1.09	1.38	1.27	1.65	0.61	1.37	0.81	1.05	0.94	0.80	0.90	1.07
47	1.31	0.36	0.76	1.25	1.59	1.14	1.68	1.23	1.90	0.88	0.87	0.93	1.33	0.98	1.09	0.81	1.15
48	1.17	0.28	0.89	1.15	1.47	1.19	1.31	1.21	1.65	1.01	0.81	1.59	1.15	1.01	0.91	0.85	1.02
49	1.32	2.12	1.03	1.31	1.37	1.12	1.64	1.20	1.46	0.75	0.80	3.01	0.98	1.05	1.02	0.93	1.23
50	1.30	0.41	0.77	1.01	1.31	1.14	1.40	1.26	1.75	0.80	1.07	1.33	1.11	1.25	1.17	0.91	1.06
51	1.06	0.40	0.67	1.03	1.02	1.16	1.09	1.10	1.26	0.94	0.70	1.09	0.93	0.95	0.82	0.85	1.12
52	0.99	0.36	0.95	1.01	1.16	1.23	1.95	1.22	1.42	1.57	0.85	1.68	1.28	0.86	0.90	1.16	0.86

FIGURE 12 CONTINUED

PEPTIDE	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	14	15	16	17	18
53	1.17	1.33	0.90	1.08	0.84	0.67	0.88	1.30	0.83	0.80	0.75	1.04	0.73	0.95	0.67	0.91	1.11
54	1.16	0.98	0.40	1.23	0.87	0.62	0.70	1.57	1.02	1.11	0.77	0.71	1.41	1.84	0.88	1.15	1.58
55	1.36	1.13	1.01	0.96	1.03	0.65	0.82	1.54	1.03	1.09	0.96	1.20	0.71	1.77	0.93	1.13	1.30
56	1.13	1.25	1.11	1.21	0.96	0.68	0.86	1.53	1.01	1.07	1.13	1.57	0.75	1.61	0.77	1.19	1.32
57	0.81	1.30	0.97	1.39	1.00	0.63	0.81	1.35	1.18	0.94	1.05	1.23	0.73	1.54	0.89	1.22	1.32
58	1.08	1.40	0.89	0.83	1.06	0.74	0.86	1.19	1.01	0.87	0.96	1.00	0.75	1.39	1.02	1.01	1.25
59	0.93	1.38	1.02	1.08	1.03	0.83	0.89	1.06	0.92	0.96	1.07	1.17	0.83	1.45	0.80	1.04	1.18
60	1.03	1.77	0.97	1.20	0.94	0.90	0.99	1.19	1.06	1.03	0.87	1.21	0.80	0.97	0.83	1.06	1.18
61	1.78	0.86	0.70	1.16	1.16	1.15	0.88	1.31	0.65	1.09	1.14	0.89	1.26	0.91	1.48	1.26	1.26
62	1.58	0.91	0.80	1.16	1.06	1.17	0.92	1.63	0.77	1.01	1.00	0.77	1.22	1.09	1.23	1.22	1.18
63	1.18	0.71	0.74	1.17	1.56	1.27	0.81	1.75	0.72	1.00	1.45	0.83	0.95	1.08	1.32	1.22	1.03
64	1.06	0.82	0.81	0.91	1.10	1.20	0.84	1.41	0.71	0.90	1.13	0.70	1.12	1.06	1.28	1.24	1.00
65	1.00	0.73	0.82	0.82	1.11	1.20	0.90	1.53	0.76	0.92	1.15	0.78	0.94	1.10	0.98	1.39	1.02
66	0.91	0.70	0.88	0.87	0.91	1.04	0.98	1.26	0.64	0.90	1.11	0.80	0.73	0.73	0.70	1.10	0.98
67	0.98	0.86	0.86	0.98	1.07	0.95	1.06	1.11	0.80	0.86	1.12	1.70	0.89	1.08	1.12	1.08	0.95
68	1.06	0.78	0.90	1.13	1.04	0.99	1.06	1.29	0.73	0.89	1.38	1.70	1.41	0.92	1.21	1.28	1.00
69	1.39	0.96	0.76	1.16	0.87	1.48	1.02	1.38	0.72	1.21	0.92	0.77	1.33	1.43	1.52	1.30	1.18
70	1.35	0.99	0.90	1.03	0.87	1.14	1.03	2.04	0.92	1.18	0.92	0.91	1.79	1.35	1.56	1.39	1.13
71	1.29	0.71	0.86	0.92	0.88	1.12	1.07	1.64	0.95	1.04	1.08	0.92	1.07	0.96	1.68	1.27	1.22
72	1.09	0.66	0.96	0.70	0.79	0.95	0.97	1.33	0.85	0.96	1.25	0.81	1.51	0.85	1.06	1.27	1.06
73	0.93	0.75	1.02	0.65	0.73	0.86	1.00	1.05	1.08	0.88	1.08	0.81	0.95	0.82	0.94	1.24	1.06
74	0.78	0.93	0.90	0.75	0.92	0.85	1.05	1.35	0.67	0.78	0.98	0.85	1.25	1.14	1.09	1.05	1.27
75	0.84	0.77	0.82	0.89	0.84	1.01	1.10	1.23	0.94	0.83	1.10	0.95	0.81	1.35	1.19	1.20	1.07
76	1.34	0.89	0.81	0.92	1.39	1.31	0.96	1.17	0.83	0.86	1.04	1.10	1.07	1.07	1.10	1.23	1.27
77	0.93	1.08	0.84	0.90	1.10	1.39	1.00	1.36	0.80	0.87	1.17	1.49	1.04	1.13	1.13	1.40	1.13
78	0.94	1.07	0.75	0.74	0.75	1.57	0.98	1.33	0.86	0.83	1.14	1.12	0.97	1.12	1.27	1.00	1.07

FIGURE 12 CONTINUED

PEPTIDE	19	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36
53	1.10	0.79	0.98	0.95	0.58	0.79	1.02	0.71	1.13	0.95	1.44	1.10	1.06	0.93	0.86	1.02	0.95
54	0.93	0.90	1.40	1.06	1.34	1.46	1.21	0.90	1.14	0.75	1.51	1.15	0.96	1.34	0.97	1.52	0.97
55	1.02	0.94	1.27	1.03	1.09	1.06	1.60	1.10	1.36	0.90	1.52	1.04	1.15	1.18	0.96	1.54	0.90
56	1.38	0.85	1.53	1.10	0.98	1.03	1.56	1.09	1.22	0.74	1.39	1.19	1.40	1.14	0.89	1.77	0.89
57	1.46	1.03	1.03	0.99	0.98	1.01	1.46	0.99	1.11	0.66	1.18	0.90	1.60	0.97	1.11	1.85	0.87
58	1.57	0.73	1.11	1.10	0.91	1.21	1.37	1.02	1.07	0.81	1.41	0.93	1.51	1.03	1.20	1.44	0.90
59	1.47	0.72	1.22	1.08	1.68	0.94	1.17	0.90	1.01	0.61	0.70	0.97	1.40	1.02	1.14	1.41	1.00
60	1.07	0.78	1.12	1.19	1.03	1.07	1.17	0.90	1.18	0.86	1.66	0.88	1.49	1.13	1.20	1.31	1.27
61	0.89	1.20	1.01	1.64	1.23	1.04	1.55	0.93	0.82	1.05	1.61	1.34	0.88	0.97	0.72	1.60	1.24
62	1.08	0.88	1.01	1.94	1.35	0.97	1.79	1.00	0.90	1.39	1.43	1.31	0.92	1.16	0.95	1.61	1.28
63	0.99	1.02	1.02	1.71	1.15	1.04	1.67	0.98	0.86	1.30	1.36	1.13	0.93	1.08	0.98	1.72	1.20
64	0.97	1.09	1.03	1.73	1.22	0.82	1.52	1.02	0.93	1.18	1.13	1.21	0.94	0.92	0.86	1.60	1.12
65	1.01	0.95	1.15	1.61	1.19	0.97	1.59	1.13	1.21	1.04	1.16	1.06	1.08	1.12	0.98	1.62	1.24
66	1.05	1.06	1.05	1.60	1.08	0.71	1.37	0.93	0.81	1.09	0.76	1.12	1.05	1.07	0.93	1.31	1.03
67	1.04	0.97	1.02	1.68	1.13	0.91	1.45	1.10	1.15	1.00	1.04	1.01	1.14	1.06	1.13	1.29	1.20
68	1.03	1.35	1.20	1.43	0.77	1.02	1.33	1.08	1.16	1.56	1.13	1.21	1.13	1.15	1.17	1.11	1.25
69	0.97	0.99	0.75	1.30	1.03	1.05	1.32	0.73	0.68	0.78	1.64	1.23	0.78	0.84	1.11	1.36	0.95
70	1.11	0.92	0.95	1.49	1.34	1.15	1.43	0.93	0.81	1.22	1.48	1.10	1.01	0.84	1.12	1.81	1.26
71	1.21	0.75	1.05	1.68	1.37	1.13	1.57	1.02	0.87	0.84	1.38	1.06	1.08	0.98	0.84	1.75	1.30
72	1.38	0.78	0.95	1.47	1.29	0.81	1.49	0.81	0.95	0.72	1.01	1.08	1.11	0.86	0.74	1.69	1.09
73	1.18	0.73	0.95	1.41	1.09	0.95	1.35	0.97	0.90	0.96	1.14	0.90	1.05	0.92	1.04	1.41	1.27
74	1.14	0.88	0.85	1.15	0.97	0.61	0.99	0.59	0.82	0.82	0.98	1.04	0.92	0.69	1.11	1.17	1.50
75	1.12	0.70	0.96	1.24	1.10	1.03	1.20	1.07	1.01	0.87	1.03	0.95	1.10	1.04	1.17	1.50	1.10
76	0.76	0.98	1.11	1.15	1.75	0.77	1.36	1.18	1.07	1.03	1.39	1.30	1.14	1.41	0.82	2.03	1.37
77	0.81	1.20	1.10	1.06	1.54	0.68	1.47	1.16	1.13	1.06	1.99	0.99	1.79	1.42	0.86	1.93	1.38
78	0.82	1.18	1.12	0.96	1.34	0.81	1.27	1.14	1.20	0.97	1.38	0.97	1.27	1.37	0.88	2.02	1.39

FIGURE 12 CONTINUED

PEPTIDE	37	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54
53	0.90	0.47	0.81	0.90	0.96	1.06	1.36	1.18	1.20	1.27	1.05	1.69	1.21	1.04	0.82	1.19	0.82
54	1.06	0.23	0.64	1.28	1.72	0.81	1.51	1.58	1.59	1.09	2.06	1.19	1.40	1.12	0.96	0.92	1.06
55	1.23	1.74	1.15	1.35	1.62	1.06	1.40	1.34	1.95	1.49	1.17	1.50	1.16	1.08	0.83	0.99	1.39
56	1.06	1.85	1.33	1.25	1.47	1.21	1.32	1.44	1.97	1.35	0.91	1.36	1.34	1.22	0.84	0.97	1.42
57	1.13	1.63	1.05	1.20	1.21	1.21	1.42	1.20	1.71	1.30	0.83	1.72	0.91	1.22	0.83	0.85	1.26
58	1.34	1.21	1.04	1.14	1.36	1.23	1.38	1.21	1.58	1.19	0.92	1.52	0.87	1.20	0.94	0.88	1.18
59	1.33	1.00	1.27	1.17	1.24	1.22	1.32	1.12	1.35	1.60	0.76	1.72	0.84	1.29	0.93	0.87	1.15
60	1.31	1.18	0.65	1.37	1.18	1.02	1.11	1.17	1.40	1.66	0.83	1.79	0.98	1.44	0.95	0.92	1.00
61	1.06	1.38	0.73	1.20	1.01	0.87	0.89	1.61	1.29	3.62	0.91	0.34	1.66	0.87	1.11	0.82	0.85
62	1.20	1.53	0.75	1.70	0.87	1.03	1.05	1.38	1.39	3.26	0.79	0.44	1.59	0.89	1.15	0.97	0.90
63	1.05	1.31	0.84	1.20	0.84	0.98	1.19	1.42	1.47	1.78	0.39	0.26	1.34	0.82	1.12	1.32	0.80
64	0.95	1.16	0.67	1.16	0.79	0.97	1.10	1.29	1.39	0.97	0.31	0.28	1.58	0.84	0.98	1.15	0.76
65	0.96	1.10	0.85	0.99	0.79	1.23	1.05	1.34	1.26	0.73	0.26	0.27	1.24	0.77	0.85	0.98	0.89
66	1.03	0.85	0.89	0.86	0.82	1.08	1.09	1.24	1.13	0.81	0.29	0.44	1.05	0.76	0.75	0.83	0.75
67	0.96	0.87	1.16	0.94	0.86	1.17	1.12	1.28	1.08	1.02	0.78	0.54	1.23	0.70	0.93	1.04	0.76
68	0.97	1.11	0.84	0.89	0.86	1.26	1.13	1.17	1.14	0.99	1.27	1.02	0.99	0.82	0.87	0.96	0.78
69	1.06	1.51	0.66	1.30	0.90	0.95	1.03	1.33	1.45	1.33	1.05	0.76	1.96	0.69	1.33	0.82	1.03
70	1.15	1.50	1.46	1.32	1.28	1.12	1.27	1.38	1.37	1.54	1.05	0.48	1.98	0.77	1.36	0.98	1.05
71	1.03	1.18	0.55	1.46	0.87	1.24	1.10	1.51	1.24	1.10	0.71	0.55	1.57	0.91	1.33	0.96	1.30
72	1.22	1.27	0.79	1.19	0.78	1.19	0.92	1.09	1.28	1.05	0.92	0.30	1.34	0.88	1.16	0.98	1.01
73	1.47	0.99	1.34	1.01	0.85	1.13	1.34	1.18	1.19	1.02	0.68	0.37	1.31	0.83	1.11	0.79	1.04
74	1.09	1.10	1.39	0.92	0.91	1.02	1.27	1.34	1.30	1.05	0.90	0.61	1.34	0.77	1.03	0.93	0.94
75	1.03	1.21	0.73	0.96	0.82	1.23	1.04	1.16	1.29	0.87	0.94	0.44	1.07	0.92	1.05	0.83	1.00
76	0.97	1.68	0.84	1.39	0.89	1.05	1.60	1.31	1.06	0.89	1.62	1.06	0.95	1.53	1.53	0.98	1.03
77	1.12	1.72	0.95	1.46	0.85	1.13	1.50	1.27	1.11	0.72	1.08	1.00	0.90	1.44	1.62	1.02	1.19
78	1.13	1.36	0.89	1.21	0.73	1.17	1.67	1.36	1.25	0.93	0.96	0.84	0.73	1.24	1.47	0.90	1.09

FIGURE 12 CONTINUED

PEPTIDE	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	14	15	16	17	18
79	0.98	0.89	0.76	0.88	1.36	1.28	0.94	1.11	0.79	0.80	1.31	1.28	1.17	0.88	0.89	1.10	1.07
80	0.93	0.94	0.86	0.83	0.60	1.24	0.87	1.31	0.85	0.85	1.29	1.22	1.05	0.71	1.19	1.05	0.98
81	0.87	0.93	0.70	0.80	0.85	1.18	0.97	1.05	0.94	0.83	1.05	1.17	0.93	1.02	1.14	1.11	1.08
82	0.95	1.08	0.80	0.71	0.69	0.92	0.97	1.08	0.95	0.87	1.05	1.03	0.83	0.84	1.17	1.20	1.01
83	0.90	1.34	0.84	0.87	0.88	1.01	0.93	1.11	0.85	1.08	1.18	1.07	0.98	1.12	1.12	1.05	1.03
84	1.27	0.88	0.83	0.99	1.17	1.24	0.96	1.01	0.79	1.01	0.94	1.27	1.06	1.58	1.02	1.40	1.18
85	0.78	0.86	0.72	0.94	1.03	1.28	0.89	1.17	0.78	0.90	0.99	1.19	1.50	1.97	1.58	1.29	1.32
86	0.90	0.95	0.81	0.86	0.89	1.34	1.47	1.16	0.83	0.85	1.12	1.23	0.94	1.59	1.47	1.10	1.59
87	0.95	0.73	0.71	0.75	1.17	1.11	1.16	1.09	0.76	0.91	0.97	1.38	1.06	1.20	1.19	1.36	1.28
88	0.87	0.88	0.86	0.82	0.69	1.03	1.19	0.88	0.83	0.76	1.19	1.37	0.84	1.00	2.19	1.16	1.20
89	0.87	0.93	0.71	0.89	0.96	1.10	1.15	1.07	0.87	0.90	1.11	1.18	1.02	1.04	1.50	1.24	1.49
90	1.14	0.99	0.82	0.84	1.44	1.16	1.15	1.37	0.79	0.77	0.86	1.58	1.00	0.94	1.73	1.19	1.13
91	1.39	0.97	0.90	0.72	1.66	0.91	1.41	0.75	0.85	1.10	0.86	0.81	0.59	1.49	1.66	0.94	0.79
92	1.04	1.69	0.83	0.76	1.57	1.47	1.45	1.15	0.95	1.22	0.80	1.35	0.83	1.61	1.05	0.94	0.94
93	1.09	1.81	0.93	0.73	1.42	1.51	1.33	1.18	1.09	0.84	0.79	1.15	0.77	1.16	1.13	1.00	0.96
94	0.94	0.93	1.01	0.83	1.28	2.00	1.27	1.05	0.87	1.08	0.86	1.02	0.78	1.20	0.86	0.94	0.86
95	1.02	0.94	0.95	0.92	1.11	0.98	1.19	0.94	0.97	1.01	1.00	1.10	0.68	1.02	0.85	1.06	0.99
96	0.86	3.67	0.90	0.88	1.28	1.11	1.08	0.96	0.95	0.91	0.96	0.92	0.61	0.87	1.14	1.02	0.95
97	0.99	1.43	0.95	1.05	1.19	0.96	1.01	1.03	0.92	0.93	1.00	0.97	0.85	1.21	0.84	1.07	1.05
98	0.90	0.80	1.02	1.01	1.23	1.06	1.10	1.37	0.92	1.01	1.09	1.02	0.95	1.00	1.02	1.04	1.07
99	1.26	1.19	0.90	0.62	1.35	0.99	1.21	0.79	0.75	1.27	0.94	1.07	0.70	1.65	1.49	0.96	0.87
100	2.30	1.11	0.83	0.76	1.15	0.98	1.47	0.88	1.04	1.44	1.09	1.32	0.90	1.90	1.10	1.12	0.89
101	1.31	1.16	1.02	0.79	1.38	0.91	1.52	1.11	1.20	1.30	1.17	1.69	0.85	1.26	1.22	1.14	1.00
102	1.12	0.53	0.79	0.62	0.61	0.78	1.27	0.95	0.90	1.04	1.06	1.01	0.86	1.63	0.73	0.99	0.82
103	0.93	0.90	0.81	0.93	1.10	0.76	1.07	1.15	0.98	0.96	1.27	1.19	0.70	1.20	0.79	1.13	0.99
104	1.08	0.83	0.75	0.91	1.17	1.07	1.17	1.08	0.95	0.90	1.04	1.01	0.85	1.13	1.29	1.19	0.99

FIGURE 12 CONTINUED

PEPTIDE	19	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36
79	0.91	1.06	1.06	1.03	1.02	0.77	1.21	1.02	1.06	0.86	1.35	0.92	1.48	1.14	0.91	1.84	1.34
80	0.82	0.97	0.98	0.99	0.94	0.87	1.30	1.07	1.37	0.95	1.37	0.92	1.68	1.19	1.22	1.67	1.09
81	0.83	1.08	0.98	0.92	1.14	0.72	1.03	0.85	1.04	1.12	1.70	0.93	1.19	1.03	0.88	1.55	1.07
82	1.11	0.84	0.81	0.82	1.05	1.03	1.20	0.85	1.50	0.99	0.72	1.00	1.16	1.04	0.81	1.49	1.13
83	0.83	0.78	0.91	1.27	0.77	1.02	1.12	0.94	1.17	1.03	0.78	1.03	1.00	0.99	1.29	1.26	1.17
84	0.69	1.19	1.07	0.92	1.64	0.85	1.45	0.99	1.01	0.83	1.47	1.20	1.15	1.31	1.41	2.12	0.98
85	0.82	1.12	0.98	1.01	1.68	0.75	1.66	1.14	1.08	1.11	1.76	1.32	1.63	1.31	0.85	2.11	1.33
86	0.87	0.76	1.01	0.97	1.38	0.85	1.43	1.06	1.08	0.87	1.58	1.23	1.57	1.29	0.92	2.27	1.45
87	0.98	0.77	1.10	0.94	1.42	0.75	1.47	0.98	1.00	0.80	1.23	1.02	1.59	1.20	1.26	2.25	1.28
88	1.07	1.02	0.91	0.88	1.34	0.84	1.29	0.98	1.17	1.01	1.59	1.12	1.53	1.03	0.97	1.99	1.57
89	0.90	0.79	0.94	0.80	1.31	0.64	1.24	0.88	0.81	0.92	1.02	1.12	1.67	1.14	1.19	1.81	1.46
90	0.80	1.14	1.03	0.66	1.38	0.75	1.18	0.97	1.16	1.06	0.95	1.07	1.34	1.05	1.15	1.42	1.33
91	0.97	0.93	1.00	1.73	1.05	0.76	0.90	0.89	0.92	1.22	1.21	1.68	1.59	0.84	0.93	1.50	1.06
92	1.11	1.03	0.84	1.57	1.20	0.62	0.82	1.18	1.00	1.17	1.48	1.47	1.70	0.87	0.99	2.61	1.10
93	1.66	0.87	0.89	1.67	1.10	0.77	0.89	0.98	0.89	0.89	1.54	1.36	1.70	0.70	0.93	1.87	0.97
94	1.09	1.21	0.87	2.81	1.09	0.61	0.91	0.99	0.92	1.06	1.32	1.33	1.46	0.81	0.94	1.99	1.18
95	1.32	1.25	0.94	1.77	1.00	0.74	1.15	1.05	1.04	1.15	1.34	1.09	1.77	0.94	1.19	1.82	1.11
96	1.14	1.09	0.93	1.35	0.81	0.64	0.92	0.82	0.84	0.75	0.90	1.03	1.88	0.90	1.09	1.56	1.16
97	1.20	1.37	1.00	1.20	0.69	0.73	1.07	0.85	1.02	0.92	1.20	1.02	1.36	1.02	1.10	1.29	1.23
98	1.35	1.23	1.09	1.11	0.91	0.90	1.08	0.74	0.91	1.37	1.12	1.30	1.33	1.08	1.20	1.11	1.25
99	0.97	0.92	0.84	1.22	1.72	0.70	0.95	1.12	0.79	1.21	1.65	1.48	1.55	0.85	0.88	1.43	1.13
100	1.33	0.89	0.95	1.44	1.34	0.83	1.00	1.13	0.82	1.07	2.94	1.29	1.82	0.96	0.82	2.08	1.72
101	0.94	0.99	0.98	1.31	1.45	0.86	1.09	1.37	0.81	0.98	5.71	1.24	2.11	1.02	0.87	1.84	1.68
102	1.13	0.94	0.79	1.35	1.19	0.76	0.97	1.05	0.76	0.77	1.03	1.18	2.07	0.98	0.98	1.85	1.21
103	1.26	1.27	1.21	1.21	1.21	0.82	1.11	1.23	0.94	0.85	1.00	1.16	1.76	1.05	0.92	1.53	1.09
104	1.10	1.10	0.97	1.17	1.16	0.81	1.24	0.83	0.75	0.82	1.17	1.04	1.93	1.11	0.95	1.32	1.37

