

Sequence Harmony for '[rhodopsin_vert_ceph.align.fasta](#)'

Generated on Mon 13 Sep 2010 22:15 by SeqHarm version 1.1
from the [Sequence Harmony Webserver](#) at <http://www.ibi.vu.nl/programs/seqharmwww/>
Please cite:

K. Anton Feenstra, Walter Pirovano, Klaas Krab and Jaap Heringa
Sequence Harmony: Detecting Functional Specificity from Alignments
[Nucl. Acids Res., 2007, web server issue, accepted](#)

and
Walter Pirovano*, K. Anton Feenstra* and Jaap Heringa
"Sequence Comparison by Sequence Harmony Identifies Subtype Specific Functional Sites"
[Nucl. Acids Res., 2006, Vol. 34, No. 22 6540-6548](#)
* joint first authors.

Found reference sequence 'rv_HUMAN', offset=1.

Group A: 6 sequences, length 479

Sequences: rc_lolfo, rc_octdo, rc_todpa, rc_lolpe, rc_lolsu, rc_sepof

Group B: 24 sequences, length 479

Sequences: rv_TENREC, rv_RAT, rv_DANIO, rv_HEDGEHOG, rv_RABIT, rv_PONGO, rv_TURTR, rv_HYRAX, rv_GORILLA, rv_DOR, rv_FELCA, rv_OPOSSUM, rv_CANFA, rv_MACACA, rv_HORSE, rv_PI

Cutoff: 0.2.

[Archive of all output files](#)

Results for [rhodopsin_vert_ceph.align.fasta](#)

[Aligned chains from 1U19.pdb](#) or [together with whole alignment](#)

Selected 321 positions below cutoff (0.2)

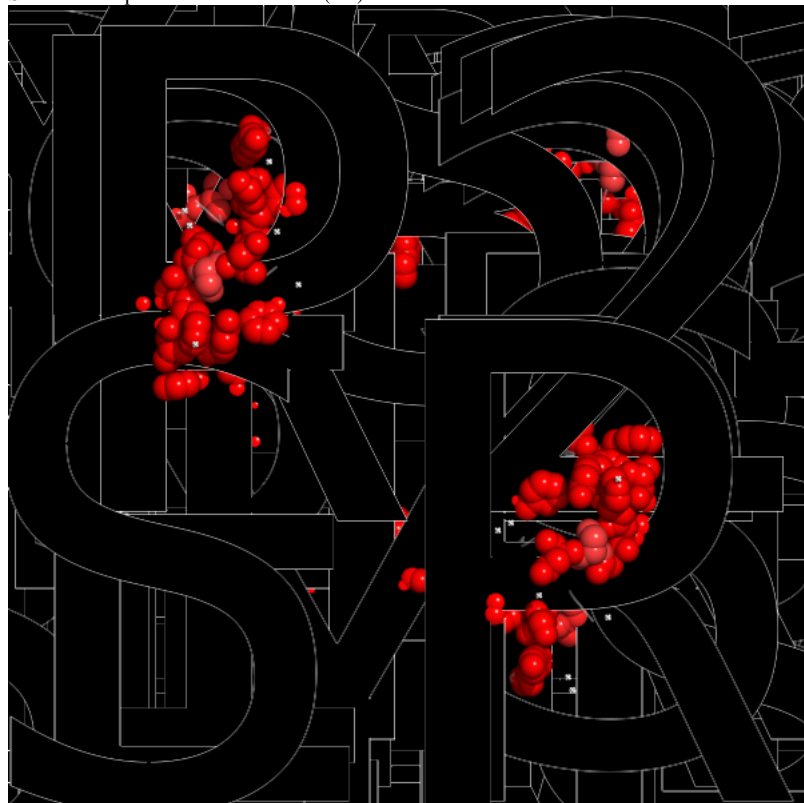


Image generated by pymol from [SH_1U19.pdb](#) pdb file with '1-SH' as B-factors and using [display.pml](#) pymol script:
DeLano, W.L. The PyMOL Molecular Graphics System (2002) DeLano Scientific, Palo Alto, CA, USA. www.pymol.org



SH cutoff ☐ 0 ☐ 0.1 ☒ 0.2 ☐ 0.3 ☐ 0.4 ☐ 0.5 ☐ 0.6 ☐ 0.7 ☐ 0.8 ☐ 0.9 ☐ 1 | Show ☐ Whole structure ☒ Only Aligned

[Raw Table](#)

Selected 321 positions below cutoff (0.2)

