

Supplementary Table 3

Ratio of nonsynonymous-to-synonymous substitutions

A) ESAG6

codon	AA	Tbg	Tbr	Teq	region
1	M	0.358	0.074	0.262	SP
2	R	0.390	0.651	0.344	SP
3	F	0.399	0.129	0.383	SP
4	W	2.403	4.105	2.182	SP
5	F	0.399	0.779	0.383	SP
6	V	0.397	0.681	0.350	SP
7	L	0.429	0.173	0.431	SP
8	L	0.429	0.160	0.431	SP
9	A	0.450	0.711	0.454	SP
10	L	2.505	0.924	0.439	SP
11	L	0.429	0.160	0.431	SP
12	G	0.392	0.623	0.339	SP
13	K	0.377	0.088	0.302	SP
14	E	0.373	1.839	0.293	SP
15	I	0.391	1.375	0.335	SP
16	Y	0.421	4.075	2.147	SP
17	A	0.393	0.096	0.329	SP
18	-	0.568	0.198	2.147	
19	-	0.568	0.174	0.419	
20	Y	0.421	0.148	0.419	
21	E	0.373	0.546	0.293	
22	N	0.371	0.092	0.306	
23	E	0.373	1.181	2.135	
24	R	0.390	0.104	0.344	
25	N	0.371	0.092	0.306	
26	A	0.386	0.096	0.325	
27	L	0.431	0.159	0.431	
28	N	0.404	0.122	0.378	
29	A	0.386	0.095	0.325	
30	T	0.428	0.164	0.397	
31	A	0.450	0.159	0.461	
32	A	0.403	0.121	0.417	
33	N	0.371	0.092	0.386	
34	K	0.377	0.088	0.383	
35	V	0.412	0.109	0.422	
36	C	0.420	0.148	0.478	
37	G	2.248	1.619	2.152	
38	L	0.442	0.175	0.498	
39	S	0.440	0.160	0.491	

40	T	0.456	0.168	0.511
41	Y	0.421	0.148	0.475
42	L	0.430	0.157	0.490
43	K	0.377	0.088	0.383
44	G	0.392	0.099	0.413
45	I	0.367	0.077	0.362
46	A	0.397	0.107	0.424
47	H	0.445	0.172	0.504
48	R	0.388	0.099	0.409
49	V	0.387	0.095	2.147
50	N	0.404	0.745	0.444
51	S	0.421	0.834	0.473
52	E	0.380	0.092	0.395
53	S	0.384	0.105	0.416
54	A	0.403	0.142	0.443
55	V	0.397	0.106	0.422
56	V	0.403	0.116	2.151
57	T	0.402	0.112	0.432
58	E	0.373	0.086	0.374
59	K	0.377	0.088	0.383
60	L	0.442	0.175	0.498
61	S	0.442	0.157	0.489
62	D	0.366	0.088	0.376
63	L	0.429	0.160	0.484
64	K	0.377	0.089	0.383
65	M	1.556	0.476	0.349
66	R	0.388	0.621	0.409
67	S	0.421	0.180	0.473
68	I	0.431	0.185	0.484
69	Q	0.433	0.208	0.488
70	L	0.429	0.200	0.484
71	Q	0.451	0.201	0.488
72	L	0.514	0.221	0.498
73	S	0.415	0.197	0.489
74	V	0.359	1.252	2.179
75	M	0.331	0.660	0.349
76	R	0.427	0.223	0.521
77	N	0.375	0.159	0.444
78	R	0.359	0.132	0.409
79	V	0.369	0.140	0.422
80	P	0.414	0.210	0.499
81	S	0.403	0.197	0.487
82	G	0.422	0.204	0.506
83	E	0.352	0.125	0.394
84	K	1.807	3.959	0.402
85	D	0.338	0.118	0.376
86	C	0.391	0.188	0.478
87	K	0.349	0.119	0.383
88	D	0.366	0.151	0.434

89	I	0.413	0.183	0.460
90	R	0.361	0.813	0.417
91	T	0.362	0.133	0.410
92	L	0.452	0.255	0.537
93	L	0.401	0.200	0.484
94	K	0.349	0.119	0.383
95	T	0.362	0.133	0.410
96	V	0.359	0.127	0.399
97	L	0.401	0.200	0.484
98	R	0.361	0.138	0.417
99	N	0.344	0.124	0.386
100	E	0.352	0.125	0.394
101	F	0.371	0.166	0.448
102	T	0.362	0.133	0.410
103	F	0.407	0.207	0.496
104	Q	0.405	0.208	0.488
105	Q	0.405	0.208	0.488
106	E	0.352	0.125	0.394
107	L	0.401	0.200	0.484
108	E	0.352	0.125	2.147
109	E	0.345	0.115	0.374
110	M	0.331	0.101	2.143
111	R	0.361	0.138	0.417
112	N	0.375	0.159	0.444
113	A	0.358	1.995	0.401
114	S	0.452	0.256	0.535
115	A	0.369	0.140	0.424
116	L	0.404	0.199	0.484
117	A	0.358	0.127	0.401
118	A	0.358	0.127	0.401
119	A	0.374	0.152	0.443
120	A	0.358	0.127	0.401
121	A	0.374	0.152	0.443
122	G	0.367	0.139	0.424
123	L	0.401	4.132	2.175
124	A	0.358	0.127	0.401
125	A	0.374	0.168	0.447
126	G	0.363	0.131	0.413
127	R	0.359	0.132	0.409
128	L	0.427	0.233	0.511
129	E	0.345	0.115	0.374
130	E	0.376	0.124	0.395
131	W	0.411	0.071	0.499
132	I	0.363	0.046	0.424
133	F	0.371	0.050	0.448
134	V	0.359	0.045	0.399
135	F	0.371	0.050	0.448
136	A	0.358	0.045	0.401
137	Q	0.423	0.064	0.485

138	A	0.362	0.045	0.414
139	A	1.819	0.084	2.181
140	D	0.422	1.063	2.140
141	R	1.573	1.007	2.164
142	S	0.415	0.336	0.310
143	S	0.415	0.060	0.310
144	Q	0.405	0.366	0.304
145	F	0.371	0.050	0.233
146	C	0.436	0.077	0.381
147	I	0.340	0.043	0.125
148	S	0.399	0.053	0.269
149	V	4.967	1.056	2.198
150	G	0.367	0.046	0.198
151	K	0.357	1.003	2.166
152	T	5.664	3.531	2.126
153	I	6.761	4.030	2.185
154	P	1.920	0.882	0.268
155	P	0.374	0.111	2.122
156	E	0.376	0.099	0.142
157	Q	2.305	1.636	2.146
158	N	5.477	3.709	2.120
159	N	0.375	0.750	0.227
160	L	0.401	0.158	0.299
161	Q	0.395	0.153	0.278
162	E	0.345	0.084	0.142
163	C	0.391	0.147	0.285
164	F	0.371	0.127	0.233
165	D	0.338	0.086	0.168
166	G	0.363	0.097	0.185
167	T	1.648	1.412	2.116
168	I	0.363	0.106	0.198
169	G	0.363	0.097	0.185
170	P	0.414	0.167	0.326
171	E	0.345	0.084	0.142
172	T	0.429	0.169	0.354
173	L	0.403	0.155	0.309
174	Y	0.443	0.198	0.390
175	K	0.349	0.087	0.149
176	I	0.363	0.106	0.198
177	E	0.352	0.092	0.163
178	D	0.338	0.086	0.138
179	S	0.415	0.155	0.310
180	R	0.415	0.170	0.338
181	V	0.359	0.093	0.170
182	K	0.349	0.087	0.149
183	E	0.352	0.092	0.163
184	S	0.414	0.158	0.313
185	A	0.369	0.095	0.192
186	K	1.955	3.213	2.119