FIGURE 12 CONTINUED

PEPTIDE	37	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54
79	1.14	1.33	1.05	1.08	0.69	1.20	1.47	1.54	1.01	0.79	0.75	0.67	0.72	1.12	1.56	0.93	0.92
80	1.22	1.37	0.96	1.07	0.88	1.12	1.58	1.23	1.12	0.93	0.70	0.82	0.82	1.11	1.40	0.98	1.13
81	1.21	1.16	1.18	1.22	0.75	1.11	1.53	1.24	0.93	0.88	0.65	1.55	0.64	1.46	1.64	0.84	1.08
82	1.17	1.10	1.13	0.92	0.75	1.31	1.21	1.08	0.91	1.05	0.54	1.18	0.76	1.03	1.33	0.95	1.05
83	1.16	1.12	1.28	1.08	0.89	1.28	1.20	1.08	1.25	0.81	0.74	1.12	0.90	0.93	1.06	0.85	1.07
84	0.79	1.48	0.82	1.16	0.99	1.06	1.23	1.41	1.06	1.14	1.91	1.31	0.89	1.43	1.58	1.09	1.22
85	0.92	1.86	0.92	1.27	0.83	1.04	1.72	1.16	1.32	1.19	1.32	1.40	0.83	1.41	1.19	1.18	1.22
86	1.07	1.83	1.01	1.23	0.81	1.11	1.33	1.28	1.43	1.35	0.97	1.32	0.90	1.42	1.22	1.19	1.38
87	1.08	1.35	1.03	1.19	0.81	1.02	1.38	1.17	1.21	1.28	0.86	1.15	1.03	1.34	1.23	1.18	1.31
88	1.08	1.50	1.12	0.99	0.83	1.01	1.34	1.13	1.25	1.18	0.77	1.08	1.85	1.08	1.22	1.06	1.23
89	1.23	1.60	0.93	1.07	0.90	1.01	1.28	1.14	1.13	1.56	0.77	1.00	1.51	1.23	1.49	1.02	1.32
90	1.14	1.21	0.92	1.08	0.93	0.91	1.12	0.96	1.24	1.06	0.65	1.61	0.79	0.99	1.38	0.97	1.20
91	0.94	0.70	1.32	1.21	1.45	1.24	1.43	1.18	0.66	0.46	1.40	0.45	0.88	1.26	1.18	0.97	1.19
92	0.88	0.88	1.80	1.12	1.31	1.19	1.54	1.34	0.84	0.68	1.18	0.75	1.30	1.05	1.45	1.10	1.13
93	0.94	0.98	1.41	0.97	1.12	1.12	1.08	1.17	0.84	0.94	1.06	0.75	0.94	1.14	1.10	0.97	1.01
94	0.92	0.86	1.70	1.04	1.15	1.11	1.10	1.41	0.80	0.98	0.80	0.51	0.95	1.67	1.09	0.91	1.02
95	1.23	1.10	1.58	1.07	1.03	1.18	1.06	1.00	0.82	0.48	0.83	0.74	0.88	0.98	1.08	0.94	1.22
96	1.07	0.98	3.45	0.97	0.93	1.15	1.17	1.01	0.65	0.66	0.72	0.47	0.77	0.82	1.13	0.92	1.03
97	1.11	1.00	1.90	0.83	0.96	1.16	0.94	1.12	0.84	0.65	0.78	0.87	0.95	0.84	1.02	0.82	0.96
98	1.10	0.81	1.55	0.81	1.20	1.08	0.98	0.92	0.88	0.62	1.31	0.57	0.99	0.86	0.96	0.93	0.90
99	0.90	0.73	1.26	1.25	1.65	1.05	1.27	1.09	0.92	0.47	1.27	0.84	0.84	1.59	1.73	1.10	1.20
100	1.06	0.69	1.04	1.41	1.45	1.11	1.42	1.17	1.03	0.61	0.88	0.79	0.87	1.55	1.57	1.16	1.37
101	1.15	1.13	1.16	1.27	1.26	1.24	1.16	1.31	1.11	0.63	0.64	0.61	1.05	1.86	1.34	1.12	1.16
102	1.10	0.85	1.62	1.04	1.35	1.17	1.29	1.10	0.86	0.60	0.61	1.12	0.92	1.63	1.09	1.11	1.29
103	1.20	1.11	1.20	1.04	1.08	1.04	1.14	1.17	0.97	0.77	0.68	0.61	1.08	1.20	1.18	1.19	1.12
104	1.11	0.95	1.27	1.07	1.19	1.17	1.18	0.94	1.19	0.63	0.60	0.71	0.98	1.24	1.33	1.38	1.12

FIGURE 12 CONTINUED

PEPTIDE	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	14	15	16	17	18
105	1.08	0.84	0.93	0.97	0.97	0.95	1.30	0.95	0.95	1.07	1.28	0.94	0.79	1.10	1.63	1.13	1.10
106	1.13	0.88	1.10	0.73	1.55	1.14	0.85	0.79	0.96	1.33	0.90	0.89	0.92	1.86	1.06	0.89	0.75
107	1.18	0.68	0.90	0.75	1.40	1.06	0.83	0.71	1.02	1.25	1.03	1.12	0.77	1.37	1.15	0.87	0.64
108	1.13	0.75	0.98	0.77	1.36	1.51	0.84	1.19	0.88	1.16	1.16	1.30	1.16	1.50	0.72	0.89	0.66
109	1.15	0.94	0.94	1.05	1.15	1.47	0.93	1.08	0.91	1.16	1.10	1.06	1.06	1.21	1.11	0.73	0.58
110	0.93	3.89	1.12	0.97	1.38	1.25	0.92	1.23	0.81	1.19	0.90	1.07	1.09	1.12	1.15	0.97	0.62
111	0.87	1.08	1.08	0.77	1.00	1.14	0.80	1.00	0.75	1.02	1.05	0.95	0.96	1.03	0.97	0.91	0.79
112	1.00	1.58	0.98	0.93	1.04	1.06	0.71	0.99	0.78	1.03	0.99	1.15	1.02	1.23	1.22	0.96	0.81
113	1.33	1.20	1.02	0.78	1.09	1.12	0.97	1.27	1.01	1.05	0.97	1.25	1.06	0.82	1.07	0.86	0.83
114	1.11	1.04	0.95	0.97	1.45	1.35	0.96	0.55	0.85	1.21	0.78	0.92	1.23	1.61	0.86	0.87	0.72
115	1.31	1.45	0.96	0.95	1.35	1.38	1.14	0.92	1.22	1.19	0.83	1.11	1.03	1.65	1.18	0.91	0.65
116	1.39	0.49	0.93	0.81	1.42	1.30	1.17	1.15	1.09	1.33	0.78	1.29	0.95	2.28	0.88	0.88	0.75
117	1.19	0.93	0.96	0.81	1.08	1.11	1.22	0.89	1.14	1.19	0.86	1.09	1.61	1.47	1.04	0.80	0.70
118	0.89	0.78	0.97	1.00	1.26	0.98	1.02	0.95	0.98	1.06	0.85	1.16	1.17	1.25	1.04	1.01	0.80
119	1.18	1.01	1.06	0.85	1.21	0.90	1.09	1.15	1.00	1.04	0.81	1.15	1.19	1.14	1.03	0.88	0.81
120	1.11	1.32	1.06	1.01	1.32	1.01	1.09	1.16	1.33	1.22	1.02	1.10	1.25	1.07	0.95	0.99	0.89
121	1.34	1.46	0.63	0.68	1.06	0.98	1.43	0.51	1.00	0.73	0.71	1.17	0.94	1.25	1.32	1.50	0.77
122	1.26	1.54	0.57	0.98	1.23	0.83	1.21	0.57	1.06	0.77	0.68	1.10	0.95	1.30	1.22	1.46	0.75
123	1.20	1.23	0.73	0.79	0.97	1.18	1.26	0.66	1.05	0.93	0.94	1.33	0.80	1.14	0.99	1.38	0.76
124	1.34	1.32	0.69	0.94	0.91	1.11	1.07	0.78	0.96	0.82	0.95	1.12	0.82	1.13	1.15	1.30	0.77
125	0.85	1.55	0.76	0.84	1.00	1.02	0.92	0.74	0.90	0.87	0.99	1.08	0.71	0.98	1.32	1.45	0.71
126	0.78	1.30	0.73	0.88	1.18	1.04	1.22	0.68	1.08	0.70	0.84	0.93	0.64	0.98	0.86	1.49	0.80
127	0.94	0.85	0.74	1.03	1.08	0.94	1.04	0.73	0.89	0.83	0.87	1.04	0.69	0.98	1.24	1.15	0.81
128	1.14	1.14	0.87	0.87	1.03	0.82	0.90	0.71	1.24	0.95	1.11	1.07	0.83	0.67	1.07	1.05	0.80
129	1.19	1.14	0.87	0.57	1.00	0.77	1.04	0.31	1.38	0.93	0.87	0.98	0.84	1.36	1.04	1.33	0.77
130	1.25	1.31	0.91	0.78	1.15	0.86	0.97	0.54	1.43	0.90	0.90	0.91	0.80	1.32	0.94	1.40	0.90

FIGURE 12 CONTINUED

PEPTIDE	19	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36
105	1.23	1.01	1.13	1.18	1.16	0.91	1.12	1.22	0.97	0.86	0.96	1.03	1.52	1.41	0.96	1.11	1.28
106	0.94	0.70	0.76	1.07	0.97	0.90	0.92	1.20	1.29	0.98	1.14	0.79	0.83	0.89	0.74	1.11	1.61
107	1.13	0.79	0.78	0.93	0.88	0.80	1.04	1.08	1.38	1.03	1.40	0.75	0.97	0.77	0.68	0.97	1.30
108	1.02	0.92	0.67	1.07	1.49	0.81	0.88	1.06	1.30	1.19	1.42	0.89	0.99	0.89	0.87	1.06	1.41
109	1.25	0.71	0.70	1.55	1.10	0.95	0.99	1.13	1.57	0.98	1.06	1.31	1.08	0.87	0.94	1.08	0.89
110	0.96	1.01	0.76	1.23	1.11	0.84	1.01	1.08	1.46	0.95	1.53	1.13	0.96	0.86	0.98	1.14	1.02
111	1.02	0.87	0.78	1.06	0.78	0.94	0.93	0.84	1.14	0.76	1.19	0.99	0.87	1.02	0.98	0.84	1.35
112	0.90	0.86	0.84	0.77	1.04	1.01	1.11	1.03	1.35	0.85	1.44	0.91	0.84	0.95	1.19	0.71	1.38
113	0.75	0.87	0.87	0.70	0.93	1.12	1.10	0.98	1.24	0.92	1.23	0.95	0.82	0.88	1.18	0.59	1.12
114	0.65	0.74	0.73	1.01	1.15	0.69	0.90	1.12	1.10	0.96	1.02	0.78	1.14	1.22	0.74	0.99	1.44
115	0.86	0.88	0.73	1.13	1.26	0.78	1.01	1.47	1.20	0.90	1.36	0.86	1.17	0.99	0.77	1.29	1.80
116	0.81	0.80	0.79	1.02	1.14	0.76	1.10	1.41	1.33	1.15	0.91	0.92	1.34	0.95	0.81	1.39	1.57
117	0.69	0.74	0.79	1.08	1.34	0.83	1.10	1.19	0.97	0.97	1.02	0.88	1.10	0.97	0.94	1.29	1.65
118	0.94	0.94	0.84	0.91	1.46	0.70	1.13	1.12	1.19	1.09	1.00	0.94	1.10	1.02	0.87	1.14	1.35
119	0.92	0.94	0.93	0.96	0.91	0.62	0.79	0.95	0.91	1.00	1.13	0.97	0.96	1.08	0.84	1.25	1.67
120	1.17	0.81	0.92	0.88	1.18	0.83	1.25	1.14	1.21	1.09	0.99	1.02	1.03	1.22	1.13	1.05	1.36
121	0.73	0.75	0.78	0.56	0.82	0.53	0.88	0.84	0.89	0.95	2.06	0.99	0.73	0.77	0.97	1.85	1.33
122	0.75	0.72	0.82	0.63	0.83	0.64	1.02	1.25	1.06	0.97	2.44	0.99	0.88	0.88	0.87	1.54	1.35
123	0.92	0.68	0.88	0.70	0.87	0.71	1.08	1.20	1.24	0.83	1.57	0.97	1.06	0.92	1.09	2.13	1.44
124	0.98	0.64	0.75	0.64	0.74	0.59	1.16	1.14	1.17	0.71	1.72	0.82	1.11	0.90	1.30	1.74	1.41
125	0.89	0.78	0.79	0.65	0.77	0.65	1.14	1.13	1.28	0.91	1.65	0.93	1.67	0.98	1.03	1.72	1.60
126	0.82	0.66	0.77	0.55	0.86	0.64	0.96	0.99	0.98	0.64	0.75	0.92	1.05	0.99	1.05	1.44	1.33
127	0.84	0.96	0.79	0.56	0.92	0.81	1.09	1.11	1.11	0.76	1.24	0.83	1.32	0.92	1.26	1.34	1.17
128	0.77	0.89	0.94	0.50	0.88	0.94	1.27	1.06	1.12	0.70	1.21	0.91	1.11	0.84	1.18	1.38	0.85
129	0.77	0.52	0.88	0.54	0.71	0.69	1.05	1.18	1.67	0.66	1.62	1.25	0.83	0.90	0.90	1.50	0.95
130	1.03	0.55	0.92	0.68	0.85	0.78	1.09	1.26	1.65	0.88	0.69	1.16	1.00	0.86	0.91	2.01	1.21

FIGURE 12 CONTINUED

PEPTIDE	37	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54
105	1.33	1.12	1.03	1.00	1.26	1.11	1.09	1.12	0.92	0.56	0.57	0.49	0.96	1.24	1.15	1.12	1.11
106	0.74	0.69	0.85	1.34	0.95	1.52	1.04	1.09	0.73	1.58	1.08	0.63	1.18	0.74	0.99	1.40	0.59
107	0.79	0.73	1.00	1.05	1.08	1.71	0.90	1.21	0.88	1.50	0.75	0.80	1.14	0.73	1.09	1.39	0.73
108	0.79	0.91	1.31	1.03	1.08	1.38	0.92	1.24	0.88	1.47	0.70	0.79	1.08	0.79	1.21	1.25	0.67
109	0.80	1.08	1.00	1.05	0.92	1.47	0.91	1.22	0.96	1.57	0.69	0.78	0.98	0.95	1.01	1.27	0.73
110	0.74	0.98	1.08	0.91	0.98	1.54	1.16	1.20	0.97	1.15	0.65	0.92	1.20	0.89	1.09	1.75	0.70
111	0.80	1.06	0.84	0.91	1.00	1.26	0.93	1.13	0.81	0.94	0.56	0.58	0.94	0.82	0.97	0.96	0.77
112	0.97	0.99	1.13	0.93	1.16	1.21	0.78	0.96	1.04	0.97	0.75	0.69	0.84	0.75	1.03	0.89	0.81
113	0.95	0.68	0.84	0.85	1.12	1.12	1.04	1.11	0.89	1.18	0.60	0.56	1.12	0.75	1.35	0.91	0.75
114	0.74	0.64	0.89	1.36	1.00	1.22	0.76	1.25	0.89	1.89	1.04	0.61	1.45	0.76	1.01	1.21	0.76
115	0.96	1.13	0.93	1.72	0.96	1.37	1.05	1.32	1.05	1.84	0.83	0.92	1.17	1.02	1.28	1.36	0.90
116	0.94	1.05	0.83	1.37	1.12	1.30	0.82	1.11	1.01	1.61	0.71	1.56	1.30	1.03	1.07	1.36	1.01
117	1.02	1.05	0.98	1.23	1.02	1.34	0.83	1.28	1.17	1.42	0.75	0.95	1.23	0.96	1.02	1.17	1.05
118	0.91	1.13	0.87	1.08	1.05	1.13	0.97	1.27	1.13	1.36	0.73	0.67	1.05	1.08	1.08	1.16	0.85
119	1.04	1.22	0.96	1.03	1.22	1.19	1.18	1.29	1.16	2.05	0.82	1.57	1.20	0.91	1.14	1.33	0.94
120	1.16	1.37	1.13	1.13	1.17	1.09	0.95	1.19	1.13	1.19	0.77	1.30	1.03	1.17	1.04	1.04	1.11
121	0.70	0.18	1.14	0.52	1.45	0.85	1.60	2.00	1.27	0.53	1.23	0.54	1.58	0.73	0.48	0.68	0.57
122	0.92	0.15	0.95	0.57	1.43	0.92	1.71	2.08	1.07	0.66	0.94	0.63	1.11	0.72	0.49	0.68	0.87
123	0.93	0.17	1.14	0.57	1.07	0.96	1.64	1.46	0.96	0.67	0.99	0.55	0.89	0.88	0.40	0.73	0.88
124	0.92	0.16	0.72	0.50	1.00	0.98	1.36	1.24	1.07	0.64	0.69	0.59	0.90	0.89	0.36	0.60	0.98
125	0.85	0.15	0.74	0.59	0.92	1.17	1.25	1.39	0.93	0.65	1.12	0.78	0.88	0.82	0.38	0.68	1.04
126	0.93	0.20	0.61	1.08	1.04	1.04	1.03	1.11	0.70	0.60	0.70	0.71	0.67	0.77	0.44	0.60	1.02
127	0.91	0.17	0.91	0.56	0.88	1.11	0.99	1.20	0.80	0.61	0.59	0.64	0.81	0.68	0.38	0.77	0.91
128	0.96	0.23	1.08	0.54	0.91	0.94	0.91	1.06	0.73	0.64	0.49	0.83	1.07	0.57	0.34	0.70	0.95
129	0.63	0.20	0.83	0.48	1.32	0.77	1.11	1.62	1.30	0.51	1.23	0.91	1.08	1.04	0.30	0.68	0.76
130	0.94	0.20	0.83	0.50	1.14	0.97	1.13	1.35	1.01	0.58	1.19	0.85	1.08	1.03	0.35	0.70	0.94