SH: 0.00 0.04 0.08 0.12 0.16 0.20 0.36 0.52 0.68 0.84 1.00

Position		Entropy				SH	Rnk	Consensus	
Ali	Ref	A	B	AB	rel.			A	B
406	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	K	-
407	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	E	-
408	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	M	-
409	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	M	-
410	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	A	-
411	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	M	-
412	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	M	-
413	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	Q	-
414	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	K	-
415	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	M	-
416	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	Q	-
418	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	Q	-
419	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	Q	-
426	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	P	-
427	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	P	-
428	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	Q	-
429	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	G	-
430	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	Y	-
431	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	P	-
432	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	P	-
436	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	P	-
437	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	P	-
438	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	Q	-
439	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	G	-
440	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	Y	-
441	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	P	-
442	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	P	-
444	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	Q	-
445	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	G	-
446	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	Y	-
447	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	P	-
448	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	P	-
449	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	Q	-
450	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	G	-
451	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	Y	-
452	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	P	-
453	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	P	-
454	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	P	-
459	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	P	-

464	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	P	-
467	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	A	-
468	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	P	-
469	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	P	-
470	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	Q	-
471	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	G	-
472	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	V	-
473	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	76	D	-
461	-	0.65	0.00	0.85	1.32	0.00	76	Gq	-
463	-	0.65	0.00	0.85	1.32	0.00	76	Pa	-
435	-	0.65	0.00	0.85	1.32	0.00	76	Yp	-
465	-	0.65	0.00	0.85	1.32	0.00	76	Qp	-
466	-	0.65	0.00	0.85	1.32	0.00	76	Ag	-
423	-	0.65	0.00	0.85	1.32	0.00	76	Pg	-
422	-	0.65	0.00	0.85	1.32	0.00	76	Qy	-
433	-	0.65	0.00	0.85	1.32	0.00	76	Qy	-
455	-	0.65	0.00	0.85	1.32	0.00	76	Qp	-
456	-	0.65	0.00	0.85	1.32	0.00	76	Gq	-
434	-	0.65	0.00	0.85	1.32	0.00	76	Gp	-
460	-	0.65	0.00	0.85	1.32	0.00	76	Qp	-
421	-	0.92	0.00	0.91	1.32	0.00	76	Aq	-
417	-	0.92	0.00	0.91	1.32	0.00	76	Aq	-
420	-	0.92	0.00	0.91	1.32	0.00	76	Aq	-
425	-	0.92	0.00	0.91	1.32	0.00	76	Yp	-
424	-	1.25	0.00	0.97	1.32	0.00	76	Agp	-
458	-	1.25	0.00	0.97	1.32	0.00	76	Pal	-
462	-	1.46	0.00	1.01	1.32	0.00	76	PAg	-
457	-	1.79	0.00	1.08	1.32	0.00	76	Pagy	-
402	V345	0.00	0.54	1.16	1.32	0.00	76	A	V-
404	P347	0.00	0.54	1.16	1.32	0.00	76	Q	P-
401	Q344	0.00	0.54	1.16	1.32	0.00	76	D	Q-
397	-	0.65	0.41	1.18	1.32	0.00	76	Ga	-v
398	-	0.65	0.41	1.18	1.32	0.00	76	Ep	-s
405	A348	0.00	0.65	1.24	1.32	0.00	76	M	A-
396	-	0.65	0.50	1.25	1.32	0.00	76	Ga	-sv
29	Y29	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	41	F	Y-
36	Q36	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	41	V	Q-
41	A41	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	41	G	A-
42	A42	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	41	I	A-
43	Y43	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	41	F	Y-
44	M44	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	41	I	M-
48	I48	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	41	G	I-
54	I54	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	41	G	I-
58	T58	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	41	V	T-
59	L59	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	41	I	L-
61	V61	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	41	L	V-
62	T62	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	41	F	T-
64	Q64	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	41	K	Q-
65	H65	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	41	T	H-
67	K67	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	41	S	K-
69	R69	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	41	Q	R-
23	P23	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	41	H	P-
24	F24	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	41	W	F-
21	R21	0.65	0.25	1.05	1.32	0.00	41	Hn	R-
52	F52	0.65	0.25	1.05	1.32	0.00	41	Ci	F-
31	L31	0.65	0.25	1.05	1.32	0.00	41	Qp	L-
47	L47	0.65	0.25	1.05	1.32	0.00	41	Cv	L-
32	A32	0.65	0.25	1.05	1.32	0.00	41	Vi	A-
57	L57	0.92	0.25	1.11	1.32	0.00	41	Iv	L-
56	F56	0.00	0.50	1.12	1.32	0.00	41	G	Fa-
50	L50	0.00	0.50	1.12	1.32	0.00	41	I	Lg-
35	W35	0.00	0.50	1.12	1.32	0.00	41	A	Wg-
33	E33	0.00	0.50	1.12	1.32	0.00	41	P	Ed-
34	P34	1.00	0.25	1.12	1.32	0.00	41	AD	P-
25	E25	1.25	0.25	1.17	1.32	0.00	41	Kar	E-
30	Y30	0.65	0.41	1.18	1.32	0.00	41	Dn	Y-
53	P53	2.25	0.25	1.37	1.32	0.00	41	Vaglt	P-
63	V63	0.65	0.66	1.38	1.32	0.00	41	Ts	Vi-
45	F45	0.92	0.74	1.50	1.32	0.00	41	Ga	Fly-
49	V49	0.00	1.02	1.54	1.32	0.00	41	I	Vml-
46	L46	0.65	1.21	1.82	1.32	0.00	41	Iv	Lmf-
39	M39	0.00	1.37	1.82	1.32	0.00	41	S	Mveil-
263	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	30	M	-
264	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	30	A	-
265	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	30	A	-
266	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	30	M	-
267	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	30	A	-
268	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	30	K	-