187	K	1.648	1.286	2.165
188	S	1.712	0.805	2.164
189	L	0.401	0.158	0.299
190	Q	2.138	0.900	2.176
191	L	0.452	0.209	0.412
192	H	0.377	0.130	0.243
193	E	0.345	0.084	0.142
194	A	0.369	2.477	0.199
195	L	0.404	0.170	0.315
196	S	0.415	0.155	0.310
197	S	0.452	0.209	0.407
198	I	0.363	0.106	2.119
199	S	0.452	0.209	0.569
200	F	0.407	0.164	0.547
201	N	0.372	4.110	2.157
202	S	0.393	0.137	0.533
203	L	0.401	0.158	0.540
204	G	0.372	0.127	0.515
205	A	1.648	1.529	0.504
206	E	1.345	1.192	0.472
207	S	0.344	0.582	0.480
208	I	0.394	0.139	0.539
209	R	0.447	0.203	0.565
210	G	0.363	0.097	0.497
211	G	0.363	0.097	0.497
212	N	0.344	0.091	0.480
213	G	0.367	0.103	0.503
214	K	1.544	3.307	0.490
215	D	0.338	0.554	0.473
216	G	0.363	0.613	0.497
217	C	0.435	0.153	0.536
218	N	0.351	0.091	0.480
219	L	0.401	0.158	0.540
220	V	0.369	0.104	0.502
221	R	0.359	0.098	0.494
222	T	0.375	0.099	0.495
223	D	0.366	0.112	0.510
224	T	1.772	0.718	0.480
225	D	0.375	1.233	0.516
226	G	0.372	0.114	0.515
227	I	0.340	0.988	0.464
228	L	0.404	0.160	0.540
229	N	1.377	3.300	0.490
230	G	0.367	0.103	0.503
231	G	0.389	0.106	0.503
232	S	0.415	0.155	0.543
233	P	0.402	1.512	0.541
234	T	0.362	0.647	0.495
235	R	0.427	0.174	0.555

Box 1**Box 1**

236	H	0.419	0.170	0.551	Box 2
237	N	0.375	0.120	0.516	Box 2
238	L	0.404	0.208	0.540	Box 2
239	T	0.374	0.154	0.508	
240	W	0.411	0.230	0.549	
241	G	0.372	0.158	0.515	
242	G	0.372	0.158	0.515	
243	G	0.363	0.138	0.497	
244	V	0.371	0.147	0.502	
245	M	0.331	0.107	0.456	
246	N	0.344	0.131	0.480	
247	F	0.371	0.173	0.519	
248	G	0.363	0.138	0.497	
249	S	0.452	0.265	0.569	
250	Y	0.393	0.195	0.535	
251	Q	0.395	0.203	0.534	
252	N	0.375	0.166	0.516	
253	G	0.363	0.138	0.497	
254	S	0.356	0.146	0.499	
255	M	0.331	0.107	0.456	
256	Y	0.443	0.253	0.565	
257	V	0.375	0.159	0.514	
258	E	0.352	0.132	0.485	
259	G	0.372	0.156	0.507	
260	G	0.372	0.153	0.502	
261	E	0.345	0.122	0.472	
262	Y	0.443	0.253	0.565	
263	G	0.372	0.158	0.515	
264	D	0.338	0.125	0.473	
265	A	0.374	0.160	0.515	
266	T	0.362	0.146	0.512	
267	E	0.352	1.499	2.184	
268	Y	0.443	1.437	2.159	
269	G	0.372	0.158	0.515	
270	A	0.358	0.801	2.155	
271	V	0.359	0.134	0.488	
272	R	0.427	0.226	0.555	
273	W	0.411	0.230	0.549	
274	T	0.431	0.184	0.545	
275	E	0.345	1.266	0.472	
276	D	0.338	0.125	0.473	
277	P	0.414	0.254	0.548	
278	S	0.356	0.848	2.155	
279	K	0.349	0.126	0.477	
280	V	0.369	0.146	0.502	
281	S	0.393	0.188	0.533	
282	I	0.340	0.112	0.464	
283	F	0.371	0.173	0.519	
284	K	1.417	2.281	0.490	

285	D	0.338	0.125	0.473
286	V	0.423	1.282	0.552
287	I	0.363	0.149	0.503
288	R	0.463	0.281	0.575
289	L	0.427	0.243	0.555
290	F	1.640	0.173	0.519
291	A	0.369	0.148	0.504
292	R	0.454	0.277	2.161
293	F	0.407	0.215	0.547
294	Q	1.854	2.188	2.158
295	E	0.345	0.122	0.472
296	A	0.358	0.134	0.490
297	K	0.349	0.126	0.477
298	N	0.344	0.131	0.480
299	A	0.358	0.808	0.490
300	V	0.369	0.147	0.502
301	M	1.204	0.107	0.456
302	K	1.778	4.122	0.508
303	K	1.659	1.326	0.477
304	I	0.340	0.112	0.464
305	K	0.349	0.126	0.477
306	T	0.380	0.166	0.519
307	T	1.703	0.166	0.519
308	V	0.369	0.147	0.502
309	D	0.338	0.125	0.473
310	E	0.345	0.122	0.472
311	L	0.401	0.209	0.540
312	T	0.374	0.903	0.508
313	K	0.349	0.126	0.477
314	C	0.429	0.222	0.544
315	I	0.340	1.159	0.464
316	G	0.367	0.146	0.503
317	Q	0.405	2.361	0.542
318	K	0.357	0.131	0.492
319	E	0.352	0.132	0.485
320	A	0.374	0.940	0.515
321	E	0.345	0.129	0.485
322	L	0.452	0.264	0.570
323	T	0.380	0.165	0.519
324	N	0.344	0.804	0.480
325	D	0.338	0.771	0.473
326	Q	0.405	0.217	0.542
327	L	1.937	1.479	2.159
328	Y	0.443	0.202	0.565
329	E	0.352	0.095	0.485
330	E	0.345	0.087	0.472
331	F	0.371	0.130	0.519
332	I	0.404	0.140	0.491
333	W	0.411	0.180	0.549

