(12) BẢN MÔ TẢ SÁNG CHẾ THUỘC BẰNG ĐỘC QUYỀN SÁNG CHẾ

(19) **Cộng hòa xã hội chủ nghĩa Việt Nam (VN)**
CỤC SỞ HỮU TRÍ TUỆ

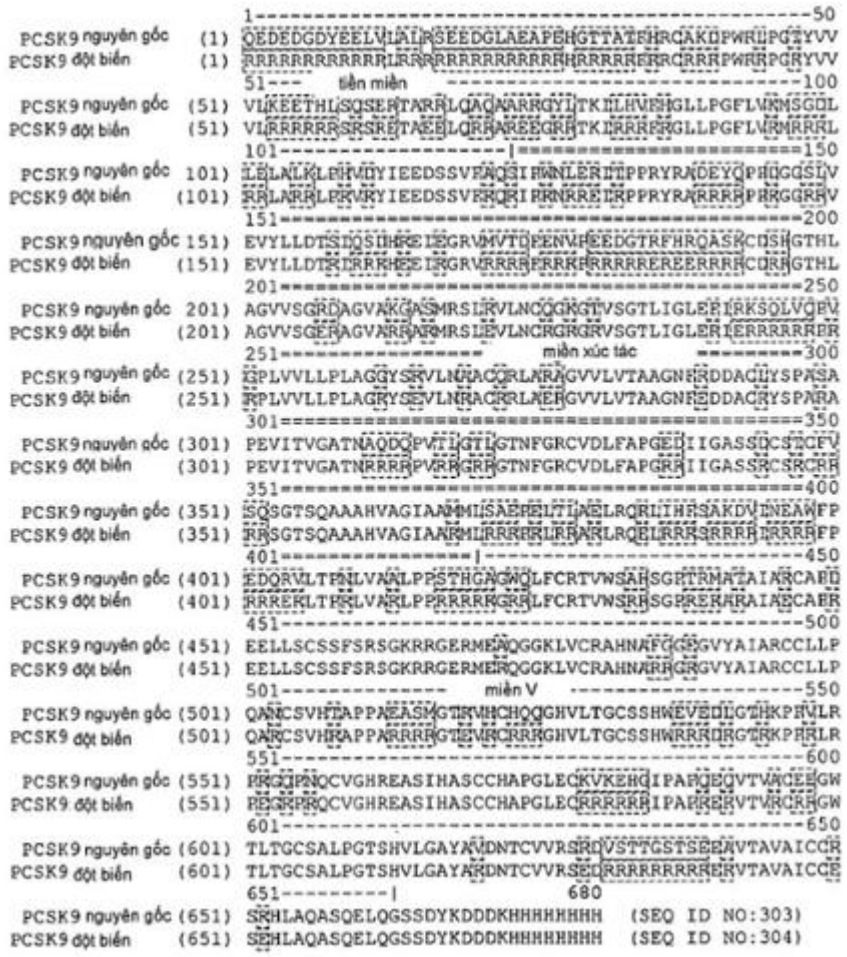
(11) **1-0038993**

(51)[2006.01] **C07K 16/26**; A61K 39/395; C07K 16/00 (13) **B**

(21) 1-2017-04226 (22) 22/08/2008
(62) 1-2010-00689
(86) PCT/US2008/074097 22/08/2008 (87) WO/2009/026558 26/02/2009
(30) 60/957,668 23/08/2007 US; 61/008,965 21/12/2007 US; 61/010,630 09/01/2008 US; 61/086,133 04/08/2008 US
(45) 26/02/2024 431 (43) 26/02/2018 359A
(73) AMGEN INC. (US)
One Amgen Center Drive, Thousand Oaks, California 91320-1799, United States of America
(72) JACKSON, Simon Mark (GB); WALKER, Nigel Pelham Clinton (GB); PIPER, Derek Evan (US); SHAN, Bei (US); SHEN, Wenyan (US); CHAN, Joyce Chi Yee (CA); KING, Chadwick Terence (CA); KETCHEM, Randal Robert (US); MEHLIN, Christopher (US); CARABEO, Teresa Arazas (US); CAO, Qiong (CN).
(74) Công ty TNHH Tầm nhìn và Liên danh (VISION & ASSOCIATES CO.LTD.)

(54) PROTEIN LIÊN KẾT KHÁNG NGUYÊN TRUNG HÒA ĐƯỢC PHÂN LẬP LIÊN KẾT VỚI PROPROTEIN CONVERTAZA SUBTILISIN KEXIN TYP 9 (PCSK9) VÀ DƯỢC PHẨM CHỨA PROTEIN NÀY

(57) Sáng chế đề cập đến protein liên kết kháng nguyên tương tác với proprotein convertaza subtilisin kexin typ 9 (PCSK9). Sáng chế còn đề cập đến axit nucleic mã hóa cho protein liên kết kháng nguyên này, vectơ biểu hiện tái tổ hợp chứa phân tử axit nucleic này, tế bào chủ chứa vectơ, và dược phẩm chứa protein liên kết kháng nguyên nêu trên.


PCSK9 nguyên gốc
PCSK9 đột biến
tiền miền
miền xúc tác
miền V
(SEQ ID NO:303)
(SEQ ID NO:304)

Lĩnh vực kỹ thuật được đề cập

Sáng chế đề cập đến protein liên kết kháng nguyên mà liên kết với proprotein convertaza subtilisin kexin typ 9 (PCSK9) và phương pháp sử dụng và tạo ra protein liên kết kháng nguyên này.

Tình trạng kỹ thuật của sáng chế

Proprotein convertaza subtilisin kexin typ 9 (PCSK9) là serin proteaza tham gia vào việc điều tiết lượng protein thụ thể lipoprotein tỷ trọng thấp (LDLR: Low Density Lipoprotein Receptor) (Horton et al., 2007; Seidah and Prat, 2007). Các thí nghiệm *in vitro* cho thấy rằng việc bổ sung PCSK9 vào các tế bào HepG2 làm giảm lượng LDLR bề mặt tế bào (Benjannet et al., 2004; Lagace et al., 2006; Maxwell et al., 2005; Park et al., 2004). Các thí nghiệm với chuột nhắt cho thấy rằng việc tăng lượng protein PCSK9 làm giảm lượng protein LDLR trong gan (Benjannet et al., 2004; Lagace et al., 2006; Maxwell et al., 2005; Park et al., 2004), trong khi đó chuột nhắt bất hoạt (knockout) PCSK9 có lượng LDLR trong gan tăng lên (Rashid et al., 2005). Ngoài ra, các đột biến PCSK9 khác nhau của người mà làm tăng hoặc làm giảm lượng LDL trong huyết tương đã được nhận diện (Kotowski et al., 2006; Zhao et al., 2006). PCSK9 đã được chứng minh là tương tác trực tiếp với protein LDLR, được nhập nội bào cùng với LDLR, và phát huỳnh quang miễn dịch đồng thời với LDLR thông qua quá trình trong thể nhân (Lagace et al., 2006). Không quan sát thấy sự phân hủy LDLR bởi PCSK9 và cơ chế làm giảm lượng protein LDLR ngoại bào của nó chưa được biết rõ.

PCSK9 là tiền hormon-proprotein convertaza thuộc họ subtilisin (S8) của các serin proteaza (Seidah et al., 2003). Ở người có chín tiền hormon-proprotein convertaza, có thể được chia thành các phân họ S8A và S8B (Rawlings et al., 2006). Furin, PC1/PC3, PC2, PACE4, PC4, PC5/PC6 và PC7/PC8/LPC/SPC7 được phân loại vào phân họ S8B. Cấu

trúc tinh thể và cấu trúc NMR của các miền khác nhau từ furin của chuột nhắt và PC1 cho thấy các miền xúc tác và các tiền miền giống subtilisin, và đầu tận C định hướng miền P đối với miền xúc tác (Henrich et al., 2003; Tangrea et al., 2002). Dựa vào độ tương tự trình tự axit amin trong phân họ này, tất cả bảy thành viên đã được dự đoán là có cấu trúc tương tự nhau (Henrich et al., 2005). SKI-1/S1P và PCSK9 được phân loại vào phân họ S8A. Phép so sánh trình tự với các protein này cũng gợi ý sự có mặt của các miền xúc tác và các tiền miền giống subtilisin (Sakai et al., 1998; Seidah et al., 2003; Seidah et al., 1999). Trong các protein này, đầu tận C của trình tự axit amin đối với miền xúc tác là biến đổi hơn và không gợi ý sự có mặt của miền P.

Các tiền hormon-proprotein convertaza được biểu hiện dưới dạng zymogen và chúng trưởng thành thông qua quá trình gồm nhiều bước. Chức năng của tiền miền trong quá trình này là hai lần. Trước tiên, tiền miền đóng vai trò làm chaperon và cần thiết cho việc gấp nếp đúng cách của miền xúc tác (Ikemura et al., 1987). Khi miền xúc tác đã được gấp nếp, sự tự xúc tác xảy ra giữa tiền miền và miền xúc tác. Sau phản ứng phân cắt đầu tiên này, tiền miền vẫn liên kết với miền xúc tác, nơi nó đóng vai trò làm chất ức chế hoạt tính xúc tác sau đó (Fu et al., 2000). Khi có các điều kiện chính xác, sự trưởng thành diễn ra với sự kiện tự xúc tác thứ hai tại vị trí nằm trong tiền miền (Anderson et al., 1997). Sau khi sự kiện phân cắt thứ hai này xảy ra, tiền miền và miền xúc tác phân ly, tạo ra proteaza hoạt tính.

Sự tự xúc tác của PCSK9 zymogen xảy ra giữa Gln152 và Ser153 (VFAQ|SIP) (Naureckiene et al., 2003), và đã được chứng minh là cần thiết để tiết nó từ các tế bào (Seidah et al., 2003). Sự kiện tự xúc tác thứ hai tại vị trí nằm trong tiền miền của PCSK9 chưa được quan sát thấy. PCSK9 đã được tinh chế được tạo thành từ hai phần tử mà có thể tách được bằng kỹ thuật SDS-PAGE không khử; tiền miền tại 17 Kd, và miền đầu tận C cộng với xúc tác tại 65 Kd. PCSK9 không được phân lập mà không có tiền miền có tính ức chế của nó, và các kết quả đo hoạt tính xúc tác của PCSK9 là biến đổi (Naureckiene et al., 2003; Seidah et al., 2003).

Bản chất kỹ thuật của sáng chế

Theo một số phương án, sáng chế đề xuất protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất protein liên kết kháng nguyên được phân lập mà liên kết với PCSK9, trong đó protein liên kết kháng nguyên này chứa: A) một hoặc nhiều vùng quyết định bổ thể chuỗi nặng (CDRH) được chọn từ nhóm bao gồm: (i) CDRH1 từ CDRH1 trong trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 74, 85, 71, 72, 67, 87, 58, 52, 51, 53, 48, 54, 55, 56, 49, 57, 50, 91, 64, 62, 89, 65, 79, 80, 76, 77, 78, 83, 69, 81 và 60; (ii) CDRH2 từ CDRH2 trong trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 74, 85, 71, 72, 67, 87, 58, 52, 51, 53, 48, 54, 55, 56, 49, 57, 50, 91, 64, 62, 89, 65, 79, 80, 76, 77, 78, 83, 69, 81 và 60; (iii) CDRH3 từ CDRH3 trong trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 74, 85, 71, 72, 67, 87, 58, 52, 51, 53, 48, 54, 55, 56, 49, 57, 50, 91, 64, 62, 89, 65, 79, 80, 76, 77, 78, 83, 69, 81 và 60; và (iv) CDRH nêu trong (i), (ii) và (iii) mà chứa một hoặc nhiều đột biến thế, đột biến khuyết hoặc đột biến cài xen axit amin của không nhiều hơn 4 axit amin; B) một hoặc nhiều vùng quyết định bổ thể chuỗi nhẹ (CDRL) được chọn từ nhóm bao gồm: (i) CDRL1 từ CDRL1 trong trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 5, 7, 9, 10, 12, 13, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 26, 28, 30, 31, 32, 33, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 42, 44 và 46; (ii) CDRL2 từ CDRL2 trong trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 5, 7, 9, 10, 12, 13, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 26, 28, 30, 31, 32, 33, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 42, 44 và 46; (iii) CDRL3 từ CDRL3 trong trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 5, 7, 9, 10, 12, 13, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 26, 28, 30, 31, 32, 33, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 42, 44 và 46; và (iv) CDRL nêu trong (i), (ii) và (iii) mà chứa một hoặc nhiều đột biến thế, đột biến khuyết hoặc đột biến cài xen axit amin của không nhiều hơn 4 axit amin; hoặc C) một hoặc nhiều CDRH chuỗi nặng thuộc A) và một hoặc nhiều CDRL chuỗi nhẹ thuộc B). Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên được phân lập chứa ít nhất một CDRH thuộc A) và ít nhất một CDRL thuộc B). Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên được phân lập chứa ít nhất hai CDRH thuộc A) và ít nhất hai CDRL thuộc B). Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên được phân lập

chứa CDRH1, CDRH2, CDRH3, CDRL1, CDRL2 và CDRL3 nêu trên. Theo một số phương án, CDRH thuộc A) được chọn từ ít nhất một loại thuộc nhóm bao gồm: (i) trình tự axit amin CDRH1 được chọn từ CDRH1 trong trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 67, 79, 89 và 49; (ii) trình tự axit amin CDRH2 được chọn từ CDRH2 trong trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 67, 79, 89 và 49; (iii) trình tự axit amin CDRH3 được chọn từ CDRH3 trong trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 67, 79, 89 và 49; và (iv) CDRH nêu trong (i), (ii) và (iii) mà chứa một hoặc nhiều đột biến thế, đột biến khuyết hoặc đột biến cài xen axit amin của không nhiều hơn 2 axit amin. Ngoài ra, CDRL thuộc B) được chọn từ ít nhất một loại thuộc nhóm bao gồm: (i) trình tự axit amin CDRL1 được chọn từ CDRL1 trong trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 12, 35, 32 và 23; (ii) trình tự axit amin CDRL2 được chọn từ CDRL2 trong trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 12, 35, 32 và 23; (iii) trình tự axit amin CDRL3 được chọn từ CDRL3 trong trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 12, 35, 32 và 23; và (iv) CDRL nêu trong (i), (ii) và (iii) mà chứa một hoặc nhiều đột biến thế, đột biến khuyết hoặc đột biến cài xen axit amin của không nhiều hơn 2 axit amin; hoặc C) một hoặc nhiều CDRH chuỗi nặng thuộc A) và một hoặc nhiều CDRL chuỗi nhẹ thuộc B. Theo một số phương án, CDRH thuộc A) được chọn từ ít nhất một loại thuộc nhóm bao gồm: (i) trình tự axit amin CDRH1 của trình tự axit amin CDRH1 trong SEQ ID NO: 67; (ii) trình tự axit amin CDRH2 của trình tự axit amin CDRH2 trong SEQ ID NO: 67; (iii) trình tự axit amin CDRH3 của trình tự axit amin CDRH3 trong SEQ ID NO: 67; và (iv) CDRH nêu trong (i), (ii) và (iii) mà chứa một hoặc nhiều đột biến thế, đột biến khuyết hoặc đột biến cài xen axit amin của không nhiều hơn 2 axit amin; CDRL thuộc B) được chọn từ ít nhất một loại thuộc nhóm bao gồm: (i) trình tự axit amin CDRL1 của trình tự axit amin CDRL1 trong SEQ ID NO: 12; (ii) trình tự axit amin CDRL2 của trình tự axit amin CDRL2 trong SEQ ID NO: 12; (iii) trình tự axit amin CDRL3 của trình tự axit amin CDRL3 trong SEQ ID NO: 12; và (iv) CDRL nêu trong (i), (ii) và (iii) mà chứa một hoặc nhiều đột biến thế, đột biến khuyết hoặc đột biến cài xen axit amin của không nhiều hơn 2 axit amin; hoặc C) một hoặc nhiều CDRH chuỗi nặng thuộc A) và một hoặc nhiều CDRL chuỗi nhẹ thuộc B). Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên chứa A) CDRH1 của trình tự CDRH1 trong SEQ ID NO: 67, CDRH2 của trình tự

CDRH2 trong SEQ ID NO: 67 và CDRH3 của trình tự CDRH3 trong SEQ ID NO: 67, và B) CDRL1 của trình tự CDRL1 trong SEQ ID NO: 12, CDRL2 của trình tự CDRL2 trong SEQ ID NO: 12 và CDRL3 của trình tự CDRL3 trong SEQ ID NO: 12. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên chứa vùng biến đổi chuỗi nặng (VH) có độ đồng nhất trình tự là ít nhất 80% với trình tự axit amin được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 74, 85, 71, 72, 67, 87, 58, 52, 51, 53, 48, 54, 55, 56, 49, 57, 50, 91, 64, 62, 89, 65, 79, 80, 76, 77, 78, 83, 69, 81 và 60, và/hoặc vùng biến đổi chuỗi nhẹ (VL) có độ đồng nhất trình tự là ít nhất 80% với trình tự axit amin được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 5, 7, 9, 10, 12, 13, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 26, 28, 30, 31, 32, 33, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 42, 44 và 46. Theo một số phương án, VH có độ đồng nhất trình tự là ít nhất 90% với trình tự axit amin được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 74, 85, 71, 72, 67, 87, 58, 52, 51, 53, 48, 54, 55, 56, 49, 57, 50, 91, 64, 62, 89, 65, 79, 80, 76, 77, 78, 83, 69, 81 và 60, và/hoặc VL có độ đồng nhất trình tự là ít nhất 90% với trình tự axit amin được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 5, 7, 9, 10, 12, 13, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 26, 28, 30, 31, 32, 33, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 42, 44 và 46. Theo một số phương án, VH được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 74, 85, 71, 72, 67, 87, 58, 52, 51, 53, 48, 54, 55, 56, 49, 57, 50, 91, 64, 62, 89, 65, 79, 80, 76, 77, 78, 83, 69, 81 và 60, và/hoặc VL được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 5, 7, 9, 10, 12, 13, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 26, 28, 30, 31, 32, 33, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 42, 44 và 46.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất protein liên kết kháng nguyên được phân lập mà liên kết đặc hiệu với epitop liên kết với ABP bất kỳ trong số các ABP nêu trong bản mô tả này.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất protein liên kết kháng nguyên được phân lập mà liên kết với PCSK9, trong đó protein liên kết kháng nguyên này chứa: A) một hoặc nhiều CDR chuỗi nặng (CDRH) được chọn từ ít nhất một loại thuộc nhóm bao gồm: (i) CDRH1 có độ đồng nhất trình tự là ít nhất 80% với CDRH1 trong một trong số các trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 74, 85, 71, 72, 67, 87, 58, 52, 51, 53, 48, 54, 55, 56, 49, 57, 50, 91, 64, 62, 89, 65, 79, 80, 76, 77, 78, 83, 69, 81 và 60; (ii) CDRH2 có độ đồng nhất trình tự là ít nhất 80% với CDRH2 trong một trong số các trình

tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 74, 85, 71, 72, 67, 87, 58, 52, 51, 53, 48, 54, 55, 56, 49, 57, 50, 91, 64, 62, 89, 65, 79, 80, 76, 77, 78, 83, 69, 81 và 60; và (iii) CDRH3 có độ đồng nhất trình tự là ít nhất 80% với CDRH3 trong một trong số các trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 74, 85, 71, 72, 67, 87, 58, 52, 51, 53, 48, 54, 55, 56, 49, 57, 50, 91, 64, 62, 89, 65, 79, 80, 76, 77, 78, 83, 69, 81 và 60; B) một hoặc nhiều CDR chuỗi nhẹ (CDRL) được chọn từ ít nhất một loại thuộc nhóm bao gồm: (i) CDRL1 có độ đồng nhất trình tự là ít nhất 80% với CDRL1 trong một trong số các trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 5, 7, 9, 10, 12, 13, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 26, 28, 30, 31, 32, 33, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 42, 44 và 46; (ii) CDRL2 có độ đồng nhất trình tự là ít nhất 80% với CDRL2 trong một trong số các trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 5, 7, 9, 10, 12, 13, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 26, 28, 30, 31, 32, 33, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 42, 44 và 46; và (iii) CDRL3 có độ đồng nhất trình tự là ít nhất 80% với CDRL3 trong một trong số các trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 5, 7, 9, 10, 12, 13, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 26, 28, 30, 31, 32, 33, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 42, 44 và 46; hoặc C) một hoặc nhiều CDRH chuỗi nặng thuộc A) và một hoặc nhiều CDRL chuỗi nhẹ thuộc B). Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên chứa: A) một hoặc nhiều CDRH được chọn từ ít nhất một loại thuộc nhóm bao gồm: (i) CDRH1 có độ đồng nhất trình tự là ít nhất 90% với CDRH1 trong một trong số các trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 74, 85, 71, 72, 67, 87, 58, 52, 51, 53, 48, 54, 55, 56, 49, 57, 50, 91, 64, 62, 89, 65, 79, 80, 76, 77, 78, 83, 69, 81 và 60; (ii) CDRH2 có độ đồng nhất trình tự là ít nhất 90% với CDRH2 trong một trong số các trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 74, 85, 71, 72, 67, 87, 58, 52, 51, 53, 48, 54, 55, 56, 49, 57, 50, 91, 64, 62, 89, 65, 79, 80, 76, 77, 78, 83, 69, 81 và 60; và (iii) CDRH3 có độ đồng nhất trình tự là ít nhất 90% với CDRH3 trong một trong số các trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 74, 85, 71, 72, 67, 87, 58, 52, 51, 53, 48, 54, 55, 56, 49, 57, 50, 91, 64, 62, 89, 65, 79, 80, 76, 77, 78, 83, 69, 81 và 60; B) một hoặc nhiều CDRL được chọn từ ít nhất một loại thuộc nhóm bao gồm: (i) CDRL1 có độ đồng nhất trình tự là ít nhất 90% với CDRL1 trong một trong số các trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 5, 7, 9, 10, 12, 13, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 26, 28, 30, 31, 32, 33, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 42, 44 và 46; (ii) CDRL2 có độ đồng

nhất trình tự là ít nhất 90% với CDRL2 trong một trong số các trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 5, 7, 9, 10, 12, 13, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 26, 28, 30, 31, 32, 33, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 42, 44 và 46; và (iii) CDRL3 có độ đồng nhất trình tự là ít nhất 90% với CDRL3 trong một trong số các trình tự được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 5, 7, 9, 10, 12, 13, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 26, 28, 30, 31, 32, 33, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 42, 44 và 46; hoặc C) một hoặc nhiều CDRH chuỗi nặng thuộc A) và một hoặc nhiều CDRL chuỗi nhẹ thuộc B).

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất protein liên kết kháng nguyên được phân lập mà liên kết với PCSK9, trong đó protein liên kết kháng nguyên này chứa: A) vùng quyết định bổ thể chuỗi nặng (CDRH) được chọn từ ít nhất một loại thuộc nhóm bao gồm: (i) CDRH3 được chọn từ CDRH3 nằm trong trình tự được chọn từ nhóm bao gồm các SEQ ID NO: 67, 79 và 49, (ii) CDRH3 mà khác về trình tự axit amin so với CDRH3 nêu trong (i) bởi đột biến bổ sung, đột biến khuyết hoặc đột biến thế axit amin của không nhiều hơn hai axit amin; và (iii) $X_1X_2X_3X_4X_5X_6X_7X_8X_9X_{10}X_{11}X_{12}X_{13}X_{14}$ (SEQ ID NO: 404), trong đó X_1 được chọn từ nhóm bao gồm D, A, R và không axit amin, X_2 được chọn từ nhóm bao gồm Y, I, G và không axit amin, X_3 được chọn từ nhóm bao gồm D, A, G và không axit amin, X_4 được chọn từ nhóm bao gồm F, A, L và không axit amin, X_5 được chọn từ nhóm bao gồm W, L, A và không axit amin, X_6 được chọn từ nhóm bao gồm S, Y, A và không axit amin, X_7 được chọn từ nhóm bao gồm A, Y, R và không axit amin, X_8 được chọn từ nhóm bao gồm Y, P và không axit amin, X_9 được chọn từ nhóm bao gồm Y, G và không axit amin, X_{10} được chọn từ nhóm bao gồm D, G và không axit amin, X_{11} được chọn từ nhóm bao gồm A, M và không axit amin, X_{12} được chọn từ nhóm bao gồm F, D và không axit amin, X_{13} được chọn từ nhóm bao gồm D, V và không axit amin, X_{14} được chọn từ nhóm bao gồm V và không axit amin; B) vùng quyết định bổ thể chuỗi nhẹ (CDRL) được chọn từ ít nhất một loại thuộc nhóm bao gồm: (i) CDRL3 được chọn từ CDRL3 nằm trong trình tự được chọn từ nhóm bao gồm các SEQ ID NO: 12, 35 và 23, (ii) CDRL3 mà khác về trình tự axit amin so với CDRL3 nêu trong (i) bởi đột biến bổ sung, đột biến khuyết hoặc đột biến thế axit amin của không nhiều hơn hai axit amin; và (iii) trình tự axit amin CDRL3 được chọn từ nhóm bao gồm:

$X_1X_2X_3X_4X_5X_6X_7X_8X_9X_{10}X_{11}$ (SEQ ID NO: 405), trong đó X_1 được chọn từ nhóm bao gồm Q và G, X_2 được chọn từ nhóm bao gồm S, T, A và không axit amin, X_3 được chọn từ nhóm bao gồm Y, không axit amin và W, X_4 được chọn từ nhóm bao gồm D và không axit amin, X_5 được chọn từ nhóm bao gồm S và không axit amin, X_6 được chọn từ nhóm bao gồm S và không axit amin, X_7 được chọn từ nhóm bao gồm L, T và không axit amin, X_8 được chọn từ nhóm bao gồm không axit amin, A và S, X_9 được chọn từ nhóm bao gồm không axit amin, G, A và V, X_{10} được chọn từ nhóm bao gồm không axit amin, S, Y và V, X_{11} được chọn từ nhóm bao gồm không axit amin và V.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất protein liên kết kháng nguyên được phân lập chứa chuỗi nhẹ có trình tự axit amin được chọn từ nhóm bao gồm: 5, 7, 9, 10, 12, 13, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 26, 28, 30, 31, 32, 33, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 42, 44, 46 và tổ hợp nhất định của chúng.

Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên liên kết đặc hiệu với epitop mà liên kết với ít nhất một trong số các protein liên kết kháng nguyên nêu trong bản mô tả này. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên được phân lập còn chứa chuỗi nặng có trình tự axit amin được chọn từ nhóm bao gồm: 74, 85, 71, 72, 67, 87, 58, 52, 51, 53, 48, 54, 55, 56, 49, 57, 50, 91, 64, 62, 89, 65, 79, 80, 76, 77, 78, 83, 69, 81, 60 và tổ hợp nhất định của chúng. Theo một số phương án, trình tự axit amin của ABP được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 12, 35, 23 và tổ hợp nhất định của chúng. Theo một số phương án, chuỗi nặng của ABP chứa CDRH3 của SEQ ID NO: 67, CDRH2 của SEQ ID NO: 67 và CDRH1 của SEQ ID NO: 67, và chuỗi nhẹ chứa CDRL3 của SEQ ID NO: 12, CDRL2 của SEQ ID NO: 12 và CDRL1 của SEQ ID NO: 12. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên được phân lập là kháng thể đơn dòng, kháng thể đa dòng, kháng thể tái tổ hợp, kháng thể của người, kháng thể được làm giống như của người, kháng thể khảm, kháng thể đa đặc hiệu, hoặc mảnh kháng thể của chúng. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên được phân lập là mảnh Fab, mảnh Fab', mảnh $F(ab')_2$, mảnh Fv, kháng thể dạng dime (diabody), hoặc phân tử kháng thể chuỗi đơn. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên được phân lập là kháng thể của người. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên được phân lập là kháng thể đơn dòng. Theo một

số phương án, protein liên kết kháng nguyên được phân lập thuộc typ IgG1, IgG2, IgG3 hoặc IgG4. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên được phân lập thuộc typ IgG4 hoặc IgG2. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên được phân lập được cộng hợp với nhóm đánh dấu. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên được phân lập cạnh tranh để liên kết với PCSK9 với protein liên kết kháng nguyên nêu trong bản mô tả này. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên được phân lập là kháng thể đơn dòng, kháng thể đa dòng, kháng thể tái tổ hợp, kháng thể của người, kháng thể được làm giống như của người, kháng thể khảm, kháng thể đa đặc hiệu, hoặc mảnh kháng thể của chúng. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên được phân lập là mảnh Fab, mảnh Fab', mảnh $F(ab')_2$, mảnh Fv, kháng thể dạng dime (diabody), hoặc phân tử kháng thể chuỗi đơn. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên được phân lập được cộng hợp với nhóm đánh dấu. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên được phân lập làm giảm sự liên kết của PCSK9 với LDLR. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên được phân lập làm giảm lượng LDL có mặt trong đối tượng khi được sử dụng cho đối tượng này. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên được phân lập làm giảm lượng cholesterol trong huyết thanh có mặt trong đối tượng khi được sử dụng cho đối tượng này. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên được phân lập làm tăng lượng LDLR có mặt trong đối tượng khi được sử dụng cho đối tượng này.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất vectơ chứa phân tử axit nucleic nêu trong bản mô tả này. Theo một số phương án, sáng chế đề xuất tế bào chủ chứa phân tử axit nucleic nêu trong bản mô tả này.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất protein liên kết kháng nguyên được phân lập mà cạnh tranh để liên kết với PCSK9 với protein liên kết kháng nguyên nêu trong bản mô tả này.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất phân tử axit nucleic mã hóa protein liên kết kháng nguyên nêu trong bản mô tả này.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất dược phẩm chứa ít nhất một protein liên kết kháng nguyên nêu trong bản mô tả này.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất phương pháp điều trị hoặc ngăn ngừa tình trạng bệnh lý liên quan đến lượng cholesterol trong huyết thanh tăng cao ở bệnh nhân, bao gồm việc sử dụng cho bệnh nhân có nhu cầu lượng hữu hiệu của ít nhất một protein liên kết kháng nguyên được phân lập nêu trong bản mô tả này.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất phương pháp ức chế sự liên kết của PCSK9 với LDLR ở đối tượng, bao gồm việc sử dụng lượng hữu hiệu của ít nhất một protein liên kết kháng nguyên nêu trong bản mô tả này.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất protein liên kết kháng nguyên mà liên kết chọn lọc với PCSK9, trong đó protein liên kết kháng nguyên này liên kết với PCSK9 với K_d nhỏ hơn 100 pM.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất phương pháp điều trị hoặc ngăn ngừa tình trạng bệnh lý liên quan đến lượng cholesterol trong huyết thanh tăng cao ở đối tượng, phương pháp này bao gồm việc sử dụng cho đối tượng có nhu cầu lượng hữu hiệu của ít nhất một protein liên kết kháng nguyên được phân lập nêu trong bản mô tả này theo cách đồng thời hoặc lần lượt với chất làm tăng độ sinh khả dụng của protein LDLR.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất phương pháp làm giảm lượng cholesterol trong huyết thanh ở đối tượng, phương pháp này bao gồm việc sử dụng cho đối tượng lượng hữu hiệu của ít nhất một protein liên kết kháng nguyên được phân lập nêu trong bản mô tả này.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất phương pháp làm giảm lượng cholesterol trong huyết thanh ở đối tượng, phương pháp này bao gồm việc sử dụng cho đối tượng lượng hữu hiệu của ít nhất một protein liên kết kháng nguyên được phân lập nêu trong bản mô tả này, theo cách đồng thời hoặc lần lượt với chất làm tăng độ sinh khả dụng của protein LDLR.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất phương pháp làm tăng lượng protein LDLR ở đối tượng, phương pháp này bao gồm việc sử dụng cho đối tượng lượng hữu hiệu của ít nhất một protein liên kết kháng nguyên được phân lập nêu trong bản mô tả này.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất phương pháp làm tăng lượng protein LDLR ở đối tượng, phương pháp này bao gồm việc sử dụng cho đối tượng lượng hữu hiệu của ít nhất một protein liên kết kháng nguyên được phân lập nêu trong bản mô tả này theo cách đồng thời hoặc lần lượt với chất làm tăng độ sinh khả dụng của protein LDLR.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất dược phẩm chứa ABP nêu trong bản mô tả này và chất làm tăng độ sinh khả dụng của lượng protein LDLR. Theo một số phương án, chất làm tăng độ sinh khả dụng của protein LDLR bao gồm statin. Theo một số phương án, statin này được chọn từ nhóm bao gồm atorvastatin, xerivastatin, fluvastatin, lovastatin, mevastatin, pitavastatin, pravastatin, rosuvastatin, simvastatin và tổ hợp nhất định của chúng.

Theo khía cạnh nhất định, sáng chế đề xuất phương pháp tạo ra protein liên kết kháng nguyên nêu trong bản mô tả này, bao gồm bước điều chế protein liên kết kháng nguyên này từ tế bào chủ tiết ra protein liên kết kháng nguyên này.

Theo khía cạnh nhất định, sáng chế đề xuất dược phẩm chứa ít nhất một protein liên kết kháng nguyên nêu trong bản mô tả này và tá dược dược dụng. Theo một số phương án, dược phẩm còn chứa hoạt chất bổ sung. Theo một số phương án, hoạt chất bổ sung được chọn từ nhóm bao gồm chất đồng vị phóng xạ, nuclit phóng xạ, độc tố, hoặc nhóm trị liệu và nhóm hóa trị liệu.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất phương pháp điều trị hoặc ngăn ngừa tình trạng bệnh lý liên quan đến lượng cholesterol trong huyết thanh tăng cao ở bệnh nhân. Phương pháp này bao gồm việc sử dụng cho bệnh nhân có nhu cầu lượng hữu hiệu của ít nhất một protein liên kết kháng nguyên được phân lập nêu trong bản mô tả này. Theo một số phương án, tình trạng bệnh lý là chứng tăng cholesterol-huyết.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất phương pháp ức chế sự liên kết của PCSK9 với LDLR ở bệnh nhân, bao gồm việc sử dụng lượng hữu hiệu của ít nhất một protein liên kết kháng nguyên nêu trong bản mô tả này.

Theo khía cạnh nhất định, sáng chế đề xuất protein liên kết kháng nguyên mà liên kết với PCSK9 với K_d nhỏ hơn 100 pM. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên liên kết với K_d nhỏ hơn 10 pM. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên liên kết với K_d nhỏ hơn 5 pM.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất phương pháp điều trị hoặc ngăn ngừa tình trạng bệnh lý liên quan đến lượng cholesterol trong huyết thanh tăng cao ở đối tượng, phương pháp này bao gồm việc sử dụng cho đối tượng có nhu cầu lượng hữu hiệu của ít nhất một protein liên kết kháng nguyên được phân lập nêu trong bản mô tả này theo cách đồng thời hoặc lần lượt với chất làm tăng độ sinh khả dụng của protein LDLR. Theo một số phương án, chất làm tăng độ sinh khả dụng của protein LDLR bao gồm statin. Theo một số phương án, statin này được chọn từ nhóm bao gồm atorvastatin, xerivastatin, fluvastatin, lovastatin, mevastatin, pitavastatin, pravastatin, rosuvastatin, simvastatin và tổ hợp nhất định của chúng.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất phương pháp làm giảm lượng cholesterol trong huyết thanh ở đối tượng. Phương pháp này bao gồm việc sử dụng cho đối tượng lượng hữu hiệu của ít nhất một protein liên kết kháng nguyên được phân lập nêu trong bản mô tả này.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất phương pháp làm giảm lượng cholesterol trong huyết thanh ở đối tượng, bao gồm việc sử dụng cho đối tượng lượng hữu hiệu của ít nhất một protein liên kết kháng nguyên được phân lập nêu trong bản mô tả này theo cách đồng thời hoặc lần lượt với chất làm tăng độ sinh khả dụng của protein LDLR. Theo một số phương án, chất làm tăng độ sinh khả dụng của protein LDLR bao gồm statin. Theo một số phương án, statin này được chọn từ nhóm bao gồm atorvastatin, xerivastatin, fluvastatin, lovastatin, mevastatin, pitavastatin, pravastatin, rosuvastatin, simvastatin và tổ hợp nhất định của chúng.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất phương pháp làm tăng lượng protein LDLR ở đối tượng bằng cách sử dụng cho đối tượng lượng hữu hiệu của ít nhất một protein liên kết kháng nguyên được phân lập nêu trong bản mô tả này.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất phương pháp làm tăng lượng protein LDLR ở đối tượng bằng cách sử dụng cho đối tượng lượng hữu hiệu của ít nhất một protein liên kết kháng nguyên được phân lập nêu trong bản mô tả này theo cách đồng thời hoặc lần lượt với chất làm tăng độ sinh khả dụng của protein LDLR. Theo một số phương án, chất làm tăng độ sinh khả dụng của lượng protein LDLR bao gồm statin. Theo một số phương án, statin này được chọn từ nhóm bao gồm atorvastatin, xerivastatin, fluvastatin, lovastatin, mevastatin, pitavastatin, pravastatin, rosuvastatin, simvastatin và tổ hợp nhất định của chúng.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất kháng thể trung hòa mà liên kết với PCSK9 và làm giảm tác động làm yếu thụ thể lipoprotein tỷ trọng thấp (LDLR) của PCSK9 đối với LDLR. Theo một số phương án, kháng thể này liên kết đặc hiệu với PCSK9. Theo một số phương án, kháng thể này liên kết với miền xúc tác của PCSK9. Theo một số phương án, kháng thể này liên kết với epitop nằm trong các gốc 31-447 của SEQ ID NO: 3. Theo một số phương án, kháng thể này liên kết với PCSK9 có trình tự axit amin giống ít nhất 90% với SEQ ID NO: 3.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất protein liên kết kháng nguyên trung hòa mà liên kết với PCSK9, trong đó protein liên kết kháng nguyên này liên kết với PCSK9 tại vị trí nằm trong các gốc 31-447 của SEQ ID NO: 3. Theo một số phương án, khi protein liên kết kháng nguyên này liên kết với PCSK9, thì kháng thể này được bố trí trong phạm vi 8 angstrom hoặc nhỏ hơn tính từ ít nhất một trong số các gốc sau đây của PCSK9: S153, I154, P155, R194, D238, A239, I369, S372, D374, C375, T377, C378, F379, V380, S381, W156, N157, L158, E159, H193, E195, H229, R237, G240, K243, D367, I368, G370, A371, S373, S376, Q382, W72, F150, A151, Q152, T214, R215, F216, H217, A220, S221, K222, S225, H226, C255, Q256, G257, K258, N317, F318, T347, L348, G349, T350, L351, E366, D367, D374, V380, S381, Q382, S383, G384,

K69, D70, P71, S148, V149, D186, T187, E211, D212, G213, R218, Q219, C223, D224, G227, H229, L253, N254, G259, P288, A290, G291, G316, R319, Y325, V346, G352, T353, G365, I368, I369, S372, S373, C378, F379, T385, S386, Q387, S153, S188, I189, Q190, S191, D192, R194, E197, G198, R199, V200, D224, R237, D238, K243, S373, D374, S376, T377, F379, I154, T187, H193, E195, I196, M201, V202, C223, T228, S235, G236, A239, G244, M247, I369, S372, C375 hoặc C378. Theo một số phương án, kháng thể này được bố trí trong phạm vi 8 angstrom hoặc nhỏ hơn tính từ ít nhất một trong số các gốc sau đây của PCSK9: S153, I154, P155, R194, D238, A239, I369, S372, D374, C375, T377, C378, F379, V380, S381, W156, N157, L158, E159, H193, E195, H229, R237, G240, K243, D367, I368, G370, A371, S373, S376 hoặc Q382. Theo một số phương án, kháng thể này được bố trí trong phạm vi 5 angstrom hoặc nhỏ hơn tính từ ít nhất một trong số các gốc sau đây của PCSK9: S153, I154, P155, R194, D238, A239, I369, S372, D374, C375, T377, C378, F379, V380 hoặc S381. Theo một số phương án, kháng thể này được bố trí trong phạm vi 5 angstrom hoặc nhỏ hơn tính từ ít nhất hai trong số các gốc sau đây của PCSK9: S153, I154, P155, R194, D238, A239, I369, S372, D374, C375, T377, C378, F379, V380 hoặc S381. Theo một số phương án, kháng thể này được bố trí trong phạm vi 5 angstrom tính từ ít nhất bốn trong số các gốc sau đây của PCSK9: S153, I154, P155, R194, D238, A239, I369, S372, D374, C375, T377, C378, F379, V380 hoặc S381. Theo một số phương án, kháng thể này được bố trí trong phạm vi 8 angstrom hoặc nhỏ hơn tính từ ít nhất một trong số các gốc sau đây của PCSK9: W72, F150, A151, Q152, T214, R215, F216, H217, A220, S221, K222, S225, H226, C255, Q256, G257, K258, N317, F318, T347, L348, G349, T350, L351, E366, D367, D374, V380, S381, Q382, S383, G384, K69, D70, P71, S148, V149, D186, T187, E211, D212, G213, R218, Q219, C223, D224, G227, H229, L253, N254, G259, P288, A290, G291, G316, R319, Y325, V346, G352, T353, G365, I368, I369, S372, S373, C378, F379, T385, S386 hoặc Q387. Theo một số phương án, kháng thể này được bố trí trong phạm vi 5 angstrom hoặc nhỏ hơn tính từ ít nhất một trong số các gốc sau đây của PCSK9: W72, F150, A151, Q152, T214, R215, F216, H217, A220, S221, K222, S225, H226, C255, Q256, G257, K258, N317, F318, T347, L348, G349, T350, L351, E366, D367, D374, V380, S381, Q382, S383 hoặc G384. Theo một số phương án, kháng thể này được bố trí trong phạm vi

5 angstrom hoặc nhỏ hơn tính từ ít nhất hai trong số các gốc sau đây của PCSK9: W72, F150, A151, Q152, T214, R215, F216, H217, A220, S221, K222, S225, H226, C255, Q256, G257, K258, N317, F318, T347, L348, G349, T350, L351, E366, D367, D374, V380, S381, Q382, S383 hoặc G384. Theo một số phương án, kháng thể này được bố trí trong phạm vi 5 angstrom hoặc nhỏ hơn tính từ ít nhất bốn trong số các gốc sau đây của PCSK9: W72, F150, A151, Q152, T214, R215, F216, H217, A220, S221, K222, S225, H226, C255, Q256, G257, K258, N317, F318, T347, L348, G349, T350, L351, E366, D367, D374, V380, S381, Q382, S383 hoặc G384. Theo một số phương án, kháng thể này được bố trí trong phạm vi 8 angstrom hoặc nhỏ hơn tính từ ít nhất một trong số các gốc sau đây của PCSK9: S153, S188, I189, Q190, S191, D192, R194, E197, G198, R199, V200, D224, R237, D238, K243, S373, D374, S376, T377, F379, I154, T187, H193, E195, I196, M201, V202, C223, T228, S235, G236, A239, G244, M247, I369, S372, C375 hoặc C378. Theo một số phương án, kháng thể này được bố trí trong phạm vi 5 angstrom hoặc nhỏ hơn tính từ ít nhất một trong số các gốc sau đây của PCSK9: S153, S188, I189, Q190, S191, D192, R194, E197, G198, R199, V200, D224, R237, D238, K243, S373, D374, S376, T377 hoặc F379. Theo một số phương án, kháng thể này được bố trí trong phạm vi 5 angstrom hoặc nhỏ hơn tính từ ít nhất hai trong số các gốc sau đây của PCSK9: S153, S188, I189, Q190, S191, D192, R194, E197, G198, R199, V200, D224, R237, D238, K243, S373, D374, S376, T377 hoặc F379. Theo một số phương án, kháng thể này được bố trí trong phạm vi 5 angstrom hoặc nhỏ hơn tính từ ít nhất bốn trong số các gốc sau đây của PCSK9: S153, S188, I189, Q190, S191, D192, R194, E197, G198, R199, V200, D224, R237, D238, K243, S373, D374, S376, T377 hoặc F379.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất kháng thể trung hòa mà liên kết với PCSK9, trong đó kháng thể này liên kết với PCSK9 và làm giảm khả năng liên kết của PCSK9 với LDLR.

Theo một số phương án, kháng thể hoặc phân tử liên kết kháng nguyên mà liên kết với PCSK9 được đề xuất. Kháng thể này liên kết với PCSK9 tại vị trí nằm trong các gốc 31-447 của SEQ ID NO: 3. Theo một số phương án, kháng thể hoặc phân tử liên kết kháng nguyên này, khi liên kết với PCSK9, được bố trí trong phạm vi 8 angstrom hoặc

nhỏ hơn tính từ ít nhất một trong số các gốc sau đây của PCSK9: S153, I154, P155, R194, D238, A239, I369, S372, D374, C375, T377, C378, F379, V380, S381, W156, N157, L158, E159, H193, E195, H229, R237, G240, K243, D367, I368, G370, A371, S373, S376, Q382, W72, F150, A151, Q152, T214, R215, F216, H217, A220, S221, K222, S225, H226, C255, Q256, G257, K258, N317, F318, T347, L348, G349, T350, L351, E366, D367, D374, V380, S381, Q382, S383, G384, K69, D70, P71, S148, V149, D186, T187, E211, D212, G213, R218, Q219, C223, D224, G227, H229, L253, N254, G259, P288, A290, G291, G316, R319, Y325, V346, G352, T353, G365, I368, I369, S372, S373, C378, F379, T385, S386, Q387, S153, S188, I189, Q190, S191, D192, R194, E197, G198, R199, V200, D224, R237, D238, K243, S373, D374, S376, T377, F379, I154, T187, H193, E195, I196, M201, V202, C223, T228, S235, G236, A239, G244, M247, I369, S372, C375 hoặc C378.

Theo một số phương án, kháng thể hoặc phân tử liên kết kháng nguyên được phân lập mà phong bế không cho kháng thể đối với PCSK9 liên kết trong phạm vi 8 angstrom của một gốc của PCSK9 được đề xuất. Theo một số phương án, gốc của PCSK9 được chọn từ ít nhất một trong số các gốc PCSK9 sau: S153, I154, P155, R194, D238, A239, I369, S372, D374, C375, T377, C378, F379, V380, S381, W156, N157, L158, E159, H193, E195, H229, R237, G240, K243, D367, I368, G370, A371, S373, S376, Q382, W72, F150, A151, Q152, T214, R215, F216, H217, A220, S221, K222, S225, H226, C255, Q256, G257, K258, N317, F318, T347, L348, G349, T350, L351, E366, D367, D374, V380, S381, Q382, S383, G384, K69, D70, P71, S148, V149, D186, T187, E211, D212, G213, R218, Q219, C223, D224, G227, H229, L253, N254, G259, P288, A290, G291, G316, R319, Y325, V346, G352, T353, G365, I368, I369, S372, S373, C378, F379, T385, S386, Q387, S153, S188, I189, Q190, S191, D192, R194, E197, G198, R199, V200, D224, R237, D238, K243, S373, D374, S376, T377, F379, I154, T187, H193, E195, I196, M201, V202, C223, T228, S235, G236, A239, G244, M247, I369, S372, C375 hoặc C378.

Theo một số phương án, kháng thể hoặc phân tử liên kết kháng nguyên được phân lập mà liên kết với PCSK9 tại vị trí chồng lặp với vị trí mà LDLR liên kết với PCSK9

được đề xuất. Theo một số phương án, vị trí mà LDLR liên kết với PCSK9 bao gồm ít nhất một gốc axit amin được chọn từ nhóm bao gồm: S153, I154, P155, R194, D238, A239, I369, S372, D374, C375, T377, C378, F379, V380 và S381.

Theo một số phương án, kháng thể hoặc phân tử liên kết kháng nguyên được phân lập mà liên kết với PCSK9 được đề xuất. Theo một số phương án, kháng thể hoặc phân tử liên kết kháng nguyên làm giảm khả năng liên kết của EGFa với PCSK9 trong phạm vi 8 angstrom của ít nhất một trong số các gốc sau đây trên PCSK9: S153, I154, P155, R194, D238, A239, I369, S372, D374, C375, T377, C378, F379, V380, S381, W156, N157, L158, E159, H193, E195, H229, R237, G240, K243, D367, I368, G370, A371, S373, S376 hoặc Q382.

Theo một số phương án, kháng thể, protein liên kết kháng nguyên hoặc phân tử liên kết kháng nguyên mà liên kết với bề mặt của PCSK9 mà chồng lặp với bề mặt mà EGFa liên kết, Ab 21B12 liên kết và/hoặc 31H4 liên kết được đề xuất. Theo một số phương án, kháng thể, protein liên kết kháng nguyên hoặc phân tử liên kết kháng nguyên mà liên kết với PCSK9 theo cách tương tự với cách được thể hiện trên các hình vẽ được đề xuất.

Theo một số phương án, các phương án nêu trên là kháng thể hoặc protein liên kết kháng nguyên trung hòa. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên này không phải là LDLR hoặc mảnh của chúng (như EGFa).

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất kháng thể trung hòa được phân lập, trong đó khi kháng thể này liên kết với PCSK9, thì kháng thể này được bố trí trong phạm vi 8 angstrom hoặc nhỏ hơn tính từ ít nhất một trong số các gốc sau đây của PCSK9: T468, R469, M470, A471, T472, R496, R499, E501, A502, Q503, R510, H512, F515, P540, P541, A542, E543, H565, W566, E567, V568, E569, R592, E593, S465, G466, P467, A473, I474, R476, G497, E498, M500, G504, K506, L507, V508, A511, N513, A514, G516, V536, T538, A539, A544, T548, D570, L571, H591, A594, S595 và H597 của SEQ ID NO: 3. Theo một số phương án, kháng thể này được bố trí trong phạm vi 5 angstrom hoặc nhỏ hơn tính từ ít nhất một trong số các gốc sau đây của PCSK9: T468,

R469, M470, A471, T472, R496, R499, E501, A502, Q503, R510, H512, F515, P540, P541, A542, E543, H565, W566, E567, V568, E569, R592 và E593 của SEQ ID NO: 3.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất protein liên kết kháng nguyên được phân lập. Protein liên kết kháng nguyên này chứa: A) CDRH1 của trình tự CDRH1 trong SEQ ID NO: 89, CDRH2 của trình tự CDRH2 trong SEQ ID NO: 89 và CDRH3 của trình tự CDRH3 trong SEQ ID NO: 89, và B) CDRL1 của trình tự CDRL1 trong SEQ ID NO: 32, CDRL2 của trình tự CDRL2 trong SEQ ID NO: 32 và CDRL3 của trình tự CDRL3 trong SEQ ID NO: 32.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất protein liên kết kháng nguyên được phân lập mà liên kết với protein PCSK9 của SEQ ID NO: 1, trong đó sự liên kết giữa protein liên kết kháng nguyên được phân lập này và protein PCSK9 biến thể nhỏ hơn 50% của sự liên kết giữa protein liên kết kháng nguyên được phân lập này và protein PCSK9 của SEQ ID NO: 1 và/hoặc SEQ ID NO: 303. Theo một số phương án, protein PCSK9 biến thể chứa ít nhất một đột biến của gốc tại vị trí được chọn từ nhóm chứa hoặc bao gồm 207, 208, 185, 181, 439, 513, 538, 539, 132, 351, 390, 413, 582, 162, 164, 167, 123, 129, 311, 313, 337, 519, 521 và 554, như được thể hiện trong SEQ ID NO: 1. Theo một số phương án, ít nhất một đột biến được chọn từ nhóm chứa hoặc bao gồm R207E, D208R, E181R, R185E, R439E, E513R, V538R, E539R, T132R, S351R, A390R, A413R và E582R. Theo một số phương án, ít nhất một đột biến được chọn từ nhóm bao gồm D162R, R164E, E167R, S123R, E129R, A311R, D313R, D337R, R519E, H521R và Q554R.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất protein liên kết kháng nguyên mà liên kết với protein PCSK9 của SEQ ID NO: 303 theo cách thứ nhất và liên kết với biến thể của PCSK9 theo cách thứ hai. Biến thể PCSK9 có ít nhất một đột biến điểm tại vị trí được chọn từ nhóm chứa hoặc bao gồm: 207, 208, 185, 181, 439, 513, 538, 539, 132, 351, 390, 413, 582, 162, 164, 167, 123, 129, 311, 313, 337, 519, 521 và 554 của SEQ ID NO: 303 và/hoặc SEQ ID NO: 1. Theo một số phương án, cách thứ nhất bao gồm EC50 thứ nhất, Bmax thứ nhất, hoặc EC50 thứ nhất và Bmax thứ nhất. Theo một số phương án, cách thứ hai bao gồm EC50 thứ hai, Bmax thứ hai, hoặc EC50 thứ hai và Bmax thứ hai. Giá trị đối

với cách thứ nhất là khác với giá trị đối với cách thứ hai. Theo một số phương án, cách thứ nhất bao gồm EC50 thứ nhất, trong đó cách thứ hai bao gồm EC50 thứ hai, và trong đó đột biến điểm được chọn từ nhóm chứa hoặc bao gồm: R207E, D208R, E181R, R185E, R439E, E513R, V538R, E539R, T132R, S351R, A390R, A413R và E582R. Theo một số phương án, EC50 thứ nhất khác ít nhất 20% so với EC50 thứ hai. Theo một số phương án, EC50 thứ nhất khác ít nhất 50% so với EC50 thứ hai. Theo một số phương án, EC50 thứ hai là một giá trị số lớn hơn so với EC50 thứ nhất. Theo một số phương án, EC50 thứ nhất được xác định bằng thử nghiệm liên kết hạt đa thành phần. Theo một số phương án, EC50 thứ hai lớn hơn 1 um. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên này là protein liên kết kháng nguyên trung hòa. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên trung hòa này là protein liên kết kháng nguyên trung hòa cạnh tranh. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên trung hòa này là protein liên kết kháng nguyên trung hòa không cạnh tranh. Theo một số phương án, cách thứ nhất bao gồm Bmax thứ nhất và cách thứ hai bao gồm Bmax thứ hai khác với Bmax thứ nhất. Biến thể PCSK9 có ít nhất một đột biến điểm được chọn từ nhóm chứa hoặc bao gồm: D162R, R164E, E167R, S123R, E129R, A311R, D313R, D337R, R519E, H521R và Q554R. Theo một số phương án, Bmax thứ hai bằng khoảng 10% của Bmax thứ nhất. Theo một số phương án, Bmax thứ nhất khác ít nhất 20% so với Bmax thứ hai. Theo một số phương án, Bmax thứ nhất khác ít nhất 50% so với Bmax thứ hai.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất protein liên kết kháng nguyên được phân lập mà liên kết với protein PCSK9 của SEQ ID NO: 3, trong đó epitop của protein liên kết kháng nguyên này chứa ít nhất một trong số các axit amin sau đây của SEQ ID NO: 1: 207, 208, 181, 185, 439, 513, 538, 539, 132, 351, 390, 413, 582, 162, 164, 167, 123, 129, 311, 313, 337, 519, 521 và 554.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất protein liên kết kháng nguyên trung hòa được phân lập mà liên kết với protein PCSK9 chứa trình tự axit amin của SEQ ID NO: 1, trong đó protein liên kết kháng nguyên trung hòa này làm giảm tác động làm yếu LDLR của PCSK9 đối với LDLR. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên này là protein liên kết kháng nguyên trung hòa không cạnh tranh LDLR. Theo một số phương

án, protein liên kết kháng nguyên này là protein liên kết kháng nguyên trung hòa cạnh tranh LDLR.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất protein liên kết kháng nguyên được phân lập, trong đó protein liên kết kháng nguyên này chứa: A) CDRH1 của trình tự CDRH1 trong SEQ ID NO: 49, CDRH2 của trình tự CDRH2 trong SEQ ID NO: 49 và CDRH3 của trình tự CDRH3 trong SEQ ID NO: 49, và B) CDRL1 của trình tự CDRL1 trong SEQ ID NO: 23, CDRL2 của trình tự CDRL2 trong SEQ ID NO: 23 và CDRL3 của trình tự CDRL3 trong SEQ ID NO: 23.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất chế phẩm chứa protein PCSK9 đã kết tinh và protein liên kết kháng nguyên mà liên kết với PCSK9. Chế phẩm này chứa protein PCSK9 đã kết tinh sao cho cấu trúc ba chiều của protein PCSK9 này có thể được xác định đến độ phân giải khoảng 2,2 angstrom hoặc tốt hơn. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên này là kháng thể hoặc mảnh của chúng.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất protein PCSK9 đã kết tinh và ít nhất là phần EGFa của protein LDLR, trong đó phần EGFa của protein LDLR liên kết với protein PCSK9, trong đó protein PCSK9 đã kết tinh sao cho cấu trúc ba chiều của protein PCSK9 này có thể được xác định đến độ phân giải khoảng 2,2 angstrom hoặc tốt hơn. Theo một số phương án, mô hình phân tử này ở trên vật ghi có thể đọc được bằng máy tính.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất việc sử dụng protein liên kết kháng nguyên nêu trong bản mô tả này trong bào chế thuốc dùng để làm giảm cholesterol trong huyết thanh.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất việc sử dụng protein liên kết kháng nguyên nêu trong bản mô tả này, trong bào chế thuốc dùng để điều trị hoặc ngăn ngừa tình trạng bệnh lý liên quan đến lượng cholesterol trong huyết thanh tăng cao ở đối tượng.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất protein liên kết kháng nguyên được phân lập mà liên kết với PCSK9, trong đó protein liên kết kháng nguyên này chứa: A) vùng

quyết định bổ thể chuỗi nặng (CDRH) được chọn từ ít nhất một loại thuộc nhóm bao gồm: (i) CDRH1 được chọn từ CDRH1 nằm trong trình tự được chọn từ nhóm bao gồm các SEQ ID NO: 67, 79, 89 và 49, (ii) CDRH1 mà khác về trình tự axit amin so với CDRH1 nêu trong (i) bởi đột biến bổ sung, đột biến khuyết hoặc đột biến thế axit amin của không nhiều hơn hai axit amin; và (iii) trình tự axit amin CDRH1 được chọn từ nhóm bao gồm $X_1X_2X_3X_4X_5X_6X_7X_8X_9X_{10}$ (SEQ ID NO: 406), trong đó X_1 được chọn từ nhóm bao gồm G, X_2 được chọn từ nhóm bao gồm Y, F và G, X_3 được chọn từ nhóm bao gồm T và S, X_4 được chọn từ nhóm bao gồm L và F, X_5 được chọn từ nhóm bao gồm T, S và N, X_6 được chọn từ nhóm bao gồm S và A, X_7 được chọn từ nhóm bao gồm Y và F, X_8 được chọn từ nhóm bao gồm G, S và Y, X_9 được chọn từ nhóm bao gồm I, M và W, X_{10} được chọn từ nhóm bao gồm S, N và H, B) vùng quyết định bổ thể chuỗi nhẹ (CDRL) được chọn từ ít nhất một loại thuộc nhóm bao gồm: (i) CDRL1 được chọn từ CDRL1 nằm trong trình tự được chọn từ nhóm bao gồm các SEQ ID NO: 12, 32, 35 và 23, (ii) CDRL1 mà khác về trình tự axit amin so với CDRL3 nêu trong (i) bởi đột biến bổ sung, đột biến khuyết hoặc đột biến thế axit amin của không nhiều hơn hai axit amin; và (iii) trình tự axit amin CDRL1 được chọn từ nhóm bao gồm $X_1X_2X_3X_4X_5X_6X_7X_8X_9X_{10}X_{11}X_{12}X_{13}X_{14}$ (SEQ ID NO: 407), trong đó X_1 được chọn từ nhóm bao gồm T và không axit amin, X_2 được chọn từ nhóm bao gồm G và S, X_3 được chọn từ nhóm bao gồm S, T và G, X_4 được chọn từ nhóm bao gồm S, X_5 được chọn từ nhóm bao gồm S, X_6 được chọn từ nhóm bao gồm N, D và S, X_7 được chọn từ nhóm bao gồm I, V và N, X_8 được chọn từ nhóm bao gồm G và I, X_9 được chọn từ nhóm bao gồm A và G, X_{10} được chọn từ nhóm bao gồm G, Y, S và N, X_{11} được chọn từ nhóm bao gồm Y và N, X_{12} được chọn từ nhóm bao gồm D, S, T và F, X_{13} được chọn từ nhóm bao gồm V, X_{14} được chọn từ nhóm bao gồm S, N và H. Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng ABP hoặc kháng thể đơn lẻ có thể đáp ứng một hoặc nhiều lựa chọn trong số các lựa chọn nêu trên và vẫn nằm trong phạm vi của sáng chế được nêu trong phương án này.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất protein liên kết kháng nguyên được phân lập mà liên kết với PCSK9, trong đó protein liên kết kháng nguyên này chứa: A) vùng quyết định bổ thể chuỗi nặng (CDRH) được chọn từ ít nhất một loại thuộc nhóm bao

gồm: (i) CDRH2 được chọn từ CDRH2 nằm trong trình tự được chọn từ nhóm bao gồm các SEQ ID NO: 67, 79, 89 và 49, (ii) CDRH2 mà khác về trình tự axit amin so với CDRH2 nêu trong (i) bởi đột biến bổ sung, đột biến khuyết hoặc đột biến thế axit amin của không nhiều hơn hai axit amin; và (iii) trình tự axit amin CDRH2 được chọn từ nhóm bao gồm $X_1X_2X_3X_4X_5X_6X_7X_8X_9X_{10}X_{11}X_{12}X_{13}X_{14}$ $X_{15}X_{16}X_{17}$ (SEQ ID NO: 408), trong đó X_1 được chọn từ nhóm bao gồm W, S, L và không axit amin, X_2 được chọn từ nhóm bao gồm V, I và E, X_3 được chọn từ nhóm bao gồm S, W và I, X_4 được chọn từ nhóm bao gồm F, S và N, X_5 được chọn từ nhóm bao gồm Y, S, D và H, X_6 được chọn từ nhóm bao gồm N, S và G, X_7 được chọn từ nhóm bao gồm S và G, X_8 được chọn từ nhóm bao gồm N, Y, D và R, X_9 được chọn từ nhóm bao gồm T, I và E, X_{10} được chọn từ nhóm bao gồm N, S, Y và D, X_{11} được chọn từ nhóm bao gồm Y, X_{12} được chọn từ nhóm bao gồm A và N, X_{13} được chọn từ nhóm bao gồm Q, D và P, X_{14} được chọn từ nhóm bao gồm K và S, X_{15} được chọn từ nhóm bao gồm L và V, X_{16} được chọn từ nhóm bao gồm Q và K, X_{17} được chọn từ nhóm bao gồm G và S, B) vùng quyết định bổ thể chuỗi nhẹ (CDRL) được chọn từ ít nhất một loại thuộc nhóm bao gồm: (i) CDRL2 được chọn từ CDRL3 nằm trong trình tự được chọn từ nhóm bao gồm các SEQ ID NO: 12, 32, 35 và 23, (ii) CDRL2 mà khác về trình tự axit amin so với CDRL3 nêu trong (i) bởi đột biến bổ sung, đột biến khuyết hoặc đột biến thế axit amin của không nhiều hơn hai axit amin; và (iii) trình tự axit amin CDRL2 được chọn từ nhóm bao gồm $X_1X_2X_3X_4X_5X_6X_7$ (SEQ ID NO: 409), trong đó X_1 được chọn từ nhóm bao gồm G, E, S và D, X_2 được chọn từ nhóm bao gồm N, V và Y, X_3 được chọn từ nhóm bao gồm S và N, X_4 được chọn từ nhóm bao gồm N, Q và K, X_5 được chọn từ nhóm bao gồm R, X_6 được chọn từ nhóm bao gồm P, X_7 được chọn từ nhóm bao gồm S.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất protein liên kết kháng nguyên được phân lập mà liên kết với PCSK9, trong đó protein liên kết kháng nguyên này chứa: A) vùng quyết định bổ thể chuỗi nặng (CDRH) được chọn từ ít nhất một loại thuộc nhóm bao gồm: (i) CDRH3 được chọn từ CDRH3 nằm trong trình tự được chọn từ nhóm bao gồm các SEQ ID NO: 67, 79, 89 và 49, (ii) CDRH3 mà khác về trình tự axit amin so với CDRH3 nêu trong (i) bởi đột biến bổ sung, đột biến khuyết hoặc đột biến thế axit amin

của không nhiều hơn hai axit amin; và (iii) trình tự axit amin CDRH3 được chọn từ nhóm bao gồm $X_1X_2X_3X_4X_5X_6X_7X_8X_9X_{10}X_{11}X_{12}X_{13}X_{14}$ (SEQ ID NO: 410), trong đó X_1 được chọn từ nhóm bao gồm D và không axit amin, X_2 được chọn từ nhóm bao gồm Y, A và không axit amin, X_3 được chọn từ nhóm bao gồm D, I và không axit amin, X_4 được chọn từ nhóm bao gồm F, A và không axit amin, X_5 được chọn từ nhóm bao gồm W, A và không axit amin, X_6 được chọn từ nhóm bao gồm S, L và không axit amin, X_7 được chọn từ nhóm bao gồm A, Y, G và không axit amin, X_8 được chọn từ nhóm bao gồm Y, Q và không axit amin, X_9 được chọn từ nhóm bao gồm G, Y và L, X_{10} được chọn từ nhóm bao gồm Y, D và V, X_{11} được chọn từ nhóm bao gồm G, A và P, X_{12} được chọn từ nhóm bao gồm M và F, X_{13} được chọn từ nhóm bao gồm D, X_{14} được chọn từ nhóm bao gồm V và Y, và B) vùng quyết định bổ thể chuỗi nhẹ (CDRL) được chọn từ ít nhất một loại thuộc nhóm bao gồm: (i) CDRL3 được chọn từ CDRL3 nằm trong trình tự được chọn từ nhóm bao gồm các SEQ ID NO: 12, 32, 35 và 23, (ii) CDRL3 mà khác về trình tự axit amin so với CDRL3 nêu trong (i) bởi đột biến bổ sung, đột biến khuyết hoặc đột biến thế axit amin của không nhiều hơn hai axit amin; và (iii) trình tự axit amin CDRL3 được chọn từ nhóm bao gồm $X_1X_2X_3X_4X_5X_6X_7X_8X_9X_{10}X_{11}$ (SEQ ID NO: 411), trong đó X_1 được chọn từ nhóm bao gồm Q, A, G và không axit amin, X_2 được chọn từ nhóm bao gồm S, V, T và không axit amin, X_3 được chọn từ nhóm bao gồm Y, N và W, X_4 được chọn từ nhóm bao gồm S và D, X_5 được chọn từ nhóm bao gồm S, Y và D, X_6 được chọn từ nhóm bao gồm S và T, X_7 được chọn từ nhóm bao gồm L và S, X_8 được chọn từ nhóm bao gồm S, T và N, X_9 được chọn từ nhóm bao gồm G, S và A, X_{10} được chọn từ nhóm bao gồm S, M, W và Y, và X_{11} được chọn từ nhóm bao gồm V. Theo một số phương án, axit amin bất kỳ trong số các axit amin nêu trên có thể được thay thế bằng đột biến thế axit amin bảo toàn.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất protein liên kết kháng nguyên được phân lập mà liên kết với PCSK9, trong đó protein liên kết kháng nguyên này chứa: A) vùng quyết định bổ thể chuỗi nặng (CDRH) được chọn từ ít nhất một loại thuộc nhóm bao gồm: (i) CDRH1 được chọn từ CDRH1 nằm trong trình tự được chọn từ nhóm bao gồm các SEQ ID NO: 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57 và 58, (ii) CDRH1 mà khác về trình tự axit amin so với CDRH1 nêu trong (i) bởi đột biến bổ sung, đột biến khuyết hoặc

đột biến thế axit amin của không nhiều hơn hai axit amin; và (iii) trình tự axit amin CDRH1 được chọn từ nhóm bao gồm $X_1X_2X_3X_4X_5X_6X_7X_8X_9X_{10}$ (SEQ ID NO: 412), trong đó X_1 được chọn từ nhóm bao gồm G, P và A, X_2 được chọn từ nhóm bao gồm Y, W, F, T và S, X_3 được chọn từ nhóm bao gồm T, P, S và A, C, V, L và I, X_4 được chọn từ nhóm bao gồm L, F, I, V, M, A và Y, X_5 được chọn từ nhóm bao gồm T, P, S và A, X_6 được chọn từ nhóm bao gồm S, T, A và C, X_7 được chọn từ nhóm bao gồm Y, W, F, T và S, X_8 được chọn từ nhóm bao gồm G, P và A, X_9 được chọn từ nhóm bao gồm I, L, V, M, A và F, X_{10} được chọn từ nhóm bao gồm S, T, A và C, B) vùng quyết định bổ thể chuỗi nhẹ (CDRL) được chọn từ ít nhất một loại thuộc nhóm bao gồm: (i) CDRL1 được chọn từ CDRL1 nằm trong trình tự được chọn từ nhóm bao gồm các SEQ ID NO: 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23 và 24, (ii) CDRL1 mà khác về trình tự axit amin so với CDRL3 nêu trong (i) bởi đột biến bổ sung, đột biến khuyết hoặc đột biến thế axit amin của không nhiều hơn hai axit amin; và (iii) trình tự axit amin CDRL1 được chọn từ nhóm bao gồm $X_1X_2X_3X_4X_5X_6X_7X_8X_9X_{10}X_{11}X_{12}X_{13}X_{14}$ (SEQ ID NO: 413), trong đó X_1 được chọn từ nhóm bao gồm T và S, X_2 được chọn từ nhóm bao gồm G, P và A, X_3 được chọn từ nhóm bao gồm T và S, X_4 được chọn từ nhóm bao gồm S N, T, A, C và Q, X_5 được chọn từ nhóm bao gồm S, T, A và C, X_6 được chọn từ nhóm bao gồm D và E, X_7 được chọn từ nhóm bao gồm V, I, M, L, F và A, X_8 được chọn từ nhóm bao gồm G, P và A, X_9 được chọn từ nhóm bao gồm G, A, R, P, V, L, I, K, Q và N, X_{10} được chọn từ nhóm bao gồm Y, W, F, T và S, X_{11} được chọn từ nhóm bao gồm N và Q, X_{12} được chọn từ nhóm bao gồm Y, S, W, F, T, A và C, X_{13} được chọn từ nhóm bao gồm V, I, M, L, F và A, X_{14} được chọn từ nhóm bao gồm S, T, A và C.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất protein liên kết kháng nguyên được phân lập mà liên kết với PCSK9, trong đó protein liên kết kháng nguyên này chứa: A) vùng quyết định bổ thể chuỗi nặng (CDRH) được chọn từ ít nhất một loại thuộc nhóm bao gồm: (i) CDRH2 được chọn từ CDRH2 nằm trong trình tự được chọn từ nhóm bao gồm các SEQ ID NO: 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57 và 58, (ii) CDRH2 mà khác về trình tự axit amin so với CDRH2 nêu trong (i) bởi đột biến bổ sung, đột biến khuyết hoặc đột biến thế axit amin của không nhiều hơn hai axit amin; và (iii) trình tự axit amin

CDRH2 được chọn từ nhóm bao gồm $X_1X_2X_3X_4X_5X_6X_7X_8X_9X_{10}X_{11}X_{12}X_{13}X_{14}X_{15}X_{16}X_{17}$, (SEQ ID NO: 414), trong đó X_1 được chọn từ nhóm bao gồm W, Y và F, X_2 được chọn từ nhóm bao gồm V, I, M, L, F và A, X_3 được chọn từ nhóm bao gồm S, T, A và C, X_4 được chọn từ nhóm bao gồm A, F, V, L, I, Y và M, X_5 được chọn từ nhóm bao gồm Y, W, F, T và S, X_6 được chọn từ nhóm bao gồm N và Q, X_7 được chọn từ nhóm bao gồm G, P và A, X_8 được chọn từ nhóm bao gồm N và Q, X_9 được chọn từ nhóm bao gồm T và S, X_{10} được chọn từ nhóm bao gồm N và Q, X_{11} được chọn từ nhóm bao gồm Y, W, F, T và S, X_{12} được chọn từ nhóm bao gồm A, V, L và I, X_{13} được chọn từ nhóm bao gồm Q, E, N và D, X_{14} được chọn từ nhóm bao gồm K, R, Q và N, X_{15} được chọn từ nhóm bao gồm L, F, V, I, M, A và Y, X_{16} được chọn từ nhóm bao gồm Q và N, X_{17} được chọn từ nhóm bao gồm G, P và A, B) vùng quyết định bổ thể chuỗi nhẹ (CDRL) được chọn từ ít nhất một loại thuộc nhóm bao gồm: (i) CDRL2 được chọn từ CDRL3 nằm trong trình tự được chọn từ nhóm bao gồm các SEQ ID NO: 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23 và 24, (ii) CDRL2 mà khác về trình tự axit amin so với CDRL3 nêu trong (i) bởi đột biến bổ sung, đột biến khuyết hoặc đột biến thế axit amin của không nhiều hơn hai axit amin; và (iii) trình tự axit amin CDRL2 được chọn từ nhóm bao gồm $X_1X_2X_3X_4X_5X_6X_7$ (SEQ ID NO: 415), trong đó X_1 được chọn từ nhóm bao gồm E và D, X_2 được chọn từ nhóm bao gồm V, I, M, L, F và A, X_3 được chọn từ nhóm bao gồm S, T, A và C, X_4 được chọn từ nhóm bao gồm N và Q, X_5 được chọn từ nhóm bao gồm R, K, Q và N, X_6 được chọn từ nhóm bao gồm P và A, X_7 được chọn từ nhóm bao gồm S, T, A và C.

Theo một số khía cạnh, sáng chế đề xuất protein liên kết kháng nguyên được phân lập mà liên kết với PCSK9, trong đó protein liên kết kháng nguyên này chứa: A) vùng quyết định bổ thể chuỗi nặng (CDRH) được chọn từ ít nhất một loại thuộc nhóm bao gồm: (i) CDRH3 được chọn từ CDRH3 nằm trong trình tự được chọn từ nhóm bao gồm các SEQ ID NO: 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57 và 58, (ii) CDRH3 mà khác về trình tự axit amin so với CDRH3 nêu trong (i) bởi đột biến bổ sung, đột biến khuyết hoặc đột biến thế axit amin của không nhiều hơn hai axit amin; và (iii) trình tự axit amin CDRH3 được chọn từ nhóm bao gồm $X_1X_2X_3X_4X_5X_6$ (SEQ ID NO: 416), trong đó X_1 được chọn từ nhóm bao gồm G, P, A và không axit amin, X_2 được chọn từ nhóm bao gồm

Y, W, F, T và S, X_3 được chọn từ nhóm bao gồm G, V, P, A, I, M, L và F, X_4 được chọn từ nhóm bao gồm M, L, F và I, X_5 được chọn từ nhóm bao gồm D và E, X_6 được chọn từ nhóm bao gồm V, I, M, L, F và A, B) vùng quyết định bổ thể chuỗi nhẹ (CDRL) được chọn từ ít nhất một loại thuộc nhóm bao gồm: (i) CDRL3 được chọn từ CDRL3 nằm trong trình tự được chọn từ nhóm bao gồm các SEQ ID NO: 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23 và 24, (ii) CDRL3 mà khác về trình tự axit amin so với CDRL3 nêu trong (i) bởi đột biến bổ sung, đột biến khuyết hoặc đột biến thế axit amin của không nhiều hơn hai axit amin; và (iii) trình tự axit amin CDRL3 được chọn từ nhóm bao gồm $X_1X_2X_3X_4X_5X_6X_7X_8X_9$ (SEQ ID NO: 417), trong đó X_1 được chọn từ nhóm bao gồm S, N, T, A, C và Q, X_2 được chọn từ nhóm bao gồm S, T, A và C, X_3 được chọn từ nhóm bao gồm Y, W, F, T và S, X_4 được chọn từ nhóm bao gồm T và S, X_5 được chọn từ nhóm bao gồm S, T, A và C, X_6 được chọn từ nhóm bao gồm S, T, A và C, X_7 được chọn từ nhóm bao gồm N, S, Q, T, A và C, X_8 được chọn từ nhóm bao gồm M, V, L, F, I và A, X_9 được chọn từ nhóm bao gồm V, I, M, L, F và A.

Mô tả vắn tắt các hình vẽ

Fig.1A thể hiện trình tự axit amin của dạng trưởng thành của PCSK9 với tiền miền (pro-domain) được gạch dưới.

Fig.$1B_1$-Fig.$1B_4$ thể hiện trình tự axit amin và trình tự axit nucleic của PCSK9 với tiền miền được gạch dưới và trình tự tín hiệu được bôi đậm.

Fig.2A-Fig.2D là các bảng so sánh trình tự của các chuỗi nhẹ khác nhau của các protein liên kết kháng nguyên khác nhau. Fig.2C tiếp tục trình tự được bắt đầu trên Fig.2A. Fig.2D tiếp tục trình tự được bắt đầu trên Fig.2B.

Fig.3A-Fig.3D là các bảng so sánh trình tự của các chuỗi nặng khác nhau của các protein liên kết kháng nguyên khác nhau. Fig.3C tiếp tục trình tự được bắt đầu trên Fig.3A. Fig.3D tiếp tục trình tự được bắt đầu trên Fig.3B.

Fig.3E-Fig.3JJ thể hiện trình tự axit amin và trình tự axit nucleic cho các miền biến đổi của một số phương án của protein liên kết kháng nguyên.

Fig.3KK thể hiện trình tự axit amin cho các miền cố định khác nhau.

Fig.3LL-Fig.3BBB thể hiện trình tự axit amin và trình tự axit nucleic cho các miền biến đổi của một số phương án của protein liên kết kháng nguyên.

Fig.3CCC-Fig.3JJJ là các bảng so sánh trình tự của các chuỗi nặng và chuỗi nhẹ khác nhau của một số phương án của protein liên kết kháng nguyên.

Fig.4A là đường cong liên kết của protein liên kết kháng nguyên với PCSK9 của người.

Fig.4B là đường cong liên kết của protein liên kết kháng nguyên với PCSK9 của người.

Fig.4C là đường cong liên kết của protein liên kết kháng nguyên với PCSK9 của khỉ cynomolgus.

Fig.4D là đường cong liên kết của protein liên kết kháng nguyên với PCSK9 của khỉ cynomolgus.

Fig.4E là đường cong liên kết của protein liên kết kháng nguyên với PCSK9 của chuột nhắt.

Fig.4F là đường cong liên kết của protein liên kết kháng nguyên với PCSK9 của chuột nhắt.

Fig.5A thể hiện kết quả của thử nghiệm SDS PAGE liên quan đến PCSK9 và các protein liên kết kháng nguyên khác nhau, chứng tỏ độ tinh khiết và nồng độ tương đối của các protein này.

Fig.5B và Fig.5C là các đồ thị từ thử nghiệm cân bằng dung dịch Biacore đối với 21B12.

Fig.5D là đồ thị thể hiện các thông số động học từ thử nghiệm bắt giữ Biacore.

Fig.5E là đồ thị dạng cột thể hiện kết quả phân khoảng dữ liệu đối với ba ABP.

Fig.6A là đường cong ức chế của protein liên kết kháng nguyên 31H4 IgG2 đối với PCSK9 trong thử nghiệm liên kết PCSK9:LDLR in vitro.

Fig.6B là đường cong ức chế của protein liên kết kháng nguyên 31H4 IgG4 đối với PCSK9 trong thử nghiệm liên kết PCSK9:LDLR in vitro.

Fig.6C là đường cong ức chế của protein liên kết kháng nguyên 21B12 IgG2 đối với PCSK9 trong thử nghiệm liên kết PCSK9:LDLR in vitro.

Fig.6D là đường cong ức chế của protein liên kết kháng nguyên 21B12 IgG4 đối với PCSK9 trong thử nghiệm liên kết PCSK9:LDLR in vitro.

Fig.7A là đường cong ức chế của protein liên kết kháng nguyên 31H4 IgG2 trong thử nghiệm hấp thu LDL bởi tế bào, thể hiện tác dụng của ABP trong việc làm giảm tác động phong bế sự hấp thu LDL của PCSK9.

Fig.7B là đường cong ức chế của protein liên kết kháng nguyên 31H4 IgG4 trong thử nghiệm hấp thu LDL bởi tế bào, thể hiện tác dụng của ABP trong việc làm giảm tác động phong bế sự hấp thu LDL của PCSK9.

Fig.7C là đường cong ức chế của protein liên kết kháng nguyên 21B12 IgG2 trong thử nghiệm hấp thu LDL bởi tế bào, thể hiện tác dụng của ABP trong việc làm giảm tác động phong bế sự hấp thu LDL của PCSK9.

Fig.7D là đường cong ức chế của protein liên kết kháng nguyên 21B12 IgG4 trong thử nghiệm hấp thu LDL bởi tế bào, thể hiện tác dụng của ABP trong việc làm giảm tác động phong bế sự hấp thu LDL của PCSK9.

Fig.8A là đồ thị thể hiện khả năng làm giảm cholesterol trong huyết thanh ở chuột nhắt của ABP 31H4, thay đổi so với chuột nhắt được điều trị bằng đối chứng IgG (* $p < 0,01$).

Fig.8B là đồ thị thể hiện khả năng làm giảm cholesterol trong huyết thanh ở chuột nhắt của ABP 31H4, thay đổi so với thời điểm = không giờ (# p, 0,05).

Fig.8C là đồ thị thể hiện tác dụng của ABP 31H4 đối với lượng cholesterol HDL ở chuột nhắt C57B1/6 (* p< 0,01).

Fig.8D là đồ thị thể hiện tác dụng của ABP 31H4 đối với lượng cholesterol HDL ở chuột nhắt C57Bl/6 (# p< 0,05).

Fig.9 thể hiện phép phân tích thẩm tách Western về khả năng của ABP 31H4 trong việc làm tăng lượng protein LDLR trong gan có mặt sau các thời điểm khác nhau.

Fig.10A là đồ thị thể hiện khả năng của protein liên kết kháng nguyên 31H4 trong việc làm giảm cholesterol tổng trong huyết thanh ở chuột nhắt kiểu dại, một cách tương đối.

Fig.10B là đồ thị thể hiện khả năng của protein liên kết kháng nguyên 31H4 trong việc làm giảm HDL ở chuột nhắt kiểu dại.

Fig.10C là đồ thị thể hiện khả năng làm giảm cholesterol trong huyết thanh của các protein liên kết kháng nguyên khác nhau 31H4 và 16F12.

Fig.11A thể hiện quy trình tiêm để thử nghiệm khoảng thời gian và khả năng của protein liên kết kháng nguyên trong việc làm giảm cholesterol trong huyết thanh.

Fig.11B là đồ thị thể hiện kết quả của quy trình được thể hiện trên Fig.11A.

Fig.12A thể hiện lượng LDLR đáp ứng với hỗn hợp của statin và ABP 21B12 ở các tế bào HepG2.

Fig.12B thể hiện lượng LDLR đáp ứng với hỗn hợp của statin và ABP 31H4 ở các tế bào HepG2.

Fig.12C thể hiện lượng LDLR đáp ứng với hỗn hợp của statin và kháng thể ABP không trung hòa 25A7.1 (ngược lại với kháng thể trung hòa "25A7") ở các tế bào HepG2.

Fig.12D thể hiện lượng LDLR đáp ứng với hỗn hợp của statin và ABP 21B12 ở các tế bào HepG2 biểu hiện quá mức PCSK9.

Fig.12E thể hiện lượng LDLR đáp ứng với hỗn hợp của statin và ABP 31H4 ở các tế bào HepG2 biểu hiện quá mức PCSK9.

Fig.12F thể hiện lượng LDLR đáp ứng với hỗn hợp của statin và kháng thể ABP không trung hòa 25A7.1 (ngược lại với kháng thể trung hòa "25A7") ở các tế bào HepG2 biểu hiện quá mức PCSK9.

Fig.13A thể hiện các trình tự axit amin chuỗi nhẹ khác nhau của các ABP khác nhau đối với PCSK9. Dấu chấm (.) thể hiện là không có axit amin.

Fig.13B thể hiện biểu đồ phân nhánh chuỗi nhẹ cho các ABP khác nhau đối với PCSK9.

Fig.13C thể hiện các trình tự axit amin chuỗi nặng khác nhau của các ABP khác nhau đối với PCSK9. Dấu chấm (.) thể hiện là không có axit amin.

Fig.13D thể hiện biểu đồ phân nhánh chuỗi nặng cho các ABP khác nhau đối với PCSK9.

Fig.13E thể hiện sự so sánh các CDR chuỗi nhẹ và chuỗi nặng và chỉ định các nhóm từ đó để đạt được sự liên ứng.

Fig.13F thể hiện các trình tự liên ứng đối với các nhóm 1 và 2.

Fig.13G thể hiện các trình tự liên ứng đối với các nhóm 3 và 4.

Fig.13H thể hiện các trình tự liên ứng đối với các nhóm 1 và 2. Dấu chấm (.) thể hiện các gốc giống nhau.

Fig.13I thể hiện các trình tự liên ứng đối với nhóm 2. Dấu chấm (.) thể hiện các gốc giống nhau.

Fig.13J thể hiện các trình tự liên ứng đối với các nhóm 3 và 4. Dấu chấm (.) thể hiện các gốc giống nhau.

Fig.14A là đồ thị thể hiện khả năng làm giảm LDL in vivo của các ABP khác nhau (ở 10 mg/kg).

Fig.14B là đồ thị thể hiện khả năng làm giảm LDL in vivo của các ABP khác nhau (ở 30 mg/kg).

Fig.15A và Fig.15B là các bảng so sánh trình tự của các chuỗi nhẹ khác nhau của các phương án khác nhau của protein liên kết kháng nguyên. Fig.15B tiếp tục trình tự được bắt đầu trên Fig.15A.

Fig.15C và Fig.15D là các bảng so sánh trình tự của các chuỗi nhẹ khác nhau của các phương án khác nhau của protein liên kết kháng nguyên. Fig.15D tiếp tục trình tự được bắt đầu trên Fig.15C.

Fig.16A thể hiện gel được sử dụng để thử nghiệm khả năng của Ab 21B12 trong việc liên kết với các đoạn ProCat hoặc VD của PCSK9.

Fig.16B thể hiện gel được sử dụng để thử nghiệm khả năng của Ab 31H4 trong việc liên kết với các đoạn ProCat hoặc VD của PCSK9.

Fig.17 thể hiện cấu trúc của PCSK9 và phần EGFa của LDLR.

Fig.18A thể hiện cấu trúc của PCSK9 và 31H4 Ab.

Fig.18B thể hiện cấu trúc của PCSK9 và 31H4 Ab.

Fig.19A thể hiện cấu trúc của PCSK9, 31H4 Ab và 21B12 Ab.

Fig.19B thể hiện cấu trúc của PCSK9 và 21B12 Ab.

Fig.20A thể hiện cấu trúc của PCSK9 và EGFa từ LDLR được chồng lên bởi cấu trúc của các kháng thể 31H4 và 21B12 liên kết với PCSK9.

Fig.20B thể hiện mô hình cấu trúc của PCSK9 và LDLR.

Fig.20C thể hiện mô hình cấu trúc của PCSK9 và LDLR từ góc nhìn khác.

Fig.20D thể hiện mô hình cấu trúc của PCSK9 và LDLR, có bao gồm các đại diện cấu trúc của 31H4 và 21B12 trong đó.

Fig.20E thể hiện mô hình cấu trúc trên Fig.20D, quay 90 độ quanh trục được ghi chú.

Fig.20F thể hiện mô hình cấu trúc trên Fig.20D, quay 180 độ quanh trục được ghi chú.

Fig.21A thể hiện cấu trúc của PCSK9 và 31A4.

Fig.21B thể hiện cấu trúc của PCSK9 và 31A4.

Fig.21C thể hiện cấu trúc của PCSK9 và 31A4.

Fig.21D thể hiện mô hình cấu trúc của PCSK9 và 31A4 nguyên chiều dài.

Fig.22 là bộ trình tự ABP nhận diện các khác biệt khác nhau giữa các trình tự ABP của người và các trình tự ABP được tạo ra ở *E. Coli* và được dùng cho cấu trúc tinh thể.

Fig.23 là bảng thể hiện các kết quả phân khoảng dữ liệu khác nhau.

Fig.23A là phần thứ nhất của bảng thể hiện các kết quả phân khoảng dữ liệu khác nhau.

Fig.23B là phần thứ hai của bảng thể hiện các kết quả phân khoảng dữ liệu khác nhau.

Fig.23C là phần thứ ba của bảng thể hiện các kết quả phân khoảng dữ liệu khác nhau.

Fig.23D là phần thứ tư của bảng thể hiện các kết quả phân khoảng dữ liệu khác nhau.

Fig.24A thể hiện thử nghiệm thẩm tách Western trong điều kiện không được khử.

Fig.24B thể hiện thử nghiệm thẩm tách Western trong điều kiện được khử.

Fig.25A thể hiện độ bao phủ bề mặt của PCSK9.

Fig.25B thể hiện độ bao phủ bề mặt của PCSK9.

Fig.25C thể hiện độ bao phủ bề mặt của PCSK9.

Fig.25D thể hiện độ bao phủ bề mặt của PCSK9.

Fig.25E thể hiện độ bao phủ bề mặt của PCSK9.

Fig.25F thể hiện độ bao phủ bề mặt của PCSK9.

Fig.26 là sự so sánh trình tự của trình tự axit amin PCSK9 và tất cả các gốc mà được gây đột biến trong các biến thể PCSK9 để kiểm tra các epitop của các kháng thể khác nhau.

Fig.27A thể hiện các kết quả tìm kiếm epitop 21B12, như được lập bản đồ trên cấu trúc tinh thể của PCSK9 với 21B12.

Fig.27B thể hiện các kết quả tìm kiếm epitop 31H4, như được lập bản đồ trên cấu trúc tinh thể của PCSK9 với 31H4 và 21B1.

Fig.27C thể hiện các kết quả tìm kiếm epitop 31A4, như được lập bản đồ trên cấu trúc tinh thể của PCSK9 với 31H4 và 21B12.

Fig.27D thể hiện các kết quả tìm kiếm epitop 12H11, như được lập bản đồ trên cấu trúc tinh thể của PCSK9 với 31H4 và 21B12.

Fig.27E thể hiện các kết quả tìm kiếm epitop 3C4, như được lập bản đồ trên cấu trúc tinh thể của PCSK9 với 31H4 và 21B12.

Fig.28A là đồ thị chứng tỏ khả năng liên kết của các ABP khác nhau với các phần khác nhau của PCSK9.

Fig.28B là đồ thị chứng tỏ khả năng liên kết của các ABP khác nhau với các phần khác nhau của PCSK9.

Fig.28C là đồ thị so sánh khả năng liên kết với LDLR của hai ABP.

Fig.28D là đồ thị so sánh hoạt tính hấp thu LDL bởi tế bào của hai ABP.

Mô tả chi tiết sáng chế

Protein liên kết kháng nguyên (như kháng thể và mảnh liên kết chức năng của chúng) mà liên kết với PCSK9 được đề xuất trong bản mô tả này. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên này liên kết với PCSK9 và ngăn không cho PCSK9 thực hiện chức năng theo nhiều cách khác nhau. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên này phong bế hoặc làm giảm khả năng tương tác của PCSK9 với các chất khác. Ví dụ, theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên này liên kết với PCSK9 theo cách mà ngăn chặn hoặc làm giảm khả năng liên kết của PCSK9 với LDLR. Theo các phương án khác, protein liên kết kháng nguyên này liên kết với PCSK9 nhưng không phong bế khả năng tương tác của PCSK9 với LDLR. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên này là kháng thể đơn dòng của người.

Dựa vào bản mô tả này, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng việc thay đổi các tương tác giữa PCSK9 và LDLR có thể làm tăng lượng LDLR sẵn sàng để liên kết với LDL, mà theo đó làm giảm lượng LDL trong huyết thanh ở đối tượng, dẫn đến làm giảm lượng cholesterol trong huyết thanh ở đối tượng. Như vậy, protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9 có thể được sử dụng trong các phương pháp và các chế phẩm khác nhau để điều trị đối tượng có lượng cholesterol trong huyết thanh tăng cao, có nguy cơ có lượng cholesterol trong huyết thanh tăng cao, hoặc có thể hưởng lợi từ việc

giảm lượng cholesterol trong huyết thanh của họ. Do đó, các phương pháp và các kỹ thuật khác nhau để làm giảm, duy trì hoặc ngăn chặn sự tăng cholesterol trong huyết thanh cũng được đề xuất trong bản mô tả này. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên này cho phép sự liên kết giữa PCSK9 và LDLR, nhưng protein liên kết kháng nguyên này ngăn chặn hoặc làm giảm hoạt tính bất lợi của PCSK9 đối với LDLR. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên này ngăn chặn hoặc làm giảm sự liên kết của PCSK9 với LDLR.

Để thuận tiện, các phần sau đây trình bày sơ lược chung chung về các nghĩa khác nhau của các thuật ngữ được sử dụng trong bản mô tả này. Sau phần mô tả này là phần mô tả về các khía cạnh tổng quát liên quan đến protein liên kết kháng nguyên, sau đó là các ví dụ cụ thể chứng tỏ các đặc tính của các phương án khác nhau của protein liên kết kháng nguyên và làm thế nào để sử dụng chúng.

Các định nghĩa và các phương án

Cần phải hiểu rằng cả phần mô tả tổng quát nêu trên và phần mô tả chi tiết dưới đây chỉ nhằm mục đích làm ví dụ và minh họa chứ không nhằm giới hạn sáng chế được yêu cầu bảo hộ. Trong bản mô tả này, việc sử dụng danh từ số ít bao gồm cả danh từ số nhiều, trừ khi có quy định khác. Trong bản mô tả này, việc sử dụng "hoặc" có nghĩa là "và/hoặc", trừ khi có quy định khác. Ngoài ra, việc sử dụng thuật ngữ "bao gồm", cũng như các dạng khác, như "gồm" và "chứa", không làm giới hạn sáng chế. Ngoài ra, các thuật ngữ như "phần tử" hoặc "thành phần" bao hàm cả các phần tử và các thành phần chứa một đơn vị và cả các phần tử và các thành phần chứa nhiều hơn một tiểu đơn vị, trừ khi có quy định khác. Ngoài ra, việc sử dụng thuật ngữ "phần" có thể bao gồm một phần của gốc hoặc toàn bộ gốc.

Các đề mục của từng phần được sử dụng trong bản mô tả này chỉ nhằm mục đích tạo cấu trúc cho bản mô tả và không được hiểu là làm giới hạn đối tượng được nêu. Tất cả các tài liệu, hoặc các phần của tài liệu, được trích dẫn trong bản mô tả này, bao gồm, nhưng không giới hạn ở, patent, đơn yêu cầu cấp patent, bài báo, sách và luận án, được đưa vào bản mô tả này một cách rõ ràng bằng cách viện dẫn toàn bộ nội dung của nó cho

mục đích bất kỳ. Trong bản mô tả này, các thuật ngữ nêu dưới đây, trừ khi có quy định khác, sẽ được hiểu là có các nghĩa như sau:

Thuật ngữ "proprotein convertaza subtilisin kexin typ 9" hoặc "PCSK9" dùng để chỉ polypeptit được thể hiện trong SEQ ID NO: 1 và/hoặc 3 hoặc mảnh của chúng, cũng như các polypeptit liên quan, bao gồm, nhưng không giới hạn ở, biến thể alen, biến thể ghép, biến thể dẫn xuất, biến thể thế, biến thể khuyết và/hoặc biến thể cài xen bao gồm việc thêm methionin đầu tận N, polypeptit dung hợp và thể tương đồng khác loài. Theo một số phương án, polypeptit PCSK9 bao gồm các gốc đầu tận, như, nhưng không giới hạn ở, gốc trình tự dẫn đầu, gốc nhắm đích, gốc methionin đầu tận amino, gốc lysin, gốc thẻ gắn và/hoặc gốc protein dung hợp. "PCSK9" còn được gọi là FH3, NARC1, HCHOLA3, proprotein convertaza subtilisin/kexin typ 9 và convertaza được điều tiết bởi sự chết theo chương trình của tế bào thần kinh 1. Gen PCSK9 mã hóa proprotein convertaza protein thuộc phân họ proteinaza K thuộc họ subtilaza có tính tiết. Thuật ngữ "PCSK9" dung để chỉ cả proprotein và sản phẩm được tạo ra sau quá trình tự xúc tác của proprotein. Khi chỉ đề cập đến sản phẩm đã được tự xúc tác (như đối với protein liên kết kháng nguyên mà liên kết chọn lọc với PCSK9 đã được phân cắt), protein có thể được gọi là PCSK9 "trưởng thành", "đã được phân cắt", "đã được xử lý" hoặc "hoạt tính". Khi chỉ đề cập đến dạng bất hoạt, protein có thể được gọi là dạng "không có hoạt tính", "tiền chất" hoặc "chưa được xử lý" của PCSK9. Thuật ngữ PCSK9 trong bản mô tả này còn bao gồm các alen có trong tự nhiên, như các đột biến D374Y, S127R và F216L. Thuật ngữ PCSK9 cũng bao gồm các phân tử PCSK9 kết hợp các dạng cải biến sau dịch mã của trình tự axit amin PCSK9, như các trình tự PCSK9 đã được glycosyl hóa, PEGyl hóa, các trình tự PCSK9 mà trình tự tín hiệu của nó được phân cắt ra khỏi đó, các trình tự PCSK9 mà tiền miền của nó được phân cắt ra khỏi miền xúc tác nhưng không bị tách ra khỏi miền xúc tác (ví dụ, Fig.1A và Fig.1B).

Thuật ngữ "hoạt tính PCSK9" bao gồm tác dụng sinh học bất kỳ của PCSK9. Theo một số phương án, hoạt tính PCSK9 bao gồm khả năng tương tác hoặc liên kết của PCSK9 với cơ chất hoặc thụ thể. Theo một số phương án, hoạt tính PCSK9 được thể hiện bằng khả năng liên kết của PCSK9 với thụ thể LDL (LDLR). Theo một số phương án,

PCSK9 liên kết với và xúc tác cho phản ứng liên quan đến LDLR. Theo một số phương án, hoạt tính PCSK9 bao gồm khả năng của PCSK9 trong việc làm thay đổi (ví dụ, làm giảm) tính khả dụng của LDLR. Theo một số phương án, hoạt tính PCSK9 bao gồm khả năng của PCSK9 trong việc làm tăng lượng LDL ở đối tượng. Theo một số phương án, hoạt tính PCSK9 bao gồm khả năng của PCSK9 trong việc làm giảm lượng LDLR mà sẵn sàng để liên kết với LDL. Theo một số phương án, "hoạt tính PCSK9" bao gồm hoạt tính sinh học bất kỳ bắt nguồn từ việc truyền tín hiệu PCSK9. Các hoạt tính tiêu biểu bao gồm, nhưng không giới hạn ở, PCSK9 liên kết với LDLR, hoạt tính enzym PCSK9 phân cắt LDLR hoặc các protein khác, PCSK9 liên kết với protein không phải là LDLR mà tạo điều kiện thuận lợi cho hoạt động của PCSK9, PCSK9 làm thay đổi sự tiết APOB (Sun X-M et al, "Evidence for effect of mutant PCSK9 on apoliprotein B quá trình tiết as the cause of unusually severe dominant hypercholesterolmia, Human Molecular Genetics 14: 1161-1169, 2005 và Ouguerram K et al, "Apolipoprotein B100 metabolism in autosomal-dominant hypercholesterolmia related to mutations in PCSK9, Arterioscler thromb Vasc Biol. 24: 1448-1453, 2004), vai trò của PCSK9 trong quá trình tái tạo gan và biệt hóa tế bào thần kinh (Seidah NG et al, "The secretory proprotein convertase neural apoptosis-regulated convertase 1 (NARC-1): Liver regeneration and neuronal differentiation" PNAS 100: 928-933, 2003), và vai trò của PCSK9 trong quá trình chuyển hóa glucoza ở gan (Costet et al., "Hepatic PCSK9 expression is regulated by nutritional status via insulin and sterol regulatory element-binding protein 1c" J. Biol. Chem. 281(10):6211-18, 2006).

Thuật ngữ "chứng tăng cholesterol-huyết" trong bản mô tả này dùng để chỉ tình trạng bệnh lý trong đó lượng cholesterol tăng cao hơn lượng mong muốn. Theo một số phương án, thuật ngữ này thể hiện rằng lượng cholesterol trong huyết thanh tăng cao. Theo một số phương án, lượng mong muốn có tính đến "các yếu tố nguy cơ" khác nhau mà là đã biết đối với người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực (và được mô tả hoặc được viện dẫn trong bản mô tả này).

Thuật ngữ "polynucleotit" hoặc "axit nucleic" bao gồm cả polyme nucleotit sợi đơn và polyme nucleotit sợi kép. Các nucleotit chứa polynucleotit có thể là ribonucleotit hoặc deoxyribonucleotit hoặc dạng cải biến của một trong hai loại nucleotit này. Các dạng

cải biến này bao gồm dạng cải biến bazơ như dẫn xuất bromouridin và inosin, dạng cải biến riboza như 2',3'-dideoxyriboza, và dạng cải biến liên kết giữa các nucleotit như phosphorothioat, phosphorodithioat, phosphoroselenoat, phosphorodiselenoat, phosphoroanilothioat, phoshoraniladat và phosphoroamidat.

Thuật ngữ "oligonucleotit" có nghĩa là polynucleotit chứa 200 nucleotit hoặc ít hơn. Theo một số phương án, oligonucleotit có độ dài nằm trong khoảng từ 10 đến 60 bazơ. Theo các phương án khác, oligonucleotit có độ dài nằm trong khoảng từ 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, hoặc 20 đến 40 nucleotit. Oligonucleotit có thể là dạng sợi đơn hoặc sợi kép, ví dụ, để sử dụng trong việc tạo cấu trúc gen đột biến. Oligonucleotit có thể là oligonucleotit có nghĩa hoặc oligonucleotit đối nghĩa. Oligonucleotit có thể chứa chất đánh dấu, bao gồm chất đánh dấu phóng xạ, chất đánh dấu huỳnh quang, hapten hoặc chất đánh dấu có tính kháng nguyên, để dùng trong các thử nghiệm phát hiện. Oligonucleotit có thể được sử dụng, ví dụ, làm đoạn mồi PCR, đoạn mồi tách dòng hoặc mẫu dò lai.

"Phân tử axit nucleic được phân lập" có nghĩa là ADN hoặc ARN có nguồn gốc thuộc hệ gen, mARN, cADN hoặc nguồn gốc tổng hợp hoặc tổ hợp nhất định của chúng mà không kết hợp với toàn bộ hoặc một phần của polynucleotit mà trong đó polynucleotit được phát hiện được tìm thấy trong tự nhiên, hoặc được liên kết với polynucleotit mà nó không kết nối với polynucleotit này trong tự nhiên. Trong bản mô tả này, cần phải hiểu rằng "phân tử axit nucleic chứa" trình tự nucleotit cụ thể không bao gồm các nhiễm sắc thể nguyên vẹn. Phân tử axit nucleic được phân lập "chứa" trình tự axit nucleic cụ thể có thể bao gồm, ngoài trình tự cụ thể này, trình tự ghi mã cho lên tới mười hoặc thậm chí là lên tới hai mươi protein khác hoặc các phần của chúng, hoặc có thể bao gồm các trình tự điều tiết được liên kết theo cách có điều khiển mà kiểm soát sự biểu hiện của vùng ghi mã của trình tự axit nucleic được nêu, và/hoặc có thể bao gồm các trình tự vectơ.

Trừ khi có quy định cụ thể khác, đầu bên phía tay trái của trình tự polynucleotit sợi đơn nêu trong bản mô tả này là đầu 5'; chiều bên phía tay trái của trình tự polynucleotit sợi kép được gọi là chiều 5'. Chiều bổ sung từ 5' đến 3' của sản phẩm phiên mã ARN mới sinh được gọi là chiều phiên mã; vùng trình tự trên sợi ADN mà có trình tự giống

như sản phẩm phiên mã ARN mà là 5’ đến đầu 5’ của sản phẩm phiên mã ARN được gọi là “trình tự ngược dòng”; vùng trình tự trên sợi ADN mà có trình tự giống như sản phẩm phiên mã ARN mà là 3’ đến đầu 3’ của sản phẩm phiên mã ARN được gọi là “trình tự xuôi dòng”.

Thuật ngữ “trình tự kiểm soát” dùng để chỉ trình tự polynucleotit mà có thể tác động đến sự biểu hiện và xử lý các trình tự ghi mã mà nó được nối vào đó. Bản chất của trình tự kiểm soát này có thể phụ thuộc vào sinh vật chủ. Theo các phương án cụ thể, trình tự kiểm soát đối với các sinh vật không có nhân điển hình có thể bao gồm vùng khởi đầu, vị trí liên kết ribosom và trình tự kết thúc phiên mã. Ví dụ, trình tự kiểm soát đối với sinh vật có nhân điển hình có thể bao gồm vùng khởi đầu chứa một hoặc nhiều vị trí nhận biết cho các yếu tố phiên mã, trình tự tăng cường phiên mã và trình tự kết thúc phiên mã. “Trình tự kiểm soát” có thể bao gồm trình tự dẫn đầu và/hoặc trình tự kết hợp dung hợp.

Thuật ngữ “vectơ” có nghĩa là phân tử hoặc thực thể bất kỳ (ví dụ, axit nucleic, plasmit, thể thực khuẩn hoặc virut) được sử dụng để truyền thông tin ghi mã protein vào tế bào chủ.

Thuật ngữ “vectơ biểu hiện” hoặc “cấu trúc biểu hiện” dùng để chỉ vectơ thích hợp cho việc biến nạp tế bào chủ và chứa trình tự axit nucleic điều khiển và/hoặc kiểm soát (kết hợp với tế bào chủ) sự biểu hiện của một hoặc nhiều vùng ghi mã khác loại được liên kết theo cách có điều khiển với nó. Cấu trúc biểu hiện có thể bao gồm, nhưng không giới hạn ở, trình tự tác động đến hoặc kiểm soát sự phiên mã, sự dịch mã, và, nếu các intron có mặt, tác động đến việc tách intron ra khỏi ARN của vùng ghi mã được liên kết theo cách có điều khiển với nó.

Trong bản mô tả này, “được liên kết theo cách có điều khiển” có nghĩa là các thành phần mà thuật ngữ này được sử dụng cho chúng ở trong mối quan hệ cho phép chúng thực hiện các chức năng cố hữu của chúng trong các điều kiện thích hợp. Ví dụ, trình tự kiểm soát trong vectơ mà “được liên kết theo cách có điều khiển” với trình tự ghi mã protein được nối với nó sao cho thu được sự biểu hiện của trình tự ghi mã protein này trong điều kiện tương thích với hoạt tính phiên mã của trình tự kiểm soát.

Thuật ngữ "tế bào chủ" có nghĩa là tế bào đã được biến nạp, hoặc có khả năng biến nạp được, với trình tự axit nucleic và bằng cách đó biểu hiện gen đang quan tâm. Thuật ngữ này bao gồm thế hệ sau của tế bào gốc, bất kể việc thế hệ sau này có giống về hình thái hoặc về cấu trúc di truyền với tế bào gốc ban đầu hay không, miễn là có mặt gen đang quan tâm.

Thuật ngữ "chuyển nhiễm" có nghĩa là sự hấp thu ADN ngoại lai hoặc ngoại sinh bởi tế bào, và tế bào đã "được chuyển nhiễm" khi ADN ngoại sinh được đưa vào bên trong màng tế bào. Nhiều kỹ thuật chuyển nhiễm là đã biết rõ trong lĩnh vực và được nêu trong bản mô tả này. Ví dụ, xem tài liệu Graham et al., 1973, Virology 52:456; Sambrook et al., 2001, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, nêu trên; Davis et al., 1986, Basic Methods in Molecular Biology, Elsevier; Chu et al., 1981, Gene 13:197. Các kỹ thuật này có thể được sử dụng để đưa một hoặc nhiều gốc ADN ngoại sinh vào tế bào chủ thích hợp.

Thuật ngữ "biến nạp" dùng để chỉ sự thay đổi về các đặc tính di truyền của tế bào, và tế bào đã được biến nạp khi nó được cải biến để chứa ADN hoặc ARN mới. Ví dụ, tế bào được biến nạp khi nó được cải biến về mặt di truyền so với trạng thái nguyên gốc của nó bằng cách đưa vật liệu di truyền mới vào thông qua chuyển nhiễm, tải nạp hoặc các kỹ thuật khác. Sau khi chuyển nhiễm hoặc tải nạp, ADN biến nạp có thể tái tổ hợp với ADN của tế bào bằng cách kết hợp vật lý vào nhiễm sắc thể của tế bào, hoặc có thể được duy trì tạm thời ở dạng phần tử episom không được sao chép, hoặc có thể sao chép độc lập ở dạng plasmit. Tế bào được xem là "được biến nạp ổn định" khi ADN biến nạp được sao chép cùng với sự phân chia của tế bào.

Các thuật ngữ "polypeptit" hoặc "protein" có nghĩa là đại phân tử có trình tự axit amin của protein nguyên gốc, tức là, protein được sản xuất bởi tế bào có trong tự nhiên và không tái tổ hợp; hoặc nó được sản xuất bởi tế bào được thiết kế về mặt di truyền hoặc tái tổ hợp, và chứa các phân tử có trình tự axit amin của protein nguyên gốc, hoặc các phân tử có các đột biến khuyết, đột biến bổ sung và/hoặc đột biến thế của một hoặc nhiều axit amin của trình tự nguyên gốc. Thuật ngữ này còn bao gồm polyme axit amin trong đó một

hoặc nhiều axit amin là chất tương tự hóa học của axit amin có trong tự nhiên tương ứng và polyme. Các thuật ngữ "polypeptit" và "protein" cụ thể bao gồm protein liên kết kháng nguyên PCSK9, kháng thể hoặc trình tự mà có các đột biến khuyết, đột biến bổ sung và/hoặc đột biến thế của một hoặc nhiều axit amin của protein liên kết kháng nguyên. Thuật ngữ "mảnh polypeptit" dùng để chỉ polypeptit có đột biến khuyết đầu tận amino, đột biến khuyết đầu tận carboxyl và/hoặc đột biến khuyết bên trong so với protein nguyên gốc nguyên chiều dài. Mảnh này cũng có thể chứa các axit amin cải biến so với protein nguyên gốc. Theo một số phương án, mảnh có độ dài nằm trong khoảng từ khoảng 5 đến 500 axit amin. Ví dụ, mảnh có thể có độ dài là ít nhất 5, 6, 8, 10, 14, 20, 50, 70, 100, 110, 150, 200, 250, 300, 350, 400 hoặc 450 axit amin. Mảnh polypeptit hữu dụng bao gồm mảnh có chức năng miễn dịch của kháng thể, bao gồm miền liên kết. Đối với kháng thể liên kết PCSK9, mảnh hữu dụng bao gồm, nhưng không giới hạn ở, vùng CDR, miền biến đổi của chuỗi nặng và/hoặc chuỗi nhẹ, phần của chuỗi kháng thể hoặc chỉ là vùng biến đổi bao gồm hai CDR của nó, và dạng tương tự.

Thuật ngữ "protein được phân lập" có nghĩa là protein được nêu (1) không chứa ít nhất là các protein nhất định khác mà thường được phát hiện thấy cùng với protein được nêu, (2) về cơ bản không chứa các protein khác từ cùng một nguồn, ví dụ, từ cùng một loài, (3) được biểu hiện bởi tế bào từ loài khác, (4) đã được tách ra khỏi ít nhất khoảng 50 phần trăm các polynucleotit, lipit, hydrat cacbon hoặc các vật liệu khác mà thường kết hợp với protein được nêu trong tự nhiên, (5) được kết hợp theo cách có điều khiển (bằng tương tác cộng hóa trị hoặc không cộng hóa trị) với polypeptit mà thường không kết hợp với protein được nêu trong tự nhiên, hoặc (6) không xuất hiện trong tự nhiên. Thông thường, "protein được phân lập" chiếm ít nhất khoảng 5%, ít nhất khoảng 10%, ít nhất khoảng 25% hoặc ít nhất khoảng 50% của mẫu đã nêu. ADN hệ gen, cADN, mARN hoặc ARN khác, có nguồn gốc tổng hợp, hoặc tổ hợp bất kỳ của chúng có thể mã hóa protein được phân lập này. Tốt hơn là, protein được phân lập này về cơ bản không chứa protein hoặc polypeptit hoặc các tạp chất khác được phát hiện thấy trong môi trường tự nhiên của nó mà sẽ cản trở việc ứng dụng trị liệu, chẩn đoán, phòng bệnh, nghiên cứu hoặc ứng dụng khác.

Thuật ngữ "axit amin" bao gồm ý nghĩa bình thường của nó trong lĩnh vực.

"Biến thể" của polypeptit (ví dụ, protein liên kết kháng nguyên hoặc kháng thể) bao gồm trình tự axit amin trong đó một hoặc nhiều gốc axit amin được cài xen vào, được làm khuyết ra khỏi và/hoặc được thế vào trình tự axit amin so với trình tự polypeptit khác. Biến thể bao gồm protein dung hợp.

Thuật ngữ "độ đồng nhất" dùng để chỉ mối quan hệ giữa các trình tự của hai hoặc nhiều phân tử polypeptit hoặc hai hoặc nhiều phân tử axit nucleic, được xác định bằng cách sắp hàng và so sánh các trình tự này. "Phần trăm độ đồng nhất" có nghĩa là phần trăm của các gốc giống nhau giữa các axit amin hoặc các nucleotit trong các phân tử được so sánh và được tính toán dựa vào kích thước của phân tử nhỏ nhất trong số các phân tử được so sánh. Đối với các tính toán này, khoảng trống trong đoạn sắp hàng (nếu có) tốt hơn là được giải quyết bằng mô hình toán học hoặc chương trình máy tính cụ thể (tức là, "thuật toán"). Các phương pháp có thể được sử dụng để tính toán độ đồng nhất của các axit nucleic hoặc các polypeptit được sắp hàng bao gồm các phương pháp được mô tả trong tài liệu Computational Molecular Biology, (Lesk, A. M., ed.), 1988, New York: Oxford University Press; Biocomputing Informatics và Genome Projects, (Smith, D. W., ed.), 1993, New York: Academic Press; Computer Analysis of Sequence Data, Part I, (Griffin, A. M., and Griffin, H. G., eds.), 1994, New Jersey: Humana Press; von Heinje, G., 1987, Sequence Analysis in Molecular Biology, New York: Academic Press; Sequence Analysis Primer, (Gribskov, M. and Devereux, J., eds.), 1991, New York: M. Stockton Press; và Carillo et al., 1988, SIAM J. Applied Math. 48:1073.

