

Table S1. Hydrophobicity of transmembrane helix residues for 47 thermophilic and 153 mesophilic membrane proteins

For resource purposes, the number of TM-helices and TM-helix residues is included in the list.

Thermophile					Mesophile				
PDB_ID	CHAIN_ID	TM_HELIX_NUMBER	TM_HELIX_RESIDUE_NUMBER	TM_HELIX_HYDROPHOBICITY	PDB_ID	CHAIN_ID	TM_HELIX_NUMBER	TM_HELIX_RESIDUE_NUMBER	TM_HELIX_HYDROPHOBICITY
1EHK	A	13	255	0.174913	1AIJ	H	1	17	0.141765
1EHK	B	1	18	0.258889	1AIJ	L	5	88	0.067412
1EHK	C	1	18	-0.010556	1AIJ	M	5	90	0.088252
1JB0	A	11	158	0.241408	1BCC	C	8	132	0.135809
1JB0	B	11	160	0.203635	1BCC	D	1	15	0.037333
1JB0	F	1	15	0.080667	1BCC	E	1	18	0.366667
1JB0	I	1	18	0.201111	1BCC	G	1	15	0.324667
1JB0	J	1	17	0.196471	1BCC	J	1	17	0.382941
1JB0	K	2	28	0.362813	1BGY	C	8	178	0.178866
1JB0	L	3	44	0.16875	1BGY	D	1	22	0.479545
1JB0	M	1	15	-0.046	1BGY	E	1	26	0.445769
1ORQ	C	4	105	0.343077	1BGY	G	1	24	0.53625
2B2F	A	11	230	0.193286	1BGY	J	1	26	0.576538
2F2B	A	6	108	0.097967	1BGY	K	1	15	0.302667
2ONK	C	6	115	0.227501	1FFT	A	12	190	0.138599
2QJU	A	12	280	0.235452	1FFT	B	2	31	-0.102771
2VPZ	C	8	136	0.121472	1FFT	C	5	73	0.197525
2ZY9	A	5	112	0.360715	1KPL	A	10	205	0.373645
3AQP	A	12	204	0.167731	1KQF	B	1	19	0.114211
3ARC	A	5	85	0.303773	1KQF	C	4	82	0.218762
3ARC	B	6	96	0.151424	1LOV	C	3	67	0.338788
3ARC	C	6	96	0.18335	1LOV	D	3	73	0.229554
3ARC	D	5	87	0.249213	1LGH	A	1	19	0.076316
3ARC	E	1	15	0.222	1LGH	B	1	20	0.1605
3ARC	F	1	17	0.347059	1NEK	C	3	65	0.193821
3ARC	H	1	16	-0.128125	1NEK	D	3	66	0.082965
3ARC	I	1	17	-0.203529	1NKZ	A	1	18	0.130556
3ARC	J	1	15	-0.032667	1NKZ	B	1	18	0.188889
3ARC	K	1	15	0.040667	1PW4	A	12	253	0.283041
3ARC	L	1	16	-0.185625	1Q16	C	5	115	0.288622
3ARC	M	1	16	-0.08875	1Q90	A	1	16	0.0925
3ARC	T	1	16	-0.311875	1Q90	B	4	74	0.126512
3ARC	X	1	17	-0.047059	1Q90	D	3	50	0.065185
3ARC	Y	1	15	0.055333	1Q90	G	1	16	0.028125
3ARC	Z	2	34	-0.055764	1Q90	L	1	21	0.041429
3B4R	A	6	103	0.086802	1Q90	M	1	18	-0.042778
3BVD	A	13	268	0.134538	1Q90	N	1	16	0.080625
3BVD	B	1	18	0.258889	1Q90	R	1	17	0.230588
3BVD	C	1	18	-0.191667	1QO1	K	2	29	0.108167
3DIN	C	10	151	0.157635	1U7G	A	11	212	0.20337
3DIN	D	1	17	0.048235	1V54	A	12	192	0.154004
3DIN	E	2	28	0.384923	1V54	B	2	29	-0.016929
3GIA	A	12	213	0.066611	1V54	C	7	101	0.238267
3KBC	A	11	183	0.316812	1V54	D	1	18	0.060556

