

IMP variants protein sequence alignment- BBL numbering

	91	92	93	94	95	96	97	98	99	100	101	102	103	104	108	109	110	111	112	113	114	115	116	117	118	119	120	121	122	123	124	125	126	127	128	129
IMP-1	D	T	E	K	L	V	T	W	F	V	E	R	G	Y	K	I	K	G	S	I	S	S	H	F	H	S	D	S	T	G	G	I	E	W	L	N
IMP-2	D	T	E	K	L	V	N	W	F	V	E	R	G	Y	K	I	K	G	T	I	S	S	H	F	H	S	D	S	T	G	G	I	E	W	L	N
IMP-3	D	T	E	K	L	V	T	W	F	V	E	R	G	Y	K	I	K	G	S	I	S	S	H	F	H	S	D	S	T	G	G	I	E	W	L	N
IMP-4	D	T	E	K	L	V	T	W	F	V	E	R	G	Y	K	I	K	G	S	I	S	S	H	F	H	S	D	S	T	G	G	I	E	W	L	N
IMP-5	D	T	E	K	L	V	T	W	F	V	E	R	G	Y	K	I	K	G	S	I	S	S	H	F	H	S	D	S	T	G	G	I	E	W	L	N
IMP-6	D	T	E	K	L	V	T	W	F	V	E	R	G	Y	K	I	K	G	S	I	S	S	H	F	H	S	D	S	T	G	G	I	E	W	L	N
IMP-7	D	T	E	K	L	V	T	W	F	V	E	R	G	Y	K	I	K	G	S	I	S	S	H	F	H	S	D	S	T	G	G	I	E	W	L	N
IMP-8	D	T	E	K	L	V	N	W	F	V	E	R	G	Y	K	I	K	G	T	I	S	S	H	F	H	S	D	S	T	G	G	I	E	W	L	N
IMP-9	D	T	E	N	L	V	N	W	F	V	E	R	G	Y	R	I	K	G	S	I	S	S	H	F	H	S	D	S	T	G	G	I	E	W	L	N
IMP-10	D	T	E	K	L	V	T	W	F	V	E	R	G	Y	K	I	K	G	S	I	S	S	H	F	H	S	D	S	T	G	G	I	E	W	L	N
IMP-11	D	T	E	K	L	V	N	W	F	V	E	R	G	Y	K	I	K	G	S	I	S	S	H	F	H	S	D	S	T	G	G	I	E	W	L	N
IMP-12	D	T	E	K	L	V	A	W	F	V	G	R	G	Y	K	I	K	G	S	V	S	S	H	F	H	S	D	S	T	G	G	I	E	W	L	N
IMP-13	D	T	E	K	L	V	N	W	F	V	E	R	G	Y	E	I	K	G	T	I	S	S	H	F	H	S	D	S	T	G	G	I	E	W	L	N
IMP-14	D	T	E	K	L	V	N	W	F	V	E	R	G	Y	K	I	K	G	S	I	S	T	H	F	H	S	D	S	T	A	G	I	E	W	L	N
IMP-15	D	T	E	K	L	V	T	W	F	V	E	R	G	Y	K	I	K	G	S	I	S	S	H	F	H	S	D	S	T	G	G	I	E	W	L	N
IMP-16	D	T	E	K	L	V	N	W	F	V	E	R	G	Y	K	I	K	G	S	I	S	S	H	F	H	S	D	S	T	G	G	I	E	W	L	N
IMP-18	D	T	E	K	L	V	N	W	F	I	E	H	G	Y	R	I	K	G	S	I	S	T	H	F	H	S	D	S	T	A	G	I	E	W	L	N
IMP-19	D	T	E	K	L	V	N	W	F	V	E	R	G	Y	K	I	K	G	T	I	S	S	H	F	H	S	D	S	T	G	G	I	E	W	L	N
IMP-20	D	T	E	K	L	V	N	W	F	V	E	R	G	Y	K	I	K	G	T	I	S	S	H	F	H	S	D	S	T	G	G	I	E	W	L	N