334	E	0.352	0.095	0.485
335	T	0.431	0.173	0.555
336	I	0.340	0.078	0.464
337	N	5.774	1.785	0.516
338	R	0.360	0.100	2.155
339	L	0.401	0.161	0.540
340	E	0.352	0.095	0.485
341	L	0.427	0.191	0.555
342	S	0.415	0.158	0.543
343	K	0.357	0.098	0.490
344	R	0.359	0.100	0.494
345	V	0.369	0.654	0.502
346	S	0.356	0.106	0.499
347	E	0.345	0.087	0.472
348	Q	0.395	0.156	0.534
349	S	0.463	3.327	0.573
350	A	0.403	2.568	0.542
351	F	0.404	1.858	0.540
352	G	0.372	0.113	0.515
353	E	0.345	0.087	0.472
354	E	0.345	0.600	0.472
355	E	0.352	0.095	0.485
356	E	0.376	0.095	0.485
357	T	0.375	0.113	0.508
358	I	0.404	0.148	0.539
359	V	2.102	1.972	0.555
360	K	0.349	0.089	0.477
361	F	0.403	1.664	0.542
362	N	0.375	0.124	0.516
363	Y	0.393	0.149	0.535
364	T	0.380	0.124	0.519
365	A	0.358	0.097	0.490
366	E	0.345	0.089	0.472
367	P	2.109	0.168	0.548
368	V	0.424	0.166	0.550
369	R	0.415	0.176	0.552
370	G	0.363	0.100	0.497
371	P	0.414	0.982	0.548
372	F	0.407	0.167	0.547
373	T	0.374	0.113	0.508
374	V	0.363	1.156	0.497
375	A	0.369	0.108	0.504
376	G	0.367	0.106	0.503
377	A	2.508	3.978	0.553
378	N	0.375	0.742	0.516
379	A	0.362	1.541	0.495
380	A	0.359	2.171	0.488
381	A	0.358	0.097	0.490
382	I	0.359	1.344	0.488

383	H	1.822	1.412	0.542
384	L	2.031	1.715	0.544
385	S	0.356	0.106	0.499
386	V	0.375	0.740	0.514
387	S	0.403	0.923	0.542
388	T	0.431	0.173	0.555
389	A	0.374	0.118	0.515
390	A	0.358	0.097	0.490
391	L	0.403	0.159	0.543
392	C	0.391	0.150	0.536
393	R	0.391	2.711	0.536
394	S	0.415	1.677	0.543
395	A	0.375	3.128	2.158
396	L	0.404	0.161	0.540
397	L	0.401	0.161	0.540
398	L	0.401	0.937	2.157
399	G	0.363	0.100	0.497
400	V	0.369	0.108	0.502
401	L	0.427	1.030	0.555

B) ESAG5

codon	AA	Tbg	Tbr	Teq	region
1	M	0.693	0.263	0.202	SP
2	S	0.695	0.339	0.483	SP
3	S	0.695	4.051	2.499	SP
4	V	0.695	0.284	0.373	SP
5	S	0.695	0.771	1.783	SP
6	S	0.695	0.288	0.384	SP
7	V	0.695	4.046	2.354	SP
8	P	0.695	0.297	0.420	SP
9	V	0.694	0.266	0.256	SP
10	L	0.695	0.615	0.389	SP
11	V	0.694	0.273	0.310	SP
12	L	0.695	3.519	2.603	SP
13	F	0.695	0.522	0.354	SP
14	N	0.694	4.002	2.141	SP
15	S	0.695	0.315	0.443	SP
16	V	0.694	0.333	0.256	SP
17	L	0.695	4.052	2.924	SP
18	T	0.695	0.290	0.391	SP
19	L	0.694	0.269	0.296	
20	L	0.695	0.309	0.433	
21	C	0.695	0.280	0.358	
22	C	0.695	0.280	0.358	

23	I	0.694	0.274	0.328
24	I	0.694	0.274	0.328
25	G	0.695	0.300	0.417
26	S	0.695	0.445	0.327
27	G	0.695	0.281	0.357
28	Q	0.695	0.314	0.453
29	R	0.695	1.070	0.453
30	S	0.695	0.274	0.327
31	S	0.694	0.268	0.282
32	S	0.694	4.010	1.515
33	P	0.695	0.313	0.440
34	F	0.694	0.265	0.258
35	T	0.695	0.276	0.322
36	E	0.695	0.277	0.352
37	P	0.695	0.289	1.774
38	A	0.695	1.399	0.559
39	L	0.695	0.788	0.579
40	K	0.695	0.530	0.546
41	P	0.695	4.051	2.091
42	G	0.695	0.382	0.541
43	G	0.695	0.428	0.582
44	V	0.694	0.940	1.875
45	K	0.694	0.353	0.510
46	V	0.694	0.317	0.460
47	A	0.694	1.032	0.466
48	I	0.694	0.303	0.435
49	Q	0.695	0.454	0.605
50	E	0.694	0.343	0.501
51	A	0.694	0.357	0.513
52	A	0.694	0.320	0.466
53	V	0.694	3.484	1.951
54	T	0.694	3.598	1.996
55	P	0.695	0.449	0.598
56	L	0.695	0.466	0.607
57	L	0.695	0.447	0.600
58	P	0.695	0.449	0.598
59	A	0.695	1.651	2.039
60	L	0.694	0.338	0.494
61	A	0.694	0.357	0.513
62	D	0.694	1.076	1.968
63	E	0.694	0.343	0.501
64	F	0.695	0.376	0.538
65	E	0.695	0.369	0.537
66	R	0.695	0.372	0.529
67	F	0.694	0.315	0.460
68	M	0.693	0.292	0.406
69	E	0.694	0.343	0.501
70	N	0.755	0.961	0.461
71	I	0.694	0.360	0.519

72	T	0.695	0.409	0.563
73	I	0.694	0.303	0.435
74	P	0.695	0.397	0.542
75	G	0.694	4.025	1.952
76	Q	0.695	0.454	0.605
77	K	0.694	1.499	0.510
78	V	0.694	0.317	0.460
79	N	0.695	0.377	0.539
80	G	0.694	1.348	2.009
81	V	0.694	0.352	1.966
82	S	0.694	0.330	0.482
83	V	0.695	0.390	0.553
84	E	0.695	0.369	0.537
85	E	0.694	0.343	0.501
86	T	0.694	0.326	0.473
87	Y	0.695	0.373	0.534
88	F	0.694	0.315	0.460
89	R	0.695	0.390	0.549
90	N	0.695	0.377	0.539
91	V	0.694	0.352	0.506
92	T	0.695	0.375	0.519
93	V	0.695	0.364	0.551
94	G	0.695	0.438	0.592
95	S	0.695	0.402	0.560
96	A	0.694	0.347	0.513
97	K	0.695	1.704	0.565
98	V	0.694	0.317	0.460
99	Q	0.695	3.727	2.085
100	F	0.754	0.331	0.498
101	W	0.695	3.834	2.701
102	G	0.695	1.790	2.065
103	S	0.756	2.142	2.117
104	N	0.695	0.338	0.460
105	K	0.695	0.382	0.512
106	M	0.693	0.748	1.758
107	V	0.694	0.940	1.780
108	W	0.695	2.029	2.040
109	N	0.695	1.467	1.921
110	F	0.694	0.315	0.418
111	C	0.695	1.617	2.024
112	N	0.695	0.377	0.504
113	V	0.694	0.352	0.466
114	S	0.695	0.359	0.528
115	A	0.694	0.320	0.423
116	T	0.755	0.326	0.431
117	V	0.694	0.347	0.448
118	P	0.695	0.404	0.525
119	F	0.694	0.315	0.418
120	T	0.695	0.369	0.503

