Supporting Information

Development of potent and selective *S. aureus* sortase A inhibitors based on peptide macrocycles

Inmaculada Rentero Rebollo, Shawna McCallin, Davide Bertoldo, José Manuel Entenza, Philippe Moreillon and Christian Heinis*

Supplementary Methods

SrtA production

Vector pHTT14 was transformed into *E. coli* XL1-blue, the cells grown on selective ampicillin plates, and cells of a cololy grown in LB (100 µg/ml ampicillin) until $OD_{600} = 0.5$. SrtA expression was induced by addition of 1 mM IPTG, and protein production was allowed for 4 h at 25 °C. Cells were harvested by centrifugation and resuspended in cold lysis buffer (30 mM NaH_2PO_4, 300 mM NaCl, 0.1% Triton X-100, 50 µg/ml DNAse, 100 µg/ml lysozyme, pH 7.4) by sonication. Lysates were cleared by centrifugation (9000 rpm, 4 °C, 1 hr). $(His)_6$-$SrtA_{26\text{-}206}$ was purified by nickel affinity chromatography using 30 mM NaH_2PO_4, 300 mM NaCl, 10 mM imidazole, pH 7.4 as running buffer, and running buffer + 500 mM imidazole for elution, followed by size exclusion chromatography (PBS buffer) (Figure S3).

High-throughput sequencing

Phage vector was isolated from TG1 *E. coli* cells with a commercial plasmid purification kit (NucleoSpin Plasmid; Macherey-Nagel), and samples were prepared as previously described (Rebollo, et al., 2014), 100 ng phage vector DNA was amplified by PCR using primers containing adapter sequences and barcodes. The concentration of DNA was determined using a High Sensitivity DNA Assay Kit (Agilent), following the manufacturer's protocol. Ion Torrent sequencing was performed by the Lausanne Center of Genomic Technologies (University of Lausanne, Switzerland) on an Ion Personal Genome Machine (PGM^{TM}) Sequencer, using an Ion Torrent 316^{TM} chip.

Calculation of K_i

For IC_{50}s higher than 10 µM, the inhibitory constant K_i was calculated according to the equation of Cheng and Prusoff $K_i = IC_{50}/(1 + [S]_0/K_m)$, wherein IC_{50} is the functional strength of the inhibitor, $[S]_0$ is the total substrate concentration, and K_m is the Michaelis–Menten constant. The reported K_m values for LPETG substrates of SrtA are between 5 and 7 mM, and therefore $K_i \approx IC_{50}$. For IC_{50}s lower than 10 µM, a second series was performed using 1 µM enzyme and 50 µM substrate, and K_is were calculated accordingly. For IC_{50}s lower than 3 µM in this second series, data was fitted to the Morrison equation, where V_i and V_0 are the reaction velocities in the presence and absence of inhibitor, respectively. E_0 and I_0 represent the total enzyme and

inhibitor concentration, respectively. K_i is the inhibition constant in the presence of fluorogenic substrate. Fitting curves were generated using OriginPro 8G software (OriginLab Corporation):

$$V_i/V_0 = 1 - \frac{E_0 + I_0 + K_i - \sqrt{(E_0 + I_0 + K_i)^2 - 4E_0 I_0}}{2E_0}$$

Calculation of K_d

The dissociation constants (K_d) were determined by non-linear regression analyses of fluorescence polarization (F_p) versus total concentration of SrtA (P_T) using the following equation:

$$F_p = F_{p\,min} + (F_{p\,max} - F_{p\,min}) \frac{L_T + P_T + K_D - \sqrt{(L_T + P_T + K_D)^2 - 4L_T P_T}}{2L_T}$$

$F_{p\,min}$ and $F_{p\,max}$ are the fluorescence polarization for the free peptide and the fully bound peptide respectively, and L_T is the total concentration of fluorescent ligand (200 nM). Fitting curves were generated using OriginPro 8G software (OriginLab Corporation).

Supplementary Figures
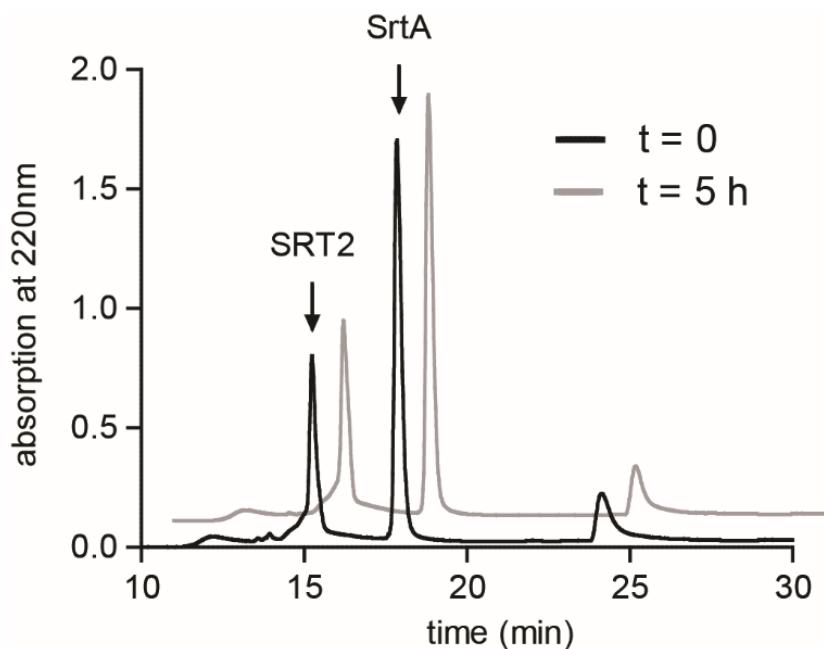
Figure S1. Resistance of bicyclic peptides to cleavage by SrtA. HPLC chromatograms of bicyclic peptide **2** (0.5 mM) incubated with SrtA (0.2 mM) for 0 and 5 hrs.
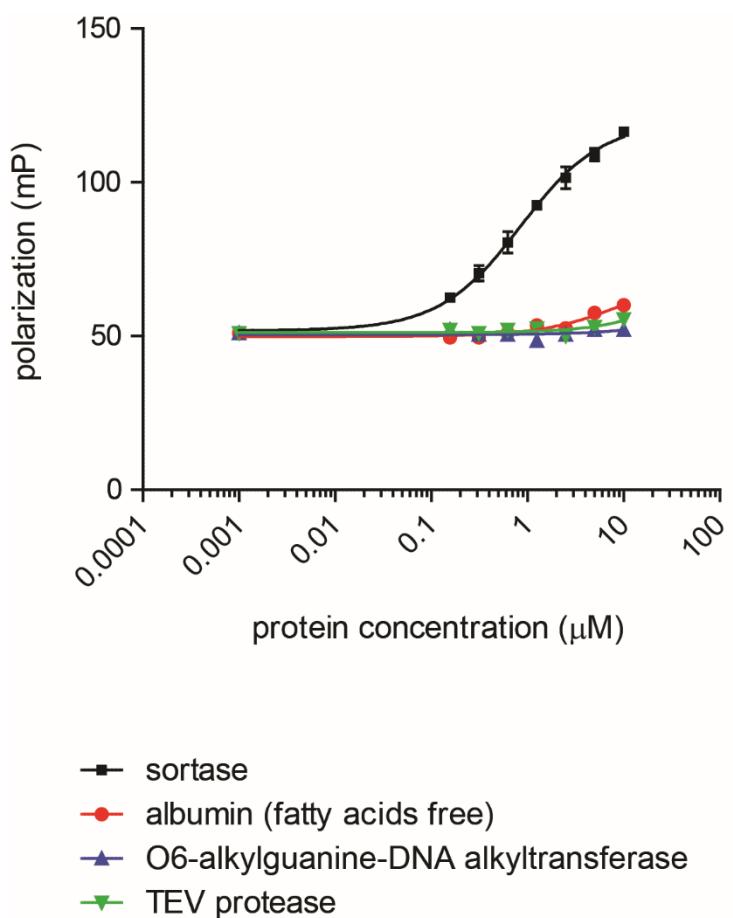
**Figure S2.** Specificity of a bicyclic peptide SrtA inhibitor. Fluorescence polarization of bicyclic peptide **2** labeled with fluorescein incubated with increasing concentrations of the indicated proteins.