IMP-21	D	T	E	K	L	V	N	W	F	V	E	R	G	Y	K	I	K	G	S	I	S	S	H	F	H	S	D	S	T	G	G	I	E	W	L	N
IMP-22	D	T	E	K	L	V	T	W	F	V	E	R	G	Y	K	I	K	G	S	I	S	S	H	F	H	S	D	S	T	G	G	I	E	W	L	N
IMP-24	D	T	E	K	L	V	N	W	F	V	E	R	G	Y	K	I	K	G	T	I	S	S	H	F	H	S	D	S	T	G	G	I	E	W	L	N
IMP-25	D	T	E	K	L	V	T	W	F	V	E	R	G	Y	K	I	K	G	S	I	S	S	H	F	H	S	D	S	T	G	G	I	E	W	L	N
IMP-26	D	T	E	K	L	V	T	W	F	V	E	R	G	Y	K	I	K	G	S	I	S	S	H	F	H	S	D	S	T	G	G	I	E	W	L	N
IMP-27	D	T	E	K	L	V	N	W	F	V	E	R	G	Y	K	I	K	G	T	V	S	S	H	F	H	S	D	S	T	G	G	I	E	W	L	N
IMP-28	D	T	E	K	L	V	T	W	F	V	G	R	G	Y	K	I	K	G	S	I	S	S	H	F	H	S	D	S	T	G	G	I	E	W	L	N
IMP-29	D	T	E	K	L	V	T	W	F	V	E	R	G	Y	K	I	K	G	S	I	S	S	H	F	H	S	D	S	T	G	G	I	E	W	L	N
IMP-30	D	T	E	K	L	V	T	W	F	V	E	R	G	Y	K	I	K	G	S	I	S	S	H	F	H	S	D	S	T	G	G	I	E	W	L	N
IMP-31	D	T	E	K	L	V	R	W	F	V	G	R	G	Y	K	I	K	G	S	I	S	S	H	F	H	S	D	S	A	G	G	I	E	W	L	N
IMP-32	D	T	E	K	L	V	N	W	F	V	E	R	G	Y	K	I	K	G	S	I	S	T	H	F	H	S	D	S	T	A	G	I	E	W	L	N
IMP-33	D	T	E	K	L	V	N	W	F	V	E	R	G	Y	K	I	K	G	T	I	S	S	H	F	H	S	D	S	T	G	G	I	E	W	L	N
IMP-34	D	T	E	K	L	V	T	W	F	V	E	R	G	Y	K	I	K	G	S	I	S	S	H	F	H	S	D	S	T	G	G	I	E	W	L	N
IMP-35	D	T	E	K	L	V	R	W	F	V	G	R	G	Y	K	I	K	G	S	I	S	S	H	F	H	S	D	S	A	G	G	I	E	W	L	N
IMP-37	D	T	E	K	L	V	N	W	F	V	E	R	G	Y	E	I	K	G	T	I	S	S	H	F	H	S	D	S	A	G	G	I	E	W	L	N
IMP-38	D	T	E	K	L	V	T	W	F	V	E	R	G	Y	K	I	K	G	S	I	S	S	H	F	H	S	D	S	T	G	G	I	E	W	L	N
IMP-40	D	T	E	K	L	V	T	W	F	V	E	R	G	Y	K	I	K	G	S	I	S	S	H	F	H	S	D	S	T	G	G	I	E	W	L	N
IMP-41	D	T	E	K	L	V	N	W	F	V	E	R	G	Y	K	I	K	G	S	I	S	S	H	F	H	S	D	S	T	G	G	I	E	W	L	N
IMP-42	D	T	E	K	L	V	T	W	F	V	E	R	G	Y	K	I	K	G	S	I	S	S	H	F	H	S	D	S	T	G	G	I	E	W	L	N
IMP-43	D	T	E	K	L	V	T	W	F	V	E	R	G	Y	K	I	K	G	S	I	S	S	H	F	H	S	D	S	T	G	G	I	E	W	L	N
IMP-44	D	T	E	K	L	V	N	W	F	V	E	R	G	Y	K	I	K	G	S	I	S	S	H	F	H	S	D	S	T	G	G	I	E	W	L	N