Để tính toán phần trăm độ đồng nhất, các trình tự cần so sánh thường được sắp hàng theo cách tạo ra sự ghép cặp lớn nhất giữa các trình tự này. Một ví dụ về chương trình máy tính có thể được sử dụng để xác định phần trăm độ đồng nhất là gói chương trình GCG, bao gồm GAP (Devereux et al., 1984, Nucl. Acid Res. 12:387; Genetics Computer Group, University of Wisconsin, Madison, WI). Thuật toán máy tính GAP được sử dụng để sắp hàng hai polypeptit hoặc polynucleotit mà cần phải xác định phần trăm độ đồng nhất trình tự cho chúng. Các trình tự này được sắp hàng để có sự ghép cặp

tối ưu của axit amin hoặc nucleotit tương ứng của chúng ("khoảng ghép cặp", được xác định bằng thuật toán). Điểm phạt mở khoảng trống (được tính bằng 3 lần đường chéo trung bình, trong đó "đường chéo trung bình" là giá trị trung bình của đường chéo của ma trận so sánh được sử dụng; "đường chéo" là điểm số hoặc con số được gán cho mỗi ghép cặp axit amin hoàn hảo bằng ma trận so sánh cụ thể) và điểm phạt mở rộng khoảng trống (thường bằng 1/10 lần điểm phạt mở khoảng trống), cũng như ma trận so sánh như PAM 250 hoặc BLOSUM 62 được sử dụng cùng với thuật toán. Theo một số phương án, ma trận so sánh tiêu chuẩn (xem tài liệu Dayhoff et al., 1978, Atlas of Protein Sequence and Structure 5:345-352 để biết về ma trận so sánh PAM 250; Henikoff et al., 1992, Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 89:10915-10919 để biết về ma trận so sánh BLOSUM 62) cũng được sử dụng bởi thuật toán.

Ví dụ về các thông số có thể được sử dụng để xác định phần trăm độ đồng nhất cho các polypeptit hoặc các trình tự nucleotit bằng cách sử dụng chương trình GAP là như sau:

- Thuật toán: Needleman et al., 1970, J. Mol. Biol. 48:443-453
- Ma trận so sánh: BLOSUM 62 từ tài liệu Henikoff et al., 1992, nêu trên
- Điểm phạt khoảng trống: 12 (nhưng không có điểm phạt cho các khoảng trống cuối)
- Điểm phạt độ dài khoảng trống: 4
- Giá trị ngưỡng của độ tương tự: 0

Các sơ đồ sắp hàng nhất định để sắp hàng hai trình tự axit amin có thể chỉ tạo ra sự ghép cặp của một vùng ngắn của hai trình tự này, và vùng được sắp hàng nhỏ này có thể có độ đồng nhất trình tự rất cao mặc dù không có mối quan hệ đáng kể giữa hai trình tự nguyên chiều dài. Vì vậy, phương pháp sắp hàng được lựa chọn (chương trình GAP) có thể được điều chỉnh nếu cần để tạo ra sự sắp hàng mà trải dài qua ít nhất 50 hoặc nhiều axit amin liền kề khác của polypeptit đích.

Trong bản mô tả này, hai mươi axit amin thông thường (ví dụ, có trong tự nhiên) và các ký hiệu viết tắt của chúng tuân theo cách sử dụng thông thường. Xem tài liệu Immunology--A Synthesis (2nd Edition, E. S. Golub and D. R. Gren, Eds., Sinauer Associates, Sunderland, Mass. (1991)), tài liệu này được đưa vào bản mô tả này bằng cách viện dẫn cho mục đích bất kỳ. Các dạng đồng phân lập thể (ví dụ, D-axit amin) của hai mươi axit amin thông thường, các axit amin không có trong tự nhiên như α-axit amin, α-axit amin được thế hai lần, axit N-alkyl amin, axit lactic và các axit amin không thông thường khác cũng có thể là thành phần thích hợp cho polypeptit theo sáng chế. Các ví dụ về axit amin không thông thường bao gồm: 4-hydroxyprolin, γ-carboxyglutamat, ε-N,N,N-trimetyllysin, ε-N-axetyllysin, O-phosphoserin, N-axetylserin, N-formylmethionin, 3-metylhistidin, 5-hydroxylysin, σ-N-metylarginin và các axit amin tương tự khác và các axit imin (ví dụ, 4-hydroxyprolin). Trong khái niệm polypeptit được sử dụng trong bản mô tả này, chiều bên phía tay trái là chiều đầu tận amino và chiều bên phía tay phải là chiều đầu tận carboxy, theo quy ước và cách sử dụng tiêu chuẩn.

Tương tự, trừ khi có quy định cụ thể khác, đầu bên phía tay trái của trình tự polynucleotit sợi đơn là đầu 5'; chiều bên phía tay trái của trình tự polynucleotit sợi kép được gọi là chiều 5'. Chiều bổ sung từ 5' đến 3' của sản phẩm phiên mã ARN mới sinh được gọi là chiều phiên mã; vùng trình tự trên sợi ADN mà có trình tự giống như ARN và là 5' đến đầu 5' của sản phẩm phiên mã ARN được gọi là "trình tự ngược dòng"; vùng trình tự trên sợi ADN mà có trình tự giống như ARN và là 3' đến đầu 3' của sản phẩm phiên mã ARN được gọi là "trình tự xuôi dòng".

Đột biến thế axit amin bảo toàn có thể bao gồm gốc axit amin không có trong tự nhiên, mà thường được kết hợp vào bằng cách tổng hợp peptit hóa học thay vì bằng cách tổng hợp trong các hệ sinh học. Đột biến này bao gồm chất bắt chước peptit và các dạng nghịch đảo hoặc đảo ngược khác của các gốc axit amin.

Các gốc có trong tự nhiên có thể được phân chia thành các lớp dựa vào các tính chất mạch bên phổ biến chung:

1) kỵ nước: norleuxin, Met, Ala, Val, Leu, Ile;

2) ưa nước trung tính: Cys, Ser, Thr, Asn, Gln;

3) có tính axit: Asp, Glu;

4) có tính bazơ: His, Lys, Arg;

5) các gốc ảnh hưởng đến hướng của mạch: Gly, Pro; và

6) thơm: Trp, Tyr, Phe.

Ví dụ, các đột biến thế không bảo toàn có thể tham gia vào việc trao đổi thành phần của một trong số các lớp này cho thành phần từ lớp khác. Các gốc được thế này có thể được đưa, ví dụ, vào các vùng của kháng thể của người mà tương đồng với kháng thể không phải của người, hoặc vào các vùng không tương đồng của phân tử.

Để tạo ra các thay đổi đối với protein liên kết kháng nguyên hoặc protein PCSK9, theo một số phương án, chỉ số ưa/kỵ nước (hydorpathic index) của axit amin có thể được xem xét. Mỗi axit amin được chỉ định một chỉ số ưa/kỵ nước dựa trên độ kỵ nước và đặc tính điện tích của nó. Đó là: isoleuxin (+4,5); valin (+4,2); leuxin (+3,8); phenylalanin (+2,8); xystein/xystin (+2,5); methionin (+1,9); alanin (+1,8); glyxin (-0,4); threonin (-0,7); serin (-0,8); tryptophan (-0,9); tyrosin (-1,3); prolin (-1,6); histidin (-3,2); glutamat (-3,5); glutamin (-3,5); aspartat (-3,5); asparagin (-3,5); lysin (-3,9); và arginin (-4,5).

Tầm quan trọng của chỉ số ưa/kỵ nước của axit amin trong việc tạo ra chức năng sinh học tương tác cho protein đã được biết trong lĩnh vực. Kyte et al., J. Mol. Biol., 157:105-131 (1982). Đã biết rằng một số axit amin nhất định có thể được thế cho các axit amin khác có điểm số hoặc chỉ số ưa/kỵ nước tương tự và vẫn giữ được hoạt tính sinh học tương tự. Để tạo ra các thay đổi dựa vào chỉ số ưa/kỵ nước, theo một số phương án, có thể bao gồm đột biến thế axit amin có chỉ số ưa/kỵ nước trong phạm vi ±2. Theo một số phương án, có thể bao gồm đột biến thế axit amin có chỉ số ưa/kỵ nước trong phạm vi ±1,

và theo một số phương án, có thể bao gồm đột biến thế axit amin có chỉ số ưa/kỵ nước trong phạm vi ±0,5.

Trong lĩnh vực này, cần phải hiểu rằng việc thế các axit amin tương tự có thể được thực hiện một cách hiệu quả dựa vào độ ưa nước, đặc biệt là khi protein hoặc peptit có chức năng sinh học được tạo ra bằng cách đó được dự định để sử dụng trong các phương án miễn dịch, như trong trường hợp này. Theo một số phương án, độ ưa nước trung bình tại chỗ lớn nhất của protein, được chi phối bởi độ ưa nước của các axit main gần kề nó, tương quan với tính sinh miễn dịch và tính sinh kháng nguyên của nó, tức là, tương quan với tính chất sinh học của protein.

Các giá trị độ ưa nước sau đây được chỉ định cho các gốc axit amin này: arginin (+3,0); lysin (+3,0); aspartat (+3,0 ± 1); glutamat (+3,0 ± 1); serin (+0,3); asparagin (+0,2); glutamin (+0,2); glyxin (0); threonin (-0,4); prolin (-0,5 ± 1); alanin (-0,5); histidin (-0,5); xystein (-1,0); methionin (-1,3); valin (-1,5); leuxin (-1,8); isoleuxin (-1,8); tyrosin (-2,3); phenylalanin (-2,5) và tryptophan (-3,4). Để tạo ra các thay đổi dựa vào các giá trị độ ưa nước tương tự, theo một số phương án, có thể bao gồm đột biến thế axit amin có giá trị độ ưa nước trong phạm vi ±2, theo một số phương án, có thể bao gồm đột biến thế axit amin có chỉ số ưa/kỵ nước trong phạm vi ±1, và theo một số phương án, có thể bao gồm đột biến thế axit amin có chỉ số ưa/kỵ nước trong phạm vi ±0,5. Cũng có thể nhận diện các epitop từ trình tự axit amin bậc một dựa vào độ ưa nước. Các vùng này còn được gọi là "vùng lõi epitop".

Các đột biến thế axit amin tiêu biểu được nêu trong bảng 1.

Bảng 1

Các đột biến thế axit amin

Gốc ban đầu	Đột biến thế tiêu biểu	Đột biến thế được ưu tiên
Ala	Val, Leu, Ile	Val
Arg	Lys, Gln, Asn	Lys
Asn	Gln	Gln
Asp	Glu	Glu

Gốc ban đầu	Đột biến thế tiêu biểu	Đột biến thế được ưu tiên
Cys	Ser, Ala	Ser
Gln	Asn	Asn
Glu	Asp	Asp
Gly	Pro, Ala	Ala
His	Asn, Gln, Lys, Arg	Arg
Ile	Leu, Val, Met, Ala, Phe, Norleuxin	Leu
Leu	Norleuxin, Ile, Val, Met, Ala, Phe	Ile
Lys	Arg, axit 1,4 diamino-butyric, Gln, Asn	Arg
Met	Leu, Phe, Ile	Leu
Phe	Leu, Val, Ile, Ala, Tyr	Leu
Pro	Ala	Gly
Ser	Thr, Ala, Cys	Thr
Thr	Ser	Ser
Trp	Tyr, Phe	Tyr
Tyr	Trp, Phe, Thr, Ser	Phe
Val	Ile, Met, Leu, Phe, Ala, Norleuxin	Leu

Thuật ngữ "dẫn xuất" dùng để chỉ phân tử bao gồm biến đổi hóa học không phải là đột biến cài xen, đột biến khuyết hoặc đột biến thế axit amin (hoặc axit nucleic). Theo một số phương án, dẫn xuất chứa biến đổi cộng hóa trị, bao gồm, nhưng không giới hạn ở, liên kết hóa học với polyme, lipit hoặc các gốc hữu cơ hoặc vô cơ khác. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên được biến đổi hóa học có thể có thời gian bán huỷ tuần hoàn lớn hơn so với protein liên kết kháng nguyên không được biến đổi hóa học. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên được biến đổi hóa học có thể có khả năng nhắm đích được cải thiện đối với tế bào, mô và/hoặc cơ quan mong muốn. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên dẫn xuất được biến đổi cộng hóa trị để bao gồm một hoặc nhiều phần gắn polyme tan được trong nước, bao gồm, nhưng không giới hạn ở, polyetylen glycol, polyoxyetylen glycol hoặc polypropylen glycol. Ví dụ, xem các patent Mỹ số 4,640,835, 4,496,689, 4,301,144, 4,670,417, 4,791,192 và 4,179,337. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên dẫn xuất chứa một hoặc nhiều polyme, bao gồm, nhưng không giới hạn ở, monometoxy-polyetylen glycol, dextran,

xenluloza hoặc các polyme gốc hydrat cacbon khác, poly-(N-vinyl pyrolidon)-polyetylen glycol, propylen glycol homopolyme, polypropylen oxit/etylen oxit co-polyme, polyol đã được polyoxyetyl hóa (ví dụ, glyxerol) và rượu polyvinyl, cũng như hỗn hợp của các polyme này.

Theo một số phương án, dẫn xuất được biến đổi cộng hóa trị với cấu trúc siêu phân tử polyetylen glycol (PEG). Theo một số phương án, một hoặc nhiều polyme tan được trong nước được liên kết tại một hoặc nhiều vị trí cụ thể, ví dụ tại đầu tận amino, của dẫn xuất. Theo một số phương án, một hoặc nhiều polyme tan được trong nước được gắn theo cách ngẫu nhiên vào một hoặc nhiều mạch bên của dẫn xuất. Theo một số phương án, PEG được sử dụng để cải thiện khả năng trị liệu cho protein liên kết kháng nguyên. Theo một số phương án, PEG được sử dụng để cải thiện khả năng trị liệu cho kháng thể được làm giống như của người. Một số phương pháp như vậy được mô tả, ví dụ, trong patent Mỹ số 6,133,426, tài liệu này được đưa vào bản mô tả này bằng cách viện dẫn cho mục đích bất kỳ.

Chất tương tự peptit thường được sử dụng trong ngành công nghiệp dược phẩm làm thuốc không peptit có các tính chất tương tự với các tính chất của peptit khuôn mẫu. Các dạng hợp chất không peptit này được gọi là "chất giả peptit" hoặc "chất bắt chước peptit". Fauchere, J., Adv. Drug Res., 15:29 (1986); Veber & Freidinger, TINS, p,392 (1985); và Evans et al., J. Med. Chem., 30:1229 (1987), tài liệu này được đưa vào bản mô tả này bằng cách viện dẫn cho mục đích bất kỳ. Các hợp chất này thường được phát triển với sự trợ giúp của việc lập mô hình phân tử được thực hiện trên máy tính. Chất giả peptit mà tương tự về mặt cấu trúc với peptit hữu dụng để trị liệu có thể được sử dụng để tạo ra tác dụng trị liệu hoặc tác dụng phòng bệnh tương tự. Thông thường, chất bắt chước peptit tương tự về mặt cấu trúc với polypeptit mẫu (tức là, polypeptit có tính chất sinh hóa hoặc hoạt tính dược lý), như kháng thể của người, nhưng có một hoặc nhiều liên kết peptit được thay thế tùy ý bằng liên kết được chọn từ: --CH_2 NH--, --CH_2 S--, --CH_2 -CH_2 --, --CH=CH-(cis và trans), --$COCH_2$ --, --$CH(OH)CH_2$ -- và --CH_2 SO--, bằng các phương pháp đã biết rõ trong lĩnh vực. Việc thế một cách hệ thống một hoặc nhiều axit amin của trình tự liên ứng bằng D-axit amin cùng loại (ví dụ, D-lysin thay thế cho L-lysin) có thể

được sử dụng theo một số phương án để tạo ra peptit ổn định hơn. Ngoài ra, peptit bị giới hạn chứa trình tự liên ứng hoặc biến thể trình tự liên ứng giống về cơ bản có thể được tạo ra bằng các phương pháp đã biết trong lĩnh vực (Rizo and Gierasch, Ann. Rev. Biochem., 61:387 (1992), tài liệu này được đưa vào bản mô tả này bằng cách viện dẫn cho mục đích bất kỳ); ví dụ, bằng cách bổ sung các gốc xystein bên trong có khả năng tạo ra các cầu nối disulfua nội phân tử mà đóng vòng peptit.

Thuật ngữ "có trong tự nhiên" được sử dụng trong bản mô tả này cùng với các vật liệu sinh học như polypeptit, axit nucleic, tế bào chủ và dạng tương tự, dùng để chỉ vật liệu được tìm thấy trong tự nhiên hoặc dạng vật liệu được tìm thấy trong tự nhiên.

"Protein liên kết kháng nguyên" ("ABP: Antigen Binding Protein") trong bản mô tả này có nghĩa là protein bất kỳ mà liên kết với kháng nguyên đích cụ thể. Trong bản mô tả này, kháng nguyên đích cụ thể là protein PCSK9 hoặc mảnh của chúng. "Protein liên kết kháng nguyên" bao gồm, nhưng không giới hạn ở, kháng thể và phần liên kết của chúng, như mảnh có chức năng miễn dịch. Kháng thể peptit là ví dụ khác về protein liên kết kháng nguyên. Thuật ngữ "mảnh có chức năng miễn dịch" (hoặc đơn giản là "mảnh") của kháng thể hoặc protein liên kết kháng nguyên có chuỗi globulin miễn dịch (chuỗi nặng hoặc chuỗi nhẹ) trong bản mô tả này là một dạng protein liên kết kháng nguyên chứa phần (bất kể phần này được thu nhận hoặc được tổng hợp như thế nào) của kháng thể mà thiếu ít nhất là một số axit amin trong số các axit amin có mặt trong chuỗi nguyên chiều dài nhưng vẫn có khả năng liên kết đặc hiệu với kháng nguyên. Mảnh này có hoạt tính sinh học ở chỗ nó liên kết với kháng nguyên đích và có thể cạnh tranh với các protein liên kết kháng nguyên khác, bao gồm kháng thể nguyên vẹn, để liên kết với epitop đã nêu. Theo một số phương án, mảnh này là mảnh trung hòa. Theo một số phương án, mảnh này có thể phong bế hoặc làm giảm khả năng tương tác giữa LDLR và PCSK9. Theo một khía cạnh, mảnh này sẽ giữ được ít nhất một CDR có mặt trong chuỗi nhẹ hoặc chuỗi nặng nguyên chiều dài, và theo một số phương án, mảnh này sẽ chứa chuỗi nặng và/hoặc chuỗi nhẹ đơn lẻ hoặc phần của chúng. Mảnh có hoạt tính sinh học có thể được tạo ra bằng các kỹ thuật ADN tái tổ hợp, hoặc có thể được tạo ra bằng cách phân cắt bằng enzym hoặc phân cắt hóa học đối với protein liên kết kháng nguyên, bao gồm kháng thể nguyên vẹn.

Mảnh globulin miễn dịch có chức năng miễn dịch bao gồm, nhưng không giới hạn ở, Fab, kháng thể dạng dime (diabody) (miền biến đổi chuỗi nặng trên cùng một polypeptit như miền biến đổi chuỗi nhẹ, được kết nối thông qua nhóm liên kết peptit ngắn nhưng quá ngắn để có thể tạo ra sự bắt cặp giữa hai miền này trên cùng một chuỗi), Fab', $F(ab')_2$, Fv, kháng thể miền và kháng thể chuỗi đơn, và có thể thu được từ nguồn động vật có vú bất kỳ, bao gồm, nhưng không giới hạn ở, người, chuột nhắt, chuột Rattus, động vật họ lạc đà hoặc thỏ. Sáng chế cũng đề cập rằng phần chức năng của protein liên kết kháng nguyên nêu trong bản mô tả này, ví dụ, một hoặc nhiều CDR, có thể liên kết cộng hóa trị với protein thứ hai hoặc với phân tử nhỏ để tạo ra chất trị liệu nhắm tới đích cụ thể trong cơ thể, có các tính chất trị liệu chức năng kép, hoặc có thời gian bán hủy trong huyết thanh kéo dài. Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng protein liên kết kháng nguyên có thể bao gồm các thành phần không protein. Trong một số phần trong bản mô tả này, các ví dụ về ABP được đề xuất trong bản mô tả này dưới dạng "chữ số/chữ cái/chữ số" (ví dụ, 25A7). Trong các trường hợp này, tên chính xác thể hiện kháng thể cụ thể. Tức là, ABP có tên gọi là 25A7 không nhất thiết phải giống như kháng thể có tên gọi là 25A7.1, (trừ khi chúng được thể hiện một cách rõ ràng là giống nhau trong bản mô tả này, ví dụ, 25A7 và 25A7.3). Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng theo một số phương án, LDLR không phải là protein liên kết kháng nguyên. Theo một số phương án, các tiểu phần liên kết của LDLR không phải là protein liên kết kháng nguyên, ví dụ, EGFa. Theo một số phương án, các phân tử khác mà PCSK9 truyền tín hiệu in vivo qua đó không phải là protein liên kết kháng nguyên. Các phương án này sẽ được xác định rõ ràng như vậy.

Các protein liên kết kháng nguyên nhất định nêu trong bản mô tả này là kháng thể hoặc có nguồn gốc từ kháng thể. Theo một số phương án, cấu trúc polypeptit của protein liên kết kháng nguyên là dựa trên kháng thể, bao gồm, nhưng không giới hạn ở, kháng thể đơn dòng, kháng thể đặc hiệu kép, kháng thể mini (minibody), kháng thể miền, kháng thể tổng hợp (trong bản mô tả này đôi khi được gọi là "chất giả kháng thể"), kháng thể khảm, kháng thể được làm giống như của người, kháng thể của người, thể dung hợp kháng thể (trong bản mô tả này đôi khi được gọi là "thể liên hợp kháng thể") và mảnh của chúng,

một cách tương ứng. Theo một số phương án, ABP chứa hoặc bao gồm avime (peptit liên kết chặt). Các protein liên kết kháng nguyên khác nhau này sẽ được mô tả tiếp trong bản mô tả này.

Vùng "Fc" chứa hai mảnh chuỗi nặng chứa miền C_H1 và miền C_H2 của kháng thể. Hai mảnh chuỗi nặng này được gắn với nhau bằng hai hoặc nhiều liên kết disulfua và bằng các tương tác kỵ nước của các miền C_H3.

"Mảnh Fab" chứa một chuỗi nhẹ và vùng C_H1 và vùng biến đổi của một chuỗi nặng. Chuỗi nặng của phân tử Fab không thể tạo thành liên kết disulfua với phân tử chuỗi nặng khác.

"Mảnh Fab'" chứa một chuỗi nhẹ và phần của một chuỗi nặng mà chứa miền V_H và miền C_H1 và cả vùng giữa miền C_H1 và miền C_H2, sao cho liên kết disulfua liên chuỗi có thể được tạo thành giữa hai chuỗi nặng của hai mảnh Fab' để tạo thành phân tử $F(ab')_2$.

"Mảnh $F(ab')_2$" chứa hai chuỗi nhẹ và hai chuỗi nặng chứa phần của vùng cố định giữa miền C_H1 và miền C_H2, sao cho liên kết disulfua liên chuỗi được tạo thành giữa hai chuỗi nặng. Theo đó, mảnh $F(ab')_2$ bao gồm hai mảnh Fab' mà được gắn với nhau bằng liên kết disulfua giữa hai chuỗi nặng.

"Vùng Fv" chứa các vùng biến đổi từ cả chuỗi nặng và chuỗi nhẹ, nhưng không có các vùng cố định.

"Kháng thể chuỗi đơn" là phân tử Fv trong đó các vùng biến đổi chuỗi nặng và chuỗi nhẹ được kết nối bằng nhóm liên kết linh động để tạo thành chuỗi polypeptit đơn lẻ, tạo thành vùng liên kết kháng nguyên. Các kháng thể chuỗi đơn được mô tả chi tiết trong công bố đơn sáng chế quốc tế số WO 88/01649 và các patent Mỹ số 4,946,778 và 5,260,203, nội dung của các tài liệu này được đưa vào bản mô tả này bằng cách viện dẫn.

"Kháng thể miền" là mảnh globulin miễn dịch có chức năng miễn dịch chỉ chứa vùng biến đổi của chuỗi nặng hoặc vùng biến đổi của chuỗi nhẹ. Trong một số trường hợp, hai hoặc nhiều vùng V_H được kết nối cộng hóa trị với nhóm liên kết peptit để tạo ra

kháng thể miền hóa trị hai. Hai vùng V_H của kháng thể miền hóa trị hai có thể đích cùng một kháng nguyên hoặc các kháng nguyên khác nhau.

"Protein liên kết kháng nguyên hóa trị hai" hoặc "kháng thể hóa trị hai" chứa hai vị trí liên kết kháng nguyên. Trong một số trường hợp, hai vị trí liên kết này có cùng các đặc tính kháng nguyên. Protein liên kết kháng nguyên hóa trị hai và kháng thể hóa trị hai có thể là dạng đặc hiệu kép, xem phần dưới đây. Kháng thể hóa trị hai mà không phải là kháng thể "đa đặc hiệu" hoặc "đa chức năng", theo một số phương án, thường được hiểu là có các vị trí liên kết giống nhau.

"Protein liên kết kháng nguyên đa đặc hiệu" hoặc "kháng thể đa đặc hiệu" là protein liên kết kháng nguyên hoặc kháng thể nhắm đích nhiều hơn một kháng nguyên hoặc epitop.

Protein liên kết kháng nguyên hoặc kháng thể "đặc hiệu kép", "đặc hiệu đôi" hoặc "chức năng kép" là protein liên kết kháng nguyên hoặc kháng thể lai, một cách tương ứng, có hai vị trí liên kết kháng nguyên khác nhau. Protein liên kết kháng nguyên và kháng thể đặc hiệu kép là dạng protein liên kết kháng nguyên hoặc kháng thể đa đặc hiệu và có thể được tạo ra bằng các phương pháp khác nhau bao gồm, nhưng không giới hạn ở, phương pháp dung hợp tế bào lai hoặc phương pháp liên kết mảnh Fab'. Ví dụ, xem tài liệu Songsivilai and Lachmann, 1990, Clin. Exp. Immunol. 79:315-321; Kostelny et al., 1992, J. Immunol. 148:1547-1553. Hai vị trí liên kết của protein liên kết kháng nguyên hoặc kháng thể đặc hiệu kép sẽ liên kết với hai epitop khác nhau, mà có thể nằm trên cùng một đích protein hoặc trên các đích protein khác nhau.

Protein liên kết kháng nguyên được gọi là "liên kết đặc hiệu" với kháng nguyên đích của nó khi hệ số phân ly (K_d) $\leq 10^{-7}$ M. ABP liên kết đặc hiệu với kháng nguyên với "ái lực cao" khi $K_d \leq 5 \times 10^{-9}$ M, và với "ái lực rất cao" khi $K_d \leq 5 \times 10^{-10}$ M. Theo một phương án, ABP có $K_d \leq 10^{-9}$ M. Theo một phương án, tốc độ tắt $< 1 \times 10^{-5}$. Theo các phương án khác, ABP sẽ liên kết với PCSK9 của người với K_d nằm trong khoảng từ khoảng 10^{-9} M đến 10^{-13} M, và theo phương án khác nữa, ABP sẽ liên kết với $K_d \leq 5 \times 10^{-10}$. Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng theo một số phương án, mảnh

liên kết kháng nguyên bất kỳ hoặc tất cả các mảnh liên kết kháng nguyên đều có thể liên kết đặc hiệu với PCSK9.

Protein liên kết kháng nguyên là "chọn lọc" khi nó liên kết với một đích chặt hơn so với khi nó liên kết với đích thứ hai.

"Vùng liên kết kháng nguyên" có nghĩa là protein, hoặc phần của protein, mà liên kết đặc hiệu với kháng nguyên cụ thể (ví dụ, paratop). Ví dụ, phần của protein liên kết kháng nguyên mà chứa các gốc axit amin tương tác với kháng nguyên và tạo ra cho protein liên kết kháng nguyên tính đặc hiệu và ái lực đối với kháng nguyên được gọi là "vùng liên kết kháng nguyên". Vùng liên kết kháng nguyên thường bao gồm một hoặc nhiều "vùng liên kết bổ thể" ("CDR: Complementary Binding Region"). Các vùng liên kết kháng nguyên nhất định còn bao gồm một hoặc nhiều vùng "khung". "CDR" là trình tự axit amin mà góp phần tạo thành ái lực và tính đặc hiệu liên kết kháng nguyên. Vùng "khung" có thể giúp duy trì cấu dạng thích hợp của CDR để thúc đẩy liên kết giữa vùng liên kết kháng nguyên và kháng nguyên. Về mặt cấu trúc, vùng khung có thể nằm ở các kháng thể giữa các CDR. Các ví dụ về vùng khung và vùng CDR được thể hiện trên Fig.2A-Fig.3D, Fig.3CCC-Fig.3JJJ và Fig.15A-Fig.15D. Theo một số phương án, các trình tự đối với CDR cho chuỗi nhẹ của kháng thể 3B6 là như sau: CDR1 TLSSGYSSYEVD (SEQ ID NO: 279); CDR2 VDTGGIVGSKGE (SEQ ID NO: 280); CDR3 GADHGSGTNFVVV (SEQ ID NO: 281), và các FR là như sau: FR1 QPVLTQPLFASASLGASVTLTC (SEQ ID NO: 282); FR2 WYQQRPGKGPRFVMR (SEQ ID NO: 283); FR3 GIPDRFSVLGSGLNRYLTIKNIQEEDESDYHC (SEQ ID NO: 284); và FR4 FGGGTKLTVL (SEQ ID NO: 285).

Theo các khía cạnh nhất định, protein liên kết kháng nguyên tái tổ hợp mà liên kết với PCSK9, ví dụ PCSK9 của người, được đề xuất. Trong bản mô tả này, "protein liên kết kháng nguyên tái tổ hợp" là protein được tạo ra bằng các kỹ thuật tái tổ hợp, tức là, thông qua sự biểu hiện của axit nucleic tái tổ hợp nêu trong bản mô tả này. Các phương pháp và kỹ thuật dùng để tạo ra protein tái tổ hợp là đã biết rõ trong lĩnh vực.

Thuật ngữ "kháng thể" dùng để chỉ globulin miễn dịch nguyên vẹn thuộc isotyp bất kỳ, hoặc mảnh của chúng mà có thể cạnh tranh với kháng thể nguyên vẹn để liên kết đặc hiệu với kháng nguyên đích, và bao gồm, ví dụ, kháng thể khảm, kháng thể được làm giống như của người, kháng thể đầy đủ của người và kháng thể đặc hiệu kép. "Kháng thể" là một loại protein liên kết kháng nguyên. Kháng thể nguyên vẹn thường chứa ít nhất hai chuỗi nặng nguyên chiều dài và hai chuỗi nhẹ nguyên chiều dài, nhưng trong một số trường hợp, có thể chứa ít chuỗi hơn như các kháng thể có trong tự nhiên ở động vật họ lạc đà mà có thể chỉ chứa các chuỗi nặng. Kháng thể có thể có nguồn gốc chỉ từ một nguồn đơn lẻ, hoặc có thể là "khảm", tức là, các phần khác nhau của kháng thể có thể có nguồn gốc từ hai kháng thể khác nhau như được mô tả thêm dưới đây. Protein liên kết kháng nguyên, kháng thể hoặc mảnh liên kết có thể được tạo ra trong tế bào lai, bằng các kỹ thuật ADN tái tổ hợp, hoặc bằng cách phân cắt bằng enzym hoặc phân cắt hóa học đối với kháng thể nguyên vẹn. Trừ khi có quy định khác, thuật ngữ "kháng thể" bao gồm, ngoài các kháng thể chứa hai chuỗi nặng nguyên chiều dài và hai chuỗi nhẹ nguyên chiều dài, dẫn xuất, biến thể, mảnh và mutein của chúng, các ví dụ về chúng được mô tả dưới đây. Ngoài ra, trừ khi được loại từ một cách rõ ràng, kháng thể bao gồm kháng thể đơn dòng, kháng thể đặc hiệu kép, kháng thể mini (minibody), kháng thể miền, kháng thể tổng hợp (trong bản mô tả này đôi khi được gọi là "chất giả kháng thể"), kháng thể khảm, kháng thể được làm giống như của người, kháng thể của người, thể dung hợp kháng thể (trong bản mô tả này đôi khi được gọi là "thể liên hợp kháng thể") và mảnh của chúng, một cách tương ứng. Theo một số phương án, thuật ngữ cũng bao gồm kháng thể peptit.

Các đơn vị cấu trúc của kháng thể có trong tự nhiên thường chứa tetrame. Mỗi tetrame như vậy thường bao gồm hai cặp chuỗi polypeptit giống nhau, mỗi cặp có một chuỗi "nhẹ" nguyên chiều dài (theo một số phương án, khoảng 25 kDa) và một chuỗi "nặng" nguyên chiều dài (theo một số phương án, khoảng 50-70 kDa). Phần đầu tận amino của mỗi chuỗi thường bao gồm vùng biến đổi chứa khoảng 100 đến 110 axit amin hoặc hơn, vùng này thường chịu trách nhiệm cho việc nhận biết kháng nguyên. Phần đầu tận carboxy của mỗi chuỗi thường xác định vùng cố định mà có thể chịu trách nhiệm cho chức năng tác động. Các chuỗi nhẹ của người thường được phân loại thành chuỗi nhẹ

kappa và chuỗi nhẹ lambda. Các chuỗi nặng thường được phân loại thành mu, delta, gamma, alpha hoặc epsilon, và xác định isotyp của kháng thể là IgM, IgD, IgG, IgA và IgE, một cách tương ứng. IgG có một số phân lớp, bao gồm, nhưng không giới hạn ở, IgG1, IgG2, IgG3 và IgG4. IgM có các phân lớp bao gồm, nhưng không giới hạn ở, IgM1 và IgM2. Tương tự, IgA được chia nhỏ thành các phân lớp bao gồm, nhưng không giới hạn ở, IgA1 và IgA2. Trong các chuỗi nhẹ và chuỗi nặng nguyên chiều dài, thông thường, vùng biến đổi và vùng cố định được kết nối bằng vùng "J" chứa khoảng 12 axit amin hoặc hơn, và chuỗi nặng còn bao gồm vùng "D" chứa thêm khoảng 10 axit amin. Ví dụ, xem tài liệu Fundamental Immunology, Ch. 7 (Paul, W., ed., 2nd ed. Raven Press, N.Y. (1989)) (tài liệu này được đưa vào bản mô tả này bằng cách viện dẫn toàn bộ nội dung của nó cho mục đích bất kỳ). Các vùng biến đổi của mỗi cặp chuỗi nhẹ/chuỗi nặng thường tạo thành vị trí liên kết kháng nguyên.

Các vùng biến đổi thường có cùng cấu trúc tổng quát của các vùng khung (FR) tương đối bảo toàn được kết nối bằng ba vùng siêu biến, còn được gọi là các vùng quyết định bổ thể hoặc CDR. Các CDR từ hai chuỗi của mỗi cặp thường được sắp hàng bằng các vùng khung, mà có thể cho phép liên kết với epitop đặc hiệu. Từ đầu tận N đến đầu tận C, cả vùng biến đổi chuỗi nhẹ và vùng biến đổi chuỗi nặng thường chứa các miền FR1, CDR1, FR2, CDR2, FR3, CDR3 và FR4. Việc chỉ định axit amin vào mỗi miền thường theo các xác định nêu trong tài liệu Kabat Sequences of Proteins of Immunological Interest (National Institutes of Health, Bethesda, Md. (1987 and 1991)), hoặc Chothia & Lesk, J. Mol. Biol., 196:901-917 (1987); Chothia et al., Nature, 342:878-883 (1989).

Theo một số phương án, chuỗi nặng của kháng thể liên kết với kháng nguyên trong điều kiện không có mặt chuỗi nhẹ của kháng thể. Theo một số phương án, chuỗi nhẹ của kháng thể liên kết với kháng nguyên trong điều kiện không có mặt chuỗi nặng của kháng thể. Theo một số phương án, vùng liên kết của kháng thể liên kết với kháng nguyên trong điều kiện không có mặt chuỗi nhẹ của kháng thể. Theo một số phương án, vùng liên kết của kháng thể liên kết với kháng nguyên trong điều kiện không có mặt chuỗi nặng của

kháng thể. Theo một số phương án, vùng biến đổi riêng lẻ liên kết đặc hiệu với kháng nguyên trong điều kiện không có mặt các vùng biến đổi khác.

Theo một số phương án, việc mô tả chính xác CDR và việc xác định các gốc chứa vị trí liên kết của kháng thể được thực hiện bằng cách phân giải cấu trúc của kháng thể và/hoặc phân giải cấu trúc của phức hợp kháng thể-phối tử. Theo một số phương án, việc này có thể được thực hiện bằng kỹ thuật bất kỳ trong số các kỹ thuật đã biết đối với người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực, như tinh thể học tia X. Theo một số phương án, các phương pháp phân tích khác có thể được sử dụng để nhận diện hoặc ước định các vùng CDR. Ví dụ về các phương pháp bao gồm, nhưng không giới hạn ở, phương pháp xác định Kabat, phương pháp xác định Chothia, phương pháp xác định AbM và phương pháp xác định tiếp xúc.

Phương pháp xác định Kabat là phương pháp tiêu chuẩn để đánh số các gốc trong kháng thể và thường được sử dụng để nhận diện các vùng CDR. Ví dụ, xem tài liệu Johnson & Wu, Nucleic Acids Res., 28: 214-8 (2000). Phương pháp xác định Chothia tương tự với phương pháp xác định Kabat, nhưng phương pháp xác định Chothia có tính đến các vị trí của các vùng thòng lọng cấu trúc nhất định. Ví dụ, xem tài liệu Chothia et al., J. Mol. Biol., 196: 901-17 (1986); Chothia et al., Nature, 342: 877-83 (1989). Phương pháp xác định AbM sử dụng bộ tích hợp các chương trình máy tính được tạo ra bởi Oxford Molecular Group dùng để tạo mô hình cấu trúc kháng thể. Ví dụ, xem tài liệu Martin et al., Proc Natl Acad Sci (USA), 86:9268-9272 (1989); "AbM™, A Computer Program for Modeling Variable Regions of Antibodies", Oxford, UK; Oxford Molecular, Ltd. Phương pháp xác định AbM tạo mô hình cấu trúc bậc ba của kháng thể từ trình tự bậc một bằng cách sử dụng tổ hợp các cơ sở dữ liệu kiến thức và các phương pháp *ab initio*, như được nêu trong tài liệu Samudrala et al., "Ab Initio Protein Structure Prediction Using a Combined Hierarchical Approach", in PROTEINS, Structure, Function and Genetics Suppl., 3:194-198 (1999). Phương pháp xác định tiếp xúc dựa trên việc phân tích các cấu trúc tinh thể phức hợp có sẵn. Ví dụ, xem tài liệu MacCallum et al., J. Mol. Biol., 5:732-45 (1996).

Theo quy ước, các vùng CDR trong chuỗi nặng thường được gọi là H1, H2 và H3 và được đánh số lần lượt theo chiều từ đầu tận amino đến đầu tận carboxy. Các vùng CDR trong chuỗi nhẹ thường được gọi là L1, L2 và L3 và được đánh số lần lượt theo chiều từ đầu tận amino đến đầu tận carboxy.

Thuật ngữ "chuỗi nhẹ" bao gồm chuỗi nhẹ nguyên chiều dài và mảnh của chúng mà có trình tự vùng biến đổi đủ để tạo ra tính đặc hiệu liên kết. Chuỗi nhẹ nguyên chiều dài bao gồm miền vùng biến đổi, V_L, và miền vùng cố định, C_L. Miền vùng biến đổi của chuỗi nhẹ là ở đầu tận amino của polypeptit. Chuỗi nhẹ bao gồm chuỗi kappa và chuỗi lambda.

Thuật ngữ "chuỗi nặng" bao gồm chuỗi nặng nguyên chiều dài và mảnh của chúng mà có trình tự vùng biến đổi đủ để tạo ra tính đặc hiệu liên kết. Chuỗi nặng nguyên chiều dài bao gồm miền vùng biến đổi, V_H, và ba miền vùng cố định, C_H1, C_H2 và C_H3. Miền V_H là ở đầu tận amino của polypeptit, và miền C_H là ở đầu tận carboxyl, trong đó C_H3 là gần nhất với đầu tận carboxy của polypeptit. Chuỗi nặng có thể thuộc isotyp bất kỳ, bao gồm IgG (bao gồm các typ phụ IgG1, IgG2, IgG3 và IgG4), IgA (bao gồm các typ phụ IgA1 và IgA2), IgM và IgE.

Kháng thể đặc hiệu kép hoặc chức năng kép thường là kháng thể lai nhân tạo có hai cặp chuỗi nặng/chuỗi nhẹ khác nhau và hai vị trí liên kết khác nhau. Kháng thể đặc hiệu kép có thể được tạo ra bằng các phương pháp khác nhau bao gồm, nhưng không giới hạn ở, phương pháp dung hợp tế bào lai hoặc phương pháp liên kết mảnh Fab'. Ví dụ, xem tài liệu Songsivilai et al., Clin. Exp. Immunol., 79: 315-321 (1990); Kostelny et al., J. Immunol., 148:1547-1553 (1992).

Một số loài động vật có vú cũng sản xuất các kháng thể chỉ có một chuỗi nặng đơn lẻ.

Mỗi chuỗi globulin miễn dịch riêng lẻ thường chứa một vài "miền globulin miễn dịch", mỗi miền này chứa khoảng 90 đến 110 axit amin và có kiểu gấp nếp đặc trưng. Các miền này là các đơn vị cơ sở mà polypeptit kháng thể bao gồm. Ở người, các isotyp IgA

và IgD chứa bốn chuỗi nặng và bốn chuỗi nhẹ; các isotyp IgG và IgE chứa hai chuỗi nặng và hai chuỗi nhẹ; và isotyp IgM chứa năm chuỗi nặng và năm chuỗi nhẹ. Vùng C của chuỗi nặng thường chứa một hoặc nhiều miền mà có thể chịu trách nhiệm cho chức năng tác động. Số lượng miền vùng cố định chuỗi nặng sẽ phụ thuộc vào isotyp. Ví dụ, chuỗi nặng của IgG chứa ba miền vùng C được biết là C_H1, C_H2 và C_H3. Các kháng thể được đề xuất có thể thuộc isotyp và typ phụ bất kỳ trong số các isotyp và typ phụ này. Theo một số phương án của sáng chế, kháng thể kháng PCSK9 thuộc typ phụ IgG2 hoặc IgG4.

Thuật ngữ "vùng biến đổi" hoặc "miền biến đổi" dùng để chỉ phần của chuỗi nhẹ và/hoặc chuỗi nặng của kháng thể, thường chứa khoảng 120 đến 130 axit amin đầu tận amino trong chuỗi nặng và khoảng 100 đến 110 axit amin đầu tận amino trong chuỗi nhẹ. Theo một số phương án, vùng biến đổi của các kháng thể khác nhau khác biệt lớn về trình tự axit amin, thậm chí là giữa các kháng thể thuộc cùng một loài. Vùng biến đổi của kháng thể thường xác định tính đặc hiệu của kháng thể cụ thể đối với đích của nó.

Thuật ngữ "protein liên kết kháng nguyên trung hòa" hoặc "kháng thể trung hòa" dùng để chỉ protein liên kết kháng nguyên hoặc kháng thể, một cách tương ứng, mà liên kết với phối tử và ngăn chặn hoặc làm giảm tác dụng sinh học của phối tử đó. Việc này có thể được thực hiện, ví dụ, bằng cách phong bế trực tiếp vị trí liên kết trên phối tử hoặc bằng cách liên kết với phối tử và làm thay đổi khả năng liên kết của phối tử thông qua cách gián tiếp (như thay đổi cấu trúc hoặc năng lượng trong phối tử). Theo một số phương án, thuật ngữ cũng có thể dùng để chỉ protein liên kết kháng nguyên mà ngăn không cho protein liên kết với nó thực hiện chức năng sinh học. Để đánh giá sự liên kết và/hoặc tính đặc hiệu của protein liên kết kháng nguyên, ví dụ, kháng thể hoặc mảnh có chức năng miễn dịch của chúng, kháng thể hoặc mảnh có thể ức chế về cơ bản sự liên kết của phối tử với đối tác liên kết của nó khi lượng dư của kháng thể làm giảm lượng đối tác liên kết mà liên kết với phối tử thêm ít nhất khoảng 1-20%, 20-30%, 30-40%, 40-50%, 50-60%, 60-70%, 70-80%, 80-85%, 85-90%, 90-95%, 95-97%, 97-98%, 98-99% hoặc hơn (được đo trong thử nghiệm liên kết cạnh tranh *in vitro*). Theo một số phương án, đối với protein liên kết kháng nguyên PCSK9, phân tử trung hòa này có thể làm giảm khả năng liên kết của PCSK9 với LDLR. Theo một số phương án, khả năng trung hòa được xác định đặc

điểm và/hoặc được mô tả thông qua thử nghiệm cạnh tranh. Theo một số phương án, khả năng trung hòa được mô tả bằng giá trị IC_{50} hoặc EC_{50}. Theo một số phương án, các ABP 27B2, 13H1, 13B5 và 3C4 là các ABP không trung hòa, 3B6, 9C9 và 31A4 là các tác nhân trung hòa yếu, và các ABP còn lại trong bảng 2 là các tác nhân trung hòa mạnh. Theo một số phương án, kháng thể hoặc protein liên kết kháng nguyên làm trung hòa bằng cách liên kết với PCSK9 và ngăn không cho PCSK9 liên kết với LDLR (hoặc làm giảm khả năng liên kết của PCSK9 với LDLR). Theo một số phương án, kháng thể hoặc ABP làm trung hòa bằng cách liên kết với PCSK9, và trong khi đó vẫn cho phép PCSK9 liên kết với LDLR, ngăn chặn hoặc làm giảm sự phân hủy LDLR được điều tiết bởi PCSK9. Do đó, theo một số phương án, ABP hoặc kháng thể trung hòa có thể vẫn cho phép PCSK9/LDLR liên kết, nhưng sẽ ngăn không cho (hoặc làm giảm) PCSK9 tiếp theo tham gia vào quá trình phân hủy LDLR.

Thuật ngữ "đích" dùng để chỉ phân tử hoặc phần của phân tử có khả năng liên kết với protein liên kết kháng nguyên. Theo một số phương án, đích có thể có một hoặc nhiều epitop. Theo một số phương án, đích là kháng nguyên. Việc sử dụng "kháng nguyên" trong cụm từ "protein liên kết kháng nguyên" đơn giản là thể hiện rằng trình tự protein mà chứa kháng nguyên có thể liên kết với kháng thể. Trong bản mô tả này, protein không cần phải là ngoại lai hoặc nó không cần phải có khả năng gây ra đáp ứng miễn dịch.

Thuật ngữ "cạnh tranh" khi được sử dụng cho protein liên kết kháng nguyên (ví dụ, protein liên kết kháng nguyên trung hòa hoặc kháng thể trung hòa) mà cạnh tranh cùng một epitop có nghĩa là sự cạnh tranh giữa các protein liên kết kháng nguyên như được xác định bằng thử nghiệm trong đó protein liên kết kháng nguyên (ví dụ, kháng thể hoặc mảnh có chức năng miễn dịch của chúng) được thử nghiệm ngăn chặn hoặc ức chế (ví dụ, làm giảm) sự liên kết đặc hiệu của protein liên kết kháng nguyên tham chiếu (ví dụ, phối tử hoặc kháng thể tham chiếu) với kháng nguyên chung (ví dụ, PCSK9 hoặc mảnh của chúng). Nhiều loại thử nghiệm liên kết cạnh tranh có thể được sử dụng để xác định xem liệu một protein liên kết kháng nguyên có cạnh tranh với protein liên kết kháng nguyên khác hay không, ví dụ: thử nghiệm miễn dịch phóng xạ (RIA) pha rắn trực tiếp hoặc gián tiếp, thử nghiệm miễn dịch enzym (EIA) pha rắn trực tiếp hoặc gián tiếp, thử

nghiệm cạnh tranh kiểu bánh kẹp (sandwich) (ví dụ, xem tài liệu Stahli et al., 1983, Methods in Enzymology 9:242-253); thử nghiệm EIA biotin-avidin pha rắn trực tiếp (ví dụ, xem tài liệu Kirkland et al., 1986, J. Immunol. 137:3614-3619), thử nghiệm đánh dấu pha rắn trực tiếp, thử nghiệm kiểu bánh kẹp đánh dấu pha rắn trực tiếp (ví dụ, xem tài liệu Harlow and Lane, 1988, Antibodies, A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Press); thử nghiệm RIA đánh dấu pha rắn trực tiếp sử dụng chất đánh dấu I-125 (ví dụ, xem tài liệu Morel et al., 1988, Molec. Immunol. 25:7-15); thử nghiệm EIA biotin-avidin pha rắn trực tiếp (ví dụ, xem tài liệu Cheung, et al., 1990, Virology 176:546-552); và thử nghiệm RIA đánh dấu trực tiếp (Moldenhauer et al., 1990, Scand. J. Immunol. 32:77-82). Thông thường, thử nghiệm như vậy bao gồm việc sử dụng kháng nguyên đã được tinh chế liên kết với bề mặt rắn hoặc các tế bào mang một trong số các kháng nguyên này, protein liên kết kháng nguyên thử nghiệm không được đánh dấu và protein liên kết kháng nguyên tham chiếu đã được đánh dấu. Sự ức chế cạnh tranh được đo bằng cách xác định lượng chất đánh dấu liên kết với bề mặt rắn hoặc các tế bào trong điều kiện có mặt của protein liên kết kháng nguyên thử nghiệm. Thông thường, protein liên kết kháng nguyên thử nghiệm có mặt với lượng dư. Protein liên kết kháng nguyên được nhận diện bằng thử nghiệm cạnh tranh (protein liên kết kháng nguyên cạnh tranh) bao gồm protein liên kết kháng nguyên liên kết với cùng một epitop như protein liên kết kháng nguyên tham chiếu và protein liên kết kháng nguyên liên kết với epitop gần kề mà đủ gần với epitop liên kết với protein liên kết kháng nguyên tham chiếu để xảy ra sự cản trở về mặt không gian. Các chi tiết bổ sung về phương pháp để xác định liên kết cạnh tranh được nêu trong các ví dụ trong bản mô tả này. Thông thường, khi protein liên kết kháng nguyên cạnh tranh có mặt với lượng dư, nó sẽ ức chế (ví dụ, làm giảm) sự liên kết đặc hiệu của protein liên kết kháng nguyên tham chiếu với kháng nguyên chung thêm ít nhất 40-45%, 45-50%, 50-55%, 55-60%, 60-65%, 65-70%, 70-75% hoặc 75% hoặc hơn. Trong một số trường hợp, sự liên kết bị ức chế thêm ít nhất 80-85%, 85-90%, 90-95%, 95-97% hoặc 97% hoặc hơn.

Thuật ngữ "kháng nguyên" dùng để chỉ phân tử hoặc phần của phân tử có khả năng liên kết với tác nhân liên kết chọn lọc, như protein liên kết kháng nguyên (bao gồm, ví dụ, kháng thể hoặc mảnh có chức năng miễn dịch của chúng). Theo một số phương án, kháng

nguyên có khả năng được sử dụng ở động vật để tạo ra kháng thể có khả năng liên kết với kháng nguyên đó. Kháng nguyên có thể có một hoặc nhiều epitop mà có khả năng tương tác với các protein liên kết kháng nguyên, ví dụ, kháng thể, khác nhau.

Thuật ngữ "epitop" bao gồm yếu tố quyết định bất kỳ có khả năng liên kết với protein liên kết kháng nguyên, như kháng thể hoặc với thụ thể tế bào T. Epitop là vùng của kháng nguyên mà liên kết với protein liên kết kháng nguyên nhắm đích kháng nguyên đó, và khi kháng nguyên này là protein, bao gồm các axit amin đặc hiệu mà tiếp xúc trực tiếp với protein liên kết kháng nguyên. Thông thường nhất, epitop nằm trên protein, nhưng trong một số trường hợp, nó có thể nằm trên các loại phân tử khác, như axit nucleic. Yếu tố quyết định epitop có thể bao gồm nhóm bề mặt có hoạt tính hóa học của các phân tử như axit amin, mạch bên của đường, nhóm phosphoryl hoặc sulfonyl, và có thể có các đặc tính cấu trúc ba chiều đặc hiệu, và/hoặc các đặc tính điện tích đặc hiệu. Thông thường, các kháng thể đặc hiệu đối với kháng nguyên đích cụ thể sẽ ưu tiên nhận biết epitop trên kháng nguyên đích trong hỗn hợp phức hợp gồm các protein và/hoặc các đại phân tử.

Trong bản mô tả này, "tinh khiết về cơ bản" có nghĩa là loại phân tử được nêu là loại có mặt chiếm ưu thế, tức là, tính theo số mol, nó sẽ phong phú hơn so với bất kỳ loại riêng lẻ nào trong cùng hỗn hợp. Theo một số phương án, phân tử tinh khiết về cơ bản là hợp phần trong đó loại đang quan tâm chứa ít nhất 50% (tính theo số mol) của tất cả các loại đại phân tử có mặt. Theo các phương án khác, hợp phần tinh khiết về cơ bản sẽ chứa ít nhất 80%, 85%, 90%, 95% hoặc 99% của tất cả các loại đại phân tử có mặt trong hợp phần này. Theo các phương án khác, loại đang quan tâm được tinh chế đến mức độ đồng nhất thiết yếu trong đó không thể phát hiện được các loại nhiễm tạp trong hợp phần bằng các phương pháp phát hiện thông thường và do đó hợp phần này chỉ chứa một loại đại phân tử có thể phát hiện được đơn lẻ.

Thuật ngữ "chất" được sử dụng trong bản mô tả này để chỉ hợp chất hóa học, hỗn hợp của các hợp chất hóa học, đại phân tử sinh học hoặc sản phẩm chiết từ vật liệu sinh học.

Trong bản mô tả này, các thuật ngữ "chất đánh dấu" hoặc "được đánh dấu" dùng để chỉ sự kết hợp yếu tố đánh dấu có thể dò được, ví dụ, bằng cách kết hợp axit amin được đánh dấu phóng xạ hoặc bằng cách gắn vào polypeptit các gốc biotin mà có thể dò được bằng avidin được đánh dấu (ví dụ, streptavidin chứa yếu tố đánh dấu huỳnh quang hoặc hoạt tính enzym mà có thể dò được bằng các phương pháp quang học hoặc đo màu). Theo một số phương án, chất đánh dấu hoặc yếu tố đánh dấu cũng có thể là chất trị liệu. Các phương pháp khác nhau để đánh dấu polypeptit và glycoprotein là đã biết trong lĩnh vực và có thể được sử dụng. Các ví dụ về chất đánh dấu cho polypeptit bao gồm, nhưng không giới hạn ở, các chất sau: chất đồng vị phóng xạ hoặc nuclit phóng xạ (ví dụ, ^{3}H, ^{14}C, ^{15}N, ^{35}S, ^{90}Y, ^{99}Tc, ^{111}In, ^{125}I, ^{131}I), chất đánh dấu huỳnh quang (ví dụ, FITC, rhodamin, lanthanit phospho), chất đánh dấu enzym (ví dụ, peroxidaza cải ngựa, β-galactosidaza, luxiferaza, phosphataza kiềm), chất phát quang hóa học, nhóm biotinyl, epitop polypeptit đã định trước được nhận biết bằng yếu tố chỉ thị thứ cấp (ví dụ, trình tự cặp khóa kéo leuxin, vị trí liên kết đối với kháng thể thứ cấp, miền liên kết kim loại, thẻ gắn epitop). Theo một số phương án, chất đánh dấu được gắn bằng các tay đệm có độ dài khác nhau để làm giảm sự cản trở về mặt không gian tiềm ẩn.

Thuật ngữ "mẫu sinh học" trong bản mô tả này bao gồm, nhưng không giới hạn ở, lượng bất kỳ của chất từ sinh vật sống hoặc sinh vật sống trước đây. Sinh vật sống như vậy bao gồm, nhưng không giới hạn ở, người, chuột nhắt, khỉ, chuột Rattus, thỏ và các động vật khác. Chất như vậy bao gồm, nhưng không giới hạn ở, máu, huyết thanh, nước tiểu, tế bào, cơ quan, mô, xương, tủy xương, hạch bạch huyết và da.

Thuật ngữ "dược phẩm" (hoặc chất hoặc thuốc) trong bản mô tả này dùng để chỉ hợp chất hóa học, chế phẩm, chất hoặc thuốc có khả năng tạo ra tác dụng trị liệu mong muốn khi được sử dụng đúng cách cho bệnh nhân. Không cần thiết phải có nhiều hơn một loại thành phần.

Thuật ngữ "lượng hữu hiệu để trị liệu" dùng để chỉ lượng protein liên kết kháng nguyên PCSK9 được xác định để tạo ra đáp ứng trị liệu ở động vật có vú. Lượng hữu hiệu để trị liệu này được xác định dễ dàng bởi người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực.

Thuật ngữ "chất điều biến" trong bản mô tả này là hợp chất làm thay đổi hoặc biến đổi hoạt tính hoặc chức năng của phân tử. Ví dụ, chất điều biến có thể làm tăng hoặc làm giảm cường độ của hoạt tính hoặc chức năng nhất định của phân tử so với cường độ của hoạt tính hoặc chức năng quan sát được trong điều kiện không có mặt chất điều biến. Theo một số phương án, chất điều biến là chất ức chế, mà làm giảm cường độ của ít nhất một hoạt tính hoặc chức năng của phân tử. Một số hoạt tính và chức năng tiêu biểu của phân tử bao gồm, nhưng không giới hạn ở, ái lực liên kết, hoạt tính enzym và sự truyền tín hiệu. Một số chất ức chế tiêu biểu bao gồm, nhưng không giới hạn ở, protein, peptit, kháng thể, kháng thể peptit, hydrat cacbon hoặc phân tử hữu cơ nhỏ. Các kháng thể peptit được mô tả trong, ví dụ, patent Mỹ số 6,660,843 (tương ứng với công bố đơn PCT số WO 01/83525).

Các thuật ngữ "bệnh nhân" và "đối tượng" được sử dụng thay thế cho nhau và bao gồm đối tượng là người và động vật không phải là người cũng như đối tượng mắc phải rối loạn đã được chẩn đoán chính thức, đối tượng không mắc phải rối loạn đã được công nhận chính thức, đối tượng được chăm sóc y tế, đối tượng có nguy cơ phát triển rối loạn, v.v..

Thuật ngữ "điều trị" và "việc điều trị" bao gồm điều trị trị liệu, điều trị dự phòng và các ứng dụng trong đó làm giảm nguy cơ phát triển rối loạn hoặc các yếu tố nguy cơ khác ở đối tượng. Việc điều trị không yêu cầu là phải chữa trị hoàn toàn rối loạn rối loạn và bao gồm các phương án trong đó làm giảm các triệu chứng hoặc các yếu tố nguy cơ cơ bản.

Thuật ngữ "ngăn ngừa" không yêu cầu là phải loại bỏ 100% khả năng xảy ra sự kiện. Thay vào đó, thuật ngữ này thể hiện rằng khả năng xảy ra sự kiện được làm giảm trong điều kiện có mặt của hợp chất hoặc phương pháp theo sáng chế.

Các kỹ thuật tiêu chuẩn có thể được sử dụng để tổng hợp oligonucleotit, ADN tái tổ hợp, và nuôi cấy và biến nạp mô (ví dụ, xung điện, chuyển nhiễm qua lyposom). Các phản ứng enzym và các kỹ thuật tinh chế có thể được thực hiện theo mô tả kỹ thuật của nhà sản xuất hoặc theo cách thường được dùng trong lĩnh vực hoặc như được nêu trong

bản mô tả này. Các kỹ thuật và các quy trình nêu trên có thể thường được thực hiện theo các phương pháp thường đã biết rõ trong lĩnh vực và như được mô tả trong các tài liệu tham khảo tổng quát và cụ thể khác nhau được trích dẫn và thảo luận trong khắp bản mô tả này. Ví dụ, xem tài liệu Sambrook et al., Molecular Cloning: A Laboratory Manual (2d ed., Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, N.Y. (1989)), tài liệu này được đưa vào bản mô tả này bằng cách viện dẫn cho mục đích bất kỳ. Trừ khi có các định nghĩa cụ thể khác, các danh pháp được sử dụng cùng với, và các quy trình và kỹ thuật dùng trong phòng thí nghiệm thuộc, hóa học phân tích, hóa học hữu cơ tổng hợp, và hóa học dược phẩm và y tế được nêu trong bản mô tả này là đã biết rõ và thường được sử dụng trong lĩnh vực. Các kỹ thuật tiêu chuẩn có thể được sử dụng để tổng hợp hóa học, phân tích hóa học, bào chế, phối chế và đưa dược phẩm vào cơ thể, và điều trị bệnh nhân.

Protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9

Proprotein convertaza subtilisin kexin typ 9 (PCSK9) là serin proteaza tham gia vào việc điều tiết lượng của protein thụ thể lipoprotein tỷ trọng thấp (LDLR) (Horton et al., 2007; Seidah and Prat, 2007). PCSK9 là tiền hormon-proprotein convertaza thuộc họ subtilisin (S8) của các serin proteazas (Seidah et al., 2003). Trình tự axit amin PCSK9 của người tiêu biểu được thể hiện dưới dạng SEQ ID NO: 1 và 3 trên Fig.1A (thể hiện "tiền" miền của protein ở dạng được gạch dưới) và Fig.1B (thể hiện trình tự tín hiệu ở dạng được bôi đậm và tiền miền ở dạng được gạch dưới). Trình tự ghi mã PCSK9 của người tiêu biểu được thể hiện dưới dạng SEQ ID NO: 2 (Fig.1B). Trong bản mô tả này, protein PCSK9 cũng có thể bao gồm mảnh của protein PCSK9 nguyên chiều dài. Cấu trúc của protein PCSK9 gần đây được phân giải thành hai nhóm (Cunningham et al., Nature Structural & Molecular Biology, 2007, và Piper et al., Constructs, 15:1-8, 2007), toàn bộ nội dung của các tài liệu này được đưa vào bản mô tả này bằng cách viện dẫn. PCSK9 bao gồm trình tự tín hiệu, tiền miền đầu tận N, miền xúc tác giống subtilisin và miền đầu tận C.

Protein liên kết kháng nguyên (ABP) mà liên kết với PCSK9, bao gồm PCSK9 của người, được đề xuất trong bản mô tả này. Theo một số phương án, protein liên kết kháng

nguyên được đề xuất là polypeptit chứa một hoặc nhiều vùng quyết định bổ thể (CDR) được nêu trong bản mô tả này. Trong một số protein liên kết kháng nguyên, CDR được gắn vào vùng "khung", mà định hướng (các) CDR sao cho thu được các tính chất liên kết kháng nguyên thích hợp của (các) CDR. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên được đề xuất trong bản mô tả này có thể cản trở, phong bế, làm giảm hoặc điều biến sự tương tác giữa PCSK9 và LDLR. Protein liên kết kháng nguyên này được gọi là "trung hòa". Theo một số phương án, liên kết giữa PCSK9 và LDLR có thể vẫn xảy ra, mặc dù protein liên kết kháng nguyên này là trung hòa và liên kết với PCSK9. Ví dụ, theo một số phương án, ABP ngăn chặn hoặc làm giảm ảnh hưởng bất lợi của PCSK9 đối với LDLR mà không phong bế vị trí liên kết LDLR trên PCSK9. Do đó, theo một số phương án, ABP điều biến hoặc làm thay đổi khả năng gây phân hủy LDLR của PCSK9, mà không cần phải ngăn chặn tương tác liên kết giữa PCSK9 và LDLR. ABP như vậy có thể được mô tả một cách cụ thể là ABP "trung hòa không cạnh tranh". Theo một số phương án, ABP trung hòa liên kết với PCSK9 tại vị trí và/hoặc theo cách ngăn không cho PCSK9 liên kết với LDLR. ABP như vậy có thể được mô tả một cách cụ thể là ABP "trung hòa cạnh tranh". Cả hai loại tác nhân trung hòa nêu trên đều có thể tạo ra lượng LDLR tự do lớn hơn có mặt trong đối tượng, điều này dẫn đến nhiều LDLR liên kết với LDL hơn (nhờ đó làm giảm lượng LDL ở đối tượng). Đến lượt, điều này dẫn đến việc giảm lượng của cholesterol trong huyết thanh có mặt trong đối tượng.

Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên được đề xuất trong bản mô tả này có khả năng ức chế hoạt tính được điều tiết bởi PCSK9 (bao gồm liên kết). Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên liên kết với epitop này ức chế, ngoài các tác động khác, các tương tác giữa PCSK9 và LDLR và các tác dụng sinh lý khác được điều tiết bởi PCSK9. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên này là kháng thể của người, như kháng thể đầy đủ của người đối với PCSK9.

Theo một số phương án, ABP liên kết với miền xúc tác của PCSK9. Theo một số phương án, ABP liên kết với dạng trưởng thành của PCSK9. Theo một số phương án, ABP liên kết trong tiền miền của PCSK9. Theo một số phương án, ABP liên kết chọn lọc với dạng trưởng thành của PCSK9. Theo một số phương án, ABP liên kết với miền xúc

tác theo cách sao cho PCSK9 không thể liên kết hoặc liên kết ở dạng có hiệu quả với LDLR. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên không liên kết với đầu tận C của miền xúc tác. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên không liên kết với đầu tận N của miền xúc tác. Theo một số phương án, ABP không liên kết với đầu tận N hoặc đầu tận C của protein PCSK9. Theo một số phương án, ABP liên kết với epitop bất kỳ trong số các epitop liên kết với kháng thể nêu trong bản mô tả này. Theo một số phương án, điều này có thể được xác định bằng thử nghiệm cạnh tranh giữa kháng thể nêu trong bản mô tả này và các kháng thể khác. Theo một số phương án, ABP liên kết với epitop mà liên kết với một trong số kháng thể nêu trong bảng 2. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên liên kết với trạng thái cấu dạng đặc hiệu của PCSK9 để ngăn không cho PCSK9 tương tác với LDLR. Theo một số phương án, ABP liên kết với miền V của PCSK9. Theo một số phương án, ABP liên kết với miền V của PCSK9 và ngăn không cho (hoặc làm giảm) PCSK9 liên kết với LDLR. Theo một số phương án, ABP liên kết với miền V của PCSK9, và trong khi nó không ngăn ngừa (hoặc làm giảm) sự liên kết của PCSK9 với LDLR, ABP ngăn chặn hoặc làm giảm các hoạt tính bất lợi được điều tiết thông qua PCSK9 đối với LDLR.

Protein liên kết kháng nguyên được đề xuất trong bản mô tả này có nhiều ứng dụng. Ví dụ, một số protein liên kết kháng nguyên trong số các protein liên kết kháng nguyên này hữu dụng trong các thử nghiệm liên kết đặc hiệu, tinh chế dựa vào ái lực của PCSK9, đặc biệt là PCSK9 của người hoặc phối tử của nó và trong các thử nghiệm sàng lọc để nhận diện các chất đối kháng khác của hoạt tính PCSK9. Một số protein liên kết kháng nguyên trong số các protein liên kết kháng nguyên này hữu dụng trong việc ức chế sự liên kết của PCSK9 với LDLR, hoặc ức chế các hoạt tính được điều tiết bởi PCSK9.

Protein liên kết kháng nguyên có thể được sử dụng trong nhiều ứng dụng trị liệu khác nhau, như được nêu trong bản mô tả này. Ví dụ, theo một số phương án, protein PCSK9 liên kết kháng nguyên hữu dụng trong việc điều trị tình trạng bệnh lý liên quan đến PCSK9, như rối loạn liên quan đến cholesterol (hoặc "rối loạn liên quan đến cholesterol trong huyết thanh") như chứng tăng cholesterol-huyết, như sẽ được mô tả thêm trong bản mô tả này. Các ứng dụng khác của protein liên kết kháng nguyên bao

gồm, ví dụ, chẩn đoán bệnh hoặc tình trạng bệnh lý liên quan đến PCSK9 và thử nghiệm sàng lọc để xác định sự có mặt hoặc vắng mặt của PCSK9. Một số protein liên kết kháng nguyên trong số các protein liên kết kháng nguyên nêu trong bản mô tả này hữu dụng trong việc điều trị hậu quả, triệu chứng và/hoặc bệnh lý liên quan đến hoạt tính PCSK9.

Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên được đề xuất chứa một hoặc nhiều CDR (ví dụ, 1, 2, 3, 4, 5 hoặc 6 CDR). Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên chứa (a) cấu trúc polypeptit và (b) một hoặc nhiều CDR được cài xen vào và/hoặc được kết nối với cấu trúc polypeptit này. Cấu trúc polypeptit có thể có nhiều dạng khác nhau. Ví dụ, nó có thể là, hoặc chứa, khung của kháng thể có trong tự nhiên, hoặc mảnh hoặc biến thể của chúng, hoặc có thể được tổng hợp hoàn toàn về bản chất. Ví dụ về các cấu trúc polypeptit khác nhau được mô tả thêm dưới đây.

Theo một số phương án, cấu trúc polypeptit của protein liên kết kháng nguyên là kháng thể hoặc có nguồn gốc từ kháng thể, bao gồm, nhưng không giới hạn ở, kháng thể đơn dòng, kháng thể đặc hiệu kép, kháng thể mini (minibody), kháng thể miền, kháng thể tổng hợp (trong bản mô tả này đôi khi được gọi là "chất giả kháng thể"), kháng thể khảm, kháng thể được làm giống như của người, thể dung hợp kháng thể (đôi khi được gọi là "thể liên hợp kháng thể") và phần hoặc mảnh của chúng, một cách tương ứng. Trong một số trường hợp, protein liên kết kháng nguyên này là mảnh miễn dịch của kháng thể (ví dụ, Fab, Fab', $F(ab')_2$ hoặc scFv). Các cấu trúc khác nhau sẽ được mô tả và được xác định thêm trong bản mô tả này.

Các protein liên kết kháng nguyên nhất định nêu trong bản mô tả này liên kết đặc hiệu và/hoặc chọn lọc với PCSK9 của người. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên liên kết đặc hiệu và/hoặc chọn lọc với protein PCSK9 của người có và/hoặc chứa các gốc 153-692 của SEQ ID NO: 3. Theo một số phương án, ABP liên kết đặc hiệu và/hoặc chọn lọc với PCSK9 của người có và/hoặc chứa các gốc 31-152 của SEQ ID NO: 3. Theo một số phương án, ABP liên kết chọn lọc với protein PCSK9 của người được thể hiện trên Fig.1A (SEQ ID NO: 1). Theo một số phương án, protein liên

kết kháng nguyên liên kết đặc hiệu với ít nhất là mảnh của protein PCSK9 và/hoặc protein PCSK9 nguyên chiều dài, có hoặc không có trình tự tín hiệu.

Theo các phương án trong đó protein liên kết kháng nguyên được sử dụng cho các ứng dụng trị liệu, protein liên kết kháng nguyên này có thể ức chế, cản trở hoặc điều biến một hoặc nhiều hoạt tính sinh học của PCSK9. Theo một phương án, protein liên kết kháng nguyên này liên kết đặc hiệu với PCSK9 của người và/hoặc ức chế về cơ bản sự liên kết của PCSK9 của người với LDLR thêm ít nhất khoảng 20-40%, 40-60%, 60-80%, 80-85% hoặc hơn (ví dụ, bằng cách đo sự liên kết trong thử nghiệm liên kết cạnh tranh *in vitro*). Một số protein liên kết kháng nguyên trong số các protein liên kết kháng nguyên được đề xuất trong bản mô tả này là kháng thể. Theo một số phương án, ABP có K_d nhỏ hơn (liên kết chặt hơn) 10^{-7}, 10^{-8}, 10^{-9}, 10^{-10}, 10^{-11}, 10^{-12}, 10^{-13} M. Theo một số phương án, ABP có IC_{50} để phong bế sự liên kết của LDLR với PCSK9 (D374Y, biến thể có ái lực cao) nhỏ hơn 1 microM, 1000 nM đến 100 nM, 100 nM đến 10 nM, 10 nM đến 1 nM, 1000 pM đến 500 pM, 500 pM đến 200 pM, nhỏ hơn 200 pM, 200 pM đến 150 pM, 200 pM đến 100 pM, 100 pM đến 10 pM, 10 pM đến 1 pM.

Một ví dụ về miền cố định chuỗi nặng IgG2 của kháng thể kháng PCSK9 theo sáng chế có trình tự axit amin như được thể hiện trong SEQ ID NO: 154, Fig.3KK.

Một ví dụ về miền cố định chuỗi nặng IgG4 của kháng thể kháng PCSK9 theo sáng chế có trình tự axit amin như được thể hiện trong SEQ ID NO: 155, Fig.3KK.

Một ví dụ về miền cố định chuỗi nhẹ kappa của kháng thể kháng PCSK9 có trình tự axit amin như được thể hiện trong SEQ ID NO: 157, Fig.3KK.

Một ví dụ về miền cố định chuỗi nhẹ lambda của kháng thể kháng PCSK9 có trình tự axit amin như được thể hiện trong SEQ ID NO: 156, Fig.3KK.

Các vùng biến đổi của các chuỗi globulin miễn dịch thường có cấu trúc tổng thể giống nhau, chứa các vùng khung (FR) tương đối bảo toàn được kết nối bằng ba vùng siêu biến, thường được gọi là "vùng quyết định bổ thể" hoặc CDR. Các CDR từ hai chuỗi của mỗi cặp chuỗi nặng/chuỗi nhẹ nêu trên thường được sắp hàng bằng các vùng khung

để tạo thành cấu trúc liên kết đặc hiệu với epitop đặc hiệu trên protein đích (ví dụ, PCSK9). Từ đầu tận N đến đầu tận C, các vùng biến đổi chuỗi nhẹ và chuỗi nặng có trong tự nhiên đều thường tuân theo thứ tự sau đây của các phần tử này: FR1, CDR1, FR2, CDR2, FR3, CDR3 và FR4. Hệ thống đánh số được đặt ra để chỉ định các số cho các axit amin chiếm đóng các vị trí trong mỗi miền này. Hệ thống đánh số này được định nghĩa trong tài liệu Kabat Sequences of Proteins of Immunological Interest (1987 and 1991, NIH, Bethesda, MD), hoặc Chothia & Lesk, 1987, J. Mol. Biol. 196:901-917; Chothia et al., 1989, Nature 342:878-883.

Các vùng biến đổi chuỗi nặng và chuỗi nhẹ khác nhau được đề xuất trong bản mô tả này và được thể hiện trên Fig.2A-Fig.3JJ và Fig.3LL-Fig.3BBB. Theo một số phương án, mỗi vùng biến đổi này có thể được gắn với các vùng cố định chuỗi nặng và chuỗi nhẹ nêu trên để tạo thành chuỗi nặng và chuỗi nhẹ kháng thể hoàn chỉnh, một cách tương ứng. Ngoài ra, mỗi trình tự chuỗi nặng và chuỗi nhẹ tạo thành bằng cách đó có thể được kết hợp để tạo thành cấu trúc kháng thể hoàn chỉnh.

Các ví dụ cụ thể về một số vùng biến đổi của chuỗi nhẹ và chuỗi nặng của kháng thể được đề xuất và các trình tự axit amin tương ứng của chúng được tổng hợp trong bảng 2.

Bảng 2

Các vùng biến đổi chuỗi nặng và chuỗi nhẹ tiêu biểu

Kháng thể	SEQ ID NO chuỗi nhẹ/chuỗi nặng
30A4	5/74
3C4	7/85
23B5	9/71
25G4	10/72
31H4	12/67
27B2	13/87
25A7	15/58
27H5	16/52
26H5	17/51
31D1	18/53
20D10	19/48

Kháng thể	SEQ ID NO chuỗi nhẹ/chuỗi nặng
27E7	20/54
30B9	21/55
19H9	22/56
26E10	23/49
21B12	23/49
17C2	24/57
23G1	26/50
13H1	28/91
9C9	30/64
9H6	31/62
31A4	32/89
1A12	33/65
16F12	35/79
22E2	36/80
27A6	37/76
28B12	38/77
28D6	39/78
31G11	40/83
13B5	42/69
31B12	44/81
3B6	46/60

Ngoài ra, mỗi chuỗi nặng biến đổi tiêu biểu được liệt kê trong bảng 2 có thể được kết hợp với chuỗi nhẹ biến đổi tiêu biểu bất kỳ được thể hiện trong bảng 2 để tạo thành kháng thể. Bảng 2 thể hiện các cặp chuỗi nhẹ và chuỗi nặng tiêu biểu được phát hiện thấy trong một số kháng thể nêu trong bản mô tả này. Trong một số trường hợp, kháng thể chứa ít nhất một chuỗi nặng biến đổi và một chuỗi nhẹ biến đổi từ các chuỗi được liệt kê trong bảng 2. Trong các trường hợp khác, kháng thể chứa hai chuỗi nhẹ giống nhau và hai chuỗi nặng giống nhau. Ví dụ, kháng thể hoặc protein liên kết kháng nguyên có thể chứa một chuỗi nặng và một chuỗi nhẹ, hai chuỗi nặng hoặc hai chuỗi nhẹ. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên chứa (và/hoặc bao gồm) 1, 2, và/hoặc 3 CDR chuỗi nặng và/hoặc chuỗi nhẹ từ ít nhất một trong số các trình tự được liệt kê trong bảng 2 (các CDR đối với các trình tự này được thể hiện trên Fig.2A-Fig.3D, và các phương án khác được thể hiện trên Fig.3CCC-Fig.3JJJ và Fig.15A-Fig.15D). Theo một số phương án, cả 6 CDR (CDR1-3 từ chuỗi nhẹ (CDRL1, CDRL2, CDRL3) và CDR1-3 từ chuỗi nặng (CDRH1, CDRH2 và CDRH3)) đều là một phần của ABP. Theo một số phương án,

1, 2, 3, 4, 5 hoặc nhiều CDR hơn được chứa trong ABP. Theo một số phương án, một CDR chuỗi nặng và một CDR chuỗi nhẹ từ các CDR trong các trình tự nêu trong bảng 2 được chứa trong ABP (các CDR đối với các trình tự trong bảng 2 được thể hiện trên Fig.2A-Fig.3D). Theo một số phương án, các phần bổ sung (ví dụ, như được thể hiện trên Fig.2A-Fig.2D, Fig.3A-Fig.3D, và các phương án khác được thể hiện trên Fig.3CCC-Fig.3JJJ và Fig.15A-Fig.15D) cũng được chứa trong ABP. Các ví dụ về CDR và FR cho chuỗi nặng và chuỗi nhẹ nêu trong bảng 2 được thể hiện trên Fig.2A-Fig.3D (và các phương án khác được thể hiện trên Fig.3CCC-Fig.3JJJ và Fig.15A-Fig.15D). Các trình tự biến đổi chuỗi nhẹ tùy ý (bao gồm CDR1, CDR2, CDR3, FR1, FR2, FR3 và FR4) có thể được chọn từ các trình tự sau: 5, 7, 9, 10, 12, 13, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 26, 28, 30, 31, 32, 33, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 42, 44 và 46. Các trình tự biến đổi chuỗi nặng tùy ý (bao gồm CDR1, CDR2, CDR3, FR1, FR2, FR3 và FR4) có thể được chọn từ các trình tự sau: 74, 85, 71, 72, 67, 87, 58, 52, 51, 53, 48, 54, 55, 56, 49, 57, 50, 91, 64, 62, 89, 65, 79, 80, 76, 77, 78, 83, 69, 81 và 60. Trong một số mục trên Fig.2A-Fig.3D, các biến đổi của các trình tự hoặc các ranh giới thay thế của các CDR và các FR được nhận diện. Các thay thế này được nhận diện bằng ký hiệu "v1" theo sau tên ABP. Vì hầu hết các thay thế này đều không quan trọng về bản chất, nên chỉ những phần có các khác biệt mới được thể hiện trong bảng. Cần phải hiểu rằng phần còn lại của chuỗi nhẹ hoặc chuỗi nặng là giống như được thể hiện cho ABP cơ sở trong các phân vùng còn lại. Do đó, ví dụ, 19H9v1 trên Fig.2C có FR1, CDR1 và FR2 giống như 19H9 trên Fig.2A vì khác biệt duy nhất được chú thích trên Fig.2C. Đối với ba trong số các trình tự axit nucleic này (các ABP 26E10, 30B9 và 31B12), các trình tự axit nucleic thay thế khác được thể hiện trên các hình vẽ. Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng không nhiều hơn một trình tự như vậy thực sự cần được sử dụng trong việc tạo ra kháng thể hoặc ABP. Trên thực tế, theo một số phương án, chỉ một hoặc không có axit nucleic chuỗi nặng hoặc chuỗi nhẹ cụ thể nào cần phải có mặt.

Theo một số phương án, ABP được mã hóa bởi trình tự axit nucleic mà có thể mã hóa trình tự protein bất kỳ trong số các trình tự protein nêu trong bảng 2.

Theo một số phương án, ABP liên kết chọn lọc với dạng PCSK9 mà liên kết với LDLR (ví dụ, dạng tự xúc tác của phân tử này). Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên không liên kết với đầu tận C của miền xúc tác (ví dụ, 5, 5-10, 10-15, 15-20, 20-25, 25-30, 30-40 axit amin tối đa ở đầu tận C). Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên không liên kết với đầu tận N của miền xúc tác (ví dụ, 5, 5-10, 10-15, 15-20, 20-25, 25-30, 30-40 axit amin tối đa ở đầu tận N). Theo một số phương án, ABP liên kết với các axit amin trong phạm vi axit amin 1-100 của dạng trưởng thành của PCSK9. Theo một số phương án, ABP liên kết với các axit amin trong phạm vi (và/hoặc các trình tự axit amin chứa) axit amin 31-100, 100-200, 31-152, 153-692, 200-300, 300-400, 452-683, 400-500, 500-600, 31-692, 31-449 và/hoặc 600-692. Theo một số phương án, ABP liên kết với miền xúc tác. Theo một số phương án, ABP trung hòa và/hoặc không trung hòa liên kết với tiền miền. Theo một số phương án, ABP liên kết với cả miền xúc tác và tiền miền. Theo một số phương án, ABP liên kết với miền xúc tác để cản trở vùng trên miền xúc tác mà tương tác với tiền miền. Theo một số phương án, ABP liên kết với miền xúc tác tại vị trí hoặc bề mặt mà tương tác với tiền miền như được mô tả trong tài liệu Piper et al. (Structure 15:1-8 (2007), toàn bộ nội dung của tài liệu này được đưa vào bản mô tả này bằng cách viện dẫn, bao gồm các đại diện cấu trúc trong đó). Theo một số phương án, ABP liên kết với miền xúc tác và kìm hãm khả năng di động của tiền miền. Theo một số phương án, ABP liên kết với miền xúc tác mà không liên kết với tiền miền. Theo một số phương án, ABP liên kết với miền xúc tác mà không liên kết với tiền miền, trong khi đó ngăn không cho tiền miền định hướng lại để cho phép PCSK9 liên kết với LDLR. Theo một số phương án, ABP liên kết trong cùng một epitop giống như xung quanh các gốc 149-152 của tiền miền trong tài liệu của Piper và đồng tác giả. Theo một số phương án, ABP liên kết với rãnh (như được mô tả trong tài liệu của Piper và đồng tác giả) trên miền V. Theo một số phương án, ABP liên kết với mảnh nối giàu histidin ở gần rãnh trên miền V. Theo một số phương án, kháng thể này (mà liên kết với miền V) là không trung hòa. Theo một số phương án, kháng thể mà liên kết với miền V là trung hòa. Theo một số phương án, ABP trung hòa ngăn chặn sự liên kết của PCSK9 với LDLR. Theo một số phương án, ABP trung hòa, trong khi ngăn chặn sự phân hủy LDLR bởi PCSK9, không ngăn chặn sự liên kết của PCSK9 với LDLR (ví dụ, ABP 31A4). Theo

một số phương án, ABP liên kết với hoặc phong bế ít nhất một trong số các histidin được thể hiện trên Fig.4 nêu trong tài liệu của Piper và đồng tác giả. Theo một số phương án, ABP phong bế bộ ba xúc tác trong PCSK9.

Theo một số phương án, kháng thể liên kết chọn lọc với protein PCSK9 biến thể, ví dụ, D374Y so với PCSK9 kiểu dại. Theo một số phương án, kháng thể này liên kết với biến thể mạnh hơn ít nhất hai lần so với kiểu dại, và tốt hơn là mạnh hơn 2-5, 5-10, 10-100, 100-1000, 1000-10000 lần hoặc hơn với thể đột biến so với kiểu dại (được đo thông qua K_d). Theo một số phương án, kháng thể ức chế chọn lọc D374Y PCSK9 biến thể không cho tương tác với LDLR so với khả năng tương tác với LDLR của PCSK9 kiểu dại. Theo một số phương án, kháng thể này phong bế khả năng liên kết của biến thể với LDLR mạnh hơn so với khả năng của kiểu dại, ví dụ, mạnh hơn ít nhất hai lần so với kiểu dại, và tốt hơn là mạnh hơn 2-5, 5-10, 10-100, 100-1000 lần hoặc hơn với thể đột biến so với kiểu dại (được đo thông qua IC_{50}). Theo một số phương án, kháng thể này liên kết với và làm trung hòa cả PCSK9 kiểu dại và các dạng biến thể của PCSK9, như D374Y với mức độ tương tự. Theo một số phương án, kháng thể này liên kết với PCSK9 để ngăn không cho biến thể của LDLR liên kết với PCSK9. Theo một số phương án, biến thể của LDLR giống ít nhất 50% với LDLR của người. Cần phải lưu ý rằng biến thể của LDLR là đã biết đối với người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực (ví dụ, Brown MS et al, "Cancium cages, acid baths and recycling receptors" Nature 388: 629-630, 1997). Theo một số phương án, ABP có thể làm tăng lượng LDLR hiệu dụng trong chứng tăng cholesterol-huyết dị hợp tử có yếu tố gia đình (trong đó có mặt biến thể mất chức năng của LDLR).

Theo một số phương án, ABP liên kết với (nhưng không phong bế) biến thể của PCSK9 mà có phần trăm độ đồng nhất là ít nhất 50%, 50-60%, 60-70%, 70-80%, 80-90%, 90-95%, 95-99% hoặc hơn với dạng PCSK9 được thể hiện trên Fig.1A và/hoặc Fig.1B. Theo một số phương án, ABP liên kết với (nhưng không phong bế) biến thể của PCSK9 mà có phần trăm độ đồng nhất là ít nhất 50%, 50-60%, 60-70%, 70-80%, 80-90%, 90-95%, 95-99% hoặc hơn với dạng trưởng thành của PCSK9 được thể hiện trên Fig.1A và/hoặc Fig.1B. Theo một số phương án, ABP liên kết với và ngăn chặn biến thể của

PCSK9 mà có phần trăm độ đồng nhất là ít nhất 50%, 50-60%, 60-70%, 70-80%, 80-90%, 90-95%, 95-99% hoặc hơn với dạng PCSK9 được thể hiện trên Fig.1A và/hoặc Fig.1B không cho tương tác với LDLR. Theo một số phương án, ABP liên kết với và ngăn chặn biến thể của PCSK9 mà có phần trăm độ đồng nhất là ít nhất 50%, 50-60%, 60-70%, 70-80%, 80-90%, 90-95%, 95-99% hoặc hơn với dạng trưởng thành của PCSK9 được thể hiện trên Fig.1B không cho tương tác với LDLR. Theo một số phương án, biến thể của PCSK9 là biến thể của người, như biến thể tại vị trí 474, E620G và/hoặc E670G. Theo một số phương án, axit amin tại vị trí 474 là valin (như ở những người khác) hoặc threonin (như ở khỉ cynomolgus và chuột nhắt). Dựa vào dữ liệu về khả năng phản ứng chéo nêu trong bản mô tả này, kháng thể theo sáng chế được tin là dễ dàng liên kết với các biến thể nêu trên.

Theo một số phương án, ABP liên kết với epitop mà liên kết với một trong số kháng thể nêu trong bảng 2. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên này liên kết với trạng thái cấu dạng đặc hiệu của PCSK9 để ngăn không cho PCSK9 tương tác với LDLR.

Protein liên kết kháng nguyên (ví dụ, kháng thể) được làm giống như của người

Trong bản mô tả này, protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9 có thể bao gồm kháng thể được làm giống như của người và/hoặc phần của chúng. Một ứng dụng thực tiễn quan trọng của chiến lược này là "việc làm giống như của người" đối với hệ miễn dịch thể dịch của chuột nhắt.

Theo một số phương án, kháng thể được làm giống như của người về cơ bản không gây miễn dịch ở người. Theo một số phương án, kháng thể được làm giống như của người về cơ bản có ái lực đối với đích giống như kháng thể từ loài khác mà kháng thể được làm giống như của người này thu được từ đó. Ví dụ, xem patent Mỹ số 5,530,101, patent Mỹ số 5,693,761; patent Mỹ số 5,693,762; patent Mỹ số 5,585,089.

Theo một số phương án, các axit amin của miền biến đổi kháng thể mà có thể được cải biến mà không làm giảm ái lực nguyên gốc của miền liên kết kháng nguyên trong khi

làm giảm tính sinh miễn dịch của nó được nhận diện. Ví dụ, xem các patent Mỹ số 5,766,886 và 5,869,619.

Theo một số phương án, việc cải biến kháng thể bằng các phương pháp đã biết trong lĩnh vực thường được thiết kế để làm tăng ái lực liên kết đối với đích và/hoặc làm giảm tính sinh miễn dịch của kháng thể ở đối tượng nhận. Theo một số phương án, kháng thể được làm giống như của người được cải biến để loại bỏ các vị trí glycosyl hóa để làm tăng ái lực của kháng thể đối với kháng nguyên cùng nguồn của nó. Ví dụ, xem tài liệu Co et al., Mol. Immunol., 30:1361-1367 (1993). Theo một số phương án, các kỹ thuật như "tái tạo hình dạng", "siêu khảm hóa" hoặc "tạo mã bề ngoài/làm lại bề mặt" được sử dụng để tạo ra kháng thể được làm giống như của người. Ví dụ, xem tài liệu Vaswami et al., Annals of Allergy, Asthma, & Immunol. 81:105 (1998); Roguska et al., Prot. Engineer., 9:895-904 (1996); và patent Mỹ số 6,072,035. Theo một số phương án, các kỹ thuật này thường làm giảm tính sinh miễn dịch của kháng thể bằng cách làm giảm số lượng các gốc ngoại lai, nhưng không ngăn chặn các đáp ứng kháng idiotyp và kháng dị kiểu sau khi sử dụng lặp lại kháng thể. Một số phương pháp khác để làm giảm tính sinh miễn dịch được mô tả, ví dụ, trong tài liệu Gilliland et al., J. Immunol., 62(6): 3663-71 (1999).

Trong một số trường hợp nhất định, việc làm các kháng thể giống như của người làm mất khả năng liên kết kháng nguyên. Theo một số phương án, kháng thể được làm giống như của người "được gây đột biến ngược". Theo một số phương án, kháng thể được làm giống như của người được gây đột biến để chứa một hoặc nhiều gốc axit amin được phát hiện thấy ở kháng thể cho. Ví dụ, xem tài liệu Saldanha et al., Mol Immunol 36:709-19 (1999).

Theo một số phương án, vùng quyết định bổ thể (CDR) của vùng biến đổi chuỗi nhẹ và chuỗi nặng của kháng thể đối với PCSK9 có thể được ghép vào vùng khung (FR) từ cùng một loài hoặc từ loài khác. Theo một số phương án, CDR của vùng biến đổi chuỗi nhẹ và chuỗi nặng của kháng thể đối với PCSK9 có thể được ghép vào FR liên ứng của người. Để tạo ra FR liên ứng của người, theo một số phương án, FR từ một số trình tự axit amin chuỗi nặng hoặc chuỗi nhẹ của người được sắp hàng để nhận diện trình tự axit amin

liên ứng. Theo một số phương án, FR của chuỗi nặng hoặc chuỗi nhẹ của kháng thể đối với PCSK9 được thay thế bằng FR từ chuỗi nặng hoặc chuỗi nhẹ khác. Theo một số phương án, các axit amin hiếm trong FR của chuỗi nặng và chuỗi nhẹ của kháng thể đối với PCSK9 không được thay thế, trong khi phần còn lại của các axit amin FR được thay thế. Axit amin hiếm là axit amin đặc biệt ở vị trí mà tại đó chúng thường không được phát hiện thấy trong FR. Theo một số phương án, vùng biến đổi được ghép từ kháng thể đối với PCSK9 có thể được sử dụng cùng với vùng cố định khác với vùng cố định của kháng thể đối với PCSK9. Theo một số phương án, vùng biến đổi được ghép là một phần của kháng thể Fv chuỗi đơn. Kỹ thuật ghép CDR được mô tả, ví dụ, trong các patent Mỹ số 6,180,370, 6,054,297, 5,693,762, 5,859,205, 5,693,761, 5,565,332, 5,585,089 và 5,530,101, và trong tài liệu Jones et al., Nature, 321: 522-525 (1986); Riechmann et al., Nature, 332: 323-327 (1988); Verhoeyen et al., Science, 239:1534-1536 (1988), Winter, FEBS Letts., 430:92-94 (1998), các tài liệu này được đưa vào bản mô tả này bằng cách viện dẫn cho mục đích bất kỳ.

Protein liên kết kháng nguyên (ví dụ, kháng thể) của người

Trong bản mô tả này, protein liên kết kháng nguyên mà liên kết với PCSK9 có thể bao gồm kháng thể của người (tức là, kháng thể đầy đủ của người) và/hoặc phần của chúng. Theo một số phương án, trình tự nucleotit mã hóa, và trình tự axit amin chứa, phân tử globulin miễn dịch chuỗi nặng và chuỗi nhẹ, đặc biệt là trình tự tương ứng với vùng biến đổi được đề xuất. Theo một số phương án, trình tự tương ứng với vùng quyết định bổ thể (CDR), đặc biệt là từ CDR1 đến CDR3, được đề xuất. Theo một số phương án, dòng tế bào lai biểu hiện phân tử globulin miễn dịch này được đề xuất. Theo một số phương án, dòng tế bào lai biểu hiện kháng thể đơn dòng này được đề xuất. Theo một số phương án, dòng tế bào lai được chọn từ ít nhất một trong số các dòng tế bào nêu trong bảng 2, ví dụ, 21B12, 16F12 và 31H4. Theo một số phương án, kháng thể đơn dòng của người đối với PCSK9 của người đã được tinh chế được đề xuất.

Có thể thiết kế các chủng chuột nhắt không sản xuất kháng thể của chuột nhắt với các mảnh lớn của các locus Ig của người với dự đoán rằng các con chuột nhắt này sẽ tạo

ra các kháng thể của người với sự vắng mặt các kháng thể của chuột nhắt. Các mảnh Ig lớn của người có thể bảo tồn tính đa dạng của gen biến đổi lớn cũng như sự điều tiết thích hợp việc sản xuất và biểu hiện kháng thể. Nhờ khai thác bộ máy của chuột nhắt để đa dạng hóa và chọn lọc kháng thể và sự thiếu khả năng dung nạp miễn dịch đối với protein của người, kho kháng thể của người được tái sản xuất trong các chủng chuột nhắt này có thể thu được các kháng thể đầy đủ của người có ái lực cao kháng lại kháng nguyên đang quan tâm bất kỳ, bao gồm kháng nguyên của người. Bằng cách sử dụng công nghệ tế bào lai, MAb của người đặc hiệu kháng nguyên với tính đặc hiệu mong muốn có thể được tạo ra và được chọn lọc. Một số phương pháp tiêu biểu được mô tả trong WO 98/24893, patent Mỹ số 5,545,807, EP 546073 và EP 546073.

Theo một số phương án, có thể sử dụng vùng cố định từ loài không phải là người cùng với (các) vùng biến đổi của người.

Khả năng tách dòng và tái tạo cấu trúc các locus của người có kích cỡ megabazơ trong các nhiễm sắc thể nấm men nhân tạo (YAC: Yeast Artificial Chromosome) và khả năng đưa chúng vào dòng mầm của chuột nhắt cung cấp một phương pháp giúp làm sáng tỏ các thành phần chức năng của các locus rất lớn hoặc được lập bản đồ sơ sài cũng như tạo ra các mô hình hữu dụng cho các bệnh của người. Ngoài ra, việc sử dụng công nghệ này để thế các locus của chuột nhắt bằng các dạng tương đương ở người của chúng có thể cung cấp thông tin chi tiết về sự biểu hiện và sự điều tiết các sản phẩm gen của người trong quá trình phát triển, sự liên lạc của chúng với các hệ khác và sự tham gia của chúng vào quá trình gây bệnh và tiến triển bệnh.

Kháng thể của người tránh được một số vấn đề liên quan đến kháng thể mà có vùng biến đổi và/hoặc vùng cố định của chuột nhắt hoặc chuột Rattus. Sự có mặt của các protein có nguồn gốc từ chuột nhắt hoặc chuột Rattus này có thể dẫn đến sự thanh thải nhanh chóng các kháng thể này hoặc có thể dẫn đến sự tạo ra đáp ứng miễn dịch kháng lại kháng thể bởi bệnh nhân. Để tránh được việc sử dụng kháng thể có nguồn gốc từ chuột nhắt hoặc chuột Rattus, kháng thể đầy đủ của người có thể được tạo ra thông qua việc đưa các locus kháng thể chức năng của người vào động vật gặm nhấm, động vật có vú hoặc

động vật khác sao cho động vật gặm nhấm, động vật có vú hoặc động vật khác này tạo ra kháng thể đầy đủ của người.

Kháng thể được làm giống như của người là kháng thể mà, mặc dù lúc bắt đầu chứa các trình tự axit amin kháng thể mà không phải là người, có ít nhất một số trong số các trình tự axit amin kháng thể không phải của người này được thay thế bằng trình tự kháng thể của người. Điều này trái ngược với kháng thể của người, trong đó kháng thể này được mã hóa (hoặc có khả năng được mã hóa) bằng các gen mà loài người có.

Biến thể của protein liên kết kháng nguyên

Các biến thể khác được đề xuất là các biến thể của các ABP được liệt kê ở trên được tạo ra bằng cách kết hợp hoặc phân nhỏ chuỗi nặng biến đổi và chuỗi nhẹ biến đổi được thể hiện trong bảng 2 và chứa chuỗi nhẹ biến đổi và/hoặc chuỗi nặng biến đổi có độ đồng nhất là ít nhất 50%, 50-60%, 60-70%, 70-80%, 80-85%, 85-90%, 90-95%, 95-97%, 97-99% hoặc trên 99% với các trình tự axit amin trong số các trình tự trong bảng 2 (toàn bộ trình tự hoặc một phần nhỏ của trình tự, ví dụ, một hoặc nhiều CDR). Trong một số trường hợp, kháng thể này chứa ít nhất một chuỗi nặng và một chuỗi nhẹ, trong khi trong các trường hợp khác, dạng biến thể chứa hai chuỗi nhẹ giống nhau và hai chuỗi nặng giống nhau (hoặc phần nhỏ của chúng). Theo một số phương án, sự so sánh trình tự trên Fig.2A-Fig.3D (và Fig.13A-Fig.13J và các phương án khác được thể hiện trên Fig.15A-Fig.15D) có thể được sử dụng để nhận diện các phần của kháng thể mà có thể được cải biến bằng cách quan sát các biến đổi mà gây ảnh hưởng đến sự liên kết và các biến đổi mà không có vẻ là gây ảnh hưởng đến sự liên kết. Ví dụ, bằng cách so sánh các trình tự tương tự, có thể nhận diện được các phần (ví dụ, các axit amin cụ thể) mà có thể được cải biến và chúng có thể được cải biến như thế nào trong khi vẫn giữ được (hoặc cải thiện) chức năng của ABP. Theo một số phương án, biến thể của ABP bao gồm trình tự và nhóm liên ứng được thể hiện trên Fig.13A, Fig.13C, Fig.13F, Fig.13G, Fig.13H, Fig.13I và/hoặc Fig.13J và các biến đổi được cho phép thực hiện ở các vị trí được nhận diện là biến đổi trên các hình vẽ này. Các CDR được thể hiện trên Fig.13A, Fig.13C, Fig.13F và Fig.13G được xác định dựa vào sự kết hợp lai ghép của phương pháp Chothia (dựa vào vị trí của

các vùng thòng lọng cấu trúc, ví dụ, xem tài liệu "Standard conformations for the canonical structures of immunoglobulins", Bissan Al-Lazikani, Arthur M. Lesk and Cyrus Chothia, Journal of Molecular Biology, 273(4): 927-948, 7 November (1997)) và phương pháp Kabat (dựa vào khả năng biến đổi trình tự, ví dụ, xem tài liệu Sequences of Proteins of Immunological Interest, Fifth Edition. NIH Publication No. 91-3242, Kabat et al., (1991)). Mỗi gốc xác định được bằng một trong hai phương pháp được đưa vào trong danh sách cuối cùng của các gốc CDR (và được thể hiện trên Fig.13A, Fig.13C, Fig.13F và Fig.13G). Các CDR trên Fig.13H, Fig.13I và Fig.13J được thu nhận chỉ bằng phương pháp Kabat riêng lẻ. Trừ khi có quy định cụ thể khác, các trình tự liên ứng, CDR và FR xác định được trên Fig.13H-Fig.13J sẽ quy định và điều chỉnh các CDR và FR được chú thích đối với ABP được tham chiếu trên Fig.13.

Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên chứa chuỗi nặng chứa vùng biến đổi có trình tự axit amin giống ít nhất 90% với trình tự axit amin được chọn từ ít nhất một trong số các trình tự của SEQ ID NO: 74, 85, 71, 72, 67, 87, 58, 52, 51, 53, 48, 54, 55, 56, 49, 57, 50, 91, 64, 62, 89, 65, 79, 80, 76, 77, 78, 83, 69, 81 và 60. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên chứa chuỗi nặng chứa vùng biến đổi có trình tự axit amin giống ít nhất 95% với trình tự axit amin được chọn từ ít nhất một trong số các trình tự của SEQ ID NO: 74, 85, 71, 72, 67, 87, 58, 52, 51, 53, 48, 54, 55, 56, 49, 57, 50, 91, 64, 62, 89, 65, 79, 80, 76, 77, 78, 83, 69, 81 và 60. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên chứa chuỗi nặng chứa vùng biến đổi có trình tự axit amin giống ít nhất 99% với trình tự axit amin được chọn từ ít nhất một trong số các trình tự của SEQ ID NO: 74, 85, 71, 72, 67, 87, 58, 52, 51, 53, 48, 54, 55, 56, 49, 57, 50, 91, 64, 62, 89, 65, 79, 80, 76, 77, 78, 83, 69, 81 và 60.

Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên chứa trình tự giống ít nhất 90%, 90-95% và/hoặc 95-99% với một hoặc nhiều CDR từ các CDR trong ít nhất một trong số các trình tự của SEQ ID NO: 74, 85, 71, 72, 67, 87, 58, 52, 51, 53, 48, 54, 55, 56, 49, 57, 50, 91, 64, 62, 89, 65, 79, 80, 76, 77, 78, 83, 69, 81 và 60. Theo một số phương án, 1, 2, 3, 4, 5 hoặc 6 CDR (mỗi CDR giống ít nhất 90%, 90-95% và/hoặc 95-99% với các trình tự nêu trên) là có mặt.

Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên chứa trình tự giống ít nhất 90%, 90-95% và/hoặc 95-99% với một hoặc nhiều FR từ các FR trong ít nhất một trong số các trình tự của SEQ ID NO: 74, 85, 71, 72, 67, 87, 58, 52, 51, 53, 48, 54, 55, 56, 49, 57, 50, 91, 64, 62, 89, 65, 79, 80, 76, 77, 78, 83, 69, 81 và 60. Theo một số phương án, 1, 2, 3 hoặc 4 FR (mỗi FR giống ít nhất 90%, 90-95% và/hoặc 95-99% với các trình tự nêu trên) là có mặt.

Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên chứa chuỗi nhẹ chứa vùng biến đổi có trình tự axit amin giống ít nhất 90% với trình tự axit amin được chọn từ ít nhất một trong số các trình tự của SEQ ID NO: 5, 7, 9, 10, 12, 13, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 26, 28, 30, 31, 32, 33, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 42, 44 và 46. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên chứa chuỗi nhẹ chứa vùng biến đổi có trình tự axit amin giống ít nhất 95% với trình tự axit amin được chọn từ ít nhất một trong số các trình tự của SEQ ID NO: 5, 7, 9, 10, 12, 13, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 26, 28, 30, 31, 32, 33, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 42, 44 và 46. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên chứa chuỗi nhẹ chứa vùng biến đổi có trình tự axit amin giống ít nhất 99% với trình tự axit amin được chọn từ ít nhất một trong số các trình tự của SEQ ID NO: 5, 7, 9, 10, 12, 13, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 26, 28, 30, 31, 32, 33, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 42, 44 và 46.

Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên chứa trình tự giống ít nhất 90%, 90-95% và/hoặc 95-99% với một hoặc nhiều CDR từ các CDR trong ít nhất một trong số các trình tự của SEQ ID NO: 5, 7, 9, 10, 12, 13, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 26, 28, 30, 31, 32, 33, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 42, 44 và 46. Theo một số phương án, 1, 2, 3, 4, 5 hoặc 6 CDR (mỗi CDR giống ít nhất 90%, 90-95% và/hoặc 95-99% với các trình tự nêu trên) là có mặt.

Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên chứa trình tự giống ít nhất 90%, 90-95% và/hoặc 95-99% với một hoặc nhiều FR từ các FR trong ít nhất một trong số các trình tự của SEQ ID NO: 5, 7, 9, 10, 12, 13, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 26, 28, 30, 31, 32, 33, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 42, 44 và 46. Theo một số phương án, 1, 2, 3

hoặc 4 FR (mỗi FR giống ít nhất 90%, 90-95% và/hoặc 95-99% với các trình tự nêu trên) là có mặt.

Dựa vào bản mô tả này, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ có thể xác định được các biến thể thích hợp của ABP nêu trong bản mô tả này bằng cách sử dụng các kỹ thuật đã biết rõ. Theo một số phương án, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực có thể nhận diện các vùng thích hợp của phân tử mà có thể thay đổi được mà không phá hủy hoạt tính bằng cách nhắm đích các vùng không được cho là quan trọng đối với hoạt tính. Theo một số phương án, có thể nhận diện các gốc và các phần của phân tử mà được bảo toàn giữa các polypeptit tương tự. Theo một số phương án, thậm chí các vùng mà có thể là quan trọng đối với hoạt tính sinh học hoặc đối với cấu trúc cũng có thể được thế axit amin bảo toàn mà không phá hủy hoạt tính sinh học hoặc không gây ảnh hưởng bất lợi cho cấu trúc polypeptit.

Ngoài ra, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực có thể xem xét lại các nghiên cứu về cấu trúc-chức năng mà nhận diện các gốc trong các polypeptit tương tự mà quan trọng đối với hoạt tính hoặc cấu trúc. Với sự so sánh này, có thể dự đoán tầm quan trọng của các gốc axit amin trong protein mà tương ứng với các gốc axit amin quan trọng đối với hoạt tính hoặc cấu trúc trong các protein tương tự. Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực có thể lựa chọn các đột biến thế axit amin tương tự về mặt hóa học cho các gốc axit amin quan trọng đã được dự đoán này.

Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực cũng có thể phân tích cấu trúc ba chiều và trình tự axit amin liên quan đến cấu trúc trong các ABP tương tự. Với thông tin này, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực có thể dự đoán sự sắp hàng của các gốc axit amin của kháng thể liên quan đến cấu trúc ba chiều của nó. Theo một số phương án, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực có thể lựa chọn không tạo ra các thay đổi hoàn toàn đối với các gốc axit amin được dự đoán là ở trên bề mặt của protein, vì các gốc này có thể tham gia vào các tương tác quan trọng với các phân tử khác. Ngoài ra, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực có thể tạo ra các biến thể thử nghiệm chứa một đột biến thế axit amin đơn lẻ tại mỗi gốc axit amin mong muốn. Biến thể này sau đó có thể

được sàng lọc bằng cách sử dụng các thử nghiệm về hoạt tính đã biết đối với người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực. Biến thể này có thể được sử dụng để thu thập thông tin về các biến thể thích hợp. Ví dụ, nếu phát hiện ra rằng một thay đổi đối với gốc axit amin cụ thể sẽ làm cho hoạt tính bị phá hủy, bị giảm không mong muốn hoặc không thích hợp, thì biến thể với thay đổi đó có thể được tránh. Nói cách khác, dựa vào thông tin thu được từ các thí nghiệm thông dụng này, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực có thể dễ dàng xác định được các axit amin mà các đột biến tiếp theo tại đó cần được tránh ở dạng đơn lẻ hoặc ở dạng kết hợp với các đột biến khác.

Có nhiều công bố khoa học về việc dự đoán cấu trúc bậc hai. Xem tài liệu Moult J., Curr. Op. in Biotech., 7(4):422-427 (1996), Chou et al., Biochemistry, 13(2):222-245 (1974); Chou et al., Biochemistry, 113(2):211-222 (1974); Chou et al., Adv. Enzymol. Relat. Areas Mol. Biol., 47:45-148 (1978); Chou et al., Ann. Rev. Biochem., 47:251-276 và Chou et al., Biophys. J., 26:367-384 (1979). Ngoài ra, các chương trình máy tính hiện cũng đã có sẵn để hỗ trợ cho việc dự đoán cấu trúc bậc hai. Một phương pháp dự đoán cấu trúc bậc hai là dựa vào việc lập mô hình độ tương đồng. Ví dụ, hai polypeptit hoặc protein mà có độ đồng nhất trình tự lớn hơn 30%, hoặc độ tương tự lớn hơn 40% thường có các cấu trúc liên kết tương tự. Sự phát triển gần đây của các cơ sở dữ liệu cấu trúc protein (PDB) đã cung cấp khả năng dự đoán cao hơn đối với cấu trúc bậc hai, bao gồm số lượng nếp gấp có thể có trong cấu trúc của polypeptit hoặc protein. Xem tài liệu Holm et al., Nucl. Acid. Res., 27(1):244-247 (1999). Có gợi ý (Brenner et al., Curr. Op. Struct. Biol., 7(3):369-376 (1997)) rằng có số lượng nếp gấp giới hạn trong một polypeptit hoặc protein cụ thể, và khi số lượng cấu trúc đáng kể đã được giải quyết, thì sự dự đoán cấu trúc sẽ trở nên chính xác hơn đáng kể.

Các phương pháp khác để dự đoán cấu trúc bậc hai bao gồm "xâu chuỗi" (Jones, D., Curr. Opin. Struct. Biol., 7(3):377-87 (1997); Sippl et al., Structure, 4(1):15-19 (1996)), "phân tích nét đặc trưng" (Bowie et al., Science, 253:164-170 (1991); Gribskov et al., Meth. Enzym., 183:146-159 (1990); Gribskov et al., Proc. Nat. Acad. Sci. USA, 84(13):4355-4358 (1987)), và "liên kết tiến hóa" (See Holm, nêu trên (1999), và Brenner, nêu trên (1997)).

Theo một số phương án, biến thể của protein liên kết kháng nguyên bao gồm biến thể glycosyl hóa trong đó số lượng và/hoặc kiểu vị trí glycosyl hóa được làm thay đổi so với trình tự axit amin của polypeptit gốc. Theo một số phương án, biến thể protein chứa số lượng lớn hơn hoặc nhỏ hơn của các vị trí glycosyl hóa liên kết N so với protein nguyên gốc. Vị trí glycosyl hóa liên kết N được mô tả bởi trình tự: Asn-X-Ser hoặc Asn-X-Thr, trong đó gốc axit amin được ký hiệu là X có thể là gốc axit amin bất kỳ ngoại trừ prolin. Việc thế gốc axit amin để tạo ra trình tự này tạo ra vị trí mới tiềm năng để bổ sung chuỗi hydrat cacbon liên kết N. Theo cách khác, việc thế mà loại bỏ trình tự này sẽ loại bỏ chuỗi hydrat cacbon liên kết N hiện có. Sáng chế cũng đề cập đến việc tái sắp xếp các chuỗi hydrat cacbon liên kết N trong đó một hoặc nhiều vị trí glycosyl hóa liên kết N (thường là vị trí glycosyl hóa liên kết N có trong tự nhiên) được loại bỏ và một hoặc nhiều vị trí liên kết N mới được tạo ra. Các biến thể kháng thể được ưu tiên khác bao gồm biến thể xystein trong đó một hoặc nhiều gốc xystein được làm khuyết ra khỏi hoặc được thế cho axit amin khác (ví dụ, serin) so với trình tự axit amin gốc. Biến thể xystein có thể là hữu dụng khi kháng thể phải được gấp cuộn lại thành cấu dạng có hoạt tính sinh học như sau khi phân tách thể vùi không tan. Biến thể xystein thường có ít gốc xystein hơn so với protein nguyên gốc, và thường có số lượng chẵn để giảm thiểu các tương tác gây ra bởi các xystein không bắt cặp.

Theo một số phương án, đột biến thế axit amin là đột biến thế: (1) làm giảm tính mẫn cảm đối với sự phân giải protein, (2) làm giảm tính mẫn cảm đối với sự oxy hóa, (3) làm thay đổi ái lực liên kết để tạo ra phức hợp protein, (4) làm thay đổi ái lực liên kết và/hoặc (5) tạo ra hoặc làm biến đổi các tính chất lý hóa hoặc chức năng khác cho polypeptit này. Theo một số phương án, một hoặc nhiều đột biến thế axit amin (theo một số phương án, đột biến thế axit amin bảo toàn) có thể được tạo ra trong trình tự có trong tự nhiên trình tự (theo một số phương án, trong phần của polypeptit bên ngoài (các) miền tạo thành các tiếp xúc liên phân tử). Theo một số phương án, đột biến thế axit amin bảo toàn thường có thể không làm thay đổi đáng kể các đặc tính cấu trúc của trình tự gốc (ví dụ, axit amin thay thế không nên có xu hướng phá vỡ chuỗi xoắn ốc xuất hiện trong trình tự gốc, hoặc phá vỡ các dạng cấu trúc bậc hai khác đặc trưng cho trình tự gốc). Các ví dụ

về cấu trúc bậc hai và bậc ba của polypeptit đã được công nhận trong lĩnh vực được mô tả trong tài liệu Proteins, Structures and Molecular Principles (Creighton, Ed., W. H. Freeman and Company, New York (1984)); Introduction to Protein Structure (C. Branden & J. Tooze, eds., Garland Publishing, New York, N.Y. (1991)); và Thornton et al., Nature, 354:105 (1991), mỗi tài liệu này được đưa vào bản mô tả này bằng cách viện dẫn.

