

Table 2. Designed and native sequences for different backbone structures of the SH3 domain

Protein	% id	Sequence
CRK_RAT (1cka)	100	EYV R AL F DFNGNDEED L PFK K GD I L R IRDK P EE-QW N AE D SE-G K RG M IP V PP V VE K Y
Minimum	30.77	K R V W AR Y W F W G RRR Q QL P F Q Q Q EL E I Q Y E P D R-Y W KK A K D RR-G R EG Q IP D P Q V Q H Q
Best	40.38	Q R V R AR Q D F W G RRR Q QL P F R GE F L E I R R K P D Q-Y W L Q A Q V R R-G Q Q G L I P L P V ES A
SPCN_CHICK (1shg)	100	EL V LAL Y D Y Q E KS P RE V T M KK G D I L T LL N S T N K -D W W K V E V N --D R Q G F V PA A Y V KK L
Minimum	20.75	Q K A Q A Q R E F R R R Q P R Q V Q V K Q G E E V E K R Q W R N R-Y F V Q I K V R --Y Y Q G F V PN W I I R E K
Best	26.42	F E AL A K N E F R R R Q P R Q V Q M K Q G E R V EM R Q W R N R-Y F V Q V K V K --Y Y Q G F V PK W L I Q E R
SPCN_CHICK (1pwt)	100	EL V LAL Y D Y Q E KS P RE V T M KK G D I L T LL N S T N K -D W W K V E V N --D R Q G F V PA A Y V KK L
Minimum	20.75	S K AR A ER W F R Q R Q P Y Q V Q M Q G E E V E V K Q Y N N R -Y F V K V K V R --Y W Q G Q V PK W Q I R E R
Best	28.3	Q K CL A R Q D F R Q R Q P Y Q V Q M RR G E E V E L K Q D R N R-Y F AK V K V R--Y Y Q G Q V PN W Q I Q K R
SEM5_CAEEL (1sem)	100	K F V Q AL F DF N P Q ES G EL A F K R G D V I T L I N K D D P-N W W E G Q L N --N R R G I F PS N Y V CP Y
Minimum	27.45	Q R VE A Q Y E F K P Q Y Y Q LE C Q Q G Q L K K E NE Y NP-Y W IE C RL R --Y Y R G RL P K D R V K P K
Best	33.33	K K V W G Q Y E F R P Q Y Y Q L Q F R Q G C E I L K D R R N P-Y W FK G Q L Y--Y Y Q G Q F P G Q R V Q P R
FYN_HUMAN (1shf)	100	T L F V AL Y D Y E A R T ED D LS F H K G E K F Q I L N S S E G -D W W E A R S L T T G E T G Y I PS N Y V AP V
Minimum	21.82	Q Q Y E G K R Q L R Q R Y Q Y E L Q F Q G A R F K A D Q Y R E G -R Y Q Q C Q I R W R G Q R G K I P Q W V RP V
Best	30.91	Q Q F E G K Y R F S K Q Y Q Y Q L D F Y Q G L R F E I R Q E R E G-Q W G Q A R D K R K G D E G K I P K W V RP V
HCK_HUMAN (1qcf)	100	I I V V AL Y D Y E A I H H E DL S F Q K G D Q M V V L E S G E --W W K A R S L A T R K E G Y I P S N Y V AR V
Minimum	20	Q K V K G K Y Q R W K Q Y Y E L W F Q Q G E E L K L Q R Q Q Y Y --W D Q A E K E R N K E Q G I P R F L V E S R
Best	27.27	K R V K G K Y D Q R K R D Q Y E L D F R R G E Q L I K Q E R W Q --Y Q K A E A Q R K K Q K G K I P A R V E S V
CRK_RAT (1ckb)	100	EYV R AL F DFNGNDEED L PFK K GD I L R IRDK P EE-QW N AE D SE-G K RG M IP V PP V VE K Y
Minimum	28.85	R W VE G K Y D F R G Q Y Q D Q L P F R Q G E R L K I K Q Q P DS-Y Y L K A E D R Y-R R E G K I P R PR V K S A
Best	38.46	Y Q V K G R D D F R G Q R Y D L P F RR G Y I L K I Q Q Q P D Q-Q W L K A R D Q Y-G R E G D I P R PR V ES Q
SRC_HUMAN (2src)	100	T T F V AL Y D Y E S R T ET D LS F K K G E R L Q I V N N T E G -D W W L A H S L S T G Q T G Y I PS N Y V AP S
Minimum	21.82	D L Y L G K Y Q F W RR R Q Y Q L D F R Q G L R L K G Q Y R Y Q-R W F Q A E C Q N W K R R G Q I P A D Y I Q P Q
Best	27.27	D L W L G K Y Q F W K R R E T Q L Q F R Q G E Q L K A Q Q Y R Y R-Y W I Q A Q A Q W R R R Q G Q I P N Q Y L Q P Q
SPCN_CHICK (1bk2)	100	EL V LAL Y D Y Q E KS P RE V T M KK G D I L T LL N S T N K -D W W K V E V N --D R Q G F V PA A Y V KK L
Minimum	18.87	D Y AD A RR Q F Q K R Q P W Q V Q M Y Q G E R VE V K Q Y R N Q -Y Y VE I Q V R--S Y R G Q V PK Q L I R K R
Best	26.42	D Y GL A Q R Q F Q W R Q P Y Q V M Y Q G E R CE F K Q Y R N R -Y Y I K I Q V R --S Y Q G Q V PN Q L V R K Q
ABL_FSVHY (1abo)	100	N L F V AL Y D F VAS G DN T LS I T K G E K L R V L G Y N H N G E W C E A Q T K--N G Q G W V PS N Y I TP V
Minimum	30.19	- Q Y Q A K Y Q F W Q R GS Y Q L I Y Q S Y Q M K Q G D R Y D D K A V Q V R--N G Q G W V PN R Y I E P R
Best	35.85	-D N V A Q Y E F R Q RS Y Q L I K Q G E R M R L Q G Q T S Y R Y G K V Q C R--R G Q G W V FW Q Y I Q P Q
SRC_HUMAN (1fmk)	100	T T F V AL Y D Y E S R T ET D LS F K K G E R L Q I V N N T E G -D W W L A H S L S T G Q T G Y I PS N Y V AP S
Minimum	21.82	E Q L K G E Y D F R K Q Y R Q L Q F Q G K I L Q V W Y R Q S Q-R Y L F A Q A Q D N RR R G Y I P Q Q Q V RP R
Best	29.09	D Q V Q G K Y D F R K Q Y Q W D L D F Q R G R I L Q I W Y K Q S Q-R Y L L A W V Q D R Y Q Q G Y I P Q Q R VP R P
Q74596 (1qmc)	100	FR V Y Y ---R D SR-----N P L W K G P A K L L W K-GE-G A V V I Q D N S-D I K V V P R R K A K I I R