Gray: Signal peptide; Red: Zn(II) ligands; Green: positions related to substrate preferences; Light Blue: positions that tolerate variations with minnor substrate dependence

IMP variants protein sequence alignment- BBL numbering

	130	132	133	134	135	136	137	138	139	140	141	142	143	144	145	146	147	148	149	150	150a	167	168	169	170	171	172	173	174	175	176	177	178	179	180	181
IMP-1	S	R	S	I	P	T	Y	A	S	E	L	T	N	E	L	L	K	K	D	G	K	V	Q	A	T	N	S	F	S	G	V	N	Y	W	L	V
IMP-2	S	Q	S	I	P	T	Y	A	S	E	L	T	N	E	L	L	K	K	D	G	K	V	Q	A	K	N	S	F	S	G	V	S	Y	W	L	V
IMP-3	S	R	S	I	P	T	Y	A	S	E	L	T	N	E	L	L	K	K	D	G	K	V	Q	A	T	N	S	F	S	G	V	N	Y	W	L	V
IMP-4	S	Q	S	I	P	T	Y	A	S	E	L	T	N	E	L	L	K	K	D	G	K	V	Q	A	K	N	S	F	S	G	V	N	Y	W	L	V
IMP-5	S	Q	S	I	P	T	Y	A	S	E	L	T	N	E	L	L	K	K	D	G	K	V	Q	A	K	N	S	F	S	G	V	S	Y	W	L	V
IMP-6	S	R	S	I	P	T	Y	A	S	E	L	T	N	E	L	L	K	K	D	G	K	V	Q	A	T	N	S	F	S	G	V	N	Y	W	L	V
IMP-7	S	Q	S	I	P	T	Y	A	S	E	L	T	N	E	L	L	K	K	D	G	K	V	Q	A	K	N	S	F	S	G	V	S	Y	W	L	V
IMP-8	S	Q	S	I	P	T	Y	A	S	E	L	T	N	E	L	L	K	K	D	G	K	V	Q	A	K	N	S	F	S	G	V	S	Y	W	L	V
IMP-9	S	Q	S	I	P	T	Y	A	S	E	L	T	N	E	L	L	K	K	D	G	K	V	Q	A	K	Y	S	F	S	G	V	S	Y	W	L	V
IMP-10	S	R	S	I	P	T	Y	A	S	E	L	T	N	E	L	L	K	K	D	G	K	V	Q	A	T	N	S	F	S	G	V	N	Y	W	L	V
IMP-11	S	Q	S	I	P	T	Y	A	S	V	L	T	N	E	L	L	K	K	D	G	K	V	Q	A	K	N	S	F	S	G	V	S	Y	W	L	V
IMP-12	S	Q	S	I	P	T	Y	A	S	E	L	T	N	E	L	L	K	K	N	G	K	V	Q	A	T	N	S	F	S	G	V	S	Y	W	L	V
IMP-13	S	Q	S	I	P	T	Y	A	S	E	L	T	N	E	L	L	K	K	S	G	K	V	Q	A	K	Y	S	F	S	E	V	S	Y	W	L	V
IMP-14	S	Q	S	I	P	T	Y	A	S	E	L	T	N	E	L	L	K	K	D	N	K	V	Q	A	K	H	S	F	N	G	V	S	Y	S	L	I
IMP-15	S	Q	S	I	P	T	Y	A	S	E	L	T	N	E	L	L	K	K	D	G	K	V	Q	A	K	N	S	F	S	G	G	S	Y	W	L	V
IMP-16	S	Q	S	I	P	T	Y	A	S	E	L	T	N	E	L	L	K	K	N	G	K	V	Q	A	K	N	S	F	S	G	V	S	Y	W	L	V
IMP-18	S	Q	S	I	S	T	Y	A	S	E	L	T	N	E	L	L	K	K	D	N	K	V	Q	A	T	N	S	F	S	G	V	S	Y	S	L	I
IMP-19	S	Q	S	I	P	T	Y	A	S	E	L	T	N	E	L	L	K	K	D	G	K	V	Q	A	K	N	S	F	S	G	V	S	Y	W	L	V
IMP-20	S	Q	S	I	P	T	Y	A	S	E	L	T	N	E	L	L	K	K	D	G	K															