Theo một số phương án, biến thể là biến thể của trình tự axit nucleic của ABP nêu trong bản mô tả này. Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng phần mô tả nêu trên có thể được sử dụng để nhận diện, đánh giá và tạo ra biến thể protein ABP và cho cả trình tự axit nucleic mà có thể mã hóa cho biến thể protein này. Do đó, trình tự axit nucleic mã hóa cho biến thể protein (cũng như trình tự axit nucleic mã hóa cho ABP trong bảng 2, nhưng khác với trình tự axit nucleic được nêu cụ thể trong bản mô tả này) được đề xuất. Ví dụ, biến thể ABP có thể có độ đồng nhất là ít nhất 80, 80-85, 85-90, 90-95, 95-97, 97-99 hoặc lớn hơn với ít nhất một trình tự axit nucleic nêu trong các SEQ ID NO: 152, 153, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, 100, 101, 102, 103, 104, 105, 106, 107, 108, 109, 110, 111, 112, 113, 114, 115, 116, 117, 118, 119, 120, 121, 122, 123, 124, 125, 126, 127, 128, 129, 130, 131, 132, 133, 134, 135, 136, 137, 138, 139, 140, 141, 142, 143, 144, 145, 146, 147, 148, 149, 150, 151 hoặc ít nhất một đến sáu (và các tổ hợp khác nhau của chúng) trong số (các) CDR được mã hóa bởi các trình tự axit nucleic trong các SEQ ID NO: 152, 153, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, 100, 101, 102, 103, 104, 105, 106, 107, 108, 109, 110, 111, 112, 113, 114, 115, 116, 117, 118, 119, 120, 121, 122, 123, 124, 125, 126, 127, 128, 129, 130, 131, 132, 133, 134, 135, 136, 137, 138, 139, 140, 141, 142, 143, 144, 145, 146, 147, 148, 149, 150 và 151.

Theo một số phương án, kháng thể (hoặc trình tự axit nucleic mã hóa nó) là biến thể nếu trình tự axit nucleic mà mã hóa ABP cụ thể (hoặc chính trình tự axit nucleic này) có thể lai chọn lọc với trình tự axit nucleic bất kỳ trong số các trình tự axit nucleic mã hóa các protein trong bảng 2 (như, nhưng không giới hạn ở, SEQ ID NO: 152, 153, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, 100, 101, 102, 103, 104, 105, 106, 107, 108, 109, 110, 111, 112, 113, 114, 115, 116, 117, 118, 119, 120, 121, 122, 123, 124, 125, 126, 127, 128, 129, 130, 131, 132, 133, 134, 135, 136, 137, 138, 139, 140, 141, 142, 143, 144, 145, 146, 147, 148, 149,

150 và 151) trong điều kiện nghiêm ngặt. Theo một phương án, điều kiện nghiêm ngặt trung bình thích hợp bao gồm rửa sơ bộ trong dung dịch chứa 5XSSC; SDS 0,5%, EDTA 1,0 mM (độ pH=8:0); lai ở 50°C, -65°C, 5xSSC, qua đêm hoặc, trong trường hợp có tính tương đồng chéo loài, ở 45°C với 0,5xSSC; sau đó rửa hai lần ở 65°C trong 20 phút bằng mỗi trong số 2x, 0,5x và 0,2xSSC chứa SDS 0,1%. Trình tự ADN lai này cũng thuộc phạm vi của sáng chế, như các trình tự nucleotit mà, nhờ sự thoái hóa mã, mã hóa kháng thể polypeptit mà được mã hóa bởi trình tự ADN lai và trình tự axit amin mà được mã hóa bởi trình tự axit nucleic này. Theo một số phương án, biến thể của CDR chứa trình tự axit nucleic và trình tự axit amin được mã hóa bởi các trình tự mà lai với một hoặc nhiều CDR nằm trong trình tự nêu trên (các CDR riêng lẻ có thể được xác định dễ dàng dựa vào Fig.2A-Fig.3D, và các phương án khác trên Fig.3CCC-Fig.3JJJ và Fig.15A-Fig.15D). Cụm từ "lai chọn lọc" trong bản mô tả này có nghĩa là liên kết chọn lọc mà có thể dò được. Polynucleotit, oligonucleotit và mảnh của chúng theo sáng chế lai chọn lọc với sợi axit nucleic trong điều kiện lai và rửa mà tối thiểu hóa lượng đáng kể của liên kết có thể dò được với axit nucleic không đặc hiệu. Điều kiện nghiêm ngặt cao có thể được sử dụng để đạt được điều kiện lai chọn lọc như đã biết trong lĩnh vực và được nêu trong bản mô tả này. Thông thường, độ tương đồng trình tự axit nucleic giữa polynucleotit, oligonucleotit và mảnh theo sáng chế và trình tự axit nucleic đang quan tâm sẽ là ít nhất 80%, và thông thường hơn là có độ tương đồng tốt hơn là tăng lên là ít nhất 85%, 90%, 95%, 99% và 100%. Hai trình tự axit amin là tương đồng nếu có độ đồng nhất một phần hoặc hoàn toàn giữa các trình tự của chúng. Ví dụ, độ tương đồng 85% có nghĩa là 85% số axit amin là giống nhau khi hai trình tự được sắp hàng để có ghép cặp tối đa. Các khoảng trống (trong một trong số hai trình tự được ghép cặp) được cho phép có mặt để tối đa hóa sự ghép cặp; độ dài khoảng trống là 5 hoặc nhỏ hơn được ưu tiên, với 2 hoặc nhỏ hơn được ưu tiên hơn. Theo cách khác và tốt hơn là, hai trình tự protein (hoặc trình tự polypeptit thu được từ chúng có độ dài là ít nhất 30 axit amin) là tương đồng, như thuật ngữ này được sử dụng trong bản mô tả này, nếu chúng có điểm số sắp hàng lớn hơn 5 (ở đơn vị độ lệch chuẩn) bằng cách sử dụng chương trình ALIGN với ma trận dữ liệu đột biến và điểm phạt khoảng trống là 6 hoặc lớn hơn. Xem tài liệu Dayhoff, M. O., in Atlas of Protein Sequence and Structure, pp. 101-110 (Volume 5, National Biomedical Research

Foundation (1972)) và Supplement 2 cho tập này, pp. 1-10. Hai trình tự hoặc các phần của chúng tốt hơn nữa là tương đồng nếu các axit amin của chúng giống nhau lớn hơn hoặc bằng 50% khi được sắp hàng tối ưu bằng cách sử dụng chương trình ALIGN. Thuật ngữ "tương đương với" trong bản mô tả này có nghĩa là trình tự polynucleotit tương đồng (tức là, giống, không liên quan về mặt tiến hóa một cách nghiêm ngặt) với toàn bộ hoặc một phần của trình tự polynucleotit tham chiếu, hoặc trình tự polypeptit này giống với trình tự polypeptit tham chiếu. Ngược lại, thuật ngữ "bổ sung cho" trong bản mô tả này có nghĩa là trình tự bổ sung là tương đồng với toàn bộ hoặc một phần của trình tự polynucleotit tham chiếu. Để minh họa, trình tự nucleotit "TATAC" tương đương với trình tự tham chiếu"TATAC" và bổ sung cho trình tự tham chiếu "GTATA".

Tạo protein liên kết kháng nguyên (ví dụ, kháng thể)

Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên (như kháng thể) được tạo ra bằng cách gây miễn dịch bằng kháng nguyên (ví dụ, PCSK9). Theo một số phương án, kháng thể có thể được tạo ra bằng cách gây miễn dịch bằng PCSK9 nguyên chiều dài, dạng tan được của PCSK9, miền xúc tác đơn lẻ, dạng trưởng thành của PCSK9 được thể hiện trên Fig.1A, dạng biến thể ghép của PCSK9, hoặc mảnh của chúng. Theo một số phương án, kháng thể theo sáng chế có thể là kháng thể đa dòng hoặc kháng thể đơn dòng, và/hoặc có thể là kháng thể tái tổ hợp. Theo một số phương án, kháng thể theo sáng chế là kháng thể của người được tạo ra, ví dụ, bằng cách gây miễn dịch cho động vật chuyển gen có khả năng tạo ra kháng thể của người (ví dụ, xem công bố đơn PCT số WO 93/12227).

Theo một số phương án, một số chiến lược có thể được sử dụng để thao tác các tính chất cố hữu của kháng thể, như ái lực của kháng thể đối với đích của nó. Các chiến lược này bao gồm, nhưng không giới hạn ở, việc sử dụng kỹ thuật gây đột biến đặc hiệu vị trí hoặc gây đột biến ngẫu nhiên trong phân tử polynucleotit mã hóa kháng thể để tạo ra biến thể của kháng thể. Theo một số phương án, sau bước tạo ra này là bước sàng lọc các biến thể của kháng thể mà có sự thay đổi mong muốn, ví dụ ái lượng tăng hoặc giảm.

Theo một số phương án, gốc axit amin được nhắm đích trong chiến lược gây đột biến là gốc trong CDR. Theo một số phương án, axit amin trong vùng khung của miền biến đổi được nhắm đích. Theo một số phương án, vùng khung này được cho thấy là góp phần vào các tính chất liên kết với đích của các kháng thể nhất định. Ví dụ, xem tài liệu Hudson, Curr. Opin. Biotech., 9:395-402 (1999) và các tài liệu tham khảo trong đó.

Theo một số phương án, các thư viện được sàng lọc nhỏ hơn và có hiệu quả hơn của các biến thể của kháng thể được tạo ra bằng cách giới hạn việc gây đột biến định hướng điểm hoặc gây đột biến ngẫu nhiên ở các vị trí siêu đột biến trong CDR, là các vị trí tương ứng với các vùng dễ bị đột biến trong quá trình trưởng thành ái lực sinh dưỡng. Ví dụ, xem tài liệu Chowdhury & Pastan, Nature Biotech., 17: 568-572 (1999) và các tài liệu tham khảo trong đó. Theo một số phương án, một số loại thành phần ADN có thể được sử dụng để nhận diện vị trí siêu đột biến bao gồm, nhưng không giới hạn ở, một số phần lặp lại trực tiếp và đảo ngược, một số trình tự liên ứng, một số cấu trúc bậc hai và một số palindrom. Ví dụ, thành phần ADN mà có thể được sử dụng để nhận diện vị trí siêu đột biến bao gồm, nhưng không giới hạn ở, trình tự tetrabazơ chứa purin (A hoặc G), theo sau là guainin (G), theo sau là pyrimidin (C hoặc T), theo sau là adenosin hoặc thymidin (A hoặc T) (tức là, A/G-G-C/T-A/T). Ví dụ khác về thành phần ADN mà có thể được sử dụng để nhận diện vị trí siêu đột biến là codon serin, A-G-C/T.

Tạo ABP (ví dụ, kháng thể) đầy đủ của người

Theo một số phương án, kỹ thuật biểu hiện thể thực khuẩn được sử dụng để tạo ra kháng thể đơn dòng. Theo một số phương án, các kỹ thuật này tạo ra kháng thể đơn dòng đầy đủ của người. Theo một số phương án, polynucleotit mã hóa mảnh kháng thể Fab hoặc Fv đơn lẻ được biểu hiện trên bề mặt của hạt thể thực khuẩn. Ví dụ, xem tài liệu Hoogenboom et al., J. Mol. Biol., 227: 381 (1991); Marks et al., J Mol Biol 222: 581 (1991); patent Mỹ số 5,885,793. Theo một số phương án, thể thực khuẩn "được sàng lọc" để nhận diện mảnh kháng thể có ái lực đối với đích. Do đó, một số quy trình này bắt chước sự chọn lọc miễn dịch thông qua sự biểu hiện của kho mảnh kháng thể trên bề mặt của thể thực khuẩn dạng sợi, và sau đó chọn lọc thể thực khuẩn bằng sự liên kết với đích

của nó. Trong một số quy trình này, mảnh kháng thể chức năng trung hòa có ái lực cao được phân lập. Theo một số phương án (được mô tả chi tiết hơn dưới đây), kho đầy đủ của gen kháng thể của người được tạo ra bằng cách tách dòng gen V của người được tái sắp xếp một cách tự nhiên từ các lympho bào trong máu ngoại biên. Ví dụ, xem tài liệu Mullinax et al., Proc Natl Acad Sci (USA), 87: 8095-8099 (1990).

Theo một số phương án, kháng thể theo sáng chế được tạo ra bằng cách sử dụng chuột nhắt chuyển gen có phần đáng kể của hệ gen tạo ra kháng thể của người được cài xen vào nhưng được làm cho không tạo ra các kháng thể nội sinh của chuột nhắt. Sau đó, chuột nhắt này có khả năng tạo ra phân tử globulin miễn dịch và kháng thể của người và không tạo ra phân tử globulin miễn dịch và kháng thể của chuột nhắt. Các công nghệ được sử dụng để thu được kết quả này được bộc lộ trong các patent, các đơn yêu cầu cấp patent và các tài liệu trích dẫn được bộc lộ trong bản mô tả này. Theo một số phương án, có thể sử dụng các phương pháp như các phương pháp được bộc lộ trong công bố đơn PCT số WO 98/24893 hoặc trong tài liệu Mendez et al., Nature Genetics, 15:146-156 (1997), các tài liệu này được đưa vào bản mô tả này bằng cách viện dẫn cho mục đích bất kỳ.

Thông thường, ABP (ví dụ, kháng thể) đơn dòng đầy đủ của người đặc hiệu đối với PCSK9 có thể được tạo ra như sau. Chuột nhắt chuyển gen chứa gen globulin miễn dịch của người được gây miễn dịch bằng kháng nguyên đang quan tâm, ví dụ PCSK9, tế bào bạch huyết (như tế bào B) từ chuột nhắt biểu hiện kháng thể được thu nhận. Các tế bào thu hồi được này được dung hợp với dòng tế bào dạng tủy để tạo ra các dòng tế bào lai bất tử, và các dòng tế bào lai này được sàng lọc và được chọn lọc để nhận diện dòng tế bào tế bào lai mà sản xuất kháng thể đặc hiệu đối với kháng nguyên đang quan tâm. Theo một số phương án, phương pháp tạo ra dòng tế bào lai mà sản xuất kháng thể đặc hiệu đối với PCSK9 được đề xuất.

Theo một số phương án, kháng thể đầy đủ của người được tạo ra bằng cách cho tế bào lách của người (tế bào B hoặc tế bào T) tiếp xúc với kháng nguyên *in vitro*, và sau đó tái lập các tế bào đã được cho tiếp xúc này trong chuột nhắt đã được làm tổn thương miễn

dịch, ví dụ SCID hoặc nod/SCID. Ví dụ, xem tài liệu Brams et al., J.Immunol. 160: 2051-2058 (1998); Carballido et al., Nat. Med., 6: 103-106 (2000). Trong một số phương pháp này, việc ghép mô phôi thai của người vào chuột nhắt SCID (SCID-hu) gây ra sự tạo huyết kéo dài và sự phát triển tế bào T của người. Ví dụ, xem tài liệu McCune et al., Science, 241:1532-1639 (1988); Ifversen et al., Sem. Immunol., 8:243-248 (1996). Trong một số trường hợp nhất định, đáp ứng miễn dịch thể dịch ở chuột nhắt khảm này phụ thuộc vào sự phát triển đồng thời của tế bào T của người trong động vật này. Ví dụ, xem tài liệu Martensson et al., Immunol., 83:1271-179 (1994). Trong một số phương pháp, các lympho bào trong máu ngoại biên của người được cấy vào chuột nhắt SCID. Ví dụ, xem tài liệu Mosier et al., Nature, 335:256-259 (1988). Theo một số phương án, khi các tế bào đã được cấy này được xử lý bằng chất mồi, như Staphylococcal Enterotoxin A (SEA), hoặc bằng kháng thể đơn dòng kháng CD40 của người, phát hiện thấy mức độ sản xuất tế bào B cao. Ví dụ, xem tài liệu Martensson et al., Immunol., 84: 224-230 (1995); Murphy et al., Blood, 86:1946-1953 (1995).

Do đó, theo một số phương án, kháng thể đầy đủ của người có thể được tạo ra bằng cách biểu hiện ADN tái tổ hợp ở tế bào chủ hoặc bằng cách biểu hiện ở tế bào lai. Theo các phương án khác, kháng thể có thể được tạo ra bằng cách sử dụng kỹ thuật biểu hiện thể thực khuẩn nêu trong bản mô tả này.

Kháng thể nêu trong bản mô tả này được tạo ra bằng cách sử dụng công nghệ XenoMouse® nêu trong bản mô tả này. Sau đó, chuột nhắt này có khả năng tạo ra phân tử globulin miễn dịch và kháng thể của người và không tạo ra phân tử globulin miễn dịch và kháng thể của chuột nhắt. Các công nghệ được sử dụng để thu được kết quả này được bộc lộ trong các patent, đơn yêu cầu cấp patent và các tài liệu tham khảo được bộc lộ trong trong phần Tình trạng kỹ thuật của bản mô tả này. Tuy nhiên, một cách cụ thể, phương án được ưu tiên của việc tạo ra chuột nhắt chuyển gen và kháng thể từ đó được bộc lộ trong đơn yêu cầu cấp patent Mỹ số 08/759,620 nộp ngày 03/12/1996 và đơn sáng chế quốc tế số WO 98/24893, công bố ngày 11/06/1998 và WO 00/76310, công bố ngày 21/12/2000, nội dung bộc lộ của các tài liệu này được đưa vào bản mô tả này bằng cách viện dẫn. Xem

thêm tài liệu Mendez et al., Nature Genetics, 15:146-156 (1997), nội dung bộc lộ của tài liệu này được đưa vào bản mô tả này bằng cách viện dẫn.

Bằng cách sử dụng công nghệ này, kháng thể đơn dòng đầy đủ của người đối với các kháng nguyên khác nhau được tạo ra. Về cơ bản, dòng chuột nhắt XenoMouse® được gây miễn dịch bằng kháng nguyên đang quan tâm (ví dụ PCSK9), tế bào bạch huyết (như tế bào B) được thu hồi từ chuột nhắt đã được gây siêu miễn dịch, và các lympho bào thu hồi được được dung hợp với dòng tế bào dạng tủy để tạo ra các dòng tế bào lai bất tử. Các dòng tế bào lai này được sàng lọc và được chọn lọc để nhận diện dòng tế bào lai mà sản xuất kháng thể đặc hiệu đối với kháng nguyên đang quan tâm. Sáng chế đề xuất phương pháp tạo ra nhiều dòng tế bào lai mà sản xuất kháng thể đặc hiệu đối với PCSK9. Ngoài ra, sáng chế còn đề xuất phương pháp xác định đặc điểm của kháng thể được sản xuất bởi dòng tế bào này, bao gồm việc phân tích trình tự nucleotit và trình tự axit amin của chuỗi nặng và chuỗi nhẹ của kháng thể này.

Phương pháp tạo ra các chủng chuột nhắt XenoMouse® được thảo luận và mô tả thêm trong đơn yêu cầu cấp patent Mỹ số 07/466,008 nộp ngày 12/01/1990, 07/610,515 nộp ngày 08/11/1990, 07/919,297 nộp ngày 24/07/1992, 07/922,649 nộp ngày 30/07/1992, 08/031,801 nộp ngày 15/03/1993, 08/112,848 nộp ngày 27/08/1993, 08/234,145 nộp ngày 28/04/1994, 08/376,279 nộp ngày 20/01/1995, 08/430, 938 nộp ngày 27/04/1995, 08/464,584 nộp ngày 05/06/1995, 08/464,582 nộp ngày 05/06/1995, 08/463,191 nộp ngày 05/06/1995, 08/462,837 nộp ngày 05/06/1995, 08/486,853 nộp ngày 05/06/1995, 08/486,857 nộp ngày 05/06/1995, 08/486,859 nộp ngày 05/06/1995, 08/462,513 nộp ngày 05/06/1995, 08/724,752 nộp ngày 02/10/1996, 08/759,620 nộp ngày 03/12/1996, công bố đơn Mỹ số 2003/0093820 ngày 30/11/2001 và các patent Mỹ số 6,162,963, 6,150,584, 6,114,598, 6,075,181 và 5,939,598, và các patent Nhật Bản số 3 068 180 B2, 3 068 506 B2 và 3 068 507 B2. Xem thêm patent châu Âu số EP 0 463 151 B1, cấp ngày 12/06/1996, đơn sáng chế quốc tế số WO 94/02602 công bố ngày 03/02/1994, đơn sáng chế quốc tế số WO 96/34096 công bố ngày 31/10/1996, WO 98/24893 công bố ngày 11/06/1998, WO 00/76310 công bố ngày 21/12/2000. Nội dung

bộc lộ của mỗi patent, đơn yêu cầu cấp patent và tài liệu tham khảo nêu trên được đưa vào bản mô tả này bằng cách viện dẫn toàn bộ nội dung của nó.

Trong một phương pháp thay thế, những người khác, bao gồm GenPharm International, Inc., đã sử dụng phương pháp "locus mini (minilocus)". Trong phương pháp locus mini này, locus Ig ngoại sinh được bắt chước bằng cách đưa các mảnh (các gen riêng lẻ) từ locus Ig này vào. Do đó, một hoặc nhiều gen V_H, một hoặc nhiều gen D_H, một hoặc nhiều gen J_H, vùng cố định mu, và thường là vùng cố định thứ hai (tốt hơn là vùng cố định gamma) được tạo thành cấu trúc để cài xen vào động vật. Phương pháp này được mô tả trong patent Mỹ số 5,545,807 cấp cho Surani và đồng tác giả và các patent Mỹ số 5,545,806, 5,625,825, 5,625,126, 5,633,425, 5,661,016, 5,770,429, 5,789,650, 5,814,318, 5,877,397, 5,874,299 và 6,255,458 cấp cho Lonberg & Kay, patent Mỹ số 5,591,669 và 6,023,010 cấp cho Krimpenfort & Berns, các patent Mỹ số 5,612,205, 5,721,367 và 5,789,215 cấp cho Berns và đồng tác giả, và patent Mỹ số 5,643,763 cấp cho Choi & Dunn, và đơn yêu cầu cấp patent Mỹ số 07/574,748 của GenPharm International nộp ngày 29/08/1990, 07/575,962 nộp ngày 31/08/1990, 07/810,279 nộp ngày 17/12/1991, 07/853,408 nộp ngày 18/03/1992, 07/904,068 nộp ngày 23/06/1992, 07/990,860 nộp ngày 16/12/1992, 08/053,131 nộp ngày 26/04/1993, 08/096,762 nộp ngày 22/07/1993, 08/155,301 nộp ngày 18/11/1993, 08/161,739 nộp ngày 03/12/1993, 08/165,699 nộp ngày 10/12/1993, 08/209,741 nộp ngày 09/03/1994, nội dung bộc lộ của tài liệu này được đưa vào bản mô tả này bằng cách viện dẫn. Xem thêm patent châu Âu số 0 546 073 B1, đơn sáng chế quốc tế số WO 92/03918, WO 92/22645, WO 92/22647, WO 92/22670, WO 93/12227, WO 94/00569, WO 94/25585, WO 96/14436, WO 97/13852 và WO 98/24884, và patent Mỹ số 5,981,175, nội dung bộc lộ của tài liệu này được đưa vào bản mô tả này bằng cách viện dẫn toàn bộ nội dung của nó. Xem thêm tài liệu Taylor et al., 1992, Chen et al., 1993, Tuaillon et al., 1993, Choi et al., 1993, Lonberg et al., (1994), Taylor et al., (1994), và Tuaillon et al., (1995), Fishwild et al., (1996), nội dung bộc lộ của tài liệu này được đưa vào bản mô tả này bằng cách viện dẫn toàn bộ nội dung của nó.

Kirin cũng đã chứng minh sự sản xuất kháng thể của người từ chuột nhắt trong đó các mảnh nhiễm sắc thể lớn, hoặc toàn bộ nhiễm sắc thể, được đưa vào thông qua quá

trình dung hợp vi bào. Xem đơn sáng chế châu Âu số 773 288 và 843 961, nội dung bộc lộ của các tài liệu này được đưa vào bản mô tả này bằng cách viện dẫn. Ngoài ra, chuột nhắt KM™, là kết quả của quá trình lai chéo chuột nhắt Tc của Kirin với chuột nhắt locus mini của Medarex (Humab), đã được tạo ra. Chuột nhắt này có nhiễm sắc thể IgH chuyển đổi ở người của chuột nhắt Kirin và gen chuyển chuỗi kappa của chuột nhắt Genpharm (Ishida et al., Cloning Stem Cells, (2002) 4:91-102).

Kháng thể của người cũng có thể được thu nhận bằng các phương pháp *in vitro*. Các ví dụ thích hợp bao gồm, nhưng không giới hạn ở, biểu hiện thể thực khuẩn (CAT, Morphosys, Dyax, Biosite/Medarex, Xoma, Symphogen, Alexion (trước đó là Proliferon), Affimed), biểu hiện ribosom (CAT), biểu hiện nấm men, và phương pháp tương tự.

Theo một số phương án, kháng thể nêu trong bản mô tả này có chuỗi nặng IgG4 cũng như chuỗi nặng IgG2 của người. Kháng thể cũng có thể thuộc isotyp khác của người, bao gồm IgG1. Kháng thể có ái lực cao, thường có Kd nằm trong khoảng từ khoảng 10^{-6} đến khoảng 10^{-13} M hoặc nhỏ hơn, khi được đo bằng các kỹ thuật khác nhau.

Như sẽ được hiểu rõ, kháng thể có thể được biểu hiện ở dòng tế bào không phải là dòng tế bào lai. Trình tự mã hóa kháng thể cụ thể có thể được sử dụng để biến nạp tế bào chủ động vật có vú thích hợp. Việc biến nạp có thể là bằng phương pháp đã biết bất kỳ để đưa polynucleotit vào tế bào chủ, bao gồm, ví dụ bao gói polynucleotit trong virut (hoặc vào vectơ virut) và tải nạp tế bào chủ bằng virut (hoặc vectơ) hoặc bằng các quy trình chuyển nhiễm đã biết trong lĩnh vực, như được nêu ví dụ bởi các patent Mỹ số 4,399,216, 4,912,040, 4,740,461 và 4,959,455 (các patent này được đưa vào bản mô tả này bằng cách viện dẫn). Quy trình biến nạp được sử dụng phụ thuộc vào vật chủ được biến nạp. Các phương pháp đưa polynucleotit khác loại vào tế bào động vật có vú là đã biết rõ trong lĩnh vực và bao gồm chuyển nhiễm thông qua dextran, kết tủa canxi phosphat, chuyển nhiễm thông qua polybren, dung hợp thể nguyên sinh, xung điện, bao nang (các) polynucleotit trong liposom và vi tiêm trực tiếp ADN vào nhân.

Dòng tế bào động vật có vú có sẵn làm vật chủ dùng để biểu hiện là đã biết rõ trong lĩnh vực và bao gồm nhiều dòng tế bào đã được làm bất tử có sẵn từ Bảo tàng giống

chuẩn Hoa Kỳ (ATCC: American Type Culture Collection), bao gồm, nhưng không giới hạn ở, tế bào trứng chuột đồng Trung Hoa (CHO), tế bào HeLa, tế bào thận chuột đồng sơ sinh (BHK), tế bào thận khỉ (COS), tế bào ung thư biểu mô tế bào gan của người (ví dụ, Hep G2), tế bào thận biểu mô 293 của người, và nhiều dòng tế bào khác. Các dòng tế bào được ưu tiên đặc biệt được chọn lọc bằng cách xác định dòng tế bào nào có mức độ biểu hiện cao và sản xuất kháng thể có các tính chất liên kết PCSK9 cơ định.

Theo một số phương án, kháng thể và/hoặc ABP được tạo ra bởi ít nhất một trong số các tế bào lai sau: 21B12, 31H4, 16F12, các tế bào lai bất kỳ được liệt kê trong bảng 2 hoặc được nêu trong các ví dụ. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên liên kết với PCSK9 với hệ số phân ly (K_D) nhỏ hơn khoảng 1 nM, ví dụ, 1000 pM đến 100 pM, 100 pM đến 10 pM, 10 pM đến 1 pM và/hoặc 1 pM đến 0,1 pM hoặc nhỏ hơn.

Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên chứa phân tử globulin miễn dịch thuộc ít nhất một trong số các isotyp IgG1, IgG2, IgG3, IgG4, Ig E, IgA, IgD và IgM. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên chứa chuỗi nhẹ kappa của người và/hoặc chuỗi nặng của người. Theo một số phương án, chuỗi nặng thuộc isotyp IgG1, IgG2, IgG3, IgG4, IgE, IgA, IgD hoặc IgM. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên được tách dòng để biểu hiện ở tế bào động vật có vú. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên chứa vùng cố định không phải là vùng cố định bất kỳ trong số các vùng cố định thuộc isotyp IgG1, IgG2, IgG3, IgG4, IgE, IgA, IgD và IgM.

Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên chứa chuỗi nhẹ lambda của người và chuỗi nặng IgG2 của người. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên chứa chuỗi nhẹ lambda của người và chuỗi nặng IgG4 của người. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên chứa chuỗi nhẹ lambda của người và chuỗi nặng IgG1, IgG3, IgE, IgA, IgD hoặc IgM của người. Theo các phương án khác, protein liên kết kháng nguyên chứa chuỗi nhẹ kappa của người và chuỗi nặng IgG2 của người. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên chứa chuỗi nhẹ kappa của người và chuỗi nặng IgG4 của người. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên

chứa chuỗi nhẹ kappa của người và chuỗi nặng IgG1, IgG3, IgE, IgA, IgD hoặc IgM của người. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên chứa vùng biến đổi của kháng thể được nối với vùng cố định mà không phải là vùng cố định đối với isotyp IgG2 hoặc vùng cố định đối với isotyp IgG4. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên được tách dòng để biểu hiện ở tế bào động vật có vú.

Theo một số phương án, các cải biến bảo toàn đối với chuỗi nặng và chuỗi nhẹ của kháng thể từ ít nhất một trong số các dòng tế bào lai: 21B12, 31H4 và 16F12 (và các cải biến tương đương đối với nucleotit mã hóa) tạo ra kháng thể đối với PCSK9 có các đặc tính chức năng và hóa học tương tự với các đặc tính chức năng và hóa học của kháng thể từ các dòng tế bào lai: 21B12, 31H4 và 16F12. Ngược lại, theo một số phương án, các cải biến đáng kể về các đặc tính chức năng và/hoặc hóa học của kháng thể đối với PCSK9 có thể được thực hiện bằng cách chọn lọc các đột biến thế trong trình tự axit amin của chuỗi nặng và chuỗi nhẹ mà khác biệt đáng kể về tác động của chúng đối với việc duy trì (a) cấu trúc của khung xương phân tử trong vùng đột biến thế, ví dụ, ở dạng cấu dạng phiến hoặc xoắn ốc, (b) điện tích hoặc độ kỵ nước của phân tử tại vị trí đích, hoặc (c) độ lớn của mạch bên.

Ví dụ, "đột biến thế axit amin bảo toàn" có thể bao gồm đột biến thể của gốc axit amin nguyên gốc bằng gốc không nguyên gốc sao cho không có hoặc có rất ít tác động đối với độ phân cực hoặc điện tích của gốc axit amin tại vị trí đó. Ngoài ra, gốc nguyên gốc bất kỳ trong polypeptit cũng có thể được thế bằng alanin, như đã được mô tả trước đó về "gây đột biến sàng lọc alanin".

Đột biến thế axit amin mong muốn (dù bảo toàn hay không bảo toàn) có thể được xác định bởi người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực tại thời điểm đột biến thế này được mong muốn. Theo một số phương án, đột biến thế axit amin có thể được sử dụng để nhận diện các gốc quan trọng của kháng thể đối với PCSK9, hoặc làm tăng hoặc làm giảm ái lực của kháng thể đối với PCSK9 nêu trong bản mô tả này.

Theo một số phương án, kháng thể theo sáng chế có thể được biểu hiện ở dòng tế bào không phải là dòng tế bào lai. Theo một số phương án, trình tự mã hóa kháng thể cụ

thể có thể được sử dụng để biến nạp tế bào chủ động vật có vú thích hợp. Theo một số phương án, việc biến nạp có thể là bằng phương pháp đã biết bất kỳ để đưa polynucleotit vào tế bào chủ, bao gồm, ví dụ bao gói polynucleotit trong virut (hoặc vào vectơ virut) và tải nạp tế bào chủ bằng virut (hoặc vectơ) hoặc bằng các quy trình chuyển nhiễm đã biết trong lĩnh vực, như được nêu ví dụ bởi các patent Mỹ số 4,399,216, 4,912,040, 4,740,461 và 4,959,455 (các patent này được đưa vào bản mô tả này bằng cách viện dẫn cho mục đích bất kỳ). Theo một số phương án, quy trình biến nạp được sử dụng có thể phụ thuộc vào vật chủ được biến nạp. Các phương pháp đưa polynucleotit khác loại vào tế bào động vật có vú là đã biết rõ trong lĩnh vực và bao gồm, nhưng không giới hạn ở, chuyển nhiễm thông qua dextran, kết tủa canxi phosphat, chuyển nhiễm thông qua polybren, dung hợp thể nguyên sinh, xung điện, bao nang (các) polynucleotit trong liposom, và vi tiêm trực tiếp ADN vào nhân.

Dòng tế bào động vật có vú có sẵn làm vật chủ dùng để biểu hiện là đã biết rõ trong lĩnh vực và bao gồm, nhưng không giới hạn ở, nhiều dòng tế bào đã được làm bất tử có sẵn từ Bảo tàng giống chuẩn Hoa Kỳ (ATCC), bao gồm, nhưng không giới hạn ở, tế bào trứng chuột đồng Trung Hoa (CHO), tế bào HeLa, tế bào thận chuột đồng sơ sinh (BHK), tế bào thận khỉ (COS), tế bào ung thư biểu mô tế bào gan của người (ví dụ, Hep G2), và nhiều dòng tế bào khác. Theo một số phương án, các dòng tế bào có thể được chọn lọc bằng cách xác định dòng tế bào nào có mức độ biểu hiện cao và sản xuất kháng thể có các tính chất liên kết HGF cơ định. Vectơ biểu hiện thích hợp dùng cho tế bào chủ động vật có vú là đã biết rõ.

Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên chứa một hoặc nhiều polypeptit. Theo một số phương án, vectơ biểu hiện/hệ vật chủ bất kỳ trong số các vectơ biểu hiện/hệ vật chủ có thể được sử dụng để biểu hiện phân tử polynucleotit mã hóa polypeptit chứa một hoặc nhiều thành phần ABP hoặc chính ABP. Hệ như vậy bao gồm, nhưng không giới hạn ở, vi sinh vật, như vi khuẩn được biến nạp với vectơ biểu hiện ADN cosmit, plasmit hoặc thể thực khuẩn tái tổ hợp; nấm men được biến nạp với vectơ biểu hiện nấm men; hệ tế bào côn trùng được gây nhiễm với vectơ biểu hiện virut (ví dụ, baculovirut); hệ tế bào thực vật được chuyển nhiễm với vectơ biểu hiện virut (ví dụ, virut

khảm hoa lơ, CaMV, virut khảm thuốc lá, TMV) hoặc được biến nạp với vectơ biểu hiện vi khuẩn (ví dụ, Ti hoặc pBR322 plasmit); hoặc hệ tế bào động vật.

Theo một số phương án, polypeptit chứa một hoặc nhiều thành phần ABP hoặc chính ABP được biểu hiện tái tổ hợp ở nấm men. Một số phương án này sử dụng hệ biểu hiện có bán trên thị trường, ví dụ, hệ biểu hiện *Pichia* (Invitrogen, San Diego, CA), theo hướng dẫn của nhà sản xuất. Theo một số phương án, hệ này dựa vào trình tự pre-pro-alpha để điều khiển quá trình tiết. Theo một số phương án, sự phiên mã phần cài xen được điều khiển bởi vùng khởi đầu oxidaza rượu (AOX1) khi được khởi động bởi metanol.

Theo một số phương án, polypeptit được tiết chứa một hoặc nhiều thành phần ABP hoặc chính ABP được tinh chế từ môi trường sinh trưởng nấm men. Theo một số phương án, phương pháp được sử dụng để tinh chế polypeptit từ môi trường sinh trưởng nấm men là giống với phương pháp được sử dụng để tinh chế polypeptit từ dịch nổi bề mặt tế bào vi khuẩn và tế bào động vật có vú.

Theo một số phương án, axit nucleic mã hóa polypeptit chứa một hoặc nhiều thành phần ABP hoặc chính ABP được tách dòng vào vectơ biểu hiện baculovirut, như pVL1393 (PharMingen, San Diego, CA). Theo một số phương án, vectơ này có thể được sử dụng theo hướng dẫn của nhà sản xuất (PharMingen) để gây nhiễm tế bào *Spodoptera frugiperda* trong môi trường sF9 không chứa protein và để tạo ra polypeptit tái tổ hợp. Theo một số phương án, polypeptit được tinh chế và được cô từ môi trường này bằng cách sử dụng cột Heparin-Sepharose (Pharmacia).

Theo một số phương án, polypeptit chứa một hoặc nhiều thành phần ABP hoặc chính ABP được biểu hiện ở hệ côn trùng. Một số hệ côn trùng dùng để biểu hiện polypeptit là đã biết rõ đối với người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực. Trong một hệ như vậy, virut đa diện nhân *Autographa californica* (AcNPV) được sử dụng làm vectơ để biểu hiện gen ngoại lai ở tế bào *Spodoptera frugiperda* hoặc ở ấu trùng *Trichoplusia*. Theo một số phương án, phân tử axit nucleic mã hóa polypeptit có thể được cài xen vào gen không thiết yếu của virut, ví dụ, trong gen polyhedrin, và được đặt dưới sự kiểm soát của vùng khởi đầu đối với gen đó. Theo một số phương án, việc cài xen thành công phân

tử axit nucleic sẽ làm cho gen không thiết yếu bị bất hoạt. Theo một số phương án, sự bất hoạt này tạo ra đặc tính có thể dò được. Ví dụ, sự bất hoạt của gen polyhedrin dẫn đến việc tạo ra virut không có protein vỏ.

Theo một số phương án, virut tái tổ hợp có thể được sử dụng để gây nhiễm tế bào *S. frugiperda* hoặc ấu trùng *Trichoplusia*. Ví dụ, xem tài liệu Smith et al., J. Virol., 46: 584 (1983); Engelhard et al., Proc. Nat. Acad. Sci. (USA), 91: 3224-7 (1994).

Theo một số phương án, polypeptit chứa một hoặc nhiều thành phần ABP hoặc chính ABP được tạo ra trong tế bào vi khuẩn được tạo ra ở dạng thể vùi không tan trong vi khuẩn. Theo một số phương án, tế bào chủ chứa thể vùi không tan này được thu lại bằng cách ly tâm; được rửa trong NaCl 0,15 M, Tris 10 mM, độ pH=8, EDTA 1 mM; và được xử lý bằng lysozym 0,1 mg/mL (Sigma, St. Louis, MO) trong 15 phút ở nhiệt độ trong phòng. Theo một số phương án, dịch dung giải được làm trong bằng cách sử dụng sóng âm, và các mảnh vỡ tế bào được làm lắng kết bằng cách ly tâm trong 10 phút với tốc độ là 12000 X g. Theo một số phương án, lớp lắng kết chứa polypeptit được tái tạo huyền phù trong Tris 50 mM, độ pH=8, và EDTA 10 mM; được phủ lên glyxerol 50%; và được ly tâm trong 30 phút ở tốc độ 6000 X g. Theo một số phương án, lớp lắng kết này có thể được tái tạo huyền phù trong dung dịch nước muối đệm phosphat tiêu chuẩn (PBS) không chứa Mg^{++} và Ca^{++}. Theo một số phương án, polypeptit được tinh chế thêm bằng cách phân đoạn lớp lắng kết đã được tái tạo huyền phù trong gel SDS polyacrylamit biến tính (ví dụ, xem tài liệu Sambrook et al., nêu trên). Theo một số phương án, gel này có thể được ngâm trong KCl 0,4 M để làm hiện hình protein, protein này có thể được cắt nhỏ và được điện rửa giải trong đệm chạy gel không chứa SDS. Theo một số phương án, protein dung hợp glutathion-S-transferaza (GST) được tạo ra ở vi khuẩn ở dạng protein tan được. Theo một số phương án, protein dung hợp GST này được tinh chế bằng cách sử dụng mô-đun tinh chế GST (Pharmacia).

Theo một số phương án, mong muốn "gấp nếp lại" một số polypeptit, ví dụ, polypeptit chứa một hoặc nhiều thành phần ABP hoặc chính ABP. Theo một số phương án, polypeptit này được tạo ra bằng cách sử dụng một số hệ tái tổ hợp nêu trong bản mô tả

này. Theo một số phương án, polypeptit "được gấp nếp lại" và/hoặc được oxy hóa để tạo thành cấu trúc bậc ba mong muốn và/hoặc để tạo ra liên kết disulfua. Theo một số phương án, cấu trúc và/hoặc liên kết này liên quan đến một số hoạt tính sinh học của polypeptit. Theo một số phương án, việc gấp nếp lại được thực hiện bằng cách sử dụng quy trình bất kỳ trong số các quy trình đã biết trong lĩnh vực. Các phương pháp tiêu biểu bao gồm, nhưng không giới hạn ở, cho chất polypeptit đã được làm tan tiếp xúc với độ pH thường là cao hơn 7 trong điều kiện có mặt của chất chaotrop (chất phá vỡ mạng lưới liên kết hydro). Chất chaotrop tiêu biểu là guanidin. Theo một số phương án, dung dịch gấp nếp lại/oxy hóa còn chứa chất khử và dạng đã được oxy hóa của chất khử đó. Theo một số phương án, chất khử và dạng đã được oxy hóa của nó có mặt với tỷ lệ mà sẽ tạo ra thế oxy hóa-khử cụ thể mà cho phép xảy ra sự xáo trộn disulfua. Theo một số phương án, sự xáo trộn này cho phép tạo ra các cầu nối xystein. Các cặp oxy hóa-khử tiêu biểu bao gồm, nhưng không giới hạn ở, xystein/xystamin, glutathion/dithiobisGSH, đồng (II) clorua, dithiothreitol DTT/dithian DTT, và 2-mercaptoetanol (bME)/dithio-bME. Theo một số phương án, đồng dung môi được sử dụng để làm tăng hiệu quả gấp nếp lại. Đồng dung môi tiêu biểu bao gồm, nhưng không giới hạn ở, glyxerol, polyetylen glycol có các trọng lượng phân tử khác nhau, và arginin.

Theo một số phương án, có thể tinh chế về cơ bản polypeptit chứa một hoặc nhiều thành phần ABP hoặc chính ABP. Một số kỹ thuật tinh chế protein là đã biết đối với người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực. Theo một số phương án, quá trình tinh chế protein bao gồm phân đoạn thô các phân đoạn polypeptit ra khỏi các phân đoạn không polypeptit. Theo một số phương án, polypeptit được tinh chế bằng cách sử dụng kỹ thuật sắc ký và/hoặc kỹ thuật điện di. Các phương pháp tinh chế tiêu biểu bao gồm, nhưng không giới hạn ở, kết tủa với amoni sulphat; kết tủa với PEG; kết tủa miễn dịch; làm biến tính bằng nhiệt sau đó ly tâm; sắc ký, bao gồm, nhưng không giới hạn ở, sắc ký ái lực (ví dụ, Protein-A-Sepharose), sắc ký trao đổi ion, sắc ký loại trừ và sắc ký pha đảo; lọc gel; sắc ký hydroxyapatit; tập trung đẳng điện; điện di trên gel polyacrylamit; và tổ hợp của các kỹ thuật này và các kỹ thuật khác. Theo một số phương án, polypeptit được tinh chế bằng kỹ thuật sắc ký lỏng protein nhanh hoặc bằng kỹ thuật sắc ký lỏng áp suất cao

(HPLC). Theo một số phương án, các bước tinh chế có thể được thay đổi hoặc một số bước có thể được bỏ qua, và vẫn tạo ra phương pháp thích hợp để bào chế polypeptit đã được tinh chế về cơ bản.

Theo một số phương án, có thể định lượng mức độ tinh chế của chế phẩm polypeptit. Một số phương pháp định lượng mức độ tinh chế là đã biết đối với người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực. Một số phương pháp tiêu biểu bao gồm, nhưng không giới hạn ở, xác định hoạt tính liên kết đặc hiệu của chế phẩm và đánh giá lượng polypeptit trong chế phẩm bằng kỹ thuật phân tích SDS/PAGE. Một số phương pháp tiêu biểu để đánh giá mức độ tinh chế của chế phẩm polypeptit bao gồm việc tính toán hoạt tính liên kết của chế phẩm và so sánh nó với hoạt tính liên kết của sản phẩm chiết ban đầu. Theo một số phương án, kết quả của phép tính toán này được biểu diễn dưới dạng "lần tinh chế". Đơn vị được sử dụng để thể hiện lượng hoạt tính liên kết phụ thuộc vào thử nghiệm cụ thể được thực hiện.

Theo một số phương án, polypeptit chứa một hoặc nhiều thành phần ABP hoặc chính ABP được tinh chế một phần. Theo một số phương án, quá trình tinh chế một phần có thể được thực hiện bằng cách sử dụng ít bước tinh chế hơn hoặc bằng cách sử dụng các dạng khác nhau của cùng một sơ đồ tinh chế tổng quát. Ví dụ, theo một số phương án, kỹ thuật sắc ký cột trao đổi cation được thực hiện bằng cách sử dụng thiết bị HPLC thường sẽ tạo ra đơn vị "lần tinh chế" lớn hơn so với cùng kỹ thuật như vậy nhưng sử dụng hệ thống sắc ký áp suất thấp. Theo một số phương án, các phương pháp tạo ra mức độ tinh chế thấp hơn có thể có các ưu điểm về việc thu hồi toàn bộ polypeptit hoặc về việc duy trì hoạt tính liên kết của polypeptit.

Trong một số trường hợp nhất định, sự di chuyển điện di của polypeptit có thể thay đổi, đôi khi là đáng kể, với các điều kiện SDS/PAGE khác nhau. Ví dụ, xem tài liệu Capaldi et al., Biochem. Biophys. Res. Comm., 76: 425 (1977). Cần phải hiểu rõ rằng trong các điều kiện điện di khác nhau, các trọng lượng phân tử biểu kiến của polypeptit đã được tinh chế hoặc đã được tinh chế một phần có thể là khác nhau.

Epitop tiêu biểu

Epitop mà liên kết với kháng thể kháng PCSK9 được đề xuất. Theo một số phương án, epitop mà liên kết với kháng thể nêu trong bản mô tả này là đặc biệt hữu dụng. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên mà liên kết với epitop bất kỳ trong số các epitop liên kết với kháng thể nêu trong bản mô tả này là hữu dụng. Theo một số phương án, epitop liên kết với kháng thể bất kỳ trong số các kháng thể được liệt kê trong bảng 2 và Fig.2 và Fig.3 là đặc biệt hữu dụng. Theo một số phương án, epitop ở trên miền xúc tác PCSK9.

Theo một số phương án, epitop PCSK9 có thể được sử dụng để ngăn chặn (ví dụ, làm giảm) sự liên kết của kháng thể kháng PCSK9 hoặc protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9. Theo một số phương án, epitop PCSK9 có thể được sử dụng để làm giảm sự liên kết của kháng thể kháng PCSK9 hoặc protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9. Theo một số phương án, epitop PCSK9 có thể được sử dụng để ức chế về cơ bản sự liên kết của kháng thể kháng PCSK9 hoặc protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9.

Theo một số phương án, epitop PCSK9 có thể được sử dụng để phân lập kháng thể hoặc protein liên kết kháng nguyên mà liên kết với PCSK9. Theo một số phương án, epitop PCSK9 có thể được sử dụng để tạo ra kháng thể hoặc protein liên kết kháng nguyên mà liên kết với PCSK9. Theo một số phương án, epitop PCSK9 hoặc trình tự chứa epitop PCSK9 có thể được sử dụng làm chất sinh miễn dịch để tạo ra kháng thể hoặc protein liên kết kháng nguyên mà liên kết với PCSK9. Theo một số phương án, epitop PCSK9 có thể được sử dụng cho động vật, và kháng thể mà liên kết với PCSK9 sau đó có thể được thu nhận từ động vật này. Theo một số phương án, epitop PCSK9 hoặc trình tự chứa epitop PCSK9 có thể được sử dụng để cản trở hoạt tính bình thường được điều tiết bởi PCSK9, như sự kết hợp của PCSK9 với LDLR.

Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên nêu trong bản mô tả này liên kết đặc hiệu với tiền miền đầu tận N, miền xúc tác giống subtilisin và/hoặc miền đầu tận C. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên này liên kết với rãnh liên

kết cơ chất của PCSK-9 (được mô tả trong tài liệu của Cunningham và đồng tác giả, toàn bộ nội dung của tài liệu này được đưa vào bản mô tả này bằng cách viện dẫn).

Theo một số phương án, (các) miền/(các) vùng chứa các gốc tiếp xúc với hoặc bị chôn vùi bởi kháng thể có thể được nhận diện bằng cách gây đột biến các gốc đặc hiệu trong PCSK9 (ví dụ, kháng nguyên kiểu dại) và xác định xem liệu protein liên kết kháng nguyên này có có thể liên kết với protein PCSK9 đã được gây đột biến hoặc biến thể hay không. Bằng cách tạo ra nhiều đột biến riêng lẻ, các gốc mà đóng vai trò trực tiếp trong việc liên kết hoặc ở đủ gần với kháng thể sao cho đột biến có thể tác động đến sự liên kết giữa protein liên kết kháng nguyên và kháng nguyên có thể được nhận diện. Từ thông tin về các axit amin này, (các) miền hoặc (các) vùng của kháng nguyên mà chứa các gốc tiếp xúc với protein liên kết kháng nguyên hoặc được bao phủ bởi kháng thể có thể được làm sáng tỏ. Miền này có thể chứa epitop liên kết của protein liên kết kháng nguyên. Một ví dụ cụ thể về phương pháp tổng quát này sử dụng quy trình quét arginin/axit glutamic (ví dụ, xem tài liệu Nanevicz, T., et al., 1995, J. Biol. Chem., 270:37, 21619-21625 và Zupnick, A., et al., 2006, J. Biol. Chem., 281:29, 20464-20473). Thông thường, arginin và axit glutamic được thế (thường là riêng lẻ) cho axit amin trong polypeptit kiểu dại vì các axit amin này mang điện và to lớn và do đó có khả năng phá vỡ sự liên kết giữa protein liên kết kháng nguyên và kháng nguyên trong vùng của kháng nguyên mà đột biến được đưa vào đó. Arginin tồn tại trong kháng nguyên kiểu dại được thay thế bằng axit glutamic. Nhiều thể đột biến riêng lẻ như vậy được thu nhận và kết quả liên kết thu được được phân tích để xác định các gốc nào tác động đến sự liên kết.

Ví dụ 39 mô tả một kỹ thuật quét arginin/axit glutamic như vậy của PCSK9 đối với protein liên kết kháng nguyên PCSK9 nêu trong bản mô tả này. Các kháng nguyên PCSK9 đột biến được tạo ra, trong đó mỗi kháng nguyên đột biến có một đột biến đơn lẻ. Sự liên kết của mỗi kháng nguyên PCSK9 đột biến với các ABP PCSK9 khác nhau được đo và được so sánh với khả năng liên kết của ABP được chọn lọc với PCSK9 kiểu dại (SEQ ID NO: 303).

Sự thay đổi (ví dụ, tăng hoặc giảm) về liên kết giữa protein liên kết kháng nguyên và PCSK9 biến thể trong bản mô tả này có nghĩa là có sự thay đổi về ái lực liên kết (ví dụ, được đo bằng các phương pháp đã biết như thử nghiệm Biacore hoặc thử nghiệm dựa trên hạt được mô tả dưới đây trong các ví dụ), EC_{50} và/hoặc sự thay đổi (ví dụ, giảm) về khả năng liên kết của protein liên kết kháng nguyên (ví dụ, được chứng tỏ bởi sự giảm Bmax trong đồ thị của nồng độ protein liên kết kháng nguyên so với nồng độ kháng nguyên). Sự thay đổi đáng kể về liên kết thể hiện rằng gốc được gây đột biến tham gia trực tiếp vào sự liên kết với protein liên kết kháng nguyên hoặc ở gần với protein liên kết khi protein liên kết này liên kết với kháng nguyên.

Theo một số phương án, sự giảm liên kết đáng kể có nghĩa là ái lực liên kết, EC50 và/hoặc khả năng giữa protein liên kết kháng nguyên và kháng nguyên PCSK9 đột biến được làm giảm thêm hơn 10%, hơn 20%, hơn 40%, hơn 50%, hơn 55%, hơn 60%, hơn 65%, hơn 70%, hơn 75%, hơn 80%, hơn 85%, hơn 90% hoặc hơn 95% so với sự liên kết giữa protein liên kết kháng nguyên và PCSK9 kiểu dại (ví dụ, được thể hiện trong SEQ ID NO: 1 và/hoặc SEQ ID NO: (303). Theo một số phương án, sự liên kết được làm giảm xuống thấp hơn giới hạn phát hiện. Theo một số phương án, sự giảm liên kết đáng kể được chứng tỏ khi sự liên kết của protein liên kết kháng nguyên đối với protein PCSK9 biến thể nhỏ hơn 50% (ví dụ, nhỏ hơn 40%, 35%, 30%, 25%, 20%, 15% hoặc 10%) của sự liên kết quan sát thấy giữa protein liên kết kháng nguyên và protein PCSK9 kiểu dại (ví dụ, protein nêu trong SEQ ID NO: 1 và/hoặc SEQ ID NO: (303). Các phép đo sự liên kết này có thể được thực hiện bằng cách sử dụng các thử nghiệm liên kết đã biết trong lĩnh vực. Ví dụ cụ thể về một thử nghiệm như vậy được mô tả trong ví dụ 39.

Theo một số phương án, sáng chế đề xuất protein liên kết kháng nguyên mà có liên kết thấp hơn đáng kể đối với protein PCSK9 biến thể trong đó gốc trong protein PCSK9 kiểu dại (ví dụ, SEQ ID NO: 1 hoặc SEQ ID NO: 303) được thế bằng arginin hoặc axit glutamic. Theo một số phương án, sự liên kết của protein liên kết kháng nguyên được làm giảm hoặc tăng đáng kể đối với protein PCSK9 biến thể có một hoặc nhiều (ví dụ, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10 hoặc 244) đột biến bất kỳ trong số các đột biến sau: R207E, D208R, R185E, R439E, E513R, V538R, E539R, T132R, S351R, A390R, A413R, E582R,

D162R, R164E, E167R, S123R, E129R, A311R, D313R, D337R, R519E, H521R và Q554R so với protein PCSK9 kiểu dại (ví dụ, SEQ ID NO: 1 hoặc SEQ ID NO: 303. Trong ký hiệu viết tắt được sử dụng trong bản mô tả này, định dạng là: gốc kiểu dại: vị trí trong polypeptit: gốc đột biến, với sự đánh số của các gốc như được thể hiện trong SEQ ID NO: 1 hoặc SEQ ID NO: 303.

Theo một số phương án, sự liên kết của protein liên kết kháng nguyên được làm giảm hoặc tăng đáng kể đối với protein PCSK9 đột biến có một hoặc nhiều (ví dụ, 1, 2, 3, 4, 5 hoặc hơn) đột biến tại các vị trí sau: 207, 208, 185, 181, 439, 513, 538, 539, 132, 351, 390, 413, 582, 162, 164, 167, 123, 129, 311, 313, 337, 519, 521 và 554, như được thể hiện trong SEQ ID NO: 1, so với protein PCSK9 kiểu dại (ví dụ, SEQ ID NO: 1 hoặc SEQ ID NO: 303). Theo một số phương án, sự liên kết của protein liên kết kháng nguyên được làm giảm hoặc tăng đối với protein PCSK9 đột biến có một hoặc nhiều (ví dụ, 1, 2, 3, 4, 5 hoặc hơn) đột biến tại các vị trí sau: 207, 208, 185, 181, 439, 513, 538, 539, 132, 351, 390, 413, 582, 162, 164, 167, 123, 129, 311, 313, 337, 519, 521 và 554, như được thể hiện trong SEQ ID NO: 1, so với protein PCSK9 kiểu dại (ví dụ, SEQ ID NO: 1 hoặc SEQ ID NO: 303). Theo một số phương án, sự liên kết của protein liên kết kháng nguyên được làm giảm hoặc tăng đáng kể đối với protein PCSK9 đột biến có một hoặc nhiều (ví dụ, 1, 2, 3, 4, 5 hoặc hơn) đột biến tại các vị trí sau: 207, 208, 185, 181, 439, 513, 538, 539, 132, 351, 390, 413, 582, 162, 164, 167, 123, 129, 311, 313, 337, 519, 521 và 554 trong SEQ ID NO: 1 so với protein PCSK9 kiểu dại (ví dụ, SEQ ID NO: 1 hoặc SEQ ID NO: 303).

Theo một số phương án, sự liên kết của ABP được làm giảm hoặc tăng đáng kể đối với protein PCSK9 đột biến có một hoặc nhiều (ví dụ, 1, 2, 3, 4, 5, v.v.) đột biến trong số các đột biến sau: R207E, D208R, R185E, R439E, E513R, V538R, E539R, T132R, S351R, A390R, A413R, E582R, D162R, R164E, E167R, S123R, E129R, A311R, D313R, D337R, R519E, H521R và Q554R trong SEQ ID NO: 1 hoặc SEQ ID NO: 303, so với protein PCSK9 kiểu dại (ví dụ, SEQ ID NO: 1 hoặc SEQ ID NO: 303).

Theo một số phương án, sự liên kết của ABP được làm giảm hoặc tăng đáng kể đối với protein PCSK9 đột biến có một hoặc nhiều (ví dụ, 1, 2, 3, 4, 5, v.v.) đột biến trong số các đột biến sau: R207E, D208R, R185E, R439E, E513R, V538R, E539R, T132R, S351R, A390R, A413R và E582R trong SEQ ID NO: 1 hoặc SEQ ID NO: 303, so với protein PCSK9 kiểu dại (ví dụ, SEQ ID NO: 1 hoặc SEQ ID NO: 303). Theo một số phương án, sự liên kết được làm giảm. Theo một số phương án, sự giảm liên kết được quan sát thấy dưới dạng sự thay đổi về EC50. Theo một số phương án, sự thay đổi về EC50 là sự tăng giá trị bằng số của EC50 (và theo đó là sự giảm liên kết).

Theo một số phương án, sự liên kết của ABP được làm giảm hoặc tăng đáng kể đối với protein PCSK9 đột biến có một hoặc nhiều (ví dụ, 1, 2, 3, 4, 5, v.v.) đột biến trong số các đột biến sau: D162R, R164E, E167R, S123R, E129R, A311R, D313R, D337R, R519E, H521R và Q554R trong SEQ ID NO: 1, so với protein PCSK9 kiểu dại (ví dụ, SEQ ID NO: 1 hoặc SEQ ID NO: 303). Theo một số phương án, sự liên kết được làm giảm. Theo một số phương án, sự giảm liên kết được quan sát thấy dưới dạng sự thay đổi về Bmax. Theo một số phương án, sự chuyển dịch về Bmax là sự giảm của tín hiệu cực đại được tạo ra bởi ABP. Theo một số phương án, đối với axit amin là một phần của epitop, Bmax được làm giảm thêm ít nhất 10%, ví dụ, sự giảm ít nhất là lượng bất kỳ trong số các lượng sau: 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80, 90, 95, 98, 99 hoặc 100% có thể, theo một số phương án, thể hiện rằng gốc này là một phần của epitop.

Mặc dù các dạng biến thể vừa được liệt kê được tham chiếu đến trình tự kiểu dại được thể hiện trong SEQ ID NO: 1 hoặc SEQ ID NO: 303, nhưng cần phải hiểu rõ rằng trong biến thể alen của PCSK9, axit amin tại vị trí được thể hiện có thể là khác biệt. Protein liên kết kháng nguyên thể hiện sự liên kết thấp hơn đáng kể đối với các dạng alen này của PCSK9 cũng được đề xuất. Theo đó, theo một số phương án, phương án bất kỳ trong số các phương án nêu trên có thể được so sánh với trình tự alen, thay vì chỉ đơn thuần là trình tự kiểu dại được thể hiện trên Fig.1A.

Theo một số phương án, sự liên kết của protein liên kết kháng nguyên được làm giảm đáng kể đối với protein PCSK9 biến thể trong đó gốc tại vị trí được chọn lọc trong

protein PCSK9 kiểu dại này được gây đột biến thành gốc khác bất kỳ. Theo một số phương án, các đột biến thay thế arginin/axit glutamic nêu trong bản mô tả này được sử dụng cho các vị trí được nhận diện. Theo một số phương án, alanin được sử dụng cho các vị trí được nhận diện.

Như nêu trên, các gốc tham gia trực tiếp vào sự liên kết hoặc được bao phủ bởi protein liên kết kháng nguyên có thể được nhận diện từ các kết quả quét. Do đó, các gốc này có thể cung cấp một chỉ dẫn về các miền hoặc các vùng của SEQ ID NO: 1 (hoặc SEQ ID NO: 303 hoặc SEQ ID NO: 3) chứa (các) vùng liên kết mà liên kết với protein liên kết kháng nguyên. Như có thể thấy từ các kết quả được tổng hợp trong ví dụ 39, theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên liên kết với miền chứa ít nhất một trong số các axit amin: 207, 208, 185, 181, 439, 513, 538, 539, 132, 351, 390, 413, 582, 162, 164, 167, 123, 129, 311, 313, 337, 519, 521 và 554 của SEQ ID NO: 1 hoặc SEQ ID NO: 303. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên liên kết với vùng chứa ít nhất một trong số các axit amin: 207, 208, 185, 181, 439, 513, 538, 539, 132, 351, 390, 413, 582, 162, 164, 167, 123, 129, 311, 313, 337, 519, 521 và 554 của SEQ ID NO: 1 hoặc SEQ ID NO: 303.

Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên liên kết với vùng chứa ít nhất một trong số các axit amin 162, 164, 167, 207 và/hoặc 208 của SEQ ID NO: 1 hoặc SEQ ID NO: 303. Theo một số phương án, nhiều hơn một (ví dụ, 2, 3, 4 hoặc 5) trong số các gốc được nhận diện là một phần của vùng liên kết với ABP. Theo một số phương án, ABP cạnh tranh với ABP 21B12.

Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên liên kết với vùng chứa ít nhất một axit amin 185 của SEQ ID NO: 1 hoặc SEQ ID NO: 303. Theo một số phương án, ABP cạnh tranh với ABP 31H4.

Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên liên kết với vùng chứa ít nhất một trong số các axit amin 439, 513, 538 và/hoặc 539 của SEQ ID NO: 1 hoặc SEQ ID NO: 303. Theo một số phương án, nhiều hơn một (ví dụ, 2, 3 hoặc 4) trong số các gốc

được nhận diện là một phần của vùng liên kết với ABP. Theo một số phương án, ABP cạnh tranh với ABP 31A4.

Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên liên kết với vùng chứa ít nhất một trong số các axit amin 123, 129, 311, 313, 337, 132, 351, 390 và/hoặc 413 của SEQ ID NO: 1 hoặc SEQ ID NO: 303. Theo một số phương án, nhiều hơn một (ví dụ, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8 hoặc 9) trong số các gốc được nhận diện là một phần của vùng liên kết với ABP. Theo một số phương án, ABP cạnh tranh với ABP 12H11.

Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên liên kết với vùng chứa ít nhất một trong số các axit amin 582, 519, 521 và/hoặc 554 của SEQ ID NO: 1 hoặc SEQ ID NO: 303. Theo một số phương án, nhiều hơn một (ví dụ, 2, 3 hoặc 4) trong số các gốc được nhận diện là một phần của vùng liên kết với ABP. Theo một số phương án, ABP cạnh tranh với ABP 3C4.

Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên liên kết với các vùng nêu trên trong mảnh hoặc trình tự nguyên chiều dài của SEQ ID NO: 1 hoặc SEQ ID NO: 303. Theo các phương án khác, protein liên kết kháng nguyên liên kết với polypeptit chứa các vùng này. Việc đề cập đến "SEQ ID NO: 1 hoặc SEQ ID NO: 303" thể hiện rằng một hoặc cả hai trình tự này đều có thể được sử dụng hoặc có liên quan. Cụm từ này không thể hiện rằng chỉ một trình tự cần được sử dụng.

Như lưu ý ở trên, phần mô tả nêu trên tham chiếu đến các vị trí axit amin cụ thể liên quan đến SEQ ID NO: 1. Tuy nhiên, toàn bộ bản mô tả này nói chung đề cập đến miền Pro/Cat mà bắt đầu tại vị trí 31, mà được thể hiện trong SEQ ID NO: 3. Như lưu ý dưới đây, SEQ ID NO: 1 và SEQ ID NO: 303 không có trình tự tín hiệu của PCSK9. Như vậy, sự so sánh bất kỳ giữa các nội dung bộc lộ khác nhau này cần xem xét đến sự khác biệt về cách đánh số này. Cụ thể, vị trí axit amin bất kỳ trong SEQ ID NO: 1 sẽ tương ứng với vị trí axit amin mà lùi vào trong protein thêm 30 axit amin nữa trong SEQ ID NO: 3. Ví dụ, vị trí 207 của SEQ ID NO: 1 tương đương với vị trí 237 của SEQ ID NO: 3 (trình tự nguyên chiều dài, và hệ thống đánh số được sử dụng trong bản mô tả này nói chung). Bảng 39.6 mô tả việc các vị trí nêu trên, mà tham chiếu đến SEQ ID NO: 1 (và/hoặc SEQ

ID NO: 303), tương ứng với SEQ ID NO: 3 (bao gồm trình tự tín hiệu) như thế nào. Do đó, phương án bất kỳ trong số các phương án nêu trên, mà được mô tả về SEQ ID NO: 1 (và/hoặc SEQ ID NO: 303), được mô tả trong sự tham chiếu đến SEQ ID NO: 3, bằng các vị trí tương được được được lưu ý.

Theo một số phương án, ABP 21B12 liên kết với epitop chứa các gốc 162-167 (ví dụ, các gốc D162-E167 của SEQ ID NO: 1). Theo một số phương án, ABP 12H11 liên kết với epitop chứa các gốc 123-132 (ví dụ, S123-T132 của SEQ ID NO: 1). Theo một số phương án, ABP 12H11 liên kết với epitop chứa các gốc 311-313 (ví dụ, A311-D313 của SEQ ID NO: 1). Theo một số phương án, ABP có thể liên kết với epitop chứa sợi bất kỳ trong số các sợi của trình tự.

Protein liên kết kháng nguyên cạnh tranh

Theo khía cạnh khác, sáng chế đề xuất protein liên kết kháng nguyên mà cạnh tranh với một trong số các kháng thể được nêu ví dụ hoặc các mảnh chức năng liên kết với epitop nêu trong bản mô tả này để liên kết đặc hiệu với PCSK9. Protein liên kết kháng nguyên này cũng có thể liên kết với cùng một epitop như một trong số các protein liên kết kháng nguyên được nêu ví dụ trong bản mô tả này, hoặc epitop chồng lặp. Protein liên kết kháng nguyên và mảnh mà cạnh tranh với hoặc liên kết với cùng một epitop như protein liên kết kháng nguyên được nêu ví dụ được dự đoán là thể hiện các tính chất chức năng tương tự. Protein liên kết kháng nguyên được nêu ví dụ và mảnh bao gồm protein liên kết kháng nguyên và mảnh được mô tả ở trên, bao gồm protein liên kết kháng nguyên và mảnh có chuỗi nặng và chuỗi nhẹ, miền vùng biến đổi và CDRs được nêu trong bảng 2 và/hoặc Fig.2-Fig.3 và Fig.15. Do đó, một ví dụ cụ thể về protein liên kết kháng nguyên được đề xuất bao gồm protein liên kết kháng nguyên cạnh tranh với kháng thể hoặc protein liên kết kháng nguyên có:

(a) tất cả 6 CDR được liệt kê cho kháng thể được thể hiện trên Fig.2-Fig.3 và Fig.15;

(b) VH và VL được liệt kê cho kháng thể được thể hiện trong bảng 2; hoặc

(c) hai chuỗi nhẹ và hai chuỗi nặng được nêu rõ cho kháng thể được thể hiện trong bảng 2.

Một số ứng dụng trị liệu và dược phẩm

Trong một số trường hợp nhất định, hoạt tính PCSK9 tương quan với nhiều tình trạng bệnh của người. Ví dụ, trong một số trường hợp nhất định, hoạt tính PCSK9 quá ít hoặc quá nhiều tương quan với một số tình trạng bệnh lý, như chứng tăng cholesterol-huyết. Do đó, trong một số trường hợp nhất định, việc điều biến hoạt tính PCSK9 có thể là hữu dụng trong trị liệu. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên trung hòa đối với PCSK9 được sử dụng để điều biến ít nhất một hoạt tính PCSK9 (ví dụ, liên kết với LDLR). Các phương pháp này có thể điều trị và/hoặc ngăn ngừa và/hoặc làm giảm nguy cơ mắc phải rối loạn liên quan đến lượng cholesterol trong huyết thanh tăng cao hoặc trong đó lượng cholesterol tăng cao có liên quan.

Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng dựa vào bản mô tả này, rối loạn mà liên quan đến, bao gồm hoặc có thể chịu ảnh hưởng bởi lượng cholesterol, LDL hoặc LDLR thay đổi có thể được giải quyết bằng các phương án khác nhau của protein liên kết kháng nguyên. Theo một số phương án, "rối loạn liên quan đến cholesterol" (bao gồm "rối loạn liên quan đến cholesterol trong huyết thanh") bao gồm một hoặc nhiều rối loạn bất kỳ trong số các rối loạn sau: chứng tăng cholesterol-huyết, bệnh tim, hội chứng chuyển hóa, bệnh đái tháo đường, bệnh tim mạch vành, đột quỵ, bệnh tim mạch, bệnh Alzheimer và thông thường là chứng loạn lipit-huyết, các rối loạn này có thể được biểu thị, ví dụ, bằng cholesterol tổng trong huyết thanh tăng cao, LDL tăng cao, triglyxerit tăng cao, VLDL tăng cao và/hoặc HDL thấp. Một số ví dụ không nhằm giới hạn sáng chế về chứng loạn lipit-huyết nguyên phát và thứ phát mà có thể được điều trị bằng cách sử dụng ABP, ở dạng đơn lẻ hoặc ở dạng kết hợp với một hoặc nhiều chất khác, bao gồm hội chứng chuyển hóa, bệnh đái tháo đường, chứng tăng lipit-huyết kết hợp có yếu tố gia đình, chứng tăng triglyxerit-huyết có yếu tố gia đình, chứng tăng cholesterol-huyết có yếu tố gia đình, bao gồm chứng tăng cholesterol-huyết dị hợp tử, chứng tăng cholesterol-huyết đồng hợp tử, chứng khiếm khuyết apoplipoprotein B-100 có

yếu tố gia đình; chứng tăng cholesterol-huyết đa gen; bệnh loại bỏ tàn dư, chứng thiếu hụt lipaza ở gan; chứng loạn lipit-huyết phát sinh từ nguyên nhân bất kỳ trong số các nguyên nhân sau: chế độ ăn không đúng, chứng giảm năng tuyến giáp, thuốc bao gồm liệu pháp estrogen và progestin, chất chẹn beta và thuốc lợi tiểu thiazit; hội chứng hư thận, bệnh suy thận mạn tính, hội chứng Cushing, bệnh xơ gan mật nguyên phát, bệnh tích trữ glycogen, bệnh u gan, bệnh ứ mật, bệnh to cực, bệnh u đảo tụy, chứng thiếu hụt hormon tăng trưởng phân lập và chứng tăng triglyxerit-huyết do rượu gây ra. ABP cũng có thể hữu dụng trong việc ngăn ngừa hoặc điều trị bệnh vữa xơ động mạch, như, ví dụ, bệnh tim mạch vành, bệnh động mạch vành, bệnh động mạch ngoại biên, đột quỵ (thiếu máu cục bộ và xuất huyết), chứng đau thắt ngực, hoặc bệnh mạch não và hội chứng mạch vành cấp tính, chứng nhồi máu cơ tim. Theo một số phương án, ABP hữu dụng trong việc làm giảm nguy cơ của: cơn đau tim không gây tử vong, đột quỵ gây tử vong và không gây tử vong, một số loại phẫu thuật tim, nhập viện do suy tim, chứng đau ngực ở bệnh nhân mắc bệnh tim và/hoặc các biến cố tim mạch do bệnh tim đã có sẵn như cơn đau tim từ trước, phẫu thuật tim từ trước và/hoặc chứng đau ngực với bằng chứng về tắc động mạch. Theo một số phương án, ABP và phương pháp có thể được sử dụng để làm giảm nguy cơ mắc phải các biến cố tim mạch tái phát.

Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng bệnh hoặc rối loạn mà nhìn chung là có thể giải quyết được (có thể điều trị được hoặc có thể ngăn ngừa được) bằng việc sử dụng statin cũng có thể hưởng lợi từ việc sử dụng protein liên kết kháng nguyên theo sáng chế. Ngoài ra, theo một số phương án, rối loạn hoặc bệnh mà có thể hưởng lợi từ việc ngăn ngừa sự tổng hợp cholesterol hoặc sự biểu hiện tăng của LDLR cũng có thể được điều trị bằng các phương án khác nhau của protein liên kết kháng nguyên. Ngoài ra, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng việc sử dụng kháng thể kháng PCSK9 có thể đặc biệt hữu dụng trong điều trị bệnh đái tháo đường. Bệnh đái tháo đường không chỉ là yếu tố nguy cơ đối với bệnh tim mạch vành, mà insulin còn làm tăng sự biểu hiện của PCSK9. Tức là, người mắc bệnh đái tháo đường có lượng lipit trong huyết tương tăng cao (mà có thể liên quan đến lượng PCSK9 cao) và có thể hưởng lợi từ việc làm giảm lượng này. Việc này nhìn chung được mô tả chi tiết hơn trong

tài liệu Costet et al. ("Hepatic PCSK9 Expresion is Regulated by Nutirtional Status via Insulin and Sterol Regulatiory Element-binding Protein 1C", J. Biol. Chem., 281: 6211-6218, 2006), toàn bộ nội dung của tài liệu này được đưa vào bản mô tả này bằng cách viện dẫn.

Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên được sử dụng cho bệnh nhân mắc bệnh đái tháo đường, chứng phình động mạch chủ bụng, chứng vữa xơ động mạch và/hoặc bệnh mạch máu ngoại biên để làm giảm lượng cholesterol trong huyết thanh của họ đến khoảng giá trị an toàn hơn. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên được sử dụng cho bệnh nhân có nguy cơ phát triển rối loạn bất kỳ trong số các rối loạn nêu trên. Theo một số phương án, ABP được sử dụng cho đối tượng hút thuốc, mắc chứng cao huyết áp hoặc có tiền sử gia đình về các cơn đau tim sớm.

Theo một số phương án, đối tượng được cho sử dụng ABP nếu đối tượng này có nguy cơ trung bình hoặc cao hơn dựa theo các mục tiêu điều trị NCEP 2004. Theo một số phương án, ABP được sử dụng cho đối tượng nếu lượng LDL-cholesterol của đối tượng lớn hơn 160 mg/dl. Theo một số phương án, ABP được sử dụng nếu lượng LDL-cholesterol của đối tượng lớn hơn 130 (và đối tượng có nguy cơ trung bình hoặc tương đối cao dựa theo các mục tiêu điều trị NCEP 2004). Theo một số phương án, ABP được sử dụng nếu lượng LDL-cholesterol của đối tượng lớn hơn 100 (và họ có nguy cơ cao hoặc rất cao dựa theo các mục tiêu điều trị NCEP 2004).

Bác sĩ sẽ có thể lựa chọn chỉ định điều trị thích hợp và lượng lipit mục tiêu tùy thuộc vào hồ sơ riêng biệt của bệnh nhân cụ thể. Một tiêu chuẩn đã được chấp nhận rộng rãi để hướng dẫn điều trị chứng tăng lipit-huyết là báo cáo thứ ba (Third Report) của ban chuyên gia thuộc chương trình quốc gia giáo dục về cholesterol (NCEP: National Cholesterol Education Program) về vấn đề phát hiện, đánh giá và điều trị cholesterol cao trong máu ở người trưởng thành (Adult Treatment Panel III) Final Report, National Institutes of Health, NIH Publication No. 02-5215 (2002), bản in công bố của tài liệu này được đưa vào bản mô tả này bằng cách viện dẫn toàn bộ nội dung của nó.

Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9 được sử dụng để làm giảm lượng của hoạt tính PCSK9 từ lượng cao bất thường hoặc thậm chí là lượng bình thường. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9 được sử dụng để điều trị hoặc ngăn ngừa chứng tăng cholesterol-huyết và/hoặc để bào chế thuốc dùng cho chứng tăng cholesterol-huyết và/hoặc cho các rối loạn liên quan đến cholesterol khác (như các rối loạn nêu trong bản mô tả này). Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9 được sử dụng để điều trị hoặc ngăn ngừa tình trạng bệnh lý như chứng tăng cholesterol-huyết trong đó hoạt tính PCSK9 là bình thường. Trong tình trạng bệnh lý như vậy, ví dụ, việc làm giảm hoạt tính PCSK9 đến thấp hơn bình thường có thể tạo ra tác dụng trị liệu.

Theo một số phương án, nhiều hơn một protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9 được sử dụng để điều biến hoạt tính PCSK9.

Theo một số phương án, sáng chế đề cập đến phương pháp điều trị rối loạn liên quan đến cholesterol, như chứng tăng cholesterol-huyết, bao gồm việc sử dụng lượng hữu hiệu để trị liệu của một hoặc nhiều protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9 và chất trị liệu khác.

Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9 được sử dụng ở dạng riêng lẻ. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9 được sử dụng trước khi sử dụng ít nhất một chất trị liệu khác. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9 được sử dụng đồng thời với việc sử dụng ít nhất một chất trị liệu khác. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9 được sử dụng tiếp theo việc sử dụng ít nhất một chất trị liệu khác. Theo các phương án khác, protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9 được sử dụng trước khi sử dụng ít nhất một chất trị liệu khác. Chất trị liệu (ngoài protein liên kết kháng nguyên), bao gồm, nhưng không giới hạn ở, ít nhất một chất làm giảm cholesterol (cholesterol trong huyết thanh và/hoặc cholesterol tổng trong cơ thể) hay chất khác. Theo một số phương án, chất này làm tăng sự biểu hiện của LDLR, được quan sát thấy là làm tăng lượng HDL trong huyết thanh, làm giảm lượng LDL hoặc làm giảm lượng

triglyxerit. Các chất tiêu biểu bao gồm, nhưng không giới hạn ở, statin (atorvastatin, xerivastatin, fluvastatin, lovastatin, mevastatin, pitavastatin, pravastatin, rosuvastatin, simvastatin), axit nicotinic (niaxin) (NIACOR, NIASPAN (niaxin giải phóng chậm), SLO-NIACIN (niaxin giải phóng chậm)), axit fibric (LOPID (gemfibrozil), TRICOR (fenofibrat), chất chelat hóa axit mật (QUESTRAN (cholestyramin), colesevelam (WELCHOL), COLESTID (colestipol)), chất ức chế hấp thụ cholesterol (ZETIA (ezetimibe)), hỗn hợp của axit nicotinic với statin (ADVICOR (LOVASTATIN VÀ NIASPAN), hỗn hợp của statin với chất ức chế hấp thụ (VYTORIN (ZOCOR VÀ ZETIA) và/hoặc chất làm biến đổi lipit. Theo một số phương án, ABP được kết hợp với chất chủ vận PPAR gamma, chất chủ vận PPAR alpha/gamma, chất ức chế squalen syntaza, chất ức chế CETP, chất chống cao huyết áp, chất chống đái tháo đường (như sulphonyl ure, insulin, chất tương tự GLP-1, chất ức chế DDPIV), chất điều biến ApoB, chất ức chế MTP và/hoặc thuốc điều trị chứng xơ cúng động mạch tắc. Theo một số phương án, ABP được kết hợp với chất làm tăng lượng protein LDLR ở đối tượng, như statin, một số xytokin như oncostatin M, estrogen và/hoặc một số thành phần thảo dược như berberin. Theo một số phương án, ABP được kết hợp với chất làm tăng lượng cholesterol trong huyết thanh ở đối tượng (như một số chất chống loạn tâm thần, một số chất ức chế HIV proteaza, các yếu tố dinh dưỡng như fructoza cao, sucroza, cholesterol hoặc một số axit béo và một số chất chủ vận thụ thể nhân và chất đối kháng đối với RXR, RAR, LXR, FXR). Theo một số phương án, ABP được kết hợp với chất làm tăng lượng PCSK9 ở đối tượng, như statin và/hoặc insulin. Sự kết hợp của hai chất này có thể cho phép làm giảm các tác dụng phụ không mong muốn của chất khác bởi ABP. Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng, theo một số phương án, ABP được kết hợp với chất/hợp chất khác. Theo một số phương án, ABP và chất khác được sử dụng đồng thời. Theo một số phương án, ABP và chất khác không được sử dụng đồng thời, trong đó ABP được sử dụng trước hoặc sau khi chất khác được sử dụng. Theo một số phương án, đối tượng nhận cả ABP và chất khác (mà làm tăng lượng LDLR) trong cùng một khoảng thời gian ngăn ngừa, khoảng thời gian xuất hiện rối loạn và/hoặc khoảng thời gian điều trị.

Dược phẩm theo sáng chế có thể được sử dụng trong liệu pháp kết hợp, tức là, được kết hợp với các chất khác. Theo một số phương án, liệu pháp kết hợp bao gồm protein liên kết kháng nguyên có khả năng liên kết PCSK9, kết hợp với ít nhất một chất kháng cholesterol. Chất này bao gồm, nhưng không giới hạn ở, chế phẩm hóa học được bào chế bằng cách tổng hợp in vitro, kháng thể, vùng liên kết kháng nguyên, và tổ hợp và thể liên hợp của chúng. Theo một số phương án, chất này có thể đóng vai trò làm chất chủ vận, chất đối kháng, chất điều biến biến cấu hoặc độc tố. Theo một số phương án, chất này có thể đóng vai trò ức chế hoặc kích thích đích của nó (ví dụ, hoạt hóa hoặc ức chế thụ thể hoặc enzym), và nhờ đó thúc đẩy sự biểu hiện tăng của LDLR hoặc làm giảm lượng cholesterol trong huyết thanh.

Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9 có thể được sử dụng trước khi, cùng lúc với và sau khi việc điều trị bằng chất làm giảm cholesterol (cholesterol trong huyết thanh và/hoặc cholesterol tổng). Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9 có thể được sử dụng theo cách dự phòng để ngăn ngừa hoặc làm giảm sự khởi phát của chứng tăng cholesterol-huyết, bệnh tim, bệnh đái tháo đường và/hoặc rối loạn bất kỳ trong số các rối loạn liên quan đến cholesterol. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9 có thể được sử dụng để điều trị tình trạng bệnh lý tăng cholesterol-huyết hiện có. Theo một số phương án, ABP trì hoãn sự khởi phát của rối loạn và/hoặc triệu chứng liên quan đến rối loạn. Theo một số phương án, sáng chế đề xuất ABP dùng cho đối tượng không có bất kỳ triệu chứng nào của rối loạn bất kỳ trong số các rối loạn liên quan đến cholesterol hoặc tập con của chúng.

Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9 được sử dụng với chất trị liệu cụ thể để điều trị các rối loạn liên quan đến cholesterol khác nhau, như chứng tăng cholesterol-huyết. Theo một số phương án, dựa vào tình trạng bệnh lý và mức độ điều trị mong muốn, hai, ba chất hoặc hơn có thể được sử dụng. Theo một số phương án, các chất này có thể được cung cấp cùng nhau bằng cách đưa vào trong cùng một chế phẩm. Theo một số phương án, (các) chất này và protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9 có thể được cung cấp cùng nhau bằng cách đưa vào trong cùng một chế phẩm. Theo một số phương án, các chất này có thể được phối chế một cách riêng biệt và

được cung cấp cùng nhau bằng cách đưa vào trong bộ kit điều trị. Theo một số phương án, các chất này và protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9 có thể được phối chế một cách riêng biệt và được cung cấp cùng nhau bằng cách đưa vào trong bộ kit điều trị. Theo một số phương án, các chất này có thể được cung cấp một cách riêng biệt. Theo một số phương án, khi được sử dụng bằng liệu pháp gen, các gen mã hóa các chất protein và/hoặc protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9 có thể được đưa vào trong cùng một vectơ. Theo một số phương án, các gen mã hóa các chất protein và/hoặc protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9 có thể nằm dưới sự kiểm soát của cùng một vùng khởi đầu. Theo một số phương án, các gen mã hóa các chất protein và/hoặc protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9 có thể ở trong các vectơ riêng biệt.

Theo một số phương án, sáng chế đề xuất dược phẩm chứa protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9 cùng với chất pha loãng, chất mang, chất làm tan, chất nhũ hóa, chất bảo quản và/hoặc chất bổ trợ dược dụng.

Theo một số phương án, sáng chế đề xuất dược phẩm chứa protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9 và lượng hữu hiệu để trị liệu của ít nhất một chất trị liệu bổ sung, cùng với chất pha loãng, chất mang, chất làm tan, chất nhũ hóa, chất bảo quản và/hoặc chất bổ trợ dược dụng.

Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9 có thể được sử dụng với ít nhất một chất trị liệu dùng cho bệnh viêm. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9 có thể được sử dụng với ít nhất một chất trị liệu dùng cho rối loạn miễn dịch. Chất trị liệu tiêu biểu dùng cho bệnh viêm và rối loạn miễn dịch bao gồm, nhưng không giới hạn ở, chất ức chế xyclooxygenaza typ 1 (COX-1) và xyclooxygenaza typ 2 (COX-2), chất điều biến phân tử nhỏ của kinaza protein được hoạt hóa bởi mitogen 38 kDa (p38-MAPK); chất điều biến phân tử nhỏ của phân tử nội bào tham gia vào các quá trình viêm, trong đó phân tử nội bào này bao gồm, nhưng không giới hạn ở, jnk, IKK, NF-κB, ZAP70 và lck. Một số chất trị liệu tiêu biểu dùng cho bệnh viêm được mô tả, ví dụ, trong tài liệu C.A. Dinarello & L.L. Moldawer Proinflammatory

and Anti-Inflammatory Cytokines in Rheumatoid Arthritis: A Primer for Clinicians Third Edition (2001) Amgen Inc. Thousand Oaks, CA.

Theo một số phương án, dược phẩm chứa nhiều hơn một protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9 khác nhau. Theo một số phương án, dược phẩm chứa nhiều hơn một protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9, trong đó protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9 này liên kết với nhiều hơn một epitop. Theo một số phương án, các protein liên kết kháng nguyên khác nhau sẽ không cạnh tranh với nhau để liên kết với PCSK9. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên bất kỳ trong số các protein liên kết kháng nguyên được thể hiện trong bảng 2 và trên Fig.2 và/hoặc Fig.3 có thể được kết hợp cùng nhau trong dược phẩm.

Theo một số phương án, các nguyên liệu phối chế có thể chấp nhận được tốt hơn là không độc đối với người nhận ở liều lượng và nồng độ được sử dụng. Theo một số phương án, (các) nguyên liệu phối chế là để dùng dưới da và/hoặc trong tĩnh mạch. Theo một số phương án, dược phẩm có thể chứa nguyên liệu phối chế để làm biến đổi, duy trì hoặc bảo quản, ví dụ, độ pH, độ thẩm thấu, độ nhớt, độ trong, màu sắc, tính đẳng trương, mùi, độ vô trùng, độ ổn định, tốc độ phân ly hoặc giải phóng, hấp phụ hoặc thâm nhập của chế phẩm. Theo một số phương án, nguyên liệu phối chế thích hợp bao gồm, nhưng không giới hạn ở, axit amin (như glyxin, glutamin, asparagin, arginin hoặc lysin); chất kháng vi sinh vật; chất chống oxy hóa (như axit ascorbic, natri sulfit hoặc natri hydro-sulfit); chất đệm (như borat, bicacbonat, Tris-HCl, xitrat, phosphat hoặc các axit hữu cơ khác); chất tạo khối (như mannitol hoặc glyxin); chất chelat hóa (như axit etylendiamin tetraaxetic (EDTA)); chất tạo phức (như caffein, polyvinylpyrolidon, beta-xyclodextrin hoặc hydroxypropyl-beta-xyclodextrin); chất độn; monosacarit; disacarit; và các hydrat cacbon khác (như glucoza, mannoza hoặc dextrin); protein (như albumin huyết thanh, gelatin hoặc globulin miễn dịch); chất tạo màu, chất tạo hương vị và chất pha loãng; chất nhũ hóa; polyme ưa nước (như polyvinylpyrolidon); polypeptit có phân tử lượng thấp; đối ion tạo muối (như natri); chất bảo quản (như benzalkoni clorua, axit benzoic, axit salixylic, thimerosal, rượu phenetylic, metylparaben, propylparaben, clohexidin, axit sorbic hoặc hydro peroxit); dung môi (như glyxerin, propylen glycol hoặc polyetylen

glycol); rượu đường (như mannitol hoặc sorbitol); chất tạo hỗn dịch; chất hoạt động bề mặt hoặc chất thấm ướt (như pluronic, PEG, sorbitan este, polysorbat như polysorbat 20, polysorbat 80, triton, trometamin, lexitin, cholesterol, tyloxapal); chất tăng cường độ ổn định (như sucroza hoặc sorbitol); chất tăng cường trương lực (như halogenua kim loại kiềm, tốt hơn là natri hoặc kali clorua, mannitol sorbitol); chất dẫn vào cơ thể; chất pha loãng; tá dược và/hoặc chất bổ trợ dược dụng. (Remington's Pharmaceutical Sciences, 18th Edition, A.R. Gennaro, ed., Mack Publishing Company (1995). Theo một số phương án, chế phẩm chứa PBS; NaOAC 20 mM, độ pH=5,2, NaCl 50 mM; và/hoặc NaOAC 10 mM, độ pH=5,2, sucroza 9%.

Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9 và/hoặc phân tử trị liệu được liên kết với tá dược kéo dài thời gian bán hủy đã biết trong lĩnh vực. Tá dược như vậy bao gồm, nhưng không giới hạn ở, polyetylen glycol, glycogen (ví dụ, glycosyl hóa ABP) và dextran. Tá dược như vậy được mô tả, ví dụ, trong đơn Mỹ số 09/428,082, hiện giờ là patent Mỹ số 6,660,843 và công bố đơn PCT số WO 99/25044, các tài liệu này được đưa vào bản mô tả này bằng cách viện dẫn cho mục đích bất kỳ.

Theo một số phương án, dược phẩm tối ưu sẽ được xác định bởi người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực tùy thuộc vào, ví dụ, đường sử dụng được dự định, kiểu đưa vào cơ thể và liều lượng mong muốn. Ví dụ, xem tài liệu Remington's Pharmaceutical Sciences, nêu trên. Theo một số phương án, dược phẩm này có thể gây ảnh hưởng đến trạng thái vật lý, độ ổn định, tốc độ giải phóng *in vivo* và tốc độ thanh thải *in vivo* của kháng thể theo sáng chế.

Theo một số phương án, chất dẫn hoặc chất mang chính trong dược phẩm có thể có bản chất là dạng nước hoặc không phải dạng nước. Ví dụ, theo một số phương án, chất dẫn hoặc chất mang thích hợp có thể là nước dùng để tiêm, dung dịch nước muối sinh lý hoặc dịch não tủy nhân tạo, có thể có bổ sung các nguyên liệu khác thường có trong dược phẩm để sử dụng ngoài đường tiêu hóa. Theo một số phương án, nước muối bao gồm nước muối đệm phosphat đẳng trương. Theo một số phương án, nước muối đệm trung tính hoặc nước muối được trộn với albumin huyết thanh là các chất dẫn tiêu biểu khác.

Theo một số phương án, dược phẩm chứa đệm Tris có độ pH khoảng 7,0-8,5, hoặc đệm axetat đệm có độ pH khoảng 4,0-5,5, mà có thể còn chứa sorbitol hoặc chất thay thế thích hợp của nó. Theo một số phương án, dược phẩm chứa protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9, cùng với hoặc không cùng với ít nhất một chất trị liệu bổ sung, có thể được bào chế để bảo quản bằng cách trộn dược phẩm được chọn có độ tinh khiết mong muốn với các chất phối chế tùy ý (Remington's Pharmaceutical Sciences, nêu trên) ở dạng bánh đông khô hoặc dung dịch nước. Ngoài ra, theo một số phương án, dược phẩm chứa protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9, cùng với hoặc không cùng với ít nhất một chất trị liệu bổ sung, có thể được phối chế ở dạng sản phẩm đông khô bằng cách sử dụng tá dược thích hợp như sucroza.

Theo một số phương án, dược phẩm có thể được chọn để để đưa vào cơ thể theo cách ngoài đường tiêu hóa. Theo một số phương án, dược phẩm có thể được chọn để xông hít hoặc để đưa vào cơ thể qua đường tiêu hóa, như qua đường miệng. Việc bào chế dược phẩm như vậy thuộc khả năng của người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực.

Theo một số phương án, các thành phần phối chế có mặt với nồng độ có thể chấp nhận được đối với vị trí sử dụng. Theo một số phương án, đệm được sử dụng để duy trì chế phẩm ở độ pH sinh lý hoặc độ pH thấp hơn một chút, thường nằm trong khoảng giá trị độ pH từ khoảng 5 đến khoảng 8.

Theo một số phương án, khi việc sử dụng ngoài được tiêu hóa được dự tính đến, chế phẩm trị liệu có thể ở dạng dung dịch nước không chứa chất gây sốt có thể chấp nhận ngoài đường tiêu hóa, chứa protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9 mong muốn, cùng với hoặc không cùng với chất trị liệu bổ sung, trong chất dẫn dược dụng. Theo một số phương án, chất dẫn dùng để tiêm ngoài đường tiêu hóa là nước cất vô trùng trong đó protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9, cùng với hoặc không cùng với ít nhất một chất trị liệu bổ sung, được phối chế dưới dạng dung dịch đẳng trương vô trùng, được bảo quản đúng cách. Theo một số phương án, chế phẩm này có thể bao gồm chế phẩm của phân tử mong muốn với chất, như vi cầu có thể tiêm được, hạt có thể ăn mòn sinh học, hợp chất dạng polyme (như axit polylactic hoặc axit polyglycolic), hạt hoặc liposom, mà

có thể tạo ra sự giải phóng có kiểm soát hoặc kéo dài của sản phẩm sau đó có thể được đưa vào cơ thể bằng cách tiêm thuốc liều dự trữ (depot). Theo một số phương án, axit hyaluronic cũng có thể được sử dụng, và có thể có tác dụng thúc đẩy khoảng thời gian kéo dài trong hệ tuần hoàn. Theo một số phương án, dụng cụ đưa thuốc vào cơ thể có thể cấy ghép được có thể được sử dụng để đưa phân tử mong muốn vào.

Theo một số phương án, dược phẩm có thể được phối chế để xông hít. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9, cùng với hoặc không cùng với ít nhất một chất trị liệu bổ sung, có thể được phối chế dưới dạng bột khô để xông hít. Theo một số phương án, dung dịch xông hít chứa protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9, cùng với hoặc không cùng với ít nhất một chất trị liệu bổ sung, có thể được phối chế với chất đẩy để đưa sol khí vào cơ thể. Theo một số phương án, dung dịch có thể được phun sương. Việc sử dụng trong phổi được mô tả thêm trong đơn PCT số PCT/US94/001875, tài liệu này mô tả việc đưa protein được biến đổi hóa học vào trong phổi.

Theo một số phương án, sáng chế đề xuất chế phẩm có thể được sử dụng qua đường miệng. Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9, cùng với hoặc không cùng với ít nhất một chất trị liệu bổ sung, mà được sử dụng theo cách này, có thể được phối chế cùng với hoặc không cùng với chất mang thường được sử dụng trong bào chế dạng liều lượng rắn như viên nén và viên nang. Theo một số phương án, viên nang có thể được thiết kế để giải phóng phần hoạt tính của chế phẩm tại vị trí trong đường dạ dày-ruột khi độ sinh khả dụng được tối đa hóa và sự phân hủy trước khi đi vào hệ tuần hoàn toàn thân được tối thiểu hóa. Theo một số phương án, ít nhất một chất bổ sung có thể được đưa vào để tạo điều kiện thuận lợi cho việc hấp thụ protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9 và/hoặc chất trị liệu bổ sung bất kỳ. Theo một số phương án, chất pha loãng, chất tạo hương vị, sáp có điểm sôi thấp, dầu thực vật, chất làm trơn, chất tạo hỗn dịch, chất gây rã viên nén và chất kết dính cũng có thể được sử dụng.

Theo một số phương án, dược phẩm có thể chứa lượng hữu hiệu của protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9, cùng với hoặc không cùng với ít nhất một chất trị liệu

bổ sung, ở dạng hỗn hợp với tá dược không độc mà thích hợp cho việc sản xuất viên nén. Theo một số phương án, dung dịch có thể được tạo ra ở dạng liều đơn vị bằng cách hòa tan viên nén trong nước vô trùng, hoặc chất dẫn thích hợp khác. Theo một số phương án, tá dược thích hợp bao gồm, nhưng không giới hạn ở, chất pha loãng trơ, như canxi cacbonat, natri cacbonat hoặc bicacbonat, lactoza hoặc canxi phosphat; hoặc chất kết dính, như tinh bột, gelatin hoặc acacia; hoặc chất làm trơn như magie stearat, axit stearic hoặc đá talc.

Các dược phẩm khác sẽ là hiển nhiên đối với người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực, bao gồm dược phẩm chứa protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9, cùng với hoặc không cùng với ít nhất một (các) chất trị liệu bổ sung, trong dược phẩm đưa vào cơ thể ở dạng kéo dài hoặc có kiểm soát. Theo một số phương án, các kỹ thuật phối chế các chế phẩm đưa vào cơ thể ở dạng kéo dài hoặc có kiểm soát khác nhau, như chất mang liposom, vi hạt có thể ăn mòn sinh học hoặc hạt xốp và chế phẩm tiêm liều dự trữ, cũng là đã biết đối với người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực. Xem, ví dụ, đơn PCT số PCT/US93/00829 mô tả sự giải phóng có kiểm soát của các vi hạt dạng polyme xốp để đưa dược phẩm vào cơ thể. Theo một số phương án, chế phẩm giải phóng kéo dài có thể chứa nền polyme có thể bán thấm được ở dạng vật có hình dạng, ví dụ màng, hoặc viên vi nang. Nền giải phóng kéo dài có thể bao gồm polyeste, hydrogel, polylactit (U.S. 3,773,919 và EP 058,481), copolyme của axit L-glutamic và gamma etyl-L-glutamat (Sidman et al., Biopolymers, 22:547-556 (1983)), poly (2-hydroxyetyl-metacrylat) (Langer et al., J. Biomed. Mater. Res., 15:167-277 (1981) và Langer, Chem. Tech., 12:98-105 (1982)), etylen vinyl axetat (Langer et al., nêu trên) hoặc axit poly-D(-)-3-hydroxybutyric (EP 133,988). Theo một số phương án, chế phẩm giải phóng kéo dài cũng có thể chứa liposom, mà có thể được tạo ra bằng phương pháp bất kỳ trong số các phương pháp đã biết trong lĩnh vực. Ví dụ, xem tài liệu Eppstein et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 82:3688-3692 (1985); EP 036,676; EP 088,046 và EP 143,949.

Dược phẩm dùng để sử dụng *in vivo* thường là vô trùng. Theo một số phương án, việc này có thể được thực hiện bằng cách lọc qua màng lọc vô trùng. Theo một số phương án, khi dược phẩm được làm đông khô, việc khử trùng bằng phương pháp này có thể được

tiến hành trước khi hoặc sau khi làm đông khô và hoàn nguyên. Theo một số phương án, dược phẩm để sử dụng ngoài đường tiêu hóa có thể được lưu trữ ở dạng đông khô hoặc ở dạng dung dịch. Theo một số phương án, dược phẩm dùng ngoài đường tiêu hóa thường được cho vào vật chứa có đầu vào vô trùng, ví dụ, lọ hoặc túi đựng dung dịch dùng trong tĩnh mạch có nút có thể chọc thủng được bằng kim tiêm dưới da.

Theo một số phương án, khi dược phẩm đã được phối chế, nó có thể được lưu trữ trong lọ vô trùng dưới dạng dung dịch, hỗn dịch, gel, nhũ tương, chất rắn hoặc dưới dạng bột đã được loại nước hoặc bột đông khô. Theo một số phương án, dược phẩm này có thể được lưu trữ ở dạng sẵn sàng để sử dụng hoặc ở dạng (ví dụ, đông khô) cần được hoàn nguyên trước khi sử dụng.

Theo một số phương án, sáng chế đề xuất bộ kit để tạo ra đơn vị sử dụng ở dạng liều đơn. Theo một số phương án, bộ kit này có thể chứa cả vật chứa thứ nhất có protein đã được làm khô và vật chứa thứ hai có chế phẩm dạng nước. Theo một số phương án, sáng chế bao gồm bộ kit chứa bơm tiêm có một ngăn và nhiều ngăn đã được nạp đầy trước (ví dụ, bơm tiêm chất lỏng và bơm tiêm đông khô).

Theo một số phương án, lượng hữu hiệu của dược phẩm chứa protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9, cùng với hoặc không cùng với ít nhất một chất trị liệu bổ sung, được sử dụng để trị liệu sẽ phụ thuộc, ví dụ, vào bối cảnh và mục tiêu trị liệu. Do đó, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng mức liều lượng thích hợp để điều trị, theo một số phương án, sẽ thay đổi tùy thuộc một phần vào phân tử cần đưa vào cơ thể, chỉ định cần sử dụng protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9 cùng với hoặc không cùng với ít nhất một chất trị liệu bổ sung, đường sử dụng, và kích thước (thể trọng, bề mặt cơ thể hoặc kích thước cơ quan) và/hoặc tình trạng (độ tuổi và sức khỏe tổng thể) của bệnh nhân. Theo một số phương án, bác sĩ lâm sàng có thể chuẩn độ liều lượng và thay đổi đường sử dụng để thu được tác dụng trị liệu tối ưu. Theo một số phương án, liều lượng điển hình có thể nằm trong khoảng từ khoảng 0,1 μg/kg đến lên tới khoảng 100 mg/kg hoặc hơn, tùy thuộc vào các yếu tố nêu trên. Theo một số phương án, liều lượng có

thể nằm trong khoảng từ 0,1 μg/kg lên tới khoảng 100 mg/kg; hoặc 1 μg/kg lên tới khoảng 100 mg/kg; hoặc 5 μg/kg lên tới khoảng 100 mg/kg.

Theo một số phương án, tần suất dùng liều sẽ xem xét đến các thông số dược động của protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9 và/hoặc chất trị liệu bổ sung bất kỳ trong dược phẩm được sử dụng. Theo một số phương án, bác sĩ lâm sàng sẽ sử dụng dược phẩm cho đến khi đạt được liều lượng mà tạo ra tác dụng mong muốn. Theo một số phương án, theo đó, dược phẩm có thể được sử dụng dưới dạng liều đơn hoặc dưới dạng hai hoặc nhiều liều (mà có thể có hoặc có thể không chứa cùng lượng phân tử mong muốn) theo thời gian, hoặc dưới dạng truyền liên tục thông qua dụng cụ cấy ghép hoặc ống thông. Việc tiếp tục tinh chỉnh liều lượng thích hợp thường được thực hiện bởi người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực và thuộc phạm vi nhiệm vụ được họ thực hiện thường xuyên. Theo một số phương án, liều lượng thích hợp có thể được xác định thông qua việc sử dụng dữ liệu về liều-đáp ứng thích hợp. Theo một số phương án, lượng và tần suất sử dụng có thể xem xét đến lượng cholesterol (trong huyết thanh và/hoặc tổng) mong muốn cần thu được và lượng cholesterol, lượng LDL và/hoặc lượng LDLR hiện tại của đối tượng, tất cả đều có thể thu được bằng các phương pháp đã biết rõ đối với người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực.

Theo một số phương án, đường sử dụng của dược phẩm là theo các phương pháp đã biết, ví dụ qua đường miệng, thông qua việc tiêm qua đường trong tĩnh mạch, trong màng bụng, trong não (trong nhu mô), trong não thất, trong cơ, dưới da, trong mắt, trong động mạch, trong cửa hoặc trong thương tổn; bằng hệ giải phóng kéo dài hoặc bằng dụng cụ cấy ghép. Theo một số phương án, dược phẩm có thể được sử dụng bằng cách tiêm thuốc liều cao (bolus) hoặc liên tục bằng cách truyền hoặc bằng dụng cụ cấy ghép.

Theo một số phương án, dược phẩm có thể được sử dụng tại chỗ bằng cách cấy ghép màng, bọt xốp hoặc vật liệu thích hợp khác mà phân tử mong muốn đã được hấp thụ hoặc bao nang trên đó. Theo một số phương án, khi dụng cụ cấy ghép được sử dụng, dụng cụ này có thể được cấy ghép vào mô hoặc cơ quan thích hợp bất kỳ, và việc đưa phân tử

mong muốn này vào cơ thể có thể là thông qua sự khuếch tán, thuốc liều cao giải phóng theo thời gian hoặc sử dụng liên tục.

Theo một số phương án, có thể mong muốn sử dụng dược phẩm chứa protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9, cùng với hoặc không cùng với ít nhất một chất trị liệu bổ sung, theo cách *ex vivo*. Trong các trường hợp này, tế bào, mô và/hoặc cơ quan được lấy ra từ bệnh nhân được cho tiếp xúc với dược phẩm chứa protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9, cùng với hoặc không cùng với ít nhất một chất trị liệu bổ sung, sau đó tế bào, mô và/hoặc cơ quan này được cấy ghép trở lại vào bệnh nhân.

Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9 và/hoặc chất trị liệu bổ sung bất kỳ có thể được đưa vào cơ thể bằng cách cấy ghép một số tế bào được thiết kế về mặt di truyền, bằng các phương pháp như các phương pháp được nêu trong bản mô tả này, để biểu hiện và tiết polypeptit. Theo một số phương án, tế bào như vậy có thể là tế bào động vật hoặc tế bào người, và có thể là cùng loại, khác loại hoặc ghép khác loại. Theo một số phương án, tế bào này có thể được làm bất tử. Theo một số phương án, để làm giảm cơ hội đáp ứng miễn dịch, tế bào có thể được bao nang để tránh thâm nhiễm vào mô xung quanh. Theo một số phương án, vật liệu bao nang thường là màng hoặc vỏ bao dạng polyme có thể bán thấm tương thích về mặt sinh học mà cho phép giải phóng (các) sản phẩm protein nhưng ngăn chặn sự phá hủy tế bào bởi hệ miễn dịch của bệnh nhân hoặc bởi các yếu tố gây hại khác từ mô xung quanh.

Dựa vào khả năng của ABP trong việc làm trung hòa đáng kể hoạt tính PCSK9 (như được chứng minh trong các ví dụ dưới đây), ABP này sẽ có tác dụng trị liệu trong việc điều trị và ngăn ngừa các triệu chứng và tình trạng bệnh lý gây ra bởi hoạt tính được điều tiết bởi PCSK9, như chứng tăng cholesterol-huyết.

Ứng dụng trong chẩn đoán

Theo một số phương án, ABP được sử dụng làm công cụ chẩn đoán. ABP có thể được sử dụng để thử nghiệm lượng PCSK9 có mặt trong mẫu và/hoặc đối tượng. Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng ABP này không cần phải là ABP trung

hòa. Theo một số phương án, ABP dùng để chẩn đoán không phải là ABP trung hòa. Theo một số phương án, ABP dùng để chẩn đoán liên kết với epitop khác với epitop mà ABP trung hòa liên kết với. Theo một số phương án, hai ABP này không cạnh tranh với nhau.

Theo một số phương án, ABP nêu trong bản mô tả này được sử dụng hoặc được cung cấp trong bộ kit thử nghiệm và/hoặc phương pháp dùng để phát hiện PCSK9 trong tế bào hoặc mô động vật có vú để sàng lọc/chẩn đoán bệnh hoặc rối loạn liên quan đến sự thay đổi của lượng PCSK9. Bộ kit này chứa ABP mà liên kết với PCSK9 và phương tiện để chỉ thị sự liên kết của ABP với PCSK9, nếu có, và tùy ý lượng protein PCSK9. Các phương tiện khác nhau dùng để chỉ thị sự có mặt của ABP có thể được sử dụng. Ví dụ, nhóm huỳnh quang, các mẫu dò phân tử khác hoặc enzym có thể được liên kết với ABP và sự có mặt của ABP có thể được quan sát bằng nhiều cách. Phương pháp dùng để sàng lọc rối loạn này có thể bao gồm việc sử dụng bộ kit, hoặc chỉ đơn giản là việc sử dụng một trong số các ABP được bộc lộ và việc xác định xem liệu ABP có liên kết với PCSK9 trong mẫu hay không. Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng lượng PCSK9 cao hoặc tăng cao sẽ dẫn đến lượng ABP liên kết với PCSK9 lớn hơn trong mẫu. Do đó, mức độ liên kết của ABP có thể được sử dụng để xác định xem có bao nhiêu PCSK9 ở trong mẫu. Đối tượng hoặc mẫu có lượng PCSK9 lớn hơn lượng đã định trước (ví dụ, lượng hoặc khoảng giá trị mà người không mắc rối loạn liên quan đến PCSK9 có) có thể được mô tả là mắc rối loạn được điều tiết bởi PCSK9. Theo một số phương án, ABP được sử dụng cho đối tượng sử dụng statin, để xác định xem liệu statin có làm tăng lượng PCSK9 ở đối tượng hay không.

Theo một số phương án, ABP là ABP không trung hòa và được sử dụng để xác định lượng PCSK9 ở đối tượng được điều trị bằng ABP và/hoặc statin.

Ví dụ thực hiện sáng chế

Các ví dụ nêu dưới đây, bao gồm các thí nghiệm được thực hiện và các kết quả thu được, được nêu nhằm mục đích duy nhất là minh họa sáng chế và không được hiểu là làm giới hạn phạm vi của sáng chế.

Ví dụ 1

Gây miễn dịch và chuẩn độ

Tạo kháng thể kháng PCSK9 và tế bào lai

Các kháng thể đối với dạng trưởng thành của PCSK9 (được thể hiện dưới dạng trình tự trên Fig.1A, với tiền miền được gạch dưới), được tạo ra ở chuột nhắt XenoMouse® (Abgenix, Fremont, CA), là chuột nhắt chứa các gen globulin miễn dịch của người. Hai nhóm chuột nhắt XenoMouse®, nhóm 1 và nhóm 2, được sử dụng để tạo ra các kháng thể đối với PCSK9. Nhóm 1 bao gồm các con chuột nhắt thuộc chủng XenoMouse® XMG2-KL, mà tạo ra các kháng thể IgG2$_\kappa$ and IgG2λ đầy đủ của người. Các con chuột nhắt thuộc nhóm 1 được gây miễn dịch bằng PCSK9 của người. PCSK9 được tạo ra bằng các kỹ thuật tái tổ hợp tiêu chuẩn bằng cách sử dụng trình tự ngân hàng gen (GenBank) làm tham chiếu (NM_174936). Nhóm 2 bao gồm các con chuột nhắt thuộc chủng XenoMouse® XMG4-KL, mà tạo ra các kháng thể IgG4$_\kappa$ and IgG4λ đầy đủ của người. Các con chuột nhắt thuộc nhóm 2 cũng được gây miễn dịch bằng PCSK9 của người.

Các con chuột nhắt thuộc cả hai nhóm được tiêm kháng nguyên mười một lần, theo lịch trình nêu trong bảng 3. Trong lần gây miễn dịch đầu tiên, mỗi con chuột nhắt được tiêm tổng cộng là 10 µg kháng nguyên được đưa qua đường trong màng bụng vào bụng. Các lần tăng tiếp theo là các liều 5 ug và phương pháp tiêm được bố trí xen kẽ giữa tiêm qua đường trong màng bụng vào bụng và tiêm qua đường dưới da tại phần gốc đuôi. Để tiêm qua đường trong màng bụng, kháng nguyên được điều chế dưới dạng nhũ tương bằng TiterMax® Gold (Sigma, Cat # T2684), và để tiêm dưới da, kháng nguyên được trộn với Alum (nhôm phosphat) và CpG oligos. Trong các lần tiêm từ 2 đến 8 và 10, mỗi con chuột nhắt được tiêm tổng cộng là 5 µg kháng nguyên trong chất bổ trợ gel alum. Lần tiêm cuối cùng là 5 µg kháng nguyên cho cho mỗi con chuột nhắt được đưa vào cơ thể trong nước muối đệm Phospho và được đưa vào trong 2 vị trí, 50% qua đường trong màng bụng vào bụng và 50% qua đường dưới da tại phần gốc của đuôi. Chương trình gây miễn dịch được tổng hợp trong bảng 3 dưới đây.