A

B

observed mass: 22134 Da

expected mass: 22134.8 Da
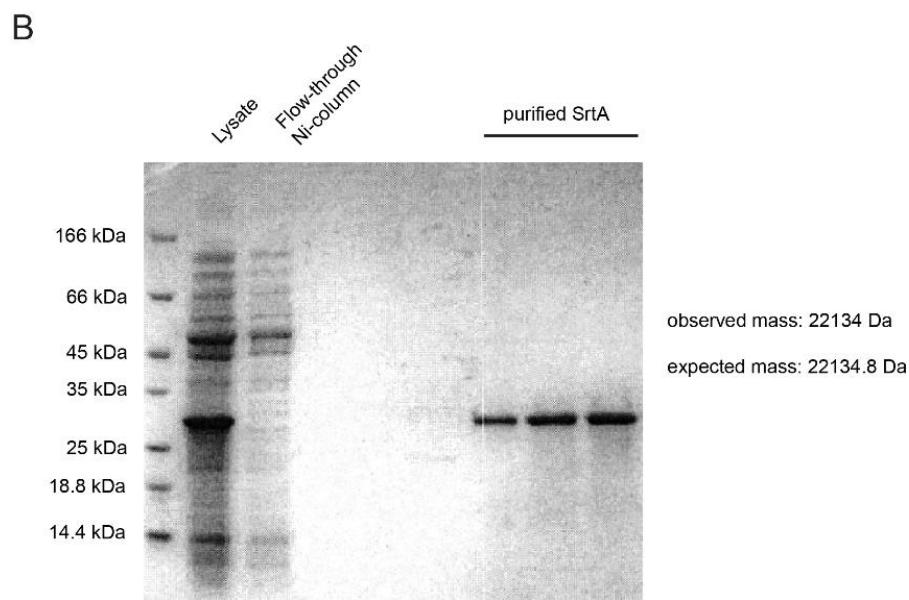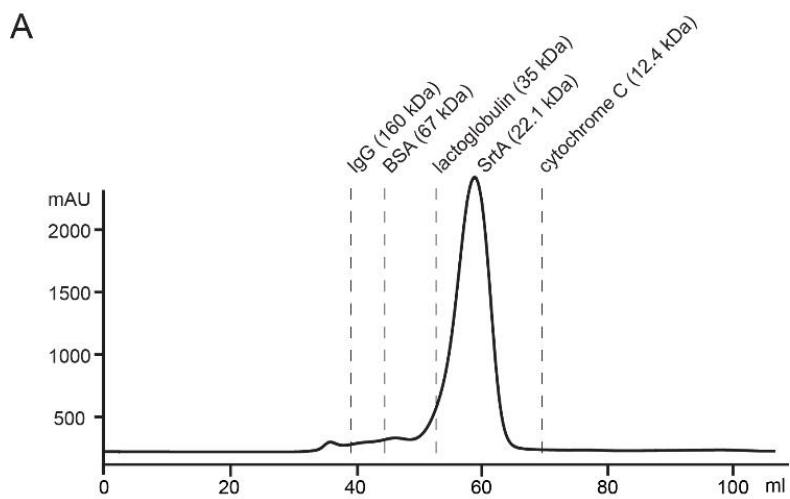
Figure S3. Purification of His6-SrtA$_{\Delta N}$. (A) Size exclusion chromatogram after nickel-column purification. (B) Analysis of proteins by SDS-PAGE.

Supplementary Tables

Table S1

Most abundant 100 peptides of Library A

Peptide sequence	Freq	Nucleotide sequence
MAACRQLPPCSFECGGSG	5059	ATGGCAGCATGCAGGTAGCTTCCTCCTTGCTCTTTCGAGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACQLLPPCPFNCGGSG	1514	ATGGCAGCATGCTAGCTCCTTCCGCCTTGCCCTTTTAATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPQLPPCRVSCGGSG	1343	ATGGCAGCATGCCCTTAGCTCCCTCCCTGCCGCGTGTCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPLLPPCADDCGGSG	853	ATGGCAGCATGCCCCTTGCTCCCTCCCTGCGCTGATGATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACAILPPCDQNCGGSG	684	ATGGCAGCATGCGCCATTCTCCCCCCGTGCGACTAGAATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACLQLPPCNVSCGGSG	627	ATGGCAGCATGCCTGTAGCTTCCTCCTTGCAACGTGTCCTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPLLPPCSLDCGGSG	601	ATGGCAGCATGCCCCCTGCTGCCGCCTTGCAGTCTGGATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPYLPPCQLACGGSG	598	ATGGCAGCATGCCCCTACCTTCCTCCCTGCTAGCTGGCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACLQLPPCSSPCGGSG	548	ATGGCAGCATGCTTGTAGCTTCCTCCCTGCTCGTCCCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPQLPPCGTFCGGSG	461	ATGGCAGCATGCCCTTAGCTGCCCCCTTGCGGTACTTTTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPALPPCQLSCGGSG	447	ATGGCAGCATGCCCTGCGTTGCCCCCGTGCTAGTTGTCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPQLPPCLYPCGGSG	400	ATGGCAGCATGCCCCCTAGCTCCCCCCGTGCCTGTATCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACQQGCTVLPPCGGSG	383	ATGGCAGCATGCTAGCAGGGCTGCACTGTGCTTCCGCCCTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPSLPPCPWNCGGSG	347	ATGGCAGCATGCCCGAGTCTTCCCCCGTGCCCCTGGAATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSQLPPCARGCGGSG	338	ATGGCAGCATGCAGCTAGTTGCCTCCTTGCGCTCGGGGTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACLQLPPCNHHCGGSG	296	ATGGCAGCATGCCTCTAGCTGCCTCCTTGCAACCATCACTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACILPPCSYTQCGGSG	292	ATGGCAGCATGCATCTTGCCTCCCTGCTCTTACACGTAGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACAILPPCQPRCGGSG	289	ATGGCAGCATGCGCCATTCTCCCTCCGTGCTAGCCTCGGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPLLPPCGIGCGGSG	289	ATGGCAGCATGCCCTCTGCTGCCTCCGTGCGGTATTGGCTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACYLLPPCQLGCGGSG	278	ATGGCAGCATGCTATCTGCTTCCCCCTTGCTAGTTGGGCTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACRGTCPVLPPCGGSG	269	ATGGCAGCATGCAGGGGCACCTGCCCCGTTCTGCCTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAVRCPLPPYQCCGGSG	262	ATGGCAGTGCGCTGCCCCCTTGCCGCCGTATTAGTGTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPYLPPCGESCGGSG	250	ATGGCAGCATGCCCGTACCTTCCCCCGTGCGGGGAGAGTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSILPPCSQNCGGSG	246	ATGGCAGCATGCTCTATCCTTCCTCCTTGCTCTTAGAATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACQTGCPILPPCGGSG	246	ATGGCAGCATGCTAGACGGGTTGCCCGATTCTGCCTCCCTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACQILPPCFQPCGGSG	242	ATGGCAGCATGCTAGATTTTGCCGCCGTGCTTTCAGCCCTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPSLPPCNQHCGGSG	242	ATGGCAGCATGCCCCTCTCTCCCTCCCTGCAATTAGCATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPYLPPCPLDCGGSG	210	ATGGCAGCATGCCCCTTATCTCCCTCCTTGCCCCTTTGGATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACQVLPPCGFICGGSG	202	ATGGCAGCATGCTAGGTGCTTCCTCCGTGCGGTTTCATCTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSLLPPCQLSCGGSG	202	ATGGCAGCATGCAGTCTGTTGCCCCCCTTGCTAGTTGTCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSILPPCFQTCGGSG	190	ATGGCAGCATGCAGCATCTTGCCCCCCCTGCTTCTAGACCTGTGGCGGTTCTGGCG
MAARMKSSCLPPCCGGSG	185	ATGGCAGCACGCATGAAGAGTAGTTGCCTCCCTCCGTGCTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACAQLPPCSLPCGGSG	183	ATGGCAGCATGCGCCTTAGTTGCCGCCGTGCTCTCTTCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACYQLPPCDHSCGGSG	177	ATGGCAGCATGCTACTAGTTGCCTCCCTGCGATCACAGTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPQLPPCVLACGGSG	171	ATGGCAGCATGCCCCTTAGCTTCCGCCGTGCGTGCTCGCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACKRTHCLPPCCGGSG	169	ATGGCAGCATGCAAGCGTACCCATTGCCTCCCCCCCTGTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACRQLPPCSDPCGGSG	164	ATGGCAGCATGCCGTTAGTTGCCTCCCTGCAGCGATCCCTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACRGHCPILPPCGGSG	162	ATGGCAGCATGCCGTGGCCATTGCCCTATCCTCCCTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG

MAACYLPPCQLQLCGGSG	157	ATGGCAGCATGCTATCTTCCCCCTTGCCAGCTGTAGTTGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSILPPCTTHCGGSG	154	ATGGCAGCATGCTCCATTTTGCCGCCTTGCACGACGCATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSRHCLTLPPCGGSG	149	ATGGCAGCATGCAGTCGTCATTGCCTGACTCTTCCTCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPVLPPCSRPCGGSG	149	ATGGCAGCATGCCCCGTGTTGCCCCCTTGCAGTCGTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACLQLPPCDFQCGGSG	147	ATGGCAGCATGCCTCTAGCTTCCTCCCTGCGATTTTCAGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPYLPPCGTICGGSG	147	ATGGCAGCATGCCCCTATCTGCCTCCTTGCGGCACGATCTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACALLPPCNQNCGGSG	145	ATGGCAGCATGCGCTCTGCTGCCGCCCTGCAATTAGAACTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACHSRCPQLPPCGGSG	138	ATGGCAGCATGCCATAGTAGGTGCCCCTAGCTTCCCCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACLPPCPLLPCGGSG	133	ATGGCAGCATGCCTGCCTCCTTGCCCGTTGTTGCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACKLLPPCQFECGGSG	130	ATGGCAGCATGCAAGCTTTTGCCTCCGTGCTAGTTCGAGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACYGQCTQLPPCGGSG	129	ATGGCAGCATGCTACGGTCAGTGCACTTAGCTGCCTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPYLPPCSYTCGGSG	129	ATGGCAGCATGCCCTTACCTTCCGCCGTGCTCCTACACTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPFLPPCSSACGGSG	126	ATGGCAGCATGCCCTTTCTTGCCCCCCCTGCTCGAGTGCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACGQLPPCDAMCGGSG	126	ATGGCAGCATGCGGCTAGCTGCCCCCCCTGCGATGCTATGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACQTYASCVLRCGGSG	125	ATGGCAGCATGCTAGACTTATGCCTCGTGCGTGCTCCGGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACGYLPPCPLSCGGSG	122	ATGGCAGCATGCGGTTATCTCCCTCCCTGCCCTCTCTCCTGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSVLPPCSFSCGGSG	122	ATGGCAGCATGCTCTGTTCTTCCTCCCTGCTCCTTCTCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACILPPCPSSCGGSG	122	ATGGCAGCATGCATTCTCCCCCCGTGCCCTTCTTCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPVLPPCPINCGGSG	122	ATGGCAGCATGCCCCGTCCTGCCTCCCTGCCCTATTAACTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSRSCPVLPPCGGSG	121	ATGGCAGCATGCTCTCGTTCCTGCCCTGTGCTTCCCCCCTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACYGECQVLPPCGGSG	116	ATGGCAGCATGCTACGGCGAGTGCTAGGTGTTGCCTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPSQCTILPPCGGSG	112	ATGGCAGCATGCCCCTCCTAGTGCACCATTCTTCCGCCCTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACGVLPPCQRECGGSG	107	ATGGCAGCATGCGGCGTTCTTCCTCCCTGCTAGAGGGAGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACTSRCPQLPPCGGSG	105	ATGGCAGCATGCACCTCGCGGTGCCCTCAGCTCCCTCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACQLLPPCSYSCGGSG	104	ATGGCAGCATGCTAGCTGTTGCCCCCGTGCTCTTATTCCTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACNTKCSILPPCGGSG	101	ATGGCAGCATGCAACACTAAGTGCTCTATTCTCCCCCCCTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACTVLPPCNYKCGGSG	98	ATGGCAGCATGCACCGTCTTGCCCCCGTGCAATTATAAGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACFDRCLQLPPCGGSG	97	ATGGCAGCATGCTTCGATCGCTGCCTTTAGTTGCCCCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACHSRCPTLPPCGGSG	97	ATGGCAGCATGCCACTCTCGCTGCCCCACTTTGCCCCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACLQLPPCAWTCGGSG	93	ATGGCAGCATGCTTGCAGCTGCCCCCTTGCGCTTGGACGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPVLPPCISNCGGSG	91	ATGGCAGCATGCCCCGTTCTCCCCCCCCTGCATTAGTAATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSILPPCTIQCGGSG	89	ATGGCAGCATGCTCTATTCTTCCTCCGTGCACGATTTAGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPYLPPCDFLCGGSG	87	ATGGCAGCATGCCCCGTATCTCCCCCCCTGCGACTTCCTCTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSGYCPYLPPCGGSG	86	ATGGCAGCATGCAGCGGTTATTGCCCCTACCTCCCGCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPVLPPCRSDCGGSG	86	ATGGCAGCATGCCCCGTGTTGCCGCCTTGCCGCTCGGATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPSLPPCRESCGGSG	84	ATGGCAGCATGCCCGAGCCTTCCCCCTTGCCGTGAGAGCTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSNRCTLLPPCGGSG	83	ATGGCAGCATGCTCTAATCGGTGCACCTTGTTGCCGCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSILPPCNSPCGGSG	83	ATGGCAGCATGCTCGATTCTGCCGCCGTGCAATAGTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACLQLPPCSLSCGGSG	82	ATGGCAGCATGCTTGTAGCTCCCTCCGTGCAGTCTCAGCTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACVSTCQILPPCGGSG	82	ATGGCAGCATGCGTTAGTACGTGCTAGATCCTCCCCCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACNVLPPCSSHCGGSG	81	ATGGCAGCATGCAACGTCTTGCCGCCTTGCTCCTCTCATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACNIQSCLPPCGGSG	78	ATGGCAGCATGCAACATTTAGTCTTGCCTTCCTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSQGCPSLPPCGGSG	77	ATGGCAGCATGCAGTTAGGGGTGCCCGTCGCTGCCTCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPFLPPCSMSCGGSG	76	ATGGCAGCATGCCCCTTTTCTGCCTCCGTGCTCTATGTCCTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSILPPCRSGCGGSG	74	ATGGCAGCATGCTCCATTCTCCCTCCTTGCCGCAGCGGGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPHLPPCNTLCGGSG	74	ATGGCAGCATGCCCTCATCTTCCCCCCTTGCAACACTTTGTGTGGCGGTTCTGGCG