IMP variants protein sequence alignment- BBL numbering

	182	183	184	185	186	187	190	191	192	193	194	195	196	197	198	199	200	201	202	203	204	205	206	207	208	215	216	217	218	219	220	221	222	223	224	225
IMP-1	K	N	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-2	K	N	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-3	K	N	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-4	K	N	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-5	K	N	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-6	K	N	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-7	K	N	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-8	K	N	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-9	K	N	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-10	K	N	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-11	K	N	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-12	K	N	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-13	K	N	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-14	K	N	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-15	N	N	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-16	K	N	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-18	K	N	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-19	K	N	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-20	K	N	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-21	K	N	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-22	K	N	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-24	K	N	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-25	K	N	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-26	K	N	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-27	K	D	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-28	K	N	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-29	K	K	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-30	K	N	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-31	K	H	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-32	K	N	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-33	K	N	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-34	K	N	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-35	K	H	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-37	K	N	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-38	K	N	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-40	K	N	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-41	K	N	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-42	K	N	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-43	K	K	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P
IMP-44	K	N	K	I	E	V	F	Y	P	G	P	G	H	T	P	D	N	V	V	V	W	L	P	E	R	K	I	L	F	G	G	C	F	I	K	P

Gray: Signal peptide; Red: Zn(II) ligands; Green: positions related to substrate preferences; Light Blue: positions that tolerate variations with minor substrate dependence

IMP variants protein sequence alignment- BBL numbering

	227	228	231	232	233	234	235	236	237	238	241	242	243	244	245	246	247	248	249	250	251	252	253	254	a	b	255	256	257	258	259	260	261	262	263	264
IMP-1	Y	G	L	G	N	L	G	D	A	N	I	E	A	W	P	K	S	A	K	L	L	K	S	K	Y	G	K	A	K	L	V	V	P	S	H	S
IMP-2	D	G	L	G	N	L	G	D	A	N	L	E	A	W	P	K	S	A	K	I	L	M	S	K	Y	V	K	A	K	L	V	V	S	S	H	S
IMP-3	Y	G	L	G	N	L	G	D	A	N	I	E	A	W	P	K	S	A	K	L	L	K	S	K	Y	G	K	A	K	L	V	V	P	S	H	S
IMP-4	Y	G	L	G	N	L	G	D	A	N	L	E	A	W	P	K	S	A	K	L	L	I	S	K	Y	G	K	A	K	L	V	V	P	S	H	S
IMP-5	Y	G	L	G	N	L	G	D	A	N	V	E	A	W	P	K	S	A	K	L	L	M	S	K	Y	G	K	A	K	L	V	V	P	S	H	S
IMP-6	Y	G	L	G	N	L	G	D	A	N	I	E	A	W	P	K	S	A	K	L	L	K	S	K	Y	G	K	A	K	L	V	V	P	S	H	S
IMP-7	Y	G	L	G	N	L	G	D	A	N	L	E	A	W	P	K	S	A	K	L	L	V	S	K	Y	G	K	A	K	L	V	V	P	S	H	S
IMP-8	D	G	L	G	N	L	G	D	A	N	L	E	A	W	P	K	S	A	K	I	L	M	S	K	Y	G	K	A	K	L	V	V	S	S	H	S
IMP-9	Y	G	L	G	N	L	G	D	A	N	L	E	A	W	P	K	S	A	K	L	L	M	S	K	Y	S	K	A	K	L	V	V	P	S	H	S
IMP-10	Y	G	L	G	N	L	G	D	A	N	I	E	A	W	P	K	S	A	K	L	L	K	S	K	Y	G	K	A	K	L	V	V	P	S	H	S
IMP-11	Y	G	L	G	N	L	D	D	A	N	V	E	A	W	P	H	S	A	E	K	L	I	S	K	Y	G	N	A	K	L	V	V	P	S	H	S
IMP-12	D	G	L	G	N	L	D	D	A	N	L	K	A	W	P	K	S	A	K	I	L	M	S	K	Y	G	K	A	K	L	V	V	S	S	H	S
IMP-13	H	G	L	G	N	L	G	D	A	N	L	E	A	W	P	K	S	A	K	I	L	M	S	K	Y	G	K	A	K	L	V	V	S	S	H	S
IMP-14	D	G	L	G	Y	L	G	D	A	N	L	E	A	W	P	K	S	A	K	I	L	M	S	K	Y	G	K	A	K	L	V	V	S	S	H	S
IMP-15	Y	G	L	G	N	L	G	D	A	N	L	E	A	W	P	K	S	A	K	I	L	M	S	K	Y	G	K	A	K	L	V	V	S	S	H	S
IMP-16	Y	G	L	G	N	L	D	D	A	N	V	E	A	W	P	H	S	A	E	I	L	M	S	R	Y	G	N	A	K	L	V	V	P	S	H	S
IMP-18	D	G	L	G	N	L	G	D	A	N	L	E	A	W	P	K	S	A	K	I	L	M	S	K	Y	G	K	A	K	L	V	V	S	S	H	S
IMP-19	D	G	L	G	N	L	G	D	A	N	L	E	A	W	P	K	S	A	K	I	L	M	S	K	Y	V	K	A	K	L	V	V	S	S	H	S
IMP-20	D</																																			