Bảng 3

	1	2
chủng chuột nhắt	XMG2/kl	XMG4/kl
số lượng chuột nhắt	10	10
chất sinh miễn dịch	PCSK9-V5/His	PCSK9-V5/His
lần tăng thứ nhất	tiêm trong màng bụng 10 ug mỗi con	tiêm trong màng bụng 10 ug mỗi con
	Titermax Gold	Titermax Gold
lần tăng thứ hai	tiêm đuôi 5 ug mỗi con	tiêm đuôi 5 ug mỗi con
	Alum/CpG ODN	Alum/CpG ODN
lần tăng thứ ba	tiêm trong màng bụng 5 ug mỗi con	tiêm trong màng bụng 5 ug mỗi con
	Titermax Gold	Titermax Gold
lần tăng thứ tư	tiêm đuôi 5 ug mỗi con	tiêm đuôi 5 ug mỗi con
	Alum/CpG ODN	Alum/CpG ODN
lần tăng thứ năm	tiêm trong màng bụng 5 ug mỗi con	tiêm trong màng bụng 5 ug mỗi con
	Titermax Gold	Titermax Gold
lần tăng thứ sáu	tiêm đuôi 5 ug mỗi con	tiêm đuôi 5 ug mỗi con
	Alum/CpG ODN	Alum/CpG ODN
lần tăng thứ bảy	tiêm trong màng bụng 5 ug mỗi con	tiêm trong màng bụng 5 ug mỗi con
	Titermax Gold	Titermax Gold
lần tăng thứ tám	tiêm đuôi 5 ug mỗi con	tiêm đuôi 5 ug mỗi con
	Alum/CpG ODN	Alum/CpG ODN
chảy máu		
lần tăng thứ chín	tiêm trong màng bụng 5 ug mỗi con	tiêm trong màng bụng 5 ug mỗi con
	Titermax Gold	Titermax Gold
lần tăng thứ mười	tiêm đuôi 5 ug mỗi con	tiêm đuôi 5 ug mỗi con
	Alum/CpG ODN	Alum/CpG ODN
lần tăng thứ mười một	BIP 5 ug mỗi con	BIP 5 ug mỗi con
	PBS	PBS
thu hoạch		

Quy trình được sử dụng để chuẩn độ các con chuột nhắt XenoMouse là như sau: các đĩa liên kết môi trường Costar 3368 được phủ bằng neutravadin với nồng độ là 8 ug/mL (50 uL/lỗ) và được ủ ở 4°C trong 1XPBS/azit 0,05% qua đêm. Các đĩa được rửa bằng cách sử dụng quy trình rửa 3 chu kỳ Titertek bằng nước RO. Các đĩa được phong bế bằng 250 uL1XPBS/sữa 1% và được ủ trong ít nhất 30 phút ở nhiệt độ trong phòng. Tác nhân phong bế được rửa bỏ bằng cách sử dụng quy trình rửa 3 chu kỳ Titertek bằng nước RO. Sau đó bắt giữ b-PCSK9 của người với nồng độ là 2 ug/mL trong 1XPBS/sữa 1%/Ca^{2+} 10 mM (dịch pha loãng thử nghiệm) 50 uL/lỗ và ủ trong 1 giờ ở nhiệt độ trong phòng. Sau đó rửa bằng cách sử dụng quy trình rửa 3 chu kỳ Titertek bằng nước RO. Đối với kháng thể sơ cấp, huyết thanh được chuẩn độ 1:3 với hai lần lặp lại từ 1:100. Việc này được thực hiện trong dịch pha loãng thử nghiệm 50 uL/lỗ và được ủ trong 1 giờ ở nhiệt độ trong phòng. Sau đó rửa bằng cách sử dụng quy trình rửa 3 chu kỳ Titertek bằng nước RO. Kháng thể thứ cấp là HRP kháng IgG Fc của người ở dê với nồng độ là 400 ng/mL trong dịch pha loãng thử nghiệm với thể tích là 50 uL/lỗ. Kháng thể này được ủ trong 1 giờ ở nhiệt độ trong phòng. Sau đó, kháng thể này được rửa bằng cách sử dụng quy trình rửa 3 chu kỳ Titertek bằng nước RO và thấm khô trên khăn giấy. Đối với cơ chất, dung dịch TMB một bước (Neogen, Lexington, Kentucky) được sử dụng (50 uL/lỗ) và được để phát triển trong 30 phút ở nhiệt độ trong phòng.

Các quy trình được thực hiện trong các thử nghiệm ELISA là như sau: đối với các mẫu chứa b-PCSK9 không có thẻ gắn V5His, quy trình sau đây được sử dụng: các đĩa liên kết môi trường Costar 3368 (Corning Life Sciences) được sử dụng. Các đĩa được phủ bằng neutravadin với nồng độ là 8 µg/mL trong 1XPBS/azit 0,05%, (50 µL/lỗ). Các đĩa được ủ ở 4°C qua đêm. Sau đó, các đĩa được rửa bằng thiết bị rửa đĩa Titertek M384 (Titertek, Huntsville, AL). Quy trình rửa 3 chu kỳ được thực hiện. Các đĩa được phong bế bằng 250 µL 1XPBS/sữa 1% và được ủ khoảng 30 phút ở nhiệt độ trong phòng. Sau đó, các đĩa được rửa bằng thiết bị rửa đĩa M384. Quy trình rửa 3 chu kỳ được thực hiện. Chất bắt giữ là b-hu PCSK9, không có thẻ gắn V5, và được bổ sung với nồng độ là 2 µg/mL trong 1XPBS/sữa 1%/Ca^{2+} 10 mM (40 µL/lỗ). Sau đó, các đĩa được ủ trong 1 giờ ở nhiệt

độ trong phòng. Quy trình rửa 3 chu kỳ được thực hiện. Huyết thanh được chuẩn độ 1:3 với hai lần lặp lại từ 1:100, và hàng H không chứa huyết thanh. Việc chuẩn độ được thực hiện trong dịch pha loãng thử nghiệm, với thể tích là 50 µL/lỗ. Các đĩa được ủ trong 1 giờ ở nhiệt độ trong phòng. Tiếp theo, quy trình rửa 3 chu kỳ được thực hiện. HRP kháng IgG Fc của người ở dê với nồng độ là 100 ng/mL (1:4000) trong 1XPBS/sữa 1%/Ca^{2+} 10 mM (50 µL/lỗ) được bổ sung vào đĩa và được ủ trong 1 giờ ở nhiệt độ trong phòng. Các đĩa được rửa một lần nữa, bằng cách sử dụng quy trình rửa 3 chu kỳ. Sau đó, các đĩa được thấm khô bằng khăn giấy. Cuối cùng, TMB 1 bước (Neogen, Lexington, Kentucky) (50 µL/lỗ) được bổ sung vào đĩa và được làm dừng bằng axit clohydric 1N (50 µL/lỗ) sau 30 phút ở nhiệt độ trong phòng. OD được đọc ngay lập tức ở 450 nm bằng thiết bị đọc đĩa Titertek.

Các đối chứng dương dùng để phát hiện PCSK9 đã liên kết với đĩa là thụ thể LDL tan được (R&D Systems, Cat #2148LD/CF) và kháng thể kháng PCSK9 đa dòng ở thỏ (Caymen Chemical #10007185) được chuẩn độ 1:3 với hai lần lặp lại từ 3 µg/mL trong dịch pha loãng thử nghiệm. LDLR được phát hiện bằng kháng thể kháng LDLR ở dê (R&D Systems, Cat #AF2148) và HRP kháng IgGFc của dê ở thỏ với nồng độ là 400 ng/mL; kháng thể đa dòng ở thỏ được phát hiện bằng kháng thể kháng IgG Fc của thỏ ở dê với nồng độ là 400 ng/mL trong dịch pha loãng thử nghiệm. Đối chứng âm là huyết thanh XMG2-KL và XMG4-KL chưa quen với thí nghiệm được chuẩn độ 1:3 với hai lần lặp lại từ 1:100 trong dịch pha loãng thử nghiệm.

Đối với các mẫu chứa b-PCSK9 có thẻ gắn V5His, quy trình sau đây được sử dụng: các đĩa liên kết môi trường Costar 3368 (Corning Life Sciences) được sử dụng. Các đĩa được phủ bằng neutravadin với nồng độ là 8 µg/mL trong 1XPBS/azit 0,05%, (50 µL/lỗ). Các đĩa được ủ ở 4°C qua đêm. Sau đó, các đĩa được rửa bằng thiết bị rửa đĩa Titertek M384 (Titertek, Huntsville, AL). Quy trình rửa 3 chu kỳ được thực hiện. Các đĩa được phong bế bằng 250 µL 1XPBS/sữa 1% và được ủ khoảng 30 phút ở nhiệt độ trong phòng. Sau đó, các đĩa được rửa bằng thiết bị rửa đĩa M384. Quy trình rửa 3 chu kỳ được thực hiện. Chất bắt giữ là b-hu PCSK9, có thẻ gắn V5, và được bổ sung với nồng độ là 2 µg/mL trong 1XPBS/sữa 1%/Ca^{2+} 10 mM (40 µL/lỗ). Sau đó, các đĩa được ủ trong 1 giờ

ở nhiệt độ trong phòng. Quy trình rửa 3 chu kỳ được thực hiện. Huyết thanh được chuẩn độ 1:3 với hai lần lặp lại từ 1:100, và hàng H không chứa huyết thanh. Việc chuẩn độ được thực hiện trong dịch pha loãng thử nghiệm, với thể tích là 50 µL/lỗ. Các đĩa được ủ trong 1 giờ ở nhiệt độ trong phòng. Tiếp theo, các đĩa được rửa bằng thiết bị rửa đĩa M384 được vận hành bằng cách sử dụng quy trình rửa 3 chu kỳ. HRP kháng IgG Fc của người ở dê với nồng độ là 400 ng/mL trong 1XPBS/sữa 1%/Ca^{2+} 10 mM được bổ sung với thể tích là 50 µL/lỗ vào đĩa và đĩa được ủ trong 1 giờ ở nhiệt độ trong phòng. Các đĩa được rửa một lần nữa, bằng cách sử dụng quy trình rửa 3 chu kỳ. Sau đó, các đĩa được thấm khô bằng khăn giấy. Cuối cùng, TMB 1 bước (Neogen, Lexington, Kentucky) (50 µL/lỗ) được bổ sung vào đĩa và đĩa được làm dừng bằng axit clohydric 1N (50 µL/lỗ) sau 30 phút ở nhiệt độ trong phòng. OD được đọc ngay lập tức ở 450 nm bằng thiết bị đọc đĩa Titertek.

Đối chứng dương là LDLR, kháng thể kháng PCSK9 ở thỏ được chuẩn độ 1:3 với hai lần lặp lại từ 3 µg/mL trong dịch pha loãng thử nghiệm. LDLR được phát hiện bằng kháng thể kháng LDLR ở dê (R&D Systems, Cat #AF2148) và HRP kháng IgG Fc của dê ở thỏ với nồng độ là 400 ng/mL; kháng thể đa dòng ở thỏ được phát hiện bằng kháng thể kháng IgG Fc của thỏ ở dê với nồng độ là 400 ng/mL trong dịch pha loãng thử nghiệm. Kháng thể kháng V5 1.7.1 và kháng thể kháng His 1.2,3 ở người được chuẩn độ 1:3 với hai lần lặp lại từ 1 µg/mL trong dịch pha loãng thử nghiệm; cả hai đều được phát hiện bằng HRP kháng IgG Fc của người ở dê với nồng độ là 400 ng/mL trong dịch pha loãng thử nghiệm. Đối chứng âm là huyết thanh XMG2-KL và XMG4-KL chưa quen với thí nghiệm được chuẩn độ 1:3 với hai lần lặp lại từ 1:100 trong dịch pha loãng thử nghiệm.

Độ chuẩn của kháng thể kháng PCSK9 của người được thử nghiệm bằng thử nghiệm ELISA đối với chuột nhắt đã được gây miễn dịch bằng kháng nguyên tan được như đã nêu. Bảng 4 tổng hợp các dữ liệu ELISA và cho thấy rằng có một số con chuột nhắt có vẻ đặc hiệu đối với PCSK9. Ví dụ, xem bảng 4. Do đó, khi kết thúc chương trình gây miễn dịch, 10 con chuột nhắt (được bôi đậm trong bảng 4) được chọn lọc để thu lại, và các tế bào lách và các lympho bào được phân lập từ các lách và các hạch bạch huyết, một cách tương ứng, như đã được nêu trong bản mô tả này.

Bảng 4

Tổng hợp các kết quả ELISA

		Độ chuẩn	Độ chuẩn
	Số nhận diện động vật	b-hu PCSK9 (V5His) với nồng độ là 2 ug/mL	b-hu PCSK9 với nồng độ là 2 ug/mL
Nhóm 1 - IgG2k/l	P175807	>72900 tại OD 2,2	68359
	P175808	>72900 tại OD 2,3	>72900 tại OD 2,5
	P175818	>72900 tại OD 3,2	>72900 tại OD 3,0
	P175819	>72900 tại OD 3,4	>72900 tại OD 3,2
	P175820	>72900 tại OD 2,4	>72900 tại OD 2,5
	P175821	>72900 tại OD 3,4	>72900 tại OD 3,0
	P175830	>72900 tại OD 2,6	>72900 tại OD 2,5
	P175831	>72900 tại OD 3,1	>72900 tại OD 3,1
	P175832	>72900 tại OD 3,8	>72900 tại OD 3,6
	P175833	>72900 tại OD 2,6	>72900 tại OD 2,3
Nhóm 2 - IgG4k/l	P174501	19369	17109
	P174503	31616	23548
	P174508	48472	30996
	P174509	23380	21628
	P174510	15120	9673
	P175773	19407	15973
	P175774	54580	44424
	P175775	60713	55667
	P175776	30871	22899
	P175777	16068	12532
	G2 chưa quen với thí nghiệm	< 100 tại OD 0,54	< 100 tại OD 0,48

	Độ chuẩn	Độ chuẩn
Số nhận diện động vật	b-hu PCSK9 (V5His) với nồng độ là 2 ug/mL	b-hu PCSK9 với nồng độ là 2 ug/mL
G4 chưa quen với thí nghiệm	< 100 tại OD 1,57	< 100 tại OD 1,32

Ví dụ 2

Thu hồi lympho bào, sản phẩm phân lập tế bào B, thể dung hợp và tạo tế bào lai

Ví dụ này mô tả việc các tế bào miễn dịch được thu hồi và các tế bào lai được tạo ra như thế nào. Các con chuột nhắt đã được gây miễn dịch được chọn bị làm chết bằng cách vặn cổ và các hạch bạch huyết thoát ra được thu lại và được gộp lại từ mỗi đoàn hệ. Các tế bào B được tách ra từ mô dạng bạch huyết bằng cách nghiền trong DMEM để giải phóng các tế bào ra khỏi các mô này, và các tế bào được tạo huyền phù trong DMEM. Các tế bào được đếm, và 0,9 mL DMEM cho mỗi 100 triệu lympho bào được bổ sung vào lớp lắng kết tế bào để tái tạo huyền phù tế bào một cách nhẹ nhàng nhưng hoàn toàn.

Các lympho bào được trộn với các tế bào u tủy không tiết P3X63Ag8.653 được mua từ ATCC, cat.# CRL 1580 (Kearney et al., (1979) J. Immunol. 123, 1548-1550) với tỷ lệ là 1:4. Hỗn hợp tế bào này được làm lắng kết nhẹ nhàng bằng cách ly tâm với tốc độ là 400 x g trong 4 phút. Sau khi gạn sạch dịch nổi bề mặt, các tế bào được trộn nhẹ nhàng bằng cách sử dụng pipet loại 1 mL. Dung dịch PEG/DMSO đã được làm nóng trước của Sigma (cat# P7306) (1 mL cho một triệu tế bào B) được bổ sung từ từ trong điều kiện khuấy nhẹ nhàng trong 1 phút, sau đó trộn trong 1 phút. IDMEM đã được làm nóng trước (2 mL cho một triệu tế bào B) (DMEM không có glutamin, L-glutamin, pen/strep, các axit amin không thiết yếu MEM (tất cả đều của Invitrogen) sau đó được bổ sung trong 2 phút trong điều kiện khuấy nhẹ nhàng. Cuối cùng, IDMEM đã được làm nóng trước (8 mL cho 10^6 tế bào B) được bổ sung trong 3 phút.

Các tế bào đã được dung hợp được quay lắng xuống với tốc độ là 400 x g trong 6 phút và được tái tạo huyền phù trong 20 mL môi trường chọn lọc (DMEM (Invitrogen), FBS 15% (Hyclone), có bổ sung L-glutamin, pen/strep, các axit amin không thiết yếu MEM, natri pyruvat, 2-mercaptoetanol (tất cả đều của Invitrogen), HA-azaserin hypoxanthin và OPI (oxaloaxetat, pyruvat, insulin của bò) (cả hai đều của Sigma) và IL-6 (Boehringer Mannheim)) cho một triệu tế bào B. Các tế bào được ủ trong 20-30 phút ở 37°C và sau đó được tái tạo huyền phù trong 200 mL môi trường chọn lọc và được nuôi cấy trong 3-4 ngày trong bình T175 trước khi đặt vào đĩa loại 96 lỗ. Theo đó, các tế bào lai mà sản xuất protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9 được tạo ra.

Ví dụ 3

Chọn lọc kháng thể PCSK9

Ví dụ này mô tả việc các protein liên kết kháng nguyên PCSK9 được xác định đặc điểm và được chọn lọc như thế nào. Sự liên kết của các kháng thể được tiết (được sản xuất từ các tế bào lai được tạo ra trong ví dụ 1 và ví dụ 2) với PCSK9 được đánh giá. Việc chọn lọc các kháng thể được dựa trên dữ liệu về liên kết và sự ức chế liên kết của PCSK9 với LDLR và ái lực. Sự liên kết với PCSK9 tan được được phân tích bằng kỹ thuật ELISA, như được mô tả dưới đây. BIAcore® (surface plasmon resonance) được sử dụng để định lượng ái lực liên kết.

Sàng lọc sơ bộ

Bước sàng lọc sơ bộ các kháng thể mà liên kết với PCSK9 kiểu dại được thực hiện. Bước sàng lọc sơ bộ này được thực hiện trên hai mẻ thu hoạch. Bước sàng lọc sơ bộ này bao gồm thử nghiệm ELISA và được thực hiện bằng cách sử dụng quy trình nêu dưới đây:

Đĩa liên kết môi trường loại 384 lỗ Costar 3702 (Corning Life Sciences) được sử dụng. Các đĩa được phủ bằng neutravadin với nồng độ là 4 µg/mL trong 1XPBS/azit 0,05%, với thể tích là 40 µL/lỗ. Các đĩa được ủ ở 4°C qua đêm. Sau đó, các đĩa được rửa bằng thiết bị rửa đĩa Titertek (Titertek, Huntsville, AL). Quy trình rửa 3 chu kỳ được thực

hiện. Các đĩa được phong bế bằng 90 µL 1XPBS/sữa 1% và được ủ khoảng 30 phút ở nhiệt độ trong phòng. Sau đó, các đĩa được rửa. Quy trình rửa 3 chu kỳ được thực hiện lần nữa. Mẫu chất bắt giữ là PCSK9 đã được biotinyl hóa, không có thẻ gắn V5, và được bổ sung với nồng độ là 0,9 µg/mL trong 1XPBS/sữa 1%/Ca^{2+} 10 mM với thể tích là 40 µL/lỗ. Sau đó, các đĩa được ủ trong 1 giờ ở nhiệt độ trong phòng. Tiếp theo, các đĩa được rửa bằng thiết bị rửa đĩa Titertek được vận hành bằng cách sử dụng quy trình rửa 3 chu kỳ. 10 µL dịch nổi bề mặt được chuyển vào 40 µL 1XPBS/sữa 1%/Ca^{2+} 10 mM và được ủ trong 1,5 giờ ở nhiệt độ trong phòng. Các đĩa được rửa lần nữa bằng thiết bị rửa đĩa Titertek được vận hành bằng cách sử dụng quy trình rửa 3 chu kỳ. 40 µL POD kháng IgG Fc của người ở dê với nồng độ là 100 ng/mL (1:4000) trong 1XPBS/sữa 1%/Ca^{2+} 10 mM được bổ sung vào mỗi lỗ của các đĩa và được ủ trong 1 giờ ở nhiệt độ trong phòng. Các đĩa được rửa một lần nữa, bằng cách sử dụng quy trình rửa 3 chu kỳ. Cuối cùng, 40 µL TMB một bước (Neogen, Lexington, Kentucky) được bổ sung vào mỗi lỗ của các đĩa, và bước làm dừng bằng 40 µL axit clohydric 1N trong mỗi lỗ được thực hiện sau 30 phút ở nhiệt độ trong phòng. OD được đọc ngay lập tức ở 450 nm bằng thiết bị đọc đĩa Titertek.

Bước sàng lọc sơ bộ này nhận diện được tổng cộng là 3104 tế bào lai đặc hiệu kháng nguyên từ hai mẻ thu hoạch. Dựa vào ELISA OD cao nhất, 1500 tế bào lai trong mỗi mẻ thu hoạch được tiến triển để thu được tổng cộng là 3000 kết quả dương tính.

Sàng lọc xác nhận

3000 kết quả dương tính này sau đó được sàng lọc lại về sự liên kết với PCSK9 kiểu dại để xác nhận rằng các tế bào lai ổn định đã được thiết lập. Bước sàng lọc này được thực hiện như sau: đĩa liên kết môi trường loại 384 lỗ Costar 3702 (Corning Life Sciences) được sử dụng. Các đĩa được phủ bằng neutravadin với nồng độ là 3 µg/mL trong 1XPBS/azit 0,05% với thể tích là 40 µL/lỗ. Các đĩa được ủ ở 4°C qua đêm. Sau đó, các đĩa được rửa bằng thiết bị rửa đĩa Titertek (Titertek, Huntsville, AL). Quy trình rửa 3 chu kỳ được thực hiện. Các đĩa được phong bế bằng 90 µL 1XPBS/sữa 1% và được ủ khoảng 30 phút ở nhiệt độ trong phòng. Sau đó, các đĩa được rửa bằng thiết bị rửa đĩa M384. Quy trình rửa 3 chu kỳ được thực hiện. Mẫu chất bắt giữ là b-PCSK9, không có

thẻ gắn V5, và được bổ sung với nồng độ là 0,9 µg/mL trong 1XPBS/sữa 1%/Ca^{2+} 10 mM với thể tích là 40 µL/lỗ. Sau đó, các đĩa được ủ trong 1 giờ ở nhiệt độ trong phòng. Tiếp theo, các đĩa được rửa bằng cách sử dụng quy trình rửa 3 chu kỳ. 10 µL dịch nổi bề mặt được chuyển vào 40 µL 1XPBS/sữa 1%/Ca^{2+} 10 mM và được ủ trong 1,5 giờ ở nhiệt độ trong phòng. Các đĩa được rửa lần nữa bằng thiết bị rửa đĩa Titertek được vận hành bằng cách sử dụng quy trình rửa 3 chu kỳ. 40 µL POD kháng IgG Fc của người ở dê với nồng độ là 100 ng/mL (1:4000) trong 1XPBS/sữa 1%/Ca^{2+} 10 mM được bổ sung vào mỗi lỗ của các đĩa, và các đĩa được ủ trong 1 giờ ở nhiệt độ trong phòng. Các đĩa được rửa một lần nữa, bằng thiết bị rửa đĩa Titertek được vận hành bằng cách sử dụng quy trình rửa 3 chu kỳ. Cuối cùng, 40 µL TMB một bước (Neogen, Lexington, Kentucky) được bổ sung vào mỗi lỗ của các đĩa và được làm dừng bằng 40 µL axit clohydric 1N trong mỗi lỗ sau 30 phút ở nhiệt độ trong phòng. OD được đọc ngay lập tức ở 450 nm bằng thiết bị đọc đĩa Titertek. Tổng cộng là 2441 kết quả dương tính được lặp lại trong bước sàng lọc thứ hai này. Sau đó, các kháng thể này được sử dụng trong các bước sàng lọc tiếp theo.

Sàng lọc khả năng phản ứng chéo của chuột nhắt

Nhóm tế bào lai này sau đó được sàng lọc về khả năng phản ứng chéo với PCSK9 của chuột nhắt để khẳng định rằng các kháng thể này có thể liên kết với cả PCSK9 của người và của chuột nhắt. Quy trình sau đây được sử dụng trong bước sàng lọc khả năng phản ứng chéo: đĩa liên kết môi trường loại 384 lỗ Costar 3702 (Corning Life Sciences) được sử dụng. Các đĩa được phủ bằng neutravadin với nồng độ là 3 µg/mL trong 1XPBS/azit 0,05% với thể tích là 40 µL/lỗ. Các đĩa được ủ ở 4°C qua đêm. Sau đó, các đĩa được rửa bằng thiết bị rửa đĩa Titertek (Titertek, Huntsville, AL). Quy trình rửa 3 chu kỳ được thực hiện. Các đĩa được phong bế bằng 90 µL 1XPBS/sữa 1% và được ủ khoảng 30 phút ở nhiệt độ trong phòng. Sau đó, các đĩa được rửa bằng thiết bị rửa đĩa Titertek. Quy trình rửa 3 chu kỳ được thực hiện. Mẫu chất bắt giữ là PCSK9 của chuột đã được biotinyl hóa, và được bổ sung với nồng độ là 1 µg/mL trong 1XPBS/sữa 1%/Ca^{2+} 10 mM với thể tích là 40 µL/lỗ. Sau đó, các đĩa được ủ trong 1 giờ ở nhiệt độ trong phòng. Tiếp theo, các đĩa được rửa bằng thiết bị rửa đĩa Titertek được vận hành bằng cách sử dụng quy trình rửa 3 chu kỳ. 50 µL dịch nổi bề mặt được chuyển vào các đĩa và được ủ trong 1 giờ

ở nhiệt độ trong phòng. Các đĩa được rửa lần nữa bằng cách sử dụng quy trình rửa 3 chu kỳ. 40 µL POD kháng IgG Fc của người ở dê với nồng độ là 100 ng/mL (1:4000) trong 1XPBS/sữa 1%/Ca^{2+} 10 mM được bổ sung vào mỗi lỗ của các đĩa và các đĩa được ủ trong 1 giờ ở nhiệt độ trong phòng. Các đĩa được rửa một lần nữa, bằng cách sử dụng quy trình rửa 3 chu kỳ. Cuối cùng, 40 µL TMB một bước (Neogen, Lexington, Kentucky) được bổ sung vào mỗi lỗ của các đĩa và được làm dừng bằng 40 µL axit clohydric 1N trong mỗi lỗ sau 30 phút ở nhiệt độ trong phòng. OD được đọc ngay lập tức ở 450 nm bằng thiết bị đọc đĩa Titertek. 579 kháng thể được quan sát thấy là phản ứng chéo với PCSK9 của chuột nhắt. Sau đó, các kháng thể này được sử dụng trong các bước sàng lọc tiếp theo.

Sàng lọc liên kết của đột biến D374Y

Đột biến D374Y trong PCSK9 đã được ghi nhận trong quần thể người (ví dụ, Timms KM et al, "A mutation in PCSK9 causing autosomal-dominant hypercholesterolemia in a Utah pedigree", Hum. Genet. 114: 349-353, 2004). Để xác định xem liệu các kháng thể có đặc hiệu đối với kiểu dại hoặc cũng liên kết với dạng D374Y của PCSK9 hay không, các mẫu này sau đó được sàng lọc về sự liên kết với trình tự PCSK9 đột biến chứa đột biến D374Y. Quy trình dùng để sàng lọc là như sau: đĩa liên kết môi trường loại 384 lỗ Costar 3702 (Corning Life Sciences) được sử dụng trong bước sàng lọc này. Các đĩa được phủ bằng neutravadin ở 4 µg/mL trong 1XPBS/azit 0,05% với thể tích là 40 µL/lỗ. Các đĩa được ủ ở 4°C qua đêm. Sau đó, các đĩa được rửa bằng thiết bị rửa đĩa Titertek (Titertek, Huntsville, AL). Quy trình rửa 3 chu kỳ được thực hiện. Các đĩa được phong bế bằng 90 µL 1XPBS/sữa 1% và được ủ khoảng 30 phút ở nhiệt độ trong phòng. Sau đó, các đĩa được rửa bằng thiết bị rửa đĩa Titertek. Quy trình rửa 3 chu kỳ được thực hiện. Các đĩa được phủ bằng PCSK9 D374Y của người đã được biotinyl hóa với nồng độ là 1 µg/mL trong 1XPBS/sữa 1%/Ca^{2+} 10 mM và được ủ trong 1 giờ ở nhiệt độ trong phòng. Sau đó, các đĩa được rửa bằng thiết bị rửa đĩa Titertek. Quy trình rửa 3 chu kỳ được thực hiện. Dịch nổi bề mặt giống cấy tế bào lai cạn kiệt muộn được pha loãng 1:5 trong PBS/sữa/Ca^{2+} (10 mL cộng với 40 mL) và được ủ trong 1 giờ ở nhiệt độ trong phòng. Tiếp theo, 40 µL kháng thể kháng PCSK9 của người ở thỏ (Cayman Chemical) và kháng thể kháng His 1.2.3 ở người 1:2 với nồng độ là 1 ug/mL trong

1XPBS/sữa 1%/Ca^{2+} 10 mM trong mỗi lỗ được chuẩn độ trên các đĩa, các đĩa này sau đó được ủ trong 1 giờ ở nhiệt độ trong phòng. Sau đó, các đĩa được rửa bằng thiết bị rửa đĩa Titertek. Quy trình rửa 3 chu kỳ được thực hiện. 40 µL HRP kháng IgG Fc của người ở dê với nồng độ là 100 ng/mL (1:4000) trong 1XPBS/sữa 1%/Ca^{2+} 10 mM được bổ sung vào mỗi lỗ của các đĩa và các đĩa được ủ trong 1 giờ ở nhiệt độ trong phòng. 40 µL HRP kháng IgG Fc của thỏ ở dê với nồng độ là 100 ng/mL (1:4000) trong 1XPBS/sữa 1%/Ca^{2+} 10 mM được bổ sung vào mỗi lỗ của các đĩa và các đĩa được ủ trong 1 giờ ở nhiệt độ trong phòng. Sau đó, các đĩa được rửa bằng thiết bị rửa đĩa Titertek. Quy trình rửa 3 chu kỳ được thực hiện. Cuối cùng, 40 µL TMB một bước (Neogen, Lexington, Kentucky) được bổ sung vào mỗi lỗ của các đĩa và được làm dừng bằng 40 µL axit clohydric 1N trong mỗi lỗ sau 30 phút ở nhiệt độ trong phòng. OD được đọc ngay lập tức ở 450 nm bằng thiết bị đọc đĩa Titertek. Trên 96% kết quả tìm kiếm dương tính đối với PCSK9 kiểu dại cũng liên kết với PCSK9 đột biến.

Sàng lọc phong bế phối tử thụ thể quy mô lớn

Để sàng lọc các kháng thể mà phong bế sự liên kết của PCSK9 với LDLR, thử nghiệm được phát triển bằng cách sử dụng đột biến D374Y PCSK9. Đột biến này được sử dụng cho thử nghiệm này vì nó có ái lực liên kết cao hơn với LDLR, cho phép phát triển thử nghiệm phong bế phối tử thụ thể nhạy hơn. Quy trình sau đây được sử dụng trong thử nghiệm sàng lọc phong bế phối tử thụ thể: Đĩa liên kết môi trường loại 384 lỗ Costar 3702 (Corning Life Sciences) được sử dụng trong bước sàng lọc này. Các đĩa được phủ bằng kháng thể kháng LDLR ở dê (R&D Cat #AF2148) với nồng độ là 2 µg/mL trong 1XPBS/azit 0,05% với thể tích là 40 µL/lỗ. Các đĩa được ủ ở 4°C qua đêm. Sau đó, các đĩa được rửa bằng thiết bị rửa đĩa Titertek (Titertek, Huntsville, AL). Quy trình rửa 3 chu kỳ được thực hiện. Các đĩa được phong bế bằng 90 µL 1XPBS/sữa 1% và được ủ khoảng 30 phút ở nhiệt độ trong phòng. Sau đó, các đĩa được rửa bằng thiết bị rửa đĩa Titertek. Quy trình rửa 3 chu kỳ được thực hiện. Mẫu chất bắt giữ là LDLR (R&D, Cat #2148LD/CF), và được bổ sung với nồng độ là 0,4 µg/mL trong 1XPBS/sữa 1%/Ca^{2+} 10 mM với thể tích là 40 µL/lỗ. Sau đó, các đĩa được ủ trong 1 giờ và 10 phút ở nhiệt độ trong phòng. Đồng thời, 20 ng/mL D374Y PCSK9 của người đã được biotinyl hóa được ủ

với 15 microlit dịch nổi bề mặt tế bào lai cạn kiệt trong các đĩa polypropylen Nunc và nồng độ của dịch nổi bề mặt cạn kiệt được pha loãng 1:5. Sau đó, các đĩa được ủ trước trong khoảng 1 giờ và 30 phút ở nhiệt độ trong phòng. Tiếp theo, các đĩa được rửa bằng thiết bị rửa đĩa Titertek được vận hành bằng cách sử dụng quy trình rửa 3 chu kỳ. 50 µL hỗn hợp đã được ủ trước trong mỗi lỗ được chuyển lên trên các đĩa ELISA được phủ bằng LDLR và được ủ trong 1 giờ ở nhiệt độ trong phòng. Để phát hiện b-PCSK9 liên kết với LDLR, 40 µL streptavidin HRP với nồng độ là 500 ng/mL trong dịch pha loãng thử nghiệm được bổ sung vào mỗi lỗ của các đĩa. Các đĩa được ủ trong 1 giờ ở nhiệt độ trong phòng. Các đĩa được rửa lại bằng thiết bị rửa đĩa Titertek. Quy trình rửa 3 chu kỳ được thực hiện. Cuối cùng, 40 µL TMB một bước (Neogen, Lexington, Kentucky) được bổ sung vào mỗi lỗ của các đĩa và được làm dừng bằng 40 µL axit clohydric 1N trong mỗi lỗ sau 30 phút ở nhiệt độ trong phòng. OD được đọc ngay lập tức ở 450 nm bằng thiết bị đọc đĩa Titertek. Bước sàng lọc này nhận diện được 384 kháng thể mà phong bế sự tương tác giữa PCSK9 và lỗ LDLR, 100 kháng thể phong bế sự tương tác một cách mạnh mẽ (OD < 0,3). Các kháng thể này ức chế tương tác liên kết của PCSK9 và LDLR lớn hơn 90% (sự ức chế lớn hơn 90%).

Thử nghiệm liên kết phối tử thụ thể trên phân nhóm tác nhân phong bế

Thử nghiệm phối tử thụ thể sau đó được lặp lại bằng cách sử dụng enzym đột biến trên phân nhóm tác nhân trung hòa gồm 384 thành viên đã được nhận diện trong thử nghiệm ức chế phối tử thụ thể quy mô lớn thứ nhất. Quy trình giống như vậy được sử dụng trong bước sàng lọc của thử nghiệm trên phân nhóm tác nhân phong bế gồm 384 thành viên như được thực hiện trong thử nghiệm sàng lọc phong bế phối tử thụ thể quy mô lớn. Bước sàng lọc lặp lại này xác nhận dữ liệu sàng lọc ban đầu.

Bước sàng lọc trên phân nhóm gồm 384 thành viên này nhận diện được 85 kháng thể mà phong bế sự tương tác giữa enzym PCSK9 đột biến và LDLR lớn hơn 90%.

Thử nghiệm liên kết phối tử thụ thể trên tác nhân phong bế mà liên kết với PCSK9 kiểu dại nhưng không liên kết với đột biến D374Y

Trong nhóm ban đầu gồm 3000 phân nhóm, có 86 kháng thể được thể hiện là liên kết đặc hiệu với PCSK9 kiểu dại và không liên kết với huPCSK9(D374Y) đột biến. 86 phân nhóm này được thử nghiệm về khả năng phong bế sự liên kết của PCSK9 kiểu dại với thụ thể LDLR. Quy trình sau đây được sử dụng: Đĩa liên kết môi trường loại 384 lỗ Costar 3702 (Corning Life Sciences) được sử dụng trong bước sàng lọc này. Các đĩa được phủ bằng kháng thể kháng His 1.2.3 với nồng độ là 10 µg/mL trong 1XPBS/azit 0,05% với thể tích là 40 µL/lỗ. Các đĩa được ủ ở 4°C qua đêm. Sau đó, các đĩa được rửa bằng thiết bị rửa đĩa Titertek (Titertek, Huntsville, AL). Quy trình rửa 3 chu kỳ được thực hiện. Các đĩa được phong bế bằng 90 µL 1XPBS/sữa 1% và được ủ khoảng 30 phút ở nhiệt độ trong phòng. Sau đó, các đĩa được rửa bằng thiết bị rửa đĩa Titertek. Quy trình rửa 3 chu kỳ được thực hiện. LDLR (R&D Systems, #2148LD/CF hoặc R&D Systems, #2148LD) được bổ sung với nồng độ là 5 µg/mL trong 1XPBS/sữa 1%/Ca2+ 10 mM với thể tích là 40 µL/lỗ. Sau đó, các đĩa được ủ trong 1 giờ ở nhiệt độ trong phòng. Tiếp theo, các đĩa được rửa bằng thiết bị rửa đĩa Titertek được vận hành bằng cách sử dụng quy trình rửa 3 chu kỳ. Đồng thời, PCSK9 kiểu dại của người đã được biotinyl hóa được ủ trước với dịch nổi bề mặt tế bào lai cạn kiệt trong các đĩa polypropylen Nunc. 22 µL phân nhóm tế bào lai được chuyển vào 33 uL b-PCSK9 với nồng độ là 583 ng/mL trong 1XPBS/sữa 1%/Ca^{2+} 10 mM, tạo ra nồng độ cuối cùng của b-PCSK9 = 350 ng/mL và dịch nổi bề mặt cạn kiệt với tỷ lệ pha loãng cuối cùng là 1:2,5. Các đĩa được ủ trước trong khoảng 1 giờ và 30 phút ở nhiệt độ trong phòng. 50 µL hỗn hợp đã được ủ trước được chuyển lên trên mỗi lỗ của các đĩa ELISA đã bắt giữ LDLR và được ủ trong 1 giờ ở nhiệt độ trong phòng. Sau đó, các đĩa được rửa bằng thiết bị rửa đĩa Titertek. Quy trình rửa 3 chu kỳ được thực hiện. 40 µL streptavidin HRP với nồng độ là 500 ng/mL trong dịch pha loãng thử nghiệm được bổ sung vào mỗi lỗ của các đĩa. Các đĩa được ủ trong 1 giờ ở nhiệt độ trong phòng. Sau đó, các đĩa được rửa bằng thiết bị rửa đĩa Titertek. Quy trình rửa 3 chu kỳ được thực hiện. Cuối cùng, 40 µL TMB một bước (Neogen, Lexington, Kentucky) được bổ sung vào mỗi lỗ của các đĩa và được làm dừng bằng 40 µL axit clohydric 1N trong mỗi lỗ sau 30 phút ở nhiệt độ trong phòng. OD được đọc ngay lập tức ở 450 nm bằng thiết bị đọc đĩa Titertek.

Kết quả sàng lọc

Dựa vào kết quả của các thử nghiệm đã nêu, một số dòng tế bào lai được nhận diện là tạo ra các kháng thể có các tương tác mong muốn với PCSK9. Việc pha loãng giới hạn được sử dụng để phân lập số lượng có thể quản lý được của các dòng vô tính từ mỗi dòng tế bào lai. Các dòng vô tính được gọi tên bằng số dòng tế bào lai (ví dụ 21B12) và số dòng vô tính (ví dụ 21B12.1). Nói chung, không phát hiện thấy sự khác biệt nào giữa các dòng vô tính khác nhau của một dòng tế bào lai cụ thể bằng các thử nghiệm chức năng nêu trong bản mô tả này. Trong một số ít trường hợp, các dòng vô tính được nhận diện từ một dòng tế bào lai cụ thể mà có động thái khác biệt trong các thử nghiệm chức năng này, ví dụ, 25A7.1 được phát hiện thấy là không phong bế PCSK9/LDLR nhưng 25A7.3 (trong bản mô tả này được gọi là 25A7) là trung hòa. Mỗi dòng vô tính đã phân lập được được phát triển trong 50-100 mL môi trường tế bào lai và được để cho sinh trưởng đến lúc cạn kiệt, (tức là, khả năng sống của tế bào nhỏ hơn khoảng 10%). Nồng độ và hiệu lực của các kháng thể đối với PCSK9 trong dịch nổi bề mặt của các giống cấy này được xác định bằng kỹ thuật ELISA và bằng thử nghiệm chức năng *in vitro* nêu trong bản mô tả này. Nhờ việc sàng lọc nêu trong bản mô tả này, các tế bào lai có độ chuẩn của các kháng thể đối với PCSK9 cao nhất được nhận diện. Các tế bào lai được chọn lọc được thể hiện trên Fig.2A-Fig.3D và bảng 2.

Ví dụ 4.1

Tạo kháng thể 31H4 IgG4 của người từ tế bào lai

Ví dụ này nói chung mô tả việc một trong số protein liên kết kháng nguyên được sản xuất từ dòng tế bào lai như thế nào. Quá trình sản xuất bao gồm bước tạo ra 50 mL dịch nổi bề mặt cạn kiệt, sau là tinh chế bằng protein A. Quá trình sản xuất Integra được dùng để tăng quy mô và được thực hiện sau đó. Dòng tế bào lai 31H4 được cho sinh trưởng trong các bình T75 trong 20 mL môi trường (môi trường Integra, bảng 5). Khi các tế bào lai gần như hợp lưu trong các bình T75, chúng được chuyển sang bình Integra (Integra Biosciences, Integra CL1000, cat# 90 005).

Bình Integra là bình nuôi cấy tế bào được phân chia bằng màng thành hai buồng, một buồng nhỏ và một buồng lớn. Một thể tích là 20-30 mL tế bào lai với mật độ tế bào tối thiểu là $1x10^6$ tế bào/mL từ dòng tế bào lai 31H4 được cho vào trong buồng nhỏ của bình Integra trong môi trường Integra (xem bảng 5 về các thành phần của môi trường Integra). Môi trường Integra riêng lẻ (1 L) được cho vào buồng lớn của bình Integra. Màng phân chia hai buồng này là thấm qua được đối với các chất dinh dưỡng có trọng lượng phân tử nhỏ nhưng không thấm qua được đối với các tế bào lai và các kháng thể được sản xuất bởi các tế bào này. Do đó, các tế bào lai và các kháng thể được sản xuất bởi các tế bào lai này được giữ lại trong buồng nhỏ.

Sau một tuần, môi trường được lấy ra khỏi cả hai buồng của bình Integra và được thay thế bằng môi trường Integra mới. Môi trường được thu lại từ buồng nhỏ được giữ một cách riêng biệt. Sau tuần sinh trưởng thứ hai, môi trường từ buồng nhỏ lại được thu lại. Môi trường được thu lại từ tuần 1 từ dòng tế bào lai được kết hợp với môi trường được thu lại từ tuần 2 từ dòng tế bào lai. Mẫu môi trường được thu lại thu được từ dòng tế bào lai được quay để loại bỏ các tế bào và các mảnh vỡ (15 phút với tốc độ là 3000 vòng/phút) và dịch nổi bề mặt thu được được lọc (0,22 um). Môi trường đã được điều hòa và lọc sạch được nạp lên cột Protein A-Sepharose. Tùy ý, môi trường có thể được cô trước tiên và sau đó được nạp lên cột Protein A Sepharose. Các liên kết không đặc hiệu được loại bỏ bằng cách rửa bằng PBS dư. Các protein kháng thể đã liên kết lên cột Protein A được thu hồi bằng kỹ thuật rửa giải kháng thể có tính axit tiêu chuẩn ra khỏi các cột Protein A (như xitrat 50 mM, độ pH=3,0). Các protein kháng thể đã kết tụ trong phần gộp Protein A Sepharose được loại bỏ bằng phương pháp sắc ký loại theo kích thước hoặc sắc ký trao đổi ion liên kết trên nhựa trao đổi anion như nhựa Q Sepharose. Các điều kiện IEX cụ thể đối với các protein 31H4 là Q-Sepharose HP ở độ pH=7,8-8,0. Kháng thể được rửa giải bằng gradien NaCl từ 10 mM đến 500 mM với 25 lần thể tích cột.

Bảng 5

Thành phần của môi trường

Môi trường Integra

HSFM
Huyết thanh IgG siêu thấp 10%
L-glutamin 2 mmol/L
NEAA 1%
Glucoza 4g/L

Ví dụ 4.2

Tạo ra kháng thể 31H4 IgG2 tái tổ hợp của người từ tế bào đã được chuyển nhiễm

Ví dụ này mô tả việc kháng thể 31H4 IgG2 được tạo ra từ các tế bào đã được chuyển nhiễm như thế nào. Các tế bào 293 dùng để biểu hiện tạm thời và các tế bào CHO dùng để biểu hiện ổn định được chuyển nhiễm với các plasmit mã hóa chuỗi nặng và chuỗi nhẹ của 31H4. Môi trường đã được điều hòa từ các tế bào đã được chuyển nhiễm được thu hồi bằng cách loại bỏ các tế bào và các mảnh vỡ tế bào. Môi trường đã được điều hòa và lọc sạch được nạp lên cột Protein A-Sepharose. Tùy ý, môi trường có thể được cô trước tiên và sau đó được nạp lên cột Protein A Sepharose. Các liên kết không đặc hiệu được loại bỏ bằng cách rửa bằng PBS dư. Các protein kháng thể đã liên kết lên cột Protein A được thu hồi bằng kỹ thuật rửa giải kháng thể có tính axit tiêu chuẩn ra khỏi các cột Protein A (như xitrat 50 mM, độ pH=3,0). Các protein kháng thể đã kết tụ trong phần gộp Protein A Sepharose được loại bỏ bằng phương pháp sắc ký loại theo kích thước hoặc sắc ký trao đổi ion liên kết trên nhựa trao đổi anion như nhựa Q Sepharose. Các điều kiện IEX cụ thể đối với các protein 31H4 là Q-Sepharose HP ở độ pH=7,8-8,0. Kháng thể được rửa giải bằng gradien NaCl từ 10 mM đến 500 mM với 25 lần thể tích cột.

Ví dụ 5

Tạo kháng thể 21B12 IgG4 của người từ tế bào lai

Ví dụ này mô tả việc kháng thể 21B12 IgG4 được sản xuất từ các tế bào lai như thế nào. Dòng tế bào lai 21B12 được cho sinh trưởng trong các bình T75 trong môi trường (môi trường Integra, bảng 5). Khi các tế bào lai gần như hợp lưu trong các bình T75, chúng được chuyển sang các bình Integra (Integra Biosciences, Integra CL1000, cat# 90 005).

Bình Integra là bình nuôi cấy tế bào được phân chia bằng màng thành hai buồng, một buồng nhỏ và một buồng lớn. Một thể tích là 20-30 mL tế bào lai với mật độ tế bào tối thiểu là $1x10^6$ tế bào/mL từ dòng tế bào lai 31H4 được cho vào trong buồng nhỏ của bình Integra trong môi trường Integra (xem bảng 5 về các thành phần của môi trường Integra). Môi trường Integra riêng lẻ (1 L) được cho vào buồng lớn của bình Integra. Màng phân chia hai buồng này là thấm qua được đối với các chất dinh dưỡng có trọng lượng phân tử nhỏ nhưng không thấm qua được đối với các tế bào lai và các kháng thể được sản xuất bởi các tế bào này. Do đó, các tế bào lai và các kháng thể được sản xuất bởi các tế bào lai này được giữ lại trong buồng nhỏ.

Sau một tuần, môi trường được lấy ra khỏi cả hai buồng của bình Integra và được thay thế bằng môi trường Integra mới. Môi trường được thu lại từ buồng nhỏ được giữ một cách riêng biệt. Sau tuần sinh trưởng thứ hai, môi trường từ buồng nhỏ lại được thu lại. Môi trường được thu lại từ tuần 1 từ dòng tế bào lai được kết hợp với môi trường được thu lại từ tuần 2 từ dòng tế bào lai. Mẫu môi trường được thu lại thu được từ dòng tế bào lai được quay để loại bỏ các tế bào và các mảnh vỡ (15 phút với tốc độ là 3000 vòng/phút) và dịch nổi bề mặt thu được được lọc (0,22 µm). Môi trường đã được điều hòa và lọc sạch được nạp lên cột Protein A Sepharose. Tùy ý, môi trường được cô trước tiên và sau đó được nạp lên cột Protein A Sepharose. Các liên kết không đặc hiệu được loại bỏ bằng cách rửa bằng PBS dư. Các protein kháng thể đã liên kết lên cột Protein A được thu hồi bằng kỹ thuật rửa giải kháng thể có tính axit tiêu chuẩn ra khỏi các cột Protein A (như xitrat 50 mM, độ pH=3,0). Các protein kháng thể đã kết tụ trong phần gộp Protein A Sepharose được loại bỏ bằng phương pháp sắc ký loại theo kích thước hoặc sắc ký trao đổi ion liên kết trên nhựa trao đổi anion như nhựa Q Sepharose. Các điều kiện IEX cụ thể đối với các protein 21B12 là Q-Sepharose HP ở độ pH=7,8-8,0. Kháng thể được rửa giải bằng gradien NaCl từ 10 mM đến 500 mM với 25 lần thể tích cột.

Ví dụ 6

Tạo kháng thể 21B12 IgG2 của người từ tế bào đã được chuyển nhiễm

Ví dụ này mô tả việc kháng thể 21B12 IgG2 được tạo ra từ các tế bào đã được chuyển nhiễm như thế nào. Các tế bào (các tế bào 293 dùng để biểu hiện tạm thời và các tế bào CHO dùng để biểu hiện ổn định) được chuyển nhiễm với các plasmit mã hóa chuỗi nặng và chuỗi nhẹ của 21B12. Môi trường đã được điều hòa từ các tế bào lai được thu hồi bằng cách loại bỏ các tế bào và các mảnh vỡ tế bào. Môi trường đã được điều hòa và lọc sạch được nạp lên cột Protein A-Sepharose. Tùy ý, môi trường có thể được cô trước tiên và sau đó được nạp lên cột Protein A Sepharose. Các liên kết không đặc hiệu được loại bỏ bằng cách rửa bằng PBS dư. Các protein kháng thể đã liên kết lên cột Protein A được thu hồi bằng kỹ thuật rửa giải kháng thể có tính axit tiêu chuẩn ra khỏi các cột Protein A (xitrat 50 mM, độ pH=3,0). Các protein kháng thể đã kết tụ trong phần gộp Protein A Sepharose được loại bỏ bằng phương pháp sắc ký loại theo kích thước hoặc sắc ký trao đổi ion liên kết trên nhựa trao đổi cation như nhựa SP-Sepharose. Các điều kiện IEX cụ thể đối với các protein 21B12 là SP-Sepharose HP ở độ pH=5,2. Các kháng thể được rửa giải bằng 25 lần thể tích cột của đệm chứa gradien NaCl từ 10 mM đến 500 mM trong đệm natri axetat 20 mM.

Ví dụ 7

Tạo kháng thể 16F12 IgG4 của người từ tế bào lai

Ví dụ này mô tả việc kháng thể 16F12 IgG4 được sản xuất từ các tế bào lai như thế nào. Dòng tế bào lai 16F12 được cho sinh trưởng trong các bình T75 trong môi trường (xem bảng 5). Khi các tế bào lai gần như hợp lưu trong các bình T75, chúng được chuyển sang các bình Integra (Integra Biosciences, Integra CL1000, cat# 90 005).

Bình Integra là bình nuôi cấy tế bào được phân chia bằng màng thành hai buồng, một buồng nhỏ và một buồng lớn. Một thể tích là 20-30 mL tế bào lai với mật độ tế bào tối thiểu là $1x10^6$ tế bào/mL từ dòng tế bào lai 31H4 được cho vào trong buồng nhỏ của bình Integra trong môi trường Integra (xem bảng 5 về các thành phần của môi trường Integra). Môi trường Integra riêng lẻ (1 L) được cho vào buồng lớn của bình Integra. Màng phân chia hai buồng này là thấm qua được đối với các chất dinh dưỡng có trọng lượng phân tử nhỏ nhưng không thấm qua được đối với các tế bào lai và các kháng thể

được sản xuất bởi các tế bào này. Do đó, các tế bào lai và các kháng thể được sản xuất bởi các tế bào lai này được giữ lại trong buồng nhỏ.

Sau một tuần, môi trường được lấy ra khỏi cả hai buồng của bình Integra và được thay thế bằng môi trường Integra mới. Môi trường được thu lại từ buồng nhỏ được giữ một cách riêng biệt. Sau tuần sinh trưởng thứ hai, môi trường từ buồng nhỏ lại được thu lại. Môi trường được thu lại từ tuần 1 từ dòng tế bào lai được kết hợp với môi trường được thu lại từ tuần 2 từ dòng tế bào lai. Mẫu môi trường được thu lại thu được từ dòng tế bào lai được quay để loại bỏ các tế bào và các mảnh vỡ (15 phút với tốc độ là 3000 vòng/phút) và dịch nổi bề mặt thu được được lọc (0,22 µm). Môi trường đã được điều hòa và lọc sạch được nạp lên cột Protein A Sepharose. Tùy ý, môi trường có thể được cô trước tiên và sau đó được nạp lên cột Protein A Sepharose. Các liên kết không đặc hiệu được loại bỏ bằng cách rửa bằng PBS dư. Các protein kháng thể đã liên kết lên cột Protein A được thu hồi bằng kỹ thuật rửa giải kháng thể có tính axit tiêu chuẩn ra khỏi các cột Protein A (xitrat 50 mM, độ pH=3,0). Các protein kháng thể đã kết tụ trong phần gộp Protein A Sepharose được loại bỏ bằng phương pháp sắc ký loại theo kích thước hoặc sắc ký trao đổi ion liên kết trên nhựa trao đổi anion như nhựa Q Sepharose. Các điều kiện IEX cụ thể đối với các protein 16F12 là Q Sepharose HP ở độ pH=7,8-8,0. Kháng thể được rửa giải bằng gradien NaCl từ 10 mM đến 500 mM với 25 lần thể tích cột.

Ví dụ 8

Tạo kháng thể 16F12 IgG2 của người từ tế bào đã được chuyển nhiễm

Ví dụ này mô tả việc kháng thể 16F12 IgG2 được tạo ra từ các tế bào đã được chuyển nhiễm như thế nào. Các tế bào (các tế bào 293 dùng để biểu hiện tạm thời và các tế bào CHO dùng để biểu hiện ổn định) được chuyển nhiễm với các plasmit mã hóa chuỗi nặng và chuỗi nhẹ của 16F12. Môi trường đã được điều hòa từ các tế bào lai được thu hồi bằng cách loại bỏ các tế bào và các mảnh vỡ tế bào. Môi trường đã được điều hòa và lọc sạch được nạp lên cột Protein A-Sepharose. Tùy ý, môi trường có thể được cô trước tiên và sau đó được nạp lên cột Protein A Sepharose. Các liên kết không đặc hiệu được loại bỏ bằng cách rửa bằng PBS dư. Các protein kháng thể đã liên kết lên cột Protein A được thu

hồi bằng kỹ thuật rửa giải kháng thể có tính axit tiêu chuẩn ra khỏi các cột Protein A (xitrat 50 mM, độ pH=3,0). Các protein kháng thể đã kết tụ trong phần gộp Protein A Sepharose được loại bỏ bằng phương pháp sắc ký loại theo kích thước hoặc sắc ký trao đổi ion liên kết trên nhựa trao đổi cation như nhựa SP Sepharose. Các điều kiện IEX cụ thể đối với các protein 16F12 là SP Sepharose HP ở độ pH=5,2. Kháng thể được rửa giải bằng 25 lần thể tích cột của đệm chứa gradien NaCl từ 10 mM đến 500 mM trong đệm natri axetat 20 mM.

Ví dụ 9

Phân tích trình tự của chuỗi nặng và chuỗi nhẹ kháng thể

Trình tự axit nucleic và trình tự axit amin đối với chuỗi nhẹ và chuỗi nặng của các kháng thể nêu trên sau đó được xác định bằng phương pháp giải trình tự nucleotit Sanger (dideoxy). Các trình tự axit amin sau đó được suy luận cho trình tự axit nucleic. Các trình tự axit nucleic đối với các miền biến đổi được thể hiện trên Fig.3E-Fig.3JJ.

Các trình tự cADN đối với vùng biến đổi chuỗi nhẹ lambda của 31H4, 21B12 và 16F12 được xác định và được bộc lộ dưới dạng các SEQ ID NO: 153, 95 và 105, một cách tương ứng.

Các trình tự cADN đối với vùng biến đổi chuỗi nặng của 31H4, 21B12, và 16F12 được xác định và được bộc lộ dưới dạng các SEQ ID NO: 152, 94 và 104, một cách tương ứng.

Vùng cố định chuỗi nhẹ lambda (SEQ ID NO: 156) và các vùng cố định chuỗi nặng IgG2 và IgG4 (các SEQ ID NO: 154 và 155) được thể hiện trên Fig.3KK.

Các trình tự polypeptit được dự đoán từ mỗi trong số các trình tự cADN này được xác định. Các trình tự polypeptit đã được dự đoán cho các vùng biến đổi chuỗi nhẹ lambda của 31H4, 21B12, và 16F12 được dự đoán và được bộc lộ dưới dạng các SEQ ID NO: 12, 23 và 35, một cách tương ứng, vùng cố định chuỗi nhẹ lambda (SEQ ID NO: 156), các vùng biến đổi chuỗi nặng của 31H4, 21B12 và 16F12 được dự đoán và được

bộc lộ dưới dạng các SEQ ID NO. 67, 49 và 79, một cách tương ứng. Các vùng cố định chuỗi nặng IgG2 và IgG4 (các SEQ ID NO: 154 và 155).

Các phân vùng FR1, CDR1, FR2, CDR2, FR3, CDR3, FR4 được thể hiện trên Fig.2A-Fig.3D.

Dựa vào dữ liệu về trình tự, các gen dòng mầm mà mỗi vùng biến đổi chuỗi nặng hoặc chuỗi nhẹ được thu từ đó được xác định. Độ đồng nhất của các gen dòng mầm được thể hiện tiếp sau dòng tế bào lai tương ứng trên Fig.2A-Fig.3D và mỗi gen dòng mầm được thể hiện bởi một SEQ ID NO độc nhất. Fig.2A- Fig.3D cũng thể hiện các trình tự axit amin xác định được cho các kháng thể bổ sung mà được xác định đặc điểm.

Ví dụ 8

Xác định điểm đẳng điện của ba kháng thể

pI theo lý thuyết của các kháng thể dựa vào trình tự axit amin được xác định là 7,36 đối với 16F12; 8,47 đối với 21B12; và 6,84 đối với 31H4.

Ví dụ 9

Xác định đặc điểm của liên kết của kháng thể đối với PCSK9

Sau khi nhận diện được các kháng thể liên kết với PCSK9, một số phương pháp được sử dụng để định lượng và tiếp tục xác định đặc điểm bản chất của liên kết. Theo một khía cạnh của nghiên cứu này, phép phân tích ái lực Biacore được thực hiện. Theo khía cạnh khác của nghiên cứu này, phép phân tích ái lực KinExA® được thực hiện. Các mẫu và đệm được sử dụng trong các nghiên cứu này được trình bày trong bảng 6 dưới đây.

Bảng 6

mẫu	[mẫu] mg/mL	Đệm	[mẫu] uM
hPCSK9	1,26	PBS	16,6

mPCSK9-8xHIS	1,44	PBS	18,9
cPCSK9-V5-6xHIS	0,22	PBS	2,9
16F12, kháng PCSK9 huIgG4	4,6	NaOAC 20 mM, pH=5,2, NaCl 50 mM	31,9
21B12, kháng PCSK9 huIgG4	3,84	NaOAC 10 mM, pH=5,2, sucroza 9%	27,0
31H4, kháng PCSK9 huIgG4	3,3	NaOAC 10 mM, pH=5,2, sucroza 9%	22,9

Đo ái lực BIAcore®

Phép phân tích ái lực BIAcore® (thiết bị cộng hưởng plasmon bề mặt, Biacore, Inc., Piscataway, NJ) trên các kháng thể 21B12 đối với PCSK9 được mô tả trong ví dụ này được thực hiện theo hướng dẫn của nhà sản xuất.

Một cách ngắn gọn, các thí nghiệm cộng hưởng plasmon bề mặt được thực hiện bằng cách sử dụng các cảm biến sinh học quang học Biacore 2000 (Biacore, GE Healthcare, Piscataway, NJ). Mỗi kháng thể kháng PCSK9 riêng lẻ được cố định vào một chip cảm biến sinh học đạt tiêu chuẩn nghiên cứu CM5 bằng cách cộng hợp amin với mức độ tạo ra đáp ứng liên kết chất phân tích tối đa (Rmax) là không nhiều hơn 200 đơn vị cộng hưởng (RU: Resonance Unit). Nồng độ của protein PCSK9 được thay đổi trong khoảng 2 lần (chất phân tích) và được tiêm lên bề mặt kháng thể đã được cố định (với tốc độ dòng là 100 µL/phút trong 1,5 phút). Đệm HBS-P mới (độ pH=7,4, Hepes 0,01 M, NaCl 0,15 M, chất hoạt động bề mặt P-20 0,005%, Biacore) có bổ sung BSA 0,01% được sử dụng làm đệm liên kết. Ái lực liên kết của mỗi kháng thể kháng PCSK9 được đo trong các thí nghiệm riêng biệt kháng lại mỗi trong số các protein PCSK9 của người, của chuột nhắt và của khỉ cynomolgus ở độ pH=7,4 (các nồng độ được sử dụng là 100, 50, 25, 12,5, 6,25, 3,125 và 0 nM).

Ngoài ra, ái lực liên kết của kháng thể với PCSK9 của người cũng được đo ở độ pH=6,0 với đệm HBS-P pH=6,0 (độ pH=6,0, Hepes 0,01 M, NaCl 0,15 M, chất hoạt động bề mặt P-20 0,005%, Biacore) có bổ sung BSA 0,01%. Tín hiệu liên kết thu được tỷ lệ với PCSK9 tự do trong dung dịch. Hệ số phân ly cân bằng (K_D) được thu nhận từ phép phân

tích hồi quy không tuyến tính các đường cong cạnh tranh bằng cách sử dụng mô hình liên kết đồng nhất một vị trí đường cong kép (phần mềm KinExA®, Sapidyne Instruments Inc., Boise, ID) (n=1 cho các lần chạy ở độ pH=6,0). Đáng quan tâm là, các kháng thể có vẻ có ái lực liên kết chặt hơn ở độ pH thấp hơn (trong đó Kd bằng 12,5, 7,3 và 29 pM đối với 31H4, 21B12 và 16F12, một cách tương ứng).

Các thông số động học của liên kết kháng thể bao gồm k_a (hệ số tốc độ kết hợp), k_d (hệ số tốc độ phân ly) và K_D (hệ số phân ly cân bằng) được xác định bằng cách sử dụng chương trình máy tính đánh giá BIA 3.1 (BIAcore, Inc. Piscataway, NJ). Hệ số phân ly cân bằng thấp hơn thể hiện ái lực cao hơn của kháng thể đối với PCSK9. Các giá trị K_D được xác định bằng phép phân tích ái lực BIAcore® được trình bày trong bảng 7.1 dưới đây.

Bảng 7.1

Kháng thể	hPCSK9	CynoPCSK9	mPCSK9
31H4	210 pM	190 pM	6 nM
21B12	190 pM	360 pM	460 nM
16F12	470 pM	870 pM	6,4 nM

Bảng 7.2 thể hiện tốc độ k_{on} và tốc độ k_{off}.

Bảng 7.2

	K_{on} (M-1 s-1)	K_{off} (s-1)	K_D
31H4.1, pH=7,4	2,45 e+5	5,348 e-5	210 pM
31H4.1, pH=6	5,536 e+6	6,936 e-5	12,5 pM
21B12.1, pH=7,4	3,4918 e+4	6,634 e-6	190 pM
21B12.1, pH=6	2,291 e+6	1,676 e-5	7,3 pM
16F12.1, pH=7,4	1,064 e+5	4,983 e-5	470 pM

	K_{on} (M-1 s-1)	K_{off} (s-1)	K_D
16F12.1, pH=6	2,392 e+6	7,007 e-5	29 pM

Đo ái lực KinExA®

Phép phân tích ái lực KinExA® (Sapidyne Instruments, Inc., Boise, ID) trên 16F12 và 31H4 được thực hiện theo hướng dẫn của nhà sản xuất. Một cách ngắn gọn, Reacti-Gel™ (6x) (Pierce) được phủ trước bằng một trong số các protein PCSK9 của người, của khỉ cynomolgus được gắn thẻ V5 hoặc của chuột nhắt được gắn thẻ His và được phong bế bằng BSA. 10 hoặc 100 pM kháng thể 16F12 hoặc kháng thể 31H4 và một trong số các protein PCSK9 sau đó được ủ với các nồng độ protein PCSK9 khác nhau (0,1 pM – 25 nM) ở nhiệt độ trong phòng trong 8 giờ trước khi cho đi qua các hạt được phủ bằng PCSK9. Lượng của 16F12 hoặc 31H4 liên kết với hạt được định lượng bằng kháng thể kháng IgG (H+L) của người ở dê được đánh dấu huỳnh quang (Cy5) (Jackson Immuno Research). Tín hiệu liên kết tỷ lệ với nồng độ của 16F12 hoặc 31H4 tự do tại cân bằng liên kết. Hệ số phân ly cân bằng (K_D) được thu nhận từ phép hồi quy không tuyến tính hai tập đường cong cạnh tranh bằng cách sử dụng mô hình liên kết đồng nhất một vị trí. Phần mềm KinExA® Pro được sử dụng trong phép phân tích này. Các đường cong liên kết được tạo ra trong phép phân tích này được thể hiện trên Fig.4A- Fig.4F.

Cả kháng thể 16F12 và kháng thể 31H4 đều thể hiện ái lực tương tự đối với PCSK9 của người và của khỉ cynomolgus, nhưng thể hiện ái lực thấp hơn khoảng 10-250 lần đối với PCSK9 của chuột nhắt. Trong số hai kháng thể được thử nghiệm bằng hệ KinExA®, kháng thể 31H4 thể hiện ái lực cao hơn đối với cả PCSK9 của người và của khỉ cynomolgus với K_D là 3 và 2 pM, một cách tương ứng. 16F12 thể hiện ái lực yếu hơn một chút tại K_D là 15 pM đối với PCSK9 của người và K_D là 16 pM đối với PCSK9 của khỉ cynomolgus.

Kết quả của phép phân tích ái lực KinExA® được tổng hợp trong bảng 8.1 dưới đây.

Bảng 8.1

	hPCSK9		cPCSK		mPCSK	
Mẫu	KD (pM)	95% CI	KD (pM)	95% CI	KD (pM)	95% CI
16F12	15	11 ~22	16	14~19	223	106~410
31H4.1	3	1~5	2	1~3	500	400~620

Ngoài ra, kỹ thuật SDS PAGE được thực hiện để kiểm tra chất lượng và số lượng của các mẫu này và được thể hiện trên Fig.5A. cPCSK9 thể hiện ít hơn khoảng 50% trên gel và cả từ nồng độ liên kết hoạt tính được tính toán từ thử nghiệm KinExA®. Do đó, K_D của các mAb đối với cPCSK9 được điều chỉnh là 50% của cPCSK9 hoạt tính trong thử nghiệm này.

Thử nghiệm liên kết cân bằng dung dịch BIAcore được sử dụng để đo giá trị Kd cho ABP 21B12. 21B12.1 hầu như không thể hiện tín hiệu bằng thử nghiệm KinExA, do đó, thử nghiệm cân bằng dung dịch Biacore được sử dụng. Vì không quan sát thấy sự liên kết đáng kể nào đối với sự liên kết của các kháng thể với bề mặt PCSK9 đã được cố định, kháng thể 21B12 được cố định trên tế bào dòng chảy 4 của chip CM5 bằng cách cộng hợp amin với mật độ là khoảng 7000 RU. Tế bào dòng chảy 3 được sử dụng làm đối chứng nền. 0,3, 1 và 3 nM PCSK9 của người hoặc PCSK9 của khỉ cynomolgus được trộn với các dịch pha loãng theo dãy của các mẫu kháng thể 21B12.1 (nằm trong khoảng từ 0,001 đến 25 nM) trong PBS cộng với BSA 0,1 mg/mL, P20 0,005%. Sự liên kết của PCSK9 tự do các dung dịch được trộn được đo bằng cách tiêm lên bề mặt kháng thể 21B12.1. Tín hiệu liên kết PCSK9 là 100% trên bề mặt 21B12.1 được xác định trong điều kiện không có mặt mAb trong dung dịch. Đáp ứng liên kết PCSK9 giảm với nồng độ mAb tăng cho thấy rằng PCSK9 liên kết với mAb trong dung dịch, mà phong bế không cho PCSK9 liên kết với bề mặt kháng thể peptit đã được cố định. Bằng cách dựng đồ thị tín hiệu liên kết PCSK9 theo nồng độ mAb, K_D được tính toán từ ba tập đường cong (0,3, 1 và 3nM nồng độ PCSK9 cố định) bằng cách sử dụng mô hình liên kết đồng nhất một vị trí trong phần

mềm KinExA Pro™. Mặc dù cPCSK9 có nồng độ protein thấp hơn được quan sát thấy từ thử nghiệm KinExA và SDS-gel, nhưng nồng độ của nó không được điều chỉnh trong thử nghiệm này vì nồng độ của cPCSK9 không được sử dụng để tính toán K_D. Các kết quả được thể hiện trong bảng 8.2 dưới đây và trên Fig.5B-Fig.5D. Fig.5B thể hiện các kết quả từ thử nghiệm cân bằng dung dịch với ba nồng độ hPCSK9 khác nhau đối với hPCSK9. Fig.5C thể hiện tập hợp kết quả tương tự đối với mPCSK9. Fig.5D thể hiện các kết quả từ thử nghiệm bắt giữ Biacore nêu trên.

Bảng 8.2

	hPCSK9		cPCSK		mPCSK	
Mẫu	KD (pM)	95% CI	KD (pM)	95% CI	KD (pM)	95% CI
21B12.1	15	9~23	11	7~16	17000	-

Ví dụ 10

Phân khoảng epitop

Thử nghiệm ELISA cạnh tranh được sử dụng để phân khoảng kháng thể kháng PCSK9. Một cách ngắn gọn, để xác định xem liệu hai kháng thể này có thuộc cùng một phân khoảng epitop hay không, một trong số các kháng thể (mAb1) trước tiên được phủ lên đĩa ELISA (NUNC) với nồng độ là 2 µg/mL bằng cách ủ qua đêm. Đĩa này sau đó được rửa và được phong bế bằng BSA 3%. Trong khi đó, 30 ng/mL hPCSK9 đã được biotinyl hóa được ủ với kháng thể thứ hai (mAb2) trong 2 giờ ở nhiệt độ trong phòng. Hỗn hợp này được sử dụng cho mAb1 đã được phủ và được ủ trong 1 giờ ở nhiệt độ trong phòng. Đĩa ELISA sau đó được rửa và được ủ với Neutravidin-HRP (Pierce) với tỷ lệ pha loãng là 1:5000 trong 1 giờ. Sau lần rửa tiếp nữa, đĩa được ủ với cơ chất TMB và tín hiệu được phát hiện ở 650 nm bằng thiết bị đọc đĩa Titertek. Các kháng thể có cùng profin liên kết liên kết được nhóm cùng nhau trong cùng một phân khoảng epitop. Kết quả của các nghiên cứu phân khoảng kháng thể được trình bày trong bảng 8.3.

Bảng 8.3

Dòng vô tính	Phân khoảng

Dòng vô tính	Phân khoảng
21B12.2	1
31H4	3
20D10	1
25A7.1	2
25A7.3	1
23G1	1
26H5	1
31D1	1
16F12	3
28D6	3
27A6	3
31G11	3
27B2	ND
28B12	3
22E2	3
1A12.2	1
3B6	1
3C4	4
9C9	1
9H6	1
13B5	6
13H1	7
17C2	1
19H9.2	1
23B5	1
25G4	1
26E10	1
27E7	1
27H5	1
30A4	1
30B9	1
31A4	5
31B12	5

Quá trình kiểm tra phân khoảng epitop bổ sung được thực hiện bằng cách sử dụng BIAcore. Ba mAb, là 16F12, 21B12 và 31H4, được cố định trên các tế bào dòng chảy 2, 3 và 4 với mật độ khoảng 8000 RU. 5 nM PCSK9 từ người, chuột nhắt và khỉ cynomolgus được tiêm lên bề mặt mAb để đạt đến khoảng 100 đến 500 RU. Sau đó, 10 nM mAb được

tiêm lên bề mặt PCSK9. Sự liên kết của ba mAb với ba protein PCSK9 khác nhau trên ba mAb này được ghi lại sau đó.

Nếu hai mAb này có epitop tương tự trên kháng nguyên, mAb 1 sẽ không thể hiện sự liên kết với kháng nguyên mà đã liên kết với mAb 2. Nếu hai mAb này có epitop khác nhau trên kháng nguyên, mAb1 sẽ thể hiện sự liên kết với kháng nguyên mà đã liên kết với mAb2. Fig.5E thể hiện các kết quả phân khoảng epitop này ở dạng biểu đồ đối với ba mAb trên PCSK9 của người. Kiểu tương tự được quan sát thấy đối với mPCSK9 và cPCSK9. Như được thể hiện trong biểu đồ, 16F12 và 31H4 có vẻ có chung epitop tương tự, trong khi 21B12 có vẻ có epitop khác nhau.

Ví dụ 11

Công hiệu của 31H4 và 21B12 trong việc phong bế sự liên kết của D374Y PCSK9/LDLR

Ví dụ này cung cấp giá trị IC50 cho hai trong số các kháng thể trong việc phong bế khả năng liên kết của PCSK9 D374Y với LDLR. Các đĩa trong suốt loại 384 lỗ (Costar) được phủ bằng 2 microgam/mL kháng thể kháng thụ thể LDL ở dê (R&D Systems) được pha loãng trong đệm A (natri cacodylat 100 mM, độ pH=7,4). Các đĩa được rửa kỹ bằng đệm A và sau đó được phong bế trong 2 giờ bằng đệm B (sữa 1% trong đệm A). Sau khi rửa, các đĩa được ủ trong 1,5 giờ với 0,4 microgam/mL thụ thể LDL (R&D Systems) được pha loãng trong đệm C (đệm B có bổ sung 10 mM $CaCl_2$). Đồng thời với bước ủ này, 20 ng/mL D374Y PCSK9 đã được biotinyl hóa được ủ với các nồng độ khác nhau của kháng thể 31H4 IgG2, 31H4 IgG4, 21B12 IgG2 hoặc 21B12 IgG4 mà được pha loãng trong đệm A, hoặc đệm A riêng lẻ (đối chứng). Các đĩa chứa thụ thể LDL được rửa và hỗn hợp kháng thể/D374Y PCSK9 đã được biotinyl hóa được chuyển vào các đĩa này và được ủ trong 1 giờ ở nhiệt độ trong phòng. Sự liên kết của D374Y đã được biotinyl hóa với thụ thể LDL được phát hiện bằng cách ủ với streptavidin-HRP (Biosource) với nồng độ là 500 ng/mL trong đệm C, sau đó là cơ chất TMB (KPL). Tín hiệu được làm dừng bằng HCl 1N và độ hấp thụ được đọc ở 450 nm.

Kết quả của nghiên cứu liên kết này được thể hiện trên Fig.6A- Fig.6D. Một cách tóm tắt, giá trị IC_{50} được xác định cho mỗi kháng thể và được phát hiện thấy là 199 pM đối với 31H4 IgG2 (Fig.6A), 156 pM đối với 31H4 IgG4 (Fig.6B), 170 pM đối với 21B12 IgG2 (Fig.6C) và 169 pM đối với 21B12 IgG4 (Fig.6D).

Các kháng thể này cũng phong bế sự liên kết của PCSK9 kiểu dại với LDLR trong thử nghiệm này.

Ví dụ 12

Thử nghiệm hấp thu LDL bởi tế bào

Ví dụ này chứng minh khả năng của các protein liên kết kháng nguyên khác nhau trong việc làm giảm sự hấp thu LDL bởi các tế bào. Các tế bào HepG2 của người được cấy vào các đĩa có đáy trong suốt màu đen loại 96 lỗ (Costar) với nồng độ là $5x10^5$ tế bào/lỗ trong môi trường DMEM (Mediatech, Inc) có bổ sung FBS 10% và được ủ ở 37°C (5% CO2) qua đêm. Để tạo ra phức hợp của PCSK9 và kháng thể, 2 µg/mL D374Y PCSK9 của người được ủ với các nồng độ khác nhau của kháng thể được pha loãng trong đệm hấp thu (DMEM với FBS 1%) hoặc đệm hấp thu đơn lẻ (đối chứng) trong 1 giờ ở nhiệt độ trong phòng. Sau khi rửa các tế bào bằng PBS, hỗn hợp D374Y PCSK9/kháng thể được chuyển vào các tế bào, sau đó là LDL-BODIPY (Invitrogen) được pha loãng trong đệm hấp thu với nồng độ cuối cùng là 6 µg/mL. Sau khi ủ trong 3 giờ ở 37°C (5% CO2), các tế bào được rửa kỹ bằng PBS và tín hiệu huỳnh quang của tế bào được phát hiện bằng Safire™ (TECAN) ở 480-520nm (kích thích) và 520-600nm (phát xạ).

Kết quả của thử nghiệm hấp thu bởi tế bào được thể hiện trên Fig.7A- Fig.7D. Một cách tóm tắt, giá trị IC_{50} được xác định cho mỗi kháng thể và được phát hiện thấy là 16,7 nM đối với 31H4 IgG2 (Fig.7A), 13,3 nM đối với 31H4 IgG4 (Fig.7B), 13,3 nM đối với 21B12 IgG2 (Fig.7C) và 18 nM đối với 21B12 IgG4 (Fig.7D). Các kết quả này chứng minh rằng các protein liên kết kháng nguyên được sử dụng có thể làm giảm tác dụng của PCSK9 (D374Y) trong việc phong bế sự hấp thu LDL bởi các tế bào. Các kháng thể cũng phong bế tác dụng của PCSK9 kiểu dại trong thử nghiệm này.

Ví dụ 13

Tác dụng làm giảm cholesterol trong huyết thanh của kháng thể 31H4 trong nghiên cứu kéo dài 6 ngày

Để đánh giá việc làm giảm cholesterol tổng trong huyết thanh (TC) ở chuột nhắt kiểu dại (WT) thông qua liệu pháp kháng thể kháng lại protein PCSK9, quy trình sau đây được thực hiện.

Các con chuột nhắt đực WT (chủng C57BL/6, 9-10 tuần tuổi, 17-27 g) nhận được từ Jackson Laboratory (Bar Harbor, ME) được cho ăn thức ăn bình thường (Harland-Teklad, Diet 2918) trong suốt thời gian thí nghiệm. Các con chuột nhắt được cho sử dụng kháng thể kháng PCSK9 31H4 (2 mg/mL trong PBS) hoặc IgG đối chứng (2 mg/mL trong PBS) với lượng là 10 mg/kg qua tĩnh mạch đuôi của chuột nhắt tại T=0. Các con chuột nhắt chưa quen với thí nghiệm cũng được đặt bên cạnh làm nhóm đối chứng chưa quen với thí nghiệm. Các nhóm dùng liều và thời điểm làm chết được thể hiện trong bảng 9.

Bảng 9

Nhóm	Điều trị	Thời điểm sau khi dùng liều	Số lượng
1	IgG	8 giờ	7
2	31H4	8 giờ	7
3	IgG	24 giờ	7
4	31H4	24 giờ	7
5	IgG	72 giờ	7
6	31H4	72 giờ	7
7	IgG	144 giờ	7
8	31H4	144 giờ	7
9	Chưa quen với thí nghiệm	không có	7

Các con chuột nhắt bị làm chết bằng cách gây ngạt CO2 tại các thời điểm đã định trước được thể hiện trong bảng 9. Máu được thu lại qua tĩnh mạch chủ vào các ống Eppendorf và được để đông ở nhiệt độ trong phòng trong 30 phút. Các mẫu này sau đó được quay lắng xuống trong thiết bị ly tâm để bàn với tốc độ là 12000xg trong 10 phút để

tách huyết thanh ra. HDL-C và cholesterol tổng trong huyết thanh được đo bằng cách sử dụng thiết bị phân tích lâm sàng Hitachi 912 và các bộ kit Roche/Hitachi TC và HDL-C.

Kết quả của thí nghiệm được thể hiện trên Fig.8A-Fig.8D. Một cách tóm tắt, các con chuột nhắt được cho sử dụng kháng thể 31H4 thể hiện lượng cholesterol trong huyết thanh giảm trong khoảng thời gian thí nghiệm (Fig.8A và Fig.8B). Ngoài ra, cần phải lưu ý rằng các con chuột nhắt này cũng thể hiện lượng HDL giảm (Fig.8C và Fig.8D). Đối với Fig.8A và Fig.8C, tỷ lệ phần trăm thay đổi có liên quan đến IgG đối chứng tại cùng một thời điểm (*P<0,01, # P<0,05). Đối với Fig.8B và Fig.8D, tỷ lệ phần trăm thay đổi có liên quan đến lượng HDL và tổng lượng cholesterol trong huyết thanh đo được ở các con vật chưa quen với thí nghiệm tại t=0 giờ (*P<0,01, # P<0,05).

Liên quan đến lượng HDL giảm, cần phải lưu ý rằng người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng sự giảm HDL ở chuột nhắt không phải là chỉ thị rằng sự giảm HDL sẽ xảy ra ở người và chỉ đơn thuần là phản ánh thêm rằng lượng cholesterol trong huyết thanh ở sinh vật này giảm đi. Cần phải lưu ý rằng chuột nhắt vận chuyển phần lớn cholesterol trong huyết thanh trong các hạt lipoprotein tỷ trọng cao (HDL: High Density Lipoprotein), khác với người mang hầu hết cholesterol trong huyết thanh trên các hạt LDL. Ở chuột nhắt, phép đo cholesterol tổng trong huyết thanh gần giống nhất với lượng HDL-C trong huyết thanh. HDL của chuột nhắt chứa apolipoprotein E (apoE) mà là phối tử đối với thụ thể LDL (LDLR) và cho phép thanh thải nó bằng LDLR. Do đó, việc xét nghiệm HDL là một chỉ thị thích hợp cho ví dụ này, ở chuột nhắt (với việc hiểu rằng sự giảm HDL không được dự đoán cho người). Ví dụ, HDL của người, ngược lại, không chứa apoE và không phải là phối tử đối với LDLR. Vì các kháng thể PCSK9 làm tăng sự biểu hiện của LDLR ở chuột nhắt, nên gan có thể thanh thải nhiều HDL hơn và do đó làm giảm lượng HDL-C trong huyết thanh.

Ví dụ 14

Tác dụng của kháng thể 31H4 đối với lượng LDLR trong nghiên cứu kéo dài 6 ngày

Ví dụ này chứng minh rằng protein liên kết kháng nguyên làm thay đổi lượng LDLR ở đối tượng, như được dự đoán, theo thời gian. Phép phân tích thẩm tách Western được thực hiện để xác nhận tác dụng của kháng thể 31H4 đối với lượng LDLR. 50-100 mg mô gan thu được từ các con chuột nhắt đã bị làm chết được mô tả trong ví dụ 13 được làm đồng nhất trong 0,3 mL đệm RIPA (Santa Cruz Biotechnology Inc.) chứa chất ức chế proteaza hoàn toàn (Roche). Sản phẩm đồng nhất được ủ trên nước đá trong 30 phút và được ly tâm để làm lắng kết các mảnh vỡ tế bào. Nồng độ protein trong dịch nổi bề mặt được đo bằng cách sử dụng các chất phản ứng dùng cho thử nghiệm protein BioRad (BioRad Laboratories). 100 µg protein được làm biến tính ở 70°C trong 10 phút và được tách ra trên 4-12% Bis-Tris SDS gradient gel (Invitrogen). Các protein được chuyển sang màng PVDF loại 0,45 µm (Invitrogen) và được phong bế trong đệm rửa (Tris 50 mM PH=7,5, NaCl 150 mM, $CaCl_2$ 2 mM và Tween 20 0,05%) chứa 5% sữa không béo trong 1 giờ ở nhiệt độ trong phòng. Chấm thẩm tách sau đó được dò bằng kháng thể kháng LDLR của chuột nhắt ở dê (R&D Systems) 1:2000 hoặc kháng thể kháng ß actin (Sigma) 1:2000 trong 1 giờ ở nhiệt độ trong phòng. Chấm thẩm tách được rửa trong thời gian ngắn và được ủ với HRP kháng IgG của dê ở bò (Santa Cruz Biotechnology Inc.) 1:2000 hoặc HRP kháng IgG của chuột nhắt ở dê (Upstate) 1:2000. Sau khi ủ trong 1 giờ ở nhiệt độ trong phòng, chấm thẩm tách được rửa kỹ và các dải phản ứng miễn dịch được phát hiện bằng cách sử dụng bộ kit ECL Plus (Amersham Biosciences). Kỹ thuật thẩm tách Western cho thấy sự tăng lượng protein LDLR trong điều kiện có mặt kháng thể 31H4, như được thể hiện trên Fig.9.

Ví dụ 15

Tác dụng làm giảm cholesterol trong huyết thanh của kháng thể 31H4 trong nghiên cứu kéo dài 13 ngày

Để đánh giá việc làm giảm cholesterol tổng trong huyết thanh (TC) ở chuột nhắt kiểu dại (WT) thông qua liệu pháp kháng thể kháng lại protein PCSK9 trong nghiên cứu kéo dài 13 ngày, quy trình sau đây được thực hiện.

Các con chuột nhắt đực WT (chủng C57BL/6, 9-10 tuần tuổi, 17-27 g) nhận được từ Jackson Laboratory (Bar Harbor, ME) được cho ăn thức ăn bình thường (Harland-Teklad, Diet 2918) trong suốt thời gian thí nghiệm. Các con chuột nhắt được cho sử dụng kháng thể kháng PCSK9 31H4 (2 mg/mL trong PBS) hoặc IgG đối chứng (2 mg/mL trong PBS) với lượng là 10 mg/kg qua tĩnh mạch đuôi của chuột nhắt tại T=0. Các con chuột nhắt chưa quen với thí nghiệm cũng được đặt bên cạnh làm nhóm đối chứng chưa quen với thí nghiệm.

Các nhóm dùng liều và thời điểm làm chết được thể hiện trong bảng 10. Các con vật bị làm chết và gan được chiết tách và được chuẩn bị như trong ví dụ 13.

Bảng 10

Nhóm	Điều trị	Thời điểm sau khi dùng liều	Số lượng	Liều
1	IgG	72 giờ	6	10 mg/kg
2	31H4	72 giờ	6	10 mg/kg
3	31H4	72 giờ	6	1 mg/kg
4	IgG	144 giờ	6	10 mg/kg
5	31H4	144 giờ	6	10 mg/kg
6	31H4	144 giờ	6	1 mg/kg
7	IgG	192 giờ	6	10 mg/kg
8	31H4	192 giờ	6	10 mg/kg
9	31H4	192 giờ	6	1 mg/kg
10	IgG	240 giờ	6	10 mg/kg
11	31H4	240 giờ	6	10 mg/kg
12	31H4	240 giờ	6	1 mg/kg
13	IgG	312 giờ	6	10 mg/kg
14	31H4	312 giờ	6	10 mg/kg
15	31H4	312 giờ	6	1 mg/kg
16	Chưa quen với thí nghiệm	Không có	6	Không có

Khi thí nghiệm kéo dài 6 ngày được mở rộng thành thí nghiệm kéo dài 13 ngày, tác dụng làm giảm cholesterol trong huyết thanh giống như quan sát thấy trong nghiên cứu kéo dài 6 ngày cũng được quan sát thấy trong nghiên cứu kéo dài 13 ngày. Cụ thể hơn, các con vật được cho dùng liều là 10 mg/kg đã thể hiện sự giảm cholesterol trong huyết thanh là 31% vào ngày 3, lượng này dần dần trở lại mức trước khi dùng liều cho đến ngày

13. Fig.10A thể hiện kết quả của thí nghiệm này. Fig.10C thể hiện kết quả của việc lặp lại quy trình nêu trên với liều 31H4 là 10 mg/kg, và với kháng thể khác, 16F12, cũng với liều là 10 mg/kg. Các nhóm dùng liều và thời điểm làm chết được thể hiện trong bảng 11.

Bảng 11

Nhóm	Điều trị	Thời điểm sau khi dùng liều	Số lượng	Liều
1	IgG	24 giờ	6	10 mg/kg
2	16F12	24 giờ	6	10 mg/kg
3	31H4	24 giờ	6	10 mg/kg
4	IgG	72 giờ	6	10 mg/kg
5	16F12	72 giờ	6	10 mg/kg
6	31H4	72 giờ	6	10 mg/kg
7	IgG	144 giờ	6	10 mg/kg
8	16F12	144 giờ	6	10 mg/kg
9	31H4	144 giờ	6	10 mg/kg
10	IgG	192 giờ	6	10 mg/kg
11	16F12	192 giờ	6	10 mg/kg
12	31H4	192 giờ	6	10 mg/kg
13	IgG2	240 giờ	6	10 mg/kg
14	16F12	240 giờ	6	10 mg/kg
15	31H4	240 giờ	6	10 mg/kg
16	IgG2	312 giờ	6	10 mg/kg
17	16F12	312 giờ	6	10 mg/kg
18	31H4	312 giờ	6	10 mg/kg
19	Chưa quen với thí nghiệm	Không có	6	10 mg/kg

Như được thể hiện trên Fig.10C, cả 16F12 và 31H4 đều làm giảm về cơ bản và đáng kể cholesterol tổng trong huyết thanh sau chỉ một liều đơn và tạo ra các lợi ích trong hơn một tuần (10 ngày hoặc hơn). Kết quả của nghiên cứu kéo dài 13 ngày lặp lại cũng phù hợp với kết quả của nghiên cứu kéo dài 13 ngày thứ nhất, trong đó quan sát thấy sự giảm lượng cholesterol trong huyết thanh là 26% vào ngày 3. Đối với Fig.10A và Fig.10B, tỷ lệ phần trăm thay đổi có liên quan đến IgG đối chứng tại cùng một thời điểm (*P<0,01). Đối với Fig.10C, tỷ lệ phần trăm thay đổi có liên quan đến IgG đối chứng tại cùng một thời điểm (*P<0,05).

Ví dụ 16

Tác dụng của kháng thể 31H4 đối với lượng HDL trong nghiên cứu kéo dài 13 ngày

Lượng HDL đối với các con vật trong ví dụ 15 cũng được kiểm tra. Lượng HDL giảm ở các con chuột nhắt này. Cụ thể hơn, các con vật được cho dùng liều là 10 mg/kg đã thể hiện sự giảm lượng HDL là 33% vào ngày 3, lượng này dần dần trở lại mức trước khi dùng liều cho đến ngày 13. Fig.10B thể hiện kết quả của thí nghiệm. Có sự giảm lượng HDL là 34% vào ngày 3. Fig.10B thể hiện kết quả của thí nghiệm kéo dài 13 ngày lặp lại.

Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng mặc dù các kháng thể này sẽ làm giảm HDL của chuột nhắt, nhưng điều này không được dự đoán là sẽ xảy ra ở người do có các khác biệt về HDL ở người và các sinh vật khác (như chuột nhắt). Do đó, sự làm giảm HDL của chuột nhắt không phải là chỉ thị của sự giảm HDL của người.

Ví dụ 17

Sử dụng lặp lại kháng thể tạo ra các lợi ích tiếp theo của peptit liên kết kháng nguyên

Để xác nhận rằng các kết quả thu được trong các ví dụ nêu trên có thể được kéo dài cho các lợi ích khác nữa với các liều bổ sung, các thí nghiệm nêu trong ví dụ 15 và ví dụ 16 được lặp lại với lịch trình dùng liều được thể hiện trên Fig.11A. Các kết quả được thể hiện trên Fig.11B. Như có thể thấy trong biểu đồ trên Fig.11B, mặc dù cả hai nhóm chuột nhắt đều thể hiện sự giảm cholesterol tổng trong huyết thanh đáng kể do tất cả các con chuột nhắt này đều nhận liều tiêm protein liên kết kháng nguyên 31H4 ban đầu, nhưng các con chuột nhắt mà nhận các liều tiêm 31H4 ABP bổ sung thể hiện sự tiếp tục giảm cholesterol tổng trong huyết thanh, trong khi các con chuột nhắt mà chỉ nhận liều tiêm đối chứng cuối cùng lại thể hiện sự tăng cholesterol tổng trong huyết thanh của chúng. Đối với Fig.11, tỷ lệ phần trăm thay đổi có liên quan đến các con vật chưa quen với thí nghiệm tại t=0 giờ (*P<0,01, **P<0,001).

Các kết quả từ ví dụ này chứng minh rằng, không giống như các phương pháp điều trị cholesterol khác, trong đó việc sử dụng lặp lại làm giảm công hiệu do các điều chỉnh sinh học ở đối tượng, phương pháp này có vẻ không bị ảnh hưởng bởi vấn đề này trong

khoảng thời gian được thử nghiệm. Ngoài ra, điều này gợi ý rằng sự quay trở lại của lượng cholesterol HDL hoặc tổng lượng cholesterol trong huyết thanh về mức nền, được quan sát thấy trong các ví dụ trước, không phải là do tính kháng nào đó đối với việc điều trị được phát triển bởi đối tượng, mà đúng hơn là do sự suy giảm tính khả dụng của kháng thể ở đối tượng.

Ví dụ 18

Lập bản đồ epitop của kháng thể kháng PCSK9 của người

Ví dụ này mô tả các phương pháp dùng để xác định xem các gốc nào trong PCSK9 tham gia vào việc tạo thành hoặc là một phần của epitop cho protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9 nêu trong bản mô tả này.

Để xác định các epitop mà một số trong số các ABP theo sáng chế liên kết với chúng, các epitop của các ABP này có thể được lập bản đồ bằng cách sử dụng các peptit tổng hợp thu được từ trình tự peptit PCSK9 đặc hiệu.

Mảng peptit SPOTs (Sigma Genosys) có thể được sử dụng để nghiên cứu tương tác phân tử của các kháng thể kháng PCSK9 ở người với epitop peptit của chungs. Công nghệ SPOTs dựa vào sự tổng hợp peptit pha rắn ở định dạng thích hợp cho việc phân tích có hệ thống các epitop của kháng thể. Sản phẩm tổng hợp của các oligopeptit được tạo mảng tùy chỉnh có bán trên thị trường bởi Sigma-Genosys. Mảng peptit chứa các oligopeptit chồng lặp thu được từ trình tự axit amin của peptit PCSK9 có thể được thu nhận. Mảng này có thể chứa một chuỗi các peptit 12-mer dưới dạng các đốm trên các tấm màng polypropylen. Mảng peptit này có thể trải dài qua toàn bộ chiều dài của trình tự PCSK9 trưởng thành. Mỗi peptit nối tiếp có thể được dịch chuyển 1 gốc từ peptit trước đó, tạo ra thư viện chồng lặp lồng vào nhau của các oligopeptit đã được tạo mảng. Màng mang các peptit có thể được cho phản ứng với các kháng thể kháng PCSK9 khác nhau (1 microgam/mL). Sự liên kết của các mAb với các peptit đã liên kết màng có thể được đánh giá bằng thử nghiệm hấp thụ miễn dịch liên kết enzym bằng cách sử dụng kháng thể thứ

cấp đã được liên hợp với HRP, sau đó là thử nghiệm phát quang hóa học tăng cường (ECL: Enhanced Chemiluminescence).

Ngoài ra, các epitop chức năng cũng có thể được lập bản đồ bằng cách quét alanin kết hợp. Trong quá trình này, chiến lược quét alanin kết hợp có thể được sử dụng để nhận diện các axit amin trong protein PCSK9 mà cần thiết cho sự tương tác với các ABP kháng PCSK9. Để thực hiện việc này, tập hợp mảng SPOTs thứ hai có thể được sử dụng để quét alanin. Nhóm biến thể peptit có các đột biến thế alanin trong mỗi trong số 12 gốc có thể được quét như nêu trên. Việc này cho phép lập bản đồ và nhận diện được các epitop cho các ABP đối với PCSK9 của người.

Theo cách khác, dựa vào việc epitop có thể là có tính tạo hình không gian, tổ hợp bao gồm quét alanin và/hoặc quét arginin, kết tinh đồng thời kháng thể FAB/PCSK9 và phân giải protein giới hạn/LC-MS (sắc ký lỏng - khối phổ) có thể được sử dụng để nhận diện các epitop này.

Ví dụ 19

Sử dụng kháng thể PCSK9 để điều trị rối loạn liên quan đến cholesterol

Người bệnh thể hiện rối loạn liên quan đến cholesterol (trong đó việc làm giảm cholesterol (như cholesterol trong huyết thanh) có thể là có lợi) được cho sử dụng một lượng hữu hiệu để trị liệu của kháng thể PCSK9, 31H4 (hoặc, ví dụ, 21B12 hoặc 16F12). Vào các thời điểm định kỳ trong quá trình điều trị, bệnh nhân này được theo dõi để xác định xem liệu các triệu chứng của rối loạn có giảm đi hay không. Sau khi điều trị, phát hiện thấy rằng các bệnh nhân được điều trị bằng kháng thể PCSK9 có lượng cholesterol trong huyết thanh giảm so với các bệnh nhân không được điều trị.

Ví dụ 20

Sử dụng kháng thể PCSK9 để điều trị chứng tăng cholesterol-huyết

Người bệnh có các triệu chứng của chứng tăng cholesterol-huyết được cho sử dụng một lượng hữu hiệu để trị liệu của kháng thể PCSK9, như 31H4 (hoặc, ví dụ, 21B12 hoặc 16F12). Vào các thời điểm định kỳ trong quá trình điều trị, người bệnh này được theo dõi để xác định xem liệu lượng cholesterol trong huyết thanh có giảm hay không. Sau khi điều trị, phát hiện thấy rằng bệnh nhân được điều trị bằng kháng thể PCSK9 có lượng cholesterol trong huyết thanh giảm so với các bệnh nhân bị bệnh viêm khớp không được điều trị.

Ví dụ 21

Sử dụng kháng thể PCSK9 để ngăn ngừa bệnh tim mạch vành và/hoặc biến cố tim mạch tái phát

Người bệnh có nguy cơ phát triển bệnh tim mạch vành được nhận diện. Bệnh nhân này được cho sử dụng một lượng hữu hiệu để trị liệu của kháng thể PCSK9, như 31H4 (hoặc, ví dụ, 21B12 hoặc 16F12), ở dạng đơn lẻ, đồng thời hoặc liên tiếp với statin, ví dụ, simvastatin. Vào các thời điểm định kỳ trong quá trình điều trị, người bệnh này được theo dõi để xác định xem liệu tổng lượng cholesterol trong huyết thanh của bệnh nhân này có thay đổi hay không. Trong suốt quá trình điều trị ngăn ngừa, phát hiện thấy rằng bệnh nhân được điều trị bằng kháng thể PCSK9 có lượng cholesterol trong huyết thanh giảm, nhờ đó làm giảm nguy cơ mắc bệnh tim mạch vành hoặc các biến cố tim mạch tái phát so với các bệnh nhân không được điều trị.

Ví dụ 22

Sử dụng kháng thể PCSK9 làm chất chẩn đoán

Thử nghiệm hấp thụ miễn dịch liên kết enzym (ELISA) dùng để phát hiện của kháng nguyên PCSK9 trong mẫu có thể được sử dụng để chẩn đoán bệnh nhân có mức sản xuất PCSK9 cao. Trong thử nghiệm này, các lỗ của đĩa vi chuẩn độ, như đĩa vi chuẩn độ loại 96 lỗ hoặc đĩa vi chuẩn độ loại 384 lỗ, được hấp thụ trong vài giờ với kháng thể đơn dòng đầy đủ của người thứ nhất kháng lại PCSK9. Kháng thể đã được cố định này đóng vai trò làm kháng thể bắt giữ đối với PCSK9 bất kỳ có thể có mặt trong mẫu thử

nghiệm. Các lỗ được rửa và được xử lý bằng tác nhân phong bế như protein sữa hoặc albumin để ngăn chặn sự hấp thụ không đặc hiệu của chất phân tích.

Sau đó, các lỗ được xử lý bằng mẫu thử nghiệm được cho là chứa PCSK9, hoặc với dung dịch chứa lượng kháng nguyên chuẩn. Mẫu này có thể là, ví dụ, mẫu huyết thanh từ đối tượng được cho là có lượng kháng nguyên tuần hoàn được coi là dấu hiệu chẩn đoán bệnh lý.

Sau khi rửa bỏ mẫu thử nghiệm hoặc chất chuẩn, các lỗ được xử lý bằng kháng thể PCSK9 đơn dòng đầy đủ của người thứ hai đã được đánh dấu bằng cách liên hợp với biotin. Kháng thể đơn dòng có nguồn gốc từ chuột nhắt hoặc có nguồn gốc từ loài khác cũng có thể được sử dụng. Kháng thể PCSK9 được đánh dấu đóng vai trò làm kháng thể phát hiện. Sau khi rửa bỏ kháng thể thứ hai còn dư, các lỗ được xử lý bằng peroxidaza cải ngựa (HRP) được liên hợp với avidin và cơ chất sinh màu thích hợp. Nồng độ của kháng nguyên trong các mẫu thử nghiệm được xác định bằng cách so sánh với đường chuẩn được dựng từ các mẫu chuẩn.

Thử nghiệm ELISA này cung cấp một thử nghiệm rất nhạy và có tính đặc hiệu cao để phát hiện kháng nguyên PCSK9 trong mẫu thử nghiệm.

Xác định nồng độ protein PCSK9 ở đối tượng

Kỹ thuật ELISA kiểu bánh kẹp (sandwich) có thể định lượng lượng PCSK9 trong huyết thanh của người. Hai kháng thể PCSK9 đơn dòng đầy đủ của người từ kỹ thuật ELISA kiểu bánh kẹp nhận biết các epitop khác nhau trên phân tử PCSK9. Theo cách khác, kháng thể đơn dòng có nguồn gốc từ chuột nhắt hoặc có nguồn gốc từ loài khác có thể được sử dụng. Kỹ thuật ELISA này được thực hiện như sau: 50 µL kháng thể PCSK9 bắt giữa trong đệm phủ ($NaHCO_3$ 0,1 M, độ pH=9,6) với nồng độ là 2 µg/mL được phủ lên các đĩa ELISA (Fisher). Sau khi ủ ở 4°C qua đêm, các đĩa này được xử lý bằng 200 µL đệm phong bế (BSA 0,5%, Tween 20 0,1%, Thimerosal 0,01% trong PBS) trong 1 giờ ở 25°C. Các đĩa này được rửa (3 lần) bằng Tween 20 0,05% trong PBS (đệm rửa, WB). Huyết thanh bình thường hoặc huyết thanh của bệnh nhân (Clinomics, Bioreclaimation)

được pha loãng trong đệm phong bế chứa 50% huyết thanh của người. Các đĩa được ủ với các mẫu huyết thanh qua đêm ở 4°C, được rửa bằng WB, và sau đó được ủ với 100 µL kháng thể PCSK9 phát hiện đã được biotinyl hóa trong mỗi lỗ trong 1 giờ ở 25°C. Sau khi rửa, các đĩa này được ủ với HRP-Streptavidin trong 15 phút, được rửa như trước, và sau đó được xử lý bằng 100 µL o-phenylenediamin trong H_2O_2 (dung dịch hiện màu của Sigma) trong mỗi lỗ để tạo màu. Phản ứng được làm ngừng bằng 50 µL H_2SO_4 (2M) trong mỗi lỗ và được phân tích bằng thiết bị đọc đĩa ELISA ở 492 nm. Nồng độ của kháng nguyên PCSK9 trong các mẫu huyết thanh được tính toán bằng cách so sánh với các dịch pha loãng của kháng nguyên PCSK9 đã được tinh chế bằng cách sử dụng chương trình khớp đường cong bốn thông số.

Xác định nồng độ protein biến thể PCSK9 ở đối tượng

Các bước được mô tả ở trên có thể được thực hiện bằng cách sử dụng các kháng thể nêu trong bản mô tả này mà liên kết với cả PCSK9 kiểu dại và PCSK9 biến thể (D374Y). Tiếp theo, các kháng thể mà liên kết với kiểu dại nhưng không liên kết với đột biến có thể được sử dụng (lại bằng cách sử dụng quy trình tương tự như nêu trên) để xác định xem liệu PCSK9 có mặt ở đối tượng là kiểu dại hay biến thể D374Y. Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rõ rằng các kết quả dương tính đối với cả hai vòng sẽ là kiểu dại, trong khi các kết quả dương tính đối với vòng thứ nhất, nhưng không dương tính đối với vòng thứ hai của các kháng thể, sẽ bao gồm đột biến D374Y. Có các đột biến có tần suất cao trong quần thể mà đã được biết và có thể hưởng lợi đặc biệt từ chất như các ABP nêu trong bản mô tả này.

Ví dụ 23

Sử dụng protein liên kết kháng nguyên PCSK9 để ngăn ngừa chứng tăng cholesterol-huyết

Người bệnh có nguy cơ phát triển chứng tăng cholesterol-huyết được nhận diện thông qua việc phân tích tiền sử gia đình và/hoặc lối sống và/hoặc lượng cholesterol hiện tại. Đối tượng này được cho sử dụng đều đặn (ví dụ, một lần một tuần) một lượng hữu

hiệu để trị liệu của kháng thể PCSK9, 31H4 (hoặc, ví dụ, 21B12 hoặc 16F12). Vào các thời điểm định kỳ trong quá trình điều trị, bệnh nhân này được theo dõi để xác định xem liệu lượng cholesterol trong huyết thanh có giảm hay không. Sau khi điều trị, phát hiện thấy rằng các đối tượng được điều trị ngăn ngừa bằng kháng thể PCSK9 có lượng cholesterol trong huyết thanh giảm so với các đối tượng không được điều trị.

Ví dụ 24

PCSK9 ABP tiếp tục điều tiết tăng LDLR trong điều kiện có mặt statin

Ví dụ này chứng minh rằng ABP đối với PCSK9 tiếp tục làm tăng thêm tính khả dụng của LDLR khi được sử dụng trong điều kiện có mặt statin, chứng tỏ rằng có thể thu được các lợi ích khác nữa bằng việc sử dụng kết hợp hai chất này.

Các tế bào HepG2 được cấy trong DMEM chứa huyết thanh thai bò (FBS) 10% và được cho sinh trưởng đến khi hợp lưu ~90%. Các tế bào này được xử lý bằng các lượng đã định của mevinolin (là một statin, Sigma) và các PCSK9 ABP (Fig.12A-Fig.12C) trong DMEM chứa FBS 3% trong 48 giờ. Các dịch dung giải tế bào toàn phần được tạo ra. 50 mg tổng protein được tách bằng kỹ thuật điện di trên gel và được chuyển sang màng PVDF. Các chấm miễn dịch được thực hiện bằng cách sử dụng kháng thể kháng thụ thể LDL của người ở thỏ (Fitzgerald) hoặc kháng thể kháng b-actin của người ở thỏ. Các kết quả phát quang hóa học tăng cường được thể hiện trên các phân vùng nằm phía trên trên Fig.12A-Fig.12C. Cường độ của các dải được định lượng bằng phần mềm ImageJ và chuẩn tắc hóa bằng b-actin. Lượng tương đối của LDLR được thể hiện trong các phân vùng nằm bên dưới trên Fig.12A-Fig.12C. Các ABP 21B12 và 31H4 là các kháng thể trung hòa PCSK9, trong khi 25A7.1 là kháng thể không trung hòa.

Các tế bào HepG2-PCSK9 cũng được tạo ra. Đây là dòng tế bào HepG2 ổn định được chuyển nhiễm với PCSK9 của người. Các tế bào này được cấy trong DMEM chứa huyết thanh thai bò (FBS) 10% và được cho sinh trưởng đến khi hợp lưu ~90%. Các tế bào này được xử lý bằng các lượng đã định của mevinolin (Sigma) và các PCSK9 ABP (Fig.12D-Fig.12F) trong DMEM chứa FBS 3% trong 48 giờ. Các dịch dung giải tế bào

toàn phần được tạo ra. 50 mg tổng protein được tách bằng kỹ thuật điện di trên gel và được chuyển sang màng PVDF. Các chấm miễn dịch được thực hiện bằng cách sử dụng kháng thể kháng thụ thể LDL của người ở thỏ (Fitzgerald) hoặc kháng thể kháng b-actin của người ở thỏ. Các kết quả phát quang hóa học tăng cường được thể hiện trong các phân vùng nằm phía trên. Cường độ của các dải được định lượng bằng phần mềm ImageJ và chuẩn tắc hóa bằng b-actin.

Như có thể thấy trong các kết quả được thể hiện trên Fig.12A-Fig.12F, việc làm tăng lượng kháng thể trung hòa và làm tăng lượng statin nói chung là làm tăng lượng LDLR. Sự tăng hiệu quả làm tăng lượng ABP này được đặc biệt thấy rõ trên Fig.12D-Fig.12F, trong đó các tế bào được chuyển nhiễm với PCSK9, cho phép các ABP chứng tỏ hiệu quả của chúng đến mức độ lớn hơn.

Đáng quan tâm là, như được chứng minh bởi các kết quả trong việc so sánh Fig.12D-Fig.12F với Fig.12A-Fig.12C, ảnh hưởng của nồng độ ABP đối với lượng LDLR tăng lên đáng kể khi PCSK9 đang được tạo ra bởi các tế bào. Ngoài ra, rõ ràng là các ABP trung hòa (21B12 và 31H4) làm tăng lượng LDLR nhiều hơn, thậm chí là trong điều kiện có mặt statin, so với ABP 25A7.1 (tác nhân không trung hòa), chứng tỏ rằng có thể thu được các lợi ích khác nữa bằng việc sử dụng cả statin và ABP đối với PCSK9.

Ví dụ 25

Trình tự liên ứng

Các trình tự liên ứng được xác định bằng cách sử dụng các phân tích phát sinh loài tiêu chuẩn đối với các CDD tương ứng với V_H và V_L của các ABP kháng PCSK9. Các trình tự liên ứng này được xác định bằng cách giữ các CDR liên tục trong cùng trình tự tương ứng với V_H hoặc V_L. Một cách ngắn gọn, các trình tự axit amin tương ứng với toàn bộ miền biến đổi của V_H hoặc V_L được chuyển đổi thành định dạng FASTA để dễ dàng xử lý các đoạn sắp hàng so sánh và suy luận sự phát sinh loài. Tiếp theo, các vùng khung của các trình tự này được thay thế bằng trình tự liên kết nhân tạo (phần giữ chỗ "bbbbbbbbbb", cấu trúc axit nucleic không đặc hiệu) sao cho việc kiểm tra các CDR đơn

lẻ có thể được thực hiện mà không đưa vào bất kỳ độ lệch trọng số vị trí axit amin nào do các sự kiện trùng hợp (ví dụ, như các kháng thể không liên quan mà tình cờ có chung phần thừa kế khung dòng mầm) trong khi vẫn giữ các CDR liên tục trong cùng trình tự tương ứng với V_H hoặc V_L. Các trình tự V_H hoặc V_L thuộc định dạng này sau đó được truy vấn đoạn sắp hàng độ tương tự trình tự bằng cách sử dụng chương trình sử dụng thuật toán giống ClutalW tiêu chuẩn (xem tài liệu Thompson et al., 1994, Nucleic Acids Res. 22:4673-4680). Điểm phạt tạo khoảng trống là 8,0 được sử dụng cùng với điểm phạt mở rộng khoảng trống là 2,0. Tương tự, chương trình này cũng tạo ra các biểu đồ phát sinh loài (minh họa cây phát sinh loài) dựa vào các đoạn sắp hàng độ tương tự trình tự bằng cách sử dụng UPGMA (phương pháp nhóm cặp không trọng số bằng cách sử dụng các giá trị trung bình số học) hoặc các phương pháp liên kết lân cận (Neighbor-Joining) (xem tài liệu Saitou and Nei, 1987, Molecular Biology and Evolution 4:406-425) để tạo cấu trúc và minh họa độ tương tự và sự khác biệt của các nhóm trình tự thông qua việc so sánh độ dài nhánh và nhóm lại. Cả hai phương pháp đều tạo ra các kết quả tương tự nhưng các cây phân loại thu được từ UPGMA cuối cùng được sử dụng vì phương pháp này sử dụng tập hợp các giả định đơn giản và bảo toàn hơn. Các cây phân loại thu được từ UPGMA được tạo ra trong đó các nhóm trình tự tương tự được xác định là có ít hơn 15 đột biến thế trong mỗi 100 gốc (xem chú giải trong minh họa cây phân loại để biết về quy mô) trong số các trình tự riêng lẻ trong nhóm này và được sử dụng để xác định các tập hợp trình tự liên ứng. Kết quả của các phép so sánh được thể hiện trên Fig.13A-Fig.13J. Trên Fig.13E, các nhóm này được chọn sao cho các trình tự trong chuỗi nhẹ trong đơn vị huyết thống đơn tố đó cũng là đơn vị huyết thống đơn tố trong chuỗi nặng và có ít hơn 15 đột biến thế.

Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng các kết quả được thể hiện trên Fig.13A-Fig.13J cho thấy một số lượng lớn các hướng dẫn về tầm quan trọng của các axit amin cụ thể (ví dụ, các axit amin bảo toàn) và các vị trí axit amin mà có thể được làm biến đổi (ví dụ, các vị trí có các axit amin khác nhau đối với các ABP khác nhau).

Ví dụ 26

Mô hình chuột nhắt đối với khả năng làm giảm LDL của PCSK9 và ABP *in vivo*

Để tạo ra chuột nhắt biểu hiện quá mức PCSK9 của người, các con chuột nhắt WT C57Bl/6 ba tuần tuổi được tiêm bằng cách sử dụng qua đường tĩnh mạch đuôi các nồng độ khác nhau của virut kết hợp adeno (AAV: Adenoassociated Virus) đã được cải biến tái tổ hợp để biểu hiện PCSK9 của người, để xác định độ chuẩn chính xác mà sẽ tạo ra lượng tăng có thể đo được của LDL-cholesterol ở chuột nhắt. Bằng cách sử dụng virut cụ thể mà biểu hiện PCSK9 của người này, xác định được rằng 4,5 x 10E12 pfu virut sẽ tạo ra lượng LDL-cholesterol là khoảng 40 mg/dL trong máu tuần hoàn (lượng bình thường của LDL trong chuột nhắt WT là khoảng 10 mg/dL). Lượng PCSK9 của người trong các con vật này được phát hiện thấy là khoảng 13 ug/mL. Một nhóm chuột nhắt được tạo ra bằng cách sử dụng các tiêu chí tiêm này.

Sau khi tiêm một tuần, các con chuột nhắt được đánh giá về lượng LDL-cholesterol, và được phân ngẫu nhiên vào các nhóm điều trị khác nhau. Các con vật này sau đó được cho sử dụng, thông qua việc tiêm vào tĩnh mạch đuôi, một liều tiêm thuốc liều cao đơn lẻ chứa 10 mg/kg hoặc 30 mg/kg protein liên kết kháng nguyên 16F12, 21B12 hoặc 31H4. IgG2 ABP được sử dụng ở nhóm động vật riêng biệt làm đối chứng dùng liều. Các phân nhóm động vật (n=6-7) sau đó bị làm chết tại thời điểm 24 và 48 giờ sau khi sử dụng ABP. Không có tác dụng nào đối với lượng LDL-cholesterol sau khi sử dụng IgG2 với một trong hai liều trên. Cả 31H4 và 21B12 đều thể hiện sự giảm LDL-cholesterol đáng kể lên tới và bao gồm 48 giờ sau khi sử dụng, so với đối chứng IgG2 (được thể hiện trên Fig.14A và Fig.14B với hai liều khác nhau). 16F12 thể hiện đáp ứng làm giảm LDL-cholesterol trung gian, trong đó lượng quay trở lại mức nền là khoảng 40 mg/dL cho tới thời điểm 48 giờ. Dữ liệu này phù hợp với dữ liệu liên kết *in vitro* (Biacore và Kinexa), thể hiện ái lực liên kết gần như tương đương giữa 31H4 và 21B12, và ái lực nhỏ hơn của 16F12 với PCSK9 của người.