FIGURE 13

PEPTIDE	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	14	15	16	17	18
1	1.33	1.13	1.24	0.69	1.04	1.25	0.69	1.74	0.65	0.92	0.90	0.94	0.89	0.95	1.78	0.80	0.97
2	1.02	1.44	1.37	0.69	1.10	1.46	0.69	1.61	0.68	0.95	0.95	1.09	1.31	1.13	1.40	0.92	1.28
3	0.93	1.21	1.16	0.75	1.04	1.09	0.70	1.42	0.82	0.92	0.86	1.01	0.86	1.03	1.52	0.75	1.04
4	1.33	0.59	1.16	0.66	0.76	1.28	0.83	1.81	0.82	0.83	0.85	0.76	0.76	0.98	1.26	0.75	1.34
5	2.20	1.03	0.96	0.68	1.11	1.23	0.75	1.46	0.80	0.83	0.94	0.94	0.55	0.79	1.28	0.76	0.74
6	0.94	0.96	1.10	0.69	1.00	1.18	0.84	1.33	0.85	0.72	0.93	0.91	0.64	0.71	1.31	0.80	0.81
7	0.86	1.19	1.03	0.71	1.03	1.16	0.69	1.47	0.88	0.64	0.84	0.96	0.67	1.08	1.29	0.87	0.99
8	0.85	1.18	1.09	0.88	1.10	0.90	0.74	1.37	0.95	0.87	0.81	1.03	0.93	1.42	1.30	0.89	0.93
9	1.22	1.54	1.19	0.69	1.21	1.23	0.64	1.38	0.78	0.82	0.92	0.86	1.18	1.51	1.70	0.71	1.26
10	0.70	1.71	1.24	0.84	1.10	1.38	0.77	1.46	0.90	0.94	1.02	0.97	0.96	1.23	1.42	0.95	1.38
11	0.95	1.76	1.21	0.76	1.15	1.32	0.89	1.34	0.91	0.80	1.15	1.22	1.12	1.17	1.62	1.04	1.25
12	0.81	0.63	1.11	0.73	0.86	1.05	0.82	1.41	0.83	0.85	1.03	1.03	0.97	0.64	1.31	0.93	1.25
13	0.92	1.28	1.12	0.90	1.23	1.14	0.96	1.56	0.86	0.78	1.08	1.13	0.77	1.01	1.21	1.00	1.15
14	0.85	1.45	1.11	0.82	1.10	0.96	0.86	1.20	0.98	0.88	0.95	0.99	0.99	0.71	1.29	1.11	0.95
15	0.88	1.42	0.94	0.88	1.06	1.01	1.03	1.16	0.91	0.74	0.99	0.92	0.90	1.21	1.06	0.98	1.12
16	1.10	0.98	1.17	0.92	0.82	1.31	0.75	1.13	1.01	1.18	1.38	1.38	1.02	1.07	1.24	1.11	0.90
17	0.93	1.07	1.17	0.92	0.85	1.15	0.81	1.20	1.15	1.13	1.28	1.46	0.99	1.85	1.40	1.19	0.89
18	0.73	1.07	1.09	1.03	0.72	1.33	0.91	1.44	1.12	1.04	1.24	1.35	0.90	1.32	1.05	1.18	0.92
19	1.13	0.96	1.19	1.09	0.85	1.47	0.86	1.13	1.10	1.15	1.32	1.13	0.62	0.98	1.04	1.05	0.86
20	0.98	1.45	1.15	1.16	0.86	1.41	0.94	1.16	1.08	0.85	1.29	1.13	0.83	1.56	0.84	1.10	0.94
21	1.07	1.13	0.99	0.94	0.83	1.45	0.97	1.34	1.29	0.93	1.40	1.28	0.55	1.29	1.08	0.94	0.91
22	0.95	1.50	1.18	1.43	0.88	1.97	0.87	1.17	1.12	1.08	1.46	0.97	0.76	0.95	0.77	1.01	0.89
23	0.91	1.27	1.20	1.03	0.85	1.34	1.06	1.15	1.09	0.98	1.22	0.95	1.03	1.17	0.73	0.92	0.88
24	1.44	1.57	1.12	0.99	0.89	0.86	0.65	1.12	0.99	1.05	1.13	1.14	1.37	1.01	1.16	1.17	1.05
25	1.17	1.39	1.17	1.01	0.78	1.04	0.95	1.14	1.11	1.06	1.11	1.70	1.08	1.50	1.45	1.18	1.30
26	1.21	1.38	1.14	1.11	0.68	1.06	1.01	1.36	1.01	1.16	0.97	1.65	1.17	1.60	1.23	1.08	1.24

FIGURE 13 CONTINUED

PEPTIDE	19	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33
1	0.71	1.15	1.24	1.25	0.88	1.08	1.14	0.88	1.25	0.88	1.64	1.65	0.84	0.92
2	1.27	1.32	0.94	1.19	0.87	1.19	1.21	0.78	1.15	0.90	1.93	1.54	1.11	0.90
3	1.17	1.07	0.93	1.27	0.84	0.97	1.23	0.73	0.99	0.74	1.35	1.33	0.98	1.00
4	1.17	1.12	1.02	1.20	0.96	0.96	1.05	0.77	1.04	0.89	1.13	1.19	1.13	0.98
5	1.54	1.00	1.04	1.31	0.93	0.93	1.06	0.92	1.20	0.77	1.22	1.21	1.14	1.22
6	1.38	1.14	0.99	1.27	1.00	0.96	1.03	0.78	1.04	0.73	0.93	1.06	1.14	1.15
7	1.37	0.98	0.93	1.49	0.88	1.03	1.07	0.94	1.21	0.91	1.24	0.89	1.00	1.23
8	1.19	1.08	0.99	1.25	0.83	0.97	1.07	0.80	1.02	1.04	1.45	1.00	1.01	1.28
9	0.88	1.29	1.15	1.08	0.84	1.22	0.96	0.76	1.38	0.73	1.25	1.56	0.87	0.86
10	1.15	1.22	1.05	0.97	1.04	1.04	1.22	0.82	1.34	0.76	1.20	1.84	1.19	0.96
11	1.07	1.28	1.17	0.98	1.08	1.07	1.13	0.87	1.34	0.76	1.40	1.73	1.48	0.96
12	1.12	0.95	1.10	1.04	1.09	1.08	1.09	0.71	1.04	0.70	1.15	1.63	1.12	0.77
13	1.05	0.98	0.97	1.03	0.93	0.84	0.98	0.84	1.18	0.76	0.97	1.29	0.95	0.92
14	1.00	1.03	0.96	1.02	0.87	0.78	0.98	0.95	0.84	0.71	0.85	1.25	1.23	1.02
15	1.29	0.89	1.04	1.08	0.88	0.94	0.97	0.94	1.10	0.73	0.90	1.11	1.00	1.07
16	0.93	1.36	0.78	1.24	0.91	1.36	1.28	1.17	1.17	1.00	1.62	0.74	0.74	1.34
17	1.24	1.35	0.84	1.39	0.55	1.43	1.23	1.22	1.22	0.98	1.68	0.72	0.85	1.04
18	1.30	1.46	0.85	1.46	1.16	1.51	1.26	1.20	1.20	0.95	1.42	0.67	0.93	1.09
19	1.18	1.30	0.78	1.44	1.06	1.48	1.07	0.99	0.99	1.03	1.27	0.81	0.87	0.95
20	1.21	1.26	0.86	1.41	0.96	1.47	1.10	1.21	1.21	1.12	1.19	0.76	0.91	0.99
21	1.09	1.39	0.77	1.51	1.28	1.24	1.12	1.13	1.13	0.88	1.07	0.65	0.94	1.03
22	1.23	1.45	0.89	1.53	0.74	1.12	1.07	1.08	1.08	1.03	0.91	0.60	0.90	0.87
23	0.90	1.06	0.91	1.52	0.78	1.28	1.06	0.92	0.92	1.18	1.09	1.02	0.91	1.02
24	1.42	1.32	0.95	1.06	1.20	1.00	0.82	1.19	1.19	1.05	1.41	0.87	0.82	1.10
25	1.72	2.00	0.82	1.07	1.37	0.95	1.35	1.17	1.17	0.99	1.08	0.75	0.96	1.17
26	1.69	1.51	0.88	1.19	1.36	0.89	1.37	1.24	1.24	1.15	1.52	0.82	1.15	1.03

FIGURE 13 CONTINUED

PEPTIDE	34	35	36	37	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54
1	0.84	1.19	1.88	0.81	0.53	1.03	0.88	1.94	1.12	0.73	0.86	1.15	1.35	1.62	1.18	0.71	1.29	0.85	1.06	1.24
2	0.85	1.72	2.13	0.97	0.56	1.02	1.16	1.68	1.08	1.00	1.12	1.15	2.20	1.10	1.44	0.73	1.18	0.94	1.27	1.42
3	0.90	1.43	2.02	0.86	0.59	1.14	1.19	1.47	1.12	0.95	0.86	1.11	1.44	1.10	1.43	0.74	1.25	0.95	1.06	1.25
4	0.85	1.55	1.84	1.10	0.59	0.99	1.12	1.40	1.02	0.88	0.96	1.27	1.55	0.89	1.42	0.59	1.16	1.01	1.20	1.25
5	0.74	1.89	1.60	0.92	1.02	1.04	1.09	1.19	1.14	0.97	1.12	1.21	1.29	0.93	1.38	0.74	1.12	0.99	1.03	1.26
6	0.91	1.58	1.43	1.00	0.62	1.28	1.08	1.18	1.25	0.78	1.06	1.14	1.53	0.84	0.85	0.55	0.76	1.02	0.93	1.13
7	1.01	1.43	1.27	0.92	0.62	1.08	1.03	1.22	1.09	0.88	1.03	1.24	1.33	0.91	0.95	0.52	0.76	1.04	1.04	1.03
8	1.24	1.18	0.86	1.05	0.82	1.51	0.98	1.15	1.16	0.96	1.06	0.98	1.37	1.23	2.25	0.67	0.69	1.03	1.20	0.92
9	0.91	1.08	1.82	0.76	1.47	0.75	0.67	1.45	1.00	0.90	0.89	1.15	2.03	1.30	1.67	0.79	1.05	0.72	1.18	1.11
10	1.08	1.50	2.07	0.90	0.77	1.11	1.30	1.62	0.97	0.91	0.95	1.69	4.01	1.09	1.44	0.88	1.12	0.66	1.17	1.33
11	0.89	1.58	1.99	1.02	0.99	1.12	1.17	1.45	1.19	1.02	0.91	1.65	2.26	1.47	1.39	0.76	1.16	0.75	1.29	1.46
12	0.82	1.59	1.30	0.97	0.69	1.04	1.25	1.24	1.12	1.21	0.90	1.41	3.71	1.37	1.49	0.63	1.08	0.79	1.00	1.34
13	0.98	1.45	1.24	0.95	1.03	1.03	1.04	1.14	1.42	1.17	0.95	1.11	2.13	0.71	0.95	0.59	0.99	0.89	0.86	1.20
14	1.11	1.55	1.10	1.24	0.86	1.00	1.18	1.08	1.63	1.07	1.10	1.33	1.76	0.74	1.05	0.60	1.10	1.00	0.99	1.33
15	1.16	1.32	1.19	1.11	0.80	0.93	1.25	1.02	1.29	0.94	1.14	1.04	1.95	0.97	1.47	0.58	1.11	0.98	0.93	1.12
16	0.68	1.42	1.76	1.28	0.95	1.08	0.70	1.45	1.27	1.44	0.77	1.12	1.10	1.20	0.93	1.49	1.40	1.35	1.01	1.09
17	0.83	1.71	1.95	1.16	0.68	1.34	1.30	1.47	1.08	1.22	0.82	1.36	1.32	0.83	0.98	1.61	1.40	1.26	1.11	1.14
18	0.76	1.71	1.75	1.21	1.00	0.94	1.20	1.32	1.26	1.67	0.99	1.39	1.08	0.83	0.73	1.30	1.20	1.05	1.10	1.09
19	0.72	1.66	1.81	1.24	0.75	0.87	1.24	1.18	1.27	1.35	0.86	1.12	1.10	0.79	0.54	1.20	1.25	1.04	0.81	1.08
20	0.73	1.72	1.17	1.49	0.79	1.03	1.08	1.22	1.33	1.19	1.07	1.32	1.87	0.97	0.64	1.18	1.33	1.11	1.05	1.15
21	0.83	1.36	1.75	1.36	0.58	1.13	1.05	1.12	1.14	1.34	1.03	1.06	1.30	0.90	0.60	1.15	1.09	1.02	0.84	0.98
22	0.81	1.57	1.59	1.10	0.92	0.96	1.06	1.01	1.23	1.39	0.99	0.87	1.05	0.84	0.59	0.96	1.08	1.10	1.04	1.10
23	0.95	0.94	1.14	1.10	0.54	1.34	0.96	1.19	1.26	1.21	1.07	0.81	1.02	0.83	0.56	1.23	0.90	0.83	1.04	1.02
24	0.67	1.16	2.05	0.76	1.20	0.77	0.74	1.70	1.14	1.23	0.90	1.08	1.12	1.18	1.82	1.39	1.37	1.01	1.14	1.16
25	0.82	1.64	2.11	1.00	1.27	0.79	1.24	1.29	1.15	1.43	0.93	1.70	1.44	0.80	1.42	1.40	1.21	1.38	1.18	1.30
26	0.82	2.11	1.66	1.07	1.05	1.10	1.11	1.31	1.25	1.50	0.86	1.76	1.34	1.08	0.83	1.21	1.34	1.11	1.28	1.31

FIGURE 13 CONTINUED

PEPTIDE	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	14	15	16	17	18
27	1.03	1.21	1.03	0.81	0.84	1.03	0.91	1.18	0.95	1.01	1.19	1.31	0.95	1.05	1.38	1.00	1.11
28	1.12	1.18	0.86	0.99	0.77	1.06	0.89	1.20	1.04	0.90	1.00	1.16	1.01	0.98	1.19	0.99	1.05
29	1.35	1.27	0.93	0.99	0.89	1.16	0.89	0.95	1.01	0.89	1.09	1.21	0.56	1.10	1.15	0.93	1.06
30	1.42	1.24	0.95	1.08	0.97	1.31	0.79	1.05	1.12	0.94	1.08	0.97	1.02	1.03	0.97	1.01	0.88
31	1.15	0.77	0.68	0.77	1.40	0.69	0.84	1.09	0.93	0.83	0.92	2.23	0.95	1.13	1.30	1.12	1.04
32	1.02	0.67	0.70	0.81	1.51	0.88	0.93	1.06	1.01	0.83	1.07	1.58	0.80	1.59	1.33	1.27	1.11
33	1.47	0.68	0.59	0.81	1.43	0.93	1.11	1.07	0.99	0.72	1.02	1.51	0.75	1.56	1.17	1.27	1.10
34	1.10	0.79	0.72	0.79	0.90	0.93	0.92	0.98	0.90	0.66	1.16	1.14	0.66	1.19	1.36	1.19	1.06
35	4.29	2.88	0.60	0.74	1.24	1.16	1.00	1.39	1.03	0.72	1.17	1.05	0.71	1.67	0.77	1.13	1.03
36	0.92	0.69	0.77	0.81	0.86	0.99	0.90	0.86	0.85	0.76	1.08	0.92	0.65	1.82	1.00	1.23	0.97
37	0.84	0.75	0.82	0.89	1.31	1.01	0.92	0.80	1.16	0.90	1.19	0.79	0.66	1.40	1.06	1.14	1.02
38	0.97	0.94	1.03	0.89	1.35	0.88	1.10	0.83	0.95	0.98	1.08	0.91	0.78	1.59	0.96	1.13	0.93
39	0.96	0.94	0.64	0.74	2.26	0.72	0.82	1.08	1.04	0.91	0.98	0.86	0.62	2.01	1.26	1.26	1.31
40	1.14	0.81	0.60	0.71	1.34	0.83	0.91	1.32	1.12	0.84	0.96	1.38	1.02	2.00	1.10	1.37	1.33
41	0.91	1.27	0.77	0.76	1.90	0.97	0.95	1.43	1.00	0.77	0.95	1.25	0.95	1.36	1.34	1.37	1.18
42	0.72	0.99	0.69	0.82	1.06	0.82	1.03	1.22	1.09	0.91	0.89	1.11	0.79	1.22	1.33	1.19	1.12
43	0.92	1.32	0.63	0.71	1.34	1.03	1.00	1.15	1.12	0.80	1.03	1.10	0.79	1.35	0.96	1.23	1.08
44	0.77	1.00	0.75	1.86	1.05	0.97	1.22	1.16	1.20	0.87	1.09	1.00	0.77	1.33	1.52	1.22	1.05
45	0.96	1.08	0.73	0.97	1.15	1.00	0.91	1.00	1.17	0.99	0.94	0.84	0.67	1.13	1.22	1.22	0.96
46	1.26	0.78	1.10	1.15	1.04	0.52	0.66	1.23	0.54	0.78	0.72	1.01	0.63	1.69	1.19	0.86	1.50
47	1.38	1.05	1.03	0.91	0.91	0.60	0.65	1.42	0.61	0.76	0.75	1.55	0.58	1.56	1.19	0.91	1.22
48	1.22	0.90	0.87	1.15	1.01	0.69	0.81	1.27	0.86	0.79	0.89	1.24	0.63	1.40	0.92	0.95	1.42
49	1.05	0.95	0.96	1.27	0.83	0.75	0.72	1.19	0.85	0.73	0.79	1.34	0.46	0.92	1.07	0.87	1.13
50	1.03	1.24	0.92	0.98	0.86	0.68	0.87	1.46	0.84	0.78	0.90	1.22	0.58	1.70	1.12	0.95	1.15
51	0.97	0.94	0.96	1.01	0.85	0.75	0.68	1.17	0.89	0.66	0.83	1.38	0.57	1.14	1.14	0.85	1.04
52	1.08	1.08	0.82	1.11	0.97	0.79	0.82	1.09	0.68	0.60	0.57	1.14	0.77	0.78	0.86	0.77	1.36

FIGURE 13 CONTINUED

PEPTIDE	19	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36
27	1.43	1.28	0.87	0.93	1.07	0.83	1.21	1.16	1.16	0.98	1.16	0.78	1.02	1.06	0.81	1.77	1.61
28	1.46	1.29	0.99	1.03	1.13	0.81	1.16	1.09	1.09	0.93	0.91	0.90	1.01	1.03	0.81	1.51	1.52
29	1.70	1.23	1.02	1.05	1.06	0.91	1.13	0.97	0.97	0.68	0.87	0.76	1.01	1.25	0.92	1.60	1.86
30	1.45	1.25	1.12	0.91	1.05	0.89	1.10	1.04	1.04	1.03	0.94	0.64	0.93	1.09	0.84	1.32	1.70
31	1.12	1.23	0.83	2.01	0.92	1.19	1.07	0.72	0.65	0.94	2.04	1.38	1.08	0.99	0.75	1.47	2.12
32	1.22	1.10	0.83	1.90	0.71	1.31	1.15	0.78	0.75	0.85	1.71	1.06	1.25	1.04	0.69	1.77	1.81
33	1.15	0.87	0.87	1.85	0.58	1.05	1.00	0.76	0.71	0.81	1.59	0.94	1.19	1.01	0.65	1.67	1.94
34	1.10	0.98	0.78	1.83	0.51	1.15	0.82	0.73	0.63	0.99	1.49	1.04	1.21	0.76	0.70	1.86	1.57
35	1.15	1.04	0.98	1.54	0.52	0.94	0.88	0.76	0.96	1.03	1.28	0.85	1.01	0.65	0.90	2.23	1.34
36	1.05	0.90	0.82	1.57	0.61	0.91	0.89	0.73	0.70	0.93	1.33	0.92	1.16	0.79	1.02	1.83	1.46
37	1.06	0.89	0.96	1.34	0.80	0.99	0.92	0.93	0.85	0.87	1.25	0.83	1.18	0.78	0.87	1.32	1.42
38	0.98	1.00	0.99	1.32	0.61	1.05	0.90	0.82	0.84	0.90	1.11	0.86	1.15	0.89	1.07	1.29	0.98
39	1.11	0.97	0.82	1.53	0.81	0.91	1.01	0.72	0.72	0.97	1.57	1.08	1.14	0.89	0.64	1.39	1.88
40	1.41	1.14	0.90	1.50	0.79	1.30	1.38	0.86	0.97	0.94	1.48	1.04	1.42	0.96	0.66	1.66	2.45
41	1.33	1.33	0.97	1.30	0.88	1.26	1.18	1.02	0.96	0.92	1.33	1.07	1.30	1.11	0.91	1.99	2.21
42	1.29	0.97	0.81	1.31	0.68	1.18	1.15	0.89	0.94	1.05	1.20	0.92	1.59	0.95	0.96	2.11	2.53
43	1.44	0.97	0.91	1.11	0.75	1.09	1.14	0.90	0.92	0.98	0.98	0.83	1.19	0.84	0.93	1.68	1.73
44	0.84	1.12	0.99	1.19	1.01	0.98	1.09	1.01	0.67	0.96	1.11	1.07	1.39	0.98	0.89	1.62	1.71
45	0.88	0.88	0.97	1.13	1.00	1.23	1.09	1.02	1.01	0.86	0.93	1.03	1.28	0.94	0.98	1.44	1.68
46	0.71	0.74	1.34	1.30	0.77	0.97	1.37	1.20	1.36	0.75	1.84	1.25	0.83	1.21	0.84	1.32	0.76
47	0.81	0.88	1.39	1.50	0.75	0.92	1.38	1.05	1.31	0.85	2.05	1.03	0.99	1.29	0.92	1.48	0.85
48	0.80	0.85	1.22	1.35	0.90	0.99	1.47	0.97	1.25	0.74	1.61	0.93	1.19	1.18	0.84	1.42	0.86
49	0.79	1.21	1.16	1.13	0.82	0.88	1.25	0.91	1.09	0.87	2.27	1.00	1.16	0.96	0.96	1.37	0.68
50	0.96	0.85	1.17	1.91	0.89	0.93	1.46	1.11	1.34	0.89	1.49	0.91	1.49	1.18	0.96	1.52	0.73
51	1.12	0.78	1.01	1.56	0.81	0.80	1.05	0.93	1.15	0.83	1.10	0.89	1.28	0.91	0.88	1.12	1.25
52	0.81	0.71	0.90	1.29	0.66	0.61	0.87	0.72	0.96	0.97	1.49	0.88	1.09	0.97	0.97	1.30	1.29