121	R	0.695	0.420	0.578
122	F	0.694	0.289	0.418
123	V	0.695	0.346	0.518
124	Y	0.695	0.422	0.584
125	H	0.695	0.376	0.547
126	S	0.695	0.382	0.546
127	F	0.694	0.289	0.418
128	W	0.695	0.418	0.582
129	C	0.695	0.341	0.508
130	Y	0.695	0.422	0.584
131	L	0.695	1.548	0.564
132	Y	0.695	0.334	0.499
133	P	0.695	0.321	0.479
134	C	0.695	0.425	0.586
135	S	0.694	0.300	0.442
136	G	0.695	0.341	0.506
137	S	0.695	0.375	0.542
138	A	0.695	0.353	0.526
139	Q	0.695	0.375	0.547
140	V	0.694	1.056	1.906
141	E	0.695	0.330	0.502
142	I	0.694	0.300	0.439
143	R	0.695	1.913	0.598
144	N	0.695	0.337	0.504
145	A	0.695	3.598	2.057
146	S	0.694	0.300	0.442
147	V	0.694	0.315	0.466
148	A	0.695	3.561	0.524
149	L	0.695	0.397	0.564
150	W	0.695	0.418	0.582
151	L	0.695	0.388	0.555
152	D	0.695	0.328	0.495
153	V	0.694	0.315	0.466
154	S	0.695	0.407	0.571
155	A	0.695	0.353	0.526
156	T	0.695	4.056	0.565
157	R	0.695	0.333	0.493
158	G	0.695	1.287	0.506
159	G	0.695	0.391	0.565
160	L	0.695	4.041	0.603
161	L	0.695	0.441	0.603
162	D	0.695	1.087	0.492
163	I	0.694	0.300	0.458
164	H	0.694	0.312	2.586
165	V	0.694	0.297	0.475
166	G	0.695	0.341	0.506
167	G	0.694	0.858	1.907
168	S	0.695	0.382	0.546
169	A	0.695	4.054	2.012

170	I	0.694	0.281	0.388
171	G	0.695	0.348	0.553
172	N	0.694	4.056	2.396
173	D	0.694	4.056	2.512
174	D	0.695	0.328	0.495
175	P	0.695	0.401	0.571
176	L	0.695	0.397	0.564
177	I	0.694	0.300	0.439
178	T	0.694	0.297	0.431
179	L	0.695	0.371	0.530
180	I	0.694	0.322	0.482
181	G	0.694	0.307	0.458
182	E	0.695	0.330	0.502
183	G	0.695	0.341	0.506
184	K	0.695	0.341	0.512
185	S	0.695	0.439	0.578
186	K	0.694	0.317	0.472
187	V	0.694	0.897	1.775
188	P	0.695	0.321	0.479
189	K	0.694	0.317	0.472
190	W	0.695	0.418	0.582
191	L	0.694	0.305	0.453
192	G	0.695	0.382	0.553
193	G	0.695	0.341	0.506
194	R	0.695	0.372	0.544
195	V	0.694	0.290	0.415
196	K	0.695	0.341	0.512
197	D	0.694	0.286	0.410
198	M	0.693	0.470	0.360
199	Y	0.695	0.305	1.944
200	D	0.694	0.273	0.410
201	K	0.694	0.293	0.472
202	D	0.694	0.273	0.410
203	V	0.694	0.292	0.466
204	L	0.694	0.292	0.453
205	P	0.695	0.363	0.569
206	K	0.694	0.293	0.472
207	L	0.694	0.285	0.453
208	G	0.695	0.311	1.956
209	H	0.694	0.290	0.230
210	H	0.694	0.290	0.230
211	I	0.694	0.281	0.201
212	I	0.694	0.270	0.156
213	T	0.695	0.320	0.279
214	A	0.695	1.040	2.802
215	A	0.694	4.049	1.936
216	N	0.694	0.275	0.182
217	Q	0.756	1.460	3.074
218	I	0.694	0.270	0.156

219	L	0.695	0.359	0.366
220	A	0.695	3.289	2.708
221	N	0.755	0.308	0.271
222	K	0.695	0.310	0.281
223	T	0.695	1.064	2.714
224	K	0.694	0.293	0.234
225	E	0.694	0.287	0.224
226	I	0.694	0.281	0.201
227	F	0.695	0.305	0.266
228	H	0.694	0.290	0.230
229	M	0.693	0.267	0.132
230	F	0.694	0.276	0.181
231	P	0.695	0.360	0.362
232	I	0.694	0.270	0.156
233	V	0.695	0.316	0.288
234	F	0.694	0.275	0.181
235	V	0.695	0.978	0.288
236	N	0.695	0.864	2.003
237	S	0.694	0.282	0.476
238	S	0.695	0.297	0.513
239	K	0.695	0.310	0.541
240	I	0.694	0.274	0.423
241	E	0.695	0.302	0.532
242	Y	0.695	0.305	0.529
243	G	0.755	0.351	0.589
244	Q	0.695	0.365	0.602
245	M	0.693	0.267	0.396
246	R	0.695	0.335	0.571
247	L	0.695	0.321	0.518
248	E	0.695	0.302	0.532
249	L	0.695	1.210	0.589
250	V	0.695	0.316	0.544
251	V	0.694	0.291	0.497
252	L	0.695	0.649	0.506
253	P	0.695	4.056	2.090
254	D	0.694	0.273	0.446
255	A	0.695	0.322	0.553
256	A	0.755	0.320	0.554
257	D	0.695	0.300	0.526
258	Q	0.695	4.021	2.639
259	L	0.695	0.359	0.597
260	I	0.693	1.246	0.396
261	L	0.694	0.285	0.486
262	T	0.695	0.300	0.513
263	E	0.694	0.287	1.938
264	K	0.694	0.661	2.505
265	V	0.694	0.275	0.448
266	F	0.694	0.275	0.453
267	S	0.695	3.519	2.020