Như có thể thấy trong các kết quả này, cholesterol tổng và HDL-cholesterol được làm giảm bởi các PCSK9 ABP trong mô hình này (cả cholesterol tổng và HDL-C đều tăng cao so với chuột nhắt WT do sự biểu hiện quá mức của PCSK9). Mặc dù sự giảm

cholesterol trong mô hình này có vẻ xảy ra trong một khoảng thời gian tương đối ngắn, nhưng điều này được tin là do lượng PCSK9 của người có mặt, mà cao hơn mức sinh lý bình thường trong mô hình này. Ngoài ra, dựa vào việc sự biểu hiện này được chi phối bởi AAV, không có sự điều tiết nào đối với sự biểu hiện của PCSK9. Trong các hình vẽ này, (*) thể hiện P<0,05, và (**) thể hiện P<0,005 so với lượng LDL-cholesterol quan sát thấy ở các con vật được tiêm đối chứng IgG2 tại cùng một thời điểm. Lượng PCSK9 của người trong huyết thanh là 13 microgam/mL ở các con chuột nhắt tương đương với lượng tăng khoảng 520 lần so với lượng PCSK9 của chuột nhắt nội sinh (~ 25 ng/mL), và lượng tăng khoảng 75 lần so với lượng trung bình trong huyết thanh của người (~ 175 ng/mL). Do đó, các protein liên kết kháng nguyên này thậm chí là có hiệu quả hơn ở người.

Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng các kết quả nêu trên chứng tỏ sự phù hợp của mô hình chuột nhắt để thử nghiệm khả năng của protein liên kết kháng nguyên trong việc làm thay đổi cholesterol trong huyết thanh ở đối tượng. Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực cũng sẽ biết rằng việc sử dụng HDL của chuột nhắt để theo dõi lượng cholesterol trong huyết thanh ở chuột nhắt, mặc dù là hữu dụng để theo dõi lượng cholesterol trong huyết thanh của chuột nhắt, lại không phải là chỉ thị cho tác dụng của các ABP đối với HDL của người ở người. Ví dụ, Cohen et al. ("Sequence variations in PCSK9, low LDL, and protection against coronary heart disease", N Engl J Med, 354:1264-1272, 2006) đã chứng minh sự không có bất kỳ tác dụng nào của các đột biến PCSK9 mất chức năng đối với lượng HDL của người (toàn bộ nội dung của tài liệu này được đưa vào bản mô tả này bằng cách viện dẫn). Do đó, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng khả năng làm giảm HDL của chuột nhắt (mà không có LDL) của ABP không phải là chỉ thị cho khả năng làm giảm HDL của người của ABP. Trên thực tế, như được thể hiện bởi Cohen, điều này khó có thể xảy ra với kháng thể trung hòa ở người.

Ví dụ 27

31H4 và 21B12 liên kết với vùng ProCat của PCSK9

Ví dụ này mô tả một phương pháp để xác định nơi các kháng thể khác nhau liên kết với PCSK9.

Miền ProCat (31-449 của SEQ ID NO: 3) hoặc miền V (450-692 của SEQ ID NO: 3) của protein PCSK9 được kết hợp với kháng thể 31H4 hoặc kháng thể 21B12. Các mẫu này được phân tích bằng Native PAGE về sự tạo phức hợp. Như có thể thấy trên Fig.16A và Fig.16B, có mặt sự chuyển dịch gel đối với các mẫu ProCat / 31H4 và ProCat / 21B12, chứng tỏ rằng các kháng thể này liên kết với miền ProCat.

Ví dụ 28

Miền LDLR EGFa liên kết với miền xúc tác của PCSK9

Ví dụ này thể hiện cấu trúc tinh thể đã được phân giải của PCSK9 ProCat (31-454 của SEQ ID NO: 3) liên kết với miền LDLR EGFa (293-334) tại độ phân giải 2,9 Å (điều kiện dùng cho bước này được mô tả trong các ví dụ nêu dưới dây).

Một cấu trúc đại diện của PCSK9 liên kết với EGFa được thể hiện trên Fig.17. Cấu trúc tinh thể này (và phần mô tả về nó trên Fig.17) cho thấy rằng miền EGFa của LDLR liên kết với miền xúc tác của PCSK9. Ngoài ra, sự tương tác của PCSK9 và EGFa có vẻ xảy ra trên bề mặt của PCSK9 mà nằm giữa các gốc D374 và S153 trong cấu trúc được thể hiện trên Fig.17.

Các gốc axit amin PCSK9 lõi đặc hiệu của mặt phân giới tương tác với miền LDLR EGFa được xác định là các gốc PCSK9 nằm trong phạm vi 5 Å của miền EGFa. Các gốc lõi này là như sau: S153, I154, P155, R194, D238, A239, I369, S372, D374, C375, T377, C378, F379, V380 và S381.

Các gốc axit amin PCSK9 ranh giới của mặt phân giới tương tác với miền LDLR EGFa được xác định là các gốc PCSK9 nằm trong phạm vi 5-8 Å tính từ miền EGFa. Các gốc ranh giới này là như sau: W156, N157, L158, E159, H193, E195, H229, R237, G240, K243, D367, I368, G370, A371, S373, S376 và Q382. Các gốc được gạch dưới gần như hoặc hoàn toàn bị chôn vùi trong PCSK9.

Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng các kết quả từ ví dụ này thể hiện nơi mà PCSK9 và EGFa tương tác. Do đó, các kháng thể mà tương tác với hoặc phong bế gốc bất kỳ trong số các gốc này có thể là hữu dụng làm kháng thể ức chế sự tương tác giữa PCSK9 và miền EGFa của LDLR (và/hoặc LDLR nói chung). Theo một số phương án, các kháng thể mà, khi liên kết với PCSK9, tương tác với hoặc phong bế gốc bất kỳ trong số các gốc nêu trên hoặc nằm trong phạm vi 15-8, 8, 8-5 hoặc 5 angstrom của các gốc nêu trên được đề xuất để tạo ra sự ức chế hữu dụng đối với liên kết của PCSK9 với LDLR.

Ví dụ 29

31H4 tương tác với các gốc axit amin từ cả tiền miền và miền xúc tác của PCSK9

Ví dụ này thể hiện cấu trúc tinh thể của PCSK9 nguyên chiều dài (thể đột biến N533A của SEQ ID NO: 3) liên kết với mảnh Fab của 31H4, được xác định đến độ phân giải là 2,3 Å (điều kiện dùng cho bước này được mô tả trong các ví dụ nêu dưới dây). Cấu trúc này, được thể hiện trên Fig.18A và Fig.18B, cho thấy rằng 31H4 liên kết với PCSK9 trong vùng của vị trí xúc tác và tiếp xúc với các gốc axit amin từ cả tiền miền và miền xúc tác.

Cấu trúc được thể hiện cũng cho phép nhận diện các gốc axit amin PCSK9 lõi đặc hiệu đối với mặt phân giới tương tác của 31H4 với PCSK9. Cấu trúc này được các định là các gốc nằm trong phạm vi 5 Å của protein 31H4. Các gốc lõi này là như sau: W72, F150, A151, Q152, T214, R215, F216, H217, A220, S221, K222, S225, H226, C255, Q256, G257, K258, N317, F318, T347, L348, G349, T350, L351, E366, D367, D374, V380, S381, Q382, S383 và G384.

Các cấu trúc cũng được sử dụng để nhận diện các gốc axit amin PCSK9 ranh giới đối với mặt phân giới tương tác với 31H4. Các gốc này là các gốc PCSK9 nằm trong phạm vi 5-8 Å tính từ protein 31H4. Các gốc ranh giới này là như sau: K69, D70, P71, S148, V149, D186, T187, E211, D212, G213, R218, Q219, C223, D224, G227, H229, L253, N254, G259, P288, A290, G291, G316, R319, Y325, V346, G352, T353, G365,

I368, I369, S372, S373, C378, F379, T385, S386 và Q387. Các gốc axit amin được chôn vùi hoàn toàn trong protein PCSK9 được gạch dưới.

Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng Fig.18B thể hiện sự tương tác giữa các CDR trên protein liên kết kháng nguyên và PCSK9. Như vậy, mô hình này cho phép người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực nhận diện các gốc và/hoặc các CDR đặc biệt quan trọng trong paratop này, và các gốc mà ít quan trọng hơn đối với paratop này. Như có thể thấy trên Fig.18B, CDR1, CDR2 và CDR3 chuỗi nặng tham gia trực tiếp nhất vào sự liên kết của protein liên kết kháng nguyên với epitop, trong đó các CDR từ chuỗi nhẹ tương đối xa so với epitop. Như vậy, có thể là các biến đổi lớn hơn trong các CDR chuỗi nhẹ là có thể được, mà không cản trở quá mức sự liên kết của protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9. Theo một số phương án, các gốc trong các cấu trúc mà tương tác trực tiếp được bảo toàn (hoặc theo cách khác được thay thế theo cách bảo toàn) trong khi các gốc mà không tương tác trực tiếp với nhau có thể được làm biến đổi đến mức độ lớn hơn. Như vậy, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực, dựa vào các nội dung bộc lộ trong bản mô tả này, có thể dự đoán các gốc và các vùng của protein liên kết kháng nguyên mà có thể được thay đổi mà không cản trở quá mức khả năng liên kết của protein liên kết kháng nguyên với PCSK9. Ví dụ, các gốc ở gần nhất với PCSK9 khi protein liên kết kháng nguyên này liên kết với PCSK9 là các gốc mà có thể đóng vai trò quan trọng hơn trong sự liên kết của protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9. Như nêu trên, các gốc này có thể được phân chia thành các gốc nằm trong phạm vi 5 angstrom của PCSK9 và các gốc nằm trong phạm vi 5-8 angstrom. Các gốc axit amin 31H4 lõi đặc hiệu của mặt phân giới tương tác với PCSK9 được xác định là các gốc 31H4 nằm trong phạm vi 5 Å của protein PCSK9. Đối với chuỗi nặng, các gốc nằm trong phạm vi 5 angstrom bao gồm các gốc sau: T28, S30, S31, Y32, S54, S55, S56, Y57, I58, S59, Y60, N74, A75, R98, Y100, F102, W103, S104, A105, Y106, Y107, D108, A109 và D111. Đối với chuỗi nhẹ, các gốc nằm trong phạm vi 5 angstrom bao gồm các gốc sau: L48, S51, Y93 và S98. Đối với chuỗi nặng, các gốc nằm trong phạm vi 5-8 Å tính từ protein PCSK9 bao gồm các gốc sau: G26, F27, F29, W47, S50, I51, S52, S53, K65, F68, T69, I70, S71, R72, D73, K76, N77, D99, D101, F110 và V112. Đối với chuỗi nhẹ, các

gốc nằm trong phạm vi 5-8 angstrom của PCSK9 bao gồm A31, G32, Y33, D34, H36, Y38, I50, G52, N55, R56, P57, S58, D94, S95, S96, L97, G99 và S100.

Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng các kết quả từ ví dụ 29 thể hiện nơi mà các kháng thể đối với PCSK9 có thể tương tác trên PCSK9 và vẫn phong bế không cho PCSK9 tương tác với EGFa (và theo đó là LDLR). Do đó, các protein liên kết kháng nguyên mà tương tác với gốc PCSK9 bất kỳ trong số các gốc PCSK9 này, hoặc phong bế gốc bất kỳ trong số các gốc này (ví dụ, khỏi các protein liên kết kháng nguyên khác mà liên kết với các gốc này), có thể là hữu dụng làm kháng thể mà ức chế sự tương tác của PCSK9 và EGFa (và theo đó là LDLR). Do đó, theo một số phương án, các protein liên kết kháng nguyên mà tương tác với gốc bất kỳ trong số các gốc nêu trên hoặc tương tác với các gốc nằm trong phạm vi 5 Å của các gốc nêu trên được đề xuất để tạo ra sự ức chế hữu dụng đối với sự liên kết của PCSK9 với LDLR. Tương tự, các protein liên kết kháng nguyên mà phong bế gốc bất kỳ trong số các gốc nêu trên (mà có thể được xác định, ví dụ, thông qua thử nghiệm cạnh tranh) cũng có thể là hữu dụng trong việc ức chế sự tương tác của PCSK9/LDLR.

Ví dụ 30

21B12 liên kết với miền xúc tác của PCSK9, có vị trí liên kết khác biệt so với 31H4 và có thể liên kết với PCSK9 đồng thời với 31H4

Ví dụ này thể hiện cấu trúc tinh thể của PCSK9 ProCat (31-449 của SEQ ID NO: 3) liên kết với các mảnh Fab của 31H4 và 21B12, được xác định tại độ phân giải là 2,8 Å (điều kiện dùng cho bước này được mô tả trong các ví dụ nêu dưới dây). Cấu trúc tinh thể này, được thể hiện trên Fig.19A và Fig.19B, cho thấy rằng 31H4 và 21B12 có các vị trí liên kết khác biệt trên PCSK9 và cả hai protein liên kết kháng nguyên này đều có thể liên kết với PCSK9 một cách đồng thời. Cấu trúc này cho thấy rằng 21B12 tương tác với các gốc axit amin từ miền xúc tác của PCSK9. Trong cấu trúc này, sự tương tác giữa PCSK9 và 31H4 là tương tự với sự tương tác đã quan sát được ở trên.

Các gốc axit amin PCSK9 lõi đặc hiệu của mặt phân giới tương tác với 21B12 được xác định là các gốc PCSK9 nằm trong phạm vi 5 Å của protein 21B12. Các gốc lõi này là như sau: S153, S188, I189, Q190, S191, D192, R194, E197, G198, R199, V200, D224, R237, D238, K243, S373, D374, S376, T377 và F379.

Các gốc axit amin PCSK9 ranh giới của mặt phân giới tương tác với 21B12 được xác định là các gốc PCSK9 nằm trong phạm vi 5-8 Å tính từ protein 21B12. Các gốc ranh giới này là như sau: I154, T187, H193, E195, I196, M201, V202, C223, T228, S235, G236, A239, G244, M247, I369, S372, C375 và C378. Các gốc axit amin gần như hoặc hoàn toàn bị chôn vùi trong protein PCSK9 được gạch dưới.

Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng Fig.19B thể hiện sự tương tác giữa các CDR trên protein liên kết kháng nguyên và PCSK9. Như vậy, mô hình này cho phép người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực nhận diện các gốc và/hoặc các CDR đặc biệt quan trọng đối với paratop này và các gốc mà ít quan trọng hơn đối với paratop này. Như có thể thấy trong cấu trúc này, CDR2 chuỗi nặng và CDR1 chuỗi nhẹ có vẻ tương tác gần với epitop. Tiếp theo, CDR1 chuỗi nặng, CDR3 chuỗi nặng và CDR3 chuỗi nhẹ có vẻ ở gần epitop, nhưng không gần bằng tập hợp CDR thứ nhất. Cuối cùng, CDR2 chuỗi nhẹ có vẻ ở xa một khoảng cách nào đó so với epitop. Như vậy, có thể là các biến đổi lớn hơn trong các CDR ở xa hơn là có thể được, mà không cản trở đáng kể sự liên kết của protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9. Theo một số phương án, các gốc trong các cấu trúc mà tương tác trực tiếp được bảo toàn (hoặc theo cách khác được thay thế theo cách bảo toàn) trong khi các gốc mà không tương tác trực tiếp với nhau có thể được làm biến đổi đến mức độ lớn hơn. Như vậy, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực, dựa vào các nội dung bộc lộ trong bản mô tả này, có thể dự đoán các gốc và các vùng của protein liên kết kháng nguyên mà có thể được làm biến đổi mà không cản trở đáng kể khả năng liên kết của protein liên kết kháng nguyên với PCSK9. Ví dụ, các gốc ở gần nhất với PCSK9 khi protein liên kết kháng nguyên này liên kết với PCSK9 là các gốc mà có thể đóng vai trò quan trọng hơn trong sự liên kết của protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9. Như nêu trên, các gốc này có thể được phân chia thành các gốc nằm trong phạm vi 5 angstrom của PCSK9 và các gốc nằm trong phạm vi 5-8 angstrom. Các

gốc axit amin 21B12 đặc hiệu lõi của mặt phân giới tương tác với PCSK9 được xác định là các gốc 21B12 nằm trong phạm vi 5 Å của protein PCSK9. Đối với chuỗi nặng, các gốc nằm trong phạm vi 5 angstrom bao gồm các gốc sau: T30, S31, Y32, G33, W50, S52, F53, Y54, N55, N57, N59, R98, G99, Y100 và G101. Đối với chuỗi nhẹ, các gốc nằm trong phạm vi 5 angstrom bao gồm các gốc sau: G30, G31, Y32, N33, S34, E52, Y93, T94, S95, T96 và S97. Đối với chuỗi nặng, các gốc nằm trong phạm vi 5-8 Å tính từ protein PCSK9 bao gồm các gốc sau: T28, L29, I34, S35, W47, V51, G56, T58, Y60, T72, M102 và D103. Đối với chuỗi nhẹ, các gốc nằm trong phạm vi 5-8 angstrom của PCSK9 bao gồm các gốc sau: S26, V29, V35, Y51, N55, S92, M98 và V99.

Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng các kết quả từ ví dụ 30 thể hiện nơi mà các protein liên kết kháng nguyên đối với PCSK9 có thể tương tác trên PCSK9 và vẫn phong bế không cho PCSK9 tương tác với EGFa (và theo đó là LDLR). Do đó, các protein liên kết kháng nguyên mà tương tác với gốc PCSK9 bất kỳ trong số các gốc PCSK9 này hoặc phong bế gốc bất kỳ trong số các gốc này có thể là hữu dụng làm kháng thể mà ức chế sự tương tác của PCSK9 và EGFa (và theo đó là LDLR). Do đó, theo một số phương án, các kháng thể mà tương tác với gốc bất kỳ trong số các gốc nêu trên hoặc tương tác với các gốc nằm trong phạm vi 5 Å của các gốc nêu trên được đề xuất để tạo ra sự ức chế hữu dụng đối với sự liên kết của PCSK9 với LDLR. Tương tự, các protein liên kết kháng nguyên mà phong bế gốc bất kỳ trong số các gốc nêu trên (mà có thể được xác định, ví dụ, thông qua thử nghiệm cạnh tranh) cũng có thể là hữu dụng trong việc ức chế sự tương tác PCSK9/LDLR.

Ví dụ 31

Tương tác giữa EGFa, PCSK9 và kháng thể

Cấu trúc của phức hợp bậc ba (PCSK9 / 31H4 / 21B12) từ ví dụ nêu trên được xếp chồng lên cấu trúc PCSK9 / EGFa (được xác định như được mô tả trong ví dụ 28) và kết quả của sự kết hợp này được thể hiện trên Fig.20A. Hình vẽ này thể hiện các vùng trên PCSK9 mà có thể được nhắm đích một cách hữu dụng để ức chế sự tương tác của PCSK9 với EGFa. Hình vẽ này thể hiện rằng cả 31H4 và 21B12 đều chồng lặp một phần với vị trí

của miền EGFa của LDLR và cản trở về mặt không gian liên kết của nó với PCSK9. Ngoài ra, như có thể thấy trong các cấu trúc này, 21B12 tương tác trực tiếp với phân nhóm các gốc axit amin mà tham gia đặc hiệu vào sự liên kết với miền LDLR EGFa.

Như nêu trên, việc phân tích cấu trúc tinh thể này nhận diện được các axit amin đặc hiệu tham gia vào sự tương tác giữa PCSK9 và các protein đối tác (các vùng lõi và vùng ranh giới của mặt phân giới trên bề mặt PCSK9) và các yêu cầu về không gian của các protein đối tác này để tương tác với PCSK9. Các cấu trúc này gợi ý các cách để ức chế sự tương tác giữa PCSK9 và LDLR. Thứ nhất, như nêu trên, việc liên kết chất với PCSK9 khi nó có chung các gốc chung với vị trí liên kết của miền EGFa của LDLR sẽ ức chế sự tương tác giữa PCSK9 và LDLR. Thứ hai, chất mà liên kết với phần bên ngoài của các gốc chung có thể cản trở về mặt không gian các vùng hoặc miền EGFa của LDLR mà là đầu tận N hoặc đầu tận C đối với miền EGFa để ngăn chặn sự tương tác giữa PCSK9 và LDLR.

Theo một số phương án, các gốc mà tham gia vào cả việc liên kết với EGFa và ở gần các vùng mà các protein liên kết kháng nguyên nêu trên liên kết là đặc biệt hữu dụng cho việc thao tác sự liên kết của PCSK9 với LDLR. Ví dụ, các gốc axit amin từ các mặt phân giới chung trong cả vùng lõi và vùng ranh giới đối với các đối tác liên kết khác nhau được liệt kê trong bảng 12 dưới đây. Các gốc axit amin hoàn toàn bị chôn vùi trong protein PCSK9 được gạch dưới.

Bảng 12

Các thông số	(Các) vị trí axit amin
31H4 / EGFa cả hai đều dưới 5 Å	D374, V380, S381
31H4 dưới 5 Å / EGFa tại 5-8 Å	D367, Q382
31H4 tại 5-8 Å / EGFa dưới 5 Å	I369, S372, C378, F379
31H4 / EGFa cả hai đều tại 5-8 Å	H229, S373
21B12 / EGFa cả hai đều dưới 5 Å	S153, R194, D238, D374, T377, F379
21B12 dưới 5 Å / EGFa tại 5-8 Å	R237, K243, S373, S376
21B12 tại 5-8 Å / EGFa dưới 5 Å	I154, A239, I369, S372, C375, C378

21B12 / EGFa cả hai đều tại 5-8 Å	H193, E195

Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên này liên kết với và/hoặc phong bế ít nhất một trong số các gốc nêu trên.

Ví dụ 32

Tương tác cấu trúc của LDLR và PCSK9

Mô hình của PCSK9 nguyên chiều dài liên kết với đại diện nguyên chiều dài của LDLR được tạo ra bằng cách sử dụng cấu trúc phức hợp PCSK9 ProCat (31-454 của SEQ ID NO: 3)/EGFa. Cấu trúc của PCSK9 nguyên chiều dài[1] (Piper, D.E. et al. The crystal structure of PCSK9: a regulator of plasma LDL-cholesterol. Structure 15, 545-52 (2007)) được xếp chồng lên PCSK9 ProCat 31-454 từ phức hợp này và cấu trúc của LDLR ở cấu dạng độ pH thấp của nó (Rudenko, G. et al. Structure of the LDL receptor extracellular domain at endosomal pH. Science 298, 2353-8 (2002)) được xếp chồng lên miền EGFa từ phức hợp này. Các mô tả về mô hình này được thể hiện trên Fig.20B và Fig.20C. Miền EGFa được thể hiện bằng khung trên hình vẽ này. Các hình vẽ này thể hiện các vùng của phần bên ngoài LDLR của miền liên kết EGFa gần nhất mà nằm gần với PCSK9. Fig.20D-Fig.20F thể hiện sự tương tác nêu trên, cùng với các đại diện bề mặt lưới của kháng thể 31H4 và 21B12 từ ba góc độ khác nhau. Như được thấy rõ từ các mô tả này, kháng thể này không chỉ có thể tương tác và/hoặc cản trở sự tương tác của LDLR với PCSK9 tại vị trí liên kết thực sự, mà các tương tác không gian khác có vẻ cũng xảy ra.

Dựa vào các kết quả nêu trên, rõ ràng là các protein liên kết kháng nguyên mà liên kết với PCSK9 cũng có thể ức chế sự tương tác giữa PCSK9 và LDLR bằng cách can thiệp vào các vùng khác nhau của LDLR (không phải chỉ là vị trí mà tại đó LDLR và PCSK9 tương tác). Ví dụ, nó có thể can thiệp vào đoạn lặp 7 (R7), miền EGFb và/hoặc miền cánh quạt β.

Các phương án của phân tử liên kết kháng nguyên liên kết với hoặc phong bế sự tương tác của EGFa với PCSK9

Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng các ví dụ 28-32, và các hình vẽ đi kèm của chúng, cung cấp phần mô tả chi tiết về việc làm thế nào và nơi mà EGFa tương tác với PCSK9 và làm thế nào mà hai protein liên kết kháng nguyên trung hòa đại diện, 21B12 và 31H4, tương tác với PCSK9 và tạo ra tác dụng trung hòa của chúng. Như vậy, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ dễ dàng có thể nhận diện các phân tử liên kết kháng nguyên mà có thể làm giảm một cách tương tự sự liên kết giữa EGFa (bao gồm LDLR) và PCSK9 bằng cách nhận diện các phân tử liên kết kháng nguyên khác mà liên kết tại hoặc gần ít nhất một trong số các vị trí giống nhau trên PCSK9. Mặc dù các vị trí (hoặc các epitop) liên quan trên PCSK9 được nhận diện trên các hình vẽ và trong bản mô tả này, nhưng cũng có thể thuận lợi nếu mô tả các vị trí này là nằm trong phạm vi khoảng cách đã được thiết đặt tính từ các gốc đã được nhận diện là gần với vị trí liên kết EGFa. Theo một số phương án, phân tử liên kết kháng nguyên sẽ liên kết với hoặc nằm trong phạm vi 30 angstrom của một hoặc nhiều gốc trong số các gốc sau đây (đánh số dựa vào SEQ ID NO: 3): S153, I154, P155, R194, D238, A239, I369, S372, D374, C375, T377, C378, F379, V380, S381, W156, N157, L158, E159, H193, E195, H229, R237, G240, K243, D367, I368, G370, A371, S373, S376, Q382, W72, F150, A151, Q152, T214, R215, F216, H217, A220, S221, K222, S225, H226, C255, Q256, G257, K258, N317, F318, T347, L348, G349, T350, L351, E366, D367, D374, V380, S381, Q382, S383, G384, K69, D70, P71, S148, V149, D186, T187, E211, D212, G213, R218, Q219, C223, D224, G227, H229, L253, N254, G259, P288, A290, G291, G316, R319, Y325, V346, G352, T353, G365, I368, I369, S372, S373, C378, F379, T385, S386, Q387, S153, S188, I189, Q190, S191, D192, R194, E197, G198, R199, V200, D224, R237, D238, K243, S373, D374, S376, T377, F379, I154, T187, H193, E195, I196, M201, V202, C223, T228, S235, G236, A239, G244, M247, I369, S372, C375 hoặc C378. Theo một số phương án, phân tử liên kết kháng nguyên này liên kết trong phạm vi 30 angstrom của một hoặc nhiều gốc trong số các gốc sau đây (đánh số dựa vào SEQ ID NO: 3): S153, I154, P155, R194, D238, A239, I369, S372, D374, C375,

T377, C378, F379, V380, S381, W156, N157, L158, E159, H193, E195, H229, R237, G240, K243, D367, I368, G370, A371, S373, S376 hoặc Q382. Theo một số phương án, phân tử liên kết kháng nguyên này liên kết trong phạm vi 30 angstrom của một hoặc nhiều gốc trong số các gốc sau đây (đánh số dựa vào SEQ ID NO: 3): W72, F150, A151, Q152, T214, R215, F216, H217, A220, S221, K222, S225, H226, C255, Q256, G257, K258, N317, F318, T347, L348, G349, T350, L351, E366, D367, D374, V380, S381, Q382, S383, G384, K69, D70, P71, S148, V149, D186, T187, E211, D212, G213, R218, Q219, C223, D224, G227, H229, L253, N254, G259, P288, A290, G291, G316, R319, Y325, V346, G352, T353, G365, I368, I369, S372, S373, C378, F379, T385, S386 hoặc Q387. Theo một số phương án, phân tử liên kết kháng nguyên này liên kết trong phạm vi 30 angstrom của một hoặc nhiều gốc trong số các gốc sau đây (đánh số dựa vào SEQ ID NO: 3): S153, S188, I189, Q190, S191, D192, R194, E197, G198, R199, V200, D224, R237, D238, K243, S373, D374, S376, T377, F379, I154, T187, H193, E195, I196, M201, V202, C223, T228, S235, G236, A239, G244, M247, I369, S372, C375 hoặc C378.

Theo một số phương án, phân tử liên kết kháng nguyên này liên kết trong phạm vi 30, 30-25, 25-20, 20-15, 15-8, 8, 8-5, 5, 5-4, 4 angstrom hoặc nhỏ hơn tính từ một hoặc nhiều gốc trong số các gốc nêu trên. Theo một số phương án, phân tử liên kết kháng nguyên, khi liên kết với PCSK9, nằm trong ít nhất một phạm vi khoảng cách trong số các khoảng cách nêu trên, đối với nhiều hơn một trong số các gốc nêu trên. Ví dụ, theo một số phương án, phân tử liên kết kháng nguyên này nằm trong một trong số phạm vi khoảng cách trong số các khoảng cách nêu trên (ví dụ, 30, 30-25, 25-20, 20-15, 15-8, 8, 8-5, 5, 5-4, 4 hoặc nhỏ hơn) đối với ít nhất 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 20-25, 25-30, 30-35, 35-40, 40-45, 45-50, 50-55, 55-60, 60-65, 65-70, 70-75 gốc hoặc hơn trong số các gốc nêu trên. Theo một số phương án, phân tử liên kết kháng nguyên này nằm trong một trong số phạm vi khoảng cách trong số các khoảng cách nêu trên đối với ít nhất 1-10, 10-20, 20-30, 30-40, 40-50, 50-60, 60-70, 70-80, 80-90, 90-95, 95-99, 99-100% của các gốc được nhận diện trong mỗi nhóm hoặc phân nhóm của chúng (như chỉ các gốc bề mặt trong nhóm này). Trừ khi có quy định khác, khoảng cách giữa phân tử liên kết kháng nguyên và PCSK9 là khoảng cách ngắn nhất giữa nguyên tử liên

kết cộng hóa trị trên PCSK9 và nguyên tử liên kết cộng hóa trị của phân tử liên kết kháng nguyên mà là các nguyên tử gần nhất của PCSK9 và phân tử liên kết kháng nguyên. Tương tự, trừ khi có quy định khác, khoảng cách giữa một gốc (trên phân tử liên kết kháng nguyên hoặc PCSK9) và protein khác (PCSK9 hoặc phân tử liên kết kháng nguyên, một cách tương ứng), là khoảng cách từ điểm gần nhất trên gốc đã được nhận diện đến phần liên kết cộng hoá trị gần nhất của protein còn lại. Theo một số phương án, khoảng cách có thể được đo từ khung chính của các chuỗi axit amin. Theo một số phương án, khoảng cách có thể được đo giữa lề biên của paratop và lề biên (gần nhất với nhau) của epitop. Theo một số phương án, khoảng cách có thể được đo giữa tâm bề mặt của paratop và tâm bề mặt của epitop. Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng bản mô tả này có thể ứng dụng được cho mỗi trong số các tập hợp gốc riêng lẻ được liệt kê trong bản mô tả này. Ví dụ, các khoảng giá trị nêu trên được đề xuất một cách tổng quát và cụ thể cho các gốc nằm trong phạm vi 8 angstrom được liệt kê trong các ví dụ 28-32 và các gốc nằm trong phạm vi 5 angstrom được liệt kê trong các ví dụ 28-32.

Theo một số phương án, phân tử liên kết kháng nguyên liên kết với bề mặt trên PCSK9 mà liên kết với ít nhất một trong số EGFa, 21B12 hoặc 31H4. Theo một số phương án, phân tử liên kết kháng nguyên này liên kết với PCSK9 tại vị trí chồng lặp với các vị trí tương tác giữa PCSK9 và EFGa, Ab 31H4 và/hoặc Ab 21B12 (như được mô tả trong các ví dụ và trên các hình vẽ nêu trên). Theo một số phương án, phân tử liên kết kháng nguyên này liên kết với PCSK9 tại vị trí xa hơn nữa tính từ một trong số các gốc nêu trên. Theo một số phương án, phân tử liên kết kháng nguyên này có thể vẫn là phân tử liên kết kháng nguyên trung hòa hữu hiệu.

Theo một số phương án, cấu trúc của miền xúc tác của PCSK9 có thể được mô tả là thường có hình tam giác (như được thể hiện trên Fig.19A). Mặt thứ nhất của tam giác này được thể hiện là liên kết với 31H4. Mặt thứ hai của tam giác này được thể hiện là liên kết với 21B12, và mặt thứ ba của tam giác này được bố trí về phía cuối của trang này, ngay phía trên ký hiệu “Fig.19A”. Theo một số phương án, các phân tử liên kết kháng nguyên mà liên kết với mặt thứ nhất và/hoặc mặt thứ hai của miền xúc tác của PCSK9 có thể là hữu dụng làm kháng thể trung hòa vì chúng có thể cản trở trực tiếp hoặc cản trở về

mặt không gian sự liên kết của EGFa với PCSK9. Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng khi các phân tử liên kết kháng nguyên đủ lớn, như kháng thể đầy đủ, thì phân tử liên kết kháng nguyên này không cần phải liên kết trực tiếp với vị trí liên kết EGFa để có thể cản trở sự liên kết của EGFa với PCSK9.

Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng cho dù miền EGFa của LDLR được sử dụng trong nhiều ví dụ, các mô hình và các cấu trúc này vẫn có thể ứng dụng được cho việc protein LDLR nguyên chiều dài sẽ tương tác với PCSK9 như thế nào. Trên thực tế, cấu trúc bổ sung có mặt trên protein LDLR nguyên chiều dài thể hiện không gian protein bổ sung mà có thể được tiếp tục phong bế bởi một trong số các phân tử liên kết kháng nguyên. Như vậy, nếu phân tử liên kết kháng nguyên này phong bế hoặc ức chế sự liên kết của EGFa với PCSK9, thì nó sẽ có thể có tác dụng ít nhất là bằng, nếu không phải là nhiều hơn, với protein LDLR nguyên chiều dài. Tương tự, các phân tử liên kết kháng nguyên mà nằm trong phạm vi khoảng cách đã được thiết đặt hoặc phong bế các gốc khác nhau có liên quan về việc ức chế liên kết EGFa, cũng sẽ có thể có tác dụng ít nhất là bằng, nếu không phải là nhiều hơn, đối với LDLR nguyên chiều dài.

Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng phân tử bất kỳ mà phong bế hoặc liên kết với các gốc PCSK9 nêu trên (hoặc trong các phạm vi khoảng cách được nêu), hoặc ức chế một hoặc nhiều tương tác trong số các tương tác nêu trong các ví dụ và trên các hình vẽ nêu trên, có thể được sử dụng để ức chế sự tương tác của EGFa (hoặc LDLR nói chung) và PCSK9. Như vậy, phân tử này không nhất thiết là chỉ giới hạn ở "protein" kháng nguyên liên kết, vì phân tử liên kết kháng nguyên bất kỳ cũng có thể thỏa mãn mục đích được yêu cầu này. Các ví dụ về phân tử liên kết kháng nguyên bao gồm aptame, mà có thể là phân tử axit oligonucleic hoặc phân tử peptit. Các ví dụ khác về phân tử liên kết kháng nguyên bao gồm avime, kháng thể peptit, phân tử nhỏ và polyme, và các dạng cải biến của EGFa mà có thể làm tăng ái lực của nó với PCSK9 và/hoặc thời gian bán hủy, như đột biến của axit amin, đột biến glycosyl hóa, đột biến pegyl hóa, thể dung hợp Fc và thể dung hợp avime. Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng theo một số phương án, LDLR không phải là phân tử liên kết kháng nguyên. Theo một số phương án, các tiểu phần liên kết của LDLR không phải là các phân tử liên kết

kháng nguyên, ví dụ, EGFa. Theo một số phương án, các phân tử khác mà PCSK9 truyền tín hiệu in vivo qua đó không phải là các phân tử liên kết kháng nguyên. Các phương án này sẽ được xác định rõ ràng như vậy.

Ví dụ 33

Biểu hiện và tinh chế các mẫu protein

Ví dụ này mô tả một số phương án đối với việc các phương án khác nhau của các protein PCSK9/biến thể được tạo ra và được tinh chế (bao gồm miền LDLR EGFa) như thế nào. Các protein PCSK9/biến thể (ví dụ, PSCK9 31-692 N533A, PCSK9 449TEV và PCSK9 ProCat 31-454) được biểu hiện ở các tế bào côn trùng Hi-5 được gây nhiễm baculovirut có peptit tín hiệu melittin ong mật đầu tận N, theo sau là thẻ gắn His_6. Các protein PCSK9 được tinh chế bằng phương pháp sắc ký ái lực niken, sắc ký trao đổi ion và sắc ký loại theo kích thước. Melittin-thẻ gắn His_6 được loại bỏ trong quá trình tinh chế bằng cách phân cắt bằng TEV proteaza. Cấu trúc PCSK9 449TEV được sử dụng để tạo ra các mẫu miền PCSK9 ProCat (31-449) và miền V (450-692). Cấu trúc này có vị trí phân cắt TEV proteaza được cài xen giữa các gốc PCSK9 449 và 450. Đối với biến thể N555A nguyên chiều dài dùng cho tinh thể học, mảnh PCSK9 31-454 và biến thể PCSK9 449TEV dùng cho tinh thể học, sản phẩm protein sau rTEV còn chứa trình tự GAMG ban đầu. Do đó, sau khi phân cắt bằng rTEV, các protein này là GAMG-PCSK9. Ngoài ra, protein PCSK9 449TEV còn chứa trình tự "ENLYFQ" (SEQ ID NO: 403) được cài xen giữa các vị trí H449 và G450 của SEQ ID NO: 3. Sau khi phân cắt bằng rTEV, protein PCSK9 ProCat được tạo ra từ cấu trúc này là GAMG-PCSK9 (31-449)-ENLYFQ và miền V được tạo ra từ cấu trúc này là PCSK9 (450-692) của SEQ ID NO: 3.

Các mảnh Fab của 21B12 và 31H4 được biểu hiện ở *E. coli*. Các protein này được tinh chế bằng phương pháp sắc ký ái lực niken, sắc ký loại theo kích thước và sắc ký trao đổi ion.

Miền LDLR EGFa (293-334) được biểu hiện dưới dạng protein dung hợp GST ở *E. coli*. Miền EGFa được tinh chế bằng phương pháp sắc ký trao đổi ion, sắc ký ái lực

glutathion sepharoza và sắc ký loại theo kích thước. Protein GST được loại bỏ trong quá trình tinh chế bằng cách phân cắt bằng PreScission proteaza.

Ví dụ 34

Tạo phức hợp và kết tinh

Ví dụ này mô tả việc các phức hợp và các tinh thể được sử dụng trong các ví dụ kiểm tra cấu trúc nêu trên được tạo ra như thế nào.

Phức hợp PCSK9 31-692 N533A / 31H4 được tạo ra bằng cách trộn lượng dư 1,5 mol của 31H4 Fab với PCSK9. Phức hợp này được tinh chế bằng phương pháp sắc ký loại theo kích thước để loại bỏ 31H4 Fab dư thừa. Phức hợp PCSK9 31-692 N533A / 31H4 kết tinh trong Tris 0,1 M pH=8,3, natri axetat 0,2 M, PEG 4000 15%, muối dextran sulfat natri 6% (Mr 5000).

Phức hợp PCSK9 ProCat 31-449 / 31H4 / 21B12 được tạo ra bằng cách trước tiên trộn lượng dư 1,5 mol của 31H4 Fab với PCSK9 31-449. Phức hợp này được tách ra khỏi 31H4 dư thừa bằng cách tinh chế trên cột sắc ký loại theo kích thước. Lượng dư 1,5 mol của 21B12 Fab sau đó được bổ sung vào phức hợp PCSK9 31-449 / 31H4. Phức hợp bậc ba này được tách ra khỏi 21B12 dư thừa bằng cách tinh chế trên cột sắc ký loại theo kích thước. Phức hợp PCSK9 ProCat 31-449 / 31H4 / 21B12 kết tinh trong Tris 0,1 M pH=8,5, amoni phosphat monoaxit 0,2 M, MPD 50%.

Phức hợp PCSK9 ProCat 31-454 / EGFa được tạo ra bằng cách trộn lượng dư 1,2 mol của miền EGFa với PCSK9 31-454. Phức hợp PCSK9 ProCat 31-454 / miền EGFa kết tinh trong kali format 0,2 M, PEG 3350 20%.

Ví dụ 35

Thu thập dữ liệu và xác định cấu trúc

Ví dụ này mô tả việc các tập dữ liệu được thu thập và các cấu trúc được xác định cho các ví dụ kiểm tra cấu trúc nêu trên như thế nào.

Các tập dữ liệu ban đầu đối với các tinh thể PCSK9 31-692 N533A / 31H4 và PCSK9 ProCat 31-449 / 31H4 / 21B12 được thu thập trên nguồn tia X Rigaku FR-E. Tập dữ liệu PCSK9 ProCat 31-454 / EGFa và các tập dữ liệu độ phân giải cao hơn đối với các tinh thể PCSK9 31-692 N533A / 31H4 và PCSK9 ProCat 31-449 / 31H4 / 21B12 được thu thập tại Berkeley Advanced Light Source Beamline 5.0.2. Tất cả các tập dữ liệu đều được xử lý bằng denzo/scalepack hoặc HKL2000 (Otwinowski, Z., Borek, D., Majewski, W. & Minor, W. Multiparametric scaling of diffraction intensities. Acta Crystallogr A 59, 228-34 (2003)).

Các tinh thể PCSK9 / 31H4 phát triển trong nhóm không gian C2 với các kích thước ô đơn vị a=264,9, b=137,4, c=69,9 Å, β=102,8° và nhiễu xạ đến độ phân giải 2,3 Å. Cấu trúc PCSK9 / 31H4 được phân giải bằng cách thay thế phân tử bằng chương trình MOLREP (The CCP4 suite: programs for protein crystallography. Acta Crystallogr D Biol Crystallogr 50, 760-3 (1994) bằng cách sử dụng cấu trúc PCSK9 (Piper, D.E. et al. The crystal structure of PCSK9: a regulator of plasma LDL-cholesterol. Structure 15, 545-52 (2007)) làm mô hình tìm kiếm bắt đầu. Với việc giữ cố định dung dịch PCSK9 31-692, miền biến đổi kháng thể được sử dụng làm mô hình tìm kiếm. Với việc giữ cố định dung dịch PCSK9 31-692 / miền biến đổi kháng thể, miền cố định kháng thể được sử dụng làm mô hình tìm kiếm. Cấu trúc hoàn chỉnh được cải thiện bằng nhiều vòng xây dựng mô hình bằng Quanta và tinh chỉnh bằng cnx. (Brunger, A.T. et al. Crystallography & NMR system: A new software suite for macromolecular structure determination. Acta Crystallogr D Biol Crystallogr 54, 905-21 (1998)).

Các tinh thể PCSK9 / 31H4 / 21B12 phát triển trong nhóm không gian $P2_12_12$ với các kích thước ô đơn vị a=138,7, b=246,2, c=51,3 Å và nhiễu xạ đến độ phân giải 2,8 Å. Cấu trúc PCSK9 / 31H4 / 21B12 được phân giải bằng cách thay thế phân tử bằng chương trình MOLREP bằng cách sử dụng PCSK9 ProCat / miền biến đổi 31H4 làm mô hình tìm kiếm bắt đầu. Với việc giữ cố định PCSK9 ProCat / miền biến đổi 31H4, việc tìm kiếm miền cố định kháng thể được thực hiện. Với việc giữ cố định PCSK9 ProCat / miền cố định 31H4 / 21B12, miền biến đổi kháng thể được sử dụng làm mô hình tìm kiếm. Cấu

trúc hoàn chỉnh được cải thiện bằng nhiều vòng xây dựng mô hình bằng Quanta và tinh chỉnh bằng cnx.

Các tinh thể PCSK9 / miền EGFa phát triển trong nhóm không gian $P6_522$ với các kích thước ô đơn vị a=b=70,6, c=321,8 Å và nhiễu xạ đến độ phân giải 2,9 Å. Cấu trúc PCSK9 / miền EGFa được phân giải bằng cách thay thế phân tử bằng chương trình MOLREP bằng cách sử dụng PCSK9 ProCat làm mô hình tìm kiếm bắt đầu. Việc phân tích các bản đồ mật độ electron thể hiện mật độ electron rõ ràng đối với miền EGFa. Miền LDLR EGFa được làm khớp bằng tay và mô hình này được cải thiện bằng nhiều vòng xây dựng mô hình bằng Quanta và tinh chỉnh bằng cnx.

Các axit amin lõi của mặt phân giới tương tác được xác định là tất cả các gốc axit amin có ít nhất một nguyên tử nhỏ hơn hoặc bằng 5 Å tính từ protein đối tác PCSK9. 5 Å được chọn làm khoảng cách ngắt vùng lõi để cho phép các nguyên tử nằm trong bán kính van der Waals cộng với liên kết hydro được điều tiết bởi nước có thể có. Các axit amin ranh giới của mặt phân giới tương tác được xác định là tất cả các gốc axit amin có ít nhất một nguyên tử nhỏ hơn hoặc bằng 8 Å tính từ protein đối tác PCSK9 nhưng không được bao gồm trong danh sách tương tác lõi. Nhỏ hơn hoặc bằng 8 Å được chọn làm khoảng cách ngắt vùng ranh giới để cho phép có được độ dài của axit amin arginin mở rộng. Các axit amin mà đáp ứng các tiêu chí khoảng cách này được tính toán bằng chương trình PyMOL. (DeLano, W.L. The PyMOL Molecular Graphics System. (Palo Alto, 2002)).

Ví dụ 36

Cấu trúc tinh thể của PCSK9 và 31A4

Cấu trúc tinh thể của phức hợp 31A4/PCSK9 được xác định.

Biểu hiện và tinh chế các mẫu protein

PCSK9 449TEV (cấu trúc PCSK9 có vị trí phân cắt TEV proteaza được cài xen giữa gốc 449 và 450, đánh số theo SEQ ID NO: 3) được biểu hiện ở các tế bào côn trùng Hi-5 được gây nhiễm baculovirut có peptit tín hiệu melittin ong mật đầu tận N, theo sau là

thẻ gắn His_6. Protein PCSK9 được tinh chế trước tiên bằng phương pháp sắc ký ái lực niken. TEV proteaza được sử dụng để loại bỏ melittin-thẻ gắn His_6 và phân cắt protein PCSK9 giữa miền xúc tác và miền V. Miền V được tinh chế tiếp bằng phương pháp sắc ký trao đổi ion và sắc ký loại theo kích thước. Mảnh 31A4 Fab được biểu hiện ở *E. coli*. Protein này được tinh chế bằng phương pháp sắc ký ái lực niken, sắc ký loại theo kích thước và sắc ký trao đổi ion.

Tạo phức hợp và kết tinh

Phức hợp miền PCSK9 V / 31A4 được tạo ra bằng cách trộn lượng dư 1,5 mol của miền PCSK9 V với 31A4 Fab. Phức hợp này được tách ra khỏi miền PCSK9 V dư thừa bằng cách tinh chế trên cột sắc ký loại theo kích thước. Phức hợp miền PCSK9 V / 31A4 kết tinh trong axit suxinic 1,1 M pH=7, PEG MME 2000 2%.

Thu thập dữ liệu và xác định cấu trúc

Tập dữ liệu đối với tinh thể miền PCSK9 V / 31A4 được thu lại trên nguồn tia X Rigaku FR-E và được xử lý bằng denzo/scalepack (Otwinowski, Z., Borek, D., Majewski, W. & Minor, W. Multiparametric scaling of diffraction intensities. Acta Crystallogr A 59, 228-34 (2003)).

Các tinh thể miền PCSK9 V / 31A4 phát triển trong nhóm không gian $P2_12_12_1$ với các kích thước ô đơn vị a=74,6, b=131,1, c=197,9 Å với hai phân tử phức hợp trong mỗi đơn vị không đối xứng, và nhiễu xạ đến độ phân giải là 2,2 Å. Cấu trúc miền PCSK9 V / 31A4 được phân giải bằng cách thay thế phân tử bằng chương trình MOLREP (CCP4. The CCP4 suite: programs for protein crystallography. Acta Crystallogr D Biol Crystallogr 50, 760-3 (1994)) bằng cách sử dụng cấu trúc miền V của PCSK9 (Piper, D.E. et al. The crystal structure of PCSK9: a regulator of plasma LDL-cholesterol. Structure 15, 545-52 (2007)) làm mô hình tìm kiếm bắt đầu. Với việc giữ cố định dung dịch PCSK9 450-692, miền biến đổi kháng thể được sử dụng làm mô hình tìm kiếm. Sau lần tinh chỉnh ban đầu, các miền cố định kháng thể được làm khớp bằng tay. Cấu trúc hoàn chỉnh được cải thiện bằng nhiều vòng xây dựng mô hình bằng Quanta và tinh chỉnh bằng cnx

(Brunger, A.T. et al. Crystallography & NMR system: A new software suite for macromolecular structure determination. Acta Crystallogr D Biol Crystallogr 54, 905-21 (1998)).

Các axit amin lõi của mặt phân giới tương tác được xác định là tất cả các gốc axit amin có ít nhất một nguyên tử nhỏ hơn hoặc bằng 5 Å tính từ protein đối tác PCSK9. 5 Å được chọn làm khoảng cách ngắt vùng lõi để cho phép các nguyên tử nằm trong bán kính van der Waals cộng với liên kết hydro được điều tiết bởi nước có thể có. Các axit amin ranh giới của mặt phân giới tương tác được xác định là tất cả các gốc axit amin có ít nhất một nguyên tử nhỏ hơn hoặc bằng 8 Å tính từ protein đối tác PCSK9 nhưng không được bao gồm trong danh sách tương tác lõi. Nhỏ hơn hoặc bằng 8 Å được chọn làm khoảng cách ngắt vùng ranh giới để cho phép có được độ dài của axit amin arginin mở rộng. Các axit amin mà đáp ứng các tiêu chí khoảng cách này được tính toán bằng chương trình PyMOL (DeLano, W.L. The PyMOL Molecular Graphics System. (Palo Alto, 2002)). Các khoảng cách được tính toán bằng cách sử dụng phức hợp miền V "A" và 31A4 "L1,H1".

Cấu trúc tinh thể của miền PCSK9 V liên kết với mảnh Fab của 31A4 được xác định ở độ phân giải là 2,2 Å. Các mô tả về cấu trúc tinh thể này được trình bày trên Fig.21A-Fig.21D. Fig.21A-Fig.21C thể hiện rằng 31A4 Fab liên kết với miền PCSK9 V trong vùng của các phân miền 1 và 2.

Mô hình của PCSK9 nguyên chiều dài liên kết với 31A4 Fab được tạo ra. Cấu trúc của PCSK9 nguyên chiều dài được xếp chồng lên miền PCSK9 V từ phức hợp này. Hình vẽ về mô hình này được thể hiện trên Fig.21D. Vị trí tương tác giữa miền EGFa của LDLR và PCSK9 được nêu bật.

Việc phân tích cấu trúc này cho thấy nơi mà kháng thể này tương tác với PCSK9 và chứng tỏ rằng các kháng thể mà không liên kết với bề mặt liên kết LDLR của PCSK9 có thể vẫn ức chế sự phân hủy LDLR được điều tiết thông qua PCSK9 (khi các kết quả này được xem xét kết hợp với ví dụ 40 và 41 dưới đây). Ngoài ra, việc phân tích cấu trúc tinh thể này cho phép xác định các axit amin đặc hiệu tham gia vào sự tương tác giữa

PCSK9 và kháng thể 31A4. Ngoài ra, các vùng lõi và vùng ranh giới của mặt phân giới trên bề mặt PCSK9 cũng được xác định. Các gốc axit amin PCSK9 lõi đặc hiệu của mặt phân giới tương tác với 31A4 được xác định là các gốc PCSK9 nằm trong phạm vi 5 Å của protein 31A4. Các gốc lõi này là T468, R469, M470, A471, T472, R496, R499, E501, A502, Q503, R510, H512, F515, P540, P541, A542, E543, H565, W566, E567, V568, E569, R592 và E593. Các gốc axit amin PCSK9 ranh giới của mặt phân giới tương tác với 31A4 được xác định là các gốc PCSK9 nằm trong phạm vi 5-8 Å tính từ protein 31A4. Các gốc ranh giới này là như sau: S465, G466, P467, A473, I474, R476, G497, E498, M500, G504, K506, L507, V508, A511, N513, A514, G516, V536, T538, A539, A544, T548, D570, L571, H591, A594, S595 và H597. Các gốc axit amin gần như hoặc hoàn toàn bị chôn vùi trong protein PCSK9 được nêu bật bằng cách gạch dưới. Như đã nêu trong bản mô tả này, việc đánh số tham chiếu đến các vị trí axit amin của SEQ ID NO: 3 (được hiệu chỉnh như đã nêu trong bản mô tả này).

Các gốc axit amin 31A4 lõi đặc hiệu của mặt phân giới tương tác với PCSK9 được xác định là các gốc 31A4 nằm trong phạm vi 5 Å của protein PCSK9. Các gốc lõi đối với kháng thể 31A4 là như sau: chuỗi nặng: G27, S28, F29, S30, A31, Y32, Y33, E50, N52, H53, R56, D58, K76, G98, Q99, L100 và V101; chuỗi nhẹ: S31, N32, T33, Y50, S51, N52, N53, Q54, W92 và D94. Các gốc axit amin 31A4 ranh giới của mặt phân giới tương tác với PCSK9 được xác định là các gốc 31A4 nằm trong phạm vi 5-8 Å tính từ protein PCSK9. Các gốc ranh giới đối với 31A4 là như sau: chuỗi nặng: V2, G26, W34, N35, W47, I51, S54, T57, Y59, A96, R97, P102, F103 và D104; chuỗi nhẹ: S26, S27, N28, G30, V34, N35, R55, P56, K67, V91, D93, S95, N97, G98 và W99.

Cấu trúc tinh thể này cũng thể hiện các yêu cầu về không gian của ABP này trong tương tác của nó với PCSK9. Như được thể hiện trong cấu trúc này, bất ngờ là, các kháng thể mà liên kết với PCSK9 mà không ngăn chặn trực tiếp sự tương tác của PCSK9 với LDLR có thể vẫn ức chế chức năng của PCSK9.

Theo một số phương án, protein liên kết kháng nguyên bất kỳ mà liên kết với, bao phủ hoặc ngăn chặn không cho 31A4 tương tác với gốc bất kỳ trong số các gốc nêu trên

có thể được sử dụng để liên kết với hoặc làm trung hòa PCSK9. Theo một số phương án, ABP này liên kết với hoặc tương tác với ít nhất một trong số các gốc PCSK9 (SEQ ID NO: 3) sau: T468, R469, M470, A471, T472, R496, R499, E501, A502, Q503, R510, H512, F515, P540, P541, A542, E543, H565, W566, E567, V568, E569, R592 và E593. Theo một số phương án, ABP này nằm trong phạm vi 5 angstrom của một hoặc nhiều gốc trong số các gốc nêu trên. Theo một số phương án, ABP liên kết với hoặc tương tác với ít nhất một hoặc nhiều gốc PCSK9 (SEQ ID NO: 3) sau: S465, G466, P467, A473, I474, R476, G497, E498, M500, G504, K506, L507, V508, A511, N513, A514, G516, V536, T538, A539, A544, T548, D570, L571, H591, A594, S595 và H597. Theo một số phương án, ABP này nằm trong phạm vi 5-8 angstrom tính từ một hoặc nhiều gốc trong số các gốc nêu trên. Theo một số phương án, ABP này tương tác, phong bế hoặc nằm trong phạm vi 8 angstrom của 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 20, 25, 30, 35, 40, 45 hoặc 50 gốc trong số các gốc nêu trên.

Các tọa độ đối với các cấu trúc tinh thể nêu trong các ví dụ nêu trên được trình bày trong bảng 35.1 (PCSK9 nguyên chiều dài và 31H4), bảng 35.2 (PCSK9 và EGFa), bảng 35.3 (PCSK9, 31H4, và 21B12) và bảng 35.4 (PCSK9 và 31A4). Các protein liên kết kháng nguyên và các phân tử mà tương tác với các vùng hoặc các gốc liên quan của cấu trúc của PCSK9 (bao gồm các vùng hoặc các gốc nằm trong phạm vi 15, 15-8, 8, 8-5, 5 angstrom hoặc nhỏ hơn tính từ nơi mà EGFa, hoặc các kháng thể, tương tác với PCSK9) được thể hiện trên các hình vẽ và/hoặc các vị trí tương ứng của chúng trên các cấu trúc từ các tọa độ cũng được đề xuất.

Các kháng thể được mô tả trong các tọa độ được tạo ra trong E. *coli* và do đó có một số khác biệt nhỏ về axit amin so với các kháng thể đầy đủ của người. Gốc thứ nhất trong vùng biến đổi là axit glutamic thay vì glutamin đối với chuỗi nặng và chuỗi nhẹ của 21B12 và đối với chuỗi nhẹ của 31H4. Ngoài các khác biệt về trình tự của vùng biến đổi, cũng có một số khác biệt về vùng cố định của các kháng thể được mô tả bằng các tọa độ này (cũng do thực tế là kháng thể này được tạo ra trong *E. coli*). Fig.22 nêu bật (bằng cách đánh bóng gạch dưới hoặc bôi đậm) các khác biệt giữa các vùng cố định của các 21B12, 31H4 và 31A4 Fab (được tạo ra trong *E. coli*) so với các SEQ ID NO: 156 và 155.

Đối với 21B12 31H4 và 31A4, trình tự cố định chuỗi nhẹ là tương tự với lambda của người (SEQ ID NO: 156). Gốc glyxin được gạch dưới là đột biến cài xen giữa nơi mà các trình tự biến đổi 21B12 và 31H4 kết thúc và trình tự lambda bắt đầu.

Đối với cả 21B12 và 31H4, trình tự cố định chuỗi nặng là tương tự với IgG4 của người (SEQ ID NO: 155). Các khác biệt được nêu bật trên Fig.22 được thể hiện trong bảng 36.1:

Bảng 36.1

Tinh thể SEQ ID NO: 155	
S	C
K	R
G	E
G	S
Q	K
I	T
N	D
K	R
P	S

Liên quan đến 31A4, trong khi nó cũng có các khác biệt giống như nêu trên, nó còn có ba khác biệt bổ sung. Như được thể hiện trên Fig.22, có hai axit amin bổ sung tại vị trí bắt đầu, xuất phát từ việc xử lý không hoàn toàn peptit tín hiệu trong quá trình biểu hiện ở *E. coli*. Ngoài ra, có một đột biến thế bổ sung trong vùng cố định chuỗi nặng 31A4 so với SEQ ID NO: 155, là đột biến điều chỉnh L (trong SEQ ID NO: 155) thành H. Cuối cùng, 31A4 có glutamin với vai trò là axit amin ban đầu của Fab, thay vì đột biến điều chỉnh thành axit glutamic nêu trên đối với 21B12 và 31H4.

Đối với cả ba kháng thể này, phần cuối của chuỗi nặng (được đóng khung trong màu xám đậm) cũng khác biệt, nhưng các axit amin này không được sắp đặt trong cấu trúc, nên chúng không xuất hiện trong các tọa độ này. Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng các thẻ gắn his không phải là một phần cần thiết của ABP và không nên được xem là một phần của trình tự ABP, trừ khi được gọi ra một cách rõ ràng bằng cách viện dẫn đến SEQ ID NO cụ thể là bao gồm thẻ gắn histidin và tuyên bố là trình tự ABP "bao gồm thẻ gắn histidin".

Ví dụ 37

Lập bản đồ epitop - Phân khoảng

Tập hợp thí nghiệm phân khoảng thay thế được tiến hành ngoài tập hợp nêu trong ví dụ 10. Như nêu trong ví dụ 10, các ABP mà cạnh tranh với nhau có thể được cho là liên kết với cùng một vị trí trên đích và theo cách nói thông thường được gọi là "phân khoảng" cùng nhau.

Dạng cải biên của phương pháp phân khoảng đa thành phần (Multiplexed Binning) được mô tả bởi Jia, et al (J. Immunological Methods, 288 (2004) 91-98) được sử dụng. Các mã hạt riêng lẻ của các hạt Luminex được phủ bằng streptavidin được ủ trong 100 uL kháng thể bắt giữ kháng IgG của người ở chuột hóa trị một đã được biotinyl hóa 0,5 ug/mL (BD Pharmingen, #555785) trong 1 giờ ở nhiệt độ trong phòng trong bóng tối, sau đó được rửa 3 lần bằng PBSA, nước muối đệm phosphat (PBS) cộng với albumin huyết thanh bò (BSA) 1%. Mỗi mã hạt được ủ một cách riêng biệt với 100 uL kháng thể kháng PCSK9 (kháng thể phủ) 2 ug/mL trong 1 giờ, sau đó được rửa 3 lần bằng PBSA. Các hạt được gom lại, sau đó được phân phối vào đĩa lọc loại 96 lỗ (Millipore, #MSBVN1250). 100 uL protein PCSK9 đã được tinh chế 2 ug/mL được bổ sung vào một nửa số lỗ. Đệm được bổ sung vào nửa còn lại làm đối chứng. Phản ứng này được ủ trong 1 giờ, sau đó được rửa. 100 uL kháng thể kháng PCSK9 (Ab phát hiện) 2 ug/mL được bổ sung vào tất cả các lỗ, được ủ trong 1 giờ, sau đó được rửa. IgG của người không liên quan (Jackson, #009-000-003) được chạy làm đối chứng khác. 20 uL kháng thể kháng IgG của người ở chuột hóa trị một đã được cộng hợp PE (BD Pharmingen, #555787) được bổ sung vào mỗi lỗ và được ủ trong 1 giờ, sau đó được rửa. Các hạt được tái tạo huyền phù trong 100 uL PBSA và tối thiểu là 100 sự kiện/mã hạt được thu thập trên thiết bị BioPlex (BioRad).

Cường độ huỳnh quang trung vị (MFI: Median Fluorescent Intensity) của cặp kháng thể không có PCSK9 được trừ ra khỏi tín hiệu của phản ứng tương đương chứa PCSK9. Đối với cặp kháng thể được xem là liên kết đồng thời, và do đó ở trong các phân khoảng khác, tín hiệu được trừ ra cần phải lớn hơn 3 lần tín hiệu của kháng thể cạnh tranh với chính nó và 3 lần tín hiệu của kháng thể cạnh tranh với kháng thể không liên quan.

Các dữ liệu từ thí nghiệm nêu trên được thể hiện trên Fig.23A-Fig.23D. Các ABP rơi vào năm phân khoảng. Các khung được đánh bóng thể hiện các ABP mà có thể liên kết đồng thời với PCSK9. Các khung không được đánh bóng thể hiện các ABP mà cạnh tranh với nhau để liên kết. Tổng hợp các kết quả này được thể hiện trong bảng 37.1.

Bảng 37.1.

P. khoảng 1	P. khoảng 2	P. khoảng 3	P. khoảng 4	P. khoảng 5
01A12.2	27B2.1	16F12.1	11G1.5	30A4.1
03B6.1	27B2.5	22E2.1	03C4.1	13B5.1
09C9.1	12H11.1	27A6.1		13H1.1
17C2.1		28B12.1		31A4.1
21B12.2		28D6.1		31B12.1
23G1.1		31G11.1		
25G4.1		31H4.1		
26E10.1		08A1.2		
11H4.1		08A3.1		
11H8.1		11F1.1		
19H9.2				
26H5.1				
27E7.1				
27H5.1				
30B9.1				
02B5.1				
23B5.1				
27B2.6				
09H6.1				

Phân khoảng 1 (cạnh tranh với ABP 21B12) và phân khoảng 3 (cạnh tranh với 31H4) là dành riêng cho nhau; phân khoảng 2 cạnh tranh với phân khoảng 1 và phân khoảng 3; và phân khoảng 4 không cạnh tranh với phân khoảng 1 và phân khoảng 3. Phân khoảng 5, trong ví dụ này, được thể hiện dưới dạng phân khoảng "bắt tất cả" để mô tả các ABP mà không khớp vào các phân khoảng còn lại. Do đó, các ABP được nhận diện ở trên trong mỗi trong số các phân khoảng này là đại diện của các loại vị trí epitop khác nhau trên PCSK9, một số trong số chúng chồng lặp với nhau.

Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng nếu ABP tham chiếu ngăn chặn sự liên kết của ABP đầu dò, thì các kháng thể này được gọi là ở trong cùng một phân khoảng. Thứ tự sử dụng các ABP này có thể là quan trọng. Nếu ABP A được sử dụng làm ABP tham chiếu và phong bế sự liên kết của ABP B, thì sự đảo ngược lại không phải lúc nào cũng đúng: ABP B được sử dụng làm ABP tham chiếu sẽ không nhất thiết là

phải phong bế ABP A. Có nhiều yếu tố đóng vai trò ở đây: sự liên kết của ABP có thể gây ra các thay đổi về cấu dạng ở đích mà ngăn chặn sự liên kết của ABP thứ hai, hoặc các epitop chồng lặp nhưng không bít kín hoàn toàn nhau có thể cho phép ABP thứ hai vẫn có các tương tác ái lực đủ cao với đích để cho phép liên kết. Các ABP có ái lực cao hơn nhiều có thể có khả năng cao hơn để đẩy ABP phong bế ra khỏi vị trí. Nhìn chung, nếu sự cạnh tranh được quan sát thấy trong thứ tự bất kỳ, thì các ABP này được gọi là phân khoảng cùng nhau, và nếu cả hai ABP đều có thể phong bế nhau, thì có thể là các epitop này chồng lặp hoàn toàn hơn.

Ví dụ 38

Lập bản đồ epitop - Thẩm tách Western

Ví dụ này chứng minh việc liệu các epitop cho các ABP được kiểm tra có thẳng hay có tính tạo hình không gian hay không. Kỹ thuật thẩm tách Western biến tính khử và biến tính không khử được chạy để xác định các kháng thể mà có epitop có tính tạo hình không gian. Các kháng thể mà liên kết với chất thẩm tách Western biến tính khử có epitop thẳng và không có tính tạo hình không gian. Các kết quả được thể hiện trên Fig.24A và Fig.24B. Đối với chấm thẩm tách này, 0,5 ug/làn PCSK9 nguyên chiều dài của người đã được tinh chế được chạy trên 4-12% gel NuPAGE Bis-Tris và đệm chạy MES SDS. 1 ug/mL kháng thể kháng PCSK9, ngoại trừ 0,5 ug/mL 31G11, được sử dụng để dò chấm thẩm tách này. Kháng thể thứ cấp kháng IR700 của người ở lừa với tỷ lệ 1:5000 được sử dụng và được đọc trên thiết bị LiCOR. Kháng thể 13H1 liên kết với epitop thẳng trên tiền miền của PCSK9. Tất cả các biến thể khác đều thể hiện các kết quả phù hợp với các epitop có tính tạo hình không gian. Các gel này tách tiền miền ra khỏi phần còn lại của protein, và tiền miền chạy ở khoảng 15 kDa. Ngoài ra, 3C4 và 31A4 có vẻ liên kết với các epitop có tính tạo hình không gian mà được bảo quản bằng các liên kết disulfua, vì các kháng thể liên kết với PCSK-9 trong điều kiện biến tính trong đó liên kết disulfua được bảo quản (trái) nhưng khử các mẫu (phải) này loại bỏ liên kết.

Ví dụ 39

Lập bản đồ epitop - Quét arginin / axit glutamic

Các ABP đại diện từ mỗi phân khoảng (từ ví dụ 37) được chọn lọc cho phép phân tích epitop tiếp theo. Chiến lược quét arginin/axit glutamic được thực hiện để lập bản đồ liên kết của ABP với PCSK9. Một cách khái quát, phương pháp này xác định xem liệu một gốc có phải là một phần của cấu trúc epitop hay không, có nghĩa là các gốc trong kháng nguyên mà tiếp xúc hoặc bị chôn vùi bởi kháng thể. Các mạch bên arginin và axit glutamic mang điện và to lớn và có thể phá vỡ liên kết của kháng thể ngay cả khi gốc đột biến không tham gia trực tiếp vào liên kết của kháng thể.

Chọn lọc gốc

Cấu trúc tinh thể của PCSK9 được sử dụng để chọc lọc các gốc cần được gây đột biến để lập bản đồ epitop. Phương pháp được sử dụng để lựa chọn các gốc để gây đột biến bao gồm cả các cơ chế sử dụng máy tính và phép phân tích cấu trúc tương tác. Cấu trúc PCSK9 chứa các khoảng trống của các gốc vắng mặt và không có 30 axit amin ở đầu tận N (tức là, trình tự tín hiệu) và 10 axit amin ở đầu tận C. Các gốc vắng mặt bên trong được tạo mô hình trên cấu trúc, nhưng các gốc vắng mặt đầu tận N và đầu tận C thì không. Tỷ lệ tiếp xúc dung môi đối với mỗi gốc được tính toán: diện tích bề mặt của mỗi gốc trong protein (SA1) chia cho diện tích bề mặt của gốc này trong trime có các glyxin kẹp sườn (SA2) có cấu trúc khung chính bảo toàn. Các gốc có tỷ lệ tiếp xúc dung môi lớn hơn 10% (R10) được chọn lọc cũng như 40 gốc đầu tận vắng mặt. Từ các gốc này, các prolin và glyxin có các góc Φ dương được loại trừ để làm giảm khả năng gấp nếp sai. Số lượng gốc cần được gây đột biến trong miền V được làm giảm bằng cách sử dụng tỷ lệ tiếp xúc dung môi là 37% cùng với việc kiểm tra bằng mắt toàn bộ protein để nâng tổng số lượng đột biến lên 285. Các hướng khác nhau của bề mặt của PCSK9 với các lớp khác nhau được nhận diện này được thể hiện trên Fig.25A- Fig.25F. Trong các hình vẽ này, màu xám sáng nhất thể hiện các vùng không được chọn lọc hoặc bị bỏ chọn lọc. Màu xám đậm hơn thể hiện các gốc được chọn lọc).

Tách dòng và biểu hiện

Khi các gốc cần được làm biến đổi đã được nhận diện, các gốc khác nhau này được làm biến đổi. PCSK9 của người được tách dòng vào vectơ pTT5 có thẻ gắn Flag-His đầu tận C. Các thể đột biến được tạo ra từ cấu trúc ban đầu này bằng kỹ thuật gây đột biến định hướng vị trí bằng cách sử dụng bộ kit QuikChange II của Stratagene. Các oligonucleotit có nghĩa và đối nghĩa được sử dụng để gây đột biến được thiết kế bằng cách sử dụng phần mềm MutaGenie của Amgen. Tất cả các cấu trúc PCSK9 đều được biểu hiện ở các tế bào 293-6E được chuyển nhiễm tạm thời trong các đĩa loại 24 lỗ và được đưa lại vào ba đĩa loại 96 lỗ chứa đối chứng PCSK9 không được gây đột biến (kiểu dại, WT) trong mỗi đĩa. Mức độ biểu hiện và độ nguyên vẹn của các protein tái tổ hợp trong môi trường đã được điều hòa được kiểm tra bằng kỹ thuật thẩm tách Western. Trong số 285 thể đột biến được chọn lọc ban đầu, 41 không được tách dòng hoặc biểu hiện. 244 thể đột biến được sử dụng để lập bản đồ epitop. Việc sắp hàng trình tự PCSK9 gốc và trình tự PCSK9 đại diện với 244 gốc được gây đột biến này được thể hiện trên Fig.26. Các cấu trúc riêng biệt được tạo ra chứa đột biến đơn lẻ. Đối với các mục đích của các trình tự epitop và sáng chế dựa trên cơ sở epitop bao gồm các thay đổi về liên kết, các trình tự này được đề xuất tham chiếu đến SEQ ID NO: 1 và/hoặc SEQ ID NO: 303. Các trình tự trên Fig.26 là các trình tự được sử dụng cho các nghiên cứu epitop liên kết này. Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng các kết quả này cũng áp dụng được cho các biến thể PCSK9 khác nêu trong bản mô tả này (ví dụ, SEQ ID NO: 1 và 3, cũng như các biến thể alen còn lại).

Năm kháng thể, đại diện của mỗi phân khoảng, được lựa chọn để lập bản đồ epitop chính xác. Các kháng thể này là 21B12, 31H4, 12H11, 31A4, 3C4. Tất cả đều là kháng thể epitop có tính tạo hình không gian. Ba kháng thể là 21B12, 31H4 và 31A4 cũng được kết tinh với PCSK9, như nêu trên.

Epitop cấu trúc và chức năng

Các epitop có thể được xác định tiếp là epitop cấu trúc và epitop chức năng. Các epitop chức năng thường là phân nhóm của các epitop cấu trúc và có các gốc góp phần

trực tiếp vào ái lực của sự tương tác (ví dụ, các liên kết hydro, các tương tác ion). Các epitop cấu trúc có thể được cho là khoảng nhỏ của đích được bao phủ bởi kháng thể.

Kỹ thuật gây đột biến quét được sử dụng là quét arginin và axit glutamic. Hai mạch bên này được lựa chọn nhờ độ to lớn về mặt không gian của chúng và điện tích của chúng, cho phép các đột biến xuất hiện trong epitop cấu trúc có tác dụng lớn hơn đối với sự liên kết của kháng thể. Arginin thường được sử dụng, ngoại trừ khi WT hiện có là arginin, và trong các trường hợp này, gốc được gây đột biến thành axit glutamic để chuyển đổi điện tích.

Để lập bản đồ epitop, thử nghiệm đa thành phần dựa trên cơ sở hạt được sử dụng để đo sự liên kết của kháng thể với PCSK9 và các thể đột biến PCSK9 một cách đồng thời. Sự liên kết của kháng thể với các thể đột biến sau đó được so sánh với sự liên kết của nó với kiểu dại trong cùng một lỗ. Các biến thể được chia thành ba nhóm: nhóm 1: 81 biến thể + 2 đối chứng wt + 1 đối chứng âm + 1 dịch nổi bề mặt PCSK9 khác; nhóm 2: 81 biến thể + 2 đối chứng wt + 2 đối chứng âm; và nhóm 3: 82 biến thể + 2 đối chứng wt + 1 đối chứng âm.

Thử nghiệm này được thực hiện như sau: 85 tập hợp hạt LumAvidin được phủ bằng strepavidin mang mã màu (Luminex) được cho liên kết với kháng thể kháng pentaHis đã được biotinyl hóa (Qiagen, #1019225) trong 1 giờ ở nhiệt độ trong phòng (RT), sau đó được rửa ba lần trong PBS, BSA 1%, Tween 20 0,1%. Mỗi tập hợp hạt mang mã màu sau đó được cho liên kết với PCSK9 đột biến, kiểu dại hoặc đối chứng âm trong 150 uL dịch nổi bề mặt qua đêm ở 4˚C

Mỗi tập hợp hạt mang mã màu liên quan đến một protein cụ thể này được rửa và được gộp lại. Tại thời điểm này, có 3 phần gộp bao gồm 85 tập hợp hạt, mỗi phần gộp cho mỗi nhóm bao gồm các thể đột biến và các đối chứng. Các hạt từ mỗi phần gộp được lấy một lượng nhỏ cho vào 24 lỗ (3 cột) của đĩa lọc loại 96 lỗ (Millipore, #MSBVN1250). 100 uL của các kháng thể kháng PCSK9 trong các dịch pha loãng 4 lần được bổ sung vào chín cột cho các điểm lặp lại ba lần và được ủ trong 1 giờ ở nhiệt độ trong phòng và được rửa. 100 uL dịch pha loãng 1:200 của Fc kháng IgG của người đã được liên hợp với

phycoerythrin (PE) (Jackson Immunoresearch, #109-116-170) được bổ sung vào mỗi lỗ và được ủ trong 1 giờ ở nhiệt độ trong phòng và được rửa.

Các hạt được tái tạo huyền phù trong BSA 1% trong PBS, được lắc trong 10 phút và được đọc trên thiết bị BioPlex (Bio-Rad). Thiết bị này nhận diện mỗi hạt bằng mã màu của nó, nhờ đó nhận diện protein cụ thể liên quan đến mã màu này. Cùng lúc đó, thiết bị này đo lượng kháng thể liên kết với các hạt dựa vào cường độ huỳnh quang của thuốc nhuộm PE. Sự liên kết của kháng thể với mỗi thể đột biến sau đó có thể được so sánh trực tiếp với sự liên kết của nó với kiểu dại trong cùng một phần gộp. Thể khảm IL-17R E được sử dụng làm đối chứng âm. Tổng hợp của tất cả các thể đột biến được kiểm tra được thể hiện trong bảng 39.1 (tham chiếu đến hệ thống đánh số trình tự được sử dụng trên Fig.1A và Fig.26).

Bảng 39.1

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	WT PCSK9	Y8R	E18R	P26R	A38R	T56R	A70R	H83R	E102R	L128R	D145R	
B	Q1R	E9R	E19R	E27R	K39R	H57R	Q71R	V84R	L105R	E129R	S148R	
C	E2R	E10R	D20R	G29R	D40R	L58R	A73R	H86R	K106R	R130E	pcsk9 supe test	
D	D3R	L11R	G21R	T30R	L44R	Q60R	R74E	K95R	H109R	T132R	Thể khảm IL17R E	
E	E4R	V12R	L22R	T31R	T47R	E62R	R75E	S97R	D111R	D139R	WT PCSK9	
F	D5R	A14R	A23R	A32R	K53R	R63E	Y77R	G98R	A121R	E140R		
G	G6R	L15R	E24R	T33R	E54R	R66E	L78R	D99R	S123R	Y141R		
H	D7R	S17R	A25R	H35R	E55R	R67E	L82R	L101R	W126R	Q142R		

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	WT PCSK9	M171R	E181R	Q189R	K213R	R242E	G251R	L294R	L321R	Q352R	E380R	
B	L149R	V172R	D182R	A190R	G214R	K243R	G262R	A311R	E336R	M368R	R384E	
C	S158R	T173R	G183R	S191R	S216R	S244R	R265E	Q312R	D337R	S371R	Thể khảm IL17R E	
D	Q160R	D174R	T184R	K192R	R221E	Q245R	A269R	D313R	D344R	A372R	Thể khảm IL17R E	
E	S161R	E176R	R185E	S195R	Q226R	L246R	Q272R	Q314R	T347R	E373R	WT PCSK9	
F	D162R	N177R	F186R	H196R	K228R	V247R	R276E	T317R	F349R	E375R		
G	R164E	V178R	H187R	R207E	T230R	Q248R	A277R	L318R	V350R	T377R		
H	E167R	E180R	R188E	D208R	F240R	V250R	R289E	T320R	S351R	L378R		

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	WT PCSK9	N395R	V405R	W423R	R446E	E513R	Q525R	Q554R	Q589R	S632R	A641R	
B	I386R	E396R	N409R	Q424R	D450R	A514R	E537R	N556R	Q591R	T633R	R650E	
C	H387R	A397R	A413R	A433R	A472R	S515R	V538R	K579R	A595R	T634R	R652E	
D	F388R	W398R	S417R	H434R	F485R	M516R	E539R	V580R	E597R	G635R	Thể khảm IL17R E	

E	A390R	E401R	T418R	T438R	G486R	R519E	L541R	K581R	E598R	S636R	WT PCSK9	
F	K391R	D402R	H419R	R439E	E488R	H521R	H544R	E582R	V620R	T637R		
G	D392R	Q403R	G420R	M440R	N503R	H523R	V548R	H583R	R629E	S638R		
H	V393R	R404E	A421R	T442R	T508R	Q524R	R552E	G584R	V631R	E639R		

Nghiên cứu độ biến thiên hạt

Trước khi chạy thử nghiệm liên kết lập bản đồ epitop, thí nghiệm xác nhận được tiến hành để đánh giá độ biến thiên từ "vùng hạt" này đến "vùng hạt" khác (B-B). Trong thí nghiệm xác nhận này, tất cả các hạt đều được liên hợp với cùng một protein đối chứng kiểu dại. Do đó, sự khác biệt giữa các vùng hạt hoàn toàn là do phương sai B-B và không bị trùng hợp với sự khác biệt giữa các protein kiểu dại và protein đột biến. Phép chuẩn độ kháng thể được chạy với mười hai lần lặp lại trong các lỗ khác nhau.

Mục đích của phép phân tích thống kê này là để ước lượng độ biến thiên B-B của EC50 đã được ước lượng của các đường cong liên kết. Sau đó, độ lệch chuẩn (SD) B-B đã được ước lượng được sử dụng để xây dựng các khoảng tin cậy EC50 cho các protein kiểu dại và protein đột biến trong các thí nghiệm so sánh đường cong.

Mô hình logitic bốn thông số được làm khớp với dữ liệu liên kết đối với mỗi vùng hạt. Hồ sơ thu được, chứa các kết quả kiểm soát chất lượng (QC: Quality Control) đường cong và các ước lượng thông số đối với phần đỉnh (max), phần đáy (min), độ dốc (slope) và log tự nhiên của EC50 (xmid) của các đường cong này, được sử dụng làm dữ liệu thô cho phân tích này. Sau đó, độ biến thiên B-B đối với mỗi thông số được ước lượng bằng cách làm khớp mô hình tác dụng hỗn hợp bằng cách sử dụng quy trình SAS PROC MIXED. Chỉ các đường cong có trạng thái QC là "tốt" mới được đưa vào phép phân tích này. Mô hình tác dụng hỗn hợp cuối cùng chỉ bao gồm phần dư (tức là các vùng hạt riêng lẻ) dưới dạng hiệu ứng ngẫu nhiên. Các giá trị trung bình bình phương tối thiểu (giá trị trung bình LS) đối với mỗi thông số cũng được ước lượng bằng mô hình tác dụng hỗn hợp. Độ lệch chuẩn B-B được tính toán bằng cách lấy căn bậc hai của phương sai B-B. Sự thay đổi số lần giữa giá trị trung bình LS + 2SD và giá trị trung bình LS - 2SD, thể hiện

số phần trăm xấp xỉ trên và dưới 97,5 của tập hợp, cũng được tính toán. Các kết quả được thể hiện trong bảng 39.2

Bảng 39.2. Ước lượng giá trị trung bình bình phương tối thiểu và phương sai từ hạt đến hạt

Số nhận diện thử nghiệm	Tên thông số	Giá trị trung bình LS	Phương sai B-B	-2SD	+2SD	Sự thay đổi số lần*
PCSK9	max	15000	997719	13002,3	16997,7	1,3
PCSK9	min	162,09	1919,66	74,5	249,7	3,4
PCSK9	slope	0,8549	0,000599	0,8	0,9	1,1
PCSK9	xmid	3,1715	0,002098	3,1	3,3	1,2

* xmid là log tự nhiên của EC50. Sự thay đổi số lần đối với xmid được chuyển đổi ngược lại về thang ban đầu.

Nhận diện các gốc trong epitop cấu trúc

Gốc được xem là một phần của epitop cấu trúc ("kết quả tìm kiếm") khi việc gây gột biến nó thành arginin hoặc axit glutamic làm thay đổi sự liên kết của kháng thể. Điều này được thấy dưới dạng sự chuyển dịch EC50 hoặc sự giảm tín hiệu cực đại so với sự liên kết của kháng thể với kiểu dại. Các phân tích thống kê của các đường cong liên kết kháng thể với kiểu dại và các thể đột biến được sử dụng để nhận diện các chuyển dịch EC50 có ý nghĩa về mặt thống kê. Phép phân tích này xem xét đến sự biến đổi trong thử nghiệm và khớp đường cong.

Nhận diện kết quả tìm kiếm dựa vào so sánh EC50

Các giá trị EC50 và Bmax được tạo ra từ mô hình logitic 4 thông số có trọng số được làm khớp với dữ liệu liên kết bằng cách sử dụng S-PLUS với phần mềm VarPower (Insightful Corporation, Seattle WA). Các EC50 của các đường cong liên kết đột biến và các đường cong liên kết kiểu dại được so sánh. Các khác biệt có ý nghĩa về mặt thống kê được nhận diện là các kết quả tìm kiếm để xem xét tiếp. Các đường cong với các cờ hiệu "không khớp" hoặc "khớp kém" được loại trừ ra khỏi phép phân tích.

Sự biến thiên về ước lượng EC50

Hai nguồn biến thiên được xem xét trong quá trình so sánh các ước lượng EC50, biến thiên từ khớp đường cong và biến thiên hạt-hạt. Các kiểu dại và thể đột biến được liên kết với các hạt khác nhau, do đó sự khác biệt giữa chúng bị trùng hợp với sự khác biệt hạt-hạt (được mô tả ở trên). Biến thiên khớp đường cong được ước lượng bằng sai số chuẩn của các ước lượng log EC50. Biến thiên hạt-hạt được xác định theo thực nghiệm bằng cách sử dụng thí nghiệm trong đó các đối chứng kiểu dại được liên kết với mỗi trong số các hạt (được mô tả ở trên). Biến thiên hạt về các ước lượng EC50 của đường cong liên kết kiểu dại từ thí nghiệm này được sử dụng để ước lượng biến thiên hạt-hạt trong thí nghiệm lập bản đồ epitop thực sự.

Thử nghiệm về sự chuyển dịch EC50 giữa thể đột biến và kiểu dại

Các phép so sánh hai EC50 (trong thang log) được tiến hành bằng cách sử dụng kiểm định t Student. Thống kê t được tính bằng tỷ số giữa delta (các khác biệt tuyệt đối giữa các ước lượng EC50) và độ lệch chuẩn của delta. Phương sai của delta được ước lượng bằng tổng của ba thành phần, ước lượng phương sai của EC50 đối với các đường cong đột biến và đường cong kiểu dại trong phép hồi quy không tuyến tính và hai lần phương sai hạt-hạt được ước lượng từ thí nghiệm riêng biệt. Bội số hai đối với phương sai hạt-hạt là do giả sử rằng cả hạt đột biến và hạt kiểu dại đều có cùng một phương sai. Mức độ tự do của độ lệch chuẩn của delta được tính toán bằng cách sử dụng phép xấp xỉ Satterthwaite (1946). Các giá trị p riêng lẻ và các khoảng tin cậy (95% và 99%) được thu nhận dựa vào phân phối t Student cho mỗi so sánh. Trong trường hợp nhiều đối chứng kiểu dại, phương pháp tiếp cận bảo thủ được thực hiện bằng cách chọn ra đối chứng kiểu dại mà tương tự nhất với thể đột biến, tức là, chọn ra đối chứng kiểu dại có giá trị p lớn nhất.

Việc hiệu chỉnh độ bội là quan trọng để kiểm soát (các) dương tính giả khi tiến hành nhiều thử nghiệm một cách đồng thời. Hai dạng hiệu chỉnh độ bội được thực hiện đối với phép phân tích này: kiểm soát sai số chung của họ (FEW: Family Wise Error) và kiểm soát tỷ lệ phát hiện sai (FDR: False Discovery Rate). Cách tiếp cận FWE kiểm soát

xác suất mà một hoặc nhiều kết quả tìm kiếm không có thật; cách tiếp cận FDR kiểm soát tỷ lệ dự kiến của dương tính giả trong số các kết quả tìm kiếm được chọn lọc. Cách tiếp cận FWE bảo thủ hơn và không mạnh bằng cách tiếp cận FDR. Có nhiều phương pháp có sẵn đối với cả hai cách tiếp cận này, đối với phép phân tích này, phương pháp của Hochberg (1988) để phân tích FWE và phương pháp FDR của Benjamini-Hochberg (1995) để phân tích FDR được chọn lọc. Các giá trị p được hiệu chỉnh đối với cả hai cách tiếp cận này được tính toán.

Kết quả

Sự chuyển dịch EC50

Các đột biến mà EC50 của chúng khác biệt đáng kể so với kiểu dại, ví dụ, có giá trị p đã được hiệu chỉnh tỷ lệ phát hiện sai cho toàn bộ thử nghiệm là 0,01 hoặc nhỏ hơn, được xem là một phần của epitop cấu trúc. Tất cả các kết quả tìm kiếm cũng có giá trị p đã được hiệu chỉnh tỷ lệ sai số loại I chung của họ cho mỗi kháng thể là nhỏ hơn 0,01, ngoại trừ gốc R185E đối với kháng thể 31H4 có giá trị p đã được hiệu chỉnh FWE cho mỗi kháng thể là 0,0109. Các gốc trong epitop cấu trúc của các kháng thể khác nhau được xác định bằng sự chuyển dịch EC50 được thể hiện trong bảng 39.3 (các đột biến điểm có liên quan đến SEQ ID NO: 1 và 303).

Bảng 39.3

Kháng thể	Đột biến	Giá trị p được hiệu chỉnh FDR	Giá trị p được hiệu chỉnh FWE	Thấp 99	Thấp 95	Thay đổi số lần	Cao 95	Cao 99	Giá trị p thô
21B12	D208R	0,0000	0,0000	0,3628	0,3844	0,4602	0,5509	0,5837	0,0000
21B12	R207E	0,0000	0,0000	1,7148	1,8488	2,3191	2,9090	8,1364	0,0000
31H4	R185E	0,0024	0,0109	1,2444	1,3525	1,7421	2,2439	2,4388	0,0000
31A4	E513R	0,0001	0,0003	1,4764	1,6219	2,1560	2,8660	8,1485	0,0000
31A4	E539R	0,0000	0,0000	1,6014	1,7461	2,2726	2,9578	8,2252	0,0000
31A4	R439E	0,0000	0,0000	3,1565	3,6501	5,5738	8,5113	9,8420	0,0000
31A4	V538R	0,0004	0,0013	1,4225	1,5700	2,1142	2,8471	3,1423	0,0000
12H11	A390R	0,0000	0,0001	1,4140	1,5286	1,9389	2,4594	2,6588	0,0000
12H11	A413R	0,0009	0,0028	1,2840	1,3891	1,7653	2,2434	2,4269	0,0000
12H11	S351R	0,0009	0,0028	1,2513	1,3444	1,6761	2,0896	2,2452	0,0000

12H11	T132R	0,0000	0,0001	1,3476	1,4392	1,7631	2,1599	2,3068	0,0000
3C4	E582R	0,0016	0,0069	1,3523	1,5025	2,0642	2,8359	3,1509	0,0000

Làm giảm tín hiệu cực đại

Phần trăm tín hiệu cực đại được tính toán bằng cách sử dụng tín hiệu cực đại từ phép khớp đường cong (BmaxPerWT) và điểm dữ liệu thô (RawMaxPerWT). Đột biến mà làm giảm tín hiệu cực đại của liên kết kháng thể đến ≥ 70% so với tín hiệu của kiểu dại hoặc làm giảm tín hiệu của một kháng thể so với các biến thể khác đến >50% khi tất cả các biến thể khác bằng ít nhất 40% của kiểu dại được xem là kết quả tìm kiếm và là một phần của epitop. Bảng 39.4 trình bày các gốc trong epitop cấu trúc (được in nghiêng) được xác định bằng cách làm giảm tín hiệu tối đa.

Bảng 39.4

Kháng thể	Thể đột biến	Bmax đối với mỗi WT	Cực đại thô đối với mỗi WT
21B12	A311R	141,6388	139,7010
31H4	A311R	145,2189	147,8244
31A4	A311R	103,4377	96,2214
12H11	*A311R*		*14,9600*
3C4	A311R	129,0460	131,2060
21B12	*D162R*		*7,0520*
31H4	D162R	108,8308	112,4904
31A4	D162R	98,8873	95,9268
12H11	D162R	94,6280	97,4928
3C4	D162R	101,4281	100,1586
21B12	D313R	45,8356	45,0011
31H4	D313R	45,6242	44,9706
31A4	D313R	47,9728	44,7741
12H11	*D313R*	*16,1811*	*18,4262*
3C4	D313R	58,5269	57,6032
21B12	D337R	61,9070	62,2852
31H4	D337R	63,1604	64,1029
31A4	D337R	62,9124	59,4852
12H11	*D337R*		*10,8443*
3C4	D337R	73,0326	73,9961
21B12	E129R	139,9772	138,9671
31H4	E129R	141,6792	139,1764

Kháng thể	Thể đột biến	Bmax đối với mỗi WT	Cực đại thô đối với mỗi WT
21B12	*E167R*		*15,1082*
31H4	E167R	127,4479	128,2698
31A4	E167R	115,3403	112,6951
12H11	E167R	111,0979	109,6813
3C4	E167R	109,3223	108,7864
21B12	H521R	133,8480	133,9791
31H4	H521R	130,2068	128,4879
31A4	H521R	124,5091	129,3218
12H11	H521R	130,7979	134,4355
3C4	*H521R*		*22,1077*
21B12	Q554R	125,9594	125,2103
31H4	Q554R	122,2045	128,7304
31A4	Q554R	113,6769	121,3369
12H11	Q554R	116,1789	118,4170
3C4	*Q554R*		*31,8416*
21B12	*R164E*	*17,3807*	*19,8505*
31H4	R164E	97,8218	99,6673
31A4	R164E	98,2595	96,3352
12H11	R164E	88,0067	89,8807
3C4	R164E	105,0589	105,7286
21B12	R519E	139,4598	141,2949
31H4	R519E	135,5609	140,0000

31A4	E129R	77,3005	74,8946
12H11	*E129R*	*28,6398*	*29,3751*
3C4	E129R	85,7701	85,7802

31A4	R519E	134,2303	137,1110
12H11	R519E	135,4755	137,0824
3C4	*R519E*		*44,0091*
21B12	S123R	87,6431	88,1356
31H4	S123R	85,5312	84,7668
31A4	S123R	68,4371	66,6131
12H11	*S123R*	*20,8560*	*20,6910*
3C4	S123R	73,6475	71,5959

(các đột biến điểm có liên quan đến SEQ ID NO: 1 và Fig.26).

Bảng 39.5 trình bày tổng hợp của tất cả các kết quả tìm kiếm đối với các kháng thể khác nhau.

Bảng 39.5

Kết quả tìm kiếm sự chuyển dịch EC50					Kết quả tìm kiếm sự chuyển dịch Bmax				
21B12	31H4	31A4	12H11	3C4	21B12	31H4	31A4	12H11	3C4
R207E	R185E	R439E	T132R	E582R	D162R			S123R	R519E
D208R*		E513R	S351R		R164E			E129R	H521R
		V538R	A390R		E167R			A311R	Q554R
		E539R	A413R					D313R	
								D337R	

* giảm EC50

Để tiếp tục kiểm tra xem các gốc này tạo ra một phần hoặc tất cả của các epitop liên quan bằng cách nào, các vị trí nêu trên được lập bản đồ trên các mô hình cấu trúc tinh thể khác nhau, các kết quả được thể hiện trên Fig.27A đến Fig.27E. Fig.27A thể hiện các kết quả tìm kiếm epitop 21B12, như được lập bản đồ trên cấu trúc tinh thể của PCSK9 với kháng thể 21B12. Cấu trúc này nhận diện các gốc PCSK9 như sau: màu xám nhạt thể hiện các gốc không được gây đột biến (ngoại trừ các gốc được thể hiện một cách rõ ràng trên cấu trúc này) và màu xám đậm hơn thể hiện các gốc được gây đột biến (một phần nhỏ trong số đó không được biểu hiện). Các gốc mà được thể hiện một cách rõ ràng được thử nghiệm (bất kể sắc thái màu được thể hiện trên hình vẽ này) và gây ra sự thay đổi đáng kể về EC50 và/hoặc Bmax. Các kết quả tìm kiếm epitop được dựa vào sự chuyển dịch Bmax. Trong hình vẽ này, 31H4 ở đằng sau 21 B12.

Fig.27B thể hiện các kết quả tìm kiếm epitop 31H4, như được lập bản đồ trên cấu trúc tinh thể của PCSK9 với các kháng thể 31H4 và 21B12. Cấu trúc này nhận diện các gốc PCSK9 như sau: màu xám nhạt thể hiện các gốc không được gây đột biến (ngoại trừ các gốc được thể hiện một cách rõ ràng trên cấu trúc này) và màu xám đậm hơn thể hiện các gốc được gây đột biến (một phần nhỏ trong số đó không được biểu hiện). Các gốc mà được thể hiện một cách rõ ràng được thử nghiệm (bất kể sắc thái màu được thể hiện trên hình vẽ này) và gây ra sự thay đổi đáng kể về EC50 và/hoặc Bmax. Các kết quả tìm kiếm epitop được dựa vào sự chuyển dịch EC50.

Fig.27C thể hiện các kết quả tìm kiếm epitop 31A4, như được lập bản đồ trên cấu trúc tinh thể của PCSK9 với các kháng thể 31H4 và 21B12. Cấu trúc này nhận diện các gốc PCSK9 như sau: màu xám nhạt thể hiện các gốc không được gây đột biến (ngoại trừ các gốc được thể hiện một cách rõ ràng trên cấu trúc này) và màu xám đậm hơn thể hiện các gốc được gây đột biến (một phần nhỏ trong số đó không được biểu hiện). Các gốc mà được thể hiện một cách rõ ràng được thử nghiệm (bất kể sắc thái màu được thể hiện trên hình vẽ này) và gây ra sự thay đổi đáng kể về EC50 và/hoặc Bmax. Các kết quả tìm kiếm epitop được dựa vào sự chuyển dịch EC50. Kháng thể 31A4 được biết là liên kết với miền V của PCSK9, có vẻ phù hợp với các kết quả được thể hiện trên Fig.27C.

Fig.27D thể hiện các kết quả tìm kiếm epitop 12H11, như được lập bản đồ trên cấu trúc tinh thể của PCSK9 với các kháng thể 31H4 và 21B12. Cấu trúc này nhận diện các gốc PCSK9 như sau: màu xám nhạt thể hiện các gốc không được gây đột biến (ngoại trừ các gốc được thể hiện một cách rõ ràng trên cấu trúc này) và màu xám đậm hơn thể hiện các gốc được gây đột biến (một phần nhỏ trong số đó không được biểu hiện). Các gốc mà được thể hiện một cách rõ ràng được thử nghiệm (bất kể sắc thái màu được thể hiện trên hình vẽ này) và gây ra sự thay đổi đáng kể về EC50 và/hoặc Bmax. 12H11 cạnh tranh với 21B12 và 31H4 trong thử nghiệm phân khoảng được mô tả ở trên.

Fig.27E thể hiện các kết quả tìm kiếm epitop 3C4, như được lập bản đồ trên cấu trúc tinh thể của PCSK9 với các kháng thể 31H4 và 21B12. Cấu trúc này nhận diện các gốc PCSK9 như sau: màu xám nhạt thể hiện các gốc không được gây đột biến (ngoại trừ

các gốc được thể hiện một cách rõ ràng trên cấu trúc này) và màu xám đậm hơn thể hiện các gốc được gây đột biến (một phần nhỏ trong số đó không được biểu hiện). Các gốc mà được thể hiện một cách rõ ràng được thử nghiệm (bất kể sắc thái màu được thể hiện trên hình vẽ này) và gây ra sự thay đổi đáng kể về EC50 và/hoặc Bmax.

3C4 không cạnh tranh với 21B12 và 31H4 trong thử nghiệm phân khoảng. 3C4 liên kết với miền V trong thử nghiệm liên kết miền (xem các kết quả từ ví dụ 40, Fig.28A và Fig.28B).

Mặc dù có xấp xỉ một tá thể đột biến mà có thể được dự đoán là có tác dụng đối với liên kết (dựa vào cấu trúc tinh thể), bất ngờ là thí nghiệm này lại chứng tỏ rằng chúng không có tác dụng. Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng các kết quả được thể hiện ở trên phù hợp với các cấu trúc tinh thể và sự liên kết với PCSK9 của các kháng thể này. Điều này chứng minh rằng dữ liệu cấu trúc và chức năng tương đương được tạo ra nhận diện được một cách đầy đủ các gốc và vùng quan trọng của tương tác của các ABP trung hòa và PCSK9. Do đó, các biến thể của các ABP mà có khả năng liên kết với các vùng nêu trên được đề xuất một cách đầy đủ bởi sáng chế này.

Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng mặc dù các kết quả tìm kiếm đối với sự giảm Bmax và sự chuyển dịch EC50 có thể được xem là các chỉ thị của cùng một hiện tượng, nhưng nói đúng hơn thì sự giảm Bmax đơn lẻ không phản ánh bản thân sự mất ái lực mà thay vào đó là phản ánh sự giảm một tỷ lệ phần trăm nào đó của epitop của kháng thể. Mặc dù không có chồng lặp trong các kết quả tìm kiếm được xác định bởi Bmax và EC50, nhưng các đột biến có tác động mạnh đối với sự liên kết có thể không cho phép việc tạo ra đường cong liên kết hữu dụng, và do đó không thể xác định được EC50 cho các biến thể này.

Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực sẽ hiểu rằng các ABP trong cùng một phân khoảng (ngoại trừ phân khoảng 5, như nêu trên, là phân khoảng bắt tất cả nói chung) có thể liên kết với các vị trí chồng lặp trên protein đích. Như vậy, các epitop nêu trên và các gốc liên quan nói chung là có thể được mở rộng cho tất cả các ABP như vậy trong cùng một phân khoảng.

Để tiếp tục kiểm tra các kết quả nêu trên liên quan đến ABP 31H4, vị trí E181R mà, theo cấu trúc tinh thể nêu trên, được dự đoán là tương tác với R185 để tạo thành một phần của bề mặt tương tác với ABP, cũng được làm biến đổi (E181R). Các kết quả, mặc dù tự chúng không có ý nghĩa về mặt thống kê, nhưng khi được kết hợp với cấu trúc tinh thể, lại là minh chứng cho sự tương tác của 31H4 với E181R (dữ liệu không được thể hiện). Do đó, vị trí 181 cũng có vẻ tạo thành một phần của epitop đối với 31H4 ABP.

Như nêu trên, dữ liệu liên kết và xác định đặc điểm epitop nêu trên tham chiếu đến trình tự PCSK9 (SEQ ID NO: 1) mà không bao gồm 30 axit amin đầu tiên của PCSK9. Do đó, hệ thống đánh số của mảnh protein này, và các SEQ ID NO mà đề cập đến mảnh này, được dịch chuyển thêm 30 axit amin so với các dữ liệu và các thí nghiệm sử dụng hệ thống đánh số PCSK9 nguyên chiều dài (như hệ thống đánh số được sử dụng trong dữ liệu nghiên cứu tinh thể được mô tả ở trên). Do đó, để so sánh các kết quả này, 30 axit amin nữa cần được cộng vào các vị trí trong mỗi trong số các kết quả lập bản đồ epitop nêu trên. Ví dụ, vị trí 207 của SEQ ID NO: 1 (hoặc SEQ ID NO: 303), tương đương với vị trí 237 của SEQ ID NO: 3 (trình tự nguyên chiều dài, và hệ thống đánh số được sử dụng trong khắp bản mô tả này). Bảng 39.6 mô tả việc các vị trí nêu trên, mà tham chiếu đến SEQ ID NO: 1 (và/hoặc SEQ ID NO: 303), tương quan với SEQ ID NO: 3 (mà bao gồm trình tự tín hiệu) như thế nào.

Bảng 39.6

Vị trí axit amin trong SEQ ID NO: 1 (dữ liệu epitop)	Vị trí axit amin trong SEQ ID NO: 3 (dữ liệu epitop)
207	237
208	238
185	215
181	211
439	469
513	543
538	568
539	569
132	162
351	381
390	420
413	443

582	612
162	192
164	194
167	197
123	153
129	159
311	341
313	343
337	367
519	549
521	551
554	584

Do đó, các phương án nêu trong bản mô tả này với tham chiếu đến SEQ ID NO: 1 cũng có thể được mô tả bằng vị trí tương đương nêu trên của chúng với tham chiếu đến SEQ ID NO: 3.

Ví dụ 40

Thử nghiệm liên kết miền PCSK9

Ví dụ này kiểm tra vị trí trên PCSK9 mà các ABP khác nhau liên kết tại đó.

Các đĩa Maxisorp trong suốt loại 96 lỗ (Nunc) được phủ qua đêm bằng 2 ug/mL của các kháng thể kháng PCSK9 khác nhau đã được pha loãng trong PBS. Các đĩa được rửa kỹ bằng PBS/Tween-20 0,05% và sau đó được phong bế trong hai giờ bằng BSA 3%/PBS. Sau khi rửa, các đĩa được ủ trong hai giờ với PCSK9 nguyên chiều dài (aa 31-692 SEQ ID NO: 3, Procat PCSK9 (aa 31-449 SEQ ID NO: 3) hoặc miền PCSK9 V (aa 450-692 của SEQ ID NO: 3) đã được pha loãng trong dịch pha loãng thử nghiệm thông thường (Immunochemistry Technologies, LLC). Các đĩa được rửa và kháng thể đa dòng kháng PCSK9 ở thỏ đã được biotinyl hóa (D8774), mà nhận diện miền Procat và miền V cũng như PCSK9 nguyên chiều dài, được bổ sung với nồng độ là 1 ug/mL (trong BSA 1%/PBS). PCSK9 nguyên chiều dài, miền Procat hoặc miền V đã liên kết được phát hiện bằng cách ủ với neutravidin-HRP (Thermo Scientific) với nồng độ là 200 ng/mL (trong BSA 1%/PBS), sau đó là cơ chất TMB (KPL) và đo độ hấp thụ ở 650 nm. Các kết quả, được thể hiện trên Fig.28A và Fig.28B, chứng minh khả năng của các ABS khác nhau

trong việc liên kết với các phần khác nhau của PCSK9. Như được thể hiện trên Fig.28B, ABP 31A4 liên kết với miền V của PCSK9.

Ví dụ 41

Protein liên kết kháng nguyên trung hòa không cạnh tranh

Ví dụ này chứng tỏ việc làm thế nào để nhận diện và xác định đặc điểm của protein liên kết kháng nguyên mà không cạnh tranh với LDLR để liên kết với PCSK9, nhưng vẫn trung hòa đối với hoạt tính PCSK9. Nói cách khác, protein liên kết kháng nguyên này sẽ không phong bế sự liên kết của PCSK9 với LDLR, mà sẽ ngăn chặn hoặc làm giảm sự phân hủy LDLR được điều tiết bởi PCSK9.

Các đĩa trong loại 384 lỗ (Costar) được phủ bằng 2 ug/mL kháng thể kháng thụ thể LDL ở dê (R&D Systems) đã được pha loãng trong đệm A (natri cacodylat 100 mM, độ pH=7,4). Các đĩa được rửa kỹ bằng đệm A và sau đó được phong bế trong 2 giờ bằng đệm B (sữa 1% trong đệm A). Sau khi rửa, các đĩa được ủ trong 1,5 giờ với 0,4 ug/mL thụ thể LDL (R&D Systems) đã được pha loãng trong đệm C (đệm B có bổ sung $CaCl_2$ 10 mM). Đồng thời với bước ủ này, 20 ng/mL D374Y PCSK9 đã được biotinyl hóa được ủ với 100 ng/mL kháng thể đã được pha loãng trong đệm A hoặc đệm A riêng lẻ (đối chứng). Các đĩa chứa thụ thể LDL được rửa và hỗn hợp D374Y PCSK9 đã được biotinyl hóa/kháng thể được chuyển vào các đĩa này và được ủ trong 1 giờ ở nhiệt độ trong phòng. Sự liên kết của D374Y đã được biotinyl hóa với thụ thể LDL được phát hiện bằng cách ủ với streptavidin-HRP (Biosource) với nồng độ là 500 ng/mL trong đệm C, sau đó là cơ chất TMB (KPL). Tín hiệu được làm dừng bằng HCl 1N và độ hấp thụ được đọc ở 450 nm. Các kết quả được thể hiện trên Fig.28C, cho thấy rằng mặc dù ABP 31H4 ức chế sự liên kết của LDLR, nhưng ABP 31A4 không ức chế sự liên kết của LDLR với PCSK9. Kết hợp với các kết quả từ ví dụ 40 và được thể hiện trên Fig.28A và Fig.28B, rõ ràng là 31A4 ABP liên kết với miền V của PCSK9 và không phong bế sự tương tác của PCSK9 với LDLR.

Tiếp theo, khả năng của ABP 31A4 trong việc đóng vai trò làm ABP trung hòa được tiếp tục xác nhận thông qua thử nghiệm hấp thu LDL bởi tế bào (như được mô tả trong các ví dụ nêu trên). Kết quả của thử nghiệm hấp thu LDL này được thể hiện trên Fig.28D. Như được thể hiện trên Fig.28D, ABP 31A4 thể hiện khả năng trung hòa PCSK9 đáng kể. Do đó, dựa vào ví dụ 40 và các kết quả này, rõ ràng là ABP có thể liên kết với PCSK9 mà không phong bế sự tương tác liên kết của PCSK9 và LDLR, trong khi vẫn có thể sử dụng làm PCSK9 ABP trung hòa.