FIGURE 13 CONTINUED

PEPTIDE	37	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54
27	0.93	0.94	0.86	1.30	1.07	1.40	1.25	0.84	1.45	1.24	0.98	1.13	1.13	1.17	0.97	1.08	1.27
28	0.98	1.09	1.12	1.04	0.89	1.31	1.35	1.05	1.18	1.43	0.91	1.05	1.09	1.09	1.20	1.09	1.10
29	1.15	0.84	1.00	1.09	0.90	1.53	1.39	1.10	1.23	1.17	0.79	0.75	1.13	1.23	1.22	1.11	1.28
30	1.05	0.85	1.07	1.06	1.06	1.48	1.62	1.19	1.01	1.06	0.96	1.05	1.15	1.10	1.08	1.01	1.10
31	1.79	0.32	0.95	1.29	0.95	1.09	1.11	0.90	1.80	1.49	1.70	1.14	1.70	0.94	1.29	1.42	0.81
32	1.59	0.31	1.03	1.14	0.92	1.26	1.16	0.98	1.84	1.70	0.89	1.53	1.92	0.97	1.49	1.65	0.94
33	1.42	0.31	1.04	1.15	0.87	1.17	1.68	0.91	2.01	1.70	0.92	1.80	1.51	0.90	1.24	1.51	0.88
34	1.29	0.27	1.04	1.06	0.85	1.18	1.30	0.81	1.58	2.22	0.90	0.95	1.53	0.96	1.24	1.42	0.87
35	1.20	0.24	1.08	1.01	1.02	1.47	1.05	0.74	1.52	1.36	0.88	1.18	1.50	1.10	1.33	1.23	0.96
36	1.16	0.18	1.25	0.89	0.88	1.34	1.13	0.87	1.38	1.25	0.92	1.86	1.29	0.98	1.31	1.18	0.93
37	1.18	0.30	1.34	1.00	1.03	1.29	1.38	0.90	1.13	1.36	0.85	1.18	1.30	0.92	1.00	1.13	0.88
38	1.19	0.33	1.62	1.15	0.97	1.18	1.13	0.81	0.99	0.86	1.24	1.85	1.27	0.92	0.79	0.98	0.95
39	1.08	0.49	1.60	1.23	0.89	1.14	1.08	1.04	1.85	1.65	1.39	1.66	1.94	0.91	1.25	1.54	0.68
40	1.41	0.74	1.81	1.29	0.93	1.39	1.22	1.07	1.90	2.48	1.18	2.19	2.06	1.04	1.18	1.46	0.93
41	1.31	0.68	1.93	1.26	0.81	1.22	1.16	1.05	1.92	1.87	1.00	3.12	2.06	1.15	1.28	1.77	0.99
42	1.23	0.56	2.17	1.17	0.84	1.29	1.07	1.00	1.41	5.09	1.03	4.72	2.04	1.01	1.13	1.81	0.85
43	1.06	0.54	1.13	1.24	0.81	1.30	1.05	1.00	1.65	1.31	1.00	3.37	1.45	1.01	1.15	0.97	1.01
44	1.19	0.59	1.08	1.12	1.00	1.46	1.39	0.92	1.37	1.44	0.96	1.52	1.55	1.13	1.15	0.99	1.14
45	1.20	0.95	1.29	1.22	0.85	1.40	1.21	0.90	1.14	1.04	1.06	1.12	1.26	1.13	1.08	1.00	1.01
46	1.13	0.33	0.79	1.25	1.39	1.13	1.37	1.27	1.66	0.58	1.37	0.74	1.02	0.98	0.85	0.92	1.10
47	1.29	0.38	0.86	1.29	1.56	1.12	1.76	1.25	1.92	0.99	0.83	0.91	1.30	0.96	1.00	0.82	1.14
48	1.14	0.30	1.06	1.18	1.50	1.17	1.34	1.24	1.74	1.04	0.92	1.51	1.12	1.01	0.95	0.84	1.03
49	1.33	2.01	1.00	1.24	1.26	1.08	1.67	1.19	1.49	0.80	0.94	3.10	0.95	1.11	1.04	0.93	1.22
50	1.31	0.44	0.90	1.07	1.29	1.10	1.46	1.24	1.85	0.89	0.97	1.26	1.08	1.27	1.13	0.90	1.05
51	1.06	0.39	0.69	0.96	1.04	1.10	1.12	0.99	1.25	0.87	0.71	1.02	0.93	0.92	0.83	0.84	1.12
52	0.97	0.35	1.07	1.02	1.17	1.22	1.92	1.22	1.51	1.61	0.76	1.80	1.23	0.86	0.86	1.13	0.84

PEPTIDE	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	14	15	16	17	18
53	1.20	1.27	0.93	1.06	0.82	0.66	0.91	1.23	0.77	0.74	0.73	1.05	0.70	0.91	0.91	0.90	1.12

FIGURE 13 CONTINUED

PEPTIDE	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	14	15	16	17	18
54	1.17	0.99	0.33	1.22	0.86	0.62	0.71	1.54	1.01	1.06	0.77	0.71	0.96	1.69	1.15	1.19	1.63
55	1.40	1.15	1.10	0.97	0.97	0.64	0.85	1.46	1.02	1.01	0.92	1.15	0.65	1.83	1.17	1.12	1.31
56	1.16	1.18	1.15	1.14	0.96	0.67	0.87	1.48	1.03	1.02	1.07	1.59	0.71	1.56	1.03	1.21	1.37
57	0.78	1.22	1.01	1.20	0.98	0.64	0.82	1.32	1.21	0.89	1.04	1.22	0.69	1.33	1.11	1.25	1.33
58	1.10	1.42	0.92	0.84	1.01	0.75	0.88	1.17	1.07	0.84	1.00	1.03	0.71	1.24	1.19	1.05	1.25
59	0.96	1.49	1.05	1.08	1.04	0.83	0.90	1.04	0.97	0.95	1.08	1.16	0.81	1.30	1.02	1.06	1.23
60	1.11	1.75	1.01	1.18	0.93	0.92	1.02	1.12	1.08	0.96	0.81	1.13	0.77	0.86	1.03	1.11	1.19
61	1.77	0.96	0.71	1.17	1.28	1.10	0.89	1.80	0.73	1.06	1.11	0.81	1.19	0.92	1.40	1.27	1.29
62	1.39	0.97	0.81	1.17	1.22	1.19	0.93	1.75	0.83	1.02	1.03	0.77	1.04	1.08	1.22	1.23	1.24
63	1.21	0.78	0.74	1.16	1.57	1.29	0.76	1.78	0.78	0.97	1.39	0.80	0.90	1.13	1.23	1.25	1.02
64	1.10	0.87	0.78	0.91	1.24	1.22	0.86	1.63	0.75	0.88	1.16	0.67	1.01	1.04	1.25	1.24	1.00
65	0.99	0.85	0.82	0.85	1.18	1.18	0.91	1.51	0.82	0.90	1.18	0.76	0.88	1.13	0.93	1.30	1.09
66	0.91	0.75	0.91	0.88	1.01	1.09	0.98	1.31	0.66	0.88	0.98	0.67	0.69	0.75	0.70	1.12	1.02
67	0.97	0.97	0.83	0.95	1.14	0.96	1.03	1.09	0.81	0.81	1.12	1.73	0.84	1.12	1.02	1.11	0.99
68	1.03	0.82	0.89	1.12	1.12	1.02	1.03	1.28	0.74	0.84	1.38	1.70	1.31	0.95	1.14	1.26	1.04
69	1.40	1.03	0.73	1.19	0.93	1.48	1.01	1.55	0.77	1.18	0.96	0.74	1.29	1.44	1.56	1.29	1.17
70	1.34	1.07	0.87	1.06	0.92	1.15	1.02	2.11	1.02	1.16	0.96	0.86	1.19	1.31	1.47	1.32	1.21
71	1.40	0.75	0.79	0.95	1.04	1.07	1.04	1.81	0.87	1.05	1.11	0.89	1.01	0.89	1.66	1.24	1.20
72	1.10	0.73	0.97	0.70	0.84	0.94	0.98	1.32	0.90	0.91	1.29	0.79	1.22	0.82	1.04	1.25	1.10
73	0.93	0.83	1.04	0.67	0.81	0.85	1.01	1.15	1.05	0.89	1.07	0.73	0.89	0.84	0.86	1.30	1.08
74	0.79	1.02	0.90	0.73	1.07	0.85	1.01	1.38	0.71	0.79	0.95	0.85	1.21	1.16	1.11	1.04	1.32
75	0.84	0.86	0.80	0.92	0.90	1.04	1.09	1.19	1.02	0.85	1.08	0.92	0.73	1.34	1.05	1.19	1.09
76	1.39	0.84	0.81	0.92	1.35	1.22	1.01	1.11	0.85	0.80	1.06	1.11	1.10	1.08	1.06	1.19	1.12
77	0.97	1.00	0.83	0.92	1.13	1.29	1.03	1.30	0.85	0.80	1.14	1.47	0.96	1.19	1.11	1.38	1.10
78	1.01	1.03	0.74	0.75	0.76	1.38	0.98	1.21	0.91	0.79	1.17	1.17	0.92	1.07	1.25	0.95	0.89

FIGURE 13 CONTINUED

PEPTIDE	19	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36
53	1.05	0.87	0.96	0.91	0.57	0.75	0.93	0.72	1.04	1.04	1.42	1.12	1.07	0.91	0.81	1.01	1.07
54	0.92	1.01	1.40	1.07	1.24	1.36	0.99	0.94	1.15	0.84	1.53	1.16	0.97	1.28	0.98	1.52	1.05
55	0.99	0.91	1.23	1.03	1.14	0.99	1.43	1.10	1.17	0.96	1.62	1.04	1.13	1.15	1.00	1.61	0.94
56	1.32	0.91	1.39	1.09	0.99	1.00	1.48	1.14	1.22	0.82	1.45	1.27	1.43	1.16	0.90	1.68	0.95
57	1.29	1.16	1.04	1.01	0.96	1.06	1.38	1.03	1.04	0.80	1.19	0.90	1.53	0.94	1.00	1.86	0.87
58	1.50	0.80	1.11	1.11	0.86	1.10	1.26	0.99	1.02	0.89	1.42	0.87	1.51	0.99	1.17	1.44	0.97
59	1.35	0.79	1.22	1.05	1.00	0.91	1.18	0.95	1.05	0.71	0.76	0.98	1.38	0.98	1.07	1.36	1.10
60	1.06	0.80	1.11	1.14	0.99	1.02	1.05	0.92	1.07	0.97	1.70	0.88	1.49	1.12	1.19	1.33	1.32
61	0.95	1.11	1.01	1.59	1.20	1.05	1.81	0.98	0.73	1.18	1.75	1.37	0.71	0.97	0.80	1.59	1.22
62	1.16	0.84	0.99	2.00	1.26	1.00	1.89	1.07	0.92	1.39	1.40	1.35	0.90	1.21	1.01	1.68	1.25
63	1.06	0.99	1.01	1.72	1.06	1.02	1.70	0.98	0.85	1.22	1.52	1.11	0.91	1.15	1.04	1.83	1.17
64	1.05	0.95	1.03	1.72	1.25	0.83	1.58	1.10	0.95	1.18	1.35	1.24	0.90	0.91	0.90	1.69	1.07
65	1.09	0.93	1.10	1.68	1.15	0.92	1.66	1.13	1.14	1.10	1.17	1.05	1.04	1.07	1.00	1.69	1.18
66	1.08	1.01	1.04	1.66	1.05	0.80	1.55	1.03	0.87	1.34	0.91	1.17	1.02	1.14	0.97	1.36	1.07
67	1.13	0.92	0.93	1.73	1.18	0.89	1.41	1.09	1.02	1.00	1.15	1.02	1.14	1.09	1.15	1.25	1.13
68	1.04	1.08	1.16	1.34	0.80	1.00	1.35	1.07	1.13	1.71	1.17	1.22	1.12	1.18	1.23	1.14	1.21
69	1.01	0.94	0.75	1.31	0.95	1.08	1.09	0.86	0.67	0.92	1.68	1.22	0.77	0.85	1.02	1.31	0.92
70	1.17	0.93	0.93	1.55	1.20	1.09	1.44	0.99	0.79	1.18	1.68	1.05	0.96	0.85	1.16	1.84	1.22
71	1.29	0.72	1.05	1.73	1.08	1.10	1.67	1.09	0.88	0.97	1.49	1.08	1.01	1.03	0.86	1.90	1.16
72	1.44	0.75	0.91	1.55	1.22	0.88	1.60	0.86	1.04	0.85	1.20	1.07	1.10	0.87	0.76	1.71	1.05
73	1.29	0.68	0.92	1.34	1.06	0.97	1.29	0.98	0.83	0.99	1.24	0.92	1.03	0.96	1.10	1.42	1.19
74	1.24	0.95	0.81	1.23	0.96	0.62	1.04	0.60	0.85	0.88	1.11	1.04	0.88	0.72	1.12	1.12	1.52
75	1.11	0.76	0.94	1.26	1.05	1.01	1.26	1.09	1.03	0.91	1.12	0.96	1.06	1.07	1.24	1.38	1.06
76	0.74	0.80	1.08	1.13	1.61	0.78	1.57	1.25	1.07	1.02	1.50	1.35	1.11	1.42	0.83	2.09	1.37
77	0.78	1.08	1.09	1.08	1.43	0.71	1.53	1.25	1.11	1.10	1.94	1.00	1.62	1.39	0.84	2.08	1.38
78	0.87	0.96	1.03	1.00	1.42	0.83	1.33	1.16	1.18	1.09	1.49	0.97	1.23	1.29	0.91	2.15	1.46

FIGURE 13 CONTINUED

PEPTIDE	37	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54
53	0.88	0.42	0.94	0.95	0.99	1.04	1.36	1.16	1.24	1.36	1.07	1.53	1.14	1.04	0.85	1.17	0.84
54	1.05	0.25	0.74	1.30	1.72	0.80	1.52	1.63	1.59	1.24	1.99	1.03	1.36	1.12	0.94	0.98	1.07
55	1.18	1.52	0.76	1.46	1.56	1.06	1.40	1.34	2.01	1.74	1.08	1.39	1.17	1.08	0.78	1.01	1.42
56	1.05	1.77	1.35	1.28	1.43	1.23	1.38	1.41	1.94	1.28	0.99	1.40	1.18	1.23	0.86	0.99	1.47
57	1.15	1.52	1.22	1.16	1.24	1.11	1.50	1.14	1.67	1.40	0.84	1.27	0.86	1.19	0.84	0.83	1.27
58	1.36	1.04	1.22	1.17	1.32	1.25	1.43	1.20	1.55	0.99	1.03	1.33	0.88	1.23	0.97	0.86	1.23
59	1.37	1.06	1.25	1.29	1.19	1.21	1.25	1.11	1.39	1.71	0.77	1.41	0.81	1.29	0.92	0.85	1.18
60	1.28	1.19	0.76	1.36	1.17	0.97	1.11	1.19	1.45	1.63	0.83	1.44	0.86	1.47	0.99	0.93	1.05
61	1.10	1.35	0.88	1.17	1.02	0.87	0.85	1.64	1.32	4.13	1.02	0.36	1.54	0.92	1.09	0.74	0.86
62	1.13	1.32	0.79	1.65	0.89	1.02	1.07	1.38	1.43	3.38	0.85	0.40	1.51	0.93	1.19	0.87	0.90
63	1.01	1.31	1.01	1.19	0.83	1.02	1.19	1.40	1.51	1.16	0.45	0.26	1.26	0.86	1.03	1.30	0.81
64	0.96	1.14	0.76	1.17	0.83	0.96	1.07	1.33	1.43	0.85	0.36	0.30	1.49	0.85	0.98	1.10	0.83
65	0.90	0.98	1.01	0.95	0.82	1.18	1.03	1.40	1.30	0.78	0.22	0.28	1.14	0.78	0.84	0.94	0.92
66	1.01	0.85	1.00	0.83	0.85	1.14	1.09	1.31	1.20	0.67	0.25	0.47	0.98	0.80	0.78	0.77	0.75
67	0.98	0.84	1.11	0.92	0.87	1.18	1.11	1.22	1.10	1.08	0.89	0.52	1.16	0.72	0.96	0.93	0.74
68	0.96	0.94	0.97	0.88	0.88	1.30	1.11	1.17	1.21	1.06	1.50	0.95	0.92	0.85	0.83	0.93	0.77
69	0.97	1.09	0.75	1.30	0.90	0.95	1.03	1.40	1.51	1.37	1.08	0.76	1.86	0.70	1.25	0.77	1.02
70	1.10	1.46	1.23	1.30	1.33	1.09	1.21	1.46	1.25	1.38	1.12	0.48	1.86	0.81	1.34	0.93	1.09
71	1.06	1.14	0.67	1.28	0.89	1.25	1.09	1.56	1.25	1.13	0.79	0.53	1.46	0.91	1.39	0.94	1.29
72	1.21	1.24	0.88	1.13	0.78	1.25	0.90	1.13	1.28	1.03	1.04	0.26	1.26	0.91	1.18	0.95	1.04
73	1.42	0.94	0.99	1.00	0.88	1.16	1.29	1.27	1.18	0.94	0.69	0.40	1.21	0.86	1.11	0.73	1.03
74	0.88	1.08	1.63	0.89	0.92	1.05	1.27	1.34	1.27	1.08	0.94	0.58	1.29	0.79	1.05	0.87	0.97
75	0.94	1.16	0.89	0.91	0.85	1.21	0.93	1.10	1.32	0.94	0.92	0.47	1.00	0.96	1.03	0.77	0.98
76	0.90	1.82	0.86	1.24	0.93	1.04	1.61	1.27	1.08	0.88	1.92	0.89	0.80	1.58	1.51	1.01	1.02
77	1.05	1.78	0.89	1.41	0.86	1.17	1.43	1.29	1.17	0.70	1.24	0.80	0.76	1.38	1.62	0.99	1.21
78	1.02	1.37	0.84	1.18	0.74	1.13	1.66	1.35	1.22	0.95	0.98	1.03	0.72	1.23	1.47	0.90	1.09

FIGURE 13 CONTINUED

PEPTIDE	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	14	15	16	17	18
79	0.96	0.85	0.80	0.85	1.33	1.21	0.93	1.08	0.81	0.78	1.26	1.17	1.13	0.96	0.86	1.05	1.00
80	0.95	0.90	0.87	0.81	0.60	1.12	0.91	1.21	0.93	0.77	1.27	1.20	1.07	0.69	1.16	1.02	0.94
81	0.95	0.87	0.75	0.73	0.85	1.08	1.06	1.02	1.01	0.80	1.04	1.18	0.91	1.01	1.16	1.06	1.04
82	1.00	1.04	0.78	0.65	0.72	0.83	1.03	1.05	1.00	0.83	1.07	1.05	0.81	0.88	1.16	1.15	1.01
83	0.90	1.17	0.83	0.80	0.94	0.92	0.95	1.03	0.86	1.00	1.22	1.06	0.92	1.25	1.07	1.03	1.02
84	1.32	0.83	0.80	0.99	1.08	1.19	0.98	1.07	0.82	1.00	0.93	1.24	0.99	1.66	1.03	1.37	1.15
85	0.81	0.80	0.73	0.95	1.04	1.18	0.90	1.23	0.79	0.85	1.07	1.17	1.52	2.07	1.48	1.23	1.28
86	0.95	0.90	0.79	0.86	0.90	1.30	1.38	1.23	0.86	0.81	1.00	1.24	0.93	1.45	1.38	1.08	1.33
87	0.99	0.71	0.70	0.73	1.17	1.07	1.16	1.10	0.77	0.92	0.95	1.40	1.06	1.16	1.17	1.33	1.26
88	0.93	0.84	0.88	0.84	0.62	0.89	1.24	0.95	0.89	0.76	1.13	1.36	0.81	1.06	2.22	1.13	1.18
89	0.90	0.86	0.67	0.87	1.00	1.11	1.23	1.05	0.89	0.88	1.20	1.21	0.93	1.13	1.47	1.20	1.49
90	1.16	0.99	0.84	0.85	1.23	1.17	1.14	1.46	0.83	0.74	0.88	1.20	0.99	1.01	1.76	1.10	1.10
91	1.50	1.13	0.87	0.74	1.63	0.90	1.46	0.85	0.85	1.07	0.76	0.89	0.58	1.50	1.56	0.93	0.76
92	1.01	1.85	0.79	0.76	1.58	1.36	1.45	1.20	0.97	1.26	0.79	1.41	0.82	1.62	1.04	0.93	0.92
93	1.08	1.67	0.95	0.67	1.42	1.10	1.28	1.27	1.08	0.85	0.79	1.22	0.78	1.18	1.09	0.98	0.95
94	0.94	1.05	1.02	0.82	1.17	1.87	1.20	1.13	0.89	1.10	0.86	1.17	0.79	1.21	0.87	0.88	0.83
95	1.03	1.05	0.93	0.92	1.11	0.94	1.15	1.09	0.97	0.99	0.96	1.21	0.66	1.05	0.75	1.02	0.96
96	0.84	3.86	0.92	0.88	1.22	1.12	1.03	1.08	0.94	0.92	0.98	0.98	0.57	0.88	1.10	1.00	0.93
97	0.92	1.53	0.88	1.07	1.15	0.94	0.98	1.16	0.86	0.94	1.04	1.01	0.77	1.15	0.84	1.05	1.08
98	0.91	0.94	1.02	1.00	1.22	1.05	1.11	1.43	0.93	0.97	1.11	1.03	0.94	1.03	0.95	1.03	1.05
99	1.34	1.36	0.91	0.63	1.37	0.96	1.16	0.85	0.71	1.25	0.99	1.15	0.67	1.56	1.39	0.95	0.79
100	2.20	1.27	0.83	0.75	1.14	0.99	1.40	0.97	1.03	1.18	1.11	1.33	0.79	1.95	1.10	1.10	0.86
101	1.34	1.26	0.99	0.84	1.38	0.94	1.46	1.24	1.24	1.34	1.22	1.73	0.78	1.27	1.12	1.13	0.96
102	1.17	0.60	0.77	0.64	0.61	0.79	1.22	1.06	0.89	1.01	1.08	1.05	0.69	1.74	0.72	1.02	0.83
103	0.94	1.09	0.75	0.95	1.06	0.77	1.02	1.34	0.97	0.97	1.31	1.23	0.74	1.27	0.78	1.12	1.01
104	1.18	0.97	0.80	0.90	1.14	0.97	1.10	1.28	0.93	0.88	1.07	1.08	0.83	1.13	1.26	1.20	1.00