268	P	0.695	0.326	0.554
269	R	0.695	1.531	0.602
270	H	0.695	4.052	0.573
271	P	0.695	0.306	0.511
272	F	0.694	0.281	0.453
273	P	0.695	0.378	0.595
274	N	0.695	0.320	0.534
275	F	0.695	4.051	3.116
276	P	0.695	0.870	0.511
277	V	0.694	0.283	0.448
278	A	0.694	0.578	0.457
279	V	0.694	0.283	0.448
280	V	0.694	0.283	0.448
281	S	0.695	0.311	0.513
282	S	0.695	0.360	0.572
283	F	0.694	0.281	0.453
284	T	0.695	0.312	0.513
285	A	0.694	0.284	0.457
286	L	0.695	0.340	0.560
287	N	0.694	0.548	0.454
288	N	0.694	0.282	0.454
289	M	0.693	0.271	0.396
290	L	0.694	0.294	0.486
291	R	0.695	0.330	0.545
292	L	0.695	0.340	0.560
293	M	0.693	0.271	0.396
294	I	0.694	0.276	0.423
295	K	0.695	0.323	0.541
296	R	0.694	3.978	1.913
297	G	0.695	0.360	0.439
298	H	0.695	1.331	0.431
299	S	0.695	1.361	2.462
300	V	0.693	3.926	1.522
301	V	0.694	0.303	0.336
302	R	0.694	3.374	1.708
303	V	0.694	0.320	0.366
304	P	0.695	0.381	0.461
305	F	0.694	0.281	0.281
306	P	0.695	0.375	0.414
307	L	0.695	0.374	0.455
308	R	0.695	0.353	0.402
309	Y	0.695	0.317	0.371
310	V	0.694	0.283	0.281
311	F	0.695	1.048	1.792
312	S	0.695	0.383	1.918
313	S	0.695	0.338	0.406
314	N	0.694	3.986	2.320
315	A	0.695	4.009	1.787
316	A	0.694	0.284	1.573

317	Q	0.695	0.354	0.431
318	R	0.695	0.330	0.392
319	Q	0.695	0.354	0.431
320	L	0.695	0.350	0.412
321	D	0.695	0.312	0.367
322	S	0.695	3.971	1.766
323	L	0.694	0.294	0.320
324	C	0.695	1.655	0.483
325	F	0.695	3.944	2.297
326	G	0.695	0.369	0.455
327	C	0.695	0.323	0.381
328	A	0.695	3.534	1.839
329	S	0.695	0.308	0.351
330	E	0.694	0.766	0.329
331	A	0.694	0.264	0.369
332	T	0.695	0.279	0.414
333	F	0.695	0.271	0.377
334	E	0.695	0.270	0.375
335	L	0.695	0.316	0.509
336	K	0.695	0.273	0.387
337	A	0.695	3.879	0.414
338	A	0.695	0.277	0.404
339	P	0.695	0.278	0.404
340	W	0.695	0.302	0.478
341	L	0.695	0.278	0.412
342	K	0.694	3.985	1.626
343	Y	0.695	0.773	0.464
344	L	0.695	0.860	0.502
345	N	0.694	0.264	0.283
346	E	0.694	0.325	1.749
347	K	0.695	0.273	0.387
348	L	0.693	4.030	1.645
349	V	0.694	0.300	1.597
350	T	0.695	0.279	0.414
351	V	0.694	0.300	1.597
352	K	0.694	1.235	1.691
353	F	0.694	0.293	1.653
354	Q	0.695	0.627	1.882
355	D	0.694	0.263	0.274
356	V	0.694	0.368	0.372
357	E	0.695	0.379	0.375
358	V	0.694	0.300	0.281
359	T	0.695	3.921	1.787
360	V	0.694	0.268	0.444
361	D	0.695	1.931	0.476
362	L	0.695	0.605	0.549
363	L	0.695	0.563	0.556
364	P	0.695	0.294	0.556
365	R	0.695	0.270	0.475

366	G	0.755	0.268	0.450
367	G	0.694	0.266	0.437
368	D	0.695	1.977	1.974
369	P	0.695	0.293	0.555
370	I	0.694	0.327	0.365
371	S	0.695	0.492	0.557
372	L	0.695	1.800	0.515
373	F	0.694	0.341	0.396
374	S	0.694	0.359	0.421
375	M	0.693	0.311	0.337
376	L	0.695	0.485	0.559
377	M	0.693	0.311	0.337
378	N	0.695	0.413	0.481
379	V	0.694	0.386	0.444
380	S	0.695	0.404	0.462
381	V	0.695	1.860	2.554
382	E	0.695	3.758	1.988
383	A	0.694	3.659	0.454
384	V	0.694	3.653	1.871
385	H	0.694	0.378	1.867
386	I	0.694	0.394	0.462
387	A	0.694	0.348	0.401
388	L	0.695	0.441	0.481
389	I	0.694	1.095	2.347
390	D	0.695	0.400	0.476
391	G	0.694	0.370	0.437
392	V	0.755	1.860	1.952
393	A	0.695	1.906	1.962
394	H	0.694	0.378	0.448
395	A	0.694	0.391	0.454
396	N	0.694	0.343	0.397
397	L	0.695	0.441	0.515
398	D	0.694	0.335	0.388
399	S	0.695	0.393	0.462
400	V	0.694	0.345	0.391
401	D	0.694	0.335	0.388
402	T	0.694	1.328	0.410
403	N	0.694	3.864	0.397
404	V	0.694	1.467	0.444
405	S	0.695	0.434	0.452
406	V	0.695	0.430	0.498
407	T	0.695	0.443	0.516
408	S	0.695	0.490	0.549
409	S	0.695	0.528	0.586
410	R	0.695	0.426	0.499
411	I	0.694	0.394	0.462
412	D	0.694	0.335	0.388
413	G	0.695	0.466	0.537
414	L	0.695	0.483	0.549

415	D	0.755	1.698	0.476
416	S	0.695	0.528	0.586
417	S	0.695	0.434	0.452
418	T	0.755	1.852	1.958
419	M	0.693	0.311	0.337
420	N	0.695	0.413	0.486
421	T	0.695	0.443	0.516
422	K	0.695	0.417	1.934
423	I	0.694	0.327	0.249
424	R	0.695	0.426	0.386
425	D	0.694	0.335	0.269
426	L	0.695	0.441	0.407
427	I	0.694	0.394	0.347
428	N	0.695	0.413	0.372
429	G	-	-	-
430	M	-	-	-
431	V	-	-	-
432	L	-	-	-
433	P	-	-	-
434	L	-	-	-
435	L	-	-	-
436	N	-	-	-
437	F	-	-	-
438	K	-	-	-
439	R	-	-	-
440	Y	0.695	0.408	0.366
441	A	0.695	1.888	1.787
442	F	0.694	0.341	0.276
443	P	0.695	0.466	0.427
444	A	0.694	0.324	1.537
445	P	0.695	0.427	0.456
446	F	0.695	0.360	0.372
447	D	0.695	0.354	0.362
448	L	0.695	0.385	0.407
449	S	0.695	1.549	1.731
450	G	0.695	3.694	2.402
451	M	0.694	4.055	2.612
452	H	0.695	0.397	0.426
453	L	0.695	1.768	1.845
454	N	0.694	0.314	0.278
455	I	0.694	0.313	0.249
456	T	0.695	1.572	0.409
457	T	0.694	1.282	1.616
458	E	0.695	0.356	0.370
459	G	0.695	1.943	2.530
460	G	0.694	3.543	2.298
461	I	0.694	1.195	1.673
462	A	0.694	0.353	0.339
463	G	0.695	0.416	0.450