MAACAAYCPQLPPCGGSG	73	ATGGCAGCATGCGCTGCTTATTGCCCCTAGCTTCCTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACQSGCGILPPCGGSG	72	ATGGCAGCATGCTAGAGCGGTTGCGGCATCTTGCCTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACAVGCPILPPCGGSG	72	ATGGCAGCATGCGCCGTTGGGTGCCCCATTTTGCCTCCCTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPYLPPCNMQCGGSG	71	ATGGCAGCATGCCCCTACCTCCCGCCTTGCAATATGTAGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSQKCFQLPPCGGSG	70	ATGGCAGCATGCTCTTAGAAGTGCTTTTAGCTTCCTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACILPPCPFSCGGSG	68	ATGGCAGCATGCATCTTGCCGCCTTGCCCCTTTTCCTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACLRNCPVLPPCGGSG	68	ATGGCAGCATGCTTGAGGAATTGCCCTGTTCTTCCTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSVRCGILPPCGGSG	67	ATGGCAGCATGCAGTGTTCGCTGCGGTATTTTGCCTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPLLPPCGANCGGSG	67	ATGGCAGCATGCCCTCTTCTGCCCCCCTTGCGGTGCGAATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACRNQCLILPPCGGSG	67	ATGGCAGCATGCCGCAACCAGTGCTTGATTCTTCCTCCCTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACAILPPCTLTCGGSG	65	ATGGCAGCATGCGCCATTCTCCCCCCTTGCACGCTTACTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACILPPCQFKDCGGSG	64	ATGGCAGCATGCATTCTGCCTCCCTGCTAGTTCAAGGATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACGQLPPCSVVCGGSG	64	ATGGCAGCATGCGGGTAGCTCCCTCCCTGCTCCGTTGTCTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACNTLCPYLPPCGGSG	63	ATGGCAGCATGCAATACTCTTTGCCCTTATCTGCCCCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACVGRCEVLPPCGGSG	62	ATGGCAGCATGCGTCGGGCGTTGCGAGGTTTTGCCTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPQLPPCHVYCGGSG	62	ATGGCAGCATGCCCTTAGCTCCCTCCGTGCCACGTTTACTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACALLPPCPNACGGSG	62	ATGGCAGCATGCGCGCTGTTGCCGCCTTGCCCTAATGCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACQVRCDILPPCGGSG	62	ATGGCAGCATGCTAGGTCCGGTGCGACATCCTCCCGCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACQFPCLVLPPCGGSG	62	ATGGCAGCATGCTAGTTTCCCTGCCTCGTCCTCCCTCCGTGTGGCGGTTCTGGCG

Table S2

Most abundant 100 peptides of Library B

Peptide sequence	Freq	Nucleotide sequence
MAACSILPPCNPPQCGGSG	4513	ATGGCAGCATGCTCGATTCTTCCTCCGTGCAATCCTCCGTAGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPLLPPCHLPQCGGSG	2041	ATGGCAGCATGCCCGTTGCTTCCGCCGTGCCATCTTCCTTAGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACQVLPPCGLQLCGGSG	1877	ATGGCAGCATGCCAGGTGTTGCCTCCGTGCGGTCTGTAGCTGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACRQLPPCAEYVCGGSG	1291	ATGGCAGCATGCCGGTAGCTGCCTCCTTGCGCTGAGTATGTTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPELPPCQLMLCGGSG	1048	ATGGCAGCATGCCCGGAGCTTCCGCCGTGCTAGTTGATGCTGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPMLPPCDLSYCGGSG	650	ATGGCAGCATGCCCTATGCTGCCTCCGTGCGATCTGAGTTATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACGLLPPCHQFHCGGSG	600	ATGGCAGCATGCGGGCTTTTGCCGCCTTGCCATTAGTTTCATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACTLLPPCTPDQCGGSG	580	ATGGCAGCATGCACGCTGTTGCCTCCTTGCACGCCGGATTAGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACRPKQCWQLPPCGGSG	571	ATGGCAGCATGCCGTCCGAAGCAGTGCTGGCAGTTGCCTCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACAQLPPCDYSGCGGSG	459	ATGGCAGCATGCGCGTAGCTTCCTCCGTGCGATTATTCTGGGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACQILPPCHSPGCGGSG	413	ATGGCAGCATGCTAGATTCTGCCTCCTTGCCATTCGCCGGGGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPSLPPCWQLQCGGSG	244	ATGGCAGCATGCCCTAGTTTGCCTCCTTGCTGGCAGTTGTAGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACEILPPCLQFQCGGSG	224	ATGGCAGCATGCGAGATTTTGCCTCCTTGCCTTTAGTTTCAGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACVWNNCSLLPPCGGSG	201	ATGGCAGCATGCGTGTGGAATAATTGCTCTCTTCTGCCTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPYLPPCSWDLCGGSG	192	ATGGCAGCATGCCCTTATCTTCCTCCGTGCTCGTGGGATCTGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACLELPPCQFASCGGSG	183	ATGGCAGCATGCTTGGAGTTGCCGCCGTGCCAGTTTGCTTCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPELPPCTVLKCGGSG	176	ATGGCAGCATGCCCTGAGCTGCCGCCTTGCACGGTTCTTAAATGTGGCGGTTCTGGCG
MAACIQLPPCQQSSCGGSG	175	ATGGCAGCATGCATTCAGCTTCCGCCTTGCTAGCAGTCTTCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACQLLPPCQFLQCGGSG	169	ATGGCAGCATGCCAGCTTCTGCCTCCTTGCTAGTTTTTGCAGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACLPPHSCWNQVCGGSG	161	ATGGCAGCATGCCTGCCTCCGCATTCTTGCTGGAATCAGGTTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSQLPPCTYLSCGGSG	150	ATGGCAGCATGCTCTCAGCTTCCGCCTTGCACTTATCTTTCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACRYLPPCPYKLCGGSG	149	ATGGCAGCATGCCGGTATCTTCCTCCTTGCCCTTATAAGCTGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACLYPRCPSLPPCGGSG	143	ATGGCAGCATGCCTGTATCCGCGTTGCCCTTCTCTTCCTCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACLQLPPCGVSLCGGSG	137	ATGGCAGCATGCCTGTAGCTGCCGCCTTGCGGTGTTAGTCTGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACQLLPPCAIQWCGGSG	126	ATGGCAGCATGCCAGTTGCTTCCGCCGTGCGCGATTTAGTGGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACAILPPCGQLSCGGSG	123	ATGGCAGCATGCGCTATTCTGCCGCCGTGCGGGCAGCTTAGTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACLTLPPCQAVSCGGSG	122	ATGGCAGCATGCCTTACTCTTCCTCCTTGCTAGGCGGTTTCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACYLLPPCPSTSCGGSG	122	ATGGCAGCATGCTATTTGTTGCCGCCGTGCCCTTCGACGTCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACLTLPPCPSFTCGGSG	106	ATGGCAGCATGCTTGACTTTGCCGCCGTGCCCGTCTTTTACTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACILPPCPTSEYCGGSG	104	ATGGCAGCATGCATTCTGCCTCCTTGCCCGACTTCGGAGTATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSVLPPCSFVACGGSG	100	ATGGCAGCATGCTCGGTGTTGCCTCCTTGCTCTTTTGTTGCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACHYLPPCQPAICGGSG	90	ATGGCAGCATGCCATTATTTGCCGCCTTGCTAGCCGGCGATTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSLLPPCHSTNCGGSG	73	ATGGCAGCATGCAGTCTTCTTCCTCCGTGCCATTCGACGAATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPLLPPCHLSFCGGSG	70	ATGGCAGCATGCCCGTTGCTGCCTCCGTGCCATCTTTCTTTTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACQSTFCPILPPCGGSG	68	ATGGCAGCATGCTAGTCTACGTTTTGCCCGATTCTGCCTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACGYLPPCNYLHCGGSG	61	ATGGCAGCATGCGGTTATTTGCCTCCTTGCAATTATCTGCATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACTLLPPCSSLQCGGSG	59	ATGGCAGCATGCACTTTGTTGCCGCCGTGCTCTTCTCTTCAGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPLLPPCRNTVCGGSG	57	ATGGCAGCATGCCCTCTGTTGCCTCCTTGCCGGAATACGGTTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPNQTCPLLPPCGGSG	53	ATGGCAGCATGCCCTAATTAGACGTGCCCTTTGCTGCCTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACKVLPPCSAQRCGGSG	52	ATGGCAGCATGCAAGGTTCTGCCTCCGTGCTCGGCTTAGCGGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACLLLPPCPIMTCGGSG	48	ATGGCAGCATGCCTTCTGCTTCCGCCTTGCCCGATTATGACGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACLLASCPILPPCGGSG	47	ATGGCAGCATGCTTGCTGGCTTCGTGCCCGATTCTTCCTCCGTGTGGCGGTTCTGGCG