IMP variants protein sequence alignment- BBL numbering

	265	266	295	296	297	298	299	300	301	302	303	304	305	306	307	308	309	310	311	312	313	314	315	316	317	318	319	320	321	322			
IMP-1	E	V	G	D	A	S	L	L	K	L	T	L	E	Q	A	V	K	G	L	N	E	S	K	K	P	S	K	P	S	N	*		
IMP-2	E	I	G	D	A	S	L	L	K	R	T	W	E	Q	A	V	K	G	L	N	E	S	K	K	P	S	Q	P	S	N	*		
IMP-3	E	V	G	D	A	S	L	L	K	L	T	L	E	Q	A	V	K	G	L	N	E	S	K	K	P	S	K	P	S	N	*		
IMP-4	E	A	G	D	A	S	L	L	K	L	T	L	E	Q	A	V	K	G	L	N	E	S	K	K	P	S	K	L	S	N	*		
IMP-5	E	V	G	D	A	S	L	L	K	R	T	L	E	Q	A	V	K	G	L	N	E	S	K	K	P	S	K	P	S	N	*		
IMP-6	E	V	G	D	A	S	L	L	K	L	T	L	E	Q	A	V	K	G	L	N	E	S	K	K	P	S	K	P	S	N	*		
IMP-7	E	V	G	D	A	S	L	L	K	R	T	L	E	Q	A	V	K	G	L	N	E	S	K	K	L	S	K	P	S	N	*		
IMP-8	E	I	G	D	A	S	L	L	K	R	T	W	E	Q	A	V	K	G	L	N	E	S	K	K	P	S	Q	P	S	N	*		
IMP-9	D	I	G	D	S	S	L	L	K	L	T	W	E	Q	T	V	K	G	F	N	E	S	K	K	S	T	T	A	H	*	-		
IMP-10	E	V	G	D	A	S	L	L	K	L	T	L	E	Q	A	V	K	G	L	N	E	S	K	K	P	S	K	P	S	N	*		
IMP-11	D	I	G	D	A	S	L	L	K	L	T	W	E	Q	A	V	K	G	L	N	E	S	K	K	P	S	N	T	V	H	*	-	
IMP-12	E	I	G	N	A	S	L	L	K	L	T	W	E	Q	A	V	K	G	L	K	E	S	K	K	P	L	L	P	S	N	*	-	
IMP-13	E	K	G	D	A	S	L	M	K	R	T	W	E	Q	A	L	K	G	L	K	E	S	K	K	T	S	S	P	S	N	*	-	
IMP-14	D	I	G	D	V	S	L	L	K	R	T	W	E	Q	A	V	K	G	L	N	E	S	K	K	S	S	S	Q	P	S	N	*	-
IMP-15	E	T	G	N	A	S	L	L	K	L	T	W	E	Q	A	V	K	G	L	K	E	S	K	K	P	S	L	P	S	N	*	-	
IMP-16	D	V	G	D	A	S	L	L	K	L	T	W	E	Q	A	V	K	G	L	K	E	S	K	K	P	S	Q	P	S	N	*	-	
IMP-18	E	I	G	N	A	S	L	L	Q	R	T	W	E	Q	A	V	K	G	L	N	E	S	K	K	P	L	Q	P	S	N	*	-	
IMP-19	E	I	G	D	A	S	L	L	K	R	T	W	E	Q	A	V	K	G	L	N	E	S	K	K	P	S	Q	P	S	N	*	-	
IMP-20	E	I	G	D	A	S	L	L	K	R	T	W	E	Q	A	V	K	G	L	N	E	S	K	K	P	S	Q	P	S	N	*	-	
IMP-21	D	I	G	D	A	S	L	L	K	L	T	W	E	Q	A	V	K	G	L	N	E	S	K	K	P	S	N	T	V	H	*	-	