3MP7	A	10
3MP7	B	1
3ORG	A	12

168	0.166411
21	0.128571
220	0.271132

Average	0.125694021
Standard Error	0.024179883

1V54	G	1	17	0.311765
1V54	I	1	14	0.126429
1V54	J	1	17	0.187059
1V54	K	1	16	0.066875
1V54	L	1	14	0.122143
1V54	M	1	15	0.141333
1YEW	A	2	32	0.029062
1YEW	B	7	117	0.407692
1YEW	C	4	65	0.330175
1ZCD	A	12	210	0.138785
1ZOY	C	3	74	0.373573
1ZRT	C	8	137	0.112144
1ZRT	D	1	16	-0.068125
1ZRT	E	1	21	0.281905
2A79	B	4	68	0.245788
2ACZ	C	3	71	0.168249
2ACZ	D	3	75	0.068279
2BHW	A	3	57	0.511367
2BL2	A	4	74	0.210917
2BS2	C	5	125	0.27872
2C3E	A	6	165	0.674609
2E74	A	4	78	0.071123
2E74	B	3	52	0.072179
2E74	C	1	18	-0.017778
2E74	D	1	18	0.171111
2E74	E	1	19	-0.172105
2E74	F	1	20	-0.008
2E74	G	1	18	0.214444
2E74	H	1	17	-0.044118
2E14	A	7	131	0.234162
2EXW	A	10	177	0.310242
2GSM	A	12	252	0.212586
2GSM	B	2	38	-0.075833
2H8A	A	4	83	0.414768
2J58	A	1	20	0.914737
2JLN	A	10	186	0.275618
2NUU	A	11	219	0.193557
2O01	1	3	46	0.649259
2O01	2	3	47	0.580902
2O01	3	3	41	0.308132
2O01	A	11	160	0.231956
2O01	B	11	161	0.249613
2O01	F	1	15	0.054667
2O01	G	2	26	0.564231
2O01	H	1	15	0.183333
2O01	I	1	16	0.190625
2O01	J	1	14	0.050714
2O01	L	3	46	0.215333
2O7L	A	6	101	0.160704

2OAR	A	2	52	0.279978
2OAU	A	3	61	0.22841
2Q7M	A	4	84	0.517405
2QI9	A	10	135	0.085219
2QKS	A	2	51	0.185685
2QTS	A	2	45	0.258488
2RCR	H	1	18	0.162778
2RCR	L	5	91	0.092332
2RCR	M	5	87	0.226633
2RDD	A	12	205	0.033463
2RDD	B	1	24	0.33625
2V8N	A	12	266	0.244693
2W5J	A	2	45	0.299762
2WCD	A	3	67	0.982339
2WSW	A	12	223	0.236314
2X2V	A	2	27	0.003571
2XUT	A	14	264	0.292559
2YFY	A	10	193	0.348052
2ZUQ	A	4	69	0.10576
2ZW3	A	4	96	0.521657
2ZXE	A	10	177	0.285934
2ZXE	B	1	21	0.054286
2ZXE	G	1	16	-0.250625
3B9W	A	11	211	0.195828
3B9Y	A	11	220	0.196564
3CHX	A	2	30	0.117667
3CHX	B	7	105	0.413395
3CHX	C	4	59	0.35331
3CX5	C	8	196	0.204712
3CX5	D	1	20	0.223
3CX5	E	1	27	0.396667
3CX5	H	1	28	0.8725
3CX5	I	1	22	0.259091
3D31	C	6	117	0.19787
3DQB	A	7	172	0.337267
3EHZ	A	4	79	0.168862
3FH6	F	7	138	0.195945
3FH6	G	6	125	0.25364
3G5U	A	12	242	0.248994
3H90	A	6	142	0.345385
3HD6	A	12	226	0.242375
3K07	A	12	225	0.140691
3KCU	A	7	160	0.271605
3KG2	A	4	71	0.135393
3KP9	A	5	105	0.102232
3LRB	A	12	217	0.156821
3LUT	B	6	118	0.241532
3M71	A	10	181	0.231295
3MK7	A	12	195	0.173307

3MK7	B	1	14	-0.084286
3MK7	C	2	30	-0.033
3MKT	A	12	235	0.235618
3O7Q	A	12	246	0.239133
3P0G	A	7	181	0.296546
3PJZ	A	12	256	0.232768
3QAK	A	7	144	0.216174
3QE7	A	14	230	0.311305
3QNQ	A	10	166	0.188789
3RLB	A	6	113	0.171894
3S0X	A	6	118	0.355127

Average	0.21966601
Standard Error	0.01481883