MAACILPPCPTTIPCGGSG	43	ATGGCAGCATGCATTCTTCCGCCGTGCCCGACGACGATTCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACRHLPPCTQLRCGGSG	42	ATGGCAGCATGCCGTCATCTGCCGCCGTGCACGTAGCTTCGGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACAQLPPCPSQACGGSG	40	ATGGCAGCATGCGCGTAGTTGCCTCCGTGCCCTTCTTAGGCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSALPPCQWAQCGGSG	40	ATGGCAGCATGCAGTGCTCTGCCGCCTTGCTAGTGGGCTCAGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACHLLPPCGRQSCGGSG	37	ATGGCAGCATGCCATCTTTTGCCTCCGTGCGGTCGTTAGTCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSRLPPCVILDCGGSG	36	ATGGCAGCATGCTCTAGGCTTCCTCCTTGCGTTATTCTTGATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACQQLPPCMPRFCGGSG	36	ATGGCAGCATGCCAGTAGTTGCCTCCTTGCATGCCTCGGTTTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPVLPPCFTRLCGGSG	35	ATGGCAGCATGCCCGGTTCTGCCTCCGTGCTTTACTCGTTTGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSLLPPCTFVACGGSG	33	ATGGCAGCATGCTCGTTGCTGCCGCCGTGCACTTTTGTGGCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACAILPPCHFRSCGGSG	30	ATGGCAGCATGCGCGATTCTTCCGCCTTGCCATTTTCGGTCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACYLLPPCAISVCGGSG	29	ATGGCAGCATGCTATCTTTTGCCGCCTTGCGCGATTTCGGTTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACALLPPCFIQECGGSG	29	ATGGCAGCATGCGCTCTGTTGCCGCCGTGCTTTATTTAGGAGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACLLLPPCPSINCGGSG	29	ATGGCAGCATGCCTTCTGCTTCCTCCGTGCCCTTCGATTAATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACLTLPPCVLQQCGGSG	28	ATGGCAGCATGCTTGACGCTGCCGCCGTGCGTGCTGCAGTAGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPQLPPCIHSYCGGSG	28	ATGGCAGCATGCCCTCAGCTGCCTCCGTGCATTCATTCTTATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACKFLPPCGGSG	27	ATGGCAGCATGCAAGTTTCTTCCTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPMLPPCGIFPCGGSG	27	ATGGCAGCATGCCCGATGCTTCCGCCTTGCGGGATTTTTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACRVLPPCSEYNCGGSG	26	ATGGCAGCATGCAGGGTGTTGCCTCCGTGCTCTGAGTATAATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPILPPCPPTQCGGSG	26	ATGGCAGCATGCCCTATTTTGCCTCCTTGCCCGCCGACTCAGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACLLLPPCAPTTCGGSG	26	ATGGCAGCATGCTTGTTGCTGCCGCCTTGCGCGCCGACTACTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSLLPPCTPVLCGGSG	26	ATGGCAGCATGCTCTCTGCTTCCGCCTTGCACTCCTGTTTTGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACVLPPCHWSLQCGGSG	26	ATGGCAGCATGCGTTCTTCCTCCTTGCCATTGGTCGCTGCAGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACVVLPPCPLQTCGGSG	24	ATGGCAGCATGCGTGGTGTTGCCTCCGTGCCCGTTGCAGACTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACNLLPPCPPLSCGGSG	22	ATGGCAGCATGCAATCTGCTGCCTCCTTGCCCGCCTCTGTCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSTLPPCQLLHCGGSG	21	ATGGCAGCATGCAGTACGCTGCCGCCTTGCTAGTGTTGCATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACQLGSCMVLPPCGGSG	21	ATGGCAGCATGCTAGCTTGGTTCTTGCATGGTGTTGCCTCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACARSTCPQLPPCGGSG	21	ATGGCAGCATGCGCGCGGTCTACGTGCCCGCAGCTGCCTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACQYLHCSVLPPCGGSG	20	ATGGCAGCATGCTAGTATTTGCATTGCTCTGTTCTGCCTCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACFLLPPCQVALCGGSG	20	ATGGCAGCATGCTTTCTTTTGCCTCCTTGCTAGGTTGCGCTTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPTLPPCHNQLCGGSG	19	ATGGCAGCATGCCCGACGCTTCCTCCGTGCCATAATTAGTTGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACMVLPPCPHQRCGGSG	19	ATGGCAGCATGCATGGTGTTGCCTCCGTGCCCTCATCAGCGGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACDAWRCPVLPPCGGSG	19	ATGGCAGCATGCGATGCTTGGAGGTGCCCTGTGTTGCCTCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSLLPPCGSTTCGGSG	18	ATGGCAGCATGCTCTTTGTTGCCTCCTTGCGGTTCTACTACGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPVLPPCRTIWCGGSG	18	ATGGCAGCATGCCCGGTGCTGCCTCCGTGCCGTACTATTTGGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPPQPCPYLPPCGGSG	17	ATGGCAGCATGCCCGCCTTAGCCGTGCCCTTATCTGCCTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPTLPPCQPGYCGGSG	16	ATGGCAGCATGCCCGACGTTGCCTCCTTGCCAGCCTGGTTATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACLPPHNCPLSLCGGSG	16	ATGGCAGCATGCCTGCCGCCTCATAATTGCCCGCTTTCTCTTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACFTAKCLQLPPCGGSG	16	ATGGCAGCATGCTTTACGGCTAAGTGCCTTTAGCTTCCGCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACRFLSCSVLPPCGGSG	16	ATGGCAGCATGCAGGTTTTTGAGTTGCAGTGTTTTGCCTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACYHFTCPVLPPCGGSG	14	ATGGCAGCATGCTATCATTTTACTTGCCCTGTGCTTCCTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSRVPCNQLPPCGGSG	13	ATGGCAGCATGCTCTCGGGTTCCTTGCAATTAGCTTCCTCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACQELPPCLQIQCGGSG	12	ATGGCAGCATGCCAGGAGCTTCCGCCTTGCCTGCAGATTTAGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPTKSCLLLPPCGGSG	12	ATGGCAGCATGCCCTACGAAGTCTTGCCTTTTGCTTCCTCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPTARCTQLPPCGGSG	12	ATGGCAGCATGCCCTACGGCGCGGTGCACGTAGTTGCCTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACFYLPPCQDLFCGGSG	12	ATGGCAGCATGCTTTTATCTGCCTCCGTGCTAGGATTTGTTTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACYLPPCPSLPHCGGSG	11	ATGGCAGCATGCTATCTTCCTCCGTGCCCGTCTCTGCCTCATTGTGGCGGTTCTGGCG