464	V	0.694	1.205	1.562
465	D	0.695	1.325	1.710
466	L	0.694	0.336	0.315
467	V	0.695	0.386	0.369
468	R	0.756	0.492	0.521
469	A	0.694	0.324	0.283
470	L	0.694	0.336	0.315
471	G	0.695	1.686	0.398
472	S	0.695	0.465	0.498
473	L	0.695	0.408	0.429
474	S	0.694	1.003	0.301
475	I	0.694	0.329	0.299
476	L	0.695	0.408	0.429
477	P	0.695	0.346	0.343
478	H	0.695	0.397	1.838
479	L	0.695	0.408	0.429
480	R	0.696	0.531	0.564

C) ESAG2

codon	AA	Tbg	Tbr	Teq	region
1	M	0.183	0.062	0.218	SP
2	R	0.198	0.063	0.218	SP
3	C	0.199	0.999	0.220	SP
4	E	1.094	0.133	0.254	SP
5	I	0.204	0.972	0.219	SP
6	V	0.223	0.070	0.221	SP
7	I	2.304	1.002	2.783	SP
8	A	2.237	1.158	0.904	SP
9	V	1.130	0.096	0.220	SP
10	G	0.207	0.066	0.224	SP
11	V	3.100	1.200	0.767	SP
12	F	0.214	0.068	0.219	SP
13	V	3.489	1.091	0.276	SP
14	A	0.185	0.062	0.219	SP
15	V	0.184	0.064	0.220	SP
16	L	0.296	0.121	0.236	SP
17	S	0.230	1.005	0.355	SP
18	P	0.238	0.990	0.253	SP
19	S	0.321	0.718	0.223	SP
20	F	0.214	0.989	0.253	SP
21	Q	0.263	0.719	0.426	SP
22	S	0.162	0.801	0.802	
23	D	0.149	1.004	0.457	
24	L	0.280	0.999	0.424	

25	G	-	-	-
26	S	-	-	-
27	F	-	-	-
28	K	-	-	-
29	W	-	-	-
30	S	-	-	-
31	T	-	-	-
32	E	-	-	-
33	L	-	-	-
34	I	-	-	-
35	D	0.221	0.062	0.263
36	W	0.284	1.059	0.344
37	S	0.246	1.120	0.388
38	K	0.185	0.413	0.492
39	I	0.184	0.898	0.288
40	T	0.237	0.491	0.238
41	D	0.191	0.906	0.254
42	Y	0.295	0.682	0.267
43	I	0.178	0.517	0.294
44	G	0.149	0.990	0.350
45	D	0.184	1.050	0.430
46	G	0.162	1.033	0.366
47	Y	0.199	0.107	0.232
48	K	0.185	1.027	2.700
49	H	0.271	0.558	0.269
50	H	0.187	0.079	0.231
51	N	0.223	0.100	0.254
52	A	0.185	0.303	0.287
53	G	0.168	0.479	0.248
54	E	0.184	0.215	0.391
55	F	0.294	0.114	0.227
56	E	0.184	0.215	0.391
57	T	1.515	0.990	0.461
58	L	0.298	0.180	0.236
59	C	0.299	0.190	0.231
60	K	0.185	0.076	0.221
61	I	0.178	0.074	0.220
62	Y	0.295	0.183	0.235
63	R	0.211	0.095	0.219
64	I	0.190	0.086	0.220
65	T	0.226	0.098	0.220
66	Q	0.255	0.139	0.227
67	A	0.222	0.085	0.222
68	E	0.191	0.083	0.222
69	A	0.195	0.986	3.476
70	P	0.210	0.170	0.229
71	Q	0.185	0.151	0.227
72	P	0.160	0.118	0.220
73	S	0.252	0.840	0.243

74	F	0.136	0.095	0.220
75	E	1.160	0.827	0.253
76	N	0.079	0.064	0.221
77	R	0.201	0.157	0.228
78	E	0.109	0.217	0.222
79	K	0.787	0.071	0.286
80	E	0.116	0.077	0.222
81	N	4.514	4.296	6.560
82	E	0.109	0.071	0.222
83	I	0.103	0.069	0.220
84	L	3.147	1.005	0.218
85	N	0.087	0.998	0.490
86	K	0.110	0.074	0.254
87	L	0.204	0.148	0.326
88	E	0.109	0.071	0.255
89	E	0.116	0.077	0.260
90	M	0.106	0.068	0.250
91	V	0.126	0.072	0.254
92	R	2.084	0.095	0.277
93	E	0.109	0.073	0.255
94	T	1.691	1.039	0.284
95	E	0.117	0.074	0.260
96	A	0.108	0.071	0.252
97	V	0.415	0.131	0.407
98	G	0.415	0.092	0.407
99	A	0.825	0.865	0.252
100	G	0.682	0.987	0.241
101	G	0.269	0.360	0.299
102	N	0.190	0.895	0.253
103	K	1.039	0.958	0.319
104	G	1.463	0.800	0.278
105	S	1.233	1.465	0.326
106	N	0.142	0.826	0.289
107	K	1.216	1.015	0.258
108	S	1.178	0.165	0.319
109	A	0.960	0.920	0.285
110	K	0.863	0.922	0.278
111	S	0.993	1.058	0.340
112	T	0.150	0.951	0.276
113	T	0.149	0.089	0.276
114	A	0.151	0.087	0.275
115	Y	0.123	0.080	0.267
116	Q	0.177	0.542	0.312
117	E	0.109	0.071	0.255
118	I	0.127	0.079	0.260
119	R	3.352	1.010	1.183
120	K	1.424	0.077	0.259
121	L	0.195	0.167	0.338
122	F	1.361	0.087	0.277