FIGURE 13 CONTINUED

PEPTIDE	19	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36
79	0.95	0.96	1.05	0.95	1.10	0.84	1.36	1.13	1.07	1.00	1.34	0.94	1.40	1.12	0.90	1.91	1.39
80	0.86	0.90	0.95	0.96	1.04	0.91	1.31	1.04	1.32	1.01	1.39	0.93	1.39	1.10	1.20	1.75	1.09
81	0.88	0.97	1.02	0.89	1.24	0.80	1.19	0.97	1.13	1.21	1.45	0.94	1.21	1.05	0.85	1.72	1.08
82	0.97	0.76	0.79	0.86	1.11	1.03	1.26	0.96	1.46	1.08	0.85	1.02	1.15	1.00	0.81	1.53	1.13
83	0.85	0.75	0.89	1.30	0.91	1.09	1.14	0.94	1.22	1.06	0.92	1.06	1.02	0.98	1.24	1.26	1.10
84	0.68	1.03	1.06	0.93	1.48	0.88	1.33	1.05	0.95	1.01	1.61	1.18	1.17	1.28	0.89	2.12	0.98
85	0.83	1.01	0.97	1.00	1.53	0.75	1.70	1.20	1.01	1.08	1.80	1.29	1.54	1.28	0.83	2.10	1.33
86	0.82	0.75	0.99	0.99	1.43	0.88	1.57	1.21	1.09	1.09	1.82	1.21	1.50	1.32	0.91	2.36	1.47
87	0.96	0.71	1.06	0.96	1.51	0.85	1.56	1.05	1.04	0.96	1.37	1.02	1.50	1.18	1.07	2.32	1.30
88	1.00	0.88	0.90	0.89	1.36	0.85	1.30	0.99	1.03	1.08	1.69	1.16	1.46	1.00	0.96	2.10	1.59
89	0.90	0.70	0.95	0.79	1.23	0.68	1.37	0.99	0.72	1.12	1.14	1.20	1.65	1.11	1.16	1.92	1.45
90	0.77	1.04	1.00	0.67	1.44	0.79	1.22	0.96	1.09	1.19	1.04	1.09	1.35	1.06	1.07	1.48	1.30
91	0.96	0.82	1.00	1.53	1.06	0.75	0.99	0.96	0.96	0.89	1.29	1.77	1.74	0.83	0.92	1.47	1.11
92	1.11	1.06	0.83	1.53	1.24	0.64	0.84	1.18	1.03	1.08	1.56	1.50	1.81	0.86	1.02	2.60	1.13
93	1.48	0.81	0.88	1.63	1.08	0.77	0.88	0.92	0.94	0.85	1.21	1.37	1.74	0.68	0.93	1.86	0.96
94	1.11	1.04	0.86	2.36	1.07	0.63	0.98	0.96	1.06	1.03	1.47	1.34	1.51	0.81	0.91	2.02	1.12
95	1.29	1.21	0.93	1.68	1.02	0.73	1.15	1.00	1.06	1.08	1.34	1.11	1.89	0.94	1.21	1.85	1.08
96	1.14	1.07	0.89	1.36	0.90	0.72	1.00	0.86	0.99	0.84	1.00	1.04	1.77	0.86	1.08	1.65	1.04
97	1.14	1.30	0.99	1.23	0.75	0.73	1.06	0.83	1.03	0.87	1.09	1.02	1.41	0.98	1.06	1.26	1.23
98	1.34	1.21	1.09	1.16	0.95	0.91	1.05	0.71	0.92	1.33	1.20	1.21	1.43	1.04	1.17	1.09	1.24
99	0.91	0.86	0.84	1.22	1.50	0.72	0.74	1.13	0.81	1.32	1.89	1.53	1.61	0.85	0.84	1.46	1.11
100	1.18	0.87	0.94	1.42	1.41	0.82	1.02	1.08	0.85	0.99	3.00	1.34	1.84	0.93	0.73	2.07	1.72
101	0.98	1.00	1.00	1.37	1.38	0.90	1.14	1.25	0.79	0.95	1.76	1.25	2.15	1.05	0.82	1.84	1.65
102	1.09	0.89	0.79	1.33	1.20	0.85	1.02	1.02	0.88	0.80	1.14	1.18	2.21	0.92	0.86	1.85	1.22
103	1.22	1.24	1.15	1.24	1.23	0.82	1.14	1.18	0.96	0.80	0.90	1.19	1.85	1.01	0.88	1.51	1.08
104	1.14	0.98	0.97	1.16	1.33	0.93	1.38	0.79	0.85	0.86	1.04	1.02	1.96	1.11	0.93	1.33	1.15

FIGURE 13 CONTINUED

PEPTIDE	37	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54
79	1.07	1.38	1.08	1.04	0.70	1.23	1.47	1.24	1.06	0.83	0.90	0.79	0.69	1.13	1.55	0.90	0.98
80	1.17	1.44	0.98	1.05	0.86	1.13	1.38	1.23	1.11	0.85	0.76	0.98	0.70	1.13	1.40	0.97	1.12
81	1.14	1.18	1.15	0.98	0.78	1.14	1.46	1.25	0.92	0.84	0.75	1.33	0.60	1.08	1.73	0.83	1.06
82	1.08	1.11	1.19	0.90	0.74	1.36	1.20	1.09	0.94	0.90	0.58	1.23	0.73	1.00	1.32	1.00	1.02
83	1.10	1.22	1.30	1.02	0.93	1.31	1.13	1.03	1.24	0.80	0.84	1.35	0.84	0.88	1.03	0.83	1.05
84	0.81	1.49	0.81	1.15	0.97	1.09	1.25	1.39	1.08	1.15	2.31	1.27	0.84	1.45	1.57	1.05	1.23
85	0.88	1.86	0.89	1.27	0.78	1.06	1.39	1.20	1.35	1.20	1.51	1.43	0.79	1.44	1.26	1.16	1.23
86	0.98	1.76	1.04	1.15	0.82	1.13	1.28	1.27	1.47	1.26	0.98	1.48	0.87	1.38	1.19	1.19	1.39
87	1.00	1.39	0.90	1.11	0.83	1.05	1.43	1.16	1.31	1.32	0.90	1.11	0.85	1.37	1.22	1.18	1.33
88	1.03	1.58	0.83	0.97	0.86	1.00	1.29	1.16	1.28	1.21	0.84	1.21	1.45	1.05	1.13	1.08	1.26
89	1.15	1.64	0.98	1.02	0.89	1.02	1.16	1.11	1.15	1.38	0.91	0.93	1.01	1.26	1.42	1.01	1.34
90	1.02	1.25	0.88	0.95	0.95	0.93	1.10	0.94	1.18	1.08	0.74	1.85	0.77	0.98	1.29	0.97	1.19
91	0.93	0.69	1.22	1.19	1.50	1.21	1.49	1.17	0.70	0.49	1.47	0.44	0.89	1.25	1.19	1.00	1.22
92	0.85	0.86	1.30	1.11	1.35	1.20	1.69	1.47	0.86	0.72	1.14	0.71	1.28	1.04	1.44	1.10	1.15
93	0.93	1.03	1.23	0.97	1.10	1.11	1.14	1.32	0.76	1.04	1.10	0.72	0.97	1.13	1.02	0.97	0.98
94	0.90	0.90	1.78	1.08	1.16	1.08	1.16	1.44	0.83	0.90	0.79	0.48	0.93	1.39	1.07	0.93	1.03
95	1.17	1.18	1.86	1.05	1.06	1.18	1.14	1.14	0.80	0.52	0.83	0.62	0.87	0.99	1.04	0.93	1.23
96	1.03	1.00	1.28	0.99	0.97	1.12	1.13	1.08	0.65	0.76	0.74	0.45	0.77	0.82	1.10	0.90	1.03
97	1.08	1.02	1.75	0.82	0.98	1.18	1.03	1.24	0.85	0.67	0.87	0.90	0.97	0.83	1.02	0.80	0.98
98	1.09	0.85	1.48	0.84	1.21	1.08	1.00	1.00	0.89	0.48	1.11	0.53	0.95	0.89	0.95	0.94	0.87
99	0.89	0.70	0.92	1.22	1.61	1.07	1.46	1.21	0.90	0.52	1.29	0.82	0.87	1.59	1.59	1.11	1.16
100	1.09	0.72	1.09	1.40	1.45	1.10	1.51	1.28	0.98	0.65	0.94	0.76	0.84	1.61	1.50	1.13	1.35
101	1.05	1.19	1.12	1.26	1.26	1.25	1.20	1.52	1.13	0.74	0.67	0.52	1.04	1.77	1.30	1.11	1.21
102	1.06	0.86	1.03	1.03	1.41	1.20	1.38	1.19	0.87	0.62	0.69	1.10	0.93	1.41	1.09	1.03	1.29
103	1.18	1.17	0.86	1.02	1.10	1.02	1.24	1.32	0.99	0.77	0.72	0.57	0.96	1.16	1.13	1.21	1.14
104	1.08	0.95	1.32	1.09	1.25	1.19	1.27	1.07	1.14	0.69	0.63	0.56	0.97	1.25	1.33	1.30	1.16

FIGURE 13 CONTINUED

PEPTIDE	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	14	15	16	17	18
105	1.14	0.99	0.92	0.98	0.95	0.92	1.26	0.99	0.95	1.06	1.31	0.98	0.75	1.13	1.19	1.11	1.13
106	1.18	0.83	1.07	0.74	1.48	1.20	0.78	0.82	0.96	1.34	0.94	0.91	1.01	1.31	1.12	0.93	0.82
107	1.23	0.58	0.91	0.76	1.36	1.06	0.79	0.71	0.97	1.30	1.07	1.13	0.83	1.35	1.24	0.94	0.67
108	1.12	0.64	1.02	0.81	1.34	1.54	0.85	1.19	0.91	1.10	0.91	1.28	1.04	1.48	0.76	0.97	0.68
109	1.20	4.64	0.99	0.87	1.12	1.34	0.86	1.06	0.88	1.13	1.09	1.11	1.01	1.19	1.17	0.80	0.65
110	0.93	3.85	1.20	0.83	1.39	1.27	0.88	1.29	0.83	1.19	0.91	1.10	1.05	1.06	1.19	1.00	0.62
111	0.91	0.93	1.19	0.78	0.96	0.94	0.80	1.06	0.78	1.03	1.11	0.98	1.02	0.95	0.96	0.96	0.84
112	0.99	1.49	1.05	0.91	1.01	1.08	0.69	1.07	0.82	1.03	1.00	1.21	1.06	1.13	1.06	1.02	0.83
113	1.25	0.97	1.04	0.79	0.98	1.02	0.86	1.11	1.04	1.06	1.02	1.25	1.13	0.82	1.07	0.98	0.90
114	1.11	0.99	1.01	0.99	1.45	1.31	0.93	0.54	0.93	1.22	0.84	0.93	1.28	1.65	0.87	0.92	0.77
115	1.36	1.30	1.01	0.98	1.32	1.39	1.04	0.96	1.27	1.11	0.86	1.16	1.06	1.68	1.24	0.92	0.66
116	1.42	0.47	0.92	0.82	1.40	1.27	1.17	1.18	0.98	1.31	0.82	1.23	0.92	2.16	0.91	0.95	0.82
117	1.23	0.86	1.02	0.75	1.03	1.13	1.18	0.92	1.19	1.26	0.87	1.08	1.58	1.40	1.09	0.89	0.75
118	0.90	0.72	0.98	0.97	1.24	1.01	0.98	1.04	0.99	1.06	0.90	1.20	1.21	1.27	1.05	1.11	0.84
119	1.23	0.95	1.10	0.92	1.16	0.92	1.08	1.23	1.06	1.04	0.86	1.16	1.24	1.17	1.04	0.97	0.86
120	1.16	1.00	1.10	1.03	1.18	1.00	1.05	1.18	1.34	1.22	1.11	1.10	1.31	1.03	1.00	1.06	0.98
121	1.25	1.51	0.60	0.66	1.04	0.93	1.42	0.52	1.01	0.70	0.70	1.23	0.93	1.22	1.25	1.48	0.78
122	1.16	1.64	0.53	0.96	1.28	0.84	1.20	0.58	0.96	0.74	0.67	1.21	0.93	1.13	1.20	1.51	0.77
123	1.12	1.30	0.68	0.82	0.95	1.27	1.20	0.68	0.98	0.88	0.85	1.37	0.84	1.08	0.97	1.40	0.74
124	1.29	1.34	0.67	0.89	0.91	1.12	1.09	0.79	0.93	0.78	0.94	1.24	0.71	1.01	1.11	1.33	0.73
125	0.82	1.61	0.71	0.87	0.99	1.04	0.95	0.74	0.90	0.85	0.94	1.20	0.70	0.91	1.25	1.45	0.71
126	0.74	1.34	0.70	0.88	1.18	1.07	1.26	0.73	0.88	0.70	0.85	0.99	0.65	0.84	0.81	1.49	0.81
127	0.86	0.90	0.71	0.96	1.05	0.95	0.99	0.73	0.86	0.85	0.86	1.09	0.66	0.83	1.20	1.16	0.78
128	0.97	1.18	0.82	0.84	1.05	0.81	0.92	0.73	1.26	0.91	1.10	1.20	0.78	0.62	0.98	1.04	0.80
129	1.12	1.17	0.81	0.57	0.99	0.78	1.06	0.32	1.37	0.93	0.81	1.02	0.82	1.20	1.02	1.34	0.74
130	1.23	1.35	0.91	0.73	0.97	0.86	1.00	0.53	1.30	0.80	0.85	1.00	0.79	1.20	0.93	1.39	0.94

FIGURE 13 CONTINUED

PEPTIDE	19	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36
105	1.11	0.99	1.12	1.19	1.19	0.93	1.17	1.15	1.01	0.85	0.96	1.06	1.56	1.39	0.95	1.05	1.31
106	0.91	0.70	0.74	1.02	1.00	0.85	0.98	1.32	1.37	1.13	1.25	0.80	0.97	0.85	0.73	1.10	1.83
107	1.10	0.84	0.74	0.96	0.94	0.81	1.07	1.07	1.44	1.02	1.59	0.72	1.09	0.78	0.68	0.95	1.46
108	1.06	1.00	0.68	1.02	1.47	0.76	0.98	1.18	1.36	1.27	1.56	0.91	1.13	0.89	0.86	1.09	1.61
109	1.19	0.75	0.68	1.40	1.05	0.96	1.08	1.22	1.61	0.89	1.10	1.35	1.18	0.90	0.89	1.13	0.98
110	1.02	1.04	0.72	1.10	1.10	0.79	0.98	1.05	1.44	1.05	1.51	1.08	1.07	0.86	0.96	1.14	1.11
111	0.94	0.93	0.79	1.06	0.73	1.04	1.03	0.94	1.23	0.78	1.21	1.04	0.98	1.02	0.96	0.95	1.39
112	0.93	0.88	0.85	0.79	1.02	0.97	1.07	1.07	1.35	0.90	1.37	0.90	0.94	0.93	1.11	0.71	1.54
113	0.76	0.92	0.87	0.71	0.88	1.06	1.06	0.99	1.24	0.92	1.29	0.93	0.90	0.86	1.11	0.58	1.17
114	0.67	0.74	0.72	1.01	1.20	0.64	0.71	1.13	1.05	1.12	1.14	0.76	1.02	0.82	0.76	0.96	1.59
115	0.81	0.91	0.69	1.14	1.20	0.75	1.16	1.47	1.22	0.94	1.44	0.82	1.28	0.99	0.69	1.31	1.97
116	0.86	0.82	0.79	1.00	1.11	0.76	1.12	1.41	1.36	1.28	1.13	0.94	1.51	0.97	0.77	1.37	1.56
117	0.67	0.77	0.79	1.05	1.37	0.82	1.15	1.30	0.90	1.09	1.18	0.92	1.24	0.90	0.91	1.29	1.83
118	0.85	0.89	0.84	0.89	1.46	0.65	1.16	1.04	1.17	1.13	1.08	0.92	1.19	1.01	0.83	1.14	1.49
119	0.80	1.01	0.94	0.94	0.92	0.64	0.84	1.09	1.00	1.15	1.13	0.94	1.08	1.11	0.78	1.25	1.93
120	1.20	0.84	0.92	0.80	1.15	0.79	1.26	1.11	1.24	1.14	1.10	1.03	1.20	1.26	1.09	0.96	1.47
121	0.79	0.88	0.75	0.58	0.82	0.51	1.00	0.91	0.90	0.91	1.99	1.00	0.74	0.73	0.97	1.85	1.32
122	0.83	0.92	0.79	0.69	0.84	0.64	1.08	1.15	1.08	1.00	2.31	0.94	0.84	0.85	0.86	1.53	1.38
123	1.07	0.86	0.85	0.72	0.88	0.73	1.09	1.21	1.27	0.81	1.74	0.91	1.10	0.90	1.08	2.05	1.41
124	1.15	0.83	0.74	0.65	0.78	0.62	1.21	1.18	1.25	0.75	1.51	0.80	1.15	0.88	1.27	1.71	1.33
125	1.02	0.99	0.78	0.70	0.78	0.65	1.14	1.04	1.28	0.79	1.44	0.90	1.04	0.99	1.00	1.69	1.48
126	0.95	0.87	0.75	0.60	0.89	0.74	1.04	1.05	1.01	0.72	0.88	0.95	1.05	0.99	1.04	1.58	1.25
127	0.92	1.08	0.77	0.59	0.97	0.82	1.11	1.11	1.06	0.76	1.07	0.80	1.20	0.91	1.21	1.32	1.12
128	0.82	1.17	0.92	0.52	0.79	0.92	1.27	1.03	1.11	0.71	1.12	0.96	1.07	0.87	1.14	1.29	0.78
129	0.90	0.65	0.83	0.57	0.74	0.71	0.91	1.19	1.65	0.65	1.05	1.28	0.83	0.89	0.88	1.39	0.93
130	1.16	0.71	0.84	0.72	0.85	0.77	1.06	1.35	1.71	0.83	0.71	1.07	1.01	0.82	0.90	1.97	1.18

PEPTIDE	37	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54
105	1.23	1.15	1.09	0.98	1.24	1.10	1.05	1.26	0.93	0.61	0.59	0.47	0.97	1.23	1.12	1.09	1.07

FIGURE 13 CONTINUED

PEPTIDE	37	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54
106	0.72	0.75	0.95	1.32	0.90	1.50	1.09	1.04	0.78	1.71	1.09	0.66	1.22	0.76	1.03	1.38	0.61
107	0.76	0.74	1.08	1.04	1.07	1.79	0.88	1.22	0.80	1.51	0.79	0.82	1.17	0.73	1.12	1.38	0.74
108	0.74	0.97	1.37	1.07	1.05	1.37	1.01	1.11	0.88	1.37	0.67	0.83	1.03	0.86	1.27	1.26	0.67
109	0.79	1.07	1.02	1.03	0.88	1.49	0.92	1.22	0.93	1.57	0.68	0.61	1.01	0.95	1.09	1.20	0.73
110	0.73	1.04	1.12	0.93	0.94	1.60	1.04	1.18	0.96	1.14	0.65	0.93	1.17	0.90	1.17	1.61	0.72
111	0.76	0.95	0.91	0.95	0.93	1.29	0.95	1.08	0.84	0.96	0.55	0.62	0.96	0.83	1.04	1.00	0.80
112	0.94	1.03	1.24	0.96	1.13	1.24	0.83	0.95	1.01	1.01	0.74	0.70	0.87	0.75	1.06	0.88	0.80
113	0.93	0.73	0.98	0.85	1.14	1.16	1.06	1.12	0.89	1.23	0.58	0.49	1.10	0.77	1.10	0.90	0.76
114	0.74	0.64	1.02	1.27	0.97	1.29	0.76	1.24	0.90	1.79	1.03	0.65	1.43	0.76	1.11	1.20	0.75
115	0.96	1.12	0.97	1.70	0.91	1.44	1.08	1.35	1.09	1.89	0.87	0.97	1.22	1.01	1.31	1.35	0.90
116	0.93	1.07	0.94	1.41	1.11	1.39	0.86	1.09	1.01	1.66	0.71	1.68	1.36	1.08	1.17	1.38	1.02
117	0.98	1.06	1.12	1.22	0.99	1.43	0.86	1.21	1.22	1.41	0.73	0.87	1.18	0.97	1.05	1.20	1.06
118	0.90	1.12	1.03	1.01	0.95	1.20	1.00	1.27	1.14	1.36	0.67	0.67	1.04	1.07	1.16	1.20	0.87
119	0.99	1.33	1.15	1.02	1.23	1.28	1.16	1.25	1.19	2.08	0.81	1.79	1.26	0.95	1.22	1.35	0.97
120	1.12	1.44	1.28	1.12	1.12	1.12	0.89	1.19	1.12	1.23	0.77	1.24	1.05	1.17	1.13	1.04	1.13
121	0.68	0.18	1.17	0.53	1.49	0.86	1.66	2.07	1.29	0.54	1.30	0.53	1.49	0.70	0.60	0.70	0.56
122	0.84	0.16	0.95	0.62	1.36	0.92	1.64	2.09	1.05	0.58	1.02	0.62	1.08	0.68	0.59	0.70	0.86
123	0.91	0.18	0.96	0.58	1.11	1.02	1.73	1.52	0.96	0.64	1.04	0.57	0.81	0.85	0.47	0.72	0.90
124	0.86	0.17	0.67	0.54	1.02	1.01	1.42	1.27	1.00	0.62	0.75	0.61	0.84	0.86	0.45	0.62	1.01
125	0.79	0.17	0.71	0.61	0.93	1.17	1.31	1.43	0.93	0.59	1.03	0.77	0.89	0.83	0.47	0.69	1.02
126	0.84	0.21	0.62	0.66	1.01	1.04	1.08	1.15	0.68	0.57	0.58	0.72	0.65	0.72	0.51	0.65	1.02
127	0.87	0.15	0.95	0.61	0.91	1.12	1.05	1.27	0.81	0.54	0.46	0.55	0.77	0.65	0.45	0.74	0.88
128	0.92	0.24	1.05	0.58	0.93	0.95	0.90	1.09	0.70	0.59	0.27	0.75	1.06	0.53	0.42	0.74	0.93
129	0.56	0.19	0.81	0.52	1.32	0.77	1.06	1.62	1.26	0.50	1.37	0.93	1.06	1.02	0.36	0.67	0.76
130	0.88	0.19	0.83	0.53	1.19	0.99	1.18	1.42	0.99	0.53	1.36	0.86	0.97	0.98	0.44	0.69	0.92