MAACLRRPCDILPPCGGSG	11	ATGGCAGCATGCTTGCGTCGGCCGTGCGATATTCTTCCGCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSSLPPCYPFQCGGSG	11	ATGGCAGCATGCAGTTCGTTGCCTCCTTGCTATCCGTTTTAGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACGAKYCSYLPPCGGSG	11	ATGGCAGCATGCGGGGCGAAGTATTGCTCGTATTTGCCTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSSLPPCSTSECGGSG	11	ATGGCAGCATGCTCGAGTTTGCCTCCTTGCTCGACTTCTGAGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACQYLPPCSFLVCGGSG	11	ATGGCAGCATGCCAGTATCTTCCTCCTTGCTCTTTTTTGGTTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACVPLRCTLLPPCGGSG	10	ATGGCAGCATGCGTTCCTCTTCGGTGCACTCTTCTGCCTCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACLLLPPCSIQGCGGSG	10	ATGGCAGCATGCCTTTTGTTGCCGCCTTGCTCTATTTAGGGTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACIGSLCPVLPPCGGSG	9	ATGGCAGCATGCATTGGTAGTTTGTGCCCGGTTCTTCCTCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACRTLPPCSDLTCGGSG	9	ATGGCAGCATGCCGTACGCTGCCTCCTTGCTCTGATCTTACTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSQLPPCSIIKCGGSG	9	ATGGCAGCATGCTCGTAGCTTCCGCCGTGCAGTATTATTAAGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACLLLPPCQHQMCGGSG	8	ATGGCAGCATGCCTTCTGCTGCCGCCTTGCCAGCATTAGATGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACALLPPCSWVSCGGSG	8	ATGGCAGCATGCGCGTTGCTGCCGCCGTGCTCGTGGGTGTCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACKTLPPCPLRLCGGSG	8	ATGGCAGCATGCAAGACTCTGCCTCCTTGCCCTCTGCGTCTTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACYVLPPCSNVVCGGSG	8	ATGGCAGCATGCTATGTTCTTCCTCCGTGCTCTAATGTGGTGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACKHLPPCSVAYCGGSG	8	ATGGCAGCATGCAAGCATTTGCCTCCTTGCTCTGTTGCTTATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACLVLPPCFLVDCGGSG	8	ATGGCAGCATGCCTTGTTCTTCCGCCTTGCTTTTTGGTGGATTGTGGCGGTTCTGGCG