269	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	30	R	-
270	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	30	L	-
271	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	30	N	-
281	T243	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	30	G	T
261	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	30	K	-
262	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	30	E	-
274	Q236	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	30	E	Q-
275	Q237	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	30	L	Qt
276	Q238	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	30	R	Qv
278	S240	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	30	A	Sd
280	T242	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	30	A	Ts
259	A233	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	30	H	A-
282	Q244	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	30	A	Qt
250	G224	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	30	F	Gs
273	A235	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	30	K	A-
255	T229	0.65	0.25	1.05	1.32	0.00	30	Sa	Tc
277	E239	0.65	0.25	1.05	1.32	0.00	30	Kr	Eq
283	K245	0.92	0.25	1.11	1.32	0.00	30	Sn	Kr
252	L226	0.00	0.50	1.12	1.32	0.00	30	I	Lf-
258	E232	0.00	0.50	1.12	1.32	0.00	30	N	Eaq
279	A241	0.00	0.50	1.12	1.32	0.00	30	Q	Aes
257	K231	0.65	0.50	1.25	1.32	0.00	30	Sa	Kfq
251	Q225	0.00	0.74	1.32	1.32	0.00	30	N	Qlr-
133	A132	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	17	S	A
135	E134	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	17	D	E
126	L125	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	17	I	L
128	S127	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	17	T	S
129	L128	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	17	M	L
131	V130	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	17	M	V
132	L131	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	17	I	L
127	W126	0.65	0.00	0.85	1.32	0.00	17	Mn	W
124	I123	0.65	0.00	0.85	1.32	0.00	17	Mt	I
123	E122	0.92	0.00	0.91	1.32	0.00	17	Lf	E
121	G120	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	17	F	G-
118	A117	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	17	G	A-
119	T118	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	17	G	T-
125	A124	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	17	S	Ag
120	L119	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	17	I	L-
130	V129	1.46	0.00	1.01	1.32	0.00	17	TAs	V
117	F116	0.65	0.25	1.05	1.32	0.00	17	Il	F-
158	G156	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	13	M	G
147	F146	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	13	S	F
148	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	13	K	-
149	R147	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	13	K	R
150	F148	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	13	M	F
151	G149	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	13	S	G
152	E150	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	13	H	E
156	I154	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	13	F	I
153	N151	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	13	R	Nk
146	N145	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	13	A	Nt
154	H152	1.00	0.00	0.92	1.32	0.00	13	KR	H
159	V157	0.00	0.54	1.16	1.32	0.00	13	I	VI
288	V250	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	11	L	V
290	R252	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	11	K	R
287	E249	0.65	0.00	0.85	1.32	0.00	11	Kr	E
286	K248	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	11	M	Kr
98	T97	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	11	S	T-
104	F103	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	11	W	F-
93	T92	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	11	P	T-
291	M253	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	11	I	MI
292	V254	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	11	S	Vg
295	M257	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	11	I	Mv
96	L95	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	11	T	L-
97	Y96	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	11	I	Y-
95	T94	0.65	0.25	1.05	1.32	0.00	11	Mk	T-
289	T251	0.65	0.25	1.05	1.32	0.00	11	Ag	Th
102	G101	0.00	0.50	1.12	1.32	0.00	11	K	Ga-
298	A260	0.00	0.54	1.16	1.32	0.00	11	Q	Af
100	L99	0.00	0.66	1.25	1.32	0.00	11	F	Lm-
101	H100	1.46	0.50	1.41	1.32	0.00	11	LMi	Hn-
297	I259	0.65	0.79	1.48	1.32	0.00	11	Ts	Ivg
318	G280	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	10	-	G
312	Y274	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	10	L	Y
313	I275	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	10	-	I
314	F276	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	10	-	F
317	Q279	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	10	-	Q
316	H278	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	10	-	Hn
315	T277	0.00	0.41	1.05	1.32	0.00	10	-	Ta