FIGURE 14

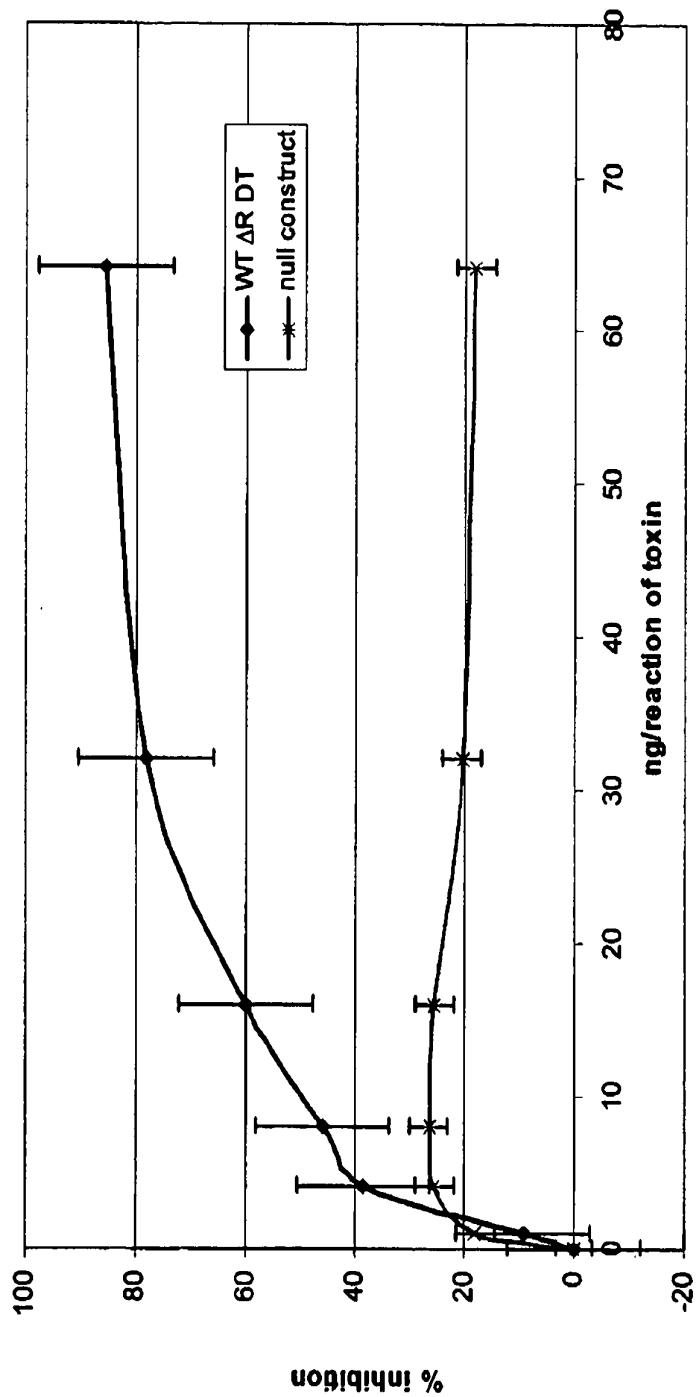


FIGURE 15

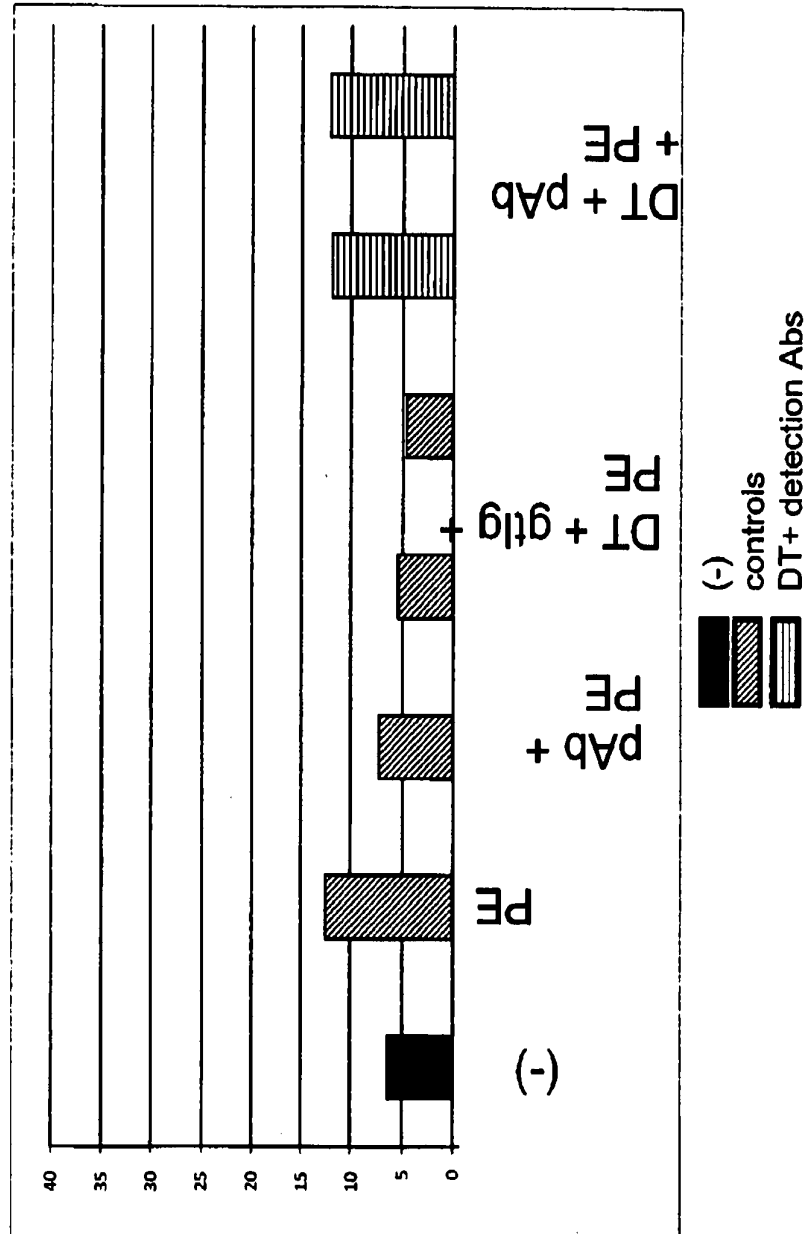


FIGURE 16

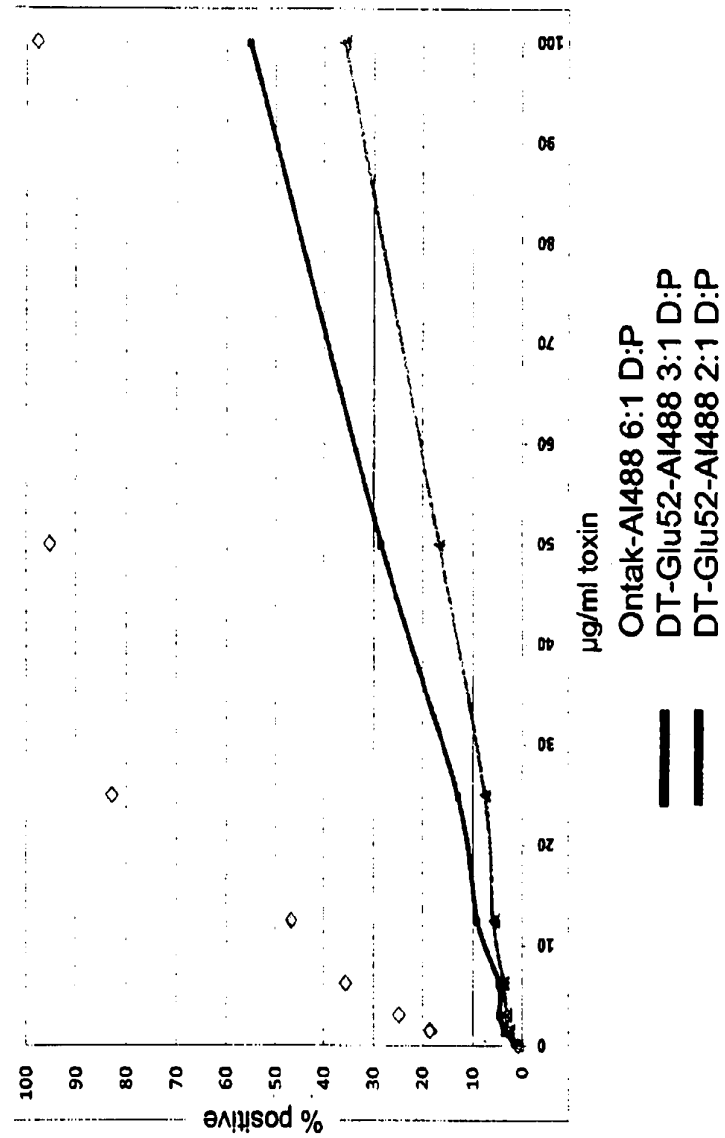


FIGURE 17

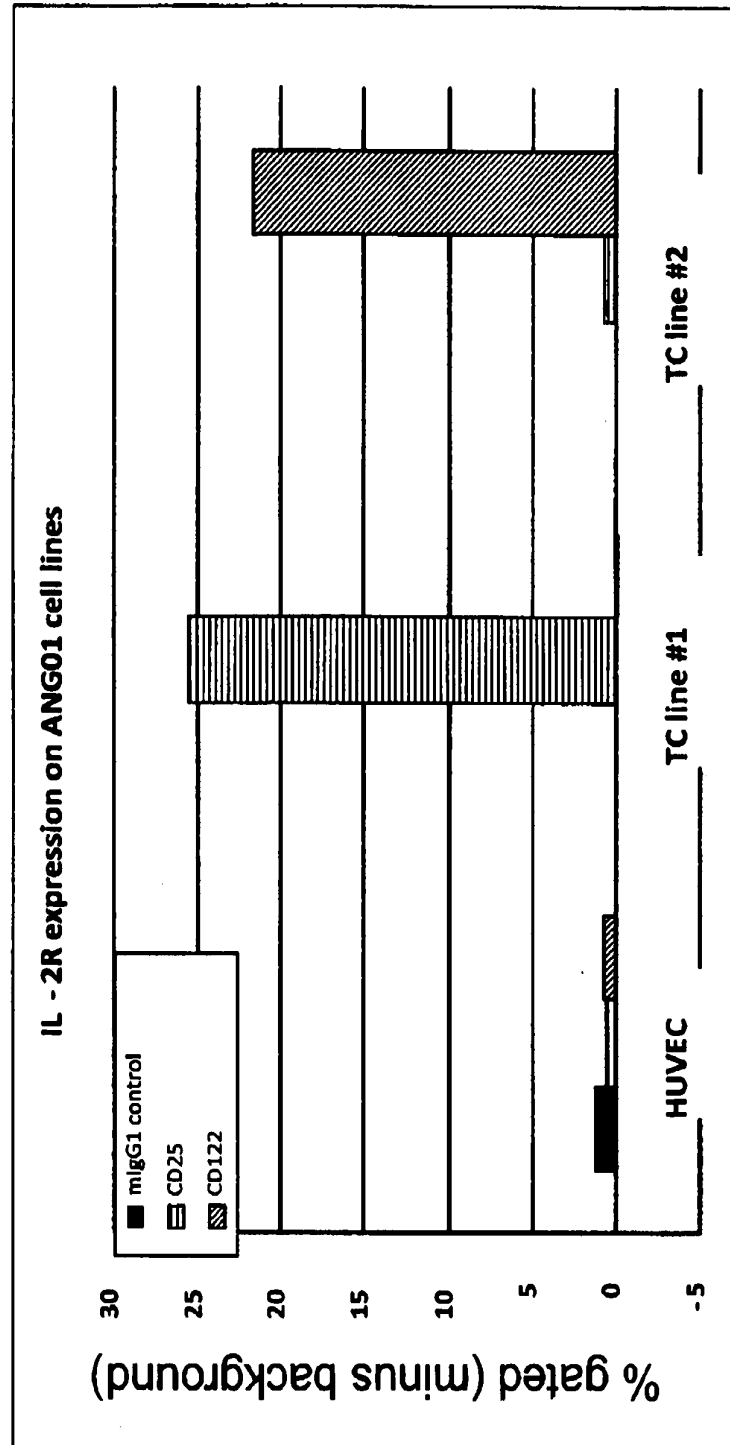


FIGURE 18

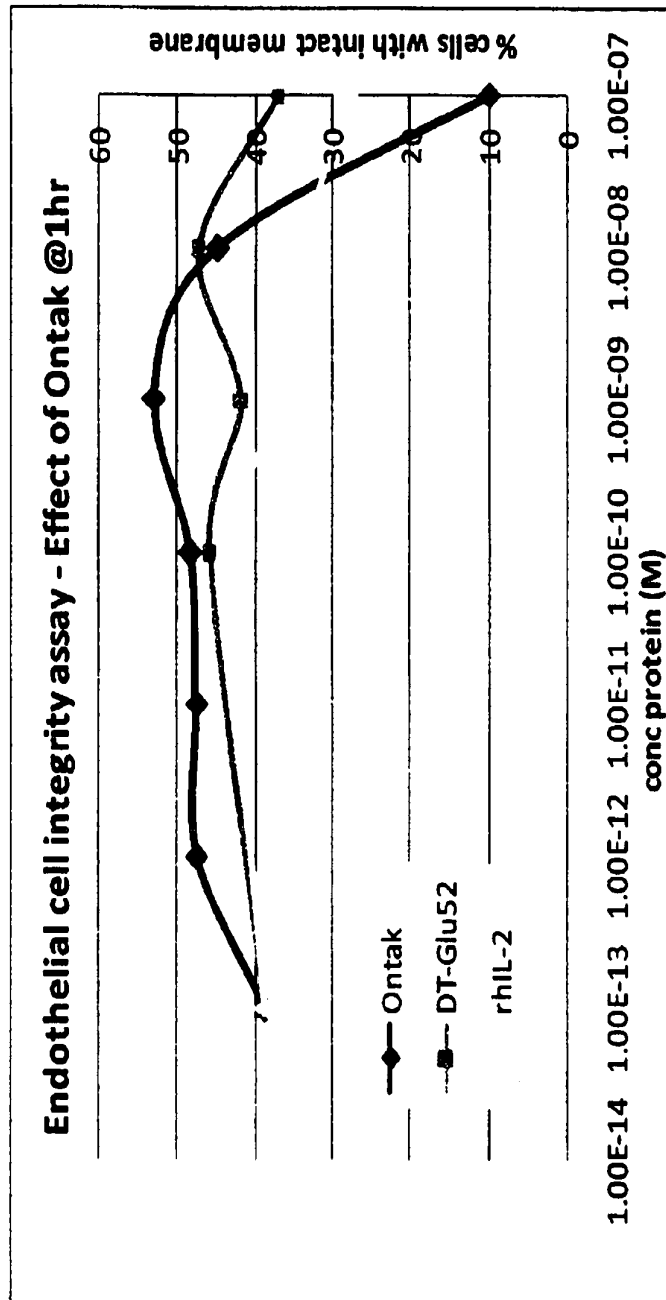


FIGURE 19

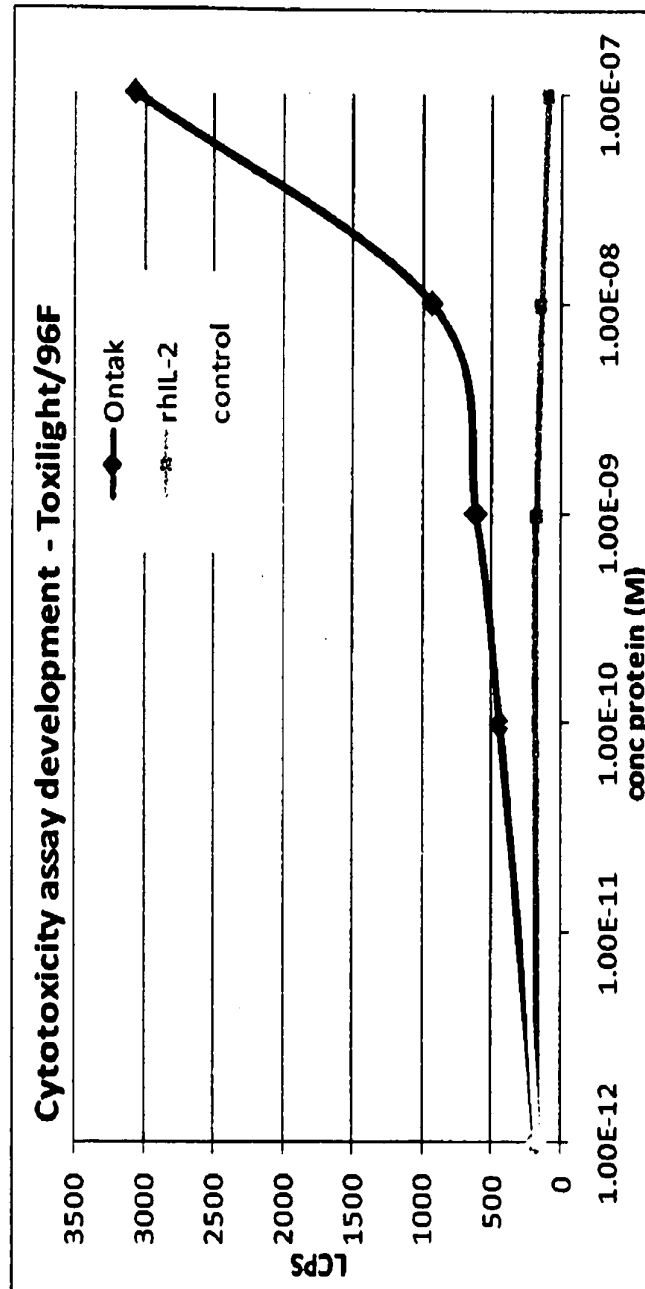


FIGURE 20

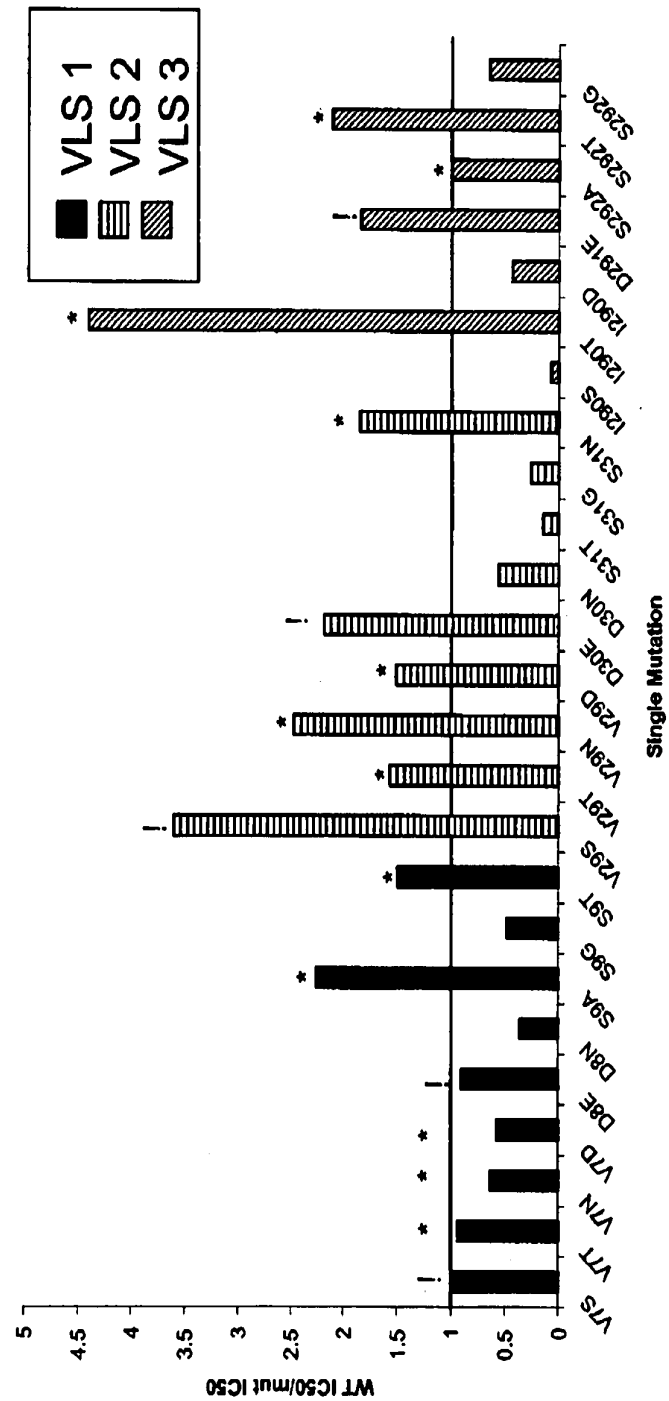


FIGURE 21
Epitope Variants

Epitope	Target Residue	Alternative	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26
1	V7		S	T	N	D																						
2	V97						A	T	D																			
3	L107	L109 (p3)								A	N	A	N															
4	M116	V119 (p4)												A	Q	N	A	T										
5	F124																		A	H	K							
6	V148	II51 (p4)																				A	T					
7	L298																							A	T	G		A
																												N