BẢNG 35.1

NGUYÊN TỬ	1	CB	THR	61	-65,324	19,274	-35,379	1,00	66,96	A	C
NGUYÊN TỬ	2	OG1	THR	61	-64,490	20,386	-35,733	1,00	67,86	A	O
NGUYÊN TỬ	3	CG2	THR	61	-65,574	19,285	-33,870	1,00	66,57	A	C
NGUYÊN TỬ	4	C	THR	61	-63,283	17,835	-35,088	1,00	62,73	A	C
NGUYÊN TỬ	5	O	THR	61	-63,080	16,945	-34,257	1,00	63,03	A	O
NGUYÊN TỬ	6	N	THR	61	-65,516	16,775	-35,528	1,00	66,08	A	N
NGUYÊN TỬ	7	CA	THR	61	-64,635	17,950	-35,808	1,00	65,41	A	C
NGUYÊN TỬ	8	N	ALA	62	-62,364	18,740	-35,417	1,00	59,54	A	N
NGUYÊN TỬ	9	CA	ALA	62	-61,013	18,712	-34,866	1,00	55,44	A	C
NGUYÊN TỬ	10	CB	ALA	62	-60,100	19,581	-35,709	1,00	54,24	A	C
NGUYÊN TỬ	11	C	ALA	62	-60,988	19,182	-33,414	1,00	53,41	A	C
NGUYÊN TỬ	12	O	ALA	62	-61,570	20,211	-33,075	1,00	53,36	A	O
NGUYÊN TỬ	13	N	THR	63	-60,309	18,421	-32,561	1,00	50,60	A	N
NGUYÊN TỬ	14	CA	THR	63	-60,219	18,743	-31,141	1,00	48,08	A	C
NGUYÊN TỬ	15	CB	THR	63	-60,538	17,503	-30,272	1,00	48,75	A	C
NGUYÊN TỬ	16	OG1	THR	63	-59,717	16,402	-30,683	1,00	48,97	A	O
NGUYÊN TỬ	17	CG2	THR	63	-61,997	17,104	-30,426	1,00	47,89	A	C
NGUYÊN TỬ	18	C	THR	63	-58,831	19,261	-30,766	1,00	46,77	A	C
NGUYÊN TỬ	19	O	THR	63	-57,853	19,004	-31,465	1,00	46,12	A	O
NGUYÊN TỬ	20	N	PHE	64	-58,754	19,999	-29,662	1,00	45,98	A	N
NGUYÊN TỬ	21	CA	PHE	64	-57,476	20,471	-29,136	1,00	44,11	A	C
NGUYÊN TỬ	22	CB	PHE	64	-57,537	21,980	-28,894	1,00	42,47	A	C
NGUYÊN TỬ	23	CG	PHE	64	-56,352	22,529	-28,150	1,00	41,54	A	C
NGUYÊN TỬ	24	CD1	PHE	64	-55,113	22,627	-28,764	1,00	39,91	A	C
NGUYÊN TỬ	25	CD2	PHE	64	-56,484	22,964	-26,839	1,00	40,63	A	C
NGUYÊN TỬ	26	CE1	PHE	64	-54,024	23,149	-28,085	1,00	39,85	A	C
NGUYÊN TỬ	27	CE2	PHE	64	-55,399	23,489	-26,151	1,00	40,22	A	C
NGUYÊN TỬ	28	CZ	PHE	64	-54,166	23,582	-26,776	1,00	39,77	A	C
NGUYÊN TỬ	29	C	PHE	64	-57,110	19,744	-27,841	1,00	44,16	A	C
NGUYÊN TỬ	30	O	PHE	64	-57,966	19,506	-26,982	1,00	43,98	A	O
NGUYÊN TỬ	31	N	HIS	65	-55,834	19,388	-27,711	1,00	43,51	A	N
NGUYÊN TỬ	32	CA	HIS	65	-55,348	18,640	-26,554	1,00	42,21	A	C
NGUYÊN TỬ	33	CB	HIS	65	-55,015	17,204	-26,964	1,00	42,39	A	C
NGUYÊN TỬ	34	CG	HIS	65	-56,168	16,477	-27,581	1,00	45,11	A	C
NGUYÊN TỬ	35	CD2	HIS	65	-56,648	16,477	-28,848	1,00	46,30	A	C
NGUYÊN TỬ	36	ND1	HIS	65	-57,005	15,656	-26,855	1,00	45,17	A	N
NGUYÊN TỬ	37	CE1	HIS	65	-57,951	15,183	-27,648	1,00	45,62	A	C
NGUYÊN TỬ	38	NE2	HIS	65	-57,757	15,666	-28,863	1,00	45,65	A	N
NGUYÊN TỬ	39	C	HIS	65	-54,115	19,297	-25,941	1,00	42,51	A	C
NGUYÊN TỬ	40	O	HIS	65	-53,276	19,865	-26,643	1,00	41,98	A	O
NGUYÊN TỬ	41	N	ARG	66	-54,013	19,220	-24,622	1,00	42,62	A	N
NGUYÊN TỬ	42	CA	ARG	66	-52,863	19,765	-23,916	1,00	43,48	A	C
NGUYÊN TỬ	43	CB	ARG	66	-53,152	21,202	-23,471	1,00	45,30	A	C
NGUYÊN TỬ	44	CG	ARG	66	-54,358	21,305	-22,561	1,00	51,92	A	C
NGUYÊN TỬ	45	CD	ARG	66	-54,333	22,550	-21,702	1,00	57,80	A	C
NGUYÊN TỬ	46	NE	ARG	66	-55,193	22,390	-20,530	1,00	63,34	A	N
NGUYÊN TỬ	47	CZ	ARG	66	-54,755	22,114	-19,302	1,00	66,07	A	C
NGUYÊN TỬ	48	NH1	ARG	66	-55,620	21,983	-18,304	1,00	68,14	A	N
NGUYÊN TỬ	49	NH2	ARG	66	-53,457	21,979	-19,063	1,00	66,65	A	N
NGUYÊN TỬ	50	C	ARG	66	-52,570	18,890	-22,698	1,00	42,14	A	C
NGUYÊN TỬ	51	O	ARG	66	-53,427	18,129	-22,246	1,00	41,73	A	O
NGUYÊN TỬ	52	N	CYS	67	-51,358	18,999	-22,172	1,00	40,93	A	N
NGUYÊN TỬ	53	CA	CYS	67	-50,965	18,224	-21,004	1,00	41,21	A	C
NGUYÊN TỬ	54	CB	CYS	67	-49,500	18,505	-20,678	1,00	41,47	A	C
NGUYÊN TỬ	55	SG	CYS	67	-48,844	17,576	-19,295	1,00	40,60	A	S
NGUYÊN TỬ	56	C	CYS	67	-51,843	18,605	-19,813	1,00	43,29	A	C
NGUYÊN TỬ	57	O	CYS	67	-52,072	19,789	-19,555	1,00	43,45	A	O
NGUYÊN TỬ	58	N	ALA	68	-52,331	17,606	-19,088	1,00	43,43	A	N
NGUYÊN TỬ	59	CA	ALA	68	-53,144	17,871	-17,907	1,00	45,62	A	C
NGUYÊN TỬ	60	CB	ALA	68	-53,809	16,579	-17,416	1,00	43,28	A	C
NGUYÊN TỬ	61	C	ALA	68	-52,315	18,501	-16,783	1,00	46,90	A	C
NGUYÊN TỬ	62	O	ALA	68	-52,852	19,232	-15,949	1,00	46,15	A	O
NGUYÊN TỬ	63	N	LYS	69	-51,010	18,227	-16,767	1,00	48,41	A	N
NGUYÊN TỬ	64	CA	LYS	69	-50,132	18,747	-15,715	1,00	50,02	A	C
NGUYÊN TỬ	65	CB	LYS	69	-48,974	17,773	-15,454	1,00	52,87	A	C
NGUYÊN TỬ	66	CG	LYS	69	-49,388	16,305	-15,385	1,00	58,02	A	C
NGUYÊN TỬ	67	CD	LYS	69	-49,184	15,722	-13,990	1,00	61,71	A	C
NGUYÊN TỬ	68	CE	LYS	69	-50,035	14,472	-13,783	1,00	63,38	A	C
NGUYÊN TỬ	69	NZ	LYS	69	-50,285	14,221	-12,334	1,00	64,13	A	N
NGUYÊN TỬ	70	C	LYS	69	-49,575	20,110	-16,119	1,00	48,59	A	C
NGUYÊN TỬ	71	O	LYS	69	-48,626	20,200	-16,891	1,00	49,36	A	O
NGUYÊN TỬ	72	N	ASP	70	-50,160	21,169	-15,576	1,00	48,35	A	N
NGUYÊN TỬ	73	CA	ASP	70	-49,948	22,512	-16,099	1,00	47,47	A	C
NGUYÊN TỬ	74	CB	ASP	70	-50,744	23,526	-15,268	1,00	52,53	A	C

NGUYÊN TỬ	75	CG	ASP	70	-51,508	24,519	-16,137	1,00	57,41	A	C
NGUYÊN TỬ	76	OD1	ASP	70	-52,644	24,189	-16,562	1,00	58,27	A	O
NGUYÊN TỬ	77	OD2	ASP	70	-50,971	25,623	-16,399	1,00	57,80	A	O
NGUYÊN TỬ	78	C	ASP	70	-48,488	22,966	-16,200	1,00	44,86	A	C
NGUYÊN TỬ	79	O	ASP	70	-48,098	23,599	-17,180	1,00	45,04	A	O
NGUYÊN TỬ	80	N	PRO	71	-47,665	22,667	-15,187	1,00	41,90	A	N
NGUYÊN TỬ	81	CD	PRO	71	-48,023	22,174	-13,845	1,00	40,54	A	C
NGUYÊN TỬ	82	CA	PRO	71	-46,258	23,083	-15,281	1,00	39,08	A	C
NGUYÊN TỬ	83	CB	PRO	71	-45,723	22,898	-13,857	1,00	39,03	A	C
NGUYÊN TỬ	84	CG	PRO	71	-46,688	21,975	-13,186	1,00	41,03	A	C
NGUYÊN TỬ	85	C	PRO	71	-45,402	22,349	-16,324	1,00	37,94	A	C
NGUYÊN TỬ	86	O	PRO	71	-44,280	22,757	-16,608	1,00	36,99	A	O
NGUYÊN TỬ	87	N	TRP	72	-45,925	21,270	-16,893	1,00	36,09	A	N
NGUYÊN TỬ	88	CA	TRP	72	-45,201	20,539	-17,933	1,00	34,40	A	C
NGUYÊN TỬ	89	CB	TRP	72	-45,456	19,034	-17,806	1,00	32,15	A	C
NGUYÊN TỬ	90	CG	TRP	72	-44,904	18,427	-16,551	1,00	29,66	A	C
NGUYÊN TỬ	91	CD2	TRP	72	-45,042	17,066	-16,126	1,00	28,28	A	C
NGUYÊN TỬ	92	CE2	TRP	72	-44,381	16,947	-14,884	1,00	29,32	A	C
NGUYÊN TỬ	93	CE3	TRP	72	-45,659	15,938	-16,674	1,00	26,21	A	C
NGUYÊN TỬ	94	CD1	TRP	72	-44,183	19,061	-15,580	1,00	28,83	A	C
NGUYÊN TỬ	95	NE1	TRP	72	-43,866	18,178	-14,574	1,00	27,11	A	N
NGUYÊN TỬ	96	CZ2	TRP	72	-44,322	15,742	-14,181	1,00	28,10	A	C
NGUYÊN TỬ	97	CZ3	TRP	72	-45,600	14,745	-15,978	1,00	29,75	A	C
NGUYÊN TỬ	98	CH2	TRP	72	-44,935	14,655	-14,741	1,00	30,43	A	C
NGUYÊN TỬ	99	C	TRP	72	-45,622	21,004	-19,327	1,00	33,51	A	C
NGUYÊN TỬ	100	O	TRP	72	-45,074	20,554	-20,330	1,00	34,06	A	O
NGUYÊN TỬ	101	N	ARG	73	-46,599	21,903	-19,379	1,00	33,72	A	N
NGUYÊN TỬ	102	CA	ARG	73	-47,088	22,437	-20,643	1,00	35,14	A	C
NGUYÊN TỬ	103	CB	ARG	73	-48,370	23,237	-20,407	1,00	37,00	A	C
NGUYÊN TỬ	104	CG	ARG	73	-49,543	22,389	-19,975	1,00	41,40	A	C
NGUYÊN TỬ	105	CD	ARG	73	-50,786	23,229	-19,825	1,00	45,06	A	C
NGUYÊN TỬ	106	NE	ARG	73	-50,898	24,206	-20,902	1,00	50,54	A	N
NGUYÊN TỬ	107	CZ	ARG	73	-51,976	24,951	-21,127	1,00	54,08	A	C
NGUYÊN TỬ	108	NH1	ARG	73	-53,045	24,829	-20,347	1,00	55,58	A	N
NGUYÊN TỬ	109	NH2	ARG	73	-51,983	25,826	-22,126	1,00	54,14	A	N
NGUYÊN TỬ	110	C	ARG	73	-46,042	23,327	-21,304	1,00	34,68	A	C
NGUYÊN TỬ	111	O	ARG	73	-45,294	24,025	-20,619	1,00	35,28	A	O
NGUYÊN TỬ	112	N	LEU	74	-45,986	23,294	-22,633	1,00	32,04	A	N
NGUYÊN TỬ	113	CA	LEU	74	-45,086	24,166	-23,385	1,00	32,47	A	C
NGUYÊN TỬ	114	CB	LEU	74	-43,966	23,341	-24,031	1,00	31,53	A	C
NGUYÊN TỬ	115	CG	LEU	74	-42,990	22,623	-23,087	1,00	32,34	A	C
NGUYÊN TỬ	116	CD1	LEU	74	-42,183	21,578	-23,863	1,00	27,72	A	C
NGUYÊN TỬ	117	CD2	LEU	74	-42,061	23,647	-22,437	1,00	28,10	A	C
NGUYÊN TỬ	118	C	LEU	74	-45,846	24,934	-24,468	1,00	33,33	A	C
NGUYÊN TỬ	119	O	LEU	74	-45,677	24,677	-25,662	1,00	33,93	A	O
NGUYÊN TỬ	120	N	PRO	75	-46,687	25,897	-24,064	1,00	34,33	A	N
NGUYÊN TỬ	121	CD	PRO	75	-46,820	26,440	-22,698	1,00	33,65	A	C
NGUYÊN TỬ	122	CA	PRO	75	-47,519	26,621	-25,039	1,00	34,35	A	C
NGUYÊN TỬ	123	CB	PRO	75	-48,351	27,573	-24,174	1,00	35,25	A	C
NGUYÊN TỬ	124	CG	PRO	75	-47,545	27,746	-22,915	1,00	35,46	A	C
NGUYÊN TỬ	125	C	PRO	75	-46,688	27,369	-26,083	1,00	33,52	A	C
NGUYÊN TỬ	126	O	PRO	75	-45,553	27,768	-25,817	1,00	32,98	A	O
NGUYÊN TỬ	127	N	GLY	76	-47,249	27,547	-27,275	1,00	32,91	A	N
NGUYÊN TỬ	128	CA	GLY	76	-46,513	28,227	-28,328	1,00	32,08	A	C
NGUYÊN TỬ	129	C	GLY	76	-45,937	27,286	-29,371	1,00	31,14	A	C
NGUYÊN TỬ	130	O	GLY	76	-45,480	27,726	-30,424	1,00	31,40	A	O
NGUYÊN TỬ	131	N	THR	77	-45,947	25,989	-29,080	1,00	30,23	A	N
NGUYÊN TỬ	132	CA	THR	77	-45,584	24,986	-30,073	1,00	30,51	A	C
NGUYÊN TỬ	133	CB	THR	77	-44,197	24,368	-29,776	1,00	32,27	A	C
NGUYÊN TỬ	134	OG1	THR	77	-43,199	25,398	-29,816	1,00	33,45	A	O
NGUYÊN TỬ	135	CG2	THR	77	-43,840	23,311	-30,819	1,00	32,84	A	C
NGUYÊN TỬ	136	C	THR	77	-46,647	23,894	-30,107	1,00	30,00	A	C
NGUYÊN TỬ	137	O	THR	77	-47,129	23,441	-29,064	1,00	30,45	A	O
NGUYÊN TỬ	138	N	TYR	78	-47,024	23,492	-31,317	1,00	28,44	A	N
NGUYÊN TỬ	139	CA	TYR	78	-48,156	22,597	-31,514	1,00	27,71	A	C
NGUYÊN TỬ	140	CB	TYR	78	-49,396	23,395	-31,939	1,00	27,62	A	C
NGUYÊN TỬ	141	CG	TYR	78	-49,730	24,496	-30,967	1,00	29,17	A	C
NGUYÊN TỬ	142	CD1	TYR	78	-49,199	25,768	-31,128	1,00	29,25	A	C
NGUYÊN TỬ	143	CE1	TYR	78	-49,408	26,757	-30,183	1,00	31,96	A	C
NGUYÊN TỬ	144	CD2	TYR	78	-50,494	24,241	-29,837	1,00	28,93	A	C
NGUYÊN TỬ	145	CE2	TYR	78	-50,709	25,225	-28,880	1,00	32,16	A	C
NGUYÊN TỬ	146	CZ	TYR	78	-50,157	26,479	-29,057	1,00	32,47	A	C
NGUYÊN TỬ	147	OH	TYR	78	-50,305	27,440	-28,082	1,00	32,98	A	O
NGUYÊN TỬ	148	C	TYR	78	-47,840	21,552	-32,570	1,00	27,76	A	C
NGUYÊN TỬ	149	O	TYR	78	-47,154	21,834	-33,559	1,00	25,34	A	O
NGUYÊN TỬ	150	N	VAL	79	-48,343	20,343	-32,341	1,00	26,43	A	N

NGUYÊN TỬ	151	CA	VAL	79	-48,337	19,311	-33,357	1,00	27,54	A	C
NGUYÊN TỬ	152	CB	VAL	79	-48,010	17,921	-32,760	1,00	28,88	A	C
NGUYÊN TỬ	153	CG1	VAL	79	-48,012	16,871	-33,868	1,00	27,66	A	C
NGUYÊN TỬ	154	CG2	VAL	79	-46,666	17,959	-32,059	1,00	28,19	A	C
NGUYÊN TỬ	155	C	VAL	79	-49,726	19,259	-33,961	1,00	28,85	A	C
NGUYÊN TỬ	156	O	VAL	79	-50,712	18,983	-33,264	1,00	28,23	A	O
NGUYÊN TỬ	157	N	VAL	80	-49,807	19,534	-35,255	1,00	28,01	A	N
NGUYÊN TỬ	158	CA	VAL	80	-51,073	19,430	-35,960	1,00	28,18	A	C
NGUYÊN TỬ	159	CB	VAL	80	-51,194	20,529	-37,028	1,00	28,78	A	C
NGUYÊN TỬ	160	CG1	VAL	80	-52,524	20,404	-37,761	1,00	28,21	A	C
NGUYÊN TỬ	161	CG2	VAL	80	-51,061	21,904	-36,362	1,00	26,47	A	C
NGUYÊN TỬ	162	C	VAL	80	-51,126	18,063	-36,617	1,00	30,35	A	C
NGUYÊN TỬ	163	O	VAL	80	-50,352	17,769	-37,533	1,00	30,14	A	O
NGUYÊN TỬ	164	N	VAL	81	-52,024	17,215	-36,128	1,00	30,97	A	N
NGUYÊN TỬ	165	CA	VAL	81	-52,139	15,869	-36,657	1,00	32,26	A	C
NGUYÊN TỬ	166	CB	VAL	81	-52,423	14,850	-35,534	1,00	33,61	A	C
NGUYÊN TỬ	167	CG1	VAL	81	-52,529	13,441	-36,121	1,00	31,68	A	C
NGUYÊN TỬ	168	CG2	VAL	81	-51,316	14,915	-34,487	1,00	31,98	A	C
NGUYÊN TỬ	169	C	VAL	81	-53,271	15,838	-37,674	1,00	34,32	A	C
NGUYÊN TỬ	170	O	VAL	81	-54,400	16,235	-37,373	1,00	33,98	A	O
NGUYÊN TỬ	171	N	LEU	82	-52,955	15,387	-38,883	1,00	34,05	A	N
NGUYÊN TỬ	172	CA	LEU	82	-53,938	15,329	-39,961	1,00	37,51	A	C
NGUYÊN TỬ	173	CB	LEU	82	-53,260	15,638	-41,300	1,00	34,52	A	C
NGUYÊN TỬ	174	CG	LEU	82	-52,581	17,011	-41,323	1,00	34,04	A	C
NGUYÊN TỬ	175	CD1	LEU	82	-52,087	17,337	-42,720	1,00	33,14	A	C
NGUYÊN TỬ	176	CD2	LEU	82	-53,566	18,057	-40,857	1,00	33,19	A	C
NGUYÊN TỬ	177	C	LEU	82	-54,595	13,950	-40,009	1,00	39,40	A	C
NGUYÊN TỬ	178	O	LEU	82	-54,057	12,980	-39,475	1,00	38,11	A	O
NGUYÊN TỬ	179	N	LYS	83	-55,764	13,864	-40,634	1,00	44,40	A	N
NGUYÊN TỬ	180	CA	LYS	83	-56,464	12,586	-40,745	1,00	49,45	A	C
NGUYÊN TỬ	181	CB	LYS	83	-57,752	12,756	-41,550	1,00	50,92	A	C
NGUYÊN TỬ	182	CG	LYS	83	-58,854	13,495	-40,800	1,00	55,63	A	C
NGUYÊN TỬ	183	CD	LYS	83	-59,854	14,109	-41,767	1,00	59,44	A	C
NGUYÊN TỬ	184	CE	LYS	83	-60,934	14,899	-41,036	1,00	62,03	A	C
NGUYÊN TỬ	185	NZ	LYS	83	-61,717	15,751	-41,986	1,00	64,41	A	N
NGUYÊN TỬ	186	C	LYS	83	-55,560	11,562	-41,418	1,00	51,74	A	C
NGUYÊN TỬ	187	O	LYS	83	-54,770	11,901	-42,301	1,00	50,75	A	O
NGUYÊN TỬ	188	N	GLU	84	-55,663	10,309	-40,997	1,00	55,37	A	N
NGUYÊN TỬ	189	CA	GLU	84	-54,787	9,289	-41,549	1,00	60,52	A	C
NGUYÊN TỬ	190	CB	GLU	84	-54,910	7,985	-40,756	1,00	63,78	A	C
NGUYÊN TỬ	191	CG	GLU	84	-56,292	7,371	-40,753	1,00	69,97	A	C
NGUYÊN TỬ	192	CD	GLU	84	-56,295	5,986	-40,129	1,00	74,43	A	C
NGUYÊN TỬ	193	OE1	GLU	84	-57,294	5,631	-39,462	1,00	75,98	A	O
NGUYÊN TỬ	194	OE2	GLU	84	-55,293	5,254	-40,306	1,00	75,33	A	O
NGUYÊN TỬ	195	C	GLU	84	-55,110	9,052	-43,022	1,00	61,14	A	C
NGUYÊN TỬ	196	O	GLU	84	-56,248	9,246	-43,458	1,00	60,67	A	O
NGUYÊN TỬ	197	N	GLU	85	-54,089	8,649	-43,774	1,00	61,46	A	N
NGUYÊN TỬ	198	CA	GLU	85	-54,163	8,519	-45,227	1,00	63,36	A	C
NGUYÊN TỬ	199	CB	GLU	85	-55,532	7,980	-45,662	1,00	67,22	A	C
NGUYÊN TỬ	200	CG	GLU	85	-55,846	6,597	-45,096	1,00	73,81	A	C
NGUYÊN TỬ	201	CD	GLU	85	-56,946	5,875	-45,858	1,00	78,53	A	C
NGUYÊN TỬ	202	OE1	GLU	85	-57,733	6,545	-46,567	1,00	80,96	A	O
NGUYÊN TỬ	203	OE2	GLU	85	-57,022	4,630	-45,745	1,00	80,38	A	O
NGUYÊN TỬ	204	C	GLU	85	-53,865	9,835	-45,944	1,00	61,28	A	C
NGUYÊN TỬ	205	O	GLU	85	-53,744	9,869	-47,172	1,00	61,77	A	O
NGUYÊN TỬ	206	N	THR	86	-53,735	10,917	-45,181	1,00	57,81	A	N
NGUYÊN TỬ	207	CA	THR	86	-53,256	12,173	-45,746	1,00	54,38	A	C
NGUYÊN TỬ	208	CB	THR	86	-53,297	13,312	-44,701	1,00	52,95	A	C
NGUYÊN TỬ	209	OG1	THR	86	-54,654	13,549	-44,307	1,00	50,34	A	O
NGUYÊN TỬ	210	CG2	THR	86	-52,720	14,593	-45,281	1,00	50,02	A	C
NGUYÊN TỬ	211	C	THR	86	-51,821	11,989	-46,243	1,00	53,59	A	C
NGUYÊN TỬ	212	O	THR	86	-50,973	11,435	-45,539	1,00	52,24	A	O
NGUYÊN TỬ	213	N	HIS	87	-51,562	12,442	-47,466	1,00	52,07	A	N
NGUYÊN TỬ	214	CA	HIS	87	-50,250	12,287	-48,084	1,00	51,71	A	C
NGUYÊN TỬ	215	CB	HIS	87	-50,401	12,183	-49,605	1,00	55,85	A	C
NGUYÊN TỬ	216	CG	HIS	87	-51,185	10,986	-50,052	1,00	63,40	A	C
NGUYÊN TỬ	217	CD2	HIS	87	-52,429	10,880	-50,579	1,00	64,75	A	C
NGUYÊN TỬ	218	ND1	HIS	87	-50,690	9,700	-49,975	1,00	65,63	A	N
NGUYÊN TỬ	219	CE1	HIS	87	-51,597	8,854	-50,434	1,00	66,35	A	C
NGUYÊN TỬ	220	NE2	HIS	87	-52,660	9,544	-50,807	1,00	65,74	A	N
NGUYÊN TỬ	221	C	HIS	87	-49,312	13,445	-47,732	1,00	48,81	A	C
NGUYÊN TỬ	222	O	HIS	87	-49,760	14,519	-47,319	1,00	47,37	A	O
NGUYÊN TỬ	223	N	LEU	88	-48,011	13,213	-47,896	1,00	46,04	A	N
NGUYÊN TỬ	224	CA	LEU	88	-46,992	14,193	-47,536	1,00	44,77	A	C
NGUYÊN TỬ	225	CB	LEU	88	-45,601	13,697	-47,944	1,00	43,47	A	C
NGUYÊN TỬ	226	CG	LEU	88	-44,448	14,702	-47,814	1,00	44,24	A	C

NGUYÊN TỬ	227	CD1	LEU	88	-44,344	15,214	-46,379	1,00	40,89	A	C
NGUYÊN TỬ	228	CD2	LEU	88	-43,149	14,037	-48,245	1,00	42,45	A	C
NGUYÊN TỬ	229	C	LEU	88	-47,250	15,548	-48,176	1,00	43,96	A	C
NGUYÊN TỬ	230	O	LEU	88	-47,167	16,583	-47,508	1,00	42,78	A	O
NGUYÊN TỬ	231	N	SER	89	-47,568	15,543	-49,467	1,00	43,13	A	N
NGUYÊN TỬ	232	CA	SER	89	-47,769	16,797	-50,187	1,00	43,67	A	C
NGUYÊN TỬ	233	CB	SER	89	-47,949	16,537	-51,691	1,00	43,34	A	C
NGUYÊN TỬ	234	OG	SER	89	-48,935	15,547	-51,926	1,00	47,73	A	O
NGUYÊN TỬ	235	C	SER	89	-48,968	17,560	-49,634	1,00	41,76	A	C
NGUYÊN TỬ	236	O	SER	89	-48,992	18,786	-49,663	1,00	43,20	A	O
NGUYÊN TỬ	237	N	GLN	90	-49,954	16,836	-49,116	1,00	40,72	A	N
NGUYÊN TỬ	238	CA	GLN	90	-51,101	17,471	-48,471	1,00	41,68	A	C
NGUYÊN TỬ	239	CB	GLN	90	-52,241	16,452	-48,289	1,00	45,43	A	C
NGUYÊN TỬ	240	CG	GLN	90	-52,820	15,904	-49,606	1,00	51,25	A	C
NGUYÊN TỬ	241	CD	GLN	90	-53,850	14,789	-49,394	1,00	54,98	A	C
NGUYÊN TỬ	242	OE1	GLN	90	-53,500	13,650	-49,059	1,00	54,79	A	O
NGUYÊN TỬ	243	NE2	GLN	90	-55,127	15,117	-49,589	1,00	54,36	A	N
NGUYÊN TỬ	244	C	GLN	90	-50,737	18,100	-47,114	1,00	39,35	A	C
NGUYÊN TỬ	245	O	GLN	90	-51,158	19,219	-46,820	1,00	38,00	A	O
NGUYÊN TỬ	246	N	SER	91	-49,960	17,388	-46,297	1,00	36,66	A	N
NGUYÊN TỬ	247	CA	SER	91	-49,456	17,947	-45,037	1,00	36,04	A	C
NGUYÊN TỬ	248	CB	SER	91	-48,607	16,919	-44,289	1,00	36,68	A	C
NGUYÊN TỬ	249	OG	SER	91	-49,340	15,738	-44,034	1,00	45,07	A	O
NGUYÊN TỬ	250	C	SER	91	-48,596	19,173	-45,311	1,00	34,52	A	C
NGUYÊN TỬ	251	O	SER	91	-48,730	20,197	-44,648	1,00	31,21	A	O
NGUYÊN TỬ	252	N	GLU	92	-47,711	19,056	-46,296	1,00	34,78	A	N
NGUYÊN TỬ	253	CA	GLU	92	-46,823	20,147	-46,664	1,00	37,08	A	C
NGUYÊN TỬ	254	CB	GLU	92	-45,942	19,724	-47,847	1,00	37,84	A	C
NGUYÊN TỬ	255	CG	GLU	92	-44,600	20,442	-47,938	1,00	42,08	A	C
NGUYÊN TỬ	256	CD	GLU	92	-44,680	21,789	-48,662	1,00	43,83	A	C
NGUYÊN TỬ	257	OE1	GLU	92	-43,855	22,689	-48,358	1,00	38,38	A	O
NGUYÊN TỬ	258	OE2	GLU	92	-45,566	21,940	-49,539	1,00	45,37	A	O
NGUYÊN TỬ	259	C	GLU	92	-47,649	21,386	-47,028	1,00	37,77	A	C
NGUYÊN TỬ	260	O	GLU	92	-47,367	22,486	-46,549	1,00	36,08	A	O
NGUYÊN TỬ	261	N	ARG	93	-48,680	21,200	-47,855	1,00	37,72	A	N
NGUYÊN TỬ	262	CA	ARG	93	-49,527	22,313	-48,300	1,00	37,76	A	C
NGUYÊN TỬ	263	CB	ARG	93	-50,435	21,876	-49,457	1,00	39,31	A	C
NGUYÊN TỬ	264	CG	ARG	93	-49,726	21,788	-50,808	1,00	46,60	A	C
NGUYÊN TỬ	265	CD	ARG	93	-50,717	21,579	-51,963	1,00	52,39	A	C
NGUYÊN TỬ	266	NE	ARG	93	-50,750	20,189	-52,419	1,00	56,69	A	N
NGUYÊN TỬ	267	CZ	ARG	93	-51,698	19,309	-52,098	1,00	58,62	A	C
NGUYÊN TỬ	268	NH1	ARG	93	-51,630	18,066	-52,563	1,00	58,46	A	N
NGUYÊN TỬ	269	NH2	ARG	93	-52,715	19,667	-51,319	1,00	59,41	A	N
NGUYÊN TỬ	270	C	ARG	93	-50,387	22,891	-47,181	1,00	35,91	A	C
NGUYÊN TỬ	271	O	ARG	93	-50,610	24,097	-47,121	1,00	36,85	A	O
NGUYÊN TỬ	272	N	THR	94	-50,869	22,034	-46,292	1,00	34,43	A	N
NGUYÊN TỬ	273	CA	THR	94	-51,674	22,500	-45,173	1,00	34,17	A	C
NGUYÊN TỬ	274	CB	THR	94	-52,275	21,305	-44,401	1,00	35,39	A	C
NGUYÊN TỬ	275	OG1	THR	94	-53,069	20,519	-45,297	1,00	35,45	A	O
NGUYÊN TỬ	276	CG2	THR	94	-53,159	21,789	-43,246	1,00	33,36	A	C
NGUYÊN TỬ	277	C	THR	94	-50,843	23,370	-44,218	1,00	34,67	A	C
NGUYÊN TỬ	278	O	THR	94	-51,341	24,355	-43,673	1,00	34,08	A	O
NGUYÊN TỬ	279	N	ALA	95	-49,574	23,019	-44,031	1,00	33,89	A	N
NGUYÊN TỬ	280	CA	ALA	95	-48,687	23,832	-43,203	1,00	35,56	A	C
NGUYÊN TỬ	281	CB	ALA	95	-47,331	23,137	-43,037	1,00	32,25	A	C
NGUYÊN TỬ	282	C	ALA	95	-48,496	25,225	-43,816	1,00	36,52	A	C
NGUYÊN TỬ	283	O	ALA	95	-48,536	26,234	-43,107	1,00	35,42	A	O
NGUYÊN TỬ	284	N	ARG	96	-48,297	25,280	-45,132	1,00	36,12	A	N
NGUYÊN TỬ	285	CA	ARG	96	-48,094	26,559	-45,807	1,00	38,95	A	C
NGUYÊN TỬ	286	CB	ARG	96	-47,563	26,342	-47,234	1,00	37,87	A	C
NGUYÊN TỬ	287	CG	ARG	96	-46,128	25,808	-47,253	1,00	40,62	A	C
NGUYÊN TỬ	288	CD	ARG	96	-45,424	26,077	-48,575	1,00	41,07	A	C
NGUYÊN TỬ	289	NE	ARG	96	-44,078	25,501	-48,616	1,00	41,43	A	N
NGUYÊN TỬ	290	CZ	ARG	96	-42,998	26,079	-48,093	1,00	41,81	A	C
NGUYÊN TỬ	291	NH1	ARG	96	-41,814	25,485	-48,180	1,00	41,20	A	N
NGUYÊN TỬ	292	NH2	ARG	96	-43,096	27,252	-47,481	1,00	39,73	A	N
NGUYÊN TỬ	293	C	ARG	96	-49,383	27,372	-45,841	1,00	39,48	A	C
NGUYÊN TỬ	294	O	ARG	96	-49,357	28,604	-45,812	1,00	39,37	A	O
NGUYÊN TỬ	295	N	ARG	97	-50,512	26,676	-45,885	1,00	39,22	A	N
NGUYÊN TỬ	296	CA	ARG	97	-51,805	27,334	-45,815	1,00	41,01	A	C
NGUYÊN TỬ	297	CB	ARG	97	-52,915	26,305	-46,028	1,00	45,31	A	C
NGUYÊN TỬ	298	CG	ARG	97	-54,299	26,890	-46,199	1,00	52,12	A	C
NGUYÊN TỬ	299	CD	ARG	97	-55,098	26,064	-47,200	1,00	60,48	A	C
NGUYÊN TỬ	300	NE	ARG	97	-56,533	26,107	-46,930	1,00	66,20	A	N
NGUYÊN TỬ	301	CZ	ARG	97	-57,321	27,138	-47,226	1,00	68,21	A	C
NGUYÊN TỬ	302	NH1	ARG	97	-58,617	27,084	-46,940	1,00	68,65	A	N

NGUYÊN TỬ	303	NH2	ARG	97	-56,813	28,223	-47,803	1,00	70,24	A	N
NGUYÊN TỬ	304	C	ARG	97	-51,979	28,026	-44,460	1,00	39,37	A	C
NGUYÊN TỬ	305	O	ARG	97	-52,377	29,190	-44,393	1,00	38,18	A	O
NGUYÊN TỬ	306	N	LEU	98	-51,674	27,311	-43,381	1,00	37,41	A	N
NGUYÊN TỬ	307	CA	LEU	98	-51,764	27,897	-42,050	1,00	35,51	A	C
NGUYÊN TỬ	308	CB	LEU	98	-51,356	26,884	-40,977	1,00	34,36	A	C
NGUYÊN TỬ	309	CG	LEU	98	-51,216	27,460	-39,563	1,00	36,07	A	C
NGUYÊN TỬ	310	CD1	LEU	98	-52,558	28,003	-39,099	1,00	35,97	A	C
NGUYÊN TỬ	311	CD2	LEU	98	-50,727	26,386	-38,604	1,00	36,03	A	C
NGUYÊN TỬ	312	C	LEU	98	-50,862	29,122	-41,961	1,00	35,38	A	C
NGUYÊN TỬ	313	O	LEU	98	-51,275	30,158	-41,446	1,00	33,36	A	O
NGUYÊN TỬ	314	N	GLN	99	-49,635	29,007	-42,469	1,00	34,49	A	N
NGUYÊN TỬ	315	CA	GLN	99	-48,693	30,123	-42,409	1,00	37,42	A	C
NGUYÊN TỬ	316	CB	GLN	99	-47,359	29,745	-43,061	1,00	38,96	A	C
NGUYÊN TỬ	317	CG	GLN	99	-46,377	29,034	-42,146	1,00	40,19	A	C
NGUYÊN TỬ	318	CD	GLN	99	-44,931	29,254	-42,564	1,00	41,88	A	C
NGUYÊN TỬ	319	OE1	GLN	99	-44,540	28,924	-43,683	1,00	41,48	A	O
NGUYÊN TỬ	320	NE2	GLN	99	-44,129	29,816	-41,661	1,00	40,56	A	N
NGUYÊN TỬ	321	C	GLN	99	-49,248	31,371	-43,099	1,00	38,67	A	C
NGUYÊN TỬ	322	O	GLN	99	-49,136	32,484	-42,577	1,00	38,83	A	O
NGUYÊN TỬ	323	N	ALA	100	-49,844	31,179	-44,273	1,00	39,11	A	N
NGUYÊN TỬ	324	CA	ALA	100	-50,344	32,293	-45,074	1,00	40,09	A	C
NGUYÊN TỬ	325	CB	ALA	100	-50,704	31,814	-46,483	1,00	38,16	A	C
NGUYÊN TỬ	326	C	ALA	100	-51,558	32,935	-44,416	1,00	40,78	A	C
NGUYÊN TỬ	327	O	ALA	100	-51,685	34,160	-44,396	1,00	41,97	A	O
NGUYÊN TỬ	328	N	GLN	101	-52,447	32,113	-43,870	1,00	39,41	A	N
NGUYÊN TỬ	329	CA	GLN	101	-53,600	32,644	-43,160	1,00	39,71	A	C
NGUYÊN TỬ	330	CB	GLN	101	-54,533	31,518	-42,724	1,00	38,98	A	C
NGUYÊN TỬ	331	CG	GLN	101	-55,204	30,803	-43,877	1,00	41,93	A	C
NGUYÊN TỬ	332	CD	GLN	101	-56,129	29,706	-43,405	1,00	44,37	A	C
NGUYÊN TỬ	333	OE1	GLN	101	-56,874	29,125	-44,192	1,00	45,91	A	O
NGUYÊN TỬ	334	NE2	GLN	101	-56,089	29,417	-42,109	1,00	44,36	A	N
NGUYÊN TỬ	335	C	GLN	101	-53,174	33,447	-41,940	1,00	40,25	A	C
NGUYÊN TỬ	336	O	GLN	101	-53,731	34,512	-41,671	1,00	42,25	A	O
NGUYÊN TỬ	337	N	ALA	102	-52,190	32,942	-41,203	1,00	38,45	A	N
NGUYÊN TỬ	338	CA	ALA	102	-51,734	33,620	-39,993	1,00	37,78	A	C
NGUYÊN TỬ	339	CB	ALA	102	-50,782	32,710	-39,198	1,00	35,08	A	C
NGUYÊN TỬ	340	C	ALA	102	-51,037	34,934	-40,346	1,00	37,94	A	C
NGUYÊN TỬ	341	O	ALA	102	-51,148	35,924	-39,615	1,00	37,67	A	O
NGUYÊN TỬ	342	N	ALA	103	-50,321	34,940	-41,467	1,00	37,12	A	N
NGUYÊN TỬ	343	CA	ALA	103	-49,589	36,127	-41,901	1,00	39,38	A	C
NGUYÊN TỬ	344	CB	ALA	103	-48,705	35,787	-43,098	1,00	38,54	A	C
NGUYÊN TỬ	345	C	ALA	103	-50,549	37,259	-42,268	1,00	41,97	A	C
NGUYÊN TỬ	346	O	ALA	103	-50,268	38,437	-42,012	1,00	41,53	A	O
NGUYÊN TỬ	347	N	ARG	104	-51,682	36,897	-42,864	1,00	42,63	A	N
NGUYÊN TỬ	348	CA	ARG	104	-52,688	37,879	-43,245	1,00	43,83	A	C
NGUYÊN TỬ	349	CB	ARG	104	-53,755	37,233	-44,139	1,00	43,90	A	C
NGUYÊN TỬ	350	CG	ARG	104	-53,228	36,835	-45,513	1,00	45,54	A	C
NGUYÊN TỬ	351	CD	ARG	104	-54,345	36,651	-46,528	1,00	48,21	A	C
NGUYÊN TỬ	352	NE	ARG	104	-55,256	35,566	-46,168	1,00	53,08	A	N
NGUYÊN TỬ	353	CZ	ARG	104	-55,105	34,300	-46,558	1,00	54,45	A	C
NGUYÊN TỬ	354	NH1	ARG	104	-55,984	33,379	-46,184	1,00	53,80	A	N
NGUYÊN TỬ	355	NH2	ARG	104	-54,073	33,952	-47,320	1,00	52,89	A	N
NGUYÊN TỬ	356	C	ARG	104	-53,340	38,507	-42,018	1,00	44,46	A	C
NGUYÊN TỬ	357	O	ARG	104	-53,924	39,589	-42,105	1,00	46,11	A	O
NGUYÊN TỬ	358	N	ARG	105	-53,232	37,834	-40,874	1,00	43,03	A	N
NGUYÊN TỬ	359	CA	ARG	105	-53,775	38,365	-39,630	1,00	40,77	A	C
NGUYÊN TỬ	360	CB	ARG	105	-54,477	37,259	-38,845	1,00	43,29	A	C
NGUYÊN TỬ	361	CG	ARG	105	-55,681	36,688	-39,562	1,00	45,71	A	C
NGUYÊN TỬ	362	CD	ARG	105	-56,288	35,538	-38,794	1,00	50,02	A	C
NGUYÊN TỬ	363	NE	ARG	105	-57,613	35,199	-39,305	1,00	54,91	A	N
NGUYÊN TỬ	364	CZ	ARG	105	-57,854	34,793	-40,549	1,00	59,39	A	C
NGUYÊN TỬ	365	NH1	ARG	105	-59,096	34,507	-40,919	1,00	61,37	A	N
NGUYÊN TỬ	366	NH2	ARG	105	-56,859	34,672	-41,427	1,00	58,64	A	N
NGUYÊN TỬ	367	C	ARG	105	-52,704	39,007	-38,763	1,00	40,45	A	C
NGUYÊN TỬ	368	O	ARG	105	-52,958	39,360	-37,610	1,00	41,05	A	O
NGUYÊN TỬ	369	N	GLY	106	-51,506	39,156	-39,320	1,00	40,26	A	N
NGUYÊN TỬ	370	CA	GLY	106	-50,439	39,843	-38,615	1,00	42,36	A	C
NGUYÊN TỬ	371	C	GLY	106	-49,558	38,965	-37,734	1,00	43,39	A	C
NGUYÊN TỬ	372	O	GLY	106	-48,806	39,476	-36,896	1,00	41,65	A	O
NGUYÊN TỬ	373	N	TYR	107	-49,642	37,648	-37,915	1,00	43,64	A	N
NGUYÊN TỬ	374	CA	TYR	107	-48,869	36,719	-37,088	1,00	43,17	A	C
NGUYÊN TỬ	375	CB	TYR	107	-49,783	35,631	-36,521	1,00	42,03	A	C
NGUYÊN TỬ	376	CG	TYR	107	-50,728	36,113	-35,444	1,00	42,50	A	C
NGUYÊN TỬ	377	CD1	TYR	107	-50,404	35,976	-34,097	1,00	41,77	A	C
NGUYÊN TỬ	378	CE1	TYR	107	-51,274	36,385	-33,105	1,00	41,27	A	C

NGUYÊN TỬ	379	CD2	TYR	107	-51,955	36,679	-35,770	1,00	41,20	A	C
NGUYÊN TỬ	380	CE2	TYR	107	-52,835	37,092	-34,782	1,00	40,76	A	C
NGUYÊN TỬ	381	CZ	TYR	107	-52,490	36,941	-33,452	1,00	42,29	A	C
NGUYÊN TỬ	382	OH	TYR	107	-53,364	37,337	-32,463	1,00	42,42	A	O
NGUYÊN TỬ	383	C	TYR	107	-47,719	36,059	-37,842	1,00	42,45	A	C
NGUYÊN TỬ	384	O	TYR	107	-47,907	35,508	-38,926	1,00	42,84	A	O
NGUYÊN TỬ	385	N	LEU	108	-46,528	36,115	-37,259	1,00	42,23	A	N
NGUYÊN TỬ	386	CA	LEU	108	-45,416	35,300	-37,728	1,00	43,15	A	C
NGUYÊN TỬ	387	CB	LEU	108	-44,090	35,880	-37,237	1,00	46,35	A	C
NGUYÊN TỬ	388	CG	LEU	108	-42,840	35,075	-37,603	1,00	50,90	A	C
NGUYÊN TỬ	389	CD1	LEU	108	-42,631	35,119	-39,111	1,00	51,51	A	C
NGUYÊN TỬ	390	CD2	LEU	108	-41,625	35,650	-36,885	1,00	52,89	A	C
NGUYÊN TỬ	391	C	LEU	108	-45,581	33,878	-37,189	1,00	41,70	A	C
NGUYÊN TỬ	392	O	LEU	108	-45,960	33,690	-36,031	1,00	42,13	A	O
NGUYÊN TỬ	393	N	THR	109	-45,314	32,881	-38,030	1,00	37,66	A	N
NGUYÊN TỬ	394	CA	THR	109	-45,293	31,495	-37,574	1,00	35,85	A	C
NGUYÊN TỬ	395	CB	THR	109	-46,585	30,736	-37,972	1,00	34,84	A	C
NGUYÊN TỬ	396	OG1	THR	109	-46,667	30,637	-39,400	1,00	35,33	A	O
NGUYÊN TỬ	397	CG2	THR	109	-47,812	31,465	-37,451	1,00	34,18	A	C
NGUYÊN TỬ	398	C	THR	109	-44,095	30,767	-38,174	1,00	35,46	A	C
NGUYÊN TỬ	399	O	THR	109	-43,532	31,204	-39,178	1,00	34,99	A	O
NGUYÊN TỬ	400	N	LYS	110	-43,699	29,662	-37,551	1,00	34,81	A	N
NGUYÊN TỬ	401	CA	LYS	110	-42,624	28,837	-38,086	1,00	34,79	A	C
NGUYÊN TỬ	402	CB	LYS	110	-41,374	28,961	-37,217	1,00	38,01	A	C
NGUYÊN TỬ	403	CG	LYS	110	-40,739	30,336	-37,252	1,00	44,73	A	C
NGUYÊN TỬ	404	CD	LYS	110	-39,687	30,494	-36,164	1,00	51,66	A	C
NGUYÊN TỬ	405	CE	LYS	110	-39,100	31,906	-36,163	1,00	57,04	A	C
NGUYÊN TỬ	406	NZ	LYS	110	-38,261	32,179	-34,953	1,00	60,67	A	N
NGUYÊN TỬ	407	C	LYS	110	-43,044	27,379	-38,169	1,00	33,48	A	C
NGUYÊN TỬ	408	O	LYS	110	-43,505	26,798	-37,182	1,00	30,94	A	O
NGUYÊN TỬ	409	N	ILE	111	-42,891	26,794	-39,355	1,00	31,38	A	N
NGUYÊN TỬ	410	CA	ILE	111	-43,033	25,352	-39,502	1,00	29,98	A	C
NGUYÊN TỬ	411	CB	ILE	111	-43,366	24,953	-40,965	1,00	30,23	A	C
NGUYÊN TỬ	412	CG2	ILE	111	-43,548	23,447	-41,065	1,00	27,09	A	C
NGUYÊN TỬ	413	CG1	ILE	111	-44,646	25,652	-41,423	1,00	30,09	A	C
NGUYÊN TỬ	414	CD1	ILE	111	-45,821	25,410	-40,511	1,00	30,43	A	C
NGUYÊN TỬ	415	C	ILE	111	-41,689	24,745	-39,118	1,00	28,90	A	C
NGUYÊN TỬ	416	O	ILE	111	-40,673	25,036	-39,745	1,00	28,53	A	O
NGUYÊN TỬ	417	N	LEU	112	-41,680	23,909	-38,087	1,00	28,45	A	N
NGUYÊN TỬ	418	CA	LEU	112	-40,429	23,359	-37,587	1,00	27,85	A	C
NGUYÊN TỬ	419	CB	LEU	112	-40,487	23,232	-36,061	1,00	28,31	A	C
NGUYÊN TỬ	420	CG	LEU	112	-40,736	24,527	-35,266	1,00	29,90	A	C
NGUYÊN TỬ	421	CD1	LEU	112	-40,836	24,200	-33,780	1,00	27,40	A	C
NGUYÊN TỬ	422	CD2	LEU	112	-39,608	25,527	-35,517	1,00	25,41	A	C
NGUYÊN TỬ	423	C	LEU	112	-40,136	22,001	-38,209	1,00	28,75	A	C
NGUYÊN TỬ	424	O	LEU	112	-38,976	21,588	-38,297	1,00	28,71	A	O
NGUYÊN TỬ	425	N	HIS	113	-41,192	21,314	-38,645	1,00	28,46	A	N
NGUYÊN TỬ	426	CA	HIS	113	-41,075	19,943	-39,129	1,00	29,20	A	C
NGUYÊN TỬ	427	CB	HIS	113	-40,758	19,009	-37,954	1,00	29,04	A	C
NGUYÊN TỬ	428	CG	HIS	113	-40,325	17,638	-38,367	1,00	29,50	A	C
NGUYÊN TỬ	429	CD2	HIS	113	-41,039	16,519	-38,639	1,00	30,05	A	C
NGUYÊN TỬ	430	ND1	HIS	113	-38,999	17,296	-38,533	1,00	31,19	A	N
NGUYÊN TỬ	431	CE1	HIS	113	-38,915	16,026	-38,890	1,00	29,33	A	C
NGUYÊN TỬ	432	NE2	HIS	113	-40,139	15,532	-38,962	1,00	30,67	A	N
NGUYÊN TỬ	433	C	HIS	113	-42,377	19,500	-39,796	1,00	29,37	A	C
NGUYÊN TỬ	434	O	HIS	113	-43,461	19,850	-39,336	1,00	30,57	A	O
NGUYÊN TỬ	435	N	VAL	114	-42,277	18,730	-40,874	1,00	28,34	A	N
NGUYÊN TỬ	436	CA	VAL	114	-43,460	18,116	-41,461	1,00	28,24	A	C
NGUYÊN TỬ	437	CB	VAL	114	-43,648	18,545	-42,950	1,00	29,58	A	C
NGUYÊN TỬ	438	CG1	VAL	114	-44,890	17,869	-43,556	1,00	24,77	A	C
NGUYÊN TỬ	439	CG2	VAL	114	-43,802	20,055	-43,027	1,00	25,34	A	C
NGUYÊN TỬ	440	C	VAL	114	-43,320	16,606	-41,363	1,00	30,01	A	C
NGUYÊN TỬ	441	O	VAL	114	-42,368	16,031	-41,883	1,00	30,39	A	O
NGUYÊN TỬ	442	N	PHE	115	-44,267	15,971	-40,679	1,00	31,76	A	N
NGUYÊN TỬ	443	CA	PHE	115	-44,191	14,543	-40,424	1,00	35,74	A	C
NGUYÊN TỬ	444	CB	PHE	115	-45,024	14,170	-39,198	1,00	33,99	A	C
NGUYÊN TỬ	445	CG	PHE	115	-44,490	14,724	-37,909	1,00	34,95	A	C
NGUYÊN TỬ	446	CD1	PHE	115	-44,984	15,915	-37,391	1,00	33,81	A	C
NGUYÊN TỬ	447	CD2	PHE	115	-43,491	14,054	-37,212	1,00	33,75	A	C
NGUYÊN TỬ	448	CE1	PHE	115	-44,490	16,432	-36,195	1,00	33,67	A	C
NGUYÊN TỬ	449	CE2	PHE	115	-42,992	14,562	-36,019	1,00	32,89	A	C
NGUYÊN TỬ	450	CZ	PHE	115	-43,494	15,757	-35,509	1,00	33,21	A	C
NGUYÊN TỬ	451	C	PHE	115	-44,679	13,738	-41,615	1,00	40,69	A	C
NGUYÊN TỬ	452	O	PHE	115	-45,672	14,089	-42,257	1,00	42,29	A	O
NGUYÊN TỬ	453	N	HIS	116	-43,967	12,656	-41,902	1,00	45,48	A	N
NGUYÊN TỬ	454	CA	HIS	116	-44,434	11,637	-42,830	1,00	51,72	A	C

NGUYÊN TỬ	455	CB	HIS	116	-44,084	12,017	-44,279	1,00	55,93	A	C
NGUYÊN TỬ	456	CG	HIS	116	-42,638	12,353	-44,495	1,00	62,52	A	C
NGUYÊN TỬ	457	CD2	HIS	116	-41,911	13,443	-44,143	1,00	65,77	A	C
NGUYÊN TỬ	458	ND1	HIS	116	-41,775	11,528	-45,187	1,00	65,95	A	N
NGUYÊN TỬ	459	CE1	HIS	116	-40,582	12,096	-45,255	1,00	67,64	A	C
NGUYÊN TỬ	460	NE2	HIS	116	-40,638	13,260	-44,630	1,00	66,85	A	N
NGUYÊN TỬ	461	C	HIS	116	-43,776	10,314	-42,461	1,00	53,18	A	C
NGUYÊN TỬ	462	O	HIS	116	-42,587	10,270	-42,142	1,00	53,78	A	O
NGUYÊN TỬ	463	N	GLY	117	-44,552	9,237	-42,497	1,00	54,01	A	N
NGUYÊN TỬ	464	CA	GLY	117	-43,996	7,932	-42,198	1,00	55,08	A	C
NGUYÊN TỬ	465	C	GLY	117	-44,538	7,307	-40,927	1,00	55,76	A	C
NGUYÊN TỬ	466	O	GLY	117	-44,749	6,093	-40,868	1,00	58,44	A	O
NGUYÊN TỬ	467	N	LEU	118	-44,763	8,122	-39,903	1,00	54,93	A	N
NGUYÊN TỬ	468	CA	LEU	118	-45,369	7,626	-38,676	1,00	54,61	A	C
NGUYÊN TỬ	469	CB	LEU	118	-44,501	7,993	-37,470	1,00	54,38	A	C
NGUYÊN TỬ	470	CG	LEU	118	-44,413	6,966	-36,338	1,00	53,70	A	C
NGUYÊN TỬ	471	CD1	LEU	118	-43,981	5,612	-36,888	1,00	53,81	A	C
NGUYÊN TỬ	472	CD2	LEU	118	-43,423	7,449	-35,300	1,00	54,71	A	C
NGUYÊN TỬ	473	C	LEU	118	-46,755	8,238	-38,526	1,00	54,27	A	C
NGUYÊN TỬ	474	O	LEU	118	-47,759	7,530	-38,530	1,00	57,04	A	O
NGUYÊN TỬ	475	N	LEU	119	-46,802	9,559	-38,397	1,00	52,23	A	N
NGUYÊN TỬ	476	CA	LEU	119	-48,061	10,289	-38,399	1,00	49,64	A	C
NGUYÊN TỬ	477	CB	LEU	119	-48,289	10,982	-37,050	1,00	52,24	A	C
NGUYÊN TỬ	478	CG	LEU	119	-48,274	10,081	-35,808	1,00	57,18	A	C
NGUYÊN TỬ	479	CD1	LEU	119	-48,778	10,861	-34,599	1,00	55,90	A	C
NGUYÊN TỬ	480	CD2	LEU	119	-49,146	8,844	-36,045	1,00	57,99	A	C
NGUYÊN TỬ	481	C	LEU	119	-47,994	11,336	-39,501	1,00	46,53	A	C
NGUYÊN TỬ	482	O	LEU	119	-46,925	11,861	-39,808	1,00	46,48	A	O
NGUYÊN TỬ	483	N	PRO	120	-49,134	11,634	-40,127	1,00	42,44	A	N
NGUYÊN TỬ	484	CD	PRO	120	-50,381	10,850	-40,113	1,00	43,27	A	C
NGUYÊN TỬ	485	CA	PRO	120	-49,213	12,766	-41,047	1,00	40,39	A	C
NGUYÊN TỬ	486	CB	PRO	120	-50,352	12,380	-41,986	1,00	41,28	A	C
NGUYÊN TỬ	487	CG	PRO	120	-51,269	11,576	-41,117	1,00	42,77	A	C
NGUYÊN TỬ	488	C	PRO	120	-49,510	14,053	-40,281	1,00	36,94	A	C
NGUYÊN TỬ	489	O	PRO	120	-50,454	14,115	-39,494	1,00	35,42	A	O
NGUYÊN TỬ	490	N	GLY	121	-48,709	15,080	-40,524	1,00	34,63	A	N
NGUYÊN TỬ	491	CA	GLY	121	-48,946	16,355	-39,877	1,00	33,37	A	C
NGUYÊN TỬ	492	C	GLY	121	-47,703	17,217	-39,859	1,00	32,35	A	C
NGUYÊN TỬ	493	O	GLY	121	-46,770	17,017	-40,649	1,00	31,71	A	O
NGUYÊN TỬ	494	N	PHE	122	-47,678	18,189	-38,960	1,00	29,96	A	N
NGUYÊN TỬ	495	CA	PHE	122	-46,524	19,062	-38,876	1,00	29,31	A	C
NGUYÊN TỬ	496	CB	PHE	122	-46,594	20,142	-39,967	1,00	26,41	A	C
NGUYÊN TỬ	497	CG	PHE	122	-47,862	20,952	-39,947	1,00	27,75	A	C
NGUYÊN TỬ	498	CD1	PHE	122	-47,950	22,110	-39,188	1,00	26,81	A	C
NGUYÊN TỬ	499	CD2	PHE	122	-48,951	20,582	-40,726	1,00	29,77	A	C
NGUYÊN TỬ	500	CE1	PHE	122	-49,094	22,893	-39,204	1,00	28,13	A	C
NGUYÊN TỬ	501	CE2	PHE	122	-50,104	21,358	-40,750	1,00	29,99	A	C
NGUYÊN TỬ	502	CZ	PHE	122	-50,171	22,519	-39,984	1,00	31,24	A	C
NGUYÊN TỬ	503	C	PHE	122	-46,397	19,697	-37,506	1,00	29,39	A	C
NGUYÊN TỬ	504	O	PHE	122	-47,327	19,652	-36,694	1,00	29,97	A	O
NGUYÊN TỬ	505	N	LEU	123	-45,224	20,273	-37,260	1,00	28,83	A	N
NGUYÊN TỬ	506	CA	LEU	123	-44,905	20,916	-35,996	1,00	28,28	A	C
NGUYÊN TỬ	507	CB	LEU	123	-43,564	20,388	-35,475	1,00	27,66	A	C
NGUYÊN TỬ	508	CG	LEU	123	-43,059	20,877	-34,115	1,00	29,62	A	C
NGUYÊN TỬ	509	CD1	LEU	123	-44,026	20,443	-33,014	1,00	28,28	A	C
NGUYÊN TỬ	510	CD2	LEU	123	-41,672	20,302	-33,859	1,00	27,46	A	C
NGUYÊN TỬ	511	C	LEU	123	-44,803	22,405	-36,288	1,00	29,10	A	C
NGUYÊN TỬ	512	O	LEU	123	-44,065	22,816	-37,189	1,00	29,03	A	O
NGUYÊN TỬ	513	N	VAL	124	-45,550	23,213	-35,542	1,00	27,38	A	N
NGUYÊN TỬ	514	CA	VAL	124	-45,576	24,643	-35,802	1,00	26,87	A	C
NGUYÊN TỬ	515	CB	VAL	124	-46,916	25,073	-36,456	1,00	26,05	A	C
NGUYÊN TỬ	516	CG1	VAL	124	-48,076	24,763	-35,536	1,00	24,54	A	C
NGUYÊN TỬ	517	CG2	VAL	124	-46,889	26,561	-36,776	1,00	28,03	A	C
NGUYÊN TỬ	518	C	VAL	124	-45,363	25,447	-34,526	1,00	29,30	A	C
NGUYÊN TỬ	519	O	VAL	124	-45,985	25,179	-33,486	1,00	28,28	A	O
NGUYÊN TỬ	520	N	LYS	125	-44,469	26,425	-34,606	1,00	29,09	A	N
NGUYÊN TỬ	521	CA	LYS	125	-44,318	27,401	-33,538	1,00	32,58	A	C
NGUYÊN TỬ	522	CB	LYS	125	-42,848	27,803	-33,411	1,00	35,01	A	C
NGUYÊN TỬ	523	CG	LYS	125	-42,592	28,896	-32,398	1,00	39,45	A	C
NGUYÊN TỬ	524	CD	LYS	125	-41,413	28,552	-31,512	1,00	47,60	A	C
NGUYÊN TỬ	525	CE	LYS	125	-40,270	29,542	-31,691	1,00	51,01	A	C
NGUYÊN TỬ	526	NZ	LYS	125	-40,658	30,922	-31,270	1,00	53,91	A	N
NGUYÊN TỬ	527	C	LYS	125	-45,177	28,624	-33,872	1,00	33,31	A	C
NGUYÊN TỬ	528	O	LYS	125	-44,953	29,288	-34,884	1,00	32,62	A	O
NGUYÊN TỬ	529	N	MET	126	-46,168	28,908	-33,034	1,00	32,61	A	N
NGUYÊN TỬ	530	CA	MET	126	-47,086	30,010	-33,300	1,00	34,07	A	C

NGUYÊN TỬ	531	CB	MET	126	-48,114	29,606	-34,350	1,00	33,99	A	C
NGUYÊN TỬ	532	CG	MET	126	-49,105	28,574	-33,839	1,00	34,58	A	C
NGUYÊN TỬ	533	SD	MET	126	-50,324	28,127	-35,077	1,00	40,88	A	S
NGUYÊN TỬ	534	CE	MET	126	-51,558	27,301	-34,063	1,00	35,19	A	C
NGUYÊN TỬ	535	C	MET	126	-47,818	30,398	-32,031	1,00	35,02	A	C
NGUYÊN TỬ	536	O	MET	126	-47,805	29,660	-31,050	1,00	34,82	A	O
NGUYÊN TỬ	537	N	SER	127	-48,468	31,558	-32,065	1,00	36,79	A	N
NGUYÊN TỬ	538	CA	SER	127	-49,278	32,027	-30,950	1,00	37,25	A	C
NGUYÊN TỬ	539	CB	SER	127	-49,715	33,476	-31,191	1,00	38,68	A	C
NGUYÊN TỬ	540	OG	SER	127	-50,780	33,843	-30,324	1,00	38,32	A	O
NGUYÊN TỬ	541	C	SER	127	-50,513	31,154	-30,760	1,00	38,35	A	C
NGUYÊN TỬ	542	O	SER	127	-51,135	30,722	-31,735	1,00	37,21	A	O
NGUYÊN TỬ	543	N	GLY	128	-50,868	30,911	-29,499	1,00	37,77	A	N
NGUYÊN TỬ	544	CA	GLY	128	-52,105	30,216	-29,194	1,00	38,41	A	C
NGUYÊN TỬ	545	C	GLY	128	-53,353	30,935	-29,684	1,00	39,05	A	C
NGUYÊN TỬ	546	O	GLY	128	-54,423	30,331	-29,770	1,00	39,27	A	O
NGUYÊN TỬ	547	N	ASP	129	-53,228	32,218	-30,013	1,00	40,07	A	N
NGUYÊN TỬ	548	CA	ASP	129	-54,350	32,965	-30,590	1,00	42,01	A	C
NGUYÊN TỬ	549	CB	ASP	129	-53,927	34,389	-30,966	1,00	42,77	A	C
NGUYÊN TỬ	550	CG	ASP	129	-53,629	35,254	-29,754	1,00	46,29	A	C
NGUYÊN TỬ	551	OD1	ASP	129	-54,080	34,900	-28,640	1,00	44,66	A	O
NGUYÊN TỬ	552	OD2	ASP	129	-52,943	36,292	-29,921	1,00	48,24	A	O
NGUYÊN TỬ	553	C	ASP	129	-54,878	32,275	-31,842	1,00	42,68	A	C
NGUYÊN TỬ	554	O	ASP	129	-56,064	32,371	-32,158	1,00	43,03	A	O
NGUYÊN TỬ	555	N	LEU	130	-53,988	31,581	-32,548	1,00	40,92	A	N
NGUYÊN TỬ	556	CA	LEU	130	-54,286	31,050	-33,871	1,00	39,89	A	C
NGUYÊN TỬ	557	CB	LEU	130	-53,007	31,009	-34,712	1,00	38,83	A	C
NGUYÊN TỬ	558	CG	LEU	130	-52,325	32,351	-34,993	1,00	39,26	A	C
NGUYÊN TỬ	559	CD1	LEU	130	-50,980	32,102	-35,649	1,00	37,90	A	C
NGUYÊN TỬ	560	CD2	LEU	130	-53,211	33,209	-35,892	1,00	38,49	A	C
NGUYÊN TỬ	561	C	LEU	130	-54,916	29,658	-33,840	1,00	40,44	A	C
NGUYÊN TỬ	562	O	LEU	130	-55,200	29,082	-34,890	1,00	40,55	A	O
NGUYÊN TỬ	563	N	LEU	131	-55,134	29,116	-32,646	1,00	41,71	A	N
NGUYÊN TỬ	564	CA	LEU	131	-55,621	27,744	-32,522	1,00	43,42	A	C
NGUYÊN TỬ	565	CB	LEU	131	-55,691	27,336	-31,048	1,00	44,46	A	C
NGUYÊN TỬ	566	CG	LEU	131	-54,345	26,961	-30,421	1,00	47,94	A	C
NGUYÊN TỬ	567	CD1	LEU	131	-54,504	26,760	-28,916	1,00	47,71	A	C
NGUYÊN TỬ	568	CD2	LEU	131	-53,809	25,692	-31,088	1,00	46,48	A	C
NGUYÊN TỬ	569	C	LEU	131	-56,979	27,524	-33,179	1,00	44,30	A	C
NGUYÊN TỬ	570	O	LEU	131	-57,199	26,501	-33,827	1,00	43,27	A	O
NGUYÊN TỬ	571	N	GLU	132	-57,890	28,479	-33,010	1,00	46,35	A	N
NGUYÊN TỬ	572	CA	GLU	132	-59,217	28,363	-33,610	1,00	48,86	A	C
NGUYÊN TỬ	573	CB	GLU	132	-60,113	29,525	-33,171	1,00	54,02	A	C
NGUYÊN TỬ	574	CG	GLU	132	-60,487	29,509	-31,691	1,00	62,96	A	C
NGUYÊN TỬ	575	CD	GLU	132	-61,250	28,252	-31,282	1,00	68,59	A	C
NGUYÊN TỬ	576	OE1	GLU	132	-61,985	27,693	-32,128	1,00	71,67	A	O
NGUYÊN TỬ	577	OE2	GLU	132	-61,115	27,822	-30,113	1,00	71,20	A	O
NGUYÊN TỬ	578	C	GLU	132	-59,084	28,360	-35,126	1,00	46,75	A	C
NGUYÊN TỬ	579	O	GLU	132	-59,755	27,596	-35,818	1,00	46,81	A	O
NGUYÊN TỬ	580	N	LEU	133	-58,203	29,214	-35,632	1,00	44,75	A	N
NGUYÊN TỬ	581	CA	LEU	133	-57,902	29,257	-37,056	1,00	45,11	A	C
NGUYÊN TỬ	582	CB	LEU	133	-56,868	30,351	-37,336	1,00	45,98	A	C
NGUYÊN TỬ	583	CG	LEU	133	-56,392	30,501	-38,783	1,00	49,58	A	C
NGUYÊN TỬ	584	CD1	LEU	133	-57,518	31,052	-39,652	1,00	51,14	A	C
NGUYÊN TỬ	585	CD2	LEU	133	-55,197	31,432	-38,826	1,00	49,33	A	C
NGUYÊN TỬ	586	C	LEU	133	-57,364	27,910	-37,532	1,00	44,38	A	C
NGUYÊN TỬ	587	O	LEU	133	-57,798	27,386	-38,556	1,00	45,21	A	O
NGUYÊN TỬ	588	N	ALA	134	-56,424	27,346	-36,779	1,00	42,85	A	N
NGUYÊN TỬ	589	CA	ALA	134	-55,745	26,128	-37,203	1,00	41,92	A	C
NGUYÊN TỬ	590	CB	ALA	134	-54,524	25,871	-36,316	1,00	39,84	A	C
NGUYÊN TỬ	591	C	ALA	134	-56,692	24,937	-37,160	1,00	41,73	A	C
NGUYÊN TỬ	592	O	ALA	134	-56,595	24,027	-37,986	1,00	41,34	A	O
NGUYÊN TỬ	593	N	LEU	135	-57,611	24,952	-36,198	1,00	42,08	A	N
NGUYÊN TỬ	594	CA	LEU	135	-58,586	23,880	-36,049	1,00	43,75	A	C
NGUYÊN TỬ	595	CB	LEU	135	-59,368	24,059	-34,746	1,00	41,32	A	C
NGUYÊN TỬ	596	CG	LEU	135	-58,641	23,644	-33,463	1,00	40,82	A	C
NGUYÊN TỬ	597	CD1	LEU	135	-59,491	23,981	-32,244	1,00	38,47	A	C
NGUYÊN TỬ	598	CD2	LEU	135	-58,354	22,152	-33,506	1,00	37,33	A	C
NGUYÊN TỬ	599	C	LEU	135	-59,559	23,796	-37,226	1,00	45,90	A	C
NGUYÊN TỬ	600	O	LEU	135	-60,250	22,793	-37,394	1,00	46,62	A	O
NGUYÊN TỬ	601	N	LYS	136	-59,608	24,844	-38,043	1,00	48,08	A	N
NGUYÊN TỬ	602	CA	LYS	136	-60,506	24,866	-39,194	1,00	49,87	A	C
NGUYÊN TỬ	603	CB	LYS	136	-61,132	26,257	-39,356	1,00	52,29	A	C
NGUYÊN TỬ	604	CG	LYS	136	-62,148	26,597	-38,274	1,00	56,29	A	C
NGUYÊN TỬ	605	CD	LYS	136	-62,611	28,041	-38,367	1,00	60,74	A	C
NGUYÊN TỬ	606	CE	LYS	136	-63,461	28,418	-37,155	1,00	63,43	A	C

NGUYÊN TỬ	607	NZ	LYS	136	-63,810	29,871	-37,140	1,00	65,11	A	N
NGUYÊN TỬ	608	C	LYS	136	-59,831	24,457	-40,500	1,00	49,01	A	C
NGUYÊN TỬ	609	O	LYS	136	-60,486	24,373	-41,534	1,00	48,28	A	O
NGUYÊN TỬ	610	N	LEU	137	-58,528	24,203	-40,457	1,00	48,46	A	N
NGUYÊN TỬ	611	CA	LEU	137	-57,811	23,779	-41,654	1,00	48,15	A	C
NGUYÊN TỬ	612	CB	LEU	137	-56,310	23,668	-41,373	1,00	45,68	A	C
NGUYÊN TỬ	613	CG	LEU	137	-55,542	24,954	-41,071	1,00	45,92	A	C
NGUYÊN TỬ	614	CD1	LEU	137	-54,210	24,602	-40,435	1,00	45,13	A	C
NGUYÊN TỬ	615	CD2	LEU	137	-55,333	25,751	-42,347	1,00	45,54	A	C
NGUYÊN TỬ	616	C	LEU	137	-58,331	22,434	-42,157	1,00	50,34	A	C
NGUYÊN TỬ	617	O	LEU	137	-58,786	21,593	-41,381	1,00	50,05	A	O
NGUYÊN TỬ	618	N	PRO	138	-58,259	22,216	-43,475	1,00	51,81	A	N
NGUYÊN TỬ	619	CD	PRO	138	-57,640	23,117	-44,464	1,00	52,57	A	C
NGUYÊN TỬ	620	CA	PRO	138	-58,681	20,948	-44,072	1,00	51,58	A	C
NGUYÊN TỬ	621	CB	PRO	138	-58,532	21,194	-45,570	1,00	53,25	A	C
NGUYÊN TỬ	622	CG	PRO	138	-57,444	22,226	-45,664	1,00	54,45	A	C
NGUYÊN TỬ	623	C	PRO	138	-57,781	19,819	-43,595	1,00	51,03	A	C
NGUYÊN TỬ	624	O	PRO	138	-56,592	20,030	-43,365	1,00	51,14	A	O
NGUYÊN TỬ	625	N	HIS	139	-58,357	18,630	-43,445	1,00	49,72	A	N
NGUYÊN TỬ	626	CA	HIS	139	-57,612	17,420	-43,104	1,00	49,11	A	C
NGUYÊN TỬ	627	CB	HIS	139	-56,319	17,331	-43,922	1,00	53,64	A	C
NGUYÊN TỬ	628	CG	HIS	139	-56,525	17,442	-45,400	1,00	58,94	A	C
NGUYÊN TỬ	629	CD2	HIS	139	-55,808	18,085	-46,354	1,00	60,61	A	C
NGUYÊN TỬ	630	ND1	HIS	139	-57,578	16,838	-46,055	1,00	61,11	A	N
NGUYÊN TỬ	631	CE1	HIS	139	-57,500	17,102	-47,347	1,00	61,63	A	C
NGUYÊN TỬ	632	NE2	HIS	139	-56,435	17,857	-47,555	1,00	62,34	A	N
NGUYÊN TỬ	633	C	HIS	139	-57,263	17,285	-41,622	1,00	45,66	A	C
NGUYÊN TỬ	634	O	HIS	139	-56,773	16,242	-41,200	1,00	45,43	A	O
NGUYÊN TỬ	635	N	VAL	140	-57,501	18,326	-40,830	1,00	41,49	A	N
NGUYÊN TỬ	636	CA	VAL	140	-57,052	18,302	-39,446	1,00	39,22	A	C
NGUYÊN TỬ	637	CB	VAL	140	-57,126	19,687	-38,790	1,00	38,25	A	C
NGUYÊN TỬ	638	CG1	VAL	140	-56,864	19,562	-37,301	1,00	36,67	A	C
NGUYÊN TỬ	639	CG2	VAL	140	-56,103	20,613	-39,421	1,00	36,79	A	C
NGUYÊN TỬ	640	C	VAL	140	-57,867	17,343	-38,606	1,00	40,24	A	C
NGUYÊN TỬ	641	O	VAL	140	-59,085	17,463	-38,518	1,00	40,95	A	O
NGUYÊN TỬ	642	N	ASP	141	-57,180	16,387	-37,990	1,00	40,17	A	N
NGUYÊN TỬ	643	CA	ASP	141	-57,803	15,464	-37,048	1,00	39,16	A	C
NGUYÊN TỬ	644	CB	ASP	141	-57,006	14,154	-37,017	1,00	40,87	A	C
NGUYÊN TỬ	645	CG	ASP	141	-57,716	13,050	-36,253	1,00	42,53	A	C
NGUYÊN TỬ	646	OD1	ASP	141	-58,728	13,338	-35,574	1,00	46,58	A	O
NGUYÊN TỬ	647	OD2	ASP	141	-57,257	11,890	-36,333	1,00	40,88	A	O
NGUYÊN TỬ	648	C	ASP	141	-57,826	16,110	-35,658	1,00	38,98	A	C
NGUYÊN TỬ	649	O	ASP	141	-58,887	16,284	-35,058	1,00	39,39	A	O
NGUYÊN TỬ	650	N	TYR	142	-56,653	16,476	-35,151	1,00	37,04	A	N
NGUYÊN TỬ	651	CA	TYR	142	-56,576	17,204	-33,888	1,00	34,27	A	C
NGUYÊN TỬ	652	CB	TYR	142	-56,771	16,246	-32,709	1,00	34,16	A	C
NGUYÊN TỬ	653	CG	TYR	142	-55,712	15,171	-32,610	1,00	33,65	A	C
NGUYÊN TỬ	654	CD1	TYR	142	-54,583	15,355	-31,824	1,00	33,96	A	C
NGUYÊN TỬ	655	CE1	TYR	142	-53,614	14,369	-31,716	1,00	35,51	A	C
NGUYÊN TỬ	656	CD2	TYR	142	-55,845	13,968	-33,294	1,00	34,96	A	C
NGUYÊN TỬ	657	CE2	TYR	142	-54,879	12,974	-33,194	1,00	35,75	A	C
NGUYÊN TỬ	658	CZ	TYR	142	-53,767	13,183	-32,400	1,00	36,08	A	C
NGUYÊN TỬ	659	OH	TYR	142	-52,808	12,205	-32,281	1,00	36,47	A	O
NGUYÊN TỬ	660	C	TYR	142	-55,245	17,928	-33,753	1,00	32,82	A	C
NGUYÊN TỬ	661	O	TYR	142	-54,307	17,675	-34,513	1,00	33,32	A	O
NGUYÊN TỬ	662	N	ILE	143	-55,175	18,836	-32,787	1,00	31,85	A	N
NGUYÊN TỬ	663	CA	ILE	143	-53,972	19,615	-32,529	1,00	31,41	A	C
NGUYÊN TỬ	664	CB	ILE	143	-54,234	21,113	-32,796	1,00	30,29	A	C
NGUYÊN TỬ	665	CG2	ILE	143	-53,001	21,943	-32,452	1,00	28,35	A	C
NGUYÊN TỬ	666	CG1	ILE	143	-54,622	21,306	-34,262	1,00	30,00	A	C
NGUYÊN TỬ	667	CD1	ILE	143	-54,835	22,751	-34,658	1,00	26,92	A	C
NGUYÊN TỬ	668	C	ILE	143	-53,538	19,429	-31,074	1,00	32,89	A	C
NGUYÊN TỬ	669	O	ILE	143	-54,354	19,544	-30,152	1,00	33,57	A	O
NGUYÊN TỬ	670	N	GLU	144	-52,258	19,141	-30,860	1,00	31,53	A	N
NGUYÊN TỬ	671	CA	GLU	144	-51,760	18,993	-29,501	1,00	32,32	A	C
NGUYÊN TỬ	672	CB	GLU	144	-51,252	17,567	-29,262	1,00	34,26	A	C
NGUYÊN TỬ	673	CG	GLU	144	-50,743	17,356	-27,841	1,00	39,57	A	C
NGUYÊN TỬ	674	CD	GLU	144	-50,533	15,893	-27,496	1,00	43,13	A	C
NGUYÊN TỬ	675	OE1	GLU	144	-51,317	15,052	-27,991	1,00	45,28	A	O
NGUYÊN TỬ	676	OE2	GLU	144	-49,584	15,588	-26,731	1,00	41,06	A	O
NGUYÊN TỬ	677	C	GLU	144	-50,662	19,990	-29,147	1,00	30,86	A	C
NGUYÊN TỬ	678	O	GLU	144	-49,686	20,164	-29,882	1,00	31,43	A	O
NGUYÊN TỬ	679	N	GLU	145	-50,831	20,643	-28,005	1,00	30,15	A	N
NGUYÊN TỬ	680	CA	GLU	145	-49,824	21,553	-27,476	1,00	29,60	A	C
NGUYÊN TỬ	681	CB	GLU	145	-50,415	22,337	-26,310	1,00	29,75	A	C
NGUYÊN TỬ	682	CG	GLU	145	-49,471	23,329	-25,667	1,00	33,69	A	C

NGUYÊN TỬ	683	CD	GLU	145	-50,070	23,931	-24,404	1,00	36,75	A	C
NGUYÊN TỬ	684	OE1	GLU	145	-49,915	23,325	-23,319	1,00	34,36	A	O
NGUYÊN TỬ	685	OE2	GLU	145	-50,705	25,004	-24,499	1,00	39,41	A	O
NGUYÊN TỬ	686	C	GLU	145	-48,618	20,749	-26,997	1,00	28,98	A	C
NGUYÊN TỬ	687	O	GLU	145	-48,777	19,735	-26,312	1,00	25,84	A	O
NGUYÊN TỬ	688	N	ASP	146	-47,417	21,197	-27,350	1,00	27,03	A	N
NGUYÊN TỬ	689	CA	ASP	146	-46,210	20,501	-26,925	1,00	28,33	A	C
NGUYÊN TỬ	690	CB	ASP	146	-44,974	21,179	-27,513	1,00	30,15	A	C
NGUYÊN TỬ	691	CG	ASP	146	-43,820	20,205	-27,738	1,00	34,26	A	C
NGUYÊN TỬ	692	OD1	ASP	146	-43,952	19,010	-27,376	1,00	33,09	A	O
NGUYÊN TỬ	693	OD2	ASP	146	-42,781	20,640	-28,285	1,00	34,49	A	O
NGUYÊN TỬ	694	C	ASP	146	-46,119	20,489	-25,395	1,00	28,56	A	C
NGUYÊN TỬ	695	O	ASP	146	-46,792	21,263	-24,712	1,00	27,12	A	O
NGUYÊN TỬ	696	N	SER	147	-45,298	19,596	-24,858	1,00	28,76	A	N
NGUYÊN TỬ	697	CA	SER	147	-45,097	19,524	-23,415	1,00	29,70	A	C
NGUYÊN TỬ	698	CB	SER	147	-46,315	18,887	-22,732	1,00	31,44	A	C
NGUYÊN TỬ	699	OG	SER	147	-46,524	17,558	-23,186	1,00	37,75	A	O
NGUYÊN TỬ	700	C	SER	147	-43,843	18,713	-23,115	1,00	28,55	A	C
NGUYÊN TỬ	701	O	SER	147	-43,271	18,091	-24,015	1,00	27,48	A	O
NGUYÊN TỬ	702	N	SER	148	-43,421	18,727	-21,854	1,00	25,24	A	N
NGUYÊN TỬ	703	CA	SER	148	-42,114	18,204	-21,478	1,00	26,40	A	C
NGUYÊN TỬ	704	CB	SER	148	-41,591	18,950	-20,244	1,00	27,71	A	C
NGUYÊN TỬ	705	OG	SER	148	-41,445	20,339	-20,503	1,00	28,90	A	O
NGUYÊN TỬ	706	C	SER	148	-42,137	16,710	-21,178	1,00	27,07	A	C
NGUYÊN TỬ	707	O	SER	148	-43,147	16,173	-20,707	1,00	27,21	A	O
NGUYÊN TỬ	708	N	VAL	149	-41,016	16,046	-21,441	1,00	25,66	A	N
NGUYÊN TỬ	709	CA	VAL	149	-40,784	14,704	-20,915	1,00	24,89	A	C
NGUYÊN TỬ	710	CB	VAL	149	-40,688	13,659	-22,044	1,00	25,33	A	C
NGUYÊN TỬ	711	CG1	VAL	149	-41,989	13,632	-22,833	1,00	24,08	A	C
NGUYÊN TỬ	712	CG2	VAL	149	-39,513	13,983	-22,962	1,00	21,20	A	C
NGUYÊN TỬ	713	C	VAL	149	-39,485	14,704	-20,111	1,00	26,06	A	C
NGUYÊN TỬ	714	O	VAL	149	-38,609	15,546	-20,335	1,00	25,28	A	O
NGUYÊN TỬ	715	N	PHE	150	-39,370	13,768	-19,172	1,00	24,42	A	N
NGUYÊN TỬ	716	CA	PHE	150	-38,287	13,797	-18,188	1,00	25,00	A	C
NGUYÊN TỬ	717	CB	PHE	150	-38,824	14,250	-16,820	1,00	20,88	A	C
NGUYÊN TỬ	718	CG	PHE	150	-39,485	15,601	-16,838	1,00	24,00	A	C
NGUYÊN TỬ	719	CD1	PHE	150	-40,842	15,721	-17,094	1,00	23,42	A	C
NGUYÊN TỬ	720	CD2	PHE	150	-38,752	16,752	-16,574	1,00	22,91	A	C
NGUYÊN TỬ	721	CE1	PHE	150	-41,457	16,958	-17,086	1,00	22,83	A	C
NGUYÊN TỬ	722	CE2	PHE	150	-39,360	17,998	-16,565	1,00	21,63	A	C
NGUYÊN TỬ	723	CZ	PHE	150	-40,712	18,103	-16,820	1,00	23,76	A	C
NGUYÊN TỬ	724	C	PHE	150	-37,642	12,421	-18,033	1,00	23,77	A	C
NGUYÊN TỬ	725	O	PHE	150	-38,326	11,399	-18,040	1,00	23,53	A	O
NGUYÊN TỬ	726	N	ALA	151	-36,326	12,404	-17,874	1,00	24,56	A	N
NGUYÊN TỬ	727	CA	ALA	151	-35,626	11,185	-17,508	1,00	25,41	A	C
NGUYÊN TỬ	728	CB	ALA	151	-34,193	11,513	-17,136	1,00	24,13	A	C
NGUYÊN TỬ	729	C	ALA	151	-36,332	10,537	-16,324	1,00	28,65	A	C
NGUYÊN TỬ	730	O	ALA	151	-36,760	11,228	-15,395	1,00	28,24	A	O
NGUYÊN TỬ	731	N	GLN	152	-36,467	9,213	-16,349	1,00	30,75	A	N
NGUYÊN TỬ	732	CA	GLN	152	-36,936	8,504	-15,160	1,00	32,33	A	C
NGUYÊN TỬ	733	CB	GLN	152	-38,119	7,599	-15,515	1,00	30,09	A	C
NGUYÊN TỬ	734	CG	GLN	152	-39,322	8,338	-16,062	1,00	26,52	A	C
NGUYÊN TỬ	735	CD	GLN	152	-39,871	9,357	-15,078	1,00	29,34	A	C
NGUYÊN TỬ	736	OE1	GLN	152	-40,420	8,999	-14,037	1,00	26,44	A	O
NGUYÊN TỬ	737	NE2	GLN	152	-39,722	10,637	-15,405	1,00	27,86	A	N
NGUYÊN TỬ	738	C	GLN	152	-35,802	7,678	-14,544	1,00	34,54	A	C
NGUYÊN TỬ	739	O	GLN	152	-36,084	6,635	-13,913	1,00	35,69	A	O
NGUYÊN TỬ	740	OXT	GLN	152	-34,632	8,101	-14,686	1,00	36,82	A	O
TER	741		GLN	152						A	
NGUYÊN TỬ	742	CB	SER	153	-18,830	-12,304	-7,860	1,00	80,02	B	C
NGUYÊN TỬ	743	OG	SER	153	-19,427	-13,535	-8,246	1,00	82,63	B	O
NGUYÊN TỬ	744	C	SER	153	-20,846	-11,007	-8,585	1,00	76,11	B	C
NGUYÊN TỬ	745	O	SER	153	-20,475	-10,397	-9,589	1,00	76,49	B	O
NGUYÊN TỬ	746	N	SER	153	-20,624	-11,755	-6,227	1,00	78,23	B	N
NGUYÊN TỬ	747	CA	SER	153	-19,883	-11,272	-7,430	1,00	78,01	B	C
NGUYÊN TỬ	748	N	ILE	154	-22,081	-11,479	-8,439	1,00	72,80	B	N
NGUYÊN TỬ	749	CA	ILE	154	-23,127	-11,189	-9,412	1,00	68,74	B	C
NGUYÊN TỬ	750	CB	ILE	154	-23,892	-12,470	-9,810	1,00	69,24	B	C
NGUYÊN TỬ	751	CG2	ILE	154	-25,019	-12,132	-10,773	1,00	67,60	B	C
NGUYÊN TỬ	752	CG1	ILE	154	-22,925	-13,469	-10,450	1,00	70,75	B	C
NGUYÊN TỬ	753	CD1	ILE	154	-22,160	-12,910	-11,639	1,00	70,73	B	C
NGUYÊN TỬ	754	C	ILE	154	-24,115	-10,187	-8,825	1,00	65,36	B	C
NGUYÊN TỬ	755	O	ILE	154	-24,664	-10,406	-7,742	1,00	65,44	B	O
NGUYÊN TỬ	756	N	PRO	155	-24,353	-9,072	-9,536	1,00	61,02	B	N
NGUYÊN TỬ	757	CD	PRO	155	-23,763	-8,705	-10,836	1,00	60,32	B	C
NGUYÊN TỬ	758	CA	PRO	155	-25,287	-8,050	-9,051	1,00	56,72	B	C

NGUYÊN TỬ	759	CB	PRO	155	-25,337	-7,035	-10,194	1,00	57,80	B	C
NGUYÊN TỬ	760	CG	PRO	155	-24,044	-7,232	-10,926	1,00	58,94	B	C
NGUYÊN TỬ	761	C	PRO	155	-26,648	-8,670	-8,768	1,00	53,19	B	C
NGUYÊN TỬ	762	O	PRO	155	-27,121	-9,515	-9,529	1,00	52,31	B	O
NGUYÊN TỬ	763	N	TRP	156	-27,273	-8,252	-7,671	1,00	49,27	B	N
NGUYÊN TỬ	764	CA	TRP	156	-28,513	-8,872	-7,221	1,00	47,58	B	C
NGUYÊN TỬ	765	CB	TRP	156	-29,045	-8,152	-5,978	1,00	45,42	B	C
NGUYÊN TỬ	766	CG	TRP	156	-29,708	-6,840	-6,286	1,00	46,00	B	C
NGUYÊN TỬ	767	CD2	TRP	156	-31,083	-6,637	-6,635	1,00	44,51	B	C
NGUYÊN TỬ	768	CE2	TRP	156	-31,263	-5,253	-6,836	1,00	44,08	B	C
NGUYÊN TỬ	769	CE3	TRP	156	-32,178	-7,492	-6,798	1,00	44,17	B	C
NGUYÊN TỬ	770	CD1	TRP	156	-29,125	-5,603	-6,290	1,00	45,31	B	C
NGUYÊN TỬ	771	NE1	TRP	156	-30,054	-4,645	-6,620	1,00	45,73	B	N
NGUYÊN TỬ	772	CZ2	TRP	156	-32,494	-4,703	-7,189	1,00	44,63	B	C
NGUYÊN TỬ	773	CZ3	TRP	156	-33,402	-6,945	-7,150	1,00	46,04	B	C
NGUYÊN TỬ	774	CH2	TRP	156	-33,550	-5,562	-7,342	1,00	44,87	B	C
NGUYÊN TỬ	775	C	TRP	156	-29,572	-8,841	-8,319	1,00	46,81	B	C
NGUYÊN TỬ	776	O	TRP	156	-30,349	-9,784	-8,470	1,00	46,89	B	O
NGUYÊN TỬ	777	N	ASN	157	-29,592	-7,752	-9,084	1,00	45,77	B	N
NGUYÊN TỬ	778	CA	ASN	157	-30,608	-7,547	-10,110	1,00	44,93	B	C
NGUYÊN TỬ	779	CB	ASN	157	-30,586	-6,094	-10,592	1,00	43,13	B	C
NGUYÊN TỬ	780	CG	ASN	157	-29,204	-5,642	-10,993	1,00	42,32	B	C
NGUYÊN TỬ	781	OD1	ASN	157	-28,302	-5,561	-10,159	1,00	43,42	B	O
NGUYÊN TỬ	782	ND2	ASN	157	-29,024	-5,346	-12,276	1,00	38,97	B	N
NGUYÊN TỬ	783	C	ASN	157	-30,433	-8,478	-11,302	1,00	44,94	B	C
NGUYÊN TỬ	784	O	ASN	157	-31,416	-8,900	-11,907	1,00	43,18	B	O
NGUYÊN TỬ	785	N	LEU	158	-29,187	-8,793	-11,646	1,00	47,58	B	N
NGUYÊN TỬ	786	CA	LEU	158	-28,925	-9,724	-12,742	1,00	50,92	B	C
NGUYÊN TỬ	787	CB	LEU	158	-27,458	-9,672	-13,166	1,00	49,39	B	C
NGUYÊN TỬ	788	CG	LEU	158	-27,030	-8,392	-13,884	1,00	50,63	B	C
NGUYÊN TỬ	789	CD1	LEU	158	-25,669	-8,602	-14,531	1,00	48,36	B	C
NGUYÊN TỬ	790	CD2	LEU	158	-28,074	-8,020	-14,933	1,00	48,22	B	C
NGUYÊN TỬ	791	C	LEU	158	-29,282	-11,147	-12,338	1,00	52,96	B	C
NGUYÊN TỬ	792	O	LEU	158	-29,812	-11,914	-13,139	1,00	54,48	B	O
NGUYÊN TỬ	793	N	GLU	159	-28,989	-11,493	-11,091	1,00	55,23	B	N
NGUYÊN TỬ	794	CA	GLU	159	-29,383	-12,783	-10,541	1,00	58,07	B	C
NGUYÊN TỬ	795	CB	GLU	159	-28,799	-12,949	-9,132	1,00	61,02	B	C
NGUYÊN TỬ	796	CG	GLU	159	-29,709	-13,689	-8,161	1,00	66,59	B	C
NGUYÊN TỬ	797	CD	GLU	159	-29,956	-12,905	-6,876	1,00	71,01	B	C
NGUYÊN TỬ	798	OE1	GLU	159	-31,037	-12,282	-6,747	1,00	71,63	B	O
NGUYÊN TỬ	799	OE2	GLU	159	-29,068	-12,914	-5,992	1,00	72,55	B	O
NGUYÊN TỬ	800	C	GLU	159	-30,906	-12,907	-10,490	1,00	58,29	B	C
NGUYÊN TỬ	801	O	GLU	159	-31,453	-13,990	-10,695	1,00	56,29	B	O
NGUYÊN TỬ	802	N	ARG	160	-31,583	-11,790	-10,230	1,00	59,46	B	N
NGUYÊN TỬ	803	CA	ARG	160	-33,016	-11,803	-9,944	1,00	60,58	B	C
NGUYÊN TỬ	804	CB	ARG	160	-33,447	-10,460	-9,347	1,00	59,26	B	C
NGUYÊN TỬ	805	CG	ARG	160	-34,890	-10,429	-8,869	1,00	59,38	B	C
NGUYÊN TỬ	806	CD	ARG	160	-35,116	-11,435	-7,746	1,00	60,25	B	C
NGUYÊN TỬ	807	NE	ARG	160	-34,131	-11,276	-6,678	1,00	60,39	B	N
NGUYÊN TỬ	808	CZ	ARG	160	-34,313	-10,518	-5,601	1,00	61,06	B	C
NGUYÊN TỬ	809	NH1	ARG	160	-33,360	-10,429	-4,681	1,00	59,91	B	N
NGUYÊN TỬ	810	NH2	ARG	160	-35,450	-9,849	-5,442	1,00	61,11	B	N
NGUYÊN TỬ	811	C	ARG	160	-33,874	-12,114	-11,172	1,00	61,99	B	C
NGUYÊN TỬ	812	O	ARG	160	-34,907	-12,780	-11,064	1,00	61,34	B	O
NGUYÊN TỬ	813	N	ILE	161	-33,449	-11,629	-12,335	1,00	63,71	B	N
NGUYÊN TỬ	814	CA	ILE	161	-34,165	-11,912	-13,575	1,00	66,31	B	C
NGUYÊN TỬ	815	CB	ILE	161	-33,882	-10,837	-14,652	1,00	64,21	B	C
NGUYÊN TỬ	816	CG2	ILE	161	-34,367	-9,476	-14,172	1,00	63,31	B	C
NGUYÊN TỬ	817	CG1	ILE	161	-32,387	-10,803	-14,970	1,00	63,10	B	C
NGUYÊN TỬ	818	CD1	ILE	161	-32,035	-9,948	-16,159	1,00	62,54	B	C
NGUYÊN TỬ	819	C	ILE	161	-33,786	-13,282	-14,144	1,00	68,85	B	C
NGUYÊN TỬ	820	O	ILE	161	-34,429	-13,780	-15,068	1,00	68,03	B	O
NGUYÊN TỬ	821	N	THR	162	-32,738	-13,885	-13,590	1,00	72,56	B	N
NGUYÊN TỬ	822	CA	THR	162	-32,312	-15,215	-14,016	1,00	77,56	B	C
NGUYÊN TỬ	823	CB	THR	162	-30,803	-15,420	-13,772	1,00	77,41	B	C
NGUYÊN TỬ	824	OG1	THR	162	-30,059	-14,501	-14,582	1,00	76,98	B	O
NGUYÊN TỬ	825	CG2	THR	162	-30,395	-16,843	-14,120	1,00	76,95	B	C
NGUYÊN TỬ	826	C	THR	162	-33,082	-16,307	-13,277	1,00	81,06	B	C
NGUYÊN TỬ	827	O	THR	162	-33,004	-16,420	-12,054	1,00	80,79	B	O
NGUYÊN TỬ	828	N	PRO	163	-33,840	-17,125	-14,024	1,00	85,12	B	N
NGUYÊN TỬ	829	CD	PRO	163	-33,917	-17,037	-15,493	1,00	86,11	B	C
NGUYÊN TỬ	830	CA	PRO	163	-34,684	-18,206	-13,499	1,00	88,61	B	C
NGUYÊN TỬ	831	CB	PRO	163	-35,566	-18,574	-14,689	1,00	87,63	B	C
NGUYÊN TỬ	832	CG	PRO	163	-34,720	-18,256	-15,875	1,00	86,84	B	C
NGUYÊN TỬ	833	C	PRO	163	-33,869	-19,403	-12,999	1,00	92,41	B	C
NGUYÊN TỬ	834	O	PRO	163	-32,664	-19,493	-13,242	1,00	91,73	B	O

NGUYÊN TỬ	835	N	PRO	164	-34,527	-20,342	-12,296	1,00	96,24	B	N
NGUYÊN TỬ	836	CD	PRO	164	-35,931	-20,261	-11,855	1,00	97,02	B	C
NGUYÊN TỬ	837	CA	PRO	164	-33,868	-21,552	-11,788	1,00	99,15	B	C
NGUYÊN TỬ	838	CB	PRO	164	-35,004	-22,323	-11,117	1,00	98,26	B	C
NGUYÊN TỬ	839	CG	PRO	164	-35,994	-21,271	-10,743	1,00	97,35	B	C
NGUYÊN TỬ	840	C	PRO	164	-33,181	-22,377	-12,878	1,00	102,09	B	C
NGUYÊN TỬ	841	O	PRO	164	-31,965	-22,576	-12,843	1,00	101,97	B	O
NGUYÊN TỬ	842	N	ARG	165	-33,962	-22,851	-13,844	1,00	105,51	B	N
NGUYÊN TỬ	843	CA	ARG	165	-33,429	-23,677	-14,924	1,00	109,14	B	C
NGUYÊN TỬ	844	CB	ARG	165	-34,487	-24,687	-15,379	1,00	111,03	B	C
NGUYÊN TỬ	845	CG	ARG	165	-33,981	-26,117	-15,510	1,00	114,19	B	C
NGUYÊN TỬ	846	CD	ARG	165	-32,793	-26,214	-16,458	1,00	116,65	B	C
NGUYÊN TỬ	847	NE	ARG	165	-32,370	-27,598	-16,661	1,00	118,62	B	N
NGUYÊN TỬ	848	CZ	ARG	165	-32,623	-28,306	-17,759	1,00	119,70	B	C
NGUYÊN TỬ	849	NH1	ARG	165	-32,201	-29,560	-17,854	1,00	120,20	B	N
NGUYÊN TỬ	850	NH2	ARG	165	-33,293	-27,758	-18,764	1,00	119,97	B	N
NGUYÊN TỬ	851	C	ARG	165	-33,005	-22,809	-16,108	1,00	110,22	B	C
NGUYÊN TỬ	852	O	ARG	165	-33,766	-22,624	-17,056	1,00	110,60	B	O
NGUYÊN TỬ	853	N	TYR	166	-31,787	-22,282	-16,052	1,00	111,28	B	N
NGUYÊN TỬ	854	CA	TYR	166	-31,320	-21,344	-17,066	1,00	112,25	B	C
NGUYÊN TỬ	855	CB	TYR	166	-30,758	-20,088	-16,391	1,00	113,37	B	C
NGUYÊN TỬ	856	CG	TYR	166	-30,241	-19,042	-17,354	1,00	114,53	B	C
NGUYÊN TỬ	857	CD1	TYR	166	-28,954	-18,532	-17,228	1,00	114,68	B	C
NGUYÊN TỬ	858	CE1	TYR	166	-28,471	-17,583	-18,110	1,00	115,01	B	C
NGUYÊN TỬ	859	CD2	TYR	166	-31,035	-18,570	-18,393	1,00	114,92	B	C
NGUYÊN TỬ	860	CE2	TYR	166	-30,561	-17,619	-19,281	1,00	114,93	B	C
NGUYÊN TỬ	861	CZ	TYR	166	-29,278	-17,130	-19,135	1,00	115,16	B	C
NGUYÊN TỬ	862	OH	TYR	166	-28,797	-16,189	-20,017	1,00	115,03	B	O
NGUYÊN TỬ	863	C	TYR	166	-30,265	-21,965	-17,981	1,00	112,12	B	C
NGUYÊN TỬ	864	O	TYR	166	-29,207	-22,397	-17,525	1,00	111,99	B	O
NGUYÊN TỬ	865	N	TYR	171	-28,363	-19,940	-25,299	1,00	96,76	B	N
NGUYÊN TỬ	866	CA	TYR	171	-29,633	-19,258	-25,518	1,00	96,87	B	C
NGUYÊN TỬ	867	CB	TYR	171	-29,623	-17,883	-24,836	1,00	96,75	B	C
NGUYÊN TỬ	868	CG	TYR	171	-30,934	-17,536	-24,160	1,00	96,85	B	C
NGUYÊN TỬ	869	CD1	TYR	171	-31,135	-17,811	-22,812	1,00	96,51	B	C
NGUYÊN TỬ	870	CE1	TYR	171	-32,345	-17,539	-22,198	1,00	96,16	B	C
NGUYÊN TỬ	871	CD2	TYR	171	-31,984	-16,972	-24,877	1,00	96,54	B	C
NGUYÊN TỬ	872	CE2	TYR	171	-33,199	-16,697	-24,270	1,00	95,77	B	C
NGUYÊN TỬ	873	CZ	TYR	171	-33,373	-16,984	-22,932	1,00	96,10	B	C
NGUYÊN TỬ	874	OH	TYR	171	-34,584	-16,727	-22,327	1,00	97,20	B	O
NGUYÊN TỬ	875	C	TYR	171	-29,890	-19,090	-27,013	1,00	97,20	B	C
NGUYÊN TỬ	876	O	TYR	171	-28,992	-19,292	-27,833	1,00	97,67	B	O
NGUYÊN TỬ	877	N	LEU	179	-27,947	-9,679	-34,479	1,00	67,11	B	N
NGUYÊN TỬ	878	CA	LEU	179	-29,202	-9,880	-35,196	1,00	67,55	B	C
NGUYÊN TỬ	879	CB	LEU	179	-29,749	-11,274	-34,885	1,00	68,43	B	C
NGUYÊN TỬ	880	CG	LEU	179	-30,345	-12,050	-36,062	1,00	70,66	B	C
NGUYÊN TỬ	881	CD1	LEU	179	-30,862	-13,395	-35,557	1,00	70,04	B	C
NGUYÊN TỬ	882	CD2	LEU	179	-31,457	-11,237	-36,722	1,00	68,78	B	C
NGUYÊN TỬ	883	C	LEU	179	-30,251	-8,816	-34,831	1,00	66,57	B	C
NGUYÊN TỬ	884	O	LEU	179	-30,917	-8,255	-35,704	1,00	67,25	B	O
NGUYÊN TỬ	885	N	VAL	180	-30,392	-8,542	-33,537	1,00	63,99	B	N
NGUYÊN TỬ	886	CA	VAL	180	-31,393	-7,595	-33,052	1,00	61,13	B	C
NGUYÊN TỬ	887	CB	VAL	180	-32,163	-8,180	-31,836	1,00	61,02	B	C
NGUYÊN TỬ	888	CG1	VAL	180	-31,183	-8,638	-30,773	1,00	60,46	B	C
NGUYÊN TỬ	889	CG2	VAL	180	-33,110	-7,133	-31,260	1,00	60,55	B	C
NGUYÊN TỬ	890	C	VAL	180	-30,765	-6,260	-32,651	1,00	58,49	B	C
NGUYÊN TỬ	891	O	VAL	180	-29,693	-6,223	-32,049	1,00	58,27	B	O
NGUYÊN TỬ	892	N	GLU	181	-31,434	-5,162	-32,988	1,00	56,10	B	N
NGUYÊN TỬ	893	CA	GLU	181	-30,940	-3,838	-32,618	1,00	54,53	B	C
NGUYÊN TỬ	894	CB	GLU	181	-30,896	-2,931	-33,852	1,00	56,53	B	C
NGUYÊN TỬ	895	CG	GLU	181	-29,749	-1,928	-33,833	1,00	62,79	B	C
NGUYÊN TỬ	896	CD	GLU	181	-28,759	-2,146	-34,968	1,00	66,51	B	C
NGUYÊN TỬ	897	OE1	GLU	181	-27,537	-2,078	-34,714	1,00	69,34	B	O
NGUYÊN TỬ	898	OE2	GLU	181	-29,201	-2,383	-36,116	1,00	68,31	B	O
NGUYÊN TỬ	899	C	GLU	181	-31,810	-3,196	-31,532	1,00	51,03	B	C
NGUYÊN TỬ	900	O	GLU	181	-33,041	-3,231	-31,609	1,00	50,12	B	O
NGUYÊN TỬ	901	N	VAL	182	-31,166	-2,615	-30,522	1,00	46,36	B	N
NGUYÊN TỬ	902	CA	VAL	182	-31,879	-1,871	-29,485	1,00	44,68	B	C
NGUYÊN TỬ	903	CB	VAL	182	-31,417	-2,288	-28,073	1,00	44,84	B	C
NGUYÊN TỬ	904	CG1	VAL	182	-32,258	-1,584	-27,023	1,00	43,44	B	C
NGUYÊN TỬ	905	CG2	VAL	182	-31,521	-3,796	-27,911	1,00	47,01	B	C
NGUYÊN TỬ	906	C	VAL	182	-31,643	-0,365	-29,633	1,00	43,25	B	C
NGUYÊN TỬ	907	O	VAL	182	-30,504	0,099	-29,566	1,00	42,77	B	O
NGUYÊN TỬ	908	N	TYR	183	-32,715	0,397	-29,837	1,00	39,38	B	N
NGUYÊN TỬ	909	CA	TYR	183	-32,602	1,851	-29,872	1,00	38,75	B	C
NGUYÊN TỬ	910	CB	TYR	183	-33,594	2,448	-30,872	1,00	39,87	B	C

NGUYÊN TỬ	911	CG	TYR	183	-33,217	2,225	-32,319	1,00	42,94	B	C
NGUYÊN TỬ	912	CD1	TYR	183	-33,512	1,026	-32,959	1,00	43,91	B	C
NGUYÊN TỬ	913	CE1	TYR	183	-33,177	0,824	-34,290	1,00	46,07	B	C
NGUYÊN TỬ	914	CD2	TYR	183	-32,575	3,217	-33,049	1,00	43,64	B	C
NGUYÊN TỬ	915	CE2	TYR	183	-32,235	3,025	-34,379	1,00	44,65	B	C
NGUYÊN TỬ	916	CZ	TYR	183	-32,539	1,828	-34,994	1,00	45,86	B	C
NGUYÊN TỬ	917	OH	TYR	183	-32,209	1,635	-36,319	1,00	48,85	B	O
NGUYÊN TỬ	918	C	TYR	183	-32,859	2,442	-28,492	1,00	37,29	B	C
NGUYÊN TỬ	919	O	TYR	183	-33,803	2,052	-27,804	1,00	34,89	B	O
NGUYÊN TỬ	920	N	LEU	184	-32,005	3,380	-28,097	1,00	35,24	B	N
NGUYÊN TỬ	921	CA	LEU	184	-32,155	4,093	-26,835	1,00	34,10	B	C
NGUYÊN TỬ	922	CB	LEU	184	-30,872	3,962	-26,008	1,00	32,18	B	C
NGUYÊN TỬ	923	CG	LEU	184	-30,740	4,832	-24,750	1,00	35,23	B	C
NGUYÊN TỬ	924	CD1	LEU	184	-31,760	4,406	-23,708	1,00	32,47	B	C
NGUYÊN TỬ	925	CD2	LEU	184	-29,326	4,703	-24,190	1,00	32,96	B	C
NGUYÊN TỬ	926	C	LEU	184	-32,438	5,567	-27,122	1,00	33,43	B	C
NGUYÊN TỬ	927	O	LEU	184	-31,631	6,245	-27,755	1,00	32,77	B	O
NGUYÊN TỬ	928	N	LEU	185	-33,587	6,057	-26,669	1,00	33,29	B	N
NGUYÊN TỬ	929	CA	LEU	185	-33,857	7,491	-26,690	1,00	35,12	B	C
NGUYÊN TỬ	930	CB	LEU	185	-35,280	7,770	-27,183	1,00	34,68	B	C
NGUYÊN TỬ	931	CG	LEU	185	-35,549	7,510	-28,664	1,00	37,37	B	C
NGUYÊN TỬ	932	CD1	LEU	185	-35,598	6,010	-28,923	1,00	38,05	B	C
NGUYÊN TỬ	933	CD2	LEU	185	-36,866	8,155	-29,057	1,00	39,00	B	C
NGUYÊN TỬ	934	C	LEU	185	-33,685	8,070	-25,290	1,00	35,69	B	C
NGUYÊN TỬ	935	O	LEU	185	-34,515	7,837	-24,413	1,00	36,10	B	O
NGUYÊN TỬ	936	N	ASP	186	-32,610	8,824	-25,086	1,00	35,47	B	N
NGUYÊN TỬ	937	CA	ASP	186	-32,280	9,325	-23,759	1,00	38,43	B	C
NGUYÊN TỬ	938	CB	ASP	186	-31,663	8,204	-22,920	1,00	44,90	B	C
NGUYÊN TỬ	939	CG	ASP	186	-31,865	8,412	-21,424	1,00	53,04	B	C
NGUYÊN TỬ	940	OD1	ASP	186	-32,984	8,134	-20,929	1,00	56,81	B	O
NGUYÊN TỬ	941	OD2	ASP	186	-30,909	8,853	-20,743	1,00	55,06	B	O
NGUYÊN TỬ	942	C	ASP	186	-31,307	10,500	-23,842	1,00	37,51	B	C
NGUYÊN TỬ	943	O	ASP	186	-31,315	11,259	-24,816	1,00	36,47	B	O
NGUYÊN TỬ	944	N	THR	187	-30,474	10,655	-22,818	1,00	34,82	B	N
NGUYÊN TỬ	945	CA	THR	187	-29,470	11,707	-22,830	1,00	35,00	B	C
NGUYÊN TỬ	946	CB	THR	187	-28,870	11,957	-21,426	1,00	33,57	B	C
NGUYÊN TỬ	947	OG1	THR	187	-28,137	10,800	-21,004	1,00	33,38	B	O
NGUYÊN TỬ	948	CG2	THR	187	-29,968	12,267	-20,416	1,00	30,31	B	C
NGUYÊN TỬ	949	C	THR	187	-28,341	11,270	-23,756	1,00	36,71	B	C
NGUYÊN TỬ	950	O	THR	187	-28,362	10,162	-24,304	1,00	36,59	B	O
NGUYÊN TỬ	951	N	SER	188	-27,360	12,144	-23,937	1,00	36,36	B	N
NGUYÊN TỬ	952	CA	SER	188	-26,153	11,757	-24,641	1,00	39,03	B	C
NGUYÊN TỬ	953	CB	SER	188	-25,196	12,947	-24,728	1,00	39,14	B	C
NGUYÊN TỬ	954	OG	SER	188	-24,937	13,475	-23,443	1,00	42,99	B	O
NGUYÊN TỬ	955	C	SER	188	-25,525	10,610	-23,851	1,00	39,61	B	C
NGUYÊN TỬ	956	O	SER	188	-25,828	10,426	-22,666	1,00	38,53	B	O
NGUYÊN TỬ	957	N	ILE	189	-24,680	9,822	-24,509	1,00	39,46	B	N
NGUYÊN TỬ	958	CA	ILE	189	-24,001	8,725	-23,833	1,00	40,86	B	C
NGUYÊN TỬ	959	CB	ILE	189	-24,496	7,342	-24,326	1,00	41,34	B	C
NGUYÊN TỬ	960	CG2	ILE	189	-26,000	7,220	-24,131	1,00	38,20	B	C
NGUYÊN TỬ	961	CG1	ILE	189	-24,132	7,148	-25,797	1,00	42,75	B	C
NGUYÊN TỬ	962	CD1	ILE	189	-24,517	5,784	-26,342	1,00	41,61	B	C
NGUYÊN TỬ	963	C	ILE	189	-22,494	8,796	-24,041	1,00	41,60	B	C
NGUYÊN TỬ	964	O	ILE	189	-22,009	9,471	-24,946	1,00	40,48	B	O
NGUYÊN TỬ	965	N	GLN	190	-21,763	8,102	-23,177	1,00	43,69	B	N
NGUYÊN TỬ	966	CA	GLN	190	-20,313	8,010	-23,273	1,00	44,38	B	C
NGUYÊN TỬ	967	CB	GLN	190	-19,717	8,024	-21,861	1,00	46,59	B	C
NGUYÊN TỬ	968	CG	GLN	190	-18,210	7,870	-21,793	1,00	52,20	B	C
NGUYÊN TỬ	969	CD	GLN	190	-17,488	8,863	-22,678	1,00	57,06	B	C
NGUYÊN TỬ	970	OE1	GLN	190	-17,364	10,046	-22,337	1,00	59,79	B	O
NGUYÊN TỬ	971	NE2	GLN	190	-17,008	8,391	-23,828	1,00	56,64	B	N
NGUYÊN TỬ	972	C	GLN	190	-19,971	6,704	-23,996	1,00	44,38	B	C
NGUYÊN TỬ	973	O	GLN	190	-19,828	5,657	-23,367	1,00	43,59	B	O
NGUYÊN TỬ	974	N	SER	191	-19,854	6,768	-25,318	1,00	44,25	B	N
NGUYÊN TỬ	975	CA	SER	191	-19,731	5,559	-26,131	1,00	46,81	B	C
NGUYÊN TỬ	976	CB	SER	191	-20,052	5,872	-27,597	1,00	45,03	B	C
NGUYÊN TỬ	977	OG	SER	191	-19,186	6,872	-28,106	1,00	45,93	B	O
NGUYÊN TỬ	978	C	SER	191	-18,351	4,902	-26,035	1,00	47,69	B	C
NGUYÊN TỬ	979	O	SER	191	-18,156	3,788	-26,520	1,00	48,01	B	O
NGUYÊN TỬ	980	N	ASP	192	-17,404	5,595	-25,410	1,00	49,21	B	N
NGUYÊN TỬ	981	CA	ASP	192	-16,056	5,073	-25,198	1,00	52,01	B	C
NGUYÊN TỬ	982	CB	ASP	192	-15,052	6,223	-25,056	1,00	54,81	B	C
NGUYÊN TỬ	983	CG	ASP	192	-14,726	6,885	-26,379	1,00	60,16	B	C
NGUYÊN TỬ	984	OD1	ASP	192	-15,012	6,277	-27,436	1,00	62,13	B	O
NGUYÊN TỬ	985	OD2	ASP	192	-14,181	8,014	-26,361	1,00	61,90	B	O
NGUYÊN TỬ	986	C	ASP	192	-15,944	4,185	-23,959	1,00	51,65	B	C

NGUYÊN TỬ	987	O	ASP	192	-14,901	3,577	-23,721	1,00	52,13	B	O
NGUYÊN TỬ	988	N	HIS	193	-17,001	4,124	-23,159	1,00	50,05	B	N
NGUYÊN TỬ	989	CA	HIS	193	-16,932	3,376	-21,914	1,00	48,15	B	C
NGUYÊN TỬ	990	CB	HIS	193	-18,204	3,569	-21,091	1,00	44,37	B	C
NGUYÊN TỬ	991	CG	HIS	193	-18,091	3,048	-19,693	1,00	43,27	B	C
NGUYÊN TỬ	992	CD2	HIS	193	-17,873	3,686	-18,518	1,00	40,34	B	C
NGUYÊN TỬ	993	ND1	HIS	193	-18,178	1,705	-19,389	1,00	42,52	B	N
NGUYÊN TỬ	994	CE1	HIS	193	-18,020	1,538	-18,088	1,00	40,12	B	C
NGUYÊN TỬ	995	NE2	HIS	193	-17,833	2,725	-17,536	1,00	40,42	B	N
NGUYÊN TỬ	996	C	HIS	193	-16,725	1,891	-22,188	1,00	48,80	B	C
NGUYÊN TỬ	997	O	HIS	193	-17,291	1,333	-23,131	1,00	48,40	B	O
NGUYÊN TỬ	998	N	ARG	194	-15,918	1,256	-21,347	1,00	49,72	B	N
NGUYÊN TỬ	999	CA	ARG	194	-15,475	-0,106	-21,594	1,00	51,21	B	C
NGUYÊN TỬ	1000	CB	ARG	194	-14,469	-0,527	-20,520	1,00	55,14	B	C
NGUYÊN TỬ	1001	CG	ARG	194	-13,596	-1,708	-20,912	1,00	62,40	B	C
NGUYÊN TỬ	1002	CD	ARG	194	-14,042	-2,993	-20,227	1,00	68,22	B	C
NGUYÊN TỬ	1003	NE	ARG	194	-13,251	-4,143	-20,660	1,00	73,86	B	N
NGUYÊN TỬ	1004	CZ	ARG	194	-13,497	-5,402	-20,306	1,00	76,07	B	C
NGUYÊN TỬ	1005	NH1	ARG	194	-12,721	-6,383	-20,754	1,00	77,25	B	N
NGUYÊN TỬ	1006	NH2	ARG	194	-14,516	-5,685	-19,504	1,00	76,69	B	N
NGUYÊN TỬ	1007	C	ARG	194	-16,650	-1,077	-21,620	1,00	49,97	B	C
NGUYÊN TỬ	1008	O	ARG	194	-16,568	-2,141	-22,227	1,00	49,91	B	O
NGUYÊN TỬ	1009	N	GLU	195	-17,748	-0,710	-20,969	1,00	48,05	B	N
NGUYÊN TỬ	1010	CA	GLU	195	-18,907	-1,591	-20,911	1,00	46,66	B	C
NGUYÊN TỬ	1011	CB	GLU	195	-19,884	-1,116	-19,833	1,00	47,09	B	C
NGUYÊN TỬ	1012	CG	GLU	195	-19,582	-1,665	-18,442	1,00	48,87	B	C
NGUYÊN TỬ	1013	CD	GLU	195	-19,912	-3,146	-18,320	1,00	51,11	B	C
NGUYÊN TỬ	1014	OE1	GLU	195	-18,981	-3,979	-18,447	1,00	52,26	B	O
NGUYÊN TỬ	1015	OE2	GLU	195	-21,100	-3,478	-18,101	1,00	48,64	B	O
NGUYÊN TỬ	1016	C	GLU	195	-19,634	-1,698	-22,247	1,00	46,38	B	C
NGUYÊN TỬ	1017	O	GLU	195	-20,254	-2,718	-22,542	1,00	44,77	B	O
NGUYÊN TỬ	1018	N	ILE	196	-19,557	-0,648	-23,057	1,00	46,54	B	N
NGUYÊN TỬ	1019	CA	ILE	196	-20,347	-0,599	-24,280	1,00	48,16	B	C
NGUYÊN TỬ	1020	CB	ILE	196	-21,486	0,446	-24,164	1,00	46,92	B	C
NGUYÊN TỬ	1021	CG2	ILE	196	-22,476	0,015	-23,102	1,00	45,09	B	C
NGUYÊN TỬ	1022	CG1	ILE	196	-20,904	1,822	-23,830	1,00	47,02	B	C
NGUYÊN TỬ	1023	CD1	ILE	196	-21,951	2,902	-23,616	1,00	47,07	B	C
NGUYÊN TỬ	1024	C	ILE	196	-19,533	-0,296	-25,537	1,00	50,05	B	C
NGUYÊN TỬ	1025	O	ILE	196	-20,061	-0,348	-26,647	1,00	50,50	B	O
NGUYÊN TỬ	1026	N	GLU	197	-18,253	0,015	-25,371	1,00	52,60	B	N
NGUYÊN TỬ	1027	CA	GLU	197	-17,453	0,482	-26,497	1,00	55,84	B	C
NGUYÊN TỬ	1028	CB	GLU	197	-16,007	0,709	-26,068	1,00	59,17	B	C
NGUYÊN TỬ	1029	CG	GLU	197	-15,164	1,378	-27,140	1,00	66,13	B	C
NGUYÊN TỬ	1030	CD	GLU	197	-13,691	1,374	-26,800	1,00	71,16	B	C
NGUYÊN TỬ	1031	OE1	GLU	197	-13,222	0,370	-26,214	1,00	74,15	B	O
NGUYÊN TỬ	1032	OE2	GLU	197	-13,003	2,371	-27,116	1,00	72,99	B	O
NGUYÊN TỬ	1033	C	GLU	197	-17,478	-0,479	-27,685	1,00	55,61	B	C
NGUYÊN TỬ	1034	O	GLU	197	-17,271	-1,684	-27,536	1,00	55,13	B	O
NGUYÊN TỬ	1035	N	GLY	198	-17,740	0,071	-28,866	1,00	56,15	B	N
NGUYÊN TỬ	1036	CA	GLY	198	-17,715	-0,727	-30,077	1,00	56,83	B	C
NGUYÊN TỬ	1037	C	GLY	198	-18,987	-1,514	-30,321	1,00	57,44	B	C
NGUYÊN TỬ	1038	O	GLY	198	-19,150	-2,122	-31,377	1,00	58,60	B	O
NGUYÊN TỬ	1039	N	ARG	199	-19,892	-1,513	-29,349	1,00	57,74	B	N
NGUYÊN TỬ	1040	CA	ARG	199	-21,160	-2,213	-29,500	1,00	57,82	B	C
NGUYÊN TỬ	1041	CB	ARG	199	-21,349	-3,211	-28,355	1,00	58,86	B	C
NGUYÊN TỬ	1042	CG	ARG	199	-20,312	-4,333	-28,336	1,00	63,05	B	C
NGUYÊN TỬ	1043	CD	ARG	199	-20,287	-5,097	-29,659	1,00	67,78	B	C
NGUYÊN TỬ	1044	NE	ARG	199	-21,503	-5,885	-29,868	1,00	71,51	B	N
NGUYÊN TỬ	1045	CZ	ARG	199	-21,995	-6,214	-31,060	1,00	72,46	B	C
NGUYÊN TỬ	1046	NH1	ARG	199	-23,109	-6,933	-31,145	1,00	72,69	B	N
NGUYÊN TỬ	1047	NH2	ARG	199	-21,376	-5,821	-32,168	1,00	73,16	B	N
NGUYÊN TỬ	1048	C	ARG	199	-22,353	-1,256	-29,568	1,00	57,64	B	C
NGUYÊN TỬ	1049	O	ARG	199	-23,429	-1,633	-30,030	1,00	58,42	B	O
NGUYÊN TỬ	1050	N	VAL	200	-22,169	-0,023	-29,105	1,00	56,67	B	N
NGUYÊN TỬ	1051	CA	VAL	200	-23,198	1,001	-29,266	1,00	56,34	B	C
NGUYÊN TỬ	1052	CB	VAL	200	-23,575	1,661	-27,921	1,00	56,89	B	C
NGUYÊN TỬ	1053	CG1	VAL	200	-24,037	0,602	-26,933	1,00	59,60	B	C
NGUYÊN TỬ	1054	CG2	VAL	200	-22,390	2,424	-27,369	1,00	58,38	B	C
NGUYÊN TỬ	1055	C	VAL	200	-22,735	2,095	-30,219	1,00	55,25	B	C
NGUYÊN TỬ	1056	O	VAL	200	-21,632	2,629	-30,089	1,00	55,38	B	O
NGUYÊN TỬ	1057	N	MET	201	-23,588	2,421	-31,182	1,00	53,57	B	N
NGUYÊN TỬ	1058	CA	MET	201	-23,303	3,491	-32,122	1,00	53,33	B	C
NGUYÊN TỬ	1059	CB	MET	201	-23,629	3,037	-33,542	1,00	57,41	B	C
NGUYÊN TỬ	1060	CG	MET	201	-23,473	4,127	-34,587	1,00	65,55	B	C
NGUYÊN TỬ	1061	SD	MET	201	-24,977	4,367	-35,566	1,00	76,08	B	S
NGUYÊN TỬ	1062	CE	MET	201	-24,388	5,567	-36,805	1,00	73,70	B	C