IMP-22	D	I	G	D	A	S	L	L	K	L	T	W	E	Q	A	V	K	G	L	K	E	S	K	K	P	S	E	P	S	N	*	-	
IMP-24	E	I	G	D	A	S	L	L	K	R	T	W	E	Q	A	V	K	G	L	N	E	S	R	K	P	S	Q	P	S	N	*	-	
IMP-25	E	V	G	D	A	S	L	L	K	L	T	L	E	Q	A	V	K	G	L	N	E	S	K	K	P	S	K	P	S	N	*	-	
IMP-26	E	A	G	D	A	S	L	L	K	R	T	L	E	Q	A	V	K	G	L	N	E	S	K	K	P	S	K	L	S	N	*	-	
IMP-27	E	T	G	D	A	T	H	L	K	R	T	W	E	Q	A	V	K	G	L	K	E	S	K	K	T	L	Q	P	S	N	*	-	
IMP-28	E	V	G	D	A	S	L	L	K	R	T	L	E	H	A	V	K	G	L	N	E	S	K	K	P	S	K	P	S	N	*	-	
IMP-29	D	I	G	N	A	S	L	L	K	L	T	W	E	Q	A	V	K	G	L	K	E	S	K	K	P	S	Q	P	S	N	*	-	
IMP-30	E	V	G	D	A	S	L	L	K	L	T	L	E	Q	A	V	K	G	L	N	E	S	K	K	P	S	K	P	S	N	*	-	
IMP-31	E	I	G	G	A	S	L	L	K	R	T	W	E	Q	A	V	K	G	L	K	E	S	K	N	H	S	P	K	*	-	-		
IMP-32	D	I	G	D	V	S	L	L	K	R	T	W	E	Q	A	V	K	G	L	N	E	S	K	K	S	S	S	Q	P	S	N	*	-
IMP-33	E	K	G	D	A	S	L	L	K	R	T	W	E	Q	A	L	K	G	L	K	E	S	K	K	T	S	S	P	S	N	*	-	
IMP-34	E	V	G	D	A	S	L	L	K	L	T	L	E	Q	A	V	K	G	L	N	E	S	K	K	P	S	K	P	S	N	*	-	
IMP-35	E	I	G	G	A	S	L	L	K	R	T	W	E	Q	A	V	K	G	L	K	E	S	K	K	P	S	Q	P	N	T	*	-	
IMP-37	E	K	G	D	A	S	L	M	K	R	T	W	E	Q	A	L	K	G	L	K	E	S	K	K	T	S	S	Q	S	T	A	S	
IMP-38	E	A	G	D	A	S	L	L	K	L	T	L	E	Q	A	V	K	G	L	N	E	S	K	K	P	S	K	L	S	N	*	-	
IMP-40	E	V	G	D	A	S	L	L	K	L	T	L	E	Q	A	V	K	G	L	N	E	S	K	K	P	S	K	P	S	N	*	-	
IMP-41	D	I	G	D	A	S	L	L	K	L	T	W	E	Q	A	V	K	G	L	N	E	S	K	K	S	N	T	V	H	*	-		
IMP-42	E	V	G	D	A	S	L	L	K	L	T	L	E	Q	A	V	K	G	L	N	E	S	K	K	P	S	K	P	S	N	*	-	
IMP-43	E	V	G	D	A	S	L	L	K	R	T	L	E	Q	A	V	K	G	L	N	E	S	K	K	L	S	K	P	S	N	*	-	
IMP-44	D	I	G	D	A	S	L	L	K	L	T	W	E	Q	A	V	K	G	L	N	E	S	K	K	S	N	T	V	H	*	-		

Gray: Signal peptide; Red: Zn(II) ligands; Green: positions related to substrate preferences; Light Blue: positions that tolerate variations with minor substrate dependence