FIGURE 22
ADP Ribosylation activity relative to WT

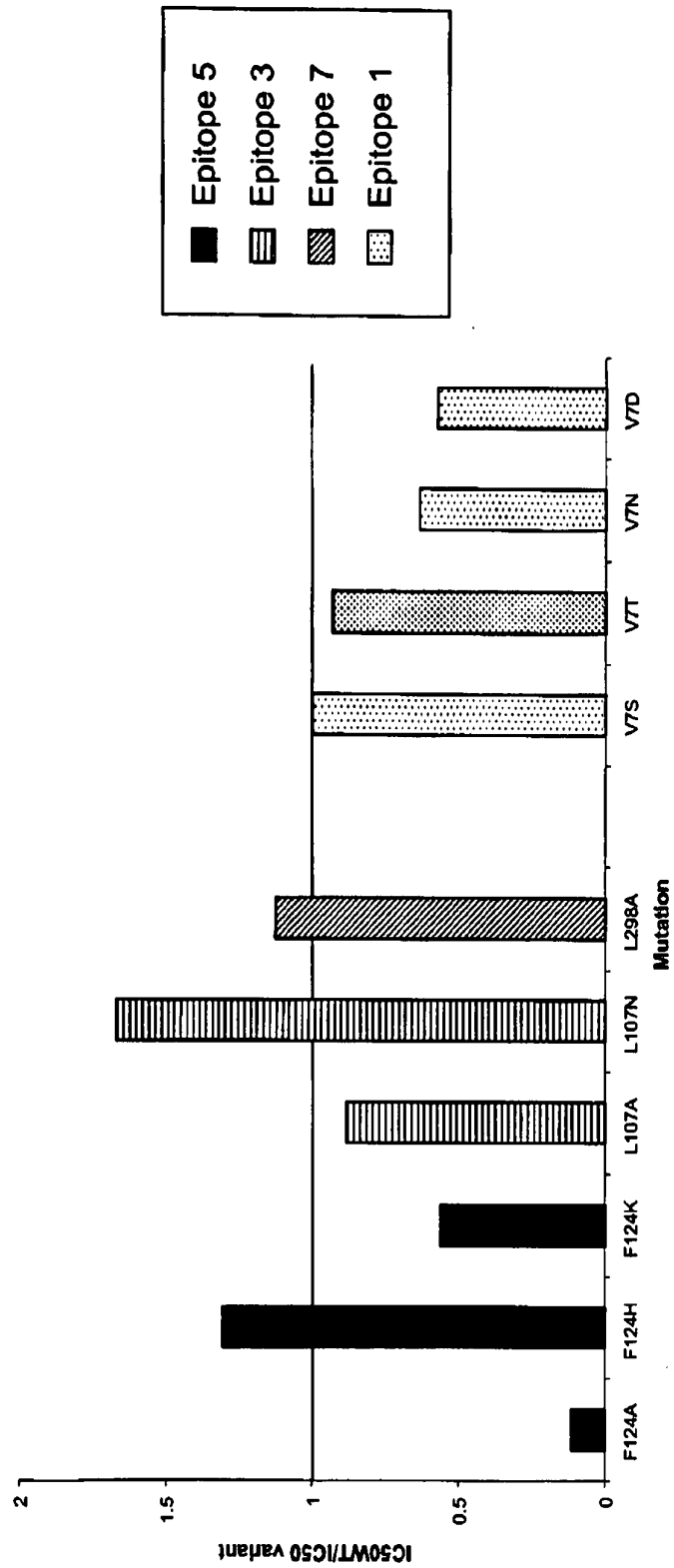


FIGURE 23

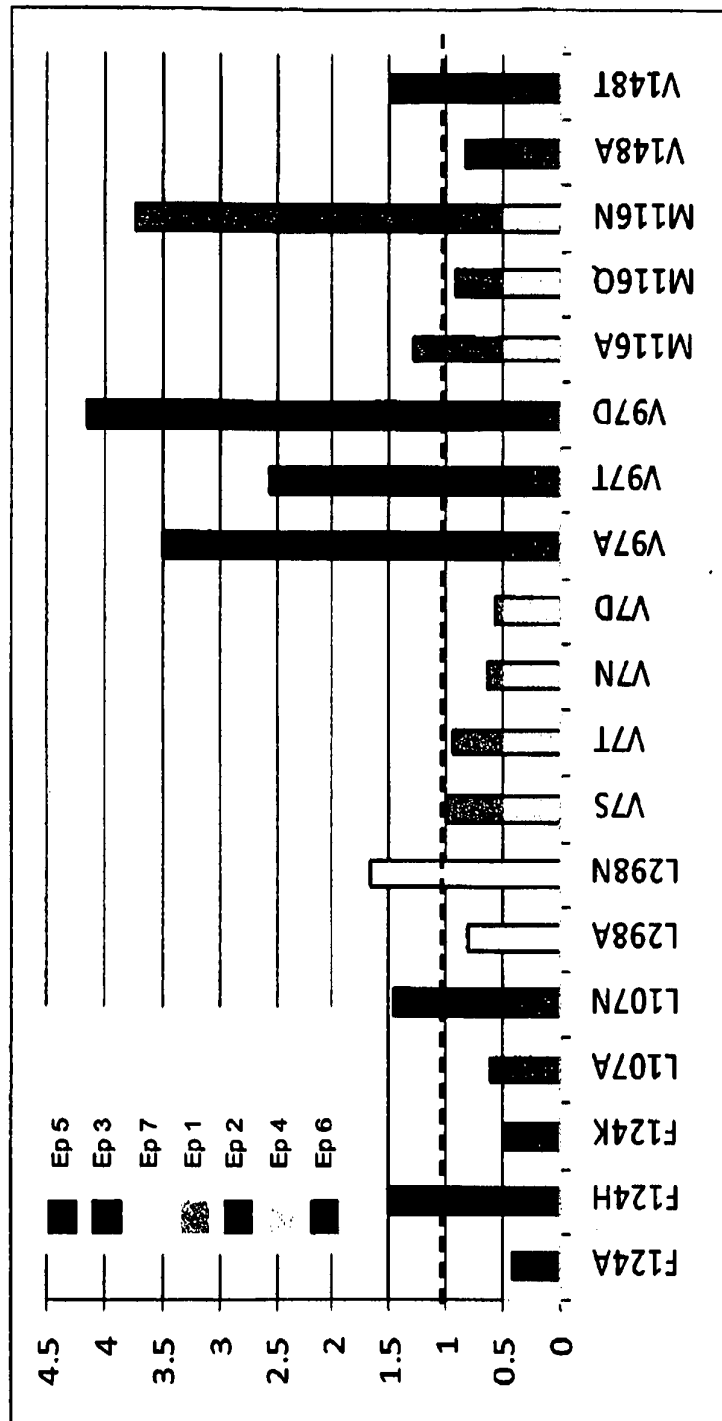


FIGURE 24

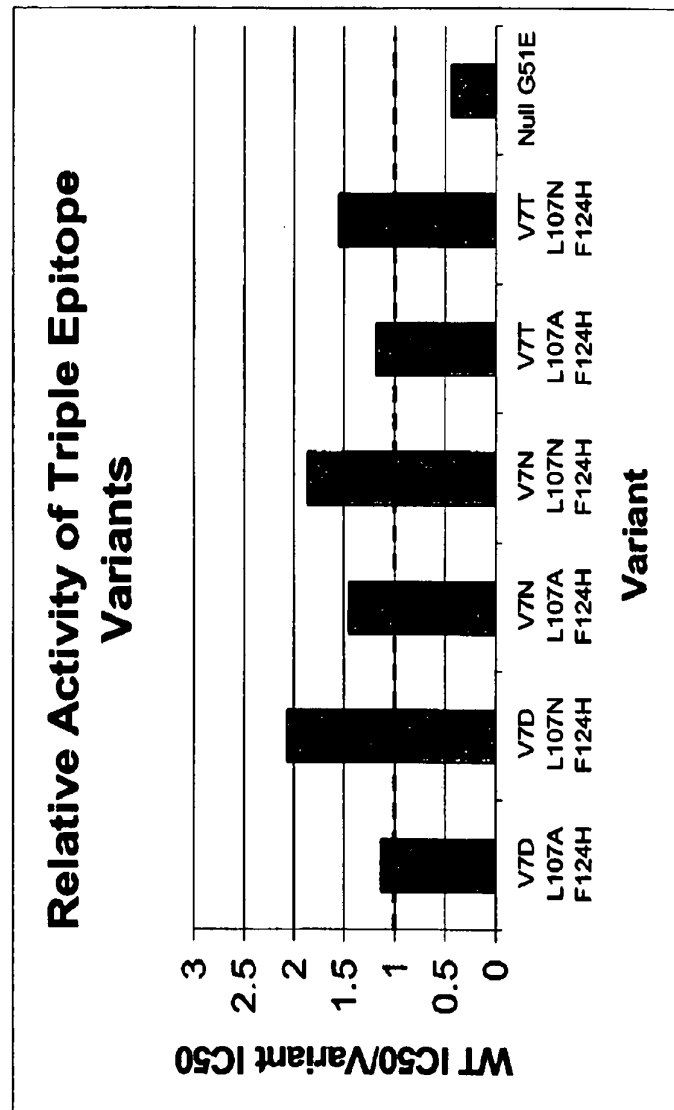


FIGURE 25
Relative activity of VLS triple mutants

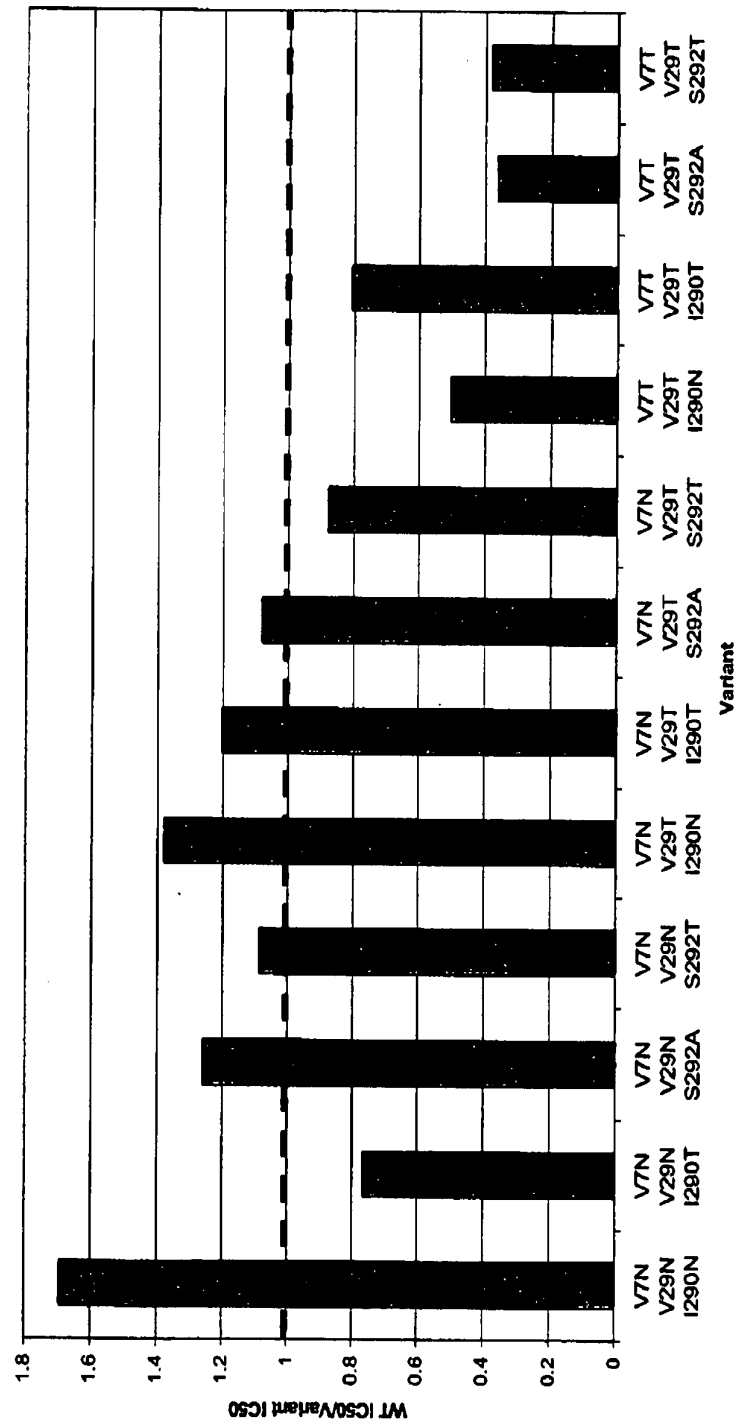


FIGURE 26

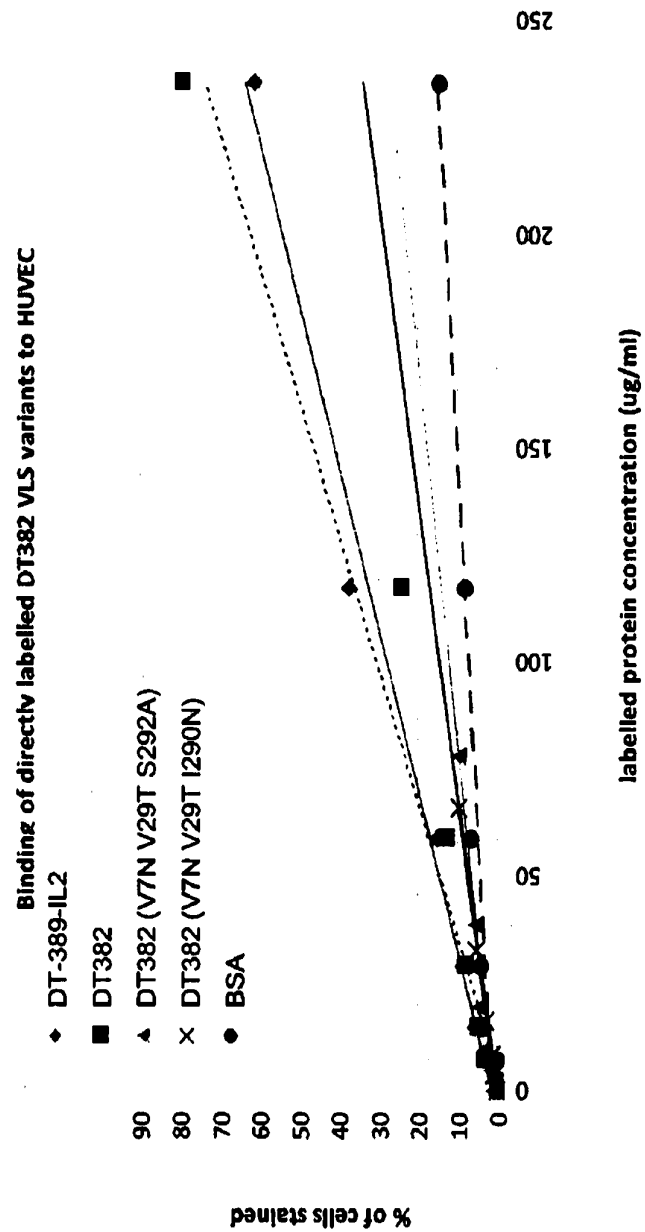


FIGURE 27

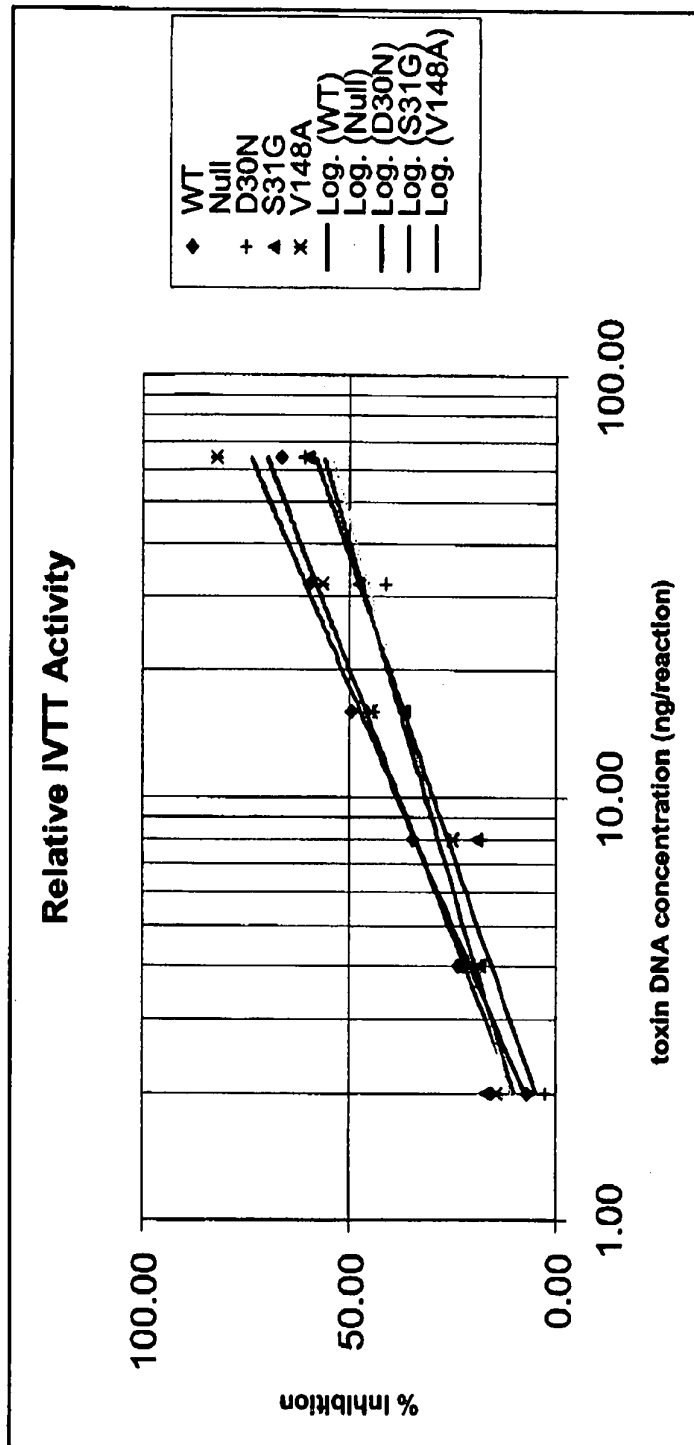


FIGURE 28

MGADDVVDSSKSEVMENFSSYHGTKPGYVDSIQKGIQKPKSGTQQNYDDDDWKGPYSTDN
KYDAAGYSVDNENPLSGKAGGVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPIMEQ
VGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEGSSVEYINNWEQAKALSVLEINFETRCKRGQD
AMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTTKIESLKEHGPIKNKMSESPN
KTVSEEKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNVEAGANYAAAAVNAQVIDSETA
DNLEKTTAALSILPGIGSVMGLADGAVHHNTEEIVAQSIALSSIMVAQAIPLVGELVDI
GEAAYNEVESIINLFQVVHNSYNRPAYSPGHKTQP