NGUYÊN TỬ	1063	C	MET	201	-24,129	4,725	-31,773	1,00	50,12	B	C
NGUYÊN TỬ	1064	O	MET	201	-25,322	4,627	-31,491	1,00	49,66	B	O
NGUYÊN TỬ	1065	N	VAL	202	-23,486	5,885	-31,786	1,00	46,03	B	N
NGUYÊN TỬ	1066	CA	VAL	202	-24,199	7,143	-31,616	1,00	43,65	B	C
NGUYÊN TỬ	1067	CB	VAL	202	-23,269	8,238	-31,051	1,00	42,67	B	C
NGUYÊN TỬ	1068	CG1	VAL	202	-24,025	9,549	-30,928	1,00	39,96	B	C
NGUYÊN TỬ	1069	CG2	VAL	202	-22,721	7,809	-29,699	1,00	42,01	B	C
NGUYÊN TỬ	1070	C	VAL	202	-24,724	7,609	-32,970	1,00	42,11	B	C
NGUYÊN TỬ	1071	O	VAL	202	-23,941	7,963	-33,847	1,00	41,82	B	O
NGUYÊN TỬ	1072	N	THR	203	-26,042	7,607	-33,146	1,00	39,83	B	N
NGUYÊN TỬ	1073	CA	THR	203	-26,621	8,158	-34,367	1,00	39,51	B	C
NGUYÊN TỬ	1074	CB	THR	203	-28,127	7,878	-34,458	1,00	37,45	B	C
NGUYÊN TỬ	1075	OG1	THR	203	-28,818	8,690	-33,499	1,00	38,09	B	O
NGUYÊN TỬ	1076	CG2	THR	203	-28,411	6,412	-34,179	1,00	33,14	B	C
NGUYÊN TỬ	1077	C	THR	203	-26,413	9,668	-34,327	1,00	41,01	B	C
NGUYÊN TỬ	1078	O	THR	203	-26,080	10,233	-33,284	1,00	41,22	B	O
NGUYÊN TỬ	1079	N	ASP	204	-26,595	10,346	-35,446	1,00	41,79	B	N
NGUYÊN TỬ	1080	CA	ASP	204	-26,440	11,786	-35,378	1,00	44,36	B	C
NGUYÊN TỬ	1081	CB	ASP	204	-25,818	12,331	-36,671	1,00	49,04	B	C
NGUYÊN TỬ	1082	CG	ASP	204	-26,486	11,799	-37,913	1,00	55,58	B	C
NGUYÊN TỬ	1083	OD1	ASP	204	-27,729	11,633	-37,895	1,00	58,79	B	O
NGUYÊN TỬ	1084	OD2	ASP	204	-25,761	11,549	-38,907	1,00	57,72	B	O
NGUYÊN TỬ	1085	C	ASP	204	-27,752	12,495	-35,059	1,00	41,84	B	C
NGUYÊN TỬ	1086	O	ASP	204	-27,864	13,706	-35,232	1,00	42,04	B	O
NGUYÊN TỬ	1087	N	PHE	205	-28,737	11,745	-34,571	1,00	38,16	B	N
NGUYÊN TỬ	1088	CA	PHE	205	-29,985	12,363	-34,147	1,00	36,96	B	C
NGUYÊN TỬ	1089	CB	PHE	205	-31,130	11,351	-34,078	1,00	35,73	B	C
NGUYÊN TỬ	1090	CG	PHE	205	-32,449	11,984	-33,744	1,00	36,34	B	C
NGUYÊN TỬ	1091	CD1	PHE	205	-32,800	12,238	-32,428	1,00	34,81	B	C
NGUYÊN TỬ	1092	CD2	PHE	205	-33,292	12,424	-34,750	1,00	36,67	B	C
NGUYÊN TỬ	1093	CE1	PHE	205	-33,958	12,926	-32,122	1,00	34,86	B	C
NGUYÊN TỬ	1094	CE2	PHE	205	-34,455	13,117	-34,450	1,00	36,51	B	C
NGUYÊN TỬ	1095	CZ	PHE	205	-34,786	13,368	-33,136	1,00	36,57	B	C
NGUYÊN TỬ	1096	C	PHE	205	-29,882	13,048	-32,787	1,00	37,17	B	C
NGUYÊN TỬ	1097	O	PHE	205	-29,454	12,449	-31,799	1,00	35,61	B	O
NGUYÊN TỬ	1098	N	GLU	206	-30,287	14,308	-32,741	1,00	36,47	B	N
NGUYÊN TỬ	1099	CA	GLU	206	-30,548	14,937	-31,469	1,00	39,25	B	C
NGUYÊN TỬ	1100	CB	GLU	206	-29,245	15,413	-30,821	1,00	43,55	B	C
NGUYÊN TỬ	1101	CG	GLU	206	-28,695	16,714	-31,344	1,00	51,60	B	C
NGUYÊN TỬ	1102	CD	GLU	206	-27,488	17,186	-30,544	1,00	57,35	B	C
NGUYÊN TỬ	1103	OE1	GLU	206	-26,372	17,216	-31,118	1,00	58,84	B	O
NGUYÊN TỬ	1104	OE2	GLU	206	-27,655	17,524	-29,344	1,00	56,01	B	O
NGUYÊN TỬ	1105	C	GLU	206	-31,520	16,087	-31,617	1,00	37,64	B	C
NGUYÊN TỬ	1106	O	GLU	206	-31,401	16,916	-32,526	1,00	36,38	B	O
NGUYÊN TỬ	1107	N	ASN	207	-32,491	16,112	-30,711	1,00	34,24	B	N
NGUYÊN TỬ	1108	CA	ASN	207	-33,505	17,155	-30,673	1,00	32,56	B	C
NGUYÊN TỬ	1109	CB	ASN	207	-34,736	16,702	-31,466	1,00	30,25	B	C
NGUYÊN TỬ	1110	CG	ASN	207	-35,636	17,855	-31,868	1,00	31,68	B	C
NGUYÊN TỬ	1111	OD1	ASN	207	-35,748	18,189	-33,054	1,00	32,01	B	O
NGUYÊN TỬ	1112	ND2	ASN	207	-36,291	18,465	-30,888	1,00	28,37	B	N
NGUYÊN TỬ	1113	C	ASN	207	-33,864	17,364	-29,196	1,00	32,44	B	C
NGUYÊN TỬ	1114	O	ASN	207	-34,658	16,611	-28,624	1,00	30,19	B	O
NGUYÊN TỬ	1115	N	VAL	208	-33,257	18,374	-28,579	1,00	30,82	B	N
NGUYÊN TỬ	1116	CA	VAL	208	-33,467	18,638	-27,163	1,00	30,29	B	C
NGUYÊN TỬ	1117	CB	VAL	208	-32,274	18,127	-26,309	1,00	28,56	B	C
NGUYÊN TỬ	1118	CG1	VAL	208	-32,051	16,638	-26,560	1,00	27,68	B	C
NGUYÊN TỬ	1119	CG2	VAL	208	-31,016	18,917	-26,641	1,00	25,16	B	C
NGUYÊN TỬ	1120	C	VAL	208	-33,628	20,134	-26,924	1,00	31,06	B	C
NGUYÊN TỬ	1121	O	VAL	208	-33,063	20,956	-27,651	1,00	30,60	B	O
NGUYÊN TỬ	1122	N	PRO	209	-34,408	20,503	-25,897	1,00	30,47	B	N
NGUYÊN TỬ	1123	CD	PRO	209	-35,207	19,578	-25,072	1,00	30,10	B	C
NGUYÊN TỬ	1124	CA	PRO	209	-34,536	21,894	-25,447	1,00	31,51	B	C
NGUYÊN TỬ	1125	CB	PRO	209	-35,713	21,848	-24,474	1,00	31,36	B	C
NGUYÊN TỬ	1126	CG	PRO	209	-35,683	20,448	-23,932	1,00	29,45	B	C
NGUYÊN TỬ	1127	C	PRO	209	-33,256	22,396	-24,774	1,00	31,01	B	C
NGUYÊN TỬ	1128	O	PRO	209	-32,478	21,612	-24,234	1,00	28,87	B	O
NGUYÊN TỬ	1129	N	GLU	210	-33,045	23,704	-24,838	1,00	33,74	B	N
NGUYÊN TỬ	1130	CA	GLU	210	-32,010	24,400	-24,068	1,00	36,85	B	C
NGUYÊN TỬ	1131	CB	GLU	210	-32,237	25,908	-24,171	1,00	41,10	B	C
NGUYÊN TỬ	1132	CG	GLU	210	-31,186	26,678	-24,925	1,00	52,07	B	C
NGUYÊN TỬ	1133	CD	GLU	210	-31,540	28,153	-25,021	1,00	56,74	B	C
NGUYÊN TỬ	1134	OE1	GLU	210	-32,743	28,464	-25,188	1,00	57,58	B	O
NGUYÊN TỬ	1135	OE2	GLU	210	-30,622	29,000	-24,924	1,00	61,67	B	O
NGUYÊN TỬ	1136	C	GLU	210	-32,079	24,017	-22,586	1,00	33,62	B	C
NGUYÊN TỬ	1137	O	GLU	210	-33,165	23,878	-22,037	1,00	31,67	B	O
NGUYÊN TỬ	1138	N	GLU	211	-30,927	23,878	-21,940	1,00	34,04	B	N

NGUYÊN TỬ	1139	CA	GLU	211	-30,877	23,780	-20,478	1,00	35,09	B	C
NGUYÊN TỬ	1140	CB	GLU	211	-29,440	23,595	-19,993	1,00	37,07	B	C
NGUYÊN TỬ	1141	CG	GLU	211	-28,520	22,943	-21,003	1,00	45,78	B	C
NGUYÊN TỬ	1142	CD	GLU	211	-28,779	21,466	-21,132	1,00	49,35	B	C
NGUYÊN TỬ	1143	OE1	GLU	211	-29,395	20,908	-20,197	1,00	53,87	B	O
NGUYÊN TỬ	1144	OE2	GLU	211	-28,372	20,867	-22,156	1,00	49,08	B	O
NGUYÊN TỬ	1145	C	GLU	211	-31,414	25,075	-19,887	1,00	34,57	B	C
NGUYÊN TỬ	1146	O	GLU	211	-31,403	26,112	-20,552	1,00	33,61	B	O
NGUYÊN TỬ	1147	N	ASP	212	-31,876	25,020	-18,640	1,00	34,88	B	N
NGUYÊN TỬ	1148	CA	ASP	212	-32,155	26,237	-17,880	1,00	33,98	B	C
NGUYÊN TỬ	1149	CB	ASP	212	-33,019	25,913	-16,654	1,00	36,73	B	C
NGUYÊN TỬ	1150	CG	ASP	212	-33,263	27,131	-15,764	1,00	39,80	B	C
NGUYÊN TỬ	1151	OD1	ASP	212	-32,845	28,252	-16,132	1,00	43,49	B	O
NGUYÊN TỬ	1152	OD2	ASP	212	-33,873	26,965	-14,692	1,00	43,52	B	O
NGUYÊN TỬ	1153	C	ASP	212	-30,828	26,858	-17,438	1,00	34,59	B	C
NGUYÊN TỬ	1154	O	ASP	212	-30,185	26,385	-16,492	1,00	34,03	B	O
NGUYÊN TỬ	1155	N	GLY	213	-30,425	27,920	-18,127	1,00	34,74	B	N
NGUYÊN TỬ	1156	CA	GLY	213	-29,103	28,488	-17,926	1,00	35,64	B	C
NGUYÊN TỬ	1157	C	GLY	213	-28,796	29,033	-16,535	1,00	37,75	B	C
NGUYÊN TỬ	1158	O	GLY	213	-27,629	29,101	-16,151	1,00	38,98	B	O
NGUYÊN TỬ	1159	N	THR	214	-29,818	29,422	-15,776	1,00	38,08	B	N
NGUYÊN TỬ	1160	CA	THR	214	-29,594	29,989	-14,444	1,00	39,22	B	C
NGUYÊN TỬ	1161	CB	THR	214	-30,863	30,667	-13,889	1,00	39,16	B	C
NGUYÊN TỬ	1162	OG1	THR	214	-31,853	29,671	-13,609	1,00	42,43	B	O
NGUYÊN TỬ	1163	CG2	THR	214	-31,427	31,653	-14,900	1,00	40,99	B	C
NGUYÊN TỬ	1164	C	THR	214	-29,145	28,934	-13,429	1,00	38,48	B	C
NGUYÊN TỬ	1165	O	THR	214	-28,695	29,273	-12,334	1,00	41,23	B	O
NGUYÊN TỬ	1166	N	ARG	215	-29,278	27,661	-13,790	1,00	36,13	B	N
NGUYÊN TỬ	1167	CA	ARG	215	-28,842	26,571	-12,926	1,00	33,09	B	C
NGUYÊN TỬ	1168	CB	ARG	215	-30,044	25,753	-12,458	1,00	35,26	B	C
NGUYÊN TỬ	1169	CG	ARG	215	-30,978	26,507	-11,525	1,00	39,25	B	C
NGUYÊN TỬ	1170	CD	ARG	215	-31,976	25,562	-10,860	1,00	38,84	B	C
NGUYÊN TỬ	1171	NE	ARG	215	-33,095	25,240	-11,741	1,00	41,79	B	N
NGUYÊN TỬ	1172	CZ	ARG	215	-34,023	24,325	-11,469	1,00	42,83	B	C
NGUYÊN TỬ	1173	NH1	ARG	215	-35,005	24,102	-12,330	1,00	42,89	B	N
NGUYÊN TỬ	1174	NH2	ARG	215	-33,965	23,631	-10,341	1,00	40,76	B	N
NGUYÊN TỬ	1175	C	ARG	215	-27,850	25,649	-13,621	1,00	31,31	B	C
NGUYÊN TỬ	1176	O	ARG	215	-27,465	24,620	-13,072	1,00	30,45	B	O
NGUYÊN TỬ	1177	N	PHE	216	-27,440	26,007	-14,831	1,00	29,98	B	N
NGUYÊN TỬ	1178	CA	PHE	216	-26,577	25,126	-15,606	1,00	31,33	B	C
NGUYÊN TỬ	1179	CB	PHE	216	-27,099	25,006	-17,041	1,00	30,11	B	C
NGUYÊN TỬ	1180	CG	PHE	216	-26,373	23,979	-17,865	1,00	30,31	B	C
NGUYÊN TỬ	1181	CD1	PHE	216	-25,816	24,317	-19,090	1,00	30,81	B	C
NGUYÊN TỬ	1182	CD2	PHE	216	-26,258	22,671	-17,419	1,00	29,75	B	C
NGUYÊN TỬ	1183	CE1	PHE	216	-25,156	23,363	-19,861	1,00	32,24	B	C
NGUYÊN TỬ	1184	CE2	PHE	216	-25,602	21,712	-18,178	1,00	30,04	B	C
NGUYÊN TỬ	1185	CZ	PHE	216	-25,049	22,056	-19,402	1,00	31,01	B	C
NGUYÊN TỬ	1186	C	PHE	216	-25,122	25,604	-15,618	1,00	33,88	B	C
NGUYÊN TỬ	1187	O	PHE	216	-24,824	26,718	-16,051	1,00	33,72	B	O
NGUYÊN TỬ	1188	N	HIS	217	-24,226	24,750	-15,128	1,00	34,66	B	N
NGUYÊN TỬ	1189	CA	HIS	217	-22,795	25,014	-15,165	1,00	36,02	B	C
NGUYÊN TỬ	1190	CB	HIS	217	-22,209	25,037	-13,748	1,00	39,37	B	C
NGUYÊN TỬ	1191	CG	HIS	217	-22,800	26,089	-12,860	1,00	44,56	B	C
NGUYÊN TỬ	1192	CD2	HIS	217	-24,077	26,516	-12,707	1,00	46,84	B	C
NGUYÊN TỬ	1193	ND1	HIS	217	-22,040	26,842	-11,990	1,00	47,01	B	N
NGUYÊN TỬ	1194	CE1	HIS	217	-22,822	27,688	-11,341	1,00	46,30	B	C
NGUYÊN TỬ	1195	NE2	HIS	217	-24,062	27,510	-11,757	1,00	48,13	B	N
NGUYÊN TỬ	1196	C	HIS	217	-22,147	23,897	-15,962	1,00	36,30	B	C
NGUYÊN TỬ	1197	O	HIS	217	-21,915	22,804	-15,445	1,00	35,57	B	O
NGUYÊN TỬ	1198	N	ARG	218	-21,855	24,183	-17,223	1,00	37,33	B	N
NGUYÊN TỬ	1199	CA	ARG	218	-21,393	23,173	-18,161	1,00	40,43	B	C
NGUYÊN TỬ	1200	CB	ARG	218	-21,112	23,836	-19,514	1,00	43,99	B	C
NGUYÊN TỬ	1201	CG	ARG	218	-20,457	22,930	-20,535	1,00	52,67	B	C
NGUYÊN TỬ	1202	CD	ARG	218	-21,475	22,263	-21,444	1,00	60,20	B	C
NGUYÊN TỬ	1203	NE	ARG	218	-21,024	20,935	-21,860	1,00	66,00	B	N
NGUYÊN TỬ	1204	CZ	ARG	218	-21,834	19,961	-22,267	1,00	67,40	B	C
NGUYÊN TỬ	1205	NH1	ARG	218	-21,333	18,783	-22,622	1,00	67,52	B	N
NGUYÊN TỬ	1206	NH2	ARG	218	-23,145	20,168	-22,323	1,00	68,80	B	N
NGUYÊN TỬ	1207	C	ARG	218	-20,150	22,423	-17,666	1,00	39,21	B	C
NGUYÊN TỬ	1208	O	ARG	218	-20,039	21,212	-17,841	1,00	38,82	B	O
NGUYÊN TỬ	1209	N	GLN	219	-19,220	23,136	-17,042	1,00	39,79	B	N
NGUYÊN TỬ	1210	CA	GLN	219	-17,972	22,517	-16,608	1,00	41,38	B	C
NGUYÊN TỬ	1211	CB	GLN	219	-16,984	23,584	-16,120	1,00	44,07	B	C
NGUYÊN TỬ	1212	CG	GLN	219	-16,482	24,518	-17,227	1,00	53,87	B	C
NGUYÊN TỬ	1213	CD	GLN	219	-14,958	24,512	-17,374	1,00	59,95	B	C
NGUYÊN TỬ	1214	OE1	GLN	219	-14,421	24,216	-18,452	1,00	62,01	B	O

NGUYÊN TỬ	1215	NE2	GLN	219	-14,256	24,839	-16,289	1,00	62,25	B	N
NGUYÊN TỬ	1216	C	GLN	219	-18,180	21,467	-15,519	1,00	37,67	B	C
NGUYÊN TỬ	1217	O	GLN	219	-17,400	20,527	-15,406	1,00	37,10	B	O
NGUYÊN TỬ	1218	N	ALA	220	-19,234	21,619	-14,725	1,00	35,89	B	N
NGUYÊN TỬ	1219	CA	ALA	220	-19,503	20,680	-13,638	1,00	35,91	B	C
NGUYÊN TỬ	1220	CB	ALA	220	-20,027	21,428	-12,427	1,00	33,00	B	C
NGUYÊN TỬ	1221	C	ALA	220	-20,489	19,581	-14,037	1,00	35,70	B	C
NGUYÊN TỬ	1222	O	ALA	220	-20,497	18,507	-13,453	1,00	36,94	B	O
NGUYÊN TỬ	1223	N	SER	221	-21,312	19,856	-15,039	1,00	37,81	B	N
NGUYÊN TỬ	1224	CA	SER	221	-22,373	18,941	-15,444	1,00	39,11	B	C
NGUYÊN TỬ	1225	CB	SER	221	-23,316	19,659	-16,411	1,00	40,05	B	C
NGUYÊN TỬ	1226	OG	SER	221	-24,304	18,777	-16,916	1,00	44,84	B	O
NGUYÊN TỬ	1227	C	SER	221	-21,854	17,652	-16,087	1,00	38,84	B	C
NGUYÊN TỬ	1228	O	SER	221	-20,932	17,674	-16,900	1,00	38,31	B	O
NGUYÊN TỬ	1229	N	LYS	222	-22,449	16,525	-15,715	1,00	39,04	B	N
NGUYÊN TỬ	1230	CA	LYS	222	-22,186	15,259	-16,396	1,00	41,16	B	C
NGUYÊN TỬ	1231	CB	LYS	222	-22,026	14,127	-15,377	1,00	42,57	B	C
NGUYÊN TỬ	1232	CG	LYS	222	-20,878	14,311	-14,402	1,00	46,43	B	C
NGUYÊN TỬ	1233	CD	LYS	222	-21,183	13,589	-13,100	1,00	53,68	B	C
NGUYÊN TỬ	1234	CE	LYS	222	-19,918	13,140	-12,377	1,00	57,05	B	C
NGUYÊN TỬ	1235	NZ	LYS	222	-20,212	12,021	-11,418	1,00	57,68	B	N
NGUYÊN TỬ	1236	C	LYS	222	-23,353	14,939	-17,321	1,00	41,01	B	C
NGUYÊN TỬ	1237	O	LYS	222	-24,327	14,316	-16,904	1,00	42,43	B	O
NGUYÊN TỬ	1238	N	CYS	223	-23,260	15,361	-18,576	1,00	41,97	B	N
NGUYÊN TỬ	1239	CA	CYS	223	-24,398	15,259	-19,484	1,00	44,73	B	C
NGUYÊN TỬ	1240	C	CYS	223	-24,721	13,819	-19,876	1,00	42,78	B	C
NGUYÊN TỬ	1241	O	CYS	223	-25,844	13,528	-20,280	1,00	42,75	B	O
NGUYÊN TỬ	1242	CB	CYS	223	-24,148	16,104	-20,745	1,00	48,24	B	C
NGUYÊN TỬ	1243	SG	CYS	223	-24,066	17,911	-20,440	1,00	61,09	B	S
NGUYÊN TỬ	1244	N	ASP	224	-23,736	12,931	-19,735	1,00	42,89	B	N
NGUYÊN TỬ	1245	CA	ASP	224	-23,820	11,549	-20,215	1,00	41,94	B	C
NGUYÊN TỬ	1246	CB	ASP	224	-22,448	11,060	-20,677	1,00	45,97	B	C
NGUYÊN TỬ	1247	CG	ASP	224	-21,896	11,860	-21,828	1,00	51,61	B	C
NGUYÊN TỬ	1248	OD1	ASP	224	-22,698	12,450	-22,585	1,00	55,30	B	O
NGUYÊN TỬ	1249	OD2	ASP	224	-20,653	11,896	-21,978	1,00	55,41	B	O
NGUYÊN TỬ	1250	C	ASP	224	-24,318	10,570	-19,163	1,00	40,44	B	C
NGUYÊN TỬ	1251	O	ASP	224	-24,500	9,391	-19,446	1,00	40,53	B	O
NGUYÊN TỬ	1252	N	SER	225	-24,514	11,043	-17,943	1,00	39,18	B	N
NGUYÊN TỬ	1253	CA	SER	225	-24,670	10,136	-16,817	1,00	38,21	B	C
NGUYÊN TỬ	1254	CB	SER	225	-24,814	10,936	-15,527	1,00	38,32	B	C
NGUYÊN TỬ	1255	OG	SER	225	-25,257	10,088	-14,488	1,00	45,34	B	O
NGUYÊN TỬ	1256	C	SER	225	-25,838	9,155	-16,939	1,00	35,49	B	C
NGUYÊN TỬ	1257	O	SER	225	-25,671	7,957	-16,727	1,00	35,90	B	O
NGUYÊN TỬ	1258	N	HIS	226	-27,018	9,664	-17,275	1,00	34,83	B	N
NGUYÊN TỬ	1259	CA	HIS	226	-28,235	8,852	-17,285	1,00	34,19	B	C
NGUYÊN TỬ	1260	CB	HIS	226	-29,458	9,771	-17,415	1,00	33,13	B	C
NGUYÊN TỬ	1261	CG	HIS	226	-30,774	9,083	-17,207	1,00	34,07	B	C
NGUYÊN TỬ	1262	CD2	HIS	226	-31,387	8,650	-16,078	1,00	33,89	B	C
NGUYÊN TỬ	1263	ND1	HIS	226	-31,659	8,841	-18,238	1,00	33,86	B	N
NGUYÊN TỬ	1264	CE1	HIS	226	-32,760	8,295	-17,753	1,00	34,25	B	C
NGUYÊN TỬ	1265	NE2	HIS	226	-32,621	8,168	-16,445	1,00	35,48	B	N
NGUYÊN TỬ	1266	C	HIS	226	-28,206	7,844	-18,440	1,00	34,61	B	C
NGUYÊN TỬ	1267	O	HIS	226	-28,456	6,656	-18,248	1,00	34,03	B	O
NGUYÊN TỬ	1268	N	GLY	227	-27,887	8,321	-19,639	1,00	33,03	B	N
NGUYÊN TỬ	1269	CA	GLY	227	-27,905	7,449	-20,795	1,00	33,67	B	C
NGUYÊN TỬ	1270	C	GLY	227	-26,827	6,378	-20,768	1,00	33,99	B	C
NGUYÊN TỬ	1271	O	GLY	227	-27,082	5,231	-21,140	1,00	32,66	B	O
NGUYÊN TỬ	1272	N	THR	228	-25,623	6,742	-20,332	1,00	33,72	B	N
NGUYÊN TỬ	1273	CA	THR	228	-24,514	5,793	-20,305	1,00	35,16	B	C
NGUYÊN TỬ	1274	CB	THR	228	-23,218	6,436	-19,759	1,00	36,04	B	C
NGUYÊN TỬ	1275	OG1	THR	228	-22,857	7,564	-20,564	1,00	36,59	B	O
NGUYÊN TỬ	1276	CG2	THR	228	-22,085	5,427	-19,778	1,00	35,96	B	C
NGUYÊN TỬ	1277	C	THR	228	-24,866	4,620	-19,399	1,00	35,86	B	C
NGUYÊN TỬ	1278	O	THR	228	-24,596	3,459	-19,716	1,00	34,91	B	O
NGUYÊN TỬ	1279	N	HIS	229	-25,473	4,933	-18,262	1,00	36,05	B	N
NGUYÊN TỬ	1280	CA	HIS	229	-25,755	3,920	-17,264	1,00	35,40	B	C
NGUYÊN TỬ	1281	CB	HIS	229	-26,279	4,582	-15,990	1,00	35,21	B	C
NGUYÊN TỬ	1282	CG	HIS	229	-26,547	3,619	-14,879	1,00	34,42	B	C
NGUYÊN TỬ	1283	CD2	HIS	229	-25,754	3,166	-13,879	1,00	35,18	B	C
NGUYÊN TỬ	1284	ND1	HIS	229	-27,758	2,981	-14,726	1,00	36,17	B	N
NGUYÊN TỬ	1285	CE1	HIS	229	-27,700	2,173	-13,681	1,00	38,58	B	C
NGUYÊN TỬ	1286	NE2	HIS	229	-26,494	2,267	-13,150	1,00	37,21	B	N
NGUYÊN TỬ	1287	C	HIS	229	-26,787	2,947	-17,817	1,00	36,81	B	C
NGUYÊN TỬ	1288	O	HIS	229	-26,699	1,736	-17,603	1,00	37,62	B	O
NGUYÊN TỬ	1289	N	LEU	230	-27,764	3,486	-18,540	1,00	37,41	B	N
NGUYÊN TỬ	1290	CA	LEU	230	-28,840	2,674	-19,092	1,00	36,89	B	C

NGUYÊN TỬ	1291	CB	LEU	230	-29,971	3,580	-19,591	1,00	35,14	B	C
NGUYÊN TỬ	1292	CG	LEU	230	-30,761	4,295	-18,489	1,00	36,53	B	C
NGUYÊN TỬ	1293	CD1	LEU	230	-31,805	5,216	-19,118	1,00	34,66	B	C
NGUYÊN TỬ	1294	CD2	LEU	230	-31,430	3,263	-17,585	1,00	31,80	B	C
NGUYÊN TỬ	1295	C	LEU	230	-28,345	1,773	-20,224	1,00	37,42	B	C
NGUYÊN TỬ	1296	O	LEU	230	-28,719	0,602	-20,300	1,00	37,18	B	O
NGUYÊN TỬ	1297	N	ALA	231	-27,505	2,317	-21,099	1,00	36,72	B	N
NGUYÊN TỬ	1298	CA	ALA	231	-26,895	1,514	-22,154	1,00	37,67	B	C
NGUYÊN TỬ	1299	CB	ALA	231	-25,934	2,365	-22,967	1,00	38,58	B	C
NGUYÊN TỬ	1300	C	ALA	231	-26,145	0,353	-21,506	1,00	38,18	B	C
NGUYÊN TỬ	1301	O	ALA	231	-26,195	-0,781	-21,985	1,00	38,02	B	O
NGUYÊN TỬ	1302	N	GLY	232	-25,466	0,650	-20,403	1,00	37,63	B	N
NGUYÊN TỬ	1303	CA	GLY	232	-24,740	-0,371	-19,674	1,00	37,42	B	C
NGUYÊN TỬ	1304	C	GLY	232	-25,634	-1,433	-19,062	1,00	39,21	B	C
NGUYÊN TỬ	1305	O	GLY	232	-25,294	-2,620	-19,096	1,00	39,54	B	O
NGUYÊN TỬ	1306	N	VAL	233	-26,774	-1,025	-18,504	1,00	37,80	B	N
NGUYÊN TỬ	1307	CA	VAL	233	-27,706	-1,991	-17,932	1,00	36,04	B	C
NGUYÊN TỬ	1308	CB	VAL	233	-28,907	-1,305	-17,247	1,00	34,34	B	C
NGUYÊN TỬ	1309	CG1	VAL	233	-29,925	-2,348	-16,842	1,00	32,45	B	C
NGUYÊN TỬ	1310	CG2	VAL	233	-28,446	-0,528	-16,024	1,00	32,92	B	C
NGUYÊN TỬ	1311	C	VAL	233	-28,246	-2,917	-19,014	1,00	37,82	B	C
NGUYÊN TỬ	1312	O	VAL	233	-28,417	-4,113	-18,788	1,00	38,19	B	O
NGUYÊN TỬ	1313	N	VAL	234	-28,514	-2,363	-20,191	1,00	38,91	B	N
NGUYÊN TỬ	1314	CA	VAL	234	-29,036	-3,164	-21,291	1,00	39,62	B	C
NGUYÊN TỬ	1315	CB	VAL	234	-29,552	-2,271	-22,453	1,00	39,19	B	C
NGUYÊN TỬ	1316	CG1	VAL	234	-29,920	-3,138	-23,640	1,00	37,07	B	C
NGUYÊN TỬ	1317	CG2	VAL	234	-30,775	-1,470	-22,005	1,00	38,06	B	C
NGUYÊN TỬ	1318	C	VAL	234	-27,980	-4,127	-21,849	1,00	41,00	B	C
NGUYÊN TỬ	1319	O	VAL	234	-28,241	-5,323	-22,000	1,00	38,81	B	O
NGUYÊN TỬ	1320	N	SER	235	-26,788	-3,609	-22,141	1,00	41,61	B	N
NGUYÊN TỬ	1321	CA	SER	235	-25,837	-4,343	-22,969	1,00	43,40	B	C
NGUYÊN TỬ	1322	CB	SER	235	-25,888	-3,804	-24,395	1,00	43,13	B	C
NGUYÊN TỬ	1323	OG	SER	235	-25,378	-2,486	-24,430	1,00	43,09	B	O
NGUYÊN TỬ	1324	C	SER	235	-24,384	-4,320	-22,493	1,00	44,31	B	C
NGUYÊN TỬ	1325	O	SER	235	-23,488	-4,670	-23,256	1,00	44,63	B	O
NGUYÊN TỬ	1326	N	GLY	236	-24,141	-3,903	-21,255	1,00	44,68	B	N
NGUYÊN TỬ	1327	CA	GLY	236	-22,771	-3,852	-20,768	1,00	47,17	B	C
NGUYÊN TỬ	1328	C	GLY	236	-22,139	-5,234	-20,731	1,00	48,76	B	C
NGUYÊN TỬ	1329	O	GLY	236	-22,823	-6,220	-20,447	1,00	47,27	B	O
NGUYÊN TỬ	1330	N	ARG	237	-20,840	-5,327	-21,011	1,00	50,91	B	N
NGUYÊN TỬ	1331	CA	ARG	237	-20,216	-6,644	-21,113	1,00	54,98	B	C
NGUYÊN TỬ	1332	CB	ARG	237	-18,866	-6,565	-21,839	1,00	57,32	B	C
NGUYÊN TỬ	1333	CG	ARG	237	-17,921	-5,481	-21,369	1,00	62,69	B	C
NGUYÊN TỬ	1334	CD	ARG	237	-16,673	-5,455	-22,254	1,00	67,42	B	C
NGUYÊN TỬ	1335	NE	ARG	237	-16,997	-5,685	-23,664	1,00	72,57	B	N
NGUYÊN TỬ	1336	CZ	ARG	237	-16,678	-4,861	-24,663	1,00	74,70	B	C
NGUYÊN TỬ	1337	NH1	ARG	237	-17,021	-5,164	-25,911	1,00	74,47	B	N
NGUYÊN TỬ	1338	NH2	ARG	237	-16,013	-3,737	-24,420	1,00	75,30	B	N
NGUYÊN TỬ	1339	C	ARG	237	-20,047	-7,351	-19,772	1,00	54,54	B	C
NGUYÊN TỬ	1340	O	ARG	237	-20,056	-8,578	-19,716	1,00	56,23	B	O
NGUYÊN TỬ	1341	N	ASP	238	-19,911	-6,584	-18,694	1,00	54,25	B	N
NGUYÊN TỬ	1342	CA	ASP	238	-19,780	-7,167	-17,362	1,00	54,09	B	C
NGUYÊN TỬ	1343	CB	ASP	238	-18,663	-6,463	-16,580	1,00	56,58	B	C
NGUYÊN TỬ	1344	CG	ASP	238	-17,288	-6,673	-17,199	1,00	59,27	B	C
NGUYÊN TỬ	1345	OD1	ASP	238	-17,167	-7,481	-18,144	1,00	60,55	B	O
NGUYÊN TỬ	1346	OD2	ASP	238	-16,323	-6,026	-16,738	1,00	61,66	B	O
NGUYÊN TỬ	1347	C	ASP	238	-21,077	-7,101	-16,556	1,00	53,15	B	C
NGUYÊN TỬ	1348	O	ASP	238	-21,436	-8,060	-15,875	1,00	52,85	B	O
NGUYÊN TỬ	1349	N	ALA	239	-21,775	-5,970	-16,627	1,00	52,70	B	N
NGUYÊN TỬ	1350	CA	ALA	239	-22,913	-5,727	-15,742	1,00	50,29	B	C
NGUYÊN TỬ	1351	CB	ALA	239	-22,663	-4,476	-14,915	1,00	49,27	B	C
NGUYÊN TỬ	1352	C	ALA	239	-24,243	-5,607	-16,483	1,00	49,76	B	C
NGUYÊN TỬ	1353	O	ALA	239	-25,267	-5,280	-15,881	1,00	48,97	B	O
NGUYÊN TỬ	1354	N	GLY	240	-24,229	-5,881	-17,783	1,00	48,12	B	N
NGUYÊN TỬ	1355	CA	GLY	240	-25,448	-5,783	-18,566	1,00	47,47	B	C
NGUYÊN TỬ	1356	C	GLY	240	-26,327	-7,023	-18,552	1,00	47,44	B	C
NGUYÊN TỬ	1357	O	GLY	240	-25,912	-8,098	-18,113	1,00	48,79	B	O
NGUYÊN TỬ	1358	N	VAL	241	-27,553	-6,872	-19,042	1,00	46,01	B	N
NGUYÊN TỬ	1359	CA	VAL	241	-28,499	-7,977	-19,115	1,00	45,03	B	C
NGUYÊN TỬ	1360	CB	VAL	241	-29,949	-7,465	-19,065	1,00	43,05	B	C
NGUYÊN TỬ	1361	CG1	VAL	241	-30,907	-8,578	-19,431	1,00	39,38	B	C
NGUYÊN TỬ	1362	CG2	VAL	241	-30,261	-6,939	-17,668	1,00	42,38	B	C
NGUYÊN TỬ	1363	C	VAL	241	-28,307	-8,797	-20,388	1,00	47,14	B	C
NGUYÊN TỬ	1364	O	VAL	241	-28,223	-10,025	-20,334	1,00	47,85	B	O
NGUYÊN TỬ	1365	N	ALA	242	-28,243	-8,114	-21,528	1,00	46,60	B	N
NGUYÊN TỬ	1366	CA	ALA	242	-27,917	-8,759	-22,797	1,00	48,43	B	C

NGUYÊN TỬ	1367	CB	ALA	242	-28,913	-8,342	-23,873	1,00	45,85	B	C
NGUYÊN TỬ	1368	C	ALA	242	-26,504	-8,350	-23,202	1,00	50,23	B	C
NGUYÊN TỬ	1369	O	ALA	242	-26,312	-7,414	-23,983	1,00	50,74	B	O
NGUYÊN TỬ	1370	N	LYS	243	-25,517	-9,058	-22,663	1,00	51,90	B	N
NGUYÊN TỬ	1371	CA	LYS	243	-24,134	-8,615	-22,748	1,00	53,47	B	C
NGUYÊN TỬ	1372	CB	LYS	243	-23,239	-9,546	-21,923	1,00	54,37	B	C
NGUYÊN TỬ	1373	CG	LYS	243	-23,605	-9,581	-20,437	1,00	56,48	B	C
NGUYÊN TỬ	1374	CD	LYS	243	-22,714	-10,528	-19,649	1,00	57,08	B	C
NGUYÊN TỬ	1375	CE	LYS	243	-23,346	-10,907	-18,314	1,00	58,87	B	C
NGUYÊN TỬ	1376	NZ	LYS	243	-23,227	-9,834	-17,291	1,00	59,43	B	N
NGUYÊN TỬ	1377	C	LYS	243	-23,658	-8,552	-24,196	1,00	53,57	B	C
NGUYÊN TỬ	1378	O	LYS	243	-23,857	-9,491	-24,972	1,00	53,48	B	O
NGUYÊN TỬ	1379	N	GLY	244	-23,047	-7,425	-24,555	1,00	53,12	B	N
NGUYÊN TỬ	1380	CA	GLY	244	-22,519	-7,255	-25,896	1,00	51,90	B	C
NGUYÊN TỬ	1381	C	GLY	244	-23,555	-6,909	-26,952	1,00	52,11	B	C
NGUYÊN TỬ	1382	O	GLY	244	-23,209	-6,729	-28,121	1,00	51,13	B	O
NGUYÊN TỬ	1383	N	ALA	245	-24,823	-6,810	-26,557	1,00	51,54	B	N
NGUYÊN TỬ	1384	CA	ALA	245	-25,892	-6,538	-27,517	1,00	49,79	B	C
NGUYÊN TỬ	1385	CB	ALA	245	-27,240	-6,513	-26,814	1,00	49,57	B	C
NGUYÊN TỬ	1386	C	ALA	245	-25,663	-5,221	-28,248	1,00	48,94	B	C
NGUYÊN TỬ	1387	O	ALA	245	-25,013	-4,308	-27,732	1,00	50,04	B	O
NGUYÊN TỬ	1388	N	SER	246	-26,206	-5,135	-29,455	1,00	47,10	B	N
NGUYÊN TỬ	1389	CA	SER	246	-25,985	-3,992	-30,326	1,00	46,40	B	C
NGUYÊN TỬ	1390	CB	SER	246	-26,152	-4,432	-31,785	1,00	46,20	B	C
NGUYÊN TỬ	1391	OG	SER	246	-26,115	-3,332	-32,676	1,00	49,27	B	O
NGUYÊN TỬ	1392	C	SER	246	-26,971	-2,866	-29,992	1,00	46,30	B	C
NGUYÊN TỬ	1393	O	SER	246	-28,166	-3,109	-29,813	1,00	46,52	B	O
NGUYÊN TỬ	1394	N	MET	247	-26,475	-1,635	-29,909	1,00	44,47	B	N
NGUYÊN TỬ	1395	CA	MET	247	-27,341	-0,506	-29,591	1,00	43,77	B	C
NGUYÊN TỬ	1396	CB	MET	247	-27,184	-0,116	-28,120	1,00	44,42	B	C
NGUYÊN TỬ	1397	CG	MET	247	-27,610	-1,193	-27,145	1,00	47,82	B	C
NGUYÊN TỬ	1398	SD	MET	247	-27,687	-0,576	-25,455	1,00	51,27	B	S
NGUYÊN TỬ	1399	CE	MET	247	-29,166	0,438	-25,535	1,00	48,79	B	C
NGUYÊN TỬ	1400	C	MET	247	-27,092	0,718	-30,464	1,00	42,00	B	C
NGUYÊN TỬ	1401	O	MET	247	-25,972	0,962	-30,916	1,00	39,97	B	O
NGUYÊN TỬ	1402	N	ARG	248	-28,155	1,480	-30,694	1,00	39,53	B	N
NGUYÊN TỬ	1403	CA	ARG	248	-28,057	2,770	-31,359	1,00	39,90	B	C
NGUYÊN TỬ	1404	CB	ARG	248	-28,716	2,699	-32,739	1,00	42,19	B	C
NGUYÊN TỬ	1405	CG	ARG	248	-28,111	1,636	-33,646	1,00	47,22	B	C
NGUYÊN TỬ	1406	CD	ARG	248	-28,800	1,575	-35,001	1,00	52,45	B	C
NGUYÊN TỬ	1407	NE	ARG	248	-28,003	2,220	-36,040	1,00	59,77	B	N
NGUYÊN TỬ	1408	CZ	ARG	248	-28,404	3,269	-36,754	1,00	64,16	B	C
NGUYÊN TỬ	1409	NH1	ARG	248	-27,599	3,789	-37,674	1,00	65,74	B	N
NGUYÊN TỬ	1410	NH2	ARG	248	-29,609	3,798	-36,560	1,00	65,15	B	N
NGUYÊN TỬ	1411	C	ARG	248	-28,751	3,816	-30,492	1,00	39,62	B	C
NGUYÊN TỬ	1412	O	ARG	248	-29,907	3,641	-30,096	1,00	39,17	B	O
NGUYÊN TỬ	1413	N	SER	249	-28,047	4,901	-30,185	1,00	37,99	B	N
NGUYÊN TỬ	1414	CA	SER	249	-28,588	5,898	-29,280	1,00	37,24	B	C
NGUYÊN TỬ	1415	CB	SER	249	-27,549	6,265	-28,214	1,00	36,64	B	C
NGUYÊN TỬ	1416	OG	SER	249	-26,336	6,689	-28,805	1,00	42,82	B	O
NGUYÊN TỬ	1417	C	SER	249	-29,048	7,147	-30,020	1,00	36,18	B	C
NGUYÊN TỬ	1418	O	SER	249	-28,395	7,608	-30,960	1,00	36,34	B	O
NGUYÊN TỬ	1419	N	LEU	250	-30,192	7,674	-29,595	1,00	33,93	B	N
NGUYÊN TỬ	1420	CA	LEU	250	-30,690	8,965	-30,062	1,00	33,58	B	C
NGUYÊN TỬ	1421	CB	LEU	250	-32,085	8,810	-30,683	1,00	31,97	B	C
NGUYÊN TỬ	1422	CG	LEU	250	-32,225	8,090	-32,028	1,00	35,15	B	C
NGUYÊN TỬ	1423	CD1	LEU	250	-31,875	6,607	-31,885	1,00	32,63	B	C
NGUYÊN TỬ	1424	CD2	LEU	250	-33,649	8,262	-32,537	1,00	29,57	B	C
NGUYÊN TỬ	1425	C	LEU	250	-30,784	9,893	-28,853	1,00	32,36	B	C
NGUYÊN TỬ	1426	O	LEU	250	-31,214	9,472	-27,778	1,00	32,19	B	O
NGUYÊN TỬ	1427	N	ARG	251	-30,403	11,153	-29,024	1,00	31,24	B	N
NGUYÊN TỬ	1428	CA	ARG	251	-30,497	12,105	-27,924	1,00	31,28	B	C
NGUYÊN TỬ	1429	CB	ARG	251	-29,299	13,049	-27,937	1,00	32,49	B	C
NGUYÊN TỬ	1430	CG	ARG	251	-29,320	14,019	-26,778	1,00	34,71	B	C
NGUYÊN TỬ	1431	CD	ARG	251	-28,075	14,868	-26,739	1,00	35,70	B	C
NGUYÊN TỬ	1432	NE	ARG	251	-27,962	15,534	-25,447	1,00	39,37	B	N
NGUYÊN TỬ	1433	CZ	ARG	251	-27,585	16,796	-25,294	1,00	38,08	B	C
NGUYÊN TỬ	1434	NH1	ARG	251	-27,282	17,528	-26,356	1,00	38,81	B	N
NGUYÊN TỬ	1435	NH2	ARG	251	-27,518	17,322	-24,082	1,00	38,72	B	N
NGUYÊN TỬ	1436	C	ARG	251	-31,785	12,929	-27,951	1,00	30,86	B	C
NGUYÊN TỬ	1437	O	ARG	251	-31,947	13,813	-28,800	1,00	31,68	B	O
NGUYÊN TỬ	1438	N	VAL	252	-32,697	12,643	-27,021	1,00	28,82	B	N
NGUYÊN TỬ	1439	CA	VAL	252	-33,927	13,423	-26,892	1,00	28,33	B	C
NGUYÊN TỬ	1440	CB	VAL	252	-35,187	12,564	-27,173	1,00	28,02	B	C
NGUYÊN TỬ	1441	CG1	VAL	252	-35,122	12,000	-28,589	1,00	27,63	B	C
NGUYÊN TỬ	1442	CG2	VAL	252	-35,295	11,437	-26,162	1,00	25,95	B	C

NGUYÊN TỬ	1443	C	VAL	252	-34,084	14,077	-25,521	1,00	27,82	B	C
NGUYÊN TỬ	1444	O	VAL	252	-35,091	14,727	-25,259	1,00	28,30	B	O
NGUYÊN TỬ	1445	N	LEU	253	-33,092	13,897	-24,652	1,00	26,78	B	N
NGUYÊN TỬ	1446	CA	LEU	253	-33,075	14,563	-23,349	1,00	27,02	B	C
NGUYÊN TỬ	1447	CB	LEU	253	-33,128	13,527	-22,222	1,00	23,74	B	C
NGUYÊN TỬ	1448	CG	LEU	253	-34,374	12,643	-22,136	1,00	24,22	B	C
NGUYÊN TỬ	1449	CD1	LEU	253	-34,152	11,582	-21,061	1,00	23,90	B	C
NGUYÊN TỬ	1450	CD2	LEU	253	-35,602	13,489	-21,807	1,00	21,35	B	C
NGUYÊN TỬ	1451	C	LEU	253	-31,798	15,387	-23,223	1,00	25,77	B	C
NGUYÊN TỬ	1452	O	LEU	253	-30,723	14,910	-23,570	1,00	26,91	B	O
NGUYÊN TỬ	1453	N	ASN	254	-31,908	16,619	-22,732	1,00	26,13	B	N
NGUYÊN TỬ	1454	CA	ASN	254	-30,723	17,458	-22,575	1,00	26,64	B	C
NGUYÊN TỬ	1455	CB	ASN	254	-31,111	18,945	-22,552	1,00	24,80	B	C
NGUYÊN TỬ	1456	CG	ASN	254	-31,999	19,309	-21,380	1,00	25,34	B	C
NGUYÊN TỬ	1457	OD1	ASN	254	-32,052	18,598	-20,374	1,00	22,46	B	O
NGUYÊN TỬ	1458	ND2	ASN	254	-32,704	20,430	-21,505	1,00	22,21	B	N
NGUYÊN TỬ	1459	C	ASN	254	-29,940	17,088	-21,314	1,00	27,37	B	C
NGUYÊN TỬ	1460	O	ASN	254	-30,229	16,079	-20,670	1,00	25,26	B	O
NGUYÊN TỬ	1461	N	CYS	255	-28,941	17,898	-20,974	1,00	28,60	B	N
NGUYÊN TỬ	1462	CA	CYS	255	-28,069	17,609	-19,837	1,00	31,55	B	C
NGUYÊN TỬ	1463	C	CYS	255	-28,845	17,611	-18,526	1,00	29,84	B	C
NGUYÊN TỬ	1464	O	CYS	255	-28,449	16,956	-17,561	1,00	29,79	B	O
NGUYÊN TỬ	1465	CB	CYS	255	-26,944	18,643	-19,756	1,00	39,06	B	C
NGUYÊN TỬ	1466	SG	CYS	255	-25,816	18,660	-21,190	1,00	50,83	B	S
NGUYÊN TỬ	1467	N	GLN	256	-29,948	18,350	-18,499	1,00	25,96	B	N
NGUYÊN TỬ	1468	CA	GLN	256	-30,795	18,413	-17,319	1,00	25,56	B	C
NGUYÊN TỬ	1469	CB	GLN	256	-31,304	19,855	-17,118	1,00	26,50	B	C
NGUYÊN TỬ	1470	CG	GLN	256	-30,203	20,805	-16,621	1,00	27,07	B	C
NGUYÊN TỬ	1471	CD	GLN	256	-30,618	22,269	-16,546	1,00	29,99	B	C
NGUYÊN TỬ	1472	OE1	GLN	256	-31,569	22,698	-17,202	1,00	29,18	B	O
NGUYÊN TỬ	1473	NE2	GLN	256	-29,889	23,051	-15,740	1,00	28,68	B	N
NGUYÊN TỬ	1474	C	GLN	256	-31,955	17,422	-17,400	1,00	25,12	B	C
NGUYÊN TỬ	1475	O	GLN	256	-32,960	17,577	-16,714	1,00	25,75	B	O
NGUYÊN TỬ	1476	N	GLY	257	-31,806	16,393	-18,231	1,00	25,10	B	N
NGUYÊN TỬ	1477	CA	GLY	257	-32,761	15,291	-18,221	1,00	24,84	B	C
NGUYÊN TỬ	1478	C	GLY	257	-34,124	15,640	-18,805	1,00	26,13	B	C
NGUYÊN TỬ	1479	O	GLY	257	-35,115	14,940	-18,570	1,00	24,93	B	O
NGUYÊN TỬ	1480	N	LYS	258	-34,183	16,722	-19,571	1,00	24,07	B	N
NGUYÊN TỬ	1481	CA	LYS	258	-35,462	17,231	-20,040	1,00	28,15	B	C
NGUYÊN TỬ	1482	CB	LYS	258	-35,657	18,660	-19,522	1,00	32,37	B	C
NGUYÊN TỬ	1483	CG	LYS	258	-37,070	19,183	-19,644	1,00	39,14	B	C
NGUYÊN TỬ	1484	CD	LYS	258	-37,359	20,253	-18,588	1,00	41,81	B	C
NGUYÊN TỬ	1485	CE	LYS	258	-37,363	21,648	-19,204	1,00	45,11	B	C
NGUYÊN TỬ	1486	NZ	LYS	258	-38,425	22,526	-18,618	1,00	47,02	B	N
NGUYÊN TỬ	1487	C	LYS	258	-35,557	17,191	-21,568	1,00	27,03	B	C
NGUYÊN TỬ	1488	O	LYS	258	-34,595	17,513	-22,274	1,00	25,30	B	O
NGUYÊN TỬ	1489	N	GLY	259	-36,715	16,771	-22,072	1,00	26,32	B	N
NGUYÊN TỬ	1490	CA	GLY	259	-36,963	16,800	-23,507	1,00	25,87	B	C
NGUYÊN TỬ	1491	C	GLY	259	-38,363	17,309	-23,804	1,00	26,15	B	C
NGUYÊN TỬ	1492	O	GLY	259	-39,028	17,847	-22,920	1,00	25,50	B	O
NGUYÊN TỬ	1493	N	THR	260	-38,822	17,143	-25,041	1,00	25,47	B	N
NGUYÊN TỬ	1494	CA	THR	260	-40,191	17,523	-25,394	1,00	25,25	B	C
NGUYÊN TỬ	1495	CB	THR	260	-40,210	18,742	-26,335	1,00	25,76	B	C
NGUYÊN TỬ	1496	OG1	THR	260	-39,565	18,402	-27,572	1,00	24,26	B	O
NGUYÊN TỬ	1497	CG2	THR	260	-39,479	19,921	-25,689	1,00	22,58	B	C
NGUYÊN TỬ	1498	C	THR	260	-40,920	16,377	-26,082	1,00	24,53	B	C
NGUYÊN TỬ	1499	O	THR	260	-40,289	15,486	-26,647	1,00	25,79	B	O
NGUYÊN TỬ	1500	N	VAL	261	-42,248	16,393	-26,027	1,00	25,73	B	N
NGUYÊN TỬ	1501	CA	VAL	261	-43,038	15,432	-26,789	1,00	25,75	B	C
NGUYÊN TỬ	1502	CB	VAL	261	-44,558	15,676	-26,619	1,00	25,68	B	C
NGUYÊN TỬ	1503	CG1	VAL	261	-45,328	14,955	-27,717	1,00	23,94	B	C
NGUYÊN TỬ	1504	CG2	VAL	261	-45,019	15,164	-25,262	1,00	24,05	B	C
NGUYÊN TỬ	1505	C	VAL	261	-42,682	15,543	-28,271	1,00	27,72	B	C
NGUYÊN TỬ	1506	O	VAL	261	-42,517	14,534	-28,953	1,00	28,50	B	O
NGUYÊN TỬ	1507	N	SER	262	-42,542	16,768	-28,766	1,00	26,86	B	N
NGUYÊN TỬ	1508	CA	SER	262	-42,305	16,961	-30,193	1,00	28,93	B	C
NGUYÊN TỬ	1509	CB	SER	262	-42,371	18,457	-30,557	1,00	28,78	B	C
NGUYÊN TỬ	1510	OG	SER	262	-41,371	19,209	-29,887	1,00	30,58	B	O
NGUYÊN TỬ	1511	C	SER	262	-40,955	16,370	-30,599	1,00	29,25	B	C
NGUYÊN TỬ	1512	O	SER	262	-40,839	15,735	-31,655	1,00	30,56	B	O
NGUYÊN TỬ	1513	N	GLY	263	-39,943	16,561	-29,756	1,00	27,34	B	N
NGUYÊN TỬ	1514	CA	GLY	263	-38,631	16,013	-30,051	1,00	25,52	B	C
NGUYÊN TỬ	1515	C	GLY	263	-38,647	14,496	-30,038	1,00	27,31	B	C
NGUYÊN TỬ	1516	O	GLY	263	-37,978	13,841	-30,836	1,00	27,93	B	O
NGUYÊN TỬ	1517	N	THR	264	-39,429	13,930	-29,130	1,00	27,25	B	N
NGUYÊN TỬ	1518	CA	THR	264	-39,541	12,487	-29,020	1,00	27,72	B	C

NGUYÊN TỬ	1519	CB	THR	264	-40,297	12,112	-27,718	1,00	30,16	B	C
NGUYÊN TỬ	1520	OG1	THR	264	-39,571	12,628	-26,588	1,00	30,13	B	O
NGUYÊN TỬ	1521	CG2	THR	264	-40,431	10,597	-27,581	1,00	29,89	B	C
NGUYÊN TỬ	1522	C	THR	264	-40,250	11,899	-30,253	1,00	28,07	B	C
NGUYÊN TỬ	1523	O	THR	264	-39,831	10,866	-30,775	1,00	28,06	B	O
NGUYÊN TỬ	1524	N	LEU	265	-41,305	12,562	-30,724	1,00	26,93	B	N
NGUYÊN TỬ	1525	CA	LEU	265	-41,970	12,162	-31,962	1,00	29,22	B	C
NGUYÊN TỬ	1526	CB	LEU	265	-43,076	13,152	-32,324	1,00	32,15	B	C
NGUYÊN TỬ	1527	CG	LEU	265	-44,282	13,225	-31,394	1,00	36,81	B	C
NGUYÊN TỬ	1528	CD1	LEU	265	-45,239	14,303	-31,906	1,00	37,93	B	C
NGUYÊN TỬ	1529	CD2	LEU	265	-44,970	11,868	-31,331	1,00	35,61	B	C
NGUYÊN TỬ	1530	C	LEU	265	-40,984	12,092	-33,126	1,00	28,75	B	C
NGUYÊN TỬ	1531	O	LEU	265	-40,900	11,089	-33,824	1,00	30,75	B	O
NGUYÊN TỬ	1532	N	ILE	266	-40,238	13,168	-33,325	1,00	28,71	B	N
NGUYÊN TỬ	1533	CA	ILE	266	-39,268	13,236	-34,400	1,00	28,41	B	C
NGUYÊN TỬ	1534	CB	ILE	266	-38,591	14,620	-34,408	1,00	27,07	B	C
NGUYÊN TỬ	1535	CG2	ILE	266	-37,539	14,694	-35,506	1,00	24,79	B	C
NGUYÊN TỬ	1536	CG1	ILE	266	-39,657	15,701	-34,618	1,00	28,34	B	C
NGUYÊN TỬ	1537	CD1	ILE	266	-39,111	17,116	-34,626	1,00	27,25	B	C
NGUYÊN TỬ	1538	C	ILE	266	-38,219	12,128	-34,261	1,00	30,28	B	C
NGUYÊN TỬ	1539	O	ILE	266	-37,689	11,636	-35,252	1,00	31,29	B	O
NGUYÊN TỬ	1540	N	GLY	267	-37,928	11,726	-33,030	1,00	31,04	B	N
NGUYÊN TỬ	1541	CA	GLY	267	-36,995	10,633	-32,829	1,00	30,24	B	C
NGUYÊN TỬ	1542	C	GLY	267	-37,617	9,293	-33,185	1,00	31,88	B	C
NGUYÊN TỬ	1543	O	GLY	267	-36,952	8,420	-33,746	1,00	30,74	B	O
NGUYÊN TỬ	1544	N	LEU	268	-38,897	9,124	-32,865	1,00	31,46	B	N
NGUYÊN TỬ	1545	CA	LEU	268	-39,597	7,900	-33,224	1,00	33,36	B	C
NGUYÊN TỬ	1546	CB	LEU	268	-40,980	7,857	-32,566	1,00	29,79	B	C
NGUYÊN TỬ	1547	CG	LEU	268	-40,963	7,777	-31,034	1,00	30,96	B	C
NGUYÊN TỬ	1548	CD1	LEU	268	-42,378	7,836	-30,496	1,00	28,19	B	C
NGUYÊN TỬ	1549	CD2	LEU	268	-40,279	6,495	-30,593	1,00	30,02	B	C
NGUYÊN TỬ	1550	C	LEU	268	-39,732	7,805	-34,744	1,00	34,79	B	C
NGUYÊN TỬ	1551	O	LEU	268	-39,605	6,726	-35,316	1,00	36,35	B	O
NGUYÊN TỬ	1552	N	GLU	269	-39,970	8,934	-35,399	1,00	35,31	B	N
NGUYÊN TỬ	1553	CA	GLU	269	-40,034	8,948	-36,857	1,00	37,68	B	C
NGUYÊN TỬ	1554	CB	GLU	269	-40,449	10,332	-37,356	1,00	38,65	B	C
NGUYÊN TỬ	1555	CG	GLU	269	-40,399	10,460	-38,862	1,00	45,31	B	C
NGUYÊN TỬ	1556	CD	GLU	269	-40,936	11,789	-39,363	1,00	49,12	B	C
NGUYÊN TỬ	1557	OE1	GLU	269	-40,121	12,707	-39,599	1,00	50,11	B	O
NGUYÊN TỬ	1558	OE2	GLU	269	-42,171	11,908	-39,523	1,00	51,18	B	O
NGUYÊN TỬ	1559	C	GLU	269	-38,687	8,555	-37,479	1,00	36,64	B	C
NGUYÊN TỬ	1560	O	GLU	269	-38,640	7,837	-38,473	1,00	35,50	B	O
NGUYÊN TỬ	1561	N	PHE	270	-37,599	9,029	-36,882	1,00	35,93	B	N
NGUYÊN TỬ	1562	CA	PHE	270	-36,251	8,670	-37,310	1,00	35,58	B	C
NGUYÊN TỬ	1563	CB	PHE	270	-35,221	9,347	-36,399	1,00	35,25	B	C
NGUYÊN TỬ	1564	CG	PHE	270	-33,793	8,989	-36,712	1,00	33,73	B	C
NGUYÊN TỬ	1565	CD1	PHE	270	-33,013	9,819	-37,505	1,00	35,52	B	C
NGUYÊN TỬ	1566	CD2	PHE	270	-33,219	7,841	-36,190	1,00	34,10	B	C
NGUYÊN TỬ	1567	CE1	PHE	270	-31,679	9,511	-37,770	1,00	35,84	B	C
NGUYÊN TỬ	1568	CE2	PHE	270	-31,890	7,527	-36,451	1,00	36,68	B	C
NGUYÊN TỬ	1569	CZ	PHE	270	-31,119	8,365	-37,243	1,00	34,03	B	C
NGUYÊN TỬ	1570	C	PHE	270	-36,050	7,159	-37,272	1,00	35,72	B	C
NGUYÊN TỬ	1571	O	PHE	270	-35,440	6,587	-38,167	1,00	34,84	B	O
NGUYÊN TỬ	1572	N	ILE	271	-36,556	6,522	-36,222	1,00	37,31	B	N
NGUYÊN TỬ	1573	CA	ILE	271	-36,427	5,083	-36,064	1,00	37,51	B	C
NGUYÊN TỬ	1574	CB	ILE	271	-36,898	4,639	-34,662	1,00	36,29	B	C
NGUYÊN TỬ	1575	CG2	ILE	271	-37,081	3,123	-34,616	1,00	35,12	B	C
NGUYÊN TỬ	1576	CG1	ILE	271	-35,873	5,088	-33,615	1,00	37,36	B	C
NGUYÊN TỬ	1577	CD1	ILE	271	-36,342	4,928	-32,182	1,00	35,75	B	C
NGUYÊN TỬ	1578	C	ILE	271	-37,243	4,359	-37,126	1,00	39,47	B	C
NGUYÊN TỬ	1579	O	ILE	271	-36,798	3,364	-37,689	1,00	39,37	B	O
NGUYÊN TỬ	1580	N	ARG	272	-38,439	4,864	-37,395	1,00	41,04	B	N
NGUYÊN TỬ	1581	CA	ARG	272	-39,271	4,311	-38,448	1,00	44,21	B	C
NGUYÊN TỬ	1582	CB	ARG	272	-40,590	5,078	-38,516	1,00	44,70	B	C
NGUYÊN TỬ	1583	CG	ARG	272	-41,536	4,599	-39,595	1,00	47,39	B	C
NGUYÊN TỬ	1584	CD	ARG	272	-41,632	3,085	-39,624	1,00	49,12	B	C
NGUYÊN TỬ	1585	NE	ARG	272	-42,740	2,650	-40,470	1,00	54,01	B	N
NGUYÊN TỬ	1586	CZ	ARG	272	-42,873	1,425	-40,970	1,00	53,68	B	C
NGUYÊN TỬ	1587	NH1	ARG	272	-43,923	1,138	-41,727	1,00	53,00	B	N
NGUYÊN TỬ	1588	NH2	ARG	272	-41,961	0,492	-40,723	1,00	51,99	B	N
NGUYÊN TỬ	1589	C	ARG	272	-38,532	4,409	-39,781	1,00	46,71	B	C
NGUYÊN TỬ	1590	O	ARG	272	-38,598	3,501	-40,607	1,00	45,87	B	O
NGUYÊN TỬ	1591	N	LYS	273	-37,811	5,509	-39,969	1,00	49,33	B	N
NGUYÊN TỬ	1592	CA	LYS	273	-37,071	5,752	-41,200	1,00	52,95	B	C
NGUYÊN TỬ	1593	CB	LYS	273	-36,497	7,171	-41,189	1,00	55,26	B	C
NGUYÊN TỬ	1594	CG	LYS	273	-36,154	7,732	-42,556	1,00	58,76	B	C

NGUYÊN TỬ	1595	CD	LYS	273	-37,012	8,960	-42,878	1,00	63,12	B	C
NGUYÊN TỬ	1596	CE	LYS	273	-36,916	10,023	-41,780	1,00	66,31	B	C
NGUYÊN TỬ	1597	NZ	LYS	273	-37,681	11,264	-42,104	1,00	67,27	B	N
NGUYÊN TỬ	1598	C	LYS	273	-35,937	4,740	-41,351	1,00	54,29	B	C
NGUYÊN TỬ	1599	O	LYS	273	-35,729	4,192	-42,428	1,00	54,42	B	O
NGUYÊN TỬ	1600	N	SER	274	-35,212	4,492	-40,265	1,00	56,43	B	N
NGUYÊN TỬ	1601	CA	SER	274	-34,101	3,547	-40,283	1,00	59,57	B	C
NGUYÊN TỬ	1602	CB	SER	274	-33,378	3,548	-38,936	1,00	59,27	B	C
NGUYÊN TỬ	1603	OG	SER	274	-32,785	4,806	-38,679	1,00	63,53	B	O
NGUYÊN TỬ	1604	C	SER	274	-34,588	2,137	-40,578	1,00	61,72	B	C
NGUYÊN TỬ	1605	O	SER	274	-33,957	1,398	-41,327	1,00	62,46	B	O
NGUYÊN TỬ	1606	N	GLN	275	-35,717	1,774	-39,980	1,00	63,45	B	N
NGUYÊN TỬ	1607	CA	GLN	275	-36,247	0,423	-40,080	1,00	65,81	B	C
NGUYÊN TỬ	1608	CB	GLN	275	-37,531	0,308	-39,258	1,00	63,90	B	C
NGUYÊN TỬ	1609	CG	GLN	275	-38,092	-1,096	-39,169	1,00	62,86	B	C
NGUYÊN TỬ	1610	CD	GLN	275	-39,504	-1,118	-38,619	1,00	61,93	B	C
NGUYÊN TỬ	1611	OE1	GLN	275	-40,202	-0,105	-38,636	1,00	62,80	B	O
NGUYÊN TỬ	1612	NE2	GLN	275	-39,932	-2,275	-38,129	1,00	60,07	B	N
NGUYÊN TỬ	1613	C	GLN	275	-36,530	0,032	-41,528	1,00	68,65	B	C
NGUYÊN TỬ	1614	O	GLN	275	-36,466	-1,146	-41,886	1,00	69,70	B	O
NGUYÊN TỬ	1615	N	LEU	276	-36,838	1,021	-42,359	1,00	71,49	B	N
NGUYÊN TỬ	1616	CA	LEU	276	-37,200	0,763	-43,748	1,00	75,33	B	C
NGUYÊN TỬ	1617	CB	LEU	276	-37,977	1,950	-44,316	1,00	73,74	B	C
NGUYÊN TỬ	1618	CG	LEU	276	-39,275	2,267	-43,577	1,00	73,60	B	C
NGUYÊN TỬ	1619	CD1	LEU	276	-39,941	3,488	-44,189	1,00	72,59	B	C
NGUYÊN TỬ	1620	CD2	LEU	276	-40,191	1,060	-43,637	1,00	72,21	B	C
NGUYÊN TỬ	1621	C	LEU	276	-35,981	0,489	-44,621	1,00	78,31	B	C
NGUYÊN TỬ	1622	O	LEU	276	-35,921	-0,525	-45,315	1,00	80,06	B	O
NGUYÊN TỬ	1623	N	VAL	277	-35,008	1,392	-44,581	1,00	81,41	B	N
NGUYÊN TỬ	1624	CA	VAL	277	-33,861	1,310	-45,475	1,00	84,34	B	C
NGUYÊN TỬ	1625	CB	VAL	277	-33,217	2,702	-45,684	1,00	84,33	B	C
NGUYÊN TỬ	1626	CG1	VAL	277	-32,431	3,098	-44,444	1,00	83,58	B	C
NGUYÊN TỬ	1627	CG2	VAL	277	-32,328	2,690	-46,925	1,00	84,75	B	C
NGUYÊN TỬ	1628	C	VAL	277	-32,803	0,357	-44,921	1,00	86,12	B	C
NGUYÊN TỬ	1629	O	VAL	277	-31,731	0,196	-45,505	1,00	87,28	B	O
NGUYÊN TỬ	1630	N	GLN	278	-33,103	-0,271	-43,790	1,00	87,17	B	N
NGUYÊN TỬ	1631	CA	GLN	278	-32,162	-1,200	-43,173	1,00	88,06	B	C
NGUYÊN TỬ	1632	CB	GLN	278	-31,904	-0,802	-41,716	1,00	89,74	B	C
NGUYÊN TỬ	1633	CG	GLN	278	-31,033	0,439	-41,567	1,00	92,15	B	C
NGUYÊN TỬ	1634	CD	GLN	278	-30,362	0,529	-40,207	1,00	93,65	B	C
NGUYÊN TỬ	1635	OE1	GLN	278	-29,199	0,927	-40,102	1,00	93,33	B	O
NGUYÊN TỬ	1636	NE2	GLN	278	-31,092	0,161	-39,158	1,00	93,86	B	N
NGUYÊN TỬ	1637	C	GLN	278	-32,653	-2,642	-43,247	1,00	87,50	B	C
NGUYÊN TỬ	1638	O	GLN	278	-33,829	-2,897	-43,517	1,00	86,93	B	O
NGUYÊN TỬ	1639	N	PRO	279	-31,747	-3,606	-43,013	1,00	87,19	B	N
NGUYÊN TỬ	1640	CD	PRO	279	-30,371	-3,404	-42,522	1,00	87,00	B	C
NGUYÊN TỬ	1641	CA	PRO	279	-32,081	-5,029	-43,144	1,00	86,05	B	C
NGUYÊN TỬ	1642	CB	PRO	279	-30,748	-5,735	-42,902	1,00	86,93	B	C
NGUYÊN TỬ	1643	CG	PRO	279	-29,961	-4,772	-42,064	1,00	86,83	B	C
NGUYÊN TỬ	1644	C	PRO	279	-33,141	-5,447	-42,134	1,00	84,78	B	C
NGUYÊN TỬ	1645	O	PRO	279	-32,885	-5,457	-40,927	1,00	84,29	B	O
NGUYÊN TỬ	1646	N	VAL	280	-34,328	-5,791	-42,629	1,00	82,85	B	N
NGUYÊN TỬ	1647	CA	VAL	280	-35,447	-6,087	-41,744	1,00	81,21	B	C
NGUYÊN TỬ	1648	CB	VAL	280	-36,705	-6,529	-42,531	1,00	81,67	B	C
NGUYÊN TỬ	1649	CG1	VAL	280	-37,219	-5,370	-43,376	1,00	82,27	B	C
NGUYÊN TỬ	1650	CG2	VAL	280	-36,384	-7,730	-43,407	1,00	82,13	B	C
NGUYÊN TỬ	1651	C	VAL	280	-35,077	-7,170	-40,739	1,00	78,95	B	C
NGUYÊN TỬ	1652	O	VAL	280	-34,685	-8,280	-41,109	1,00	79,20	B	O
NGUYÊN TỬ	1653	N	GLY	281	-35,190	-6,817	-39,463	1,00	75,44	B	N
NGUYÊN TỬ	1654	CA	GLY	281	-34,881	-7,733	-38,382	1,00	70,08	B	C
NGUYÊN TỬ	1655	C	GLY	281	-35,525	-7,216	-37,112	1,00	65,88	B	C
NGUYÊN TỬ	1656	O	GLY	281	-36,125	-6,140	-37,118	1,00	65,69	B	O
NGUYÊN TỬ	1657	N	PRO	282	-35,426	-7,955	-36,000	1,00	61,85	B	N
NGUYÊN TỬ	1658	CD	PRO	282	-34,668	-9,198	-35,779	1,00	60,16	B	C
NGUYÊN TỬ	1659	CA	PRO	282	-36,086	-7,478	-34,782	1,00	58,35	B	C
NGUYÊN TỬ	1660	CB	PRO	282	-35,892	-8,629	-33,797	1,00	58,52	B	C
NGUYÊN TỬ	1661	CG	PRO	282	-34,665	-9,334	-34,282	1,00	59,82	B	C
NGUYÊN TỬ	1662	C	PRO	282	-35,450	-6,182	-34,288	1,00	54,89	B	C
NGUYÊN TỬ	1663	O	PRO	282	-34,226	-6,045	-34,290	1,00	53,58	B	O
NGUYÊN TỬ	1664	N	LEU	283	-36,271	-5,223	-33,875	1,00	51,11	B	N
NGUYÊN TỬ	1665	CA	LEU	283	-35,724	-4,084	-33,152	1,00	49,71	B	C
NGUYÊN TỬ	1666	CB	LEU	283	-35,573	-2,863	-34,070	1,00	51,30	B	C
NGUYÊN TỬ	1667	CG	LEU	283	-36,798	-2,124	-34,592	1,00	53,34	B	C
NGUYÊN TỬ	1668	CD1	LEU	283	-36,331	-1,003	-35,513	1,00	55,23	B	C
NGUYÊN TỬ	1669	CD2	LEU	283	-37,712	-3,082	-35,342	1,00	55,78	B	C
NGUYÊN TỬ	1670	C	LEU	283	-36,509	-3,712	-31,904	1,00	46,72	B	C

NGUYÊN TỬ	1671	O	LEU	283	-37,742	-3,770	-31,872	1,00	44,82	B	O
NGUYÊN TỬ	1672	N	VAL	284	-35,756	-3,356	-30,870	1,00	43,49	B	N
NGUYÊN TỬ	1673	CA	VAL	284	-36,301	-2,949	-29,589	1,00	39,58	B	C
NGUYÊN TỬ	1674	CB	VAL	284	-35,610	-3,713	-28,433	1,00	40,26	B	C
NGUYÊN TỬ	1675	CG1	VAL	284	-36,194	-3,289	-27,093	1,00	37,10	B	C
NGUYÊN TỬ	1676	CG2	VAL	284	-35,765	-5,210	-28,634	1,00	36,99	B	C
NGUYÊN TỬ	1677	C	VAL	284	-36,040	-1,454	-29,427	1,00	38,56	B	C
NGUYÊN TỬ	1678	O	VAL	284	-34,955	-0,964	-29,752	1,00	36,89	B	O
NGUYÊN TỬ	1679	N	VAL	285	-37,041	-0,731	-28,935	1,00	35,58	B	N
NGUYÊN TỬ	1680	CA	VAL	285	-36,884	0,687	-28,646	1,00	32,71	B	C
NGUYÊN TỬ	1681	CB	VAL	285	-37,877	1,540	-29,464	1,00	32,36	B	C
NGUYÊN TỬ	1682	CG1	VAL	285	-37,805	2,988	-29,019	1,00	32,21	B	C
NGUYÊN TỬ	1683	CG2	VAL	285	-37,555	1,436	-30,951	1,00	32,10	B	C
NGUYÊN TỬ	1684	C	VAL	285	-37,113	0,942	-27,161	1,00	31,36	B	C
NGUYÊN TỬ	1685	O	VAL	285	-38,186	0,664	-26,629	1,00	29,48	B	O
NGUYÊN TỬ	1686	N	LEU	286	-36,093	1,471	-26,497	1,00	31,80	B	N
NGUYÊN TỬ	1687	CA	LEU	286	-36,168	1,762	-25,074	1,00	30,07	B	C
NGUYÊN TỬ	1688	CB	LEU	286	-34,864	1,331	-24,395	1,00	29,18	B	C
NGUYÊN TỬ	1689	CG	LEU	286	-34,687	1,718	-22,920	1,00	30,76	B	C
NGUYÊN TỬ	1690	CD1	LEU	286	-35,823	1,180	-22,088	1,00	28,26	B	C
NGUYÊN TỬ	1691	CD2	LEU	286	-33,365	1,174	-22,422	1,00	30,08	B	C
NGUYÊN TỬ	1692	C	LEU	286	-36,430	3,252	-24,842	1,00	31,06	B	C
NGUYÊN TỬ	1693	O	LEU	286	-35,642	4,106	-25,265	1,00	30,24	B	O
NGUYÊN TỬ	1694	N	LEU	287	-37,546	3,545	-24,174	1,00	32,05	B	N
NGUYÊN TỬ	1695	CA	LEU	287	-37,976	4,911	-23,859	1,00	33,54	B	C
NGUYÊN TỬ	1696	CB	LEU	287	-39,387	5,146	-24,398	1,00	35,72	B	C
NGUYÊN TỬ	1697	CG	LEU	287	-39,574	5,223	-25,911	1,00	39,35	B	C
NGUYÊN TỬ	1698	CD1	LEU	287	-41,043	5,030	-26,265	1,00	39,79	B	C
NGUYÊN TỬ	1699	CD2	LEU	287	-39,074	6,571	-26,409	1,00	40,77	B	C
NGUYÊN TỬ	1700	C	LEU	287	-37,980	5,171	-22,345	1,00	33,23	B	C
NGUYÊN TỬ	1701	O	LEU	287	-39,026	5,134	-21,697	1,00	34,79	B	O
NGUYÊN TỬ	1702	N	PRO	288	-36,811	5,445	-21,766	1,00	32,54	B	N
NGUYÊN TỬ	1703	CD	PRO	288	-35,532	5,725	-22,440	1,00	31,44	B	C
NGUYÊN TỬ	1704	CA	PRO	288	-36,699	5,567	-20,310	1,00	32,08	B	C
NGUYÊN TỬ	1705	CB	PRO	288	-35,239	5,233	-20,048	1,00	31,66	B	C
NGUYÊN TỬ	1706	CG	PRO	288	-34,536	5,750	-21,298	1,00	32,64	B	C
NGUYÊN TỬ	1707	C	PRO	288	-37,060	6,968	-19,835	1,00	31,22	B	C
NGUYÊN TỬ	1708	O	PRO	288	-36,271	7,622	-19,162	1,00	31,60	B	O
NGUYÊN TỬ	1709	N	LEU	289	-38,247	7,431	-20,203	1,00	30,48	B	N
NGUYÊN TỬ	1710	CA	LEU	289	-38,643	8,804	-19,929	1,00	29,51	B	C
NGUYÊN TỬ	1711	CB	LEU	289	-38,173	9,725	-21,062	1,00	28,77	B	C
NGUYÊN TỬ	1712	CG	LEU	289	-38,586	9,309	-22,485	1,00	30,49	B	C
NGUYÊN TỬ	1713	CD1	LEU	289	-40,055	9,665	-22,733	1,00	28,81	B	C
NGUYÊN TỬ	1714	CD2	LEU	289	-37,695	10,011	-23,505	1,00	27,89	B	C
NGUYÊN TỬ	1715	C	LEU	289	-40,151	8,842	-19,808	1,00	28,98	B	C
NGUYÊN TỬ	1716	O	LEU	289	-40,824	7,888	-20,185	1,00	30,19	B	O
NGUYÊN TỬ	1717	N	ALA	290	-40,685	9,933	-19,274	1,00	27,61	B	N
NGUYÊN TỬ	1718	CA	ALA	290	-42,134	10,075	-19,168	1,00	26,79	B	C
NGUYÊN TỬ	1719	CB	ALA	290	-42,656	9,340	-17,925	1,00	25,41	B	C
NGUYÊN TỬ	1720	C	ALA	290	-42,546	11,535	-19,118	1,00	26,19	B	C
NGUYÊN TỬ	1721	O	ALA	290	-41,813	12,384	-18,613	1,00	25,46	B	O
NGUYÊN TỬ	1722	N	GLY	291	-43,725	11,809	-19,665	1,00	25,85	B	N
NGUYÊN TỬ	1723	CA	GLY	291	-44,355	13,105	-19,521	1,00	24,71	B	C
NGUYÊN TỬ	1724	C	GLY	291	-45,814	12,869	-19,196	1,00	25,09	B	C
NGUYÊN TỬ	1725	O	GLY	291	-46,195	11,747	-18,858	1,00	25,42	B	O
NGUYÊN TỬ	1726	N	GLY	292	-46,632	13,912	-19,293	1,00	25,44	B	N
NGUYÊN TỬ	1727	CA	GLY	292	-48,053	13,746	-19,062	1,00	25,43	B	C
NGUYÊN TỬ	1728	C	GLY	292	-48,682	12,967	-20,201	1,00	29,85	B	C
NGUYÊN TỬ	1729	O	GLY	292	-48,090	12,849	-21,281	1,00	28,22	B	O
NGUYÊN TỬ	1730	N	TYR	293	-49,877	12,425	-19,967	1,00	30,01	B	N
NGUYÊN TỬ	1731	CA	TYR	293	-50,562	11,671	-20,999	1,00	30,44	B	C
NGUYÊN TỬ	1732	CB	TYR	293	-51,984	11,317	-20,549	1,00	34,81	B	C
NGUYÊN TỬ	1733	CG	TYR	293	-52,862	10,849	-21,689	1,00	36,25	B	C
NGUYÊN TỬ	1734	CD1	TYR	293	-52,816	9,534	-22,131	1,00	39,72	B	C
NGUYÊN TỬ	1735	CE1	TYR	293	-53,555	9,122	-23,230	1,00	42,49	B	C
NGUYÊN TỬ	1736	CD2	TYR	293	-53,679	11,744	-22,372	1,00	37,69	B	C
NGUYÊN TỬ	1737	CE2	TYR	293	-54,418	11,347	-23,467	1,00	40,77	B	C
NGUYÊN TỬ	1738	CZ	TYR	293	-54,351	10,036	-23,895	1,00	42,73	B	C
NGUYÊN TỬ	1739	OH	TYR	293	-55,069	9,645	-25,001	1,00	46,40	B	O
NGUYÊN TỬ	1740	C	TYR	293	-50,616	12,501	-22,277	1,00	30,43	B	C
NGUYÊN TỬ	1741	O	TYR	293	-51,099	13,633	-22,268	1,00	28,65	B	O
NGUYÊN TỬ	1742	N	SER	294	-50,117	11,936	-23,373	1,00	29,63	B	N
NGUYÊN TỬ	1743	CA	SER	294	-50,139	12,616	-24,663	1,00	30,31	B	C
NGUYÊN TỬ	1744	CB	SER	294	-48,714	13,001	-25,067	1,00	30,52	B	C
NGUYÊN TỬ	1745	OG	SER	294	-48,628	13,246	-26,461	1,00	32,50	B	O
NGUYÊN TỬ	1746	C	SER	294	-50,766	11,740	-25,753	1,00	31,59	B	C

NGUYÊN TỬ	1747	O	SER	294	-50,261	10,657	-26,070	1,00	33,33	B	O
NGUYÊN TỬ	1748	N	ARG	295	-51,863	12,213	-26,328	1,00	32,46	B	N
NGUYÊN TỬ	1749	CA	ARG	295	-52,540	11,471	-27,382	1,00	34,59	B	C
NGUYÊN TỬ	1750	CB	ARG	295	-53,791	12,231	-27,839	1,00	36,79	B	C
NGUYÊN TỬ	1751	CG	ARG	295	-54,144	11,990	-29,293	1,00	42,69	B	C
NGUYÊN TỬ	1752	CD	ARG	295	-55,529	11,403	-29,477	1,00	43,11	B	C
NGUYÊN TỬ	1753	NE	ARG	295	-56,529	12,421	-29,789	1,00	44,13	B	N
NGUYÊN TỬ	1754	CZ	ARG	295	-57,453	12,301	-30,741	1,00	43,05	B	C
NGUYÊN TỬ	1755	NH1	ARG	295	-57,506	11,207	-31,488	1,00	40,61	B	N
NGUYÊN TỬ	1756	NH2	ARG	295	-58,340	13,269	-30,932	1,00	41,43	B	N
NGUYÊN TỬ	1757	C	ARG	295	-51,620	11,207	-28,580	1,00	33,96	B	C
NGUYÊN TỬ	1758	O	ARG	295	-51,573	10,084	-29,097	1,00	34,38	B	O
NGUYÊN TỬ	1759	N	VAL	296	-50,878	12,225	-29,012	1,00	31,60	B	N
NGUYÊN TỬ	1760	CA	VAL	296	-50,047	12,080	-30,200	1,00	30,10	B	C
NGUYÊN TỬ	1761	CB	VAL	296	-49,564	13,476	-30,748	1,00	29,55	B	C
NGUYÊN TỬ	1762	CG1	VAL	296	-48,665	14,165	-29,744	1,00	26,60	B	C
NGUYÊN TỬ	1763	CG2	VAL	296	-48,836	13,296	-32,081	1,00	27,87	B	C
NGUYÊN TỬ	1764	C	VAL	296	-48,845	11,173	-29,929	1,00	31,23	B	C
NGUYÊN TỬ	1765	O	VAL	296	-48,451	10,380	-30,788	1,00	32,00	B	O
NGUYÊN TỬ	1766	N	LEU	297	-48,268	11,259	-28,734	1,00	29,72	B	N
NGUYÊN TỬ	1767	CA	LEU	297	-47,151	10,381	-28,405	1,00	29,56	B	C
NGUYÊN TỬ	1768	CB	LEU	297	-46,496	10,813	-27,092	1,00	30,51	B	C
NGUYÊN TỬ	1769	CG	LEU	297	-45,183	10,098	-26,782	1,00	30,69	B	C
NGUYÊN TỬ	1770	CD1	LEU	297	-44,244	10,249	-27,966	1,00	30,90	B	C
NGUYÊN TỬ	1771	CD2	LEU	297	-44,554	10,680	-25,526	1,00	30,10	B	C
NGUYÊN TỬ	1772	C	LEU	297	-47,602	8,919	-28,301	1,00	30,80	B	C
NGUYÊN TỬ	1773	O	LEU	297	-46,916	8,015	-28,786	1,00	30,98	B	O
NGUYÊN TỬ	1774	N	ASN	298	-48,751	8,682	-27,673	1,00	28,12	B	N
NGUYÊN TỬ	1775	CA	ASN	298	-49,312	7,333	-27,628	1,00	28,96	B	C
NGUYÊN TỬ	1776	CB	ASN	298	-50,579	7,291	-26,758	1,00	25,34	B	C
NGUYÊN TỬ	1777	CG	ASN	298	-50,267	7,390	-25,270	1,00	30,20	B	C
NGUYÊN TỬ	1778	OD1	ASN	298	-49,120	7,635	-24,877	1,00	29,99	B	O
NGUYÊN TỬ	1779	ND2	ASN	298	-51,286	7,203	-24,435	1,00	28,93	B	N
NGUYÊN TỬ	1780	C	ASN	298	-49,631	6,815	-29,032	1,00	30,19	B	C
NGUYÊN TỬ	1781	O	ASN	298	-49,391	5,644	-29,323	1,00	30,64	B	O
NGUYÊN TỬ	1782	N	ALA	299	-50,155	7,684	-29,899	1,00	29,73	B	N
NGUYÊN TỬ	1783	CA	ALA	299	-50,489	7,284	-31,271	1,00	31,32	B	C
NGUYÊN TỬ	1784	CB	ALA	299	-51,300	8,386	-31,974	1,00	26,66	B	C
NGUYÊN TỬ	1785	C	ALA	299	-49,244	6,957	-32,094	1,00	32,43	B	C
NGUYÊN TỬ	1786	O	ALA	299	-49,247	6,012	-32,883	1,00	34,42	B	O
NGUYÊN TỬ	1787	N	ALA	300	-48,177	7,728	-31,913	1,00	32,41	B	N
NGUYÊN TỬ	1788	CA	ALA	300	-46,930	7,441	-32,615	1,00	34,19	B	C
NGUYÊN TỬ	1789	CB	ALA	300	-45,915	8,553	-32,362	1,00	32,82	B	C
NGUYÊN TỬ	1790	C	ALA	300	-46,362	6,091	-32,161	1,00	35,95	B	C
NGUYÊN TỬ	1791	O	ALA	300	-45,826	5,326	-32,968	1,00	35,23	B	O
NGUYÊN TỬ	1792	N	CYS	301	-46,483	5,798	-30,870	1,00	35,94	B	N
NGUYÊN TỬ	1793	CA	CYS	301	-45,982	4,537	-30,341	1,00	38,41	B	C
NGUYÊN TỬ	1794	CB	CYS	301	-46,000	4,550	-28,809	1,00	35,59	B	C
NGUYÊN TỬ	1795	SG	CYS	301	-44,722	5,609	-28,072	1,00	39,73	B	S
NGUYÊN TỬ	1796	C	CYS	301	-46,810	3,364	-30,857	1,00	39,27	B	C
NGUYÊN TỬ	1797	O	CYS	301	-46,260	2,319	-31,207	1,00	38,08	B	O
NGUYÊN TỬ	1798	N	GLN	302	-48,128	3,535	-30,913	1,00	40,20	B	N
NGUYÊN TỬ	1799	CA	GLN	302	-48,982	2,474	-31,431	1,00	43,44	B	C
NGUYÊN TỬ	1800	CB	GLN	302	-50,454	2,857	-31,318	1,00	44,90	B	C
NGUYÊN TỬ	1801	CG	GLN	302	-51,371	1,816	-31,935	1,00	49,59	B	C
NGUYÊN TỬ	1802	CD	GLN	302	-52,832	2,201	-31,856	1,00	53,42	B	C
NGUYÊN TỬ	1803	OE1	GLN	302	-53,351	2,884	-32,741	1,00	56,88	B	O
NGUYÊN TỬ	1804	NE2	GLN	302	-53,509	1,760	-30,798	1,00	52,21	B	N
NGUYÊN TỬ	1805	C	GLN	302	-48,649	2,178	-32,892	1,00	43,80	B	C
NGUYÊN TỬ	1806	O	GLN	302	-48,551	1,021	-33,298	1,00	44,02	B	O
NGUYÊN TỬ	1807	N	ARG	303	-48,467	3,230	-33,677	1,00	43,42	B	N
NGUYÊN TỬ	1808	CA	ARG	303	-48,146	3,068	-35,083	1,00	45,57	B	C
NGUYÊN TỬ	1809	CB	ARG	303	-48,065	4,440	-35,747	1,00	49,32	B	C
NGUYÊN TỬ	1810	CG	ARG	303	-48,758	4,523	-37,097	1,00	58,51	B	C
NGUYÊN TỬ	1811	CD	ARG	303	-47,880	3,939	-38,194	1,00	66,09	B	C
NGUYÊN TỬ	1812	NE	ARG	303	-48,459	4,098	-39,527	1,00	72,79	B	N
NGUYÊN TỬ	1813	CZ	ARG	303	-47,840	3,755	-40,655	1,00	75,84	B	C
NGUYÊN TỬ	1814	NH1	ARG	303	-48,439	3,933	-41,828	1,00	78,15	B	N
NGUYÊN TỬ	1815	NH2	ARG	303	-46,617	3,236	-40,611	1,00	75,76	B	N
NGUYÊN TỬ	1816	C	ARG	303	-46,828	2,304	-35,266	1,00	45,17	B	C
NGUYÊN TỬ	1817	O	ARG	303	-46,701	1,481	-36,169	1,00	45,58	B	O
NGUYÊN TỬ	1818	N	LEU	304	-45,850	2,564	-34,405	1,00	44,81	B	N
NGUYÊN TỬ	1819	CA	LEU	304	-44,571	1,860	-34,489	1,00	44,87	B	C
NGUYÊN TỬ	1820	CB	LEU	304	-43,534	2,512	-33,572	1,00	44,25	B	C
NGUYÊN TỬ	1821	CG	LEU	304	-42,401	3,336	-34,182	1,00	45,66	B	C
NGUYÊN TỬ	1822	CD1	LEU	304	-41,558	3,899	-33,052	1,00	46,67	B	C

NGUYÊN TỬ	1823	CD2	LEU	304	-41,537	2,485	-35,105	1,00	44,90	B	C
NGUYÊN TỬ	1824	C	LEU	304	-44,741	0,398	-34,086	1,00	44,94	B	C
NGUYÊN TỬ	1825	O	LEU	304	-44,161	-0,495	-34,698	1,00	45,02	B	O
NGUYÊN TỬ	1826	N	ALA	305	-45,536	0,163	-33,047	1,00	45,15	B	N
NGUYÊN TỬ	1827	CA	ALA	305	-45,766	-1,186	-32,548	1,00	46,08	B	C
NGUYÊN TỬ	1828	CB	ALA	305	-46,657	-1,144	-31,310	1,00	42,15	B	C
NGUYÊN TỬ	1829	C	ALA	305	-46,406	-2,054	-33,629	1,00	47,90	B	C
NGUYÊN TỬ	1830	O	ALA	305	-46,089	-3,236	-33,754	1,00	48,31	B	O
NGUYÊN TỬ	1831	N	ARG	306	-47,300	-1,461	-34,414	1,00	49,18	B	N
NGUYÊN TỬ	1832	CA	ARG	306	-47,972	-2,189	-35,482	1,00	51,26	B	C
NGUYÊN TỬ	1833	CB	ARG	306	-49,248	-1,449	-35,895	1,00	53,10	B	C
NGUYÊN TỬ	1834	CG	ARG	306	-50,258	-1,368	-34,759	1,00	59,04	B	C
NGUYÊN TỬ	1835	CD	ARG	306	-51,626	-0,912	-35,228	1,00	63,57	B	C
NGUYÊN TỬ	1836	NE	ARG	306	-52,625	-1,044	-34,168	1,00	68,39	B	N
NGUYÊN TỬ	1837	CZ	ARG	306	-53,925	-0,806	-34,332	1,00	71,24	B	C
NGUYÊN TỬ	1838	NH1	ARG	306	-54,765	-0,952	-33,313	1,00	71,47	B	N
NGUYÊN TỬ	1839	NH2	ARG	306	-54,385	-0,421	-35,518	1,00	72,89	B	N
NGUYÊN TỬ	1840	C	ARG	306	-47,070	-2,422	-36,691	1,00	50,78	B	C
NGUYÊN TỬ	1841	O	ARG	306	-47,418	-3,184	-37,590	1,00	51,65	B	O
NGUYÊN TỬ	1842	N	ALA	307	-45,910	-1,773	-36,706	1,00	48,97	B	N
NGUYÊN TỬ	1843	CA	ALA	307	-44,895	-2,049	-37,719	1,00	47,77	B	C
NGUYÊN TỬ	1844	CB	ALA	307	-44,162	-0,772	-38,088	1,00	47,29	B	C
NGUYÊN TỬ	1845	C	ALA	307	-43,897	-3,093	-37,221	1,00	48,22	B	C
NGUYÊN TỬ	1846	O	ALA	307	-42,846	-3,301	-37,833	1,00	48,90	B	O
NGUYÊN TỬ	1847	N	GLY	308	-44,218	-3,734	-36,100	1,00	47,59	B	N
NGUYÊN TỬ	1848	CA	GLY	308	-43,385	-4,819	-35,604	1,00	47,86	B	C
NGUYÊN TỬ	1849	C	GLY	308	-42,267	-4,428	-34,648	1,00	47,93	B	C
NGUYÊN TỬ	1850	O	GLY	308	-41,354	-5,219	-34,408	1,00	50,24	B	O
NGUYÊN TỬ	1851	N	VAL	309	-42,324	-3,218	-34,099	1,00	45,49	B	N
NGUYÊN TỬ	1852	CA	VAL	309	-41,312	-2,776	-33,145	1,00	41,95	B	C
NGUYÊN TỬ	1853	CB	VAL	309	-41,060	-1,255	-33,264	1,00	42,45	B	C
NGUYÊN TỬ	1854	CG1	VAL	309	-40,007	-0,818	-32,256	1,00	41,14	B	C
NGUYÊN TỬ	1855	CG2	VAL	309	-40,616	-0,912	-34,674	1,00	42,26	B	C
NGUYÊN TỬ	1856	C	VAL	309	-41,739	-3,092	-31,714	1,00	40,15	B	C
NGUYÊN TỬ	1857	O	VAL	309	-42,892	-2,892	-31,343	1,00	40,60	B	O
NGUYÊN TỬ	1858	N	VAL	310	-40,804	-3,594	-30,917	1,00	38,32	B	N
NGUYÊN TỬ	1859	CA	VAL	310	-41,023	-3,780	-29,488	1,00	35,74	B	C
NGUYÊN TỬ	1860	CB	VAL	310	-40,163	-4,936	-28,942	1,00	36,40	B	C
NGUYÊN TỬ	1861	CG1	VAL	310	-40,404	-5,099	-27,449	1,00	35,15	B	C
NGUYÊN TỬ	1862	CG2	VAL	310	-40,483	-6,226	-29,689	1,00	35,82	B	C
NGUYÊN TỬ	1863	C	VAL	310	-40,625	-2,509	-28,743	1,00	35,88	B	C
NGUYÊN TỬ	1864	O	VAL	310	-39,440	-2,173	-28,665	1,00	35,37	B	O
NGUYÊN TỬ	1865	N	LEU	311	-41,608	-1,798	-28,199	1,00	34,34	B	N
NGUYÊN TỬ	1866	CA	LEU	311	-41,322	-0,609	-27,407	1,00	34,02	B	C
NGUYÊN TỬ	1867	CB	LEU	311	-42,283	0,526	-27,768	1,00	35,30	B	C
NGUYÊN TỬ	1868	CG	LEU	311	-42,024	1,154	-29,138	1,00	41,31	B	C
NGUYÊN TỬ	1869	CD1	LEU	311	-42,701	0,315	-30,213	1,00	42,98	B	C
NGUYÊN TỬ	1870	CD2	LEU	311	-42,552	2,580	-29,168	1,00	41,58	B	C
NGUYÊN TỬ	1871	C	LEU	311	-41,410	-0,898	-25,915	1,00	33,33	B	C
NGUYÊN TỬ	1872	O	LEU	311	-42,376	-1,502	-25,439	1,00	32,23	B	O
NGUYÊN TỬ	1873	N	VAL	312	-40,394	-0,454	-25,184	1,00	31,89	B	N
NGUYÊN TỬ	1874	CA	VAL	312	-40,347	-0,631	-23,739	1,00	31,45	B	C
NGUYÊN TỬ	1875	CB	VAL	312	-39,169	-1,529	-23,335	1,00	30,23	B	C
NGUYÊN TỬ	1876	CG1	VAL	312	-39,200	-1,774	-21,836	1,00	29,35	B	C
NGUYÊN TỬ	1877	CG2	VAL	312	-39,225	-2,842	-24,109	1,00	29,71	B	C
NGUYÊN TỬ	1878	C	VAL	312	-40,165	0,729	-23,079	1,00	32,28	B	C
NGUYÊN TỬ	1879	O	VAL	312	-39,319	1,521	-23,507	1,00	30,28	B	O
NGUYÊN TỬ	1880	N	THR	313	-40,950	1,003	-22,041	1,00	31,04	B	N
NGUYÊN TỬ	1881	CA	THR	313	-40,906	2,317	-21,411	1,00	32,69	B	C
NGUYÊN TỬ	1882	CB	THR	313	-42,075	3,223	-21,908	1,00	34,74	B	C
NGUYÊN TỬ	1883	OG1	THR	313	-41,854	4,571	-21,471	1,00	40,86	B	O
NGUYÊN TỬ	1884	CG2	THR	313	-43,405	2,750	-21,339	1,00	34,22	B	C
NGUYÊN TỬ	1885	C	THR	313	-40,971	2,221	-19,890	1,00	32,73	B	C
NGUYÊN TỬ	1886	O	THR	313	-41,479	1,243	-19,341	1,00	31,28	B	O
NGUYÊN TỬ	1887	N	ALA	314	-40,456	3,246	-19,216	1,00	31,17	B	N
NGUYÊN TỬ	1888	CA	ALA	314	-40,574	3,344	-17,767	1,00	29,71	B	C
NGUYÊN TỬ	1889	CB	ALA	314	-39,636	4,439	-17,235	1,00	27,09	B	C
NGUYÊN TỬ	1890	C	ALA	314	-42,017	3,664	-17,383	1,00	30,01	B	C
NGUYÊN TỬ	1891	O	ALA	314	-42,696	4,430	-18,071	1,00	31,46	B	O
NGUYÊN TỬ	1892	N	ALA	315	-42,480	3,087	-16,278	1,00	29,03	B	N
NGUYÊN TỬ	1893	CA	ALA	315	-43,813	3,390	-15,767	1,00	28,17	B	C
NGUYÊN TỬ	1894	CB	ALA	315	-44,191	2,398	-14,663	1,00	28,01	B	C
NGUYÊN TỬ	1895	C	ALA	315	-43,904	4,816	-15,227	1,00	27,59	B	C
NGUYÊN TỬ	1896	O	ALA	315	-44,992	5,405	-15,194	1,00	26,65	B	O
NGUYÊN TỬ	1897	N	GLY	316	-42,766	5,361	-14,795	1,00	26,83	B	N
NGUYÊN TỬ	1898	CA	GLY	316	-42,761	6,652	-14,123	1,00	27,76	B	C

NGUYÊN TỬ	1899	C	GLY	316	-42,447	6,543	-12,635	1,00	29,58	B	C
NGUYÊN TỬ	1900	O	GLY	316	-42,688	5,505	-12,019	1,00	29,69	B	O
NGUYÊN TỬ	1901	N	ASN	317	-41,924	7,621	-12,053	1,00	28,12	B	N
NGUYÊN TỬ	1902	CA	ASN	317	-41,375	7,586	-10,702	1,00	26,22	B	C
NGUYÊN TỬ	1903	CB	ASN	317	-39,962	8,172	-10,705	1,00	25,39	B	C
NGUYÊN TỬ	1904	CG	ASN	317	-38,976	7,290	-11,441	1,00	27,85	B	C
NGUYÊN TỬ	1905	OD1	ASN	317	-39,265	6,123	-11,712	1,00	27,83	B	O
NGUYÊN TỬ	1906	ND2	ASN	317	-37,807	7,839	-11,772	1,00	24,72	B	N
NGUYÊN TỬ	1907	C	ASN	317	-42,214	8,332	-9,675	1,00	27,33	B	C
NGUYÊN TỬ	1908	O	ASN	317	-41,697	8,759	-8,637	1,00	26,61	B	O
NGUYÊN TỬ	1909	N	PHE	318	-43,504	8,494	-9,948	1,00	26,04	B	N
NGUYÊN TỬ	1910	CA	PHE	318	-44,293	9,446	-9,180	1,00	27,75	B	C
NGUYÊN TỬ	1911	CB	PHE	318	-45,017	10,392	-10,146	1,00	28,25	B	C
NGUYÊN TỬ	1912	CG	PHE	318	-44,086	11,087	-11,107	1,00	29,82	B	C
NGUYÊN TỬ	1913	CD1	PHE	318	-43,300	12,146	-10,684	1,00	29,15	B	C
NGUYÊN TỬ	1914	CD2	PHE	318	-43,966	10,653	-12,419	1,00	26,83	B	C
NGUYÊN TỬ	1915	CE1	PHE	318	-42,405	12,760	-11,553	1,00	29,49	B	C
NGUYÊN TỬ	1916	CE2	PHE	318	-43,076	11,261	-13,288	1,00	29,07	B	C
NGUYÊN TỬ	1917	CZ	PHE	318	-42,293	12,316	-12,855	1,00	28,36	B	C
NGUYÊN TỬ	1918	C	PHE	318	-45,284	8,806	-8,208	1,00	28,02	B	C
NGUYÊN TỬ	1919	O	PHE	318	-46,189	9,477	-7,708	1,00	25,42	B	O
NGUYÊN TỬ	1920	N	ARG	319	-45,102	7,514	-7,945	1,00	28,99	B	N
NGUYÊN TỬ	1921	CA	ARG	319	-46,019	6,760	-7,097	1,00	31,68	B	C
NGUYÊN TỬ	1922	CB	ARG	319	-45,726	7,047	-5,624	1,00	35,03	B	C
NGUYÊN TỬ	1923	CG	ARG	319	-46,361	6,058	-4,674	1,00	40,29	B	C
NGUYÊN TỬ	1924	CD	ARG	319	-45,680	6,070	-3,317	1,00	43,31	B	C
NGUYÊN TỬ	1925	NE	ARG	319	-46,115	4,937	-2,505	1,00	50,86	B	N
NGUYÊN TỬ	1926	CZ	ARG	319	-45,568	4,592	-1,340	1,00	55,39	B	C
NGUYÊN TỬ	1927	NH1	ARG	319	-44,555	5,299	-0,845	1,00	56,32	B	N
NGUYÊN TỬ	1928	NH2	ARG	319	-46,034	3,537	-0,673	1,00	54,10	B	N
NGUYÊN TỬ	1929	C	ARG	319	-47,462	7,131	-7,428	1,00	30,53	B	C
NGUYÊN TỬ	1930	O	ARG	319	-48,235	7,551	-6,566	1,00	30,48	B	O
NGUYÊN TỬ	1931	N	ASP	320	-47,809	6,969	-8,696	1,00	30,77	B	N
NGUYÊN TỬ	1932	CA	ASP	320	-49,078	7,444	-9,226	1,00	31,58	B	C
NGUYÊN TỬ	1933	CB	ASP	320	-48,857	8,803	-9,906	1,00	33,04	B	C
NGUYÊN TỬ	1934	CG	ASP	320	-50,140	9,599	-10,080	1,00	35,04	B	C
NGUYÊN TỬ	1935	OD1	ASP	320	-51,190	9,185	-9,540	1,00	37,48	B	O
NGUYÊN TỬ	1936	OD2	ASP	320	-50,095	10,649	-10,766	1,00	36,23	B	O
NGUYÊN TỬ	1937	C	ASP	320	-49,594	6,412	-10,240	1,00	31,73	B	C
NGUYÊN TỬ	1938	O	ASP	320	-48,915	5,423	-10,546	1,00	29,24	B	O
NGUYÊN TỬ	1939	N	ASP	321	-50,795	6,649	-10,751	1,00	31,26	B	N
NGUYÊN TỬ	1940	CA	ASP	321	-51,382	5,803	-11,782	1,00	32,35	B	C
NGUYÊN TỬ	1941	CB	ASP	321	-52,880	6,109	-11,894	1,00	35,85	B	C
NGUYÊN TỬ	1942	CG	ASP	321	-53,610	5,160	-12,831	1,00	40,53	B	C
NGUYÊN TỬ	1943	OD1	ASP	321	-52,947	4,460	-13,623	1,00	41,07	B	O
NGUYÊN TỬ	1944	OD2	ASP	321	-54,859	5,116	-12,772	1,00	46,57	B	O
NGUYÊN TỬ	1945	C	ASP	321	-50,691	6,067	-13,123	1,00	31,57	B	C
NGUYÊN TỬ	1946	O	ASP	321	-50,791	7,163	-13,671	1,00	30,24	B	O
NGUYÊN TỬ	1947	N	ALA	322	-50,007	5,052	-13,648	1,00	30,47	B	N
NGUYÊN TỬ	1948	CA	ALA	322	-49,207	5,181	-14,862	1,00	30,58	B	C
NGUYÊN TỬ	1949	CB	ALA	322	-48,459	3,876	-15,132	1,00	29,62	B	C
NGUYÊN TỬ	1950	C	ALA	322	-50,035	5,562	-16,085	1,00	32,45	B	C
NGUYÊN TỬ	1951	O	ALA	322	-49,496	5,993	-17,108	1,00	32,37	B	O
NGUYÊN TỬ	1952	N	CYS	323	-51,347	5,410	-15,989	1,00	33,17	B	N
NGUYÊN TỬ	1953	CA	CYS	323	-52,199	5,763	-17,114	1,00	36,70	B	C
NGUYÊN TỬ	1954	C	CYS	323	-52,321	7,285	-17,294	1,00	34,79	B	C
NGUYÊN TỬ	1955	O	CYS	323	-52,950	7,757	-18,244	1,00	35,34	B	O
NGUYÊN TỬ	1956	CB	CYS	323	-53,595	5,156	-16,942	1,00	41,21	B	C
NGUYÊN TỬ	1957	SG	CYS	323	-53,747	3,326	-16,881	1,00	51,68	B	S
NGUYÊN TỬ	1958	N	LEU	324	-51,723	8,053	-16,388	1,00	32,69	B	N
NGUYÊN TỬ	1959	CA	LEU	324	-51,751	9,516	-16,496	1,00	31,24	B	C
NGUYÊN TỬ	1960	CB	LEU	324	-51,868	10,146	-15,108	1,00	31,16	B	C
NGUYÊN TỬ	1961	CG	LEU	324	-53,119	9,756	-14,313	1,00	36,04	B	C
NGUYÊN TỬ	1962	CD1	LEU	324	-53,026	10,321	-12,893	1,00	34,08	B	C
NGUYÊN TỬ	1963	CD2	LEU	324	-54,363	10,281	-15,024	1,00	33,82	B	C
NGUYÊN TỬ	1964	C	LEU	324	-50,497	10,047	-17,192	1,00	29,73	B	C
NGUYÊN TỬ	1965	O	LEU	324	-50,338	11,258	-17,366	1,00	28,10	B	O
NGUYÊN TỬ	1966	N	TYR	325	-49,619	9,126	-17,586	1,00	28,37	B	N
NGUYÊN TỬ	1967	CA	TYR	325	-48,319	9,457	-18,161	1,00	27,58	B	C
NGUYÊN TỬ	1968	CB	TYR	325	-47,211	8,953	-17,225	1,00	24,47	B	C
NGUYÊN TỬ	1969	CG	TYR	325	-47,331	9,551	-15,838	1,00	26,90	B	C
NGUYÊN TỬ	1970	CD1	TYR	325	-46,692	10,742	-15,519	1,00	25,31	B	C
NGUYÊN TỬ	1971	CE1	TYR	325	-46,917	11,372	-14,301	1,00	27,10	B	C
NGUYÊN TỬ	1972	CD2	TYR	325	-48,187	8,992	-14,890	1,00	24,93	B	C
NGUYÊN TỬ	1973	CE2	TYR	325	-48,413	9,614	-13,672	1,00	25,78	B	C
NGUYÊN TỬ	1974	CZ	TYR	325	-47,779	10,807	-13,389	1,00	26,84	B	C