320	N282	0.00	0.79	1.35	1.32	0.00	10	Q	Nde
311	F273	0.00	1.14	1.63	1.32	0.00	10	L	Fmacw
330	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	9	Y	-
325	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	9	E	-
326	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	9	W	-
327	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	9	V	-
328	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	9	T	-
329	-	0.65	0.00	0.85	1.32	0.00	9	Pr	-
331	F287	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	9	A	F-
332	M288	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	9	A	M-
333	T289	0.65	0.25	1.05	1.32	0.00	9	Qe	T-
373	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	8	Q	-
166	A164	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	8	S	A
169	C167	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	8	W	C
172	P170	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	8	G	P
165	M163	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	8	W	M
174	L172	0.65	0.00	0.85	1.32	0.00	8	Iv	L
12	P12	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	8	W	P-
14	S14	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	8	Y	S-
374	-	1.46	0.00	1.01	1.32	0.00	8	FYk	-
10	Y10	0.65	0.25	1.05	1.32	0.00	8	Eq	Y-
377	N326	0.00	0.41	1.05	1.32	0.00	8	K	N-
9	F9	0.00	0.50	1.12	1.32	0.00	8	N	Fl-
375	G324	0.00	0.54	1.16	1.32	0.00	8	D	G-
378	P327	0.00	0.54	1.16	1.32	0.00	8	E	P-
18	G18	1.25	0.25	1.17	1.32	0.00	8	Miv	G-
167	L165	1.25	0.41	1.30	1.32	0.00	8	Tiv	Lm
380	G329	0.00	0.79	1.35	1.32	0.00	8	E	G-a
376	K325	0.65	0.90	1.57	1.32	0.00	8	Ed	K-qr
11	V11	0.00	1.21	1.69	1.32	0.00	8	T	Vie-
13	F13	0.00	1.21	1.69	1.32	0.00	8	W	Fml-
379	L328	1.79	1.04	1.91	1.32	0.00	8	Ictv	L-f
367	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	6	W	-
370	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	6	T	-
366	-	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	6	P	-
369	-	0.65	0.00	0.85	1.32	0.00	6	Li	-
351	I307	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	6	S	I-
352	M308	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	6	V	M-
354	N310	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	6	H	N-
356	Q312	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	6	K	Q-
223	N199	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	6	-	Nt
236	V210	1.25	0.00	0.97	1.32	0.00	6	Fcl	V
368	-	1.25	0.00	0.97	1.32	0.00	6	Ilv	-
237	H211	0.92	0.25	1.11	1.32	0.00	6	Ag	Hn
355	K311	0.00	0.50	1.12	1.32	0.00	6	P	Kr-
353	M309	0.00	0.66	1.25	1.32	0.00	6	S	ML-
218	L194	0.65	0.50	1.25	1.32	0.00	6	Rt	Lmp
240	I214	1.92	0.25	1.31	1.32	0.00	6	CFgl	It
219	K195	0.00	0.98	1.51	1.32	0.00	6	D	Khns
242	M216	0.00	1.04	1.56	1.32	0.00	6	I	Mlt
239	T213	1.25	1.06	1.82	1.32	0.00	6	Mcf	Tasi
365	I321	0.00	1.52	1.94	1.32	0.00	6	F	IL-v
85	-	0.65	0.00	0.85	1.32	0.00	5	Ts	-
87	M86	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	5	S	M-
74	Y74	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	5	M	Y-
75	I75	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	5	F	I-
76	L76	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	5	I	L-
110	G109	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	5	A	G-
114	E113	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	5	Y	E-
77	L77	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	5	I	L-
72	L72	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	5	A	L-
88	V87	0.65	0.25	1.05	1.32	0.00	5	La	V-
112	N111	0.65	0.25	1.05	1.32	0.00	5	Kq	N-
109	T108	0.65	0.25	1.05	1.32	0.00	5	Av	T-
90	G89	0.00	0.50	1.12	1.32	0.00	5	N	Gc-
89	L88	0.65	1.20	1.81	1.32	0.00	5	Vi	FL-
108	P107	2.25	0.98	1.96	1.32	0.00	5	Nfkmq	Pahv-
142	K141	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	4	R	K
140	V139	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	4	I	V
141	C140	0.65	0.00	0.85	1.32	0.00	4	Gr	C
361	M317	0.00	0.41	1.05	1.32	0.00	4	I	M-
138	V137	0.00	0.41	1.05	1.32	0.00	4	N	Vi
391	K339	0.00	0.54	1.16	1.32	0.00	4	A	K-
360	C316	0.65	0.41	1.18	1.32	0.00	4	Ar	C-
359	N315	0.00	0.66	1.25	1.32	0.00	4	E	N-t
390	S338	0.65	0.54	1.29	1.32	0.00	4	Pv	S-
386	S334	0.00	0.79	1.35	1.32	0.00	4	E	S-t
388	T336	0.00	1.02	1.54	1.32	0.00	4	E	T-sv