Protein	% id	Sequence
Minimum	20.41	DQLFF---QLQR-----QPYNGPAQLRKE-DD-RYVEAQERD-QYKQFPRYQAQRH
Best	26.53	DKVKA---KGSY-----RPDWRGPAELRDE-RY-DYVRIKERD-RERQVPRRQARREH
gi8569261 (1ex4)	100	FRVYY---RDSR-----NSLWKGPAKLLWK-GE-GAVVIQDNS-DIKVVPRKAKII-
Minimum	24.44	TKVFF---KEQY-----NWRWWGPGELQRQ-DQ-RYVQIQFY-DQKRIPIQQAQER-
Best	26.67	TKVFF---QEQR-----NYRQWGPALQRR-DR-YYVQVQFY-DQKRIPIQKAWER-
1cka MD20	100	EYVRALFDNFNGDEEDLPFKKGDILRIRDKPEE-QWNAEDSE-GKRGMIPVPYVEKY
Minimum	28.85	EWAKMKYWLQGRQRRELPVWDKIRIKIRRRPNY-QWIEAEDQY-GQRGWVPRPYFEQQ
Best	30.77	EDARAREQLDGRQRRELPARQRIRLWIRQEPNK-QWKQAQDQW-GQQGWIPDPKVVYSK
1cka MD40	100	EYVRALFDNFNGDEEDLPFKKGDILRIRDKPEE-QWNAEDSE-GKRGMIPVPYVEKY
Minimum	28.85	SQQRAQYQLRGQDRYLLPLRQGQWLKDRQRPY-RQLEGEDQY-GRRGWLDPYLEYK
Best	28.85	RRLRAQYELRGQDRYLLPLRQGQWLKDRQRPY-RQIEGEDWR-GRRGFLDPYLEYL
1cka MD150	100	EYVRALFDNFNGDEEDLPFKKGDILRIRDKPEE-QWNAEDSE-GKRGMIPVPYVEKY
Minimum	19.23	YWVRIQYQYWGQYYRQLPARQGYRQQQDRPDR-KKLLKLDER-GFQGEPLDPYQWRN
Best	32.69	YYQRAQYQYGNYSRQLPFYQGDRKLVQQRPDR-KKVQCEDQR-GFRGEAPDPYLWRN