123	E	0.109	0.071	0.255
124	K	0.780	0.071	1.103
125	A	0.147	0.087	0.275
126	K	0.117	0.243	0.260
127	A	0.111	2.007	0.260
128	L	0.223	0.817	0.338
129	K	0.110	0.090	0.254
130	E	0.116	0.100	0.260
131	E	0.116	0.510	0.260
132	I	0.116	0.458	0.251
133	E	0.113	0.090	0.255
134	V	0.150	0.562	0.275
135	N	0.079	0.080	0.239
136	R	0.121	0.102	0.257
137	T	0.160	0.152	0.284
138	R	0.117	0.489	0.259
139	S	0.200	0.741	0.298
140	L	0.217	0.218	0.334
141	N	0.079	0.072	0.239
142	A	0.158	0.144	0.283
143	S	0.087	0.304	0.239
144	R	0.863	0.632	1.499
145	S	0.152	0.667	1.927
146	A	0.108	0.092	0.252
147	Q	0.185	4.666	0.320
148	E	0.116	1.062	0.260
149	N	0.079	0.072	0.239
150	M	0.106	0.388	1.111
151	L	0.223	0.215	0.338
152	R	0.133	0.124	0.265
153	A	0.108	0.092	0.252
154	V	0.147	0.122	0.275
155	Y	0.123	0.110	0.267
156	G	0.190	0.114	0.299
157	D	0.144	0.128	0.278
158	A	0.108	0.092	0.252
159	V	0.147	0.122	0.275
160	D	0.080	0.072	1.114
161	V	0.147	0.122	0.275
162	A	0.158	0.146	0.283
163	R	0.133	0.124	0.265
164	N	0.079	0.072	0.239
165	E	0.109	0.089	0.255
166	N	0.079	0.072	0.239
167	K	0.117	0.494	0.259
168	T	0.111	0.106	0.253
169	L	0.223	0.216	0.338
170	E	0.109	0.091	0.255
171	E	0.867	1.013	0.260

172	A	0.207	0.197	0.314
173	M	0.106	0.088	0.250
174	R	0.133	0.118	0.265
175	G	0.145	0.613	0.270
176	N	0.146	0.131	0.278
177	K	0.117	0.104	0.262
178	S	0.230	2.593	0.238
179	L	0.223	0.166	0.240
180	L	0.211	0.156	0.235
181	F	0.219	0.164	0.236
182	N	0.079	0.062	0.220
183	S	0.087	0.508	0.218
184	V	1.182	0.879	0.307
185	D	0.080	0.066	0.221
186	N	1.547	0.684	1.179
187	A	0.158	0.092	0.221
188	G	1.035	0.998	0.514
189	T	0.992	0.813	0.344
190	S	0.087	0.066	0.218
191	C	0.146	0.163	0.228
192	G	0.096	0.067	0.219
193	S	0.150	0.105	0.224
194	Y	0.993	0.386	0.221
195	G	0.143	0.090	0.219
196	E	0.142	0.877	0.222
197	K	0.108	0.069	0.220
198	L	2.115	1.142	3.294
199	V	0.106	0.069	0.220
200	G	0.143	0.090	0.219
201	M	0.106	0.171	0.220
202	T	0.915	0.100	0.221
203	L	0.236	0.187	0.244
204	I	0.175	0.079	0.220
205	N	0.075	0.062	0.219
206	D	0.142	0.085	0.222
207	F	0.134	0.086	0.220
208	F	0.217	0.164	0.234
209	C	0.137	0.113	0.228
210	L	0.235	0.186	0.239
211	C	0.131	0.083	0.219
212	V	0.144	0.083	0.221
213	G	0.143	0.090	0.220
214	E	0.108	0.067	0.220
215	A	-	-	-
216	I	-	-	-
217	N	-	-	-
218	V	-	-	-
219	T	-	-	-
220	D	-	-	-

221	E	-	-	-
222	M	-	-	-
223	R	-	-	-
224	Q	-	-	-
225	K	-	-	-
226	K	-	-	-
227	E	-	-	-
228	E	-	-	-
229	E	-	-	-
230	E	-	-	-
231	K	-	-	-
232	K	-	-	-
233	E	-	-	-
234	G	-	-	-
235	G	-	-	-
236	K	-	-	-
237	Y	-	-	-
238	S	-	-	-
239	D	-	-	-
240	S	-	-	-
241	V	-	-	-
242	Y	0.068	0.076	0.220
243	N	0.047	0.061	0.219
244	G	0.660	0.164	0.258
245	F	4.062	0.900	6.082
246	N	0.061	0.061	0.222
247	C	0.072	0.068	0.219
248	P	0.104	0.084	0.227
249	C	0.072	0.068	0.219
250	R	0.597	0.162	0.247
251	D	0.047	0.061	0.219
252	E	0.744	1.004	0.222
253	I	0.069	0.065	0.219
254	R	0.069	0.068	0.219
255	R	0.073	0.069	0.219
256	P	0.132	0.123	0.228
257	K	0.997	0.141	0.247
258	N	0.325	0.385	0.218
259	G	0.051	0.073	0.218
260	S	0.395	0.061	0.218
261	W	0.140	0.118	0.232
262	T	0.142	0.094	0.232
263	M	0.055	0.062	0.218
264	M	0.055	0.062	0.218
265	A	0.059	0.066	0.219
266	E	0.062	1.134	0.221
267	Y	0.714	1.016	0.246
268	C	0.072	0.077	0.220
269	E	0.062	0.906	0.232

270	G	0.092	0.076	0.228
271	N	0.525	0.980	0.237
272	S	0.079	0.996	0.285
273	-	0.415	0.442	0.407
274	S	0.907	1.477	0.291
275	P	1.079	1.194	0.280
276	C	0.120	0.070	0.218
277	N	1.819	0.956	0.778
278	P	0.186	0.103	0.224
279	E	1.688	0.591	0.653
280	D	1.599	0.840	0.311
281	I	0.115	0.179	0.223
282	K	0.106	0.187	0.240
283	Y	0.209	0.089	0.223
284	N	0.115	0.729	0.233
285	H	1.108	0.994	0.962
286	T	0.116	0.065	0.221
287	E	0.757	0.444	0.357
288	A	0.145	0.174	0.226
289	W	0.195	0.234	0.250
290	D	0.074	0.084	0.222
291	V	0.135	0.147	0.224
292	I	0.092	0.107	0.220
293	S	0.077	0.095	0.218
294	K	0.887	1.052	0.364
295	A	0.097	4.363	0.220
296	C	0.186	0.213	0.239
297	V	0.135	0.147	0.224
298	Y	0.209	0.244	0.251
299	K	0.104	0.116	0.223
300	S	0.073	0.354	0.221
301	V	0.745	1.367	0.311
302	A	1.017	4.478	0.680
303	S	0.200	0.226	0.244
304	N	0.075	0.085	0.221
305	V	0.144	0.173	0.227
306	K	0.099	0.110	0.222
307	T	0.098	0.118	0.220
308	L	0.188	0.224	0.246
309	K	0.106	0.127	0.222
310	S	0.076	0.095	0.218
311	A	0.929	0.727	0.497
312	L	0.221	0.255	0.266
313	A	0.096	0.115	0.220
314	E	1.723	1.065	0.718
315	F	0.121	0.150	0.223
316	D	0.659	0.348	0.288
317	D	5.181	1.626	6.446
318	L	0.235	0.229	0.269