Table S3

Most abundant 100 peptides of Library 6x6

Peptide sequence	Freq	Nucleotide sequence
MAACRAKQVCCLAADRTCGGSG	4773	ATGGCAGCGTGTCGTGCGAAGCAGGTGTGTTGCTTGGCGGCGGATCGTACGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACWKRQVCCLSQDRLCGGSG	3992	ATGGCAGCGTGTTGGAAGAGGCAGGTGTGTTGCCTTTCGTAGGATAGGTTGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACQGILPPCGRGGGGCGGSG	3402	ATGGCAGCGTGTTAGGGGATTTTGCCGCCTTGCGGGCGTGGTGGTGGTGGGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACTCRKVCCLAQEMPCGGSG	2782	ATGGCAGCGTGTACGTGTCGGAAGGTGTGTTGCTTGGCGTAGGAGATGCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACTHRKGCCVAQEVVCGGSG	1709	ATGGCAGCGTGTACTCATAGGAAGGGGTGTTGCGTGGCTTAGGAGGTTGTTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACGPRKVCCLSQEVICGGSG	1529	ATGGCAGCGTGTGGGCCGAGGAAGGTTTGTTGCCTGAGTTAGGAGGTGATTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSWLQSECSIISSGCGGSG	1406	ATGGCAGCGTGTTCTTGGTTGTAGAGTGAGTGCAGTATTATTAGTAGTGGGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACGQVLPPCEHSGASRGGSG	936	ATGGCAGCGTGTGGGTAGGTGCTTCCTCCTTGCGAGCATTCTGGGGCGTCGCGTGGCGGTTCTGGCG
MAACMYQAALCSSILPPCGGSG	924	ATGGCAGCGTGTATGTATTAGGCGGCGTTGTGCTCTAGTATTCTTCCTCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACMQRQVCCLSYEKQCGGSG	821	ATGGCAGCGTGTATGTAGAGGCAGGTGTGTTGCCTGAGTTATGAGAAGCAGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACWRKTVCCLAAERSCGGSG	768	ATGGCAGCGTGTTGGCGGAAGACTGTGTGTTGCCTGGCTGCTGAGAGGAGTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACERRAVCCVSPELHCGGSG	658	ATGGCAGCGTGTGAGAGGCGGGCTGTTTGTTGCGTTTCTCCTGAGTTGCATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACLQWRADCQHVLPPCGGSG	454	ATGGCAGCGTGTCTTCAGTGGAGGGCGGATTGCTAGCATGTGCTGCCTCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACYGVLPPCQFTGGPCGGSG	442	ATGGCAGCGTGTTATGGTGTTCTGCCTCCGTGCTAGTTTACTGGTGGTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACIWAQGYCGEPARNCGGSG	421	ATGGCAGCGTGTATTTGGGCGTAGGGGTATTGCGGGGAGCCTGCTCGGAATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACGVSQAFSLPPWHCGGSG	402	ATGGCAGCGTGTGGCGTCTCATAGGCCTTCTCGTTGCCTCCGTGGCATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACQGGVVTCPHILPPCGGSG	400	ATGGCAGCGTGTTAGGGTGGGGTTGTGACGTGCCCTCATATTTTGCCGCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACFTRSVCCLSKELLCGGSG	372	ATGGCAGCGTGTTTTTACTCGTAGTGTGTGTTGCCTTTCTAAGGAGCTGCTGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACLSRQVCCLQKDLPCGGSG	346	ATGGCAGCGTGTCTTAGTAGGCAGGTTTGTTGCTTGTAGAAGGATCTGCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACGGILPPCTYQVPACGGSG	313	ATGGCAGCGTGTGGGGGGATTCTTCCTCCTTGCACGTATTAGGTGCCTGCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACQNYLKSCGLPPYDCGGSG	299	ATGGCAGCGTGTTAGAATTATTTGAAGAGTTGCGGGTTGCCTCCGTATGATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACALLPPQCPAYVESCGGSG	298	ATGGCAGCGTGTGCTCTGTTGCCTCCGTAGTGCCCGGCGTATGTTGAGAGTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSGRYACCLSQELECGGSG	296	ATGGCAGCGTGTAGTGGGAGGTATGCGTGTTGCTTGTCGTAGGAGTTGGAGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSGEYGKCQVLPPCGGSG	249	ATGGCAGCGTGTTCGGGGGAGTATGGTAAGTGCTAGGTGCTGCCTCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACHKQSNRCVGVLPPCGGSG	243	ATGGCAGCGTGTCATAAGTAGAGTAATCGGTGCGTGGGTGTTTTGCCGCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACKLRQVCCVDAAGYCGGSG	226	ATGGCAGCGTGTAAGTTGAGGTAGGTTTGTTGCGTGGATGCTGCGGGGTATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAWCGGQLPPCGGSG	223	ATGGCTTGGTGCGGGGGGTTAGTTGCCGCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACLTVLPPYSSSCGGSG	194	ATGGCAGCGTGTCTGACGGTTTTGCCGCCTTATTCTAGTAGTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACQDVTDGCTGILPPCGGSG	189	ATGGCAGCGTGTTAGGATGTGACTGATGGTTGCACTGGTATTCTTCCTCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACQGILPPCNVGRTGCGGSG	184	ATGGCAGCGTGTTAGGGGATTCTGCCGCCGTGCAATGTGGGTCGTACTGGTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPYQLPPCDSSPLDCGGSG	183	ATGGCAGCGTGTCCGTATTAGCTTCCGCCTTGCGATTCTAGTCCTCTGGATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACDLVLPPCWQGSQGWGGSG	174	ATGGCAGCGTGTGATCTGGTTCTGCCGCCTTGCTGGTAGGGGTCTTAGGGGTGGGGCGGTTCTGGCG
MAACGGARKCCLDTSHSCGGSG	173	ATGGCAGCGTGTGGGGGGTGCGAGGAAGTGTTGCTTGGATACGTCTCATTCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MASCQTLLPPCGGSG	171	ATGGCTTCGTGCTAGACGCTGCTTCCTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACGGPLKKCCGRLPPCGGSG	161	ATGGCAGCGTGTGGTGGGCCTTTGAAGAAGTGCTGTGGTAGGTTGCCTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACGGVLPPCQLEKVECGGSG	158	ATGGCAGCGTGTGGTGGGGTGTTGCCTCCGTGCTAGTTGGAGAAGGTTGAGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSWARVCCLQIDKECGGSG	155	ATGGCAGCGTGTTCTTGGGCGCGTGTGTGTTGCTTGTAGATTGATAAGGAGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACLGVLPPCGMFNFQRGGSG	152	ATGGCAGCGTGTTTTGGGTGTGTTGCCTCCGTGCGGTATGTTTAATTTTTAGCGTGGCGGTTCTGGCG
MAACMKKGVCCLAPDVRCGGSG	141	ATGGCAGCGTGTATGAAGAAGGGGGTGTGTTGCCTTGCTCCGGATGTGAGGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACTNALQRCGGTLPPCGGSG	136	ATGGCAGCGTGTACGAATGCTCTGTAGAGGTGCGGTGGTACGCTTCCGCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACVKRVALCCGQLPPCGGSG	134	ATGGCAGCGTGTGTGAAGCGTGTTGCGTTGTGCTGTGGTTAGCTTCCTCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACVGTERACFTQLPPCGGSG	130	ATGGCAGCGTGTGTGGGTACTGAGAGGGCGTGCTTTACTTAGTTGCCTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG

MAACRWDLQECSAYLPPCGGSG	130	ATGGCAGCGTGTCGGTGGGATTTGTAGGAGTGCAGTGCGTATCTTCCTCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACDFQLQQCAFILPPCGGSG	125	ATGGCAGCGTGTGATTTTTAGTTGCAGCAGTGCGCGTTTATTCTTCCGCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACGGQSLECRIYLPPCGGSG	121	ATGGCAGCGTGTGGTGGTTAGTCTTTGGAGTGCCGGATTTATCTTCCTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSTTSLRCGGQLPPCGGSG	121	ATGGCAGCGTGTTCGACTACTTCTCTGAGGTGCGGTGGGTAGTTGCCTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACQLAKRCCGGALPPCGGSG	118	ATGGCAGCGTGTTAGCTTGCTAAGCGGTGTTGCGGGGGGGCTTTGCCTCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACEWLDRACSQVLPPCGGSG	116	ATGGCAGCGTGTGAGTGGCTGGATCGTGCGGCTCGTAGGTGCTGCCGCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACWDQTRRCCKELPPCGGSG	115	ATGGCAGCGTGTTGGGATTAGACTCGTAGGTGCTGTAAGGAGTTGCCTCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSSRKVCCLASDVTCGGSG	113	ATGGCAGCGTGTAGTAGTAGGAAGGTGTGTTGCCTGGCTAGTGATGTTACTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPMVLPPCQHTLHECGGSG	111	ATGGCAGCGTGTCCTATGGTTCTGCCGCCTTGCTAGCATACTCTGCATGAGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACRGILPPCAPQAYECGGSG	109	ATGGCAGCGTGTCGTGGGATTTTGCCTCCGTGCGCTCCTTAGGCGTATGAGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSSQLPPCDRVQELGGSG	108	ATGGCAGCGTGTTCGTCTCAGCTGCCGCCGTGCGATCGCGTGTAGGAATTGGGCGGTTCTGGCG
MAACRYTQESCPHILPPCGGSG	107	ATGGCAGCGTGTCGTTATACGTAGGAGAGTTGCCCTCATATTTTGCCTCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACWDKRVCCVAPWRPCGGSG	104	ATGGCAGCGTGTTGGGATAAGCGTGTGTGTTGCGTGGCGCCTTGGCGTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACQGTLPPCPAGIKPCGGSG	101	ATGGCAGCGTGTTAGGGGACGCTTCCGCCTTGCCCGGCGGGTATTAAGCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACDTYQEECTHILPPCGGSG	98	ATGGCAGCGTGTGATACGTATTAGGAGGAGTGCACTCATATTTTGCCGCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPNLLPPCGGSQTACGGSG	97	ATGGCAGCGTGTCCTAATTTGCTTCCGCCTTGCGGGGGGGTCTTAGACGGCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSYLEQTCNQYLPPCGGSG	91	ATGGCAGCGTGTAGTTATCTTGAGCAGACGTGCAATTAGTATCTTCCTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACTSVLPPCSGNEQLCGGSG	90	ATGGCAGCGTGTACTTCGGTGCTTCCTCCGTGCTCTGGTAATGAGTAGCTTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSLLPPQCTFGSPSCGGSG	90	ATGGCAGCGTGTAGTCTGTTGCCTCCGTAGTGCACGTTTGGTTCGCCGTCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACTQHGRQCGHFLPPCGGSG	88	ATGGCAGCGTGTACGTAGCATGGGCGGCAGTGCGGGCATTTTCTGCCTCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACLRVLGCCVSVERPCGGSG	88	ATGGCAGCGTGTTTGAGGGTTCTTGGGTGTTGCGTGAGTGTTGAGCGTCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACVLFLPPCPQGSHLCGGSG	87	ATGGCAGCGTGTGTGCTTTTTCTTCCGCCGTGCCCTTAGGGGTCTCATCTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACGRYLPPCPQSPHNCGGSG	86	ATGGCAGCGTGTGGTAGGTATCTTCCGCCGTGCCCTCAGAGTCCTCATAATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACGSARKCCLSVLPPCGGSG	86	ATGGCAGCGTGTGGGAGTGCGCGTAAGTGTTGCTTGTCTGTTCTGCCTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACLPLLPPCDGDCLQCGGSG	83	ATGGCAGCGTGTTTGCCGTTGCTGCCGCCTTGCGATGGTGATTGTCTTCAGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACMTGQGRCGGVLPPCGGSG	82	ATGGCAGCGTGTATGACGGGTTAGGGGCGTTGCGGTGGGGTGTTGCCTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACHGRQVCCLAPARPCGGSG	81	ATGGCAGCGTGTCATGGTCGGCAGGTGTGTTGCCTTGCGCCTGCTCGGCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACLLGPRECGQLPPLCGGSG	81	ATGGCAGCGTGTTTGCTGGGTCCGAGGGAGTGCGGTTAGTTGCCGCCTCTGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACEGVLPPCPQLTQYCGGSG	81	ATGGCAGCGTGTGAGGGGGTGTTGCCTCCTTGCCCGTAGCTGACGCAGTATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACTWINGVCDGILPPCGGSG	80	ATGGCAGCGTGTACTTGGATTAATGGTGTGTGCGATGGTATTCTGCCGCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPGLLPPCQLGRPGCGGSG	79	ATGGCAGCGTGTCCGGGTCTGTTGCCTCCGTGCTAGCTTGGTCGTCCGGGTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACRQWLPPCPVGGTACGGSG	79	ATGGCAGCGTGTAGGCAGTGGCTGCCTCCTTGCCCTGTTGGGGGGGACGGCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACGIAGLPCSQVLPPCGGSG	77	ATGGCAGCGTGTGGGATTGCTGGTCTTCCTTGCTCTTAGGTGCTTCCTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACTCYGKKCLNVLPPCGGSG	76	ATGGCAGCGTGTACTTGTTATGGTAAGAAGTGCCTTAATGTTCTGCCTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACGQILPPCNFQINGCGGSG	76	ATGGCAGCGTGTGGTTAGATTCTTCCTCCTTGCAATTTTTAGATTAATGGTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACKHLLPPCDYMSQNCGGSG	73	ATGGCAGCGTGTAAGCATCTGCTTCCTCCGTGCGATTATATGAGTTAGAATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACHSDVQPCPNILPPCGGSG	73	ATGGCAGCGTGTCATAGTGATGTTTAGCCGTGCCCGAATATTCTGCCTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACEYELQLCGNTLPPCGGSG	72	ATGGCAGCGTGTGAGTATGAGTTGTAGCTTTGCGGTAATACTCTTCCGCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACVGRLPNCGLPPWQCGGSG	72	ATGGCAGCGTGTGTTGGTCGTCTGCCTAATTGCGGTCTTCCTCCTTGGTAGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACVSRRVCCLDIAHQCGGSG	69	ATGGCAGCGTGTGTTTCGAGGCGGGTTTGTTGCCTGGATATTGCTCATCAGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACQARFDRCGLPPWNCGGSG	69	ATGGCAGCGTGTTAGGCTAGGTTTGATCGTTGCGGTCTTCCGCCGTGGAATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACTQYPQSCAGILPPCGGSG	68	ATGGCAGCGTGTACGTAGTATCCGCAGTCGTGCGCTGGGATTCTTCCGCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACGIQRVCCLAPDVACGGSG	67	ATGGCAGCGTGTGGTATTTAGAGGGTGTGTTGCTTGGCTCCTGATGTTGCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACNSAVQKCCGQLPPCGGSG	67	ATGGCAGCGTGTAATTCTGCTGTGCAGAAGTGCTGTGGGTAGCTTCCGCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACWHKQMCCVDIKAPCGGSG	67	ATGGCAGCGTGTTGGCATAAGTAGATGTGTTGCGTTGATATTAAGGCTCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACGGLLPPCGLSLQECGGSG	66	ATGGCAGCGTGTGGGGGGGTTGCTGCCGCCGTGCGGTTTGAGTCTGTAGGAGTGTGGCGGTTCTGGCG

MAACWWQAKRCGLILPPCGGSG	65	ATGGCAGCGTGTTGGTGGCAGGCGAAGCGGTGCGGGTTGATTCTTCCTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACFPKAVCCLASELLCGGSG	65	ATGGCAGCGTGTTTTCCGAAGGCTGTGTGTTGCTTGGCTTCTGAGTTGTTGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPLILPPCGLSGRNCGGSG	65	ATGGCAGCGTGTCCGCTTATTTTGCCTCCGTGCGGTCTGTCTGGGCGTAATTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACNVWEQHCQNILPPCGGSG	64	ATGGCAGCGTGTAATGTTTGGGAGCAGCATTGCTAGAATATTCTTCCTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACGGQLPPCGVVYSSCGGSG	63	ATGGCAGCGTGTGGTGGGTAGCTTCCGCCGTGCGGGGTGGTTTATTCTAGTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACDSQVKKCANLLPPCGGSG	63	ATGGCAGCCTGTGATTCTTAGGTGAAGAAGTGCGCTAATCTGCTGCCTCCTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACEYRVDPCGQLLPPCGGSG	63	ATGGCAGCGTGTGAGTATCGTGTGGATCCGTGCGGGTAGTTGTTGCCTCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACGVVLPPCPQGMNWCGGSG	63	ATGGCAGCGTGTGGTGTGGTGCTGCCGCCTTGCCCTTAGGGTATGAATTGGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACTGVLPPCSYKSERCGGSG	63	ATGGCAGCGTGTACTGGTGTGTTGCCGCCGTGCTCTTATAAGAGTGAGCGTTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACSGVLPPCSGRMQSCGGSG	63	ATGGCAGCGTGTAGTGGGGTGCTGCCTCCTTGCAGTGGGAGGATGTAGTCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACRGVLPPCNSAQVGCGGSG	63	ATGGCAGCGTGTAGGGGGGGTGCTGCCTCCGTGCAATAGTGCGTAGGTGGGGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACTRPQDACPHILPPCGGSG	62	ATGGCAGCGTGTACGCGGCCGTAGGATGCGTGCCCTCATATTCTGCCTCCGTGTGGCGGTTCTGGCG
MAACPRILPPCASQAPLCGGSG	62	ATGGCAGCGTGTCCTCGGATTCTGCCGCCTTGCGCGAGTTAGGCTCCGCTTTGTGGCGGTTCTGGCG