362	L318	1.25	1.18	1.91	1.32	0.00	4	Aqs	Li-v
230	V204	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	3	I	V
302	C264	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	3	S	C
232	Y206	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	3	C	Yg
231	I205	1.00	0.25	1.12	1.32	0.00	3	LV	Ic
301	I263	0.00	0.66	1.25	1.32	0.00	3	L	Ivg
304	V266	0.00	0.92	1.46	1.32	0.00	3	S	Vl
199	R177	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	2	A	R
226	N200	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	2	T	Ns
227	E201	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	2	R	El
206	Q184	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	2	L	Qa
82	A82	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	2	S	A-
337	F293	0.65	0.25	1.05	1.32	0.00	2	MI	F-
336	A292	0.00	0.50	1.12	1.32	0.00	2	V	As-
205	L183	0.65	1.04	1.69	1.32	0.00	2	Vi	Mlq
162	T160	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	1	V	T
178	S176	0.00	0.00	0.72	1.32	0.00	1	G	S
213	I189	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	1	F	Iv
210	G188	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	1	S	Ga
345	Y301	0.00	0.25	0.92	1.32	0.00	1	H	Y-
383	-	0.65	0.25	1.05	1.32	0.00	1	Kn	-e
341	S297	0.00	0.79	1.35	1.32	0.00	1	A	St-
308	S270	1.46	0.79	1.64	1.32	0.00	1	VIm	Sg-
16	A16	0.00	2.55	2.75	1.31	0.01	8	P	KAihqrv-
99	S98	0.65	0.50	1.18	1.22	0.08	11	Ca	Sa-
94	S93	0.65	1.36	1.87	1.22	0.08	11	Lm	Tsmv-
168	A166	1.92	0.25	1.24	1.22	0.08	8	ILtv	At
221	E197	1.46	0.25	1.15	1.22	0.08	6	STa	Ea
4	T4	1.25	0.25	1.11	1.22	0.08	3	Rs-	T-
5	E5	1.25	0.25	1.11	1.22	0.08	3	Dt-	E-
6	G6	1.79	0.25	1.21	1.22	0.08	3	Ilt-	G-
348	V304	1.25	0.50	1.30	1.22	0.08	1	Mil	Vi-
201	I179	1.92	0.25	1.21	1.19	0.09	2	TVqs	It
400	S343	1.25	0.79	1.48	1.17	0.11	76	Arv	S-a
171	A169	0.65	0.90	1.48	1.17	0.11	8	Iv	Avfl
216	Y192	0.65	0.25	0.92	1.16	0.12	6	Il	Yi
81	V81	0.65	1.14	1.63	1.16	0.12	2	Fm	Vifl-
27	P27	0.00	0.25	0.78	1.15	0.13	41	-	P-
38	S38	0.00	0.50	0.98	1.15	0.13	41	Y	Sy-
37	F37	0.00	0.50	0.98	1.15	0.13	41	Y	Fy-
26	Y26	0.00	1.41	1.71	1.15	0.13	41	-	Yqea-
254	F228	0.00	0.25	0.78	1.15	0.13	30	M	Fm
294	I256	0.00	0.50	0.98	1.15	0.13	11	V	Ilv
319	S281	0.00	0.50	0.98	1.15	0.13	10	A	Saf
222	V198	0.00	1.14	1.49	1.15	0.13	6	-	Viqt-
157	M155	0.92	0.41	1.05	1.06	0.19	13	Il	Mi
394	-	1.25	0.50	1.18	1.06	0.19	76	Qrs	-qs
235	V209	1.25	0.50	1.18	1.06	0.19	6	Ifl	Vil

Copyright (c) Anton Feenstra 2007