319	V	0.138	0.147	0.228
320	N	0.075	0.085	0.221
321	L	0.188	0.224	0.246
322	E	0.105	0.125	0.223
323	Q	0.160	0.195	0.235
324	D	0.076	0.084	0.222
325	K	0.106	0.587	0.222
326	Y	0.110	0.135	0.223
327	Q	0.160	0.195	0.235
328	V	0.134	0.147	0.224
329	R	0.752	0.517	0.360
330	G	0.103	0.098	0.219
331	I	0.092	0.498	0.219
332	F	1.855	1.486	0.362
333	G	0.080	0.098	0.218
334	Y	0.108	0.135	0.219
335	V	0.131	0.147	0.220
336	K	0.747	0.630	0.243
337	T	0.139	0.703	0.222
338	E	0.700	0.445	0.275
339	N	0.773	0.636	3.218
340	N	0.130	0.157	0.220
341	D	1.016	0.936	0.557
342	N	0.068	0.085	0.220
343	R	1.235	0.890	0.484
344	T	1.031	0.789	0.388
345	C	0.209	0.251	0.226
346	T	0.143	0.160	0.221
347	G	0.080	0.325	0.218
348	H	0.131	0.099	0.219
349	T	0.112	0.129	0.221
350	A	0.094	0.105	0.219
351	G	0.130	0.132	0.219
352	F	0.203	0.216	0.227
353	T	0.144	0.128	0.220
354	C	0.785	0.123	0.218
355	V	0.157	0.166	0.221
356	S	0.074	0.079	0.237
357	Y	0.206	0.218	0.318
358	K	1.019	1.050	0.237
359	H	1.126	3.480	0.318
360	T	0.144	0.150	0.274
361	L	0.135	0.137	0.273
362	E	0.102	0.102	0.259
363	N	0.068	0.072	0.244
364	G	0.080	0.081	0.240
365	G	0.120	0.110	0.254
366	I	0.089	0.087	0.249
367	P	0.194	0.213	0.310

368	W	0.192	0.207	0.319
369	Y	0.206	0.218	0.318
370	N	0.068	0.072	0.244
371	R	1.426	1.202	1.684
372	L	0.135	0.137	0.273
373	S	1.154	1.004	2.061
374	N	0.130	0.129	0.270
375	A	0.094	0.092	0.250
376	T	0.159	0.106	0.275
377	E	0.095	0.408	0.256
378	Q	0.162	0.181	0.309
379	L	0.216	0.215	0.331
380	Q	0.170	0.187	0.306
381	E	0.102	0.102	0.259
382	M	0.092	0.087	0.246
383	D	1.197	0.072	0.246
384	M	0.824	1.039	0.263
385	Y	0.108	0.109	0.262
386	A	0.191	0.195	0.303
387	K	0.099	0.091	0.254
388	E	0.098	0.090	0.256
389	A	0.148	0.096	0.250
390	D	0.185	0.126	0.270
391	S	0.125	0.078	0.239
392	H	0.151	0.099	0.252
393	L	1.076	1.016	0.273
394	H	0.151	0.099	0.252
395	E	0.146	0.089	0.256
396	L	0.245	0.198	0.314
397	E	0.154	0.084	0.259
398	E	0.154	0.350	0.259
399	Y	0.262	0.192	0.318
400	E	0.154	0.405	0.259
401	D	0.111	0.177	0.246
402	E	0.146	0.076	0.256
403	A	0.198	0.120	0.275
404	E	0.146	0.076	0.256
405	E	0.154	0.084	0.259
406	I	0.167	0.089	0.254
407	F	0.178	0.100	0.268
408	L	0.192	0.531	0.273
409	E	0.146	0.076	0.256
410	V	3.980	0.931	5.778
411	K	0.148	0.076	0.254
412	L	0.194	0.176	0.273
413	G	0.132	0.070	0.240
414	G	0.132	0.070	0.240
415	D	0.111	0.066	0.246
416	V	0.187	0.933	0.267

417	E	0.146	0.076	0.256
418	L	0.275	0.214	0.334
419	W	0.250	0.740	0.319
420	K	0.156	0.078	0.264
421	S	0.125	0.201	0.237
422	S	0.210	0.130	0.277
423	Q	0.227	0.706	0.306
424	G	0.132	0.070	0.240
425	K	0.148	0.274	0.254
426	G	0.132	0.196	0.240
427	-	2.557	0.999	0.355
428	-	1.242	1.033	0.360
429	-	1.816	0.994	0.372
430	-	0.138	0.093	0.360
431	D	0.111	0.172	0.246
432	D	1.150	1.003	0.667
433	A	3.531	4.889	1.310
434	R	4.977	5.220	5.934
435	V	0.197	0.566	0.276
436	D	0.779	0.962	0.246
437	N	0.112	0.065	0.244
438	D	0.111	0.066	0.246
439	G	0.175	0.088	0.254
440	L	0.192	0.124	0.273
441	T	0.151	0.087	0.250
442	H	0.151	0.090	0.252
443	L	0.245	0.183	0.314
444	N	0.112	0.071	0.244
445	I	0.859	0.328	0.249
446	A	1.132	0.133	0.275
447	T	0.151	0.087	0.250
448	G	0.171	0.079	0.254
449	V	0.132	0.420	0.240
450	A	0.178	1.063	0.268
451	M	0.201	0.522	0.274
452	L	0.262	0.211	0.325
453	L	0.262	0.211	0.325
454	I	0.147	1.036	0.253
455	I	0.262	5.004	0.325
456	S	0.292	0.902	0.335
457	L	0.192	0.124	0.273
458	F	0.141	2.805	0.249
459	C	0.175	0.111	0.260
460	T	0.190	0.517	0.267
461	L	0.192	0.124	1.493

Ratio of nonsynonymous-to-synonymous substitutions (ω) along ESAG6 (A), ESAG5 (B) and ESAG2 (C). Rates at individual codons are estimated by the mean of the posterior distribution of rates, using the prior distribution determined by the model M2a (selection model) parameters

listed in Table 6. See text for details. Estimates with $\omega > 2$ are indicative of adaptive evolution and are highlighted in bold. The amino acid sequence shown for each locus is that of the ESAG6, ESAG5 and ESAG2 sequences from TAR clone F44 in *T. b. brucei* with gaps introduced by the alignment. Ambiguously-aligned regions were omitted from the analysis and are indicated by dashes (-). The signal peptide from each ESAG in TAR clone Tbb_F44 was inferred using SignalP3.0 [S1] and is denoted SP in the table. The ESAG6 hypervariable region (HV) (residues 149-159) and box 1 (residues 209-215) and box 2 (residues 223-238) of the transferrin-binding region were assigned as in [39, 40].

- S1. Emanuelsson O, Brunak S, von Heijne G, Nielsen H: **Locating proteins in the cell using TargetP, SignalP and related tools.** *Nat Protoc* 2007, 2(4):953-971.