FIGURE 29
Relative Activity of Quadruple Epitope Mutants

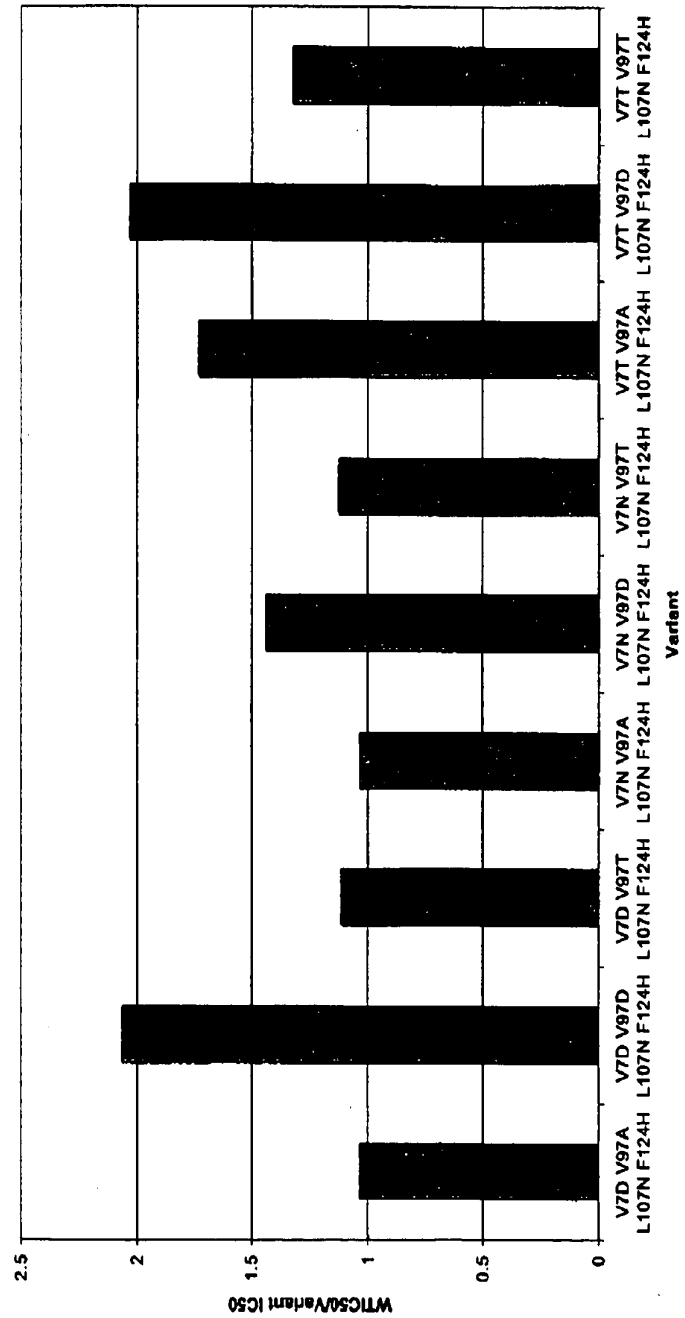


FIGURE 30

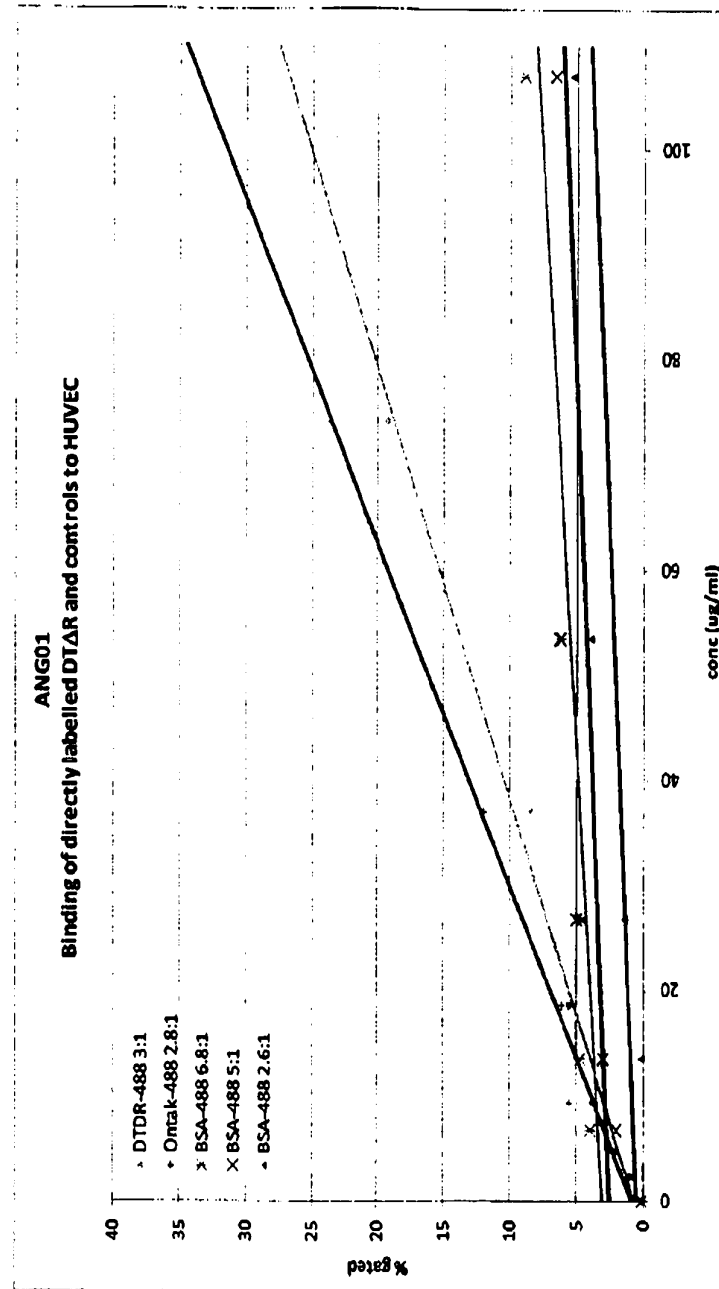


FIGURE 31Diphtheria Toxin-ΔR Amino Acid Sequences**1. DT382-FLAG-His**

MGADDVVDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
 PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
 SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEQACAGNRVRRSVGSSSLSCINLDWDVIRDKTKT
 KIESLKEHGPIKNKMSESPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
 VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
 FVESIINLQVHVNSYNRPAYSELADYKDDDDKGLEHHHHH

2. DT382 (V7S)

MGADDVSDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
 PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
 SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEQACAGNRVRRSVGSSSLSCINLDWDVIRDKTKT
 KIESLKEHGPIKNKMSESPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
 VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
 FVESIINLQVHVNSYNRPAYS

3. DT382 (V7T)

MGADDVTDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
 PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
 SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEQACAGNRVRRSVGSSSLSCINLDWDVIRDKTKT
 KIESLKEHGPIKNKMSESPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
 VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
 FVESIINLQVHVNSYNRPAYS

4. DT382 (V7N)

MGADDVNDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
 PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
 SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEQACAGNRVRRSVGSSSLSCINLDWDVIRDKTKT
 KIESLKEHGPIKNKMSESPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
 VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
 FVESIINLQVHVNSYNRPAYS

FIGURE 31 CONTINUED**5. DT382 (V7D)**

MGADDVDDSSKSFVMENFSSYHGTRPGYVDSIQKGIQPKPGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

6. DT382 (D8E)

MGADDVVSSKSFVMENFSSYHGTRPGYVDSIQKGIQPKPGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

7. DT382 (D8N)

MGADDVVNSSKSFVMENFSSYHGTRPGYVDSIQKGIQPKPGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

8. DT382 (S9A)

MGADDVVDAKSFVMENFSSYHGTRPGYVDSIQKGIQPKPGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

FIGURE 31 CONTINUED

9. DT382 (S9G)

MGADDVVDGSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

10. DT382 (S9T)

MGADDVVDTSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

11. DT382 (V29S)

MGADDVVDSSKSFVMENFSSYHGTPGYSDSIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

12. DT382 (V29T)

MGADDVVDSSKSFVMENFSSYHGTPGYTDSIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

FIGURE 31 CONTINUED**13. DT382 (V29N)**

MGADDVVDSSKSFVMENFSSYHGTPKPGYNDSIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEQACAGNRVRRSVGSSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHNTTEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

14. DT382 (V29D)

MGADDVVDSSKSFVMENFSSYHGTPKPGYDDSIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEQACAGNRVRRSVGSSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHNTTEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

15. DT382 (D30E)

MGADDVVDSSKSFVMENFSSYHGTPKPGYVESIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEQACAGNRVRRSVGSSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHNTTEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

16. DT382 (D30N)

MGADDVVDSSKSFVMENFSSYHGTPKPGYVNSIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEQACAGNRVRRSVGSSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHNTTEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

FIGURE 31 CONTINUED**17. DT382 (S31T)**

MGADDVVDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDTIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHNTTEEIVAQSIALLSMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

18. DT382 (S31G)

MGADDVVDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDGIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHNTTEEIVAQSIALLSMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

19. DT382 (S31N)

MGADDVVDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDNIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHNTTEEIVAQSIALLSMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

20. DT382 (I290S)

MGADDVVDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VSDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHNTTEEIVAQSIALLSMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

FIGURE 31 CONTINUED

21. DT382 (I290T)

MGADDVVDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSV EYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEBKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VTDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINL FQVVHNSYNRPAYS

22. DT382 (I290D)

MGADDVVDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSV EYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEBKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VDDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINL FQVVHNSYNRPAYS

23. DT382 (D291E)

MGADDVVDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSV EYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEBKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIESETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINL FQVVHNSYNRPAYS

24. DT382 (S292A)

MGADDVVDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSV EYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEBKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDAETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINL FQVVHNSYNRPAYS

FIGURE 31 CONTINUED

25. DT382 (S292T)

MGADDVVDSSKSFVMENFSSYHGTPKPGYVDSIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEBKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDTETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

26. DT382 (S292G)

MGADDVVDSSKSFVMENFSSYHGTPKPGYVDSIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEBKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDGETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

27. DT382 (V7N V29N)

MGADDVNDSSKSFVMENFSSYHGTPKPGYNDSIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEBKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

28. DT382 (V7N V29T)

MGADDVNDSSKSFVMENFSSYHGTPKPGYTDSIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEBKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

FIGURE 31 CONTINUED

29. DT382 (V7N V29D)

MGADDVMDSSKSFVMENFSSYHGTPGYYDSIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

30. DT382 (V7T V29N)

MGADDVTDSSKSFVMENFSSYHGTPGYNDSIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

31. DT382 (V7T V29T)

MGADDVTDSSKSFVMENFSSYHGTPGYTDSIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

32. DT382 (V7T V29D)

MGADDVTDSSKSFVMENFSSYHGTPGYYDSIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

FIGURE 31 CONTINUED

33. DT382(V7N V29N I290N)-FLAG-His: Variant 13

MGADDVNDSSKSFVMENFSSYHGTPGYNDSIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VNDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYSELADYKDDDDKGLEHHHHHH

34. DT382(V7N V29N S292A)-FLAG-His: Variant 14

MGADDVNDSSKSFVMENFSSYHGTPGYNDSIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDAETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYSELADYKDDDDKGLEHHHHHH

35. DT382 (V7N V29N S292T)-FLAG-His: Variant 15

MGADDVNDSSKSFVMENFSSYHGTPGYNDSIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDTETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYSELADYKDDDDKGLEHHHHHH

36. DT382(V7N V29T S292T)-FLAG-His: Variant 16

MGADDVNDSSKSFVMENFSSYHGTPGYTDSIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDTETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYSELADYKDDDDKGLEHHHHHH

FIGURE 31 CONTINUED

37. DT382(V7N V29T I290T)-FLAG-His: Variant 17

MGADDVNDSSKSFVMENFSSYHGTPGYTDSIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEEKAKQYLEEPHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VTDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGADGAVHHNTTEEIVAQSIALLSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYSELADYKDDDDKGLEHHHHHH

38. DT382(V7N V29T I290N)-FLAG-His: Variant 18

MGADDVNDSSKSFVMENFSSYHGTPGYTDSIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEEKAKQYLEEPHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VNDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGADGAVHHNTTEEIVAQSIALLSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYSELADYKDDDDKGLEHHHHHH

39. DT382(V7N V29T S292A)-FLAG-His

MGADDVNDSSKSFVMENFSSYHGTPGYTDSIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEEKAKQYLEEPHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDAETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGADGAVHHNTTEEIVAQSIALLSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYSELADYKDDDDKGLEHHHHHH

40. DT382(V7T V29T I290N)-FLAG-His

MGADDVTDSSKSFVMENFSSYHGTPGYTDSIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEEKAKQYLEEPHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VNDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGADGAVHHNTTEEIVAQSIALLSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYSELADYKDDDDKGLEHHHHHH

FIGURE 31 CONTINUED

41. DT382 (V7T V29T I290T) - FLAG-His

MGADDVTDSSKSFVMENFSSYHGTPGYTDSIQKGIQPKPSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
 PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
 SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
 KIESLKEHGPIKNKMSSESPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
 VTDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
 FVESIINLFQVVHNSYNRPAYSELADYKDDDDKGLEHHHHHH

42. DT382 (V7T V29T S292A) - FLAG-His

MGADDVTDSSKSFVMENFSSYHGTPGYTDSIQKGIQPKPSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
 PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
 SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
 KIESLKEHGPIKNKMSSESPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
 VIDAETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
 FVESIINLFQVVHNSYNRPAYSELADYKDDDDKGLEHHHHHH

43. DT382 (V7T V29T S292T) - FLAG-His

MGADDVTDSSKSFVMENFSSYHGTPGYTDSIQKGIQPKPSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
 PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
 SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
 KIESLKEHGPIKNKMSSESPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
 VIDTETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
 FVESIINLFQVVHNSYNRPAYSELADYKDDDDKGLEHHHHHH

44. DT382 (G53E): Null construct

MGADDVVDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQPKPSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
 PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
 SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
 KIESLKEHGPIKNKMSSESPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
 VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
 FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

FIGURE 31 CONTINUED

45. DT382 (V7S)

MGADDVSDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQPKPSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSESPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

46. DT382 (V7T)

MGADDVTDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQPKPSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSESPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

47. DT382 (V7N)

MGADDVNDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQPKPSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSESPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

48. DT382 (V7D)

MGADDVDDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQPKPSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSESPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

FIGURE 31 CONTINUED**49. DT382 (V97A)**

MGADDVVDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQKPKSGTQGNYDDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKADNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLQVVHNSYNRPAYS

50. DT382 (V97T)

MGADDVVDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQKPKSGTQGNYDDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKTDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLQVVHNSYNRPAYS

51. DT382 (V97D)

MGADDVVDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQKPKSGTQGNYDDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKDDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLQVVHNSYNRPAYS

52. DT382 (L107A)

MGADDVVDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQKPKSGTQGNYDDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKEAGLSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLQVVHNSYNRPAYS

FIGURE 31 CONTINUED

53. DT382 (L107N)

MGADDVVDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQKPKSGTQGNYDDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKENGSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEBKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

54. DT382 (M116A)

MGADDVVDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQKPKSGTQGNYDDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGSLTEPLAEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEBKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

55. DT382 (M116Q)

MGADDVVDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQKPKSGTQGNYDDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGSLTEPLQEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEBKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

56. DT382 (M116N)

MGADDVVDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQKPKSGTQGNYDDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGSLTEPLNEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEBKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

FIGURE 31 CONTINUED

57. DT382 (F124A)

MGADDVVDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQPKPSGTQGNVDDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGSLTEPLMEQVGTEBAIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGADGAVHHNTEEIVAQSIALLSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

58. DT382 (F124H)

MGADDVVDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQPKPSGTQGNVDDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGSLTEPLMEQVGTEEBIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIBSLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGADGAVHHNTEEIVAQSIALLSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

59. DT382 (F124K)

MGADDVVDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQPKPSGTQGNVDDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGSLTEPLMEQVGTEEBIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGADGAVHHNTEEIVAQSIALLSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

60. DT382 (V148A)

MGADDVVDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQPKPSGTQGNVDDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSAEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGADGAVHHNTEEIVAQSIALLSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

FIGURE 31 CONTINUED

61. DT382 (V148T)

MGADDVVDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSTEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHNTTEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

62. DT382 (L298A)

MGADDVVDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHNTTEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

63. DT382 (L298N)

MGADDVVDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGSLTEPLMEQVGTEEFIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNNEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHNTTEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

64. DT382 (V7T F124H)

MGADDVTDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGSLTEPLMEQVGTEEHKRFKFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHNTTEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

FIGURE 31 CONTINUED

65. DT382 (V7N F124H)

MGADDVNDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQPKPSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGSLTEPLMEQVGTTEHIKRFPGDGASRVVLSLPFAEG
SSSV EYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMY EYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSESPNKT VSEBKAKQYLEBFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTEI VAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFPQVVHNSYNRPAYS

66. DT382 (V7D F124H)

MGADDVDDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQPKPSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGSLTEPLMEQVGTTEHIKRFPGDGASRVVLSLPFAEG
SSSV EYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMY EYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSESPNKT VSEBKAKQYLEBFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTEI VAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFPQVVHNSYNRPAYS

67. DT382 (V7T L107A F124H)

MGADDVTDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQPKPSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKEAGLSLTEPLMEQVGTTEHIKRFPGDGASRVVLSLPFAEG
SSSV EYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMY EYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSESPNKT VSEBKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTEI VAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFPQVVHNSYNRPAYS

68. DT382 (V7N L107A F124H)

MGADDVNDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQPKPSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKEAGLSLTEPLMEQVGTTEHIKRFPGDGASRVVLSLPFAEG
SSSV EYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMY EYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSESPNKT VSEBKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTEI VAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFPQVVHNSYNRPAYS

FIGURE 31 CONTINUED

69. DT382 (V7D L107A F124H)

MGADDVDDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQPKPSGTQGNVDDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKEAGLSLTEPLMEQVGTEEBIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSV EYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSESPNKT VSEBKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFPQVVHNSYNRPAYS

70. DT382 (V7T L107N F124H)

MGADDVTDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQPKPSGTQGNVDDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKENGLSLTEPLMEQVGTEEBIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSV EYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSESPNKT VSEBKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFPQVVHNSYNRPAYS

71. DT382 (V7N L107N F124H)

MGADDVNDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQPKPSGTQGNVDDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKENGLSLTEPLMEQVGTEEBIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSV EYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSESPNKT VSEBKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFPQVVHNSYNRPAYS

72. DT382 (V7D L107N F124H)

MGADDVDDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQPKPSGTQGNVDDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKENGLSLTEPLMEQVGTEEBIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
SSSV EYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSESPNKT VSEBKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFPQVVHNSYNRPAYS

FIGURE 31 CONTINUED

73. DT382 (V7T V97A L107N F124H)

MGADDVTDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKADNAETIKKENGLSLTEPLMEQVGTEEHKRFQDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPPELSELKTVTGTNPFVAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

74. DT382 (V7N V97A L107N F124H)

MGADDVNDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKADNAETIKKENGLSLTEPLMEQVGTEEHKRFQDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPPELSELKTVTGTNPFVAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

75. DT382 (V7D V97A L107N F124H)

MGADDVDDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKADNAETIKKENGLSLTEPLMEQVGTEEHKRFQDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPPELSELKTVTGTNPFVAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

76. DT382 (V7T V97D L107N F124H)

MGADDVTDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQKPKSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKDDNAETIKKENGLSLTEPLMEQVGTEEHKRFQDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPPELSELKTVTGTNPFVAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

FIGURE 31 CONTINUED

77. DT382 (V7N V97D L107N F124H)

MGADDVNDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQPKPSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKDDNAETIKKENGLSLTEPLMEQVGTEEHKRFQDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYBYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGADGAVHHNTEEIVAQSIALLSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFPQVVHNSYNRPAYS

78. DT382 (V7D V97D L107N F124H)

MGADDVDDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQPKPSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKDDNAETIKKENGLSLTEPLMEQVGTEEHKRFQDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYBYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGADGAVHHNTEEIVAQSIALLSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFPQVVHNSYNRPAYS

79. DT382 (V7T V97T L107N F124H)

MGADDVTDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQPKPSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKTDNAETIKKENGLSLTEPLMEQVGTEEHKRFQDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYBYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGADGAVHHNTEEIVAQSIALLSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFPQVVHNSYNRPAYS

80. DT382 (V7N V97T L107N F124H)

MGADDVNDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQPKPSGTQGNYYDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKTDNAETIKKENGLSLTEPLMEQVGTEEHKRFQDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYBYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGADGAVHHNTEEIVAQSIALLSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLFPQVVHNSYNRPAYS

FIGURE 31 CONTINUED

81. DT382 (V7D V97T L107N F124H)

MGADDVDDSSKSFVMENFSSYHGTPGYVDSIQKGIQPKPSGTQGNVDDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
 PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKTDNAETIKKENGLSLTEPLMEQVGTEEBIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
 SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
 KIESLKEHGPIKNKMSSESPNKTVSBEKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
 VIDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
 FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

82. DT382 (V7N V29N F124H I290N)

MGADDVNDSSKSFVMENFSSYHGTPGYNDSIQKGIQPKPSGTQGNVDDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
 PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEBIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
 SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
 KIESLKEHGPIKNKMSSESPNKTVSBEKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
 VNDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
 FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

83. DT382 (V7N V29N F124H S292A)

MGADDVNDSSKSFVMENFSSYHGTPGYNDSIQKGIQPKPSGTQGNVDDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
 PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEBIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
 SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
 KIESLKEHGPIKNKMSSESPNKTVSBEKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
 VIDAETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
 FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

84. DT38 (V7N V29N F124H S292T)

MGADDVNDSSKSFVMENFSSYHGTPGYNDSIQKGIQPKPSGTQGNVDDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
 PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTEEBIKRFGDGASRVVLSLPFAEG
 SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
 KIESLKEHGPIKNKMSSESPNKTVSBEKAKQYLEEFHQTALEHPELSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
 VIDTETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
 FVESIINLFQVVHNSYNRPAYS

FIGURE 31 CONTINUED

85. DT382 (V7N V29T F124H S292A)

MGADDVNDSSKSFVMENFSSYHGTPGYTDSIQKGIQPKSGTQGNYDDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTTEEHIKRFPGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VIDAETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLQVVHNSYNRPAYS

86. DT382 (V7N V29T F124H I290T)

MGADDVNDSSKSFVMENFSSYHGTPGYTDSIQKGIQPKSGTQGNYDDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTTEEHIKRFPGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VTDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLQVVHNSYNRPAYS

87. DT382 (V7N V29T F124H I290N)

MGADDVNDSSKSFVMENFSSYHGTPGYTDSIQKGIQPKSGTQGNYDDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTTEEHIKRFPGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VNDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLQVVHNSYNRPAYS

88. DT382 (V7N V29N I290T)

MGADDVNDSSKSFVMENFSSYHGTPGYNDSIQKGIQPKSGTQGNYDDDWKGFYSTDNKYDAAGYSVDNEN
PLSGKAGGVVKVTYPGLTKVLALKVDNAETIKKELGLSLTEPLMEQVGTTEEHIKRFPGDGASRVVLSLPFAEG
SSSVEYINNWEQAKALSVELEINFETRGRGQDAMYEYMAQACAGNRVRRSVGSSLSCINLDWDVIRDKTKT
KIESLKEHGPIKNKMSSEPNKTVSEKAKQYLEEFHQTALEHPSELKTVTGTNPVFAGANYAAWAVNVAQ
VTDSETADNLEKTTAALSILPGIGSVMGIADGAVHHNTEEIVAQSIALSSLMVAQAIPLVGELVDIGFAAYN
FVESIINLQVVHNSYNRPAYS