NGUYÊN TỬ	1975	OH	TYR	325	-48,035	11,452	-12,203	1,00	29,69	B	O
NGUYÊN TỬ	1976	C	TYR	325	-48,167	8,829	-19,550	1,00	28,62	B	C
NGUYÊN TỬ	1977	O	TYR	325	-48,836	7,852	-19,872	1,00	28,99	B	O
NGUYÊN TỬ	1978	N	SER	326	-47,293	9,401	-20,372	1,00	28,16	B	N
NGUYÊN TỬ	1979	CA	SER	326	-46,932	8,797	-21,649	1,00	27,92	B	C
NGUYÊN TỬ	1980	CB	SER	326	-47,539	9,583	-22,813	1,00	27,53	B	C
NGUYÊN TỬ	1981	OG	SER	326	-48,955	9,520	-22,795	1,00	29,55	B	O
NGUYÊN TỬ	1982	C	SER	326	-45,417	8,790	-21,786	1,00	29,65	B	C
NGUYÊN TỬ	1983	O	SER	326	-44,732	9,679	-21,264	1,00	28,75	B	O
NGUYÊN TỬ	1984	N	PRO	327	-44,872	7,801	-22,514	1,00	30,05	B	N
NGUYÊN TỬ	1985	CD	PRO	327	-43,446	7,791	-22,891	1,00	29,85	B	C
NGUYÊN TỬ	1986	CA	PRO	327	-45,635	6,756	-23,212	1,00	30,77	B	C
NGUYÊN TỬ	1987	CB	PRO	327	-44,677	6,278	-24,297	1,00	30,62	B	C
NGUYÊN TỬ	1988	CG	PRO	327	-43,319	6,561	-23,736	1,00	32,87	B	C
NGUYÊN TỬ	1989	C	PRO	327	-46,133	5,602	-22,333	1,00	32,88	B	C
NGUYÊN TỬ	1990	O	PRO	327	-46,680	4,615	-22,844	1,00	34,26	B	O
NGUYÊN TỬ	1991	N	ALA	328	-45,954	5,723	-21,020	1,00	30,65	B	N
NGUYÊN TỬ	1992	CA	ALA	328	-46,395	4,682	-20,099	1,00	31,33	B	C
NGUYÊN TỬ	1993	CB	ALA	328	-46,348	5,200	-18,650	1,00	29,11	B	C
NGUYÊN TỬ	1994	C	ALA	328	-47,805	4,180	-20,427	1,00	31,48	B	C
NGUYÊN TỬ	1995	O	ALA	328	-48,063	2,982	-20,381	1,00	30,12	B	O
NGUYÊN TỬ	1996	N	SER	329	-48,712	5,095	-20,760	1,00	32,07	B	N
NGUYÊN TỬ	1997	CA	SER	329	-50,122	4,743	-20,930	1,00	32,34	B	C
NGUYÊN TỬ	1998	CB	SER	329	-51,012	5,962	-20,652	1,00	31,27	B	C
NGUYÊN TỬ	1999	OG	SER	329	-50,757	7,013	-21,575	1,00	29,75	B	O
NGUYÊN TỬ	2000	C	SER	329	-50,467	4,182	-22,313	1,00	34,16	B	C
NGUYÊN TỬ	2001	O	SER	329	-51,615	3,818	-22,560	1,00	35,28	B	O
NGUYÊN TỬ	2002	N	ALA	330	-49,494	4,125	-23,218	1,00	35,08	B	N
NGUYÊN TỬ	2003	CA	ALA	330	-49,737	3,524	-24,531	1,00	38,27	B	C
NGUYÊN TỬ	2004	CB	ALA	330	-48,570	3,812	-25,467	1,00	34,75	B	C
NGUYÊN TỬ	2005	C	ALA	330	-49,923	2,014	-24,365	1,00	40,98	B	C
NGUYÊN TỬ	2006	O	ALA	330	-49,071	1,325	-23,797	1,00	39,23	B	O
NGUYÊN TỬ	2007	N	PRO	331	-51,054	1,479	-24,846	1,00	45,25	B	N
NGUYÊN TỬ	2008	CD	PRO	331	-52,211	2,171	-25,439	1,00	46,82	B	C
NGUYÊN TỬ	2009	CA	PRO	331	-51,352	0,072	-24,530	1,00	48,31	B	C
NGUYÊN TỬ	2010	CB	PRO	331	-52,786	-0,120	-25,039	1,00	48,39	B	C
NGUYÊN TỬ	2011	CG	PRO	331	-53,367	1,275	-25,047	1,00	49,16	B	C
NGUYÊN TỬ	2012	C	PRO	331	-50,373	-0,922	-25,156	1,00	49,41	B	C
NGUYÊN TỬ	2013	O	PRO	331	-50,012	-1,924	-24,532	1,00	51,91	B	O
NGUYÊN TỬ	2014	N	GLU	332	-49,933	-0,636	-26,377	1,00	46,64	B	N
NGUYÊN TỬ	2015	CA	GLU	332	-49,056	-1,547	-27,097	1,00	46,33	B	C
NGUYÊN TỬ	2016	CB	GLU	332	-49,176	-1,311	-28,605	1,00	49,01	B	C
NGUYÊN TỬ	2017	CG	GLU	332	-49,292	0,153	-29,001	1,00	57,16	B	C
NGUYÊN TỬ	2018	CD	GLU	332	-50,640	0,770	-28,631	1,00	60,17	B	C
NGUYÊN TỬ	2019	OE1	GLU	332	-51,647	0,490	-29,323	1,00	59,75	B	O
NGUYÊN TỬ	2020	OE2	GLU	332	-50,688	1,538	-27,646	1,00	61,46	B	O
NGUYÊN TỬ	2021	C	GLU	332	-47,597	-1,445	-26,665	1,00	44,15	B	C
NGUYÊN TỬ	2022	O	GLU	332	-46,767	-2,243	-27,091	1,00	45,37	B	O
NGUYÊN TỬ	2023	N	VAL	333	-47,286	-0,470	-25,816	1,00	41,02	B	N
NGUYÊN TỬ	2024	CA	VAL	333	-45,942	-0,334	-25,261	1,00	37,77	B	C
NGUYÊN TỬ	2025	CB	VAL	333	-45,622	1,142	-24,918	1,00	38,27	B	C
NGUYÊN TỬ	2026	CG1	VAL	333	-44,275	1,235	-24,232	1,00	37,40	B	C
NGUYÊN TỬ	2027	CG2	VAL	333	-45,625	1,989	-26,188	1,00	35,51	B	C
NGUYÊN TỬ	2028	C	VAL	333	-45,821	-1,168	-23,986	1,00	36,92	B	C
NGUYÊN TỬ	2029	O	VAL	333	-46,752	-1,229	-23,182	1,00	39,57	B	O
NGUYÊN TỬ	2030	N	ILE	334	-44,679	-1,816	-23,800	1,00	33,69	B	N
NGUYÊN TỬ	2031	CA	ILE	334	-44,452	-2,578	-22,582	1,00	32,34	B	C
NGUYÊN TỬ	2032	CB	ILE	334	-43,411	-3,694	-22,825	1,00	33,09	B	C
NGUYÊN TỬ	2033	CG2	ILE	334	-43,133	-4,462	-21,531	1,00	29,80	B	C
NGUYÊN TỬ	2034	CG1	ILE	334	-43,944	-4,661	-23,889	1,00	34,39	B	C
NGUYÊN TỬ	2035	CD1	ILE	334	-42,924	-5,688	-24,336	1,00	36,56	B	C
NGUYÊN TỬ	2036	C	ILE	334	-43,974	-1,629	-21,487	1,00	31,39	B	C
NGUYÊN TỬ	2037	O	ILE	334	-42,896	-1,038	-21,581	1,00	31,20	B	O
NGUYÊN TỬ	2038	N	THR	335	-44,802	-1,476	-20,459	1,00	29,87	B	N
NGUYÊN TỬ	2039	CA	THR	335	-44,595	-0,468	-19,428	1,00	27,70	B	C
NGUYÊN TỬ	2040	CB	THR	335	-45,916	0,263	-19,129	1,00	28,65	B	C
NGUYÊN TỬ	2041	OG1	THR	335	-46,402	0,865	-20,335	1,00	28,99	B	O
NGUYÊN TỬ	2042	CG2	THR	335	-45,717	1,341	-18,064	1,00	28,22	B	C
NGUYÊN TỬ	2043	C	THR	335	-44,086	-1,147	-18,162	1,00	28,59	B	C
NGUYÊN TỬ	2044	O	THR	335	-44,718	-2,075	-17,658	1,00	26,97	B	O
NGUYÊN TỬ	2045	N	VAL	336	-42,945	-0,687	-17,652	1,00	27,73	B	N
NGUYÊN TỬ	2046	CA	VAL	336	-42,243	-1,412	-16,599	1,00	27,54	B	C
NGUYÊN TỬ	2047	CB	VAL	336	-40,832	-1,821	-17,063	1,00	28,07	B	C
NGUYÊN TỬ	2048	CG1	VAL	336	-40,221	-2,801	-16,070	1,00	26,47	B	C
NGUYÊN TỬ	2049	CG2	VAL	336	-40,893	-2,421	-18,460	1,00	27,88	B	C
NGUYÊN TỬ	2050	C	VAL	336	-42,101	-0,604	-15,310	1,00	28,83	B	C

NGUYÊN TỬ	2051	O	VAL	336	-41,441	0,435	-15,294	1,00	28,91	B	O
NGUYÊN TỬ	2052	N	GLY	337	-42,716	-1,092	-14,233	1,00	28,31	B	N
NGUYÊN TỬ	2053	CA	GLY	337	-42,482	-0,526	-12,915	1,00	27,90	B	C
NGUYÊN TỬ	2054	C	GLY	337	-41,205	-1,068	-12,289	1,00	29,62	B	C
NGUYÊN TỬ	2055	O	GLY	337	-40,568	-1,968	-12,846	1,00	29,27	B	O
NGUYÊN TỬ	2056	N	ALA	338	-40,825	-0,522	-11,135	1,00	29,78	B	N
NGUYÊN TỬ	2057	CA	ALA	338	-39,560	-0,879	-10,490	1,00	32,25	B	C
NGUYÊN TỬ	2058	CB	ALA	338	-38,677	0,360	-10,348	1,00	29,13	B	C
NGUYÊN TỬ	2059	C	ALA	338	-39,764	-1,526	-9,118	1,00	32,86	B	C
NGUYÊN TỬ	2060	O	ALA	338	-40,581	-1,062	-8,317	1,00	32,98	B	O
NGUYÊN TỬ	2061	N	THR	339	-39,010	-2,593	-8,861	1,00	33,23	B	N
NGUYÊN TỬ	2062	CA	THR	339	-39,001	-3,263	-7,561	1,00	33,80	B	C
NGUYÊN TỬ	2063	CB	THR	339	-39,556	-4,709	-7,667	1,00	34,64	B	C
NGUYÊN TỬ	2064	OG1	THR	339	-38,991	-5,349	-8,819	1,00	35,54	B	O
NGUYÊN TỬ	2065	CG2	THR	339	-41,079	-4,706	-7,774	1,00	32,31	B	C
NGUYÊN TỬ	2066	C	THR	339	-37,577	-3,324	-7,006	1,00	34,89	B	C
NGUYÊN TỬ	2067	O	THR	339	-36,603	-3,162	-7,749	1,00	34,08	B	O
NGUYÊN TỬ	2068	N	ASN	340	-37,456	-3,554	-5,702	1,00	34,66	B	N
NGUYÊN TỬ	2069	CA	ASN	340	-36,147	-3,582	-5,069	1,00	37,60	B	C
NGUYÊN TỬ	2070	CB	ASN	340	-36,175	-2,780	-3,765	1,00	38,22	B	C
NGUYÊN TỬ	2071	CG	ASN	340	-37,163	-3,339	-2,753	1,00	40,64	B	C
NGUYÊN TỬ	2072	OD1	ASN	340	-37,492	-4,529	-2,771	1,00	37,96	B	O
NGUYÊN TỬ	2073	ND2	ASN	340	-37,639	-2,478	-1,859	1,00	40,07	B	N
NGUYÊN TỬ	2074	C	ASN	340	-35,680	-5,010	-4,799	1,00	38,46	B	C
NGUYÊN TỬ	2075	O	ASN	340	-36,291	-5,972	-5,262	1,00	38,14	B	O
NGUYÊN TỬ	2076	N	ALA	341	-34,593	-5,140	-4,046	1,00	39,59	B	N
NGUYÊN TỬ	2077	CA	ALA	341	-33,991	-6,443	-3,783	1,00	42,44	B	C
NGUYÊN TỬ	2078	CB	ALA	341	-32,656	-6,258	-3,059	1,00	41,05	B	C
NGUYÊN TỬ	2079	C	ALA	341	-34,914	-7,361	-2,971	1,00	43,87	B	C
NGUYÊN TỬ	2080	O	ALA	341	-34,759	-8,580	-2,988	1,00	43,82	B	O
NGUYÊN TỬ	2081	N	GLN	342	-35,875	-6,778	-2,263	1,00	45,12	B	N
NGUYÊN TỬ	2082	CA	GLN	342	-36,859	-7,577	-1,546	1,00	47,53	B	C
NGUYÊN TỬ	2083	CB	GLN	342	-37,226	-6,902	-0,222	1,00	49,70	B	C
NGUYÊN TỬ	2084	CG	GLN	342	-36,050	-6,727	0,734	1,00	55,38	B	C
NGUYÊN TỬ	2085	CD	GLN	342	-35,164	-5,536	0,378	1,00	61,16	B	C
NGUYÊN TỬ	2086	OE1	GLN	342	-35,658	-4,444	0,073	1,00	63,32	B	O
NGUYÊN TỬ	2087	NE2	GLN	342	-33,848	-5,742	0,415	1,00	61,47	B	N
NGUYÊN TỬ	2088	C	GLN	342	-38,118	-7,803	-2,386	1,00	47,92	B	C
NGUYÊN TỬ	2089	O	GLN	342	-39,140	-8,270	-1,876	1,00	48,27	B	O
NGUYÊN TỬ	2090	N	ASP	343	-38,037	-7,468	-3,673	1,00	47,35	B	N
NGUYÊN TỬ	2091	CA	ASP	343	-39,170	-7,602	-4,589	1,00	47,37	B	C
NGUYÊN TỬ	2092	CB	ASP	343	-39,621	-9,068	-4,669	1,00	49,86	B	C
NGUYÊN TỬ	2093	CG	ASP	343	-38,718	-9,919	-5,560	1,00	52,80	B	C
NGUYÊN TỬ	2094	OD1	ASP	343	-38,041	-9,368	-6,457	1,00	52,60	B	O
NGUYÊN TỬ	2095	OD2	ASP	343	-38,691	-11,154	-5,366	1,00	56,09	B	O
NGUYÊN TỬ	2096	C	ASP	343	-40,371	-6,721	-4,227	1,00	45,38	B	C
NGUYÊN TỬ	2097	O	ASP	343	-41,501	-7,023	-4,607	1,00	46,25	B	O
NGUYÊN TỬ	2098	N	GLN	344	-40,132	-5,634	-3,498	1,00	42,74	B	N
NGUYÊN TỬ	2099	CA	GLN	344	-41,194	-4,674	-3,199	1,00	42,66	B	C
NGUYÊN TỬ	2100	CB	GLN	344	-41,142	-4,269	-1,720	1,00	44,37	B	C
NGUYÊN TỬ	2101	CG	GLN	344	-41,297	-5,432	-0,745	1,00	46,69	B	C
NGUYÊN TỬ	2102	CD	GLN	344	-42,386	-6,418	-1,167	1,00	49,58	B	C
NGUYÊN TỬ	2103	OE1	GLN	344	-43,575	-6,081	-1,194	1,00	50,25	B	O
NGUYÊN TỬ	2104	NE2	GLN	344	-41,979	-7,644	-1,498	1,00	47,71	B	N
NGUYÊN TỬ	2105	C	GLN	344	-41,068	-3,426	-4,081	1,00	40,29	B	C
NGUYÊN TỬ	2106	O	GLN	344	-39,986	-3,105	-4,570	1,00	39,64	B	O
NGUYÊN TỬ	2107	N	PRO	345	-42,176	-2,703	-4,289	1,00	38,37	B	N
NGUYÊN TỬ	2108	CD	PRO	345	-43,521	-2,949	-3,745	1,00	38,04	B	C
NGUYÊN TỬ	2109	CA	PRO	345	-42,139	-1,503	-5,136	1,00	37,61	B	C
NGUYÊN TỬ	2110	CB	PRO	345	-43,569	-0,966	-5,068	1,00	36,21	B	C
NGUYÊN TỬ	2111	CG	PRO	345	-44,400	-2,140	-4,664	1,00	37,92	B	C
NGUYÊN TỬ	2112	C	PRO	345	-41,123	-0,490	-4,604	1,00	36,80	B	C
NGUYÊN TỬ	2113	O	PRO	345	-41,083	-0,218	-3,406	1,00	36,00	B	O
NGUYÊN TỬ	2114	N	VAL	346	-40,304	0,062	-5,493	1,00	34,88	B	N
NGUYÊN TỬ	2115	CA	VAL	346	-39,250	0,981	-5,082	1,00	35,68	B	C
NGUYÊN TỬ	2116	CB	VAL	346	-38,282	1,265	-6,251	1,00	37,41	B	C
NGUYÊN TỬ	2117	CG1	VAL	346	-37,162	2,189	-5,790	1,00	41,37	B	C
NGUYÊN TỬ	2118	CG2	VAL	346	-37,701	-0,037	-6,769	1,00	39,72	B	C
NGUYÊN TỬ	2119	C	VAL	346	-39,826	2,310	-4,593	1,00	35,58	B	C
NGUYÊN TỬ	2120	O	VAL	346	-40,746	2,856	-5,199	1,00	36,23	B	O
NGUYÊN TỬ	2121	N	THR	347	-39,292	2,833	-3,494	1,00	35,01	B	N
NGUYÊN TỬ	2122	CA	THR	347	-39,591	4,210	-3,118	1,00	35,51	B	C
NGUYÊN TỬ	2123	CB	THR	347	-39,701	4,390	-1,582	1,00	37,60	B	C
NGUYÊN TỬ	2124	OG1	THR	347	-38,467	4,006	-0,967	1,00	39,20	B	O
NGUYÊN TỬ	2125	CG2	THR	347	-40,832	3,548	-1,021	1,00	34,55	B	C
NGUYÊN TỬ	2126	C	THR	347	-38,464	5,100	-3,635	1,00	33,43	B	C

NGUYÊN TỬ	2127	O	THR	347	-37,300	4,716	-3,611	1,00	31,83	B	O
NGUYÊN TỬ	2128	N	LEU	348	-38,820	6,283	-4,122	1,00	32,22	B	N
NGUYÊN TỬ	2129	CA	LEU	348	-37,833	7,231	-4,627	1,00	30,40	B	C
NGUYÊN TỬ	2130	CB	LEU	348	-37,946	7,326	-6,158	1,00	29,53	B	C
NGUYÊN TỬ	2131	CG	LEU	348	-37,908	5,965	-6,886	1,00	30,64	B	C
NGUYÊN TỬ	2132	CD1	LEU	348	-38,457	6,091	-8,307	1,00	27,70	B	C
NGUYÊN TỬ	2133	CD2	LEU	348	-36,477	5,436	-6,912	1,00	26,20	B	C
NGUYÊN TỬ	2134	C	LEU	348	-38,141	8,573	-3,974	1,00	28,73	B	C
NGUYÊN TỬ	2135	O	LEU	348	-39,136	9,214	-4,303	1,00	27,79	B	O
NGUYÊN TỬ	2136	N	GLY	349	-37,304	8,997	-3,035	1,00	28,70	B	N
NGUYÊN TỬ	2137	CA	GLY	349	-37,703	10,112	-2,193	1,00	27,69	B	C
NGUYÊN TỬ	2138	C	GLY	349	-38,999	9,720	-1,508	1,00	28,80	B	C
NGUYÊN TỬ	2139	O	GLY	349	-39,113	8,603	-0,998	1,00	28,55	B	O
NGUYÊN TỬ	2140	N	THR	350	-39,988	10,612	-1,509	1,00	28,59	B	N
NGUYÊN TỬ	2141	CA	THR	350	-41,280	10,309	-0,900	1,00	28,89	B	C
NGUYÊN TỬ	2142	CB	THR	350	-41,941	11,574	-0,331	1,00	30,10	B	C
NGUYÊN TỬ	2143	OG1	THR	350	-42,291	12,450	-1,411	1,00	26,35	B	O
NGUYÊN TỬ	2144	CG2	THR	350	-40,985	12,295	0,634	1,00	27,56	B	C
NGUYÊN TỬ	2145	C	THR	350	-42,253	9,686	-1,906	1,00	30,35	B	C
NGUYÊN TỬ	2146	O	THR	350	-43,407	9,403	-1,576	1,00	29,28	B	O
NGUYÊN TỬ	2147	N	LEU	351	-41,790	9,496	-3,137	1,00	29,53	B	N
NGUYÊN TỬ	2148	CA	LEU	351	-42,617	8,896	-4,178	1,00	30,47	B	C
NGUYÊN TỬ	2149	CB	LEU	351	-42,669	9,820	-5,409	1,00	28,80	B	C
NGUYÊN TỬ	2150	CG	LEU	351	-43,186	11,246	-5,126	1,00	30,54	B	C
NGUYÊN TỬ	2151	CD1	LEU	351	-43,285	12,048	-6,426	1,00	30,77	B	C
NGUYÊN TỬ	2152	CD2	LEU	351	-44,552	11,184	-4,448	1,00	25,93	B	C
NGUYÊN TỬ	2153	C	LEU	351	-42,038	7,525	-4,539	1,00	30,64	B	C
NGUYÊN TỬ	2154	O	LEU	351	-41,513	6,825	-3,677	1,00	31,17	B	O
NGUYÊN TỬ	2155	N	GLY	352	-42,129	7,136	-5,804	1,00	30,87	B	N
NGUYÊN TỬ	2156	CA	GLY	352	-41,659	5,817	-6,181	1,00	30,18	B	C
NGUYÊN TỬ	2157	C	GLY	352	-42,283	5,320	-7,466	1,00	30,83	B	C
NGUYÊN TỬ	2158	O	GLY	352	-42,842	6,104	-8,233	1,00	30,98	B	O
NGUYÊN TỬ	2159	N	THR	353	-42,188	4,018	-7,715	1,00	29,91	B	N
NGUYÊN TỬ	2160	CA	THR	353	-42,672	3,480	-8,974	1,00	29,17	B	C
NGUYÊN TỬ	2161	CB	THR	353	-42,424	1,964	-9,074	1,00	32,00	B	C
NGUYÊN TỬ	2162	OG1	THR	353	-42,923	1,490	-10,333	1,00	28,63	B	O
NGUYÊN TỬ	2163	CG2	THR	353	-43,124	1,223	-7,924	1,00	28,13	B	C
NGUYÊN TỬ	2164	C	THR	353	-44,164	3,744	-9,122	1,00	28,69	B	C
NGUYÊN TỬ	2165	O	THR	353	-44,906	3,718	-8,140	1,00	26,24	B	O
NGUYÊN TỬ	2166	N	ASN	354	-44,588	4,022	-10,352	1,00	27,36	B	N
NGUYÊN TỬ	2167	CA	ASN	354	-46,005	4,117	-10,680	1,00	28,00	B	C
NGUYÊN TỬ	2168	CB	ASN	354	-46,194	4,770	-12,055	1,00	30,00	B	C
NGUYÊN TỬ	2169	CG	ASN	354	-46,090	6,295	-12,010	1,00	31,69	B	C
NGUYÊN TỬ	2170	OD1	ASN	354	-46,028	6,902	-10,938	1,00	29,46	B	O
NGUYÊN TỬ	2171	ND2	ASN	354	-46,079	6,916	-13,184	1,00	30,77	B	N
NGUYÊN TỬ	2172	C	ASN	354	-46,625	2,716	-10,692	1,00	29,07	B	C
NGUYÊN TỬ	2173	O	ASN	354	-45,915	1,705	-10,658	1,00	28,69	B	O
NGUYÊN TỬ	2174	N	PHE	355	-47,948	2,661	-10,741	1,00	28,04	B	N
NGUYÊN TỬ	2175	CA	PHE	355	-48,665	1,397	-10,658	1,00	29,51	B	C
NGUYÊN TỬ	2176	CB	PHE	355	-49,041	1,118	-9,201	1,00	29,13	B	C
NGUYÊN TỬ	2177	CG	PHE	355	-49,523	2,333	-8,465	1,00	29,69	B	C
NGUYÊN TỬ	2178	CD1	PHE	355	-48,712	2,959	-7,522	1,00	30,05	B	C
NGUYÊN TỬ	2179	CD2	PHE	355	-50,759	2,885	-8,752	1,00	27,67	B	C
NGUYÊN TỬ	2180	CE1	PHE	355	-49,128	4,115	-6,887	1,00	28,38	B	C
NGUYÊN TỬ	2181	CE2	PHE	355	-51,185	4,043	-8,121	1,00	27,82	B	C
NGUYÊN TỬ	2182	CZ	PHE	355	-50,370	4,659	-7,189	1,00	28,92	B	C
NGUYÊN TỬ	2183	C	PHE	355	-49,920	1,472	-11,527	1,00	30,09	B	C
NGUYÊN TỬ	2184	O	PHE	355	-50,086	2,418	-12,309	1,00	30,27	B	O
NGUYÊN TỬ	2185	N	GLY	356	-50,792	0,474	-11,398	1,00	28,41	B	N
NGUYÊN TỬ	2186	CA	GLY	356	-52,069	0,519	-12,091	1,00	28,33	B	C
NGUYÊN TỬ	2187	C	GLY	356	-52,135	-0,379	-13,314	1,00	30,65	B	C
NGUYÊN TỬ	2188	O	GLY	356	-51,204	-1,129	-13,603	1,00	29,89	B	O
NGUYÊN TỬ	2189	N	ARG	357	-53,242	-0,295	-14,041	1,00	32,66	B	N
NGUYÊN TỬ	2190	CA	ARG	357	-53,536	-1,246	-15,109	1,00	34,90	B	C
NGUYÊN TỬ	2191	CB	ARG	357	-55,011	-1,151	-15,493	1,00	34,24	B	C
NGUYÊN TỬ	2192	CG	ARG	357	-55,381	0,225	-15,994	1,00	34,62	B	C
NGUYÊN TỬ	2193	CD	ARG	357	-56,832	0,346	-16,383	1,00	36,26	B	C
NGUYÊN TỬ	2194	NE	ARG	357	-57,105	1,695	-16,856	1,00	40,35	B	N
NGUYÊN TỬ	2195	CZ	ARG	357	-56,884	2,102	-18,102	1,00	43,01	B	C
NGUYÊN TỬ	2196	NH1	ARG	357	-57,153	3,355	-18,448	1,00	42,62	B	N
NGUYÊN TỬ	2197	NH2	ARG	357	-56,406	1,252	-19,005	1,00	41,68	B	N
NGUYÊN TỬ	2198	C	ARG	357	-52,683	-1,024	-16,358	1,00	36,92	B	C
NGUYÊN TỬ	2199	O	ARG	357	-52,661	-1,881	-17,242	1,00	38,02	B	O
NGUYÊN TỬ	2200	N	CYS	358	-51,997	0,119	-16,441	1,00	36,61	B	N
NGUYÊN TỬ	2201	CA	CYS	358	-51,170	0,438	-17,612	1,00	35,72	B	C
NGUYÊN TỬ	2202	C	CYS	358	-49,745	-0,097	-17,458	1,00	35,12	B	C

NGUYÊN TỬ	2203	O	CYS	358	-48,966	-0,093	-18,410	1,00	34,79	B	O
NGUYÊN TỬ	2204	CB	CYS	358	-51,153	1,961	-17,870	1,00	36,69	B	C
NGUYÊN TỬ	2205	SG	CYS	358	-52,749	2,584	-18,519	1,00	43,14	B	S
NGUYÊN TỬ	2206	N	VAL	359	-49,413	-0,558	-16,255	1,00	33,77	B	N
NGUYÊN TỬ	2207	CA	VAL	359	-48,133	-1,222	-16,000	1,00	34,99	B	C
NGUYÊN TỬ	2208	CB	VAL	359	-47,739	-1,110	-14,506	1,00	34,05	B	C
NGUYÊN TỬ	2209	CG1	VAL	359	-46,472	-1,904	-14,236	1,00	33,57	B	C
NGUYÊN TỬ	2210	CG2	VAL	359	-47,546	0,350	-14,127	1,00	35,28	B	C
NGUYÊN TỬ	2211	C	VAL	359	-48,233	-2,709	-16,357	1,00	36,56	B	C
NGUYÊN TỬ	2212	O	VAL	359	-49,117	-3,410	-15,874	1,00	36,77	B	O
NGUYÊN TỬ	2213	N	ASP	360	-47,325	-3,194	-17,193	1,00	37,85	B	N
NGUYÊN TỬ	2214	CA	ASP	360	-47,394	-4,581	-17,641	1,00	39,04	B	C
NGUYÊN TỬ	2215	CB	ASP	360	-46,818	-4,710	-19,054	1,00	40,07	B	C
NGUYÊN TỬ	2216	CG	ASP	360	-47,665	-3,983	-20,093	1,00	45,74	B	C
NGUYÊN TỬ	2217	OD1	ASP	360	-48,754	-4,500	-20,443	1,00	46,61	B	O
NGUYÊN TỬ	2218	OD2	ASP	360	-47,253	-2,891	-20,553	1,00	46,26	B	O
NGUYÊN TỬ	2219	C	ASP	360	-46,669	-5,516	-16,688	1,00	38,35	B	C
NGUYÊN TỬ	2220	O	ASP	360	-47,138	-6,618	-16,416	1,00	38,52	B	O
NGUYÊN TỬ	2221	N	LEU	361	-45,529	-5,073	-16,173	1,00	37,53	B	N
NGUYÊN TỬ	2222	CA	LEU	361	-44,819	-5,839	-15,160	1,00	36,62	B	C
NGUYÊN TỬ	2223	CB	LEU	361	-44,105	-7,040	-15,797	1,00	36,73	B	C
NGUYÊN TỬ	2224	CG	LEU	361	-42,822	-6,803	-16,601	1,00	38,67	B	C
NGUYÊN TỬ	2225	CD1	LEU	361	-42,187	-8,145	-16,944	1,00	39,40	B	C
NGUYÊN TỬ	2226	CD2	LEU	361	-43,123	-6,017	-17,870	1,00	36,31	B	C
NGUYÊN TỬ	2227	C	LEU	361	-43,809	-4,941	-14,461	1,00	35,32	B	C
NGUYÊN TỬ	2228	O	LEU	361	-43,605	-3,803	-14,870	1,00	36,05	B	O
NGUYÊN TỬ	2229	N	PHE	362	-43,188	-5,457	-13,405	1,00	33,99	B	N
NGUYÊN TỬ	2230	CA	PHE	362	-42,132	-4,743	-12,694	1,00	33,08	B	C
NGUYÊN TỬ	2231	CB	PHE	362	-42,420	-4,724	-11,190	1,00	30,37	B	C
NGUYÊN TỬ	2232	CG	PHE	362	-43,654	-3,967	-10,831	1,00	30,89	B	C
NGUYÊN TỬ	2233	CD1	PHE	362	-43,569	-2,670	-10,348	1,00	30,96	B	C
NGUYÊN TỬ	2234	CD2	PHE	362	-44,906	-4,530	-11,021	1,00	29,23	B	C
NGUYÊN TỬ	2235	CE1	PHE	362	-44,715	-1,942	-10,065	1,00	30,60	B	C
NGUYÊN TỬ	2236	CE2	PHE	362	-46,055	-3,809	-10,741	1,00	31,39	B	C
NGUYÊN TỬ	2237	CZ	PHE	362	-45,960	-2,512	-10,264	1,00	31,01	B	C
NGUYÊN TỬ	2238	C	PHE	362	-40,791	-5,415	-12,943	1,00	33,60	B	C
NGUYÊN TỬ	2239	O	PHE	362	-40,741	-6,566	-13,376	1,00	34,30	B	O
NGUYÊN TỬ	2240	N	ALA	363	-39,710	-4,691	-12,676	1,00	31,44	B	N
NGUYÊN TỬ	2241	CA	ALA	363	-38,369	-5,240	-12,817	1,00	33,53	B	C
NGUYÊN TỬ	2242	CB	ALA	363	-37,893	-5,107	-14,276	1,00	28,46	B	C
NGUYÊN TỬ	2243	C	ALA	363	-37,427	-4,497	-11,869	1,00	34,75	B	C
NGUYÊN TỬ	2244	O	ALA	363	-37,762	-3,423	-11,364	1,00	36,92	B	O
NGUYÊN TỬ	2245	N	PRO	364	-36,241	-5,064	-11,606	1,00	35,95	B	N
NGUYÊN TỬ	2246	CD	PRO	364	-35,706	-6,328	-12,149	1,00	36,33	B	C
NGUYÊN TỬ	2247	CA	PRO	364	-35,321	-4,446	-10,645	1,00	36,66	B	C
NGUYÊN TỬ	2248	CB	PRO	364	-34,068	-5,323	-10,733	1,00	36,17	B	C
NGUYÊN TỬ	2249	CG	PRO	364	-34,587	-6,654	-11,198	1,00	36,16	B	C
NGUYÊN TỬ	2250	C	PRO	364	-35,032	-2,988	-11,003	1,00	38,49	B	C
NGUYÊN TỬ	2251	O	PRO	364	-34,633	-2,685	-12,129	1,00	38,54	B	O
NGUYÊN TỬ	2252	N	GLY	365	-35,234	-2,089	-10,043	1,00	38,32	B	N
NGUYÊN TỬ	2253	CA	GLY	365	-35,031	-0,679	-10,315	1,00	39,76	B	C
NGUYÊN TỬ	2254	C	GLY	365	-34,405	0,111	-9,179	1,00	40,07	B	C
NGUYÊN TỬ	2255	O	GLY	365	-34,394	1,339	-9,212	1,00	41,59	B	O
NGUYÊN TỬ	2256	N	GLU	366	-33,889	-0,583	-8,172	1,00	40,60	B	N
NGUYÊN TỬ	2257	CA	GLU	366	-33,183	0,077	-7,080	1,00	40,85	B	C
NGUYÊN TỬ	2258	CB	GLU	366	-33,917	-0,150	-5,752	1,00	42,58	B	C
NGUYÊN TỬ	2259	CG	GLU	366	-33,248	0,521	-4,559	1,00	48,40	B	C
NGUYÊN TỬ	2260	CD	GLU	366	-34,106	0,485	-3,304	1,00	54,29	B	C
NGUYÊN TỬ	2261	OE1	GLU	366	-34,917	1,418	-3,111	1,00	57,21	B	O
NGUYÊN TỬ	2262	OE2	GLU	366	-33,970	-0,473	-2,509	1,00	57,42	B	O
NGUYÊN TỬ	2263	C	GLU	366	-31,758	-0,446	-6,965	1,00	40,03	B	C
NGUYÊN TỬ	2264	O	GLU	366	-31,525	-1,650	-7,067	1,00	40,58	B	O
NGUYÊN TỬ	2265	N	ASP	367	-30,805	0,457	-6,750	1,00	39,89	B	N
NGUYÊN TỬ	2266	CA	ASP	367	-29,431	0,049	-6,463	1,00	41,10	B	C
NGUYÊN TỬ	2267	CB	ASP	367	-29,395	-0,733	-5,141	1,00	42,64	B	C
NGUYÊN TỬ	2268	CG	ASP	367	-28,009	-1,250	-4,795	1,00	45,84	B	C
NGUYÊN TỬ	2269	OD1	ASP	367	-27,011	-0,548	-5,074	1,00	44,71	B	O
NGUYÊN TỬ	2270	OD2	ASP	367	-27,924	-2,370	-4,241	1,00	48,26	B	O
NGUYÊN TỬ	2271	C	ASP	367	-28,901	-0,811	-7,609	1,00	40,40	B	C
NGUYÊN TỬ	2272	O	ASP	367	-28,403	-1,919	-7,396	1,00	40,34	B	O
NGUYÊN TỬ	2273	N	ILE	368	-29,028	-0,286	-8,827	1,00	39,65	B	N
NGUYÊN TỬ	2274	CA	ILE	368	-28,660	-1,006	-10,041	1,00	37,49	B	C
NGUYÊN TỬ	2275	CB	ILE	368	-29,666	-0,712	-11,182	1,00	36,39	B	C
NGUYÊN TỬ	2276	CG2	ILE	368	-29,280	-1,479	-12,429	1,00	34,37	B	C
NGUYÊN TỬ	2277	CG1	ILE	368	-31,077	-1,111	-10,751	1,00	36,39	B	C
NGUYÊN TỬ	2278	CD1	ILE	368	-31,243	-2,594	-10,488	1,00	34,86	B	C

NGUYÊN TỬ	2279	C	ILE	368	-27,273	-0,570	-10,488	1,00	38,13	B	C
NGUYÊN TỬ	2280	O	ILE	368	-27,066	0,586	-10,850	1,00	39,56	B	O
NGUYÊN TỬ	2281	N	ILE	369	-26,321	-1,496	-10,464	1,00	38,77	B	N
NGUYÊN TỬ	2282	CA	ILE	369	-24,942	-1,164	-10,793	1,00	38,05	B	C
NGUYÊN TỬ	2283	CB	ILE	369	-23,963	-2,254	-10,257	1,00	40,93	B	C
NGUYÊN TỬ	2284	CG2	ILE	369	-24,175	-3,561	-10,994	1,00	40,09	B	C
NGUYÊN TỬ	2285	CG1	ILE	369	-22,513	-1,796	-10,431	1,00	41,68	B	C
NGUYÊN TỬ	2286	CD1	ILE	369	-22,120	-0,661	-9,512	1,00	43,24	B	C
NGUYÊN TỬ	2287	C	ILE	369	-24,832	-1,059	-12,310	1,00	36,91	B	C
NGUYÊN TỬ	2288	O	ILE	369	-25,458	-1,832	-13,032	1,00	36,69	B	O
NGUYÊN TỬ	2289	N	GLY	370	-24,059	-0,088	-12,793	1,00	35,97	B	N
NGUYÊN TỬ	2290	CA	GLY	370	-23,903	0,086	-14,227	1,00	33,72	B	C
NGUYÊN TỬ	2291	C	GLY	370	-22,820	1,086	-14,582	1,00	35,47	B	C
NGUYÊN TỬ	2292	O	GLY	370	-22,236	1,723	-13,704	1,00	35,95	B	O
NGUYÊN TỬ	2293	N	ALA	371	-22,554	1,235	-15,876	1,00	35,98	B	N
NGUYÊN TỬ	2294	CA	ALA	371	-21,494	2,122	-16,342	1,00	36,57	B	C
NGUYÊN TỬ	2295	CB	ALA	371	-21,434	2,105	-17,872	1,00	35,87	B	C
NGUYÊN TỬ	2296	C	ALA	371	-21,666	3,559	-15,846	1,00	37,33	B	C
NGUYÊN TỬ	2297	O	ALA	371	-22,748	4,140	-15,947	1,00	37,39	B	O
NGUYÊN TỬ	2298	N	SER	372	-20,587	4,124	-15,314	1,00	37,76	B	N
NGUYÊN TỬ	2299	CA	SER	372	-20,548	5,536	-14,962	1,00	39,26	B	C
NGUYÊN TỬ	2300	CB	SER	372	-19,956	5,725	-13,568	1,00	38,89	B	C
NGUYÊN TỬ	2301	OG	SER	372	-19,422	7,029	-13,430	1,00	38,76	B	O
NGUYÊN TỬ	2302	C	SER	372	-19,698	6,290	-15,970	1,00	41,19	B	C
NGUYÊN TỬ	2303	O	SER	372	-18,614	5,839	-16,325	1,00	41,88	B	O
NGUYÊN TỬ	2304	N	SER	373	-20,184	7,438	-16,429	1,00	41,46	B	N
NGUYÊN TỬ	2305	CA	SER	373	-19,452	8,216	-17,417	1,00	44,85	B	C
NGUYÊN TỬ	2306	CB	SER	373	-20,398	9,175	-18,148	1,00	44,46	B	C
NGUYÊN TỬ	2307	OG	SER	373	-21,089	10,016	-17,241	1,00	45,05	B	O
NGUYÊN TỬ	2308	C	SER	373	-18,294	8,998	-16,792	1,00	46,64	B	C
NGUYÊN TỬ	2309	O	SER	373	-17,564	9,697	-17,499	1,00	45,89	B	O
NGUYÊN TỬ	2310	N	ASP	374	-18,133	8,878	-15,474	1,00	48,09	B	N
NGUYÊN TỬ	2311	CA	ASP	374	-16,982	9,461	-14,777	1,00	51,70	B	C
NGUYÊN TỬ	2312	CB	ASP	374	-16,901	8,951	-13,334	1,00	53,53	B	C
NGUYÊN TỬ	2313	CG	ASP	374	-17,947	9,568	-12,428	1,00	57,35	B	C
NGUYÊN TỬ	2314	OD1	ASP	374	-18,587	10,561	-12,841	1,00	56,93	B	O
NGUYÊN TỬ	2315	OD2	ASP	374	-18,124	9,057	-11,296	1,00	59,88	B	O
NGUYÊN TỬ	2316	C	ASP	374	-15,689	9,083	-15,489	1,00	52,87	B	C
NGUYÊN TỬ	2317	O	ASP	374	-14,824	9,926	-15,718	1,00	52,95	B	O
NGUYÊN TỬ	2318	N	CYS	375	-15,563	7,804	-15,826	1,00	53,58	B	N
NGUYÊN TỬ	2319	CA	CYS	375	-14,369	7,301	-16,484	1,00	54,62	B	C
NGUYÊN TỬ	2320	C	CYS	375	-14,696	5,974	-17,154	1,00	53,54	B	C
NGUYÊN TỬ	2321	O	CYS	375	-15,668	5,314	-16,787	1,00	52,45	B	O
NGUYÊN TỬ	2322	CB	CYS	375	-13,242	7,123	-15,460	1,00	58,13	B	C
NGUYÊN TỬ	2323	SG	CYS	375	-13,124	5,485	-14,667	1,00	62,82	B	S
NGUYÊN TỬ	2324	N	SER	376	-13,883	5,583	-18,130	1,00	52,69	B	N
NGUYÊN TỬ	2325	CA	SER	376	-14,237	4,485	-19,023	1,00	52,99	B	C
NGUYÊN TỬ	2326	CB	SER	376	-13,244	4,417	-20,186	1,00	55,67	B	C
NGUYÊN TỬ	2327	OG	SER	376	-11,912	4,305	-19,715	1,00	60,26	B	O
NGUYÊN TỬ	2328	C	SER	376	-14,334	3,113	-18,358	1,00	51,31	B	C
NGUYÊN TỬ	2329	O	SER	376	-14,848	2,170	-18,956	1,00	51,62	B	O
NGUYÊN TỬ	2330	N	THR	377	-13,847	2,994	-17,129	1,00	50,35	B	N
NGUYÊN TỬ	2331	CA	THR	377	-13,944	1,729	-16,406	1,00	50,61	B	C
NGUYÊN TỬ	2332	CB	THR	377	-12,543	1,174	-16,063	1,00	50,74	B	C
NGUYÊN TỬ	2333	OG1	THR	377	-11,827	2,134	-15,275	1,00	50,85	B	O
NGUYÊN TỬ	2334	CG2	THR	377	-11,754	0,887	-17,343	1,00	49,43	B	C
NGUYÊN TỬ	2335	C	THR	377	-14,745	1,877	-15,115	1,00	51,23	B	C
NGUYÊN TỬ	2336	O	THR	377	-14,872	0,932	-14,336	1,00	51,68	B	O
NGUYÊN TỬ	2337	N	CYS	378	-15,289	3,068	-14,898	1,00	50,52	B	N
NGUYÊN TỬ	2338	CA	CYS	378	-15,970	3,396	-13,654	1,00	50,70	B	C
NGUYÊN TỬ	2339	C	CYS	378	-17,405	2,861	-13,638	1,00	48,67	B	C
NGUYÊN TỬ	2340	O	CYS	378	-18,055	2,764	-14,676	1,00	47,78	B	O
NGUYÊN TỬ	2341	CB	CYS	378	-15,942	4,919	-13,456	1,00	55,40	B	C
NGUYÊN TỬ	2342	SG	CYS	378	-14,291	5,579	-12,988	1,00	65,66	B	S
NGUYÊN TỬ	2343	N	PHE	379	-17,883	2,487	-12,456	1,00	47,08	B	N
NGUYÊN TỬ	2344	CA	PHE	379	-19,251	1,997	-12,291	1,00	45,71	B	C
NGUYÊN TỬ	2345	CB	PHE	379	-19,256	0,512	-11,908	1,00	45,48	B	C
NGUYÊN TỬ	2346	CG	PHE	379	-18,985	-0,414	-13,056	1,00	47,99	B	C
NGUYÊN TỬ	2347	CD1	PHE	379	-17,686	-0,645	-13,490	1,00	47,70	B	C
NGUYÊN TỬ	2348	CD2	PHE	379	-20,030	-1,060	-13,703	1,00	48,07	B	C
NGUYÊN TỬ	2349	CE1	PHE	379	-17,435	-1,504	-14,549	1,00	48,26	B	C
NGUYÊN TỬ	2350	CE2	PHE	379	-19,784	-1,921	-14,765	1,00	48,64	B	C
NGUYÊN TỬ	2351	CZ	PHE	379	-18,485	-2,143	-15,187	1,00	47,52	B	C
NGUYÊN TỬ	2352	C	PHE	379	-19,993	2,782	-11,211	1,00	44,80	B	C
NGUYÊN TỬ	2353	O	PHE	379	-19,377	3,334	-10,296	1,00	43,54	B	O
NGUYÊN TỬ	2354	N	VAL	380	-21,317	2,820	-11,316	1,00	42,05	B	N

NGUYÊN TỬ	2355	CA	VAL	380	-22,127	3,521	-10,332	1,00	40,25	B	C
NGUYÊN TỬ	2356	CB	VAL	380	-22,259	5,027	-10,681	1,00	40,74	B	C
NGUYÊN TỬ	2357	CG1	VAL	380	-23,084	5,213	-11,954	1,00	41,04	B	C
NGUYÊN TỬ	2358	CG2	VAL	380	-22,875	5,770	-9,522	1,00	40,29	B	C
NGUYÊN TỬ	2359	C	VAL	380	-23,510	2,899	-10,228	1,00	40,11	B	C
NGUYÊN TỬ	2360	O	VAL	380	-23,989	2,262	-11,164	1,00	41,19	B	O
NGUYÊN TỬ	2361	N	SER	381	-24,143	3,085	-9,078	1,00	40,08	B	N
NGUYÊN TỬ	2362	CA	SER	381	-25,440	2,485	-8,795	1,00	40,60	B	C
NGUYÊN TỬ	2363	CB	SER	381	-25,420	1,908	-7,377	1,00	42,23	B	C
NGUYÊN TỬ	2364	OG	SER	381	-26,290	0,800	-7,255	1,00	50,37	B	O
NGUYÊN TỬ	2365	C	SER	381	-26,535	3,555	-8,916	1,00	38,85	B	C
NGUYÊN TỬ	2366	O	SER	381	-26,363	4,673	-8,436	1,00	37,49	B	O
NGUYÊN TỬ	2367	N	GLN	382	-27,652	3,218	-9,556	1,00	38,13	B	N
NGUYÊN TỬ	2368	CA	GLN	382	-28,749	4,177	-9,728	1,00	38,91	B	C
NGUYÊN TỬ	2369	CB	GLN	382	-28,698	4,803	-11,135	1,00	40,19	B	C
NGUYÊN TỬ	2370	CG	GLN	382	-27,519	5,759	-11,344	1,00	43,50	B	C
NGUYÊN TỬ	2371	CD	GLN	382	-27,521	6,441	-12,706	1,00	46,54	B	C
NGUYÊN TỬ	2372	OE1	GLN	382	-26,583	7,166	-13,047	1,00	48,47	B	O
NGUYÊN TỬ	2373	NE2	GLN	382	-28,573	6,214	-13,491	1,00	46,84	B	N
NGUYÊN TỬ	2374	C	GLN	382	-30,110	3,525	-9,492	1,00	37,66	B	C
NGUYÊN TỬ	2375	O	GLN	382	-30,231	2,301	-9,541	1,00	36,85	B	O
NGUYÊN TỬ	2376	N	SER	383	-31,129	4,345	-9,232	1,00	36,81	B	N
NGUYÊN TỬ	2377	CA	SER	383	-32,485	3,844	-8,985	1,00	35,64	B	C
NGUYÊN TỬ	2378	CB	SER	383	-32,823	3,934	-7,496	1,00	33,25	B	C
NGUYÊN TỬ	2379	OG	SER	383	-31,868	3,238	-6,722	1,00	36,82	B	O
NGUYÊN TỬ	2380	C	SER	383	-33,545	4,608	-9,776	1,00	34,96	B	C
NGUYÊN TỬ	2381	O	SER	383	-33,435	5,824	-9,952	1,00	36,04	B	O
NGUYÊN TỬ	2382	N	GLY	384	-34,574	3,890	-10,227	1,00	32,10	B	N
NGUYÊN TỬ	2383	CA	GLY	384	-35,681	4,510	-10,940	1,00	31,63	B	C
NGUYÊN TỬ	2384	C	GLY	384	-36,335	3,539	-11,913	1,00	31,40	B	C
NGUYÊN TỬ	2385	O	GLY	384	-35,765	2,487	-12,214	1,00	30,25	B	O
NGUYÊN TỬ	2386	N	THR	385	-37,523	3,868	-12,414	1,00	28,45	B	N
NGUYÊN TỬ	2387	CA	THR	385	-38,168	2,968	-13,363	1,00	30,65	B	C
NGUYÊN TỬ	2388	CB	THR	385	-39,672	3,309	-13,567	1,00	29,80	B	C
NGUYÊN TỬ	2389	OG1	THR	385	-39,818	4,667	-13,991	1,00	29,28	B	O
NGUYÊN TỬ	2390	CG2	THR	385	-40,441	3,099	-12,277	1,00	28,97	B	C
NGUYÊN TỬ	2391	C	THR	385	-37,457	2,947	-14,726	1,00	31,82	B	C
NGUYÊN TỬ	2392	O	THR	385	-37,699	2,057	-15,537	1,00	32,77	B	O
NGUYÊN TỬ	2393	N	SER	386	-36,571	3,911	-14,974	1,00	31,74	B	N
NGUYÊN TỬ	2394	CA	SER	386	-35,708	3,850	-16,157	1,00	33,93	B	C
NGUYÊN TỬ	2395	CB	SER	386	-34,783	5,069	-16,234	1,00	33,38	B	C
NGUYÊN TỬ	2396	OG	SER	386	-35,443	6,164	-16,832	1,00	36,51	B	O
NGUYÊN TỬ	2397	C	SER	386	-34,850	2,591	-16,139	1,00	34,63	B	C
NGUYÊN TỬ	2398	O	SER	386	-34,772	1,872	-17,141	1,00	34,01	B	O
NGUYÊN TỬ	2399	N	GLN	387	-34,208	2,333	-14,999	1,00	33,67	B	N
NGUYÊN TỬ	2400	CA	GLN	387	-33,372	1,145	-14,838	1,00	33,04	B	C
NGUYÊN TỬ	2401	CB	GLN	387	-32,711	1,129	-13,457	1,00	34,28	B	C
NGUYÊN TỬ	2402	CG	GLN	387	-31,445	1,968	-13,356	1,00	37,41	B	C
NGUYÊN TỬ	2403	CD	GLN	387	-31,704	3,443	-13,583	1,00	40,32	B	C
NGUYÊN TỬ	2404	OE1	GLN	387	-30,868	4,154	-14,147	1,00	40,63	B	O
NGUYÊN TỬ	2405	NE2	GLN	387	-32,869	3,912	-13,148	1,00	39,93	B	N
NGUYÊN TỬ	2406	C	GLN	387	-34,190	-0,126	-15,022	1,00	33,03	B	C
NGUYÊN TỬ	2407	O	GLN	387	-33,733	-1,074	-15,660	1,00	34,05	B	O
NGUYÊN TỬ	2408	N	ALA	388	-35,401	-0,144	-14,477	1,00	31,18	B	N
NGUYÊN TỬ	2409	CA	ALA	388	-36,252	-1,320	-14,606	1,00	31,67	B	C
NGUYÊN TỬ	2410	CB	ALA	388	-37,524	-1,156	-13,771	1,00	28,74	B	C
NGUYÊN TỬ	2411	C	ALA	388	-36,607	-1,551	-16,073	1,00	32,05	B	C
NGUYÊN TỬ	2412	O	ALA	388	-36,515	-2,678	-16,565	1,00	31,61	B	O
NGUYÊN TỬ	2413	N	ALA	389	-37,004	-0,490	-16,775	1,00	31,17	B	N
NGUYÊN TỬ	2414	CA	ALA	389	-37,349	-0,628	-18,190	1,00	32,08	B	C
NGUYÊN TỬ	2415	CB	ALA	389	-37,793	0,711	-18,771	1,00	30,72	B	C
NGUYÊN TỬ	2416	C	ALA	389	-36,150	-1,164	-18,974	1,00	32,23	B	C
NGUYÊN TỬ	2417	O	ALA	389	-36,309	-1,978	-19,880	1,00	31,54	B	O
NGUYÊN TỬ	2418	N	ALA	390	-34,954	-0,708	-18,611	1,00	32,68	B	N
NGUYÊN TỬ	2419	CA	ALA	390	-33,736	-1,155	-19,274	1,00	34,67	B	C
NGUYÊN TỬ	2420	CB	ALA	390	-32,518	-0,409	-18,713	1,00	31,96	B	C
NGUYÊN TỬ	2421	C	ALA	390	-33,546	-2,663	-19,113	1,00	35,82	B	C
NGUYÊN TỬ	2422	O	ALA	390	-33,020	-3,320	-20,009	1,00	37,57	B	O
NGUYÊN TỬ	2423	N	HIS	391	-33,975	-3,211	-17,980	1,00	35,70	B	N
NGUYÊN TỬ	2424	CA	HIS	391	-33,864	-4,649	-17,754	1,00	36,87	B	C
NGUYÊN TỬ	2425	CB	HIS	391	-34,258	-5,010	-16,317	1,00	37,29	B	C
NGUYÊN TỬ	2426	CG	HIS	391	-33,151	-4,835	-15,331	1,00	40,99	B	C
NGUYÊN TỬ	2427	CD2	HIS	391	-32,270	-5,724	-14,813	1,00	42,03	B	C
NGUYÊN TỬ	2428	ND1	HIS	391	-32,831	-3,611	-14,781	1,00	42,60	B	N
NGUYÊN TỬ	2429	CE1	HIS	391	-31,798	-3,754	-13,968	1,00	43,92	B	C
NGUYÊN TỬ	2430	NE2	HIS	391	-31,439	-5,026	-13,970	1,00	43,61	B	N

NGUYÊN TỬ	2431	C	HIS	391	-34,754	-5,411	-18,717	1,00	35,90	B	C
NGUYÊN TỬ	2432	O	HIS	391	-34,342	-6,416	-19,292	1,00	36,51	B	O
NGUYÊN TỬ	2433	N	VAL	392	-35,981	-4,935	-18,886	1,00	34,43	B	N
NGUYÊN TỬ	2434	CA	VAL	392	-36,923	-5,612	-19,755	1,00	33,29	B	C
NGUYÊN TỬ	2435	CB	VAL	392	-38,351	-5,076	-19,546	1,00	32,77	B	C
NGUYÊN TỬ	2436	CG1	VAL	392	-39,298	-5,720	-20,546	1,00	27,80	B	C
NGUYÊN TỬ	2437	CG2	VAL	392	-38,811	-5,369	-18,108	1,00	29,54	B	C
NGUYÊN TỬ	2438	C	VAL	392	-36,527	-5,460	-21,221	1,00	35,56	B	C
NGUYÊN TỬ	2439	O	VAL	392	-36,869	-6,308	-22,043	1,00	35,03	B	O
NGUYÊN TỬ	2440	N	ALA	393	-35,799	-4,392	-21,549	1,00	34,87	B	N
NGUYÊN TỬ	2441	CA	ALA	393	-35,324	-4,205	-22,918	1,00	36,30	B	C
NGUYÊN TỬ	2442	CB	ALA	393	-34,815	-2,771	-23,126	1,00	33,77	B	C
NGUYÊN TỬ	2443	C	ALA	393	-34,207	-5,200	-23,204	1,00	36,76	B	C
NGUYÊN TỬ	2444	O	ALA	393	-34,095	-5,712	-24,316	1,00	36,97	B	O
NGUYÊN TỬ	2445	N	GLY	394	-33,387	-5,467	-22,191	1,00	37,87	B	N
NGUYÊN TỬ	2446	CA	GLY	394	-32,357	-6,481	-22,312	1,00	39,01	B	C
NGUYÊN TỬ	2447	C	GLY	394	-32,949	-7,871	-22,474	1,00	40,10	B	C
NGUYÊN TỬ	2448	O	GLY	394	-32,509	-8,648	-23,324	1,00	39,59	B	O
NGUYÊN TỬ	2449	N	ILE	395	-33,956	-8,181	-21,664	1,00	39,13	B	N
NGUYÊN TỬ	2450	CA	ILE	395	-34,650	-9,455	-21,757	1,00	39,13	B	C
NGUYÊN TỬ	2451	CB	ILE	395	-35,748	-9,560	-20,674	1,00	38,01	B	C
NGUYÊN TỬ	2452	CG2	ILE	395	-36,645	-10,753	-20,945	1,00	36,45	B	C
NGUYÊN TỬ	2453	CG1	ILE	395	-35,098	-9,659	-19,294	1,00	36,97	B	C
NGUYÊN TỬ	2454	CD1	ILE	395	-36,095	-9,694	-18,144	1,00	37,21	B	C
NGUYÊN TỬ	2455	C	ILE	395	-35,273	-9,623	-23,138	1,00	40,54	B	C
NGUYÊN TỬ	2456	O	ILE	395	-35,123	-10,667	-23,769	1,00	41,76	B	O
NGUYÊN TỬ	2457	N	ALA	396	-35,961	-8,591	-23,615	1,00	40,97	B	N
NGUYÊN TỬ	2458	CA	ALA	396	-36,552	-8,636	-24,946	1,00	41,51	B	C
NGUYÊN TỬ	2459	CB	ALA	396	-37,257	-7,324	-25,256	1,00	40,19	B	C
NGUYÊN TỬ	2460	C	ALA	396	-35,480	-8,907	-25,994	1,00	43,15	B	C
NGUYÊN TỬ	2461	O	ALA	396	-35,696	-9,683	-26,925	1,00	42,21	B	O
NGUYÊN TỬ	2462	N	ALA	397	-34,323	-8,265	-25,838	1,00	43,28	B	N
NGUYÊN TỬ	2463	CA	ALA	397	-33,256	-8,384	-26,824	1,00	44,93	B	C
NGUYÊN TỬ	2464	CB	ALA	397	-32,144	-7,388	-26,517	1,00	41,15	B	C
NGUYÊN TỬ	2465	C	ALA	397	-32,691	-9,805	-26,871	1,00	46,63	B	C
NGUYÊN TỬ	2466	O	ALA	397	-32,350	-10,308	-27,941	1,00	46,80	B	O
NGUYÊN TỬ	2467	N	MET	398	-32,594	-10,450	-25,714	1,00	48,13	B	N
NGUYÊN TỬ	2468	CA	MET	398	-32,121	-11,827	-25,656	1,00	50,03	B	C
NGUYÊN TỬ	2469	CB	MET	398	-31,804	-12,228	-24,218	1,00	52,81	B	C
NGUYÊN TỬ	2470	CG	MET	398	-30,565	-11,560	-23,665	1,00	57,71	B	C
NGUYÊN TỬ	2471	SD	MET	398	-29,966	-12,387	-22,193	1,00	67,28	B	S
NGUYÊN TỬ	2472	CE	MET	398	-28,585	-13,313	-22,886	1,00	65,86	B	C
NGUYÊN TỬ	2473	C	MET	398	-33,148	-12,788	-26,231	1,00	49,80	B	C
NGUYÊN TỬ	2474	O	MET	398	-32,789	-13,787	-26,851	1,00	50,58	B	O
NGUYÊN TỬ	2475	N	MET	399	-34,425	-12,485	-26,028	1,00	47,98	B	N
NGUYÊN TỬ	2476	CA	MET	399	-35,484	-13,327	-26,562	1,00	47,27	B	C
NGUYÊN TỬ	2477	CB	MET	399	-36,840	-12,911	-25,990	1,00	45,22	B	C
NGUYÊN TỬ	2478	CG	MET	399	-37,017	-13,255	-24,527	1,00	45,38	B	C
NGUYÊN TỬ	2479	SD	MET	399	-38,534	-12,577	-23,818	1,00	48,51	B	S
NGUYÊN TỬ	2480	CE	MET	399	-39,806	-13,462	-24,743	1,00	46,63	B	C
NGUYÊN TỬ	2481	C	MET	399	-35,530	-13,262	-28,081	1,00	47,45	B	C
NGUYÊN TỬ	2482	O	MET	399	-35,728	-14,277	-28,746	1,00	49,42	B	O
NGUYÊN TỬ	2483	N	LEU	400	-35,351	-12,069	-28,632	1,00	47,24	B	N
NGUYÊN TỬ	2484	CA	LEU	400	-35,459	-11,880	-30,073	1,00	47,13	B	C
NGUYÊN TỬ	2485	CB	LEU	400	-35,760	-10,413	-30,387	1,00	44,02	B	C
NGUYÊN TỬ	2486	CG	LEU	400	-37,187	-10,011	-30,011	1,00	44,58	B	C
NGUYÊN TỬ	2487	CD1	LEU	400	-37,354	-8,501	-30,076	1,00	43,41	B	C
NGUYÊN TỬ	2488	CD2	LEU	400	-38,164	-10,711	-30,952	1,00	42,10	B	C
NGUYÊN TỬ	2489	C	LEU	400	-34,183	-12,319	-30,775	1,00	48,10	B	C
NGUYÊN TỬ	2490	O	LEU	400	-34,180	-12,610	-31,971	1,00	47,33	B	O
NGUYÊN TỬ	2491	N	SER	401	-33,094	-12,366	-30,023	1,00	50,32	B	N
NGUYÊN TỬ	2492	CA	SER	401	-31,834	-12,838	-30,567	1,00	53,70	B	C
NGUYÊN TỬ	2493	CB	SER	401	-30,697	-12,527	-29,594	1,00	54,32	B	C
NGUYÊN TỬ	2494	OG	SER	401	-29,444	-12,848	-30,170	1,00	57,99	B	O
NGUYÊN TỬ	2495	C	SER	401	-31,918	-14,344	-30,813	1,00	54,86	B	C
NGUYÊN TỬ	2496	O	SER	401	-31,319	-14,864	-31,754	1,00	54,93	B	O
NGUYÊN TỬ	2497	N	ALA	402	-32,675	-15,036	-29,968	1,00	55,61	B	N
NGUYÊN TỬ	2498	CA	ALA	402	-32,846	-16,477	-30,100	1,00	57,04	B	C
NGUYÊN TỬ	2499	CB	ALA	402	-33,043	-17,113	-28,726	1,00	55,75	B	C
NGUYÊN TỬ	2500	C	ALA	402	-34,024	-16,815	-31,006	1,00	58,15	B	C
NGUYÊN TỬ	2501	O	ALA	402	-34,006	-17,836	-31,688	1,00	60,14	B	O
NGUYÊN TỬ	2502	N	GLU	403	-35,045	-15,964	-31,011	1,00	58,70	B	N
NGUYÊN TỬ	2503	CA	GLU	403	-36,194	-16,160	-31,889	1,00	59,99	B	C
NGUYÊN TỬ	2504	CB	GLU	403	-37,413	-16,601	-31,081	1,00	62,05	B	C
NGUYÊN TỬ	2505	CG	GLU	403	-37,226	-17,901	-30,323	1,00	66,30	B	C
NGUYÊN TỬ	2506	CD	GLU	403	-38,523	-18,402	-29,719	1,00	69,10	B	C

NGUYÊN TỬ	2507	OE1	GLU	403	-38,640	-18,412	-28,474	1,00	70,24	B	O
NGUYÊN TỬ	2508	OE2	GLU	403	-39,429	-18,781	-30,494	1,00	71,43	B	O
NGUYÊN TỬ	2509	C	GLU	403	-36,539	-14,887	-32,654	1,00	60,03	B	C
NGUYÊN TỬ	2510	O	GLU	403	-37,484	-14,178	-32,304	1,00	59,11	B	O
NGUYÊN TỬ	2511	N	PRO	404	-35,783	-14,594	-33,723	1,00	60,25	B	N
NGUYÊN TỬ	2512	CD	PRO	404	-34,707	-15,459	-34,235	1,00	60,12	B	C
NGUYÊN TỬ	2513	CA	PRO	404	-35,905	-13,356	-34,502	1,00	60,18	B	C
NGUYÊN TỬ	2514	CB	PRO	404	-34,887	-13,536	-35,629	1,00	59,91	B	C
NGUYÊN TỬ	2515	CG	PRO	404	-33,905	-14,525	-35,090	1,00	60,66	B	C
NGUYÊN TỬ	2516	C	PRO	404	-37,311	-13,140	-35,044	1,00	60,30	B	C
NGUYÊN TỬ	2517	O	PRO	404	-37,687	-12,021	-35,397	1,00	60,57	B	O
NGUYÊN TỬ	2518	N	GLU	405	-38,085	-14,215	-35,106	1,00	60,27	B	N
NGUYÊN TỬ	2519	CA	GLU	405	-39,386	-14,164	-35,752	1,00	61,10	B	C
NGUYÊN TỬ	2520	CB	GLU	405	-39,648	-15,476	-36,500	1,00	65,84	B	C
NGUYÊN TỬ	2521	CG	GLU	405	-40,630	-15,348	-37,662	1,00	73,21	B	C
NGUYÊN TỬ	2522	CD	GLU	405	-40,025	-14,645	-38,874	1,00	77,69	B	C
NGUYÊN TỬ	2523	OE1	GLU	405	-39,331	-13,618	-38,689	1,00	79,87	B	O
NGUYÊN TỬ	2524	OE2	GLU	405	-40,244	-15,121	-40,012	1,00	79,14	B	O
NGUYÊN TỬ	2525	C	GLU	405	-40,511	-13,892	-34,754	1,00	58,30	B	C
NGUYÊN TỬ	2526	O	GLU	405	-41,654	-13,658	-35,149	1,00	57,76	B	O
NGUYÊN TỬ	2527	N	LEU	406	-40,184	-13,922	-33,463	1,00	55,23	B	N
NGUYÊN TỬ	2528	CA	LEU	406	-41,152	-13,604	-32,414	1,00	52,90	B	C
NGUYÊN TỬ	2529	CB	LEU	406	-40,458	-13,511	-31,057	1,00	53,28	B	C
NGUYÊN TỬ	2530	CG	LEU	406	-40,619	-14,650	-30,053	1,00	53,34	B	C
NGUYÊN TỬ	2531	CD1	LEU	406	-39,995	-14,228	-28,738	1,00	53,19	B	C
NGUYÊN TỬ	2532	CD2	LEU	406	-42,085	-14,973	-29,858	1,00	52,98	B	C
NGUYÊN TỬ	2533	C	LEU	406	-41,835	-12,275	-32,696	1,00	51,51	B	C
NGUYÊN TỬ	2534	O	LEU	406	-41,177	-11,300	-33,058	1,00	52,21	B	O
NGUYÊN TỬ	2535	N	THR	407	-43,152	-12,233	-32,521	1,00	49,89	B	N
NGUYÊN TỬ	2536	CA	THR	407	-43,900	-10,987	-32,661	1,00	48,26	B	C
NGUYÊN TỬ	2537	CB	THR	407	-45,320	-11,235	-33,201	1,00	48,96	B	C
NGUYÊN TỬ	2538	OG1	THR	407	-46,078	-11,974	-32,234	1,00	49,44	B	O
NGUYÊN TỬ	2539	CG2	THR	407	-45,264	-12,023	-34,499	1,00	49,09	B	C
NGUYÊN TỬ	2540	C	THR	407	-44,029	-10,299	-31,306	1,00	47,33	B	C
NGUYÊN TỬ	2541	O	THR	407	-43,786	-10,911	-30,263	1,00	47,26	B	O
NGUYÊN TỬ	2542	N	LEU	408	-44,424	-9,029	-31,328	1,00	45,56	B	N
NGUYÊN TỬ	2543	CA	LEU	408	-44,622	-8,271	-30,100	1,00	43,80	B	C
NGUYÊN TỬ	2544	CB	LEU	408	-45,075	-6,843	-30,426	1,00	42,62	B	C
NGUYÊN TỬ	2545	CG	LEU	408	-45,567	-5,998	-29,245	1,00	41,47	B	C
NGUYÊN TỬ	2546	CD1	LEU	408	-44,511	-5,948	-28,163	1,00	40,64	B	C
NGUYÊN TỬ	2547	CD2	LEU	408	-45,904	-4,605	-29,731	1,00	42,36	B	C
NGUYÊN TỬ	2548	C	LEU	408	-45,651	-8,948	-29,197	1,00	43,17	B	C
NGUYÊN TỬ	2549	O	LEU	408	-45,408	-9,139	-28,007	1,00	42,28	B	O
NGUYÊN TỬ	2550	N	ALA	409	-46,791	-9,322	-29,771	1,00	43,40	B	N
NGUYÊN TỬ	2551	CA	ALA	409	-47,849	-9,978	-29,007	1,00	44,35	B	C
NGUYÊN TỬ	2552	CB	ALA	409	-49,023	-10,307	-29,922	1,00	44,12	B	C
NGUYÊN TỬ	2553	C	ALA	409	-47,339	-11,251	-28,322	1,00	44,96	B	C
NGUYÊN TỬ	2554	O	ALA	409	-47,599	-11,475	-27,137	1,00	43,20	B	O
NGUYÊN TỬ	2555	N	GLU	410	-46,602	-12,074	-29,066	1,00	44,33	B	N
NGUYÊN TỬ	2556	CA	GLU	410	-46,036	-13,294	-28,506	1,00	46,70	B	C
NGUYÊN TỬ	2557	CB	GLU	410	-45,371	-14,130	-29,608	1,00	50,37	B	C
NGUYÊN TỬ	2558	CG	GLU	410	-46,344	-14,648	-30,661	1,00	57,24	B	C
NGUYÊN TỬ	2559	CD	GLU	410	-45,650	-15,186	-31,909	1,00	61,50	B	C
NGUYÊN TỬ	2560	OE1	GLU	410	-46,351	-15,766	-32,769	1,00	65,56	B	O
NGUYÊN TỬ	2561	OE2	GLU	410	-44,413	-15,031	-32,035	1,00	61,64	B	O
NGUYÊN TỬ	2562	C	GLU	410	-45,015	-12,977	-27,419	1,00	44,90	B	C
NGUYÊN TỬ	2563	O	GLU	410	-44,977	-13,631	-26,374	1,00	44,41	B	O
NGUYÊN TỬ	2564	N	LEU	411	-44,186	-11,971	-27,662	1,00	43,46	B	N
NGUYÊN TỬ	2565	CA	LEU	411	-43,159	-11,610	-26,700	1,00	41,39	B	C
NGUYÊN TỬ	2566	CB	LEU	411	-42,219	-10,568	-27,303	1,00	41,35	B	C
NGUYÊN TỬ	2567	CG	LEU	411	-41,034	-10,165	-26,428	1,00	41,21	B	C
NGUYÊN TỬ	2568	CD1	LEU	411	-39,814	-9,918	-27,296	1,00	42,34	B	C
NGUYÊN TỬ	2569	CD2	LEU	411	-41,398	-8,924	-25,626	1,00	43,75	B	C
NGUYÊN TỬ	2570	C	LEU	411	-43,780	-11,082	-25,408	1,00	40,36	B	C
NGUYÊN TỬ	2571	O	LEU	411	-43,311	-11,404	-24,313	1,00	39,22	B	O
NGUYÊN TỬ	2572	N	ARG	412	-44,839	-10,284	-25,531	1,00	38,70	B	N
NGUYÊN TỬ	2573	CA	ARG	412	-45,516	-9,746	-24,353	1,00	39,79	B	C
NGUYÊN TỬ	2574	CB	ARG	412	-46,621	-8,759	-24,763	1,00	39,43	B	C
NGUYÊN TỬ	2575	CG	ARG	412	-47,375	-8,151	-23,573	1,00	40,81	B	C
NGUYÊN TỬ	2576	CD	ARG	412	-48,584	-7,329	-24,013	1,00	42,83	B	C
NGUYÊN TỬ	2577	NE	ARG	412	-48,208	-6,224	-24,891	1,00	46,65	B	N
NGUYÊN TỬ	2578	CZ	ARG	412	-48,520	-6,140	-26,181	1,00	49,92	B	C
NGUYÊN TỬ	2579	NH1	ARG	412	-48,126	-5,090	-26,891	1,00	51,57	B	N
NGUYÊN TỬ	2580	NH2	ARG	412	-49,230	-7,099	-26,766	1,00	50,17	B	N
NGUYÊN TỬ	2581	C	ARG	412	-46,120	-10,868	-23,501	1,00	40,47	B	C
NGUYÊN TỬ	2582	O	ARG	412	-45,977	-10,870	-22,271	1,00	39,56	B	O

NGUYÊN TỬ	2583	N	GLN	413	-46,791	-11,817	-24,156	1,00	40,04	B	N
NGUYÊN TỬ	2584	CA	GLN	413	-47,414	-12,944	-23,456	1,00	38,98	B	C
NGUYÊN TỬ	2585	CB	GLN	413	-48,226	-13,807	-24,432	1,00	37,49	B	C
NGUYÊN TỬ	2586	CG	GLN	413	-49,486	-13,134	-24,982	1,00	35,37	B	C
NGUYÊN TỬ	2587	CD	GLN	413	-50,730	-13,433	-24,154	1,00	38,44	B	C
NGUYÊN TỬ	2588	OE1	GLN	413	-50,652	-14,037	-23,079	1,00	37,99	B	O
NGUYÊN TỬ	2589	NE2	GLN	413	-51,888	-13,012	-24,655	1,00	38,63	B	N
NGUYÊN TỬ	2590	C	GLN	413	-46,362	-13,804	-22,765	1,00	38,99	B	C
NGUYÊN TỬ	2591	O	GLN	413	-46,598	-14,322	-21,676	1,00	39,28	B	O
NGUYÊN TỬ	2592	N	ARG	414	-45,197	-13,943	-23,387	1,00	40,24	B	N
NGUYÊN TỬ	2593	CA	ARG	414	-44,119	-14,719	-22,787	1,00	43,34	B	C
NGUYÊN TỬ	2594	CB	ARG	414	-43,034	-15,020	-23,825	1,00	46,55	B	C
NGUYÊN TỬ	2595	CG	ARG	414	-43,365	-16,199	-24,712	1,00	52,72	B	C
NGUYÊN TỬ	2596	CD	ARG	414	-42,260	-16,497	-25,713	1,00	58,62	B	C
NGUYÊN TỬ	2597	NE	ARG	414	-42,618	-17,605	-26,599	1,00	65,06	B	N
NGUYÊN TỬ	2598	CZ	ARG	414	-43,771	-17,696	-27,262	1,00	68,06	B	C
NGUYÊN TỬ	2599	NH1	ARG	414	-44,692	-16,745	-27,146	1,00	68,20	B	N
NGUYÊN TỬ	2600	NH2	ARG	414	-44,005	-18,741	-28,049	1,00	69,29	B	N
NGUYÊN TỬ	2601	C	ARG	414	-43,502	-14,018	-21,583	1,00	44,39	B	C
NGUYÊN TỬ	2602	O	ARG	414	-43,229	-14,654	-20,564	1,00	44,57	B	O
NGUYÊN TỬ	2603	N	LEU	415	-43,283	-12,710	-21,693	1,00	44,56	B	N
NGUYÊN TỬ	2604	CA	LEU	415	-42,792	-11,938	-20,555	1,00	45,03	B	C
NGUYÊN TỬ	2605	CB	LEU	415	-42,684	-10,453	-20,906	1,00	46,00	B	C
NGUYÊN TỬ	2606	CG	LEU	415	-41,424	-10,032	-21,661	1,00	46,93	B	C
NGUYÊN TỬ	2607	CD1	LEU	415	-41,516	-8,555	-22,037	1,00	46,93	B	C
NGUYÊN TỬ	2608	CD2	LEU	415	-40,210	-10,296	-20,789	1,00	44,97	B	C
NGUYÊN TỬ	2609	C	LEU	415	-43,726	-12,103	-19,368	1,00	44,14	B	C
NGUYÊN TỬ	2610	O	LEU	415	-43,279	-12,333	-18,247	1,00	43,74	B	O
NGUYÊN TỬ	2611	N	ILE	416	-45,026	-11,988	-19,620	1,00	43,81	B	N
NGUYÊN TỬ	2612	CA	ILE	416	-46,013	-12,126	-18,556	1,00	44,62	B	C
NGUYÊN TỬ	2613	CB	ILE	416	-47,445	-11,843	-19,063	1,00	43,70	B	C
NGUYÊN TỬ	2614	CG2	ILE	416	-48,453	-12,190	-17,978	1,00	41,87	B	C
NGUYÊN TỬ	2615	CG1	ILE	416	-47,576	-10,375	-19,475	1,00	43,04	B	C
NGUYÊN TỬ	2616	CD1	ILE	416	-48,959	-9,995	-19,974	1,00	40,89	B	C
NGUYÊN TỬ	2617	C	ILE	416	-45,985	-13,534	-17,982	1,00	46,84	B	C
NGUYÊN TỬ	2618	O	ILE	416	-46,015	-13,719	-16,765	1,00	47,38	B	O
NGUYÊN TỬ	2619	N	HIS	417	-45,920	-14,526	-18,865	1,00	48,11	B	N
NGUYÊN TỬ	2620	CA	HIS	417	-46,011	-15,916	-18,452	1,00	48,47	B	C
NGUYÊN TỬ	2621	CB	HIS	417	-46,122	-16,829	-19,675	1,00	50,72	B	C
NGUYÊN TỬ	2622	CG	HIS	417	-46,218	-18,280	-19,327	1,00	52,76	B	C
NGUYÊN TỬ	2623	CD2	HIS	417	-45,281	-19,259	-19,319	1,00	52,85	B	C
NGUYÊN TỬ	2624	ND1	HIS	417	-47,385	-18,862	-18,879	1,00	54,15	B	N
NGUYÊN TỬ	2625	CE1	HIS	417	-47,162	-20,135	-18,607	1,00	54,24	B	C
NGUYÊN TỬ	2626	NE2	HIS	417	-45,894	-20,401	-18,865	1,00	53,33	B	N
NGUYÊN TỬ	2627	C	HIS	417	-44,836	-16,367	-17,593	1,00	48,85	B	C
NGUYÊN TỬ	2628	O	HIS	417	-45,018	-17,142	-16,654	1,00	49,47	B	O
NGUYÊN TỬ	2629	N	PHE	418	-43,638	-15,885	-17,906	1,00	48,81	B	N
NGUYÊN TỬ	2630	CA	PHE	418	-42,432	-16,358	-17,229	1,00	50,61	B	C
NGUYÊN TỬ	2631	CB	PHE	418	-41,310	-16,566	-18,247	1,00	53,20	B	C
NGUYÊN TỬ	2632	CG	PHE	418	-41,549	-17,719	-19,181	1,00	56,54	B	C
NGUYÊN TỬ	2633	CD1	PHE	418	-42,039	-17,505	-20,460	1,00	56,42	B	C
NGUYÊN TỬ	2634	CD2	PHE	418	-41,291	-19,021	-18,775	1,00	58,19	B	C
NGUYÊN TỬ	2635	CE1	PHE	418	-42,269	-18,565	-21,320	1,00	57,36	B	C
NGUYÊN TỬ	2636	CE2	PHE	418	-41,519	-20,089	-19,632	1,00	58,59	B	C
NGUYÊN TỬ	2637	CZ	PHE	418	-42,009	-19,859	-20,906	1,00	57,63	B	C
NGUYÊN TỬ	2638	C	PHE	418	-41,931	-15,465	-16,089	1,00	50,45	B	C
NGUYÊN TỬ	2639	O	PHE	418	-40,865	-15,715	-15,523	1,00	50,20	B	O
NGUYÊN TỬ	2640	N	SER	419	-42,694	-14,431	-15,751	1,00	49,81	B	N
NGUYÊN TỬ	2641	CA	SER	419	-42,356	-13,573	-14,615	1,00	49,94	B	C
NGUYÊN TỬ	2642	CB	SER	419	-43,176	-12,285	-14,664	1,00	50,42	B	C
NGUYÊN TỬ	2643	OG	SER	419	-42,857	-11,527	-15,811	1,00	53,88	B	O
NGUYÊN TỬ	2644	C	SER	419	-42,638	-14,284	-13,299	1,00	48,56	B	C
NGUYÊN TỬ	2645	O	SER	419	-43,483	-15,173	-13,238	1,00	49,17	B	O
NGUYÊN TỬ	2646	N	ALA	420	-41,941	-13,884	-12,242	1,00	47,18	B	N
NGUYÊN TỬ	2647	CA	ALA	420	-42,274	-14,368	-10,909	1,00	47,78	B	C
NGUYÊN TỬ	2648	CB	ALA	420	-41,183	-13,978	-9,926	1,00	45,27	B	C
NGUYÊN TỬ	2649	C	ALA	420	-43,615	-13,777	-10,475	1,00	48,76	B	C
NGUYÊN TỬ	2650	O	ALA	420	-43,809	-12,565	-10,530	1,00	50,00	B	O
NGUYÊN TỬ	2651	N	LYS	421	-44,536	-14,639	-10,054	1,00	48,99	B	N
NGUYÊN TỬ	2652	CA	LYS	421	-45,865	-14,210	-9,635	1,00	50,27	B	C
NGUYÊN TỬ	2653	CB	LYS	421	-46,913	-15,265	-10,019	1,00	52,20	B	C
NGUYÊN TỬ	2654	CG	LYS	421	-47,365	-15,245	-11,477	1,00	53,70	B	C
NGUYÊN TỬ	2655	CD	LYS	421	-46,221	-15,548	-12,432	1,00	58,05	B	C
NGUYÊN TỬ	2656	CE	LYS	421	-46,722	-16,031	-13,797	1,00	59,76	B	C
NGUYÊN TỬ	2657	NZ	LYS	421	-47,727	-15,111	-14,413	1,00	60,22	B	N
NGUYÊN TỬ	2658	C	LYS	421	-45,935	-13,964	-8,125	1,00	51,72	B	C

NGUYÊN TỬ	2659	O	LYS	421	-45,293	-14,664	-7,340	1,00	51,06	B	O
NGUYÊN TỬ	2660	N	ASP	422	-46,711	-12,959	-7,731	1,00	51,17	B	N
NGUYÊN TỬ	2661	CA	ASP	422	-47,116	-12,783	-6,343	1,00	52,74	B	C
NGUYÊN TỬ	2662	CB	ASP	422	-47,980	-13,967	-5,899	1,00	55,89	B	C
NGUYÊN TỬ	2663	CG	ASP	422	-49,341	-13,978	-6,571	1,00	60,38	B	C
NGUYÊN TỬ	2664	OD1	ASP	422	-50,008	-12,919	-6,588	1,00	62,29	B	O
NGUYÊN TỬ	2665	OD2	ASP	422	-49,744	-15,045	-7,085	1,00	63,14	B	O
NGUYÊN TỬ	2666	C	ASP	422	-45,987	-12,586	-5,339	1,00	51,77	B	C
NGUYÊN TỬ	2667	O	ASP	422	-46,155	-12,874	-4,157	1,00	51,33	B	O
NGUYÊN TỬ	2668	N	VAL	423	-44,843	-12,091	-5,791	1,00	51,65	B	N
NGUYÊN TỬ	2669	CA	VAL	423	-43,753	-11,799	-4,867	1,00	50,55	B	C
NGUYÊN TỬ	2670	CB	VAL	423	-42,385	-11,905	-5,564	1,00	52,04	B	C
NGUYÊN TỬ	2671	CG1	VAL	423	-42,114	-13,351	-5,942	1,00	51,21	B	C
NGUYÊN TỬ	2672	CG2	VAL	423	-42,361	-11,022	-6,803	1,00	51,94	B	C
NGUYÊN TỬ	2673	C	VAL	423	-43,878	-10,414	-4,238	1,00	50,83	B	C
NGUYÊN TỬ	2674	O	VAL	423	-43,196	-10,111	-3,260	1,00	50,92	B	O
NGUYÊN TỬ	2675	N	ILE	424	-44,756	-9,581	-4,797	1,00	49,90	B	N
NGUYÊN TỬ	2676	CA	ILE	424	-44,927	-8,203	-4,335	1,00	48,89	B	C
NGUYÊN TỬ	2677	CB	ILE	424	-45,264	-7,261	-5,511	1,00	47,42	B	C
NGUYÊN TỬ	2678	CG2	ILE	424	-45,468	-5,845	-5,006	1,00	46,42	B	C
NGUYÊN TỬ	2679	CG1	ILE	424	-44,148	-7,295	-6,551	1,00	46,55	B	C
NGUYÊN TỬ	2680	CD1	ILE	424	-44,528	-6,612	-7,846	1,00	44,25	B	C
NGUYÊN TỬ	2681	C	ILE	424	-46,059	-8,081	-3,316	1,00	49,43	B	C
NGUYÊN TỬ	2682	O	ILE	424	-47,160	-8,578	-3,544	1,00	49,10	B	O
NGUYÊN TỬ	2683	N	ASN	425	-45,802	-7,400	-2,205	1,00	51,29	B	N
NGUYÊN TỬ	2684	CA	ASN	425	-46,873	-7,103	-1,256	1,00	53,93	B	C
NGUYÊN TỬ	2685	CB	ASN	425	-46,306	-6,833	0,143	1,00	53,60	B	C
NGUYÊN TỬ	2686	CG	ASN	425	-47,398	-6,613	1,179	1,00	55,99	B	C
NGUYÊN TỬ	2687	OD1	ASN	425	-48,587	-6,600	0,856	1,00	56,43	B	O
NGUYÊN TỬ	2688	ND2	ASN	425	-46,997	-6,443	2,433	1,00	57,69	B	N
NGUYÊN TỬ	2689	C	ASN	425	-47,668	-5,889	-1,728	1,00	54,29	B	C
NGUYÊN TỬ	2690	O	ASN	425	-47,196	-4,754	-1,654	1,00	55,32	B	O
NGUYÊN TỬ	2691	N	GLU	426	-48,883	-6,134	-2,200	1,00	54,68	B	N
NGUYÊN TỬ	2692	CA	GLU	426	-49,667	-5,102	-2,863	1,00	56,26	B	C
NGUYÊN TỬ	2693	CB	GLU	426	-50,764	-5,753	-3,708	1,00	59,36	B	C
NGUYÊN TỬ	2694	CG	GLU	426	-51,692	-6,660	-2,922	1,00	65,60	B	C
NGUYÊN TỬ	2695	CD	GLU	426	-52,426	-7,656	-3,807	1,00	70,48	B	C
NGUYÊN TỬ	2696	OE1	GLU	426	-52,050	-7,798	-4,999	1,00	71,64	B	O
NGUYÊN TỬ	2697	OE2	GLU	426	-53,377	-8,298	-3,303	1,00	71,69	B	O
NGUYÊN TỬ	2698	C	GLU	426	-50,286	-4,088	-1,901	1,00	55,20	B	C
NGUYÊN TỬ	2699	O	GLU	426	-51,016	-3,191	-2,327	1,00	54,27	B	O
NGUYÊN TỬ	2700	N	ALA	427	-49,997	-4,227	-0,611	1,00	53,77	B	N
NGUYÊN TỬ	2701	CA	ALA	427	-50,452	-3,248	0,375	1,00	52,69	B	C
NGUYÊN TỬ	2702	CB	ALA	427	-50,142	-3,741	1,788	1,00	51,14	B	C
NGUYÊN TỬ	2703	C	ALA	427	-49,772	-1,900	0,125	1,00	51,48	B	C
NGUYÊN TỬ	2704	O	ALA	427	-50,293	-0,850	0,505	1,00	50,75	B	O
NGUYÊN TỬ	2705	N	TRP	428	-48,610	-1,939	-0,524	1,00	49,80	B	N
NGUYÊN TỬ	2706	CA	TRP	428	-47,888	-0,727	-0,896	1,00	49,29	B	C
NGUYÊN TỬ	2707	CB	TRP	428	-46,564	-1,105	-1,566	1,00	51,42	B	C
NGUYÊN TỬ	2708	CG	TRP	428	-45,580	0,034	-1,742	1,00	55,20	B	C
NGUYÊN TỬ	2709	CD2	TRP	428	-45,451	0,901	-2,883	1,00	55,07	B	C
NGUYÊN TỬ	2710	CE2	TRP	428	-44,347	1,749	-2,642	1,00	55,79	B	C
NGUYÊN TỬ	2711	CE3	TRP	428	-46,157	1,039	-4,085	1,00	54,96	B	C
NGUYÊN TỬ	2712	CD1	TRP	428	-44,580	0,393	-0,879	1,00	55,62	B	C
NGUYÊN TỬ	2713	NE1	TRP	428	-43,835	1,419	-1,414	1,00	55,96	B	N
NGUYÊN TỬ	2714	CZ2	TRP	428	-43,932	2,722	-3,561	1,00	54,75	B	C
NGUYÊN TỬ	2715	CZ3	TRP	428	-45,742	2,009	-5,000	1,00	53,56	B	C
NGUYÊN TỬ	2716	CH2	TRP	428	-44,640	2,834	-4,730	1,00	52,93	B	C
NGUYÊN TỬ	2717	C	TRP	428	-48,724	0,152	-1,838	1,00	48,43	B	C
NGUYÊN TỬ	2718	O	TRP	428	-48,662	1,383	-1,767	1,00	47,88	B	O
NGUYÊN TỬ	2719	N	PHE	429	-49,511	-0,478	-2,709	1,00	44,61	B	N
NGUYÊN TỬ	2720	CA	PHE	429	-50,352	0,262	-3,645	1,00	43,45	B	C
NGUYÊN TỬ	2721	CB	PHE	429	-50,741	-0,622	-4,832	1,00	41,72	B	C
NGUYÊN TỬ	2722	CG	PHE	429	-49,569	-1,259	-5,525	1,00	43,10	B	C
NGUYÊN TỬ	2723	CD1	PHE	429	-49,537	-2,630	-5,745	1,00	42,99	B	C
NGUYÊN TỬ	2724	CD2	PHE	429	-48,493	-0,492	-5,943	1,00	41,43	B	C
NGUYÊN TỬ	2725	CE1	PHE	429	-48,448	-3,224	-6,368	1,00	43,54	B	C
NGUYÊN TỬ	2726	CE2	PHE	429	-47,403	-1,079	-6,567	1,00	42,19	B	C
NGUYÊN TỬ	2727	CZ	PHE	429	-47,380	-2,446	-6,780	1,00	42,81	B	C
NGUYÊN TỬ	2728	C	PHE	429	-51,616	0,750	-2,951	1,00	43,79	B	C
NGUYÊN TỬ	2729	O	PHE	429	-52,095	0,126	-2,008	1,00	44,37	B	O
NGUYÊN TỬ	2730	N	PRO	430	-52,180	1,874	-3,414	1,00	43,28	B	N
NGUYÊN TỬ	2731	CD	PRO	430	-51,705	2,808	-4,448	1,00	43,12	B	C
NGUYÊN TỬ	2732	CA	PRO	430	-53,488	2,253	-2,877	1,00	44,00	B	C
NGUYÊN TỬ	2733	CB	PRO	430	-53,822	3,562	-3,600	1,00	41,64	B	C
NGUYÊN TỬ	2734	CG	PRO	430	-52,943	3,592	-4,791	1,00	42,89	B	C

NGUYÊN TỬ	2735	C	PRO	430	-54,508	1,154	-3,147	1,00	46,37	B	C
NGUYÊN TỬ	2736	O	PRO	430	-54,406	0,428	-4,141	1,00	45,21	B	O
NGUYÊN TỬ	2737	N	GLU	431	-55,488	1,037	-2,257	1,00	48,35	B	N
NGUYÊN TỬ	2738	CA	GLU	431	-56,412	-0,092	-2,274	1,00	51,07	B	C
NGUYÊN TỬ	2739	CB	GLU	431	-57,493	0,099	-1,209	1,00	55,08	B	C
NGUYÊN TỬ	2740	CG	GLU	431	-58,513	-1,030	-1,154	1,00	61,74	B	C
NGUYÊN TỬ	2741	CD	GLU	431	-59,551	-0,832	-0,057	1,00	67,18	B	C
NGUYÊN TỬ	2742	OE1	GLU	431	-59,472	0,186	0,670	1,00	67,29	B	O
NGUYÊN TỬ	2743	OE2	GLU	431	-60,446	-1,699	0,078	1,00	69,23	B	O
NGUYÊN TỬ	2744	C	GLU	431	-57,073	-0,291	-3,633	1,00	50,09	B	C
NGUYÊN TỬ	2745	O	GLU	431	-57,153	-1,413	-4,127	1,00	49,89	B	O
NGUYÊN TỬ	2746	N	ASP	432	-57,543	0,798	-4,232	1,00	48,97	B	N
NGUYÊN TỬ	2747	CA	ASP	432	-58,306	0,715	-5,470	1,00	49,55	B	C
NGUYÊN TỬ	2748	CB	ASP	432	-59,094	2,015	-5,696	1,00	53,81	B	C
NGUYÊN TỬ	2749	CG	ASP	432	-58,192	3,233	-5,900	1,00	58,64	B	C
NGUYÊN TỬ	2750	OD1	ASP	432	-56,988	3,178	-5,558	1,00	61,37	B	O
NGUYÊN TỬ	2751	OD2	ASP	432	-58,699	4,256	-6,407	1,00	61,51	B	O
NGUYÊN TỬ	2752	C	ASP	432	-57,440	0,412	-6,697	1,00	48,17	B	C
NGUYÊN TỬ	2753	O	ASP	432	-57,948	0,348	-7,815	1,00	48,22	B	O
NGUYÊN TỬ	2754	N	GLN	433	-56,141	0,222	-6,488	1,00	45,67	B	N
NGUYÊN TỬ	2755	CA	GLN	433	-55,230	-0,089	-7,588	1,00	44,78	B	C
NGUYÊN TỬ	2756	CB	GLN	433	-54,055	0,901	-7,605	1,00	43,98	B	C
NGUYÊN TỬ	2757	CG	GLN	433	-54,442	2,340	-7,909	1,00	44,11	B	C
NGUYÊN TỬ	2758	CD	GLN	433	-54,838	2,543	-9,360	1,00	45,54	B	C
NGUYÊN TỬ	2759	OE1	GLN	433	-54,530	1,723	-10,222	1,00	45,75	B	O
NGUYÊN TỬ	2760	NE2	GLN	433	-55,523	3,641	-9,636	1,00	46,92	B	N
NGUYÊN TỬ	2761	C	GLN	433	-54,685	-1,511	-7,468	1,00	44,14	B	C
NGUYÊN TỬ	2762	O	GLN	433	-54,026	-2,017	-8,376	1,00	42,38	B	O
NGUYÊN TỬ	2763	N	ARG	434	-54,950	-2,153	-6,339	1,00	44,08	B	N
NGUYÊN TỬ	2764	CA	ARG	434	-54,354	-3,453	-6,068	1,00	45,47	B	C
NGUYÊN TỬ	2765	CB	ARG	434	-54,660	-3,868	-4,635	1,00	45,94	B	C
NGUYÊN TỬ	2766	CG	ARG	434	-53,833	-3,115	-3,623	1,00	48,40	B	C
NGUYÊN TỬ	2767	CD	ARG	434	-54,429	-3,182	-2,233	1,00	48,11	B	C
NGUYÊN TỬ	2768	NE	ARG	434	-53,674	-2,337	-1,314	1,00	49,63	B	N
NGUYÊN TỬ	2769	CZ	ARG	434	-54,127	-1,911	-0,141	1,00	50,56	B	C
NGUYÊN TỬ	2770	NH1	ARG	434	-53,360	-1,144	0,624	1,00	50,03	B	N
NGUYÊN TỬ	2771	NH2	ARG	434	-55,343	-2,252	0,267	1,00	49,58	B	N
NGUYÊN TỬ	2772	C	ARG	434	-54,827	-4,530	-7,045	1,00	45,92	B	C
NGUYÊN TỬ	2773	O	ARG	434	-54,049	-5,396	-7,460	1,00	46,72	B	O
NGUYÊN TỬ	2774	N	VAL	435	-56,093	-4,472	-7,428	1,00	44,65	B	N
NGUYÊN TỬ	2775	CA	VAL	435	-56,615	-5,460	-8,353	1,00	46,78	B	C
NGUYÊN TỬ	2776	CB	VAL	435	-58,163	-5,521	-8,286	1,00	47,93	B	C
NGUYÊN TỬ	2777	CG1	VAL	435	-58,772	-4,227	-8,817	1,00	46,92	B	C
NGUYÊN TỬ	2778	CG2	VAL	435	-58,660	-6,720	-9,061	1,00	48,93	B	C
NGUYÊN TỬ	2779	C	VAL	435	-56,167	-5,141	-9,780	1,00	46,07	B	C
NGUYÊN TỬ	2780	O	VAL	435	-56,031	-6,035	-10,614	1,00	47,62	B	O
NGUYÊN TỬ	2781	N	LEU	436	-55,917	-3,865	-10,051	1,00	44,26	B	N
NGUYÊN TỬ	2782	CA	LEU	436	-55,553	-3,424	-11,394	1,00	41,98	B	C
NGUYÊN TỬ	2783	CB	LEU	436	-55,896	-1,946	-11,568	1,00	42,62	B	C
NGUYÊN TỬ	2784	CG	LEU	436	-57,362	-1,584	-11,362	1,00	43,63	B	C
NGUYÊN TỬ	2785	CD1	LEU	436	-57,563	-0,083	-11,533	1,00	44,20	B	C
NGUYÊN TỬ	2786	CD2	LEU	436	-58,195	-2,346	-12,366	1,00	44,78	B	C
NGUYÊN TỬ	2787	C	LEU	436	-54,079	-3,631	-11,725	1,00	40,11	B	C
NGUYÊN TỬ	2788	O	LEU	436	-53,700	-3,603	-12,891	1,00	40,58	B	O
NGUYÊN TỬ	2789	N	THR	437	-53,246	-3,825	-10,708	1,00	38,98	B	N
NGUYÊN TỬ	2790	CA	THR	437	-51,802	-3,821	-10,918	1,00	38,27	B	C
NGUYÊN TỬ	2791	CB	THR	437	-51,070	-3,044	-9,797	1,00	36,73	B	C
NGUYÊN TỬ	2792	OG1	THR	437	-51,579	-1,708	-9,721	1,00	38,09	B	O
NGUYÊN TỬ	2793	CG2	THR	437	-49,576	-2,989	-10,077	1,00	35,50	B	C
NGUYÊN TỬ	2794	C	THR	437	-51,238	-5,238	-10,959	1,00	38,94	B	C
NGUYÊN TỬ	2795	O	THR	437	-51,376	-5,995	-10,003	1,00	39,17	B	O
NGUYÊN TỬ	2796	N	PRO	438	-50,580	-5,610	-12,068	1,00	39,47	B	N
NGUYÊN TỬ	2797	CD	PRO	438	-50,366	-4,833	-13,299	1,00	39,57	B	C
NGUYÊN TỬ	2798	CA	PRO	438	-50,051	-6,972	-12,182	1,00	38,85	B	C
NGUYÊN TỬ	2799	CB	PRO	438	-49,477	-7,026	-13,601	1,00	39,01	B	C
NGUYÊN TỬ	2800	CG	PRO	438	-50,153	-5,911	-14,333	1,00	41,00	B	C
NGUYÊN TỬ	2801	C	PRO	438	-48,983	-7,238	-11,129	1,00	39,53	B	C
NGUYÊN TỬ	2802	O	PRO	438	-48,046	-6,454	-10,967	1,00	39,03	B	O
NGUYÊN TỬ	2803	N	ASN	439	-49,124	-8,349	-10,418	1,00	39,63	B	N
NGUYÊN TỬ	2804	CA	ASN	439	-48,128	-8,746	-9,437	1,00	40,67	B	C
NGUYÊN TỬ	2805	CB	ASN	439	-48,802	-9,512	-8,293	1,00	38,48	B	C
NGUYÊN TỬ	2806	CG	ASN	439	-47,993	-9,469	-7,011	1,00	39,26	B	C
NGUYÊN TỬ	2807	OD1	ASN	439	-46,780	-9,700	-7,017	1,00	37,92	B	O
NGUYÊN TỬ	2808	ND2	ASN	439	-48,659	-9,164	-5,902	1,00	38,27	B	N
NGUYÊN TỬ	2809	C	ASN	439	-47,074	-9,617	-10,119	1,00	40,97	B	C
NGUYÊN TỬ	2810	O	ASN	439	-47,017	-10,827	-9,904	1,00	42,65	B	O

NGUYÊN TỬ	2811	N	LEU	440	-46,245	-8,990	-10,949	1,00	42,11	B	N
NGUYÊN TỬ	2812	CA	LEU	440	-45,272	-9,705	-11,774	1,00	41,16	B	C
NGUYÊN TỬ	2813	CB	LEU	440	-45,709	-9,701	-13,239	1,00	40,54	B	C
NGUYÊN TỬ	2814	CG	LEU	440	-47,068	-10,285	-13,613	1,00	42,30	B	C
NGUYÊN TỬ	2815	CD1	LEU	440	-47,350	-9,994	-15,085	1,00	40,42	B	C
NGUYÊN TỬ	2816	CD2	LEU	440	-47,070	-11,791	-13,350	1,00	43,28	B	C
NGUYÊN TỬ	2817	C	LEU	440	-43,903	-9,043	-11,689	1,00	41,93	B	C
NGUYÊN TỬ	2818	O	LEU	440	-43,789	-7,821	-11,825	1,00	41,74	B	O
NGUYÊN TỬ	2819	N	VAL	441	-42,868	-9,848	-11,477	1,00	40,59	B	N
NGUYÊN TỬ	2820	CA	VAL	441	-41,505	-9,363	-11,592	1,00	41,54	B	C
NGUYÊN TỬ	2821	CB	VAL	441	-40,738	-9,535	-10,271	1,00	41,16	B	C
NGUYÊN TỬ	2822	CG1	VAL	441	-39,296	-9,066	-10,442	1,00	38,34	B	C
NGUYÊN TỬ	2823	CG2	VAL	441	-41,427	-8,732	-9,173	1,00	38,68	B	C
NGUYÊN TỬ	2824	C	VAL	441	-40,778	-10,104	-12,710	1,00	43,69	B	C
NGUYÊN TỬ	2825	O	VAL	441	-40,721	-11,335	-12,724	1,00	44,56	B	O
NGUYÊN TỬ	2826	N	ALA	442	-40,224	-9,339	-13,644	1,00	43,06	B	N
NGUYÊN TỬ	2827	CA	ALA	442	-39,686	-9,891	-14,878	1,00	43,65	B	C
NGUYÊN TỬ	2828	CB	ALA	442	-39,105	-8,771	-15,740	1,00	41,79	B	C
NGUYÊN TỬ	2829	C	ALA	442	-38,621	-10,945	-14,617	1,00	44,49	B	C
NGUYÊN TỬ	2830	O	ALA	442	-37,872	-10,867	-13,645	1,00	44,26	B	O
NGUYÊN TỬ	2831	N	ALA	443	-38,565	-11,933	-15,498	1,00	46,18	B	N
NGUYÊN TỬ	2832	CA	ALA	443	-37,482	-12,903	-15,495	1,00	50,11	B	C
NGUYÊN TỬ	2833	CB	ALA	443	-37,823	-14,070	-14,570	1,00	48,90	B	C
NGUYÊN TỬ	2834	C	ALA	443	-37,282	-13,397	-16,921	1,00	52,32	B	C
NGUYÊN TỬ	2835	O	ALA	443	-38,227	-13,430	-17,709	1,00	51,83	B	O
NGUYÊN TỬ	2836	N	LEU	444	-36,049	-13,761	-17,253	1,00	56,33	B	N
NGUYÊN TỬ	2837	CA	LEU	444	-35,764	-14,429	-18,520	1,00	61,28	B	C
NGUYÊN TỬ	2838	CB	LEU	444	-34,263	-14,678	-18,656	1,00	61,00	B	C
NGUYÊN TỬ	2839	CG	LEU	444	-33,435	-13,506	-19,170	1,00	63,12	B	C
NGUYÊN TỬ	2840	CD1	LEU	444	-32,002	-13,614	-18,669	1,00	63,64	B	C
NGUYÊN TỬ	2841	CD2	LEU	444	-33,493	-13,496	-20,692	1,00	64,35	B	C
NGUYÊN TỬ	2842	C	LEU	444	-36,495	-15,761	-18,584	1,00	64,69	B	C
NGUYÊN TỬ	2843	O	LEU	444	-36,498	-16,525	-17,619	1,00	64,31	B	O
NGUYÊN TỬ	2844	N	PRO	445	-37,133	-16,057	-19,723	1,00	69,05	B	N
NGUYÊN TỬ	2845	CD	PRO	445	-37,575	-15,168	-20,811	1,00	69,76	B	C
NGUYÊN TỬ	2846	CA	PRO	445	-37,611	-17,430	-19,905	1,00	73,71	B	C
NGUYÊN TỬ	2847	CB	PRO	445	-38,227	-17,410	-21,302	1,00	72,46	B	C
NGUYÊN TỬ	2848	CG	PRO	445	-38,647	-15,982	-21,487	1,00	71,36	B	C
NGUYÊN TỬ	2849	C	PRO	445	-36,445	-18,408	-19,793	1,00	78,03	B	C
NGUYÊN TỬ	2850	O	PRO	445	-35,362	-18,161	-20,325	1,00	78,13	B	O
NGUYÊN TỬ	2851	N	PRO	446	-36,651	-19,527	-19,080	1,00	82,32	B	N
NGUYÊN TỬ	2852	CD	PRO	446	-37,943	-19,951	-18,510	1,00	83,90	B	C
NGUYÊN TỬ	2853	CA	PRO	446	-35,597	-20,525	-18,854	1,00	85,07	B	C
NGUYÊN TỬ	2854	CB	PRO	446	-36,232	-21,496	-17,861	1,00	84,72	B	C
NGUYÊN TỬ	2855	CG	PRO	446	-37,698	-21,392	-18,128	1,00	84,66	B	C
NGUYÊN TỬ	2856	C	PRO	446	-35,212	-21,212	-20,162	1,00	87,03	B	C
NGUYÊN TỬ	2857	O	PRO	446	-34,532	-22,240	-20,165	1,00	87,51	B	O
NGUYÊN TỬ	2858	N	SER	447	-35,651	-20,625	-21,271	1,00	89,12	B	N
NGUYÊN TỬ	2859	CA	SER	447	-35,758	-21,351	-22,525	1,00	90,87	B	C
NGUYÊN TỬ	2860	CB	SER	447	-37,050	-22,160	-22,518	1,00	91,88	B	C
NGUYÊN TỬ	2861	OG	SER	447	-38,112	-21,370	-21,998	1,00	92,23	B	O
NGUYÊN TỬ	2862	C	SER	447	-35,741	-20,452	-23,756	1,00	90,74	B	C
NGUYÊN TỬ	2863	O	SER	447	-36,541	-19,521	-23,874	1,00	90,17	B	O
NGUYÊN TỬ	2864	N	THR	448	-34,832	-20,753	-24,679	1,00	91,65	B	N
NGUYÊN TỬ	2865	CA	THR	448	-34,918	-20,222	-26,032	1,00	94,19	B	C
NGUYÊN TỬ	2866	CB	THR	448	-33,801	-20,786	-26,906	1,00	93,55	B	C
NGUYÊN TỬ	2867	OG1	THR	448	-32,534	-20,327	-26,417	1,00	93,33	B	O
NGUYÊN TỬ	2868	CG2	THR	448	-33,977	-20,355	-28,356	1,00	94,55	B	C
NGUYÊN TỬ	2869	C	THR	448	-36,260	-20,634	-26,617	1,00	93,02	B	C
NGUYÊN TỬ	2870	O	THR	448	-36,811	-19,945	-27,471	1,00	92,63	B	O
NGUYÊN TỬ	2871	N	HIS	449	-36,766	-21,772	-26,150	1,00	95,06	B	N
NGUYÊN TỬ	2872	CA	HIS	449	-38,137	-22,187	-26,413	1,00	97,82	B	C
NGUYÊN TỬ	2873	CB	HIS	449	-38,453	-22,138	-27,911	1,00	99,76	B	C
NGUYÊN TỬ	2874	CG	HIS	449	-39,916	-22,245	-28,218	1,00	102,61	B	C
NGUYÊN TỬ	2875	CD2	HIS	449	-41,006	-22,021	-27,445	1,00	103,41	B	C
NGUYÊN TỬ	2876	ND1	HIS	449	-40,394	-22,630	-29,452	1,00	103,87	B	N
NGUYÊN TỬ	2877	CE1	HIS	449	-41,715	-22,640	-29,427	1,00	104,64	B	C
NGUYÊN TỬ	2878	NE2	HIS	449	-42,112	-22,275	-28,221	1,00	104,60	B	N
NGUYÊN TỬ	2879	C	HIS	449	-38,379	-23,600	-25,893	1,00	97,73	B	C
NGUYÊN TỬ	2880	O	HIS	449	-38,521	-23,812	-24,688	1,00	98,20	B	O
NGUYÊN TỬ	2881	N	TRP	453	-45,204	-26,487	-27,136	1,00	95,56	B	N
NGUYÊN TỬ	2882	CA	TRP	453	-46,152	-25,433	-27,487	1,00	95,17	B	C
NGUYÊN TỬ	2883	CB	TRP	453	-46,794	-25,739	-28,844	1,00	99,16	B	C
NGUYÊN TỬ	2884	CG	TRP	453	-47,498	-24,563	-29,442	1,00	103,55	B	C
NGUYÊN TỬ	2885	CD2	TRP	453	-48,830	-24,117	-29,151	1,00	105,47	B	C
NGUYÊN TỬ	2886	CE2	TRP	453	-49,061	-22,960	-29,923	1,00	106,65	B	C

NGUYÊN TỬ	2887	CE3	TRP	453	-49,848	-24,582	-28,313	1,00106,05	B	C
NGUYÊN TỬ	2888	CD1	TRP	453	-46,992	-23,683	-30,355	1,00105,12	B	C
NGUYÊN TỬ	2889	NE1	TRP	453	-47,924	-22,716	-30,649	1,00106,63	B	N
NGUYÊN TỬ	2890	CZ2	TRP	453	-50,268	-22,262	-29,881	1,00107,38	B	C
NGUYÊN TỬ	2891	CZ3	TRP	453	-51,046	-23,887	-28,273	1,00107,05	B	C
NGUYÊN TỬ	2892	CH2	TRP	453	-51,246	-22,740	-29,052	1,00107,25	B	C
NGUYÊN TỬ	2893	C	TRP	453	-47,238	-25,302	-26,416	1,00 92,26	B	C
NGUYÊN TỬ	2894	O	TRP	453	-47,614	-26,289	-25,779	1,00 92,72	B	O
NGUYÊN TỬ	2895	N	GLN	454	-47,738	-24,083	-26,218	1,00 87,21	B	N
NGUYÊN TỬ	2896	CA	GLN	454	-48,759	-23,836	-25,203	1,00 81,58	B	C
NGUYÊN TỬ	2897	CB	GLN	454	-48,099	-23,699	-23,827	1,00 83,76	B	C
NGUYÊN TỬ	2898	CG	GLN	454	-46,758	-22,984	-23,846	1,00 86,32	B	C
NGUYÊN TỬ	2899	CD	GLN	454	-46,034	-23,072	-22,515	1,00 88,32	B	C
NGUYÊN TỬ	2900	OE1	GLN	454	-44,803	-23,013	-22,458	1,00 88,83	B	O
NGUYÊN TỬ	2901	NE2	GLN	454	-46,796	-23,215	-21,434	1,00 88,87	B	N
NGUYÊN TỬ	2902	C	GLN	454	-49,641	-22,617	-25,486	1,00 76,01	B	C
NGUYÊN TỬ	2903	O	GLN	454	-49,328	-21,790	-26,343	1,00 74,63	B	O
NGUYÊN TỬ	2904	N	LEU	455	-50,752	-22,527	-24,759	1,00 69,41	B	N
NGUYÊN TỬ	2905	CA	LEU	455	-51,741	-21,472	-24,956	1,00 63,14	B	C
NGUYÊN TỬ	2906	CB	LEU	455	-53,148	-22,057	-24,850	1,00 60,88	B	C
NGUYÊN TỬ	2907	CG	LEU	455	-54,309	-21,066	-24,893	1,00 60,03	B	C
NGUYÊN TỬ	2908	CD1	LEU	455	-54,324	-20,347	-26,226	1,00 60,46	B	C
NGUYÊN TỬ	2909	CD2	LEU	455	-55,611	-21,803	-24,681	1,00 59,51	B	C
NGUYÊN TỬ	2910	C	LEU	455	-51,576	-20,354	-23,928	1,00 59,87	B	C
NGUYÊN TỬ	2911	O	LEU	455	-51,792	-20,560	-22,735	1,00 58,28	B	O
NGUYÊN TỬ	2912	N	PHE	456	-51,200	-19,169	-24,399	1,00 56,42	B	N
NGUYÊN TỬ	2913	CA	PHE	456	-50,964	-18,031	-23,517	1,00 53,64	B	C
NGUYÊN TỬ	2914	CB	PHE	456	-49,730	-17,251	-23,971	1,00 55,54	B	C
NGUYÊN TỬ	2915	CG	PHE	456	-48,446	-18,011	-23,830	1,00 57,27	B	C
NGUYÊN TỬ	2916	CD1	PHE	456	-48,030	-18,468	-22,594	1,00 58,30	B	C
NGUYÊN TỬ	2917	CD2	PHE	456	-47,649	-18,260	-24,934	1,00 59,52	B	C
NGUYÊN TỬ	2918	CE1	PHE	456	-46,839	-19,163	-22,456	1,00 60,51	B	C
NGUYÊN TỬ	2919	CE2	PHE	456	-46,457	-18,954	-24,805	1,00 61,44	B	C
NGUYÊN TỬ	2920	CZ	PHE	456	-46,052	-19,406	-23,561	1,00 60,76	B	C
NGUYÊN TỬ	2921	C	PHE	456	-52,156	-17,093	-23,496	1,00 50,46	B	C
NGUYÊN TỬ	2922	O	PHE	456	-52,654	-16,692	-24,547	1,00 50,85	B	O
NGUYÊN TỬ	2923	N	CYS	457	-52,611	-16,746	-22,298	1,00 47,18	B	N
NGUYÊN TỬ	2924	CA	CYS	457	-53,642	-15,726	-22,136	1,00 45,36	B	C
NGUYÊN TỬ	2925	C	CYS	457	-53,203	-14,696	-21,102	1,00 44,05	B	C
NGUYÊN TỬ	2926	O	CYS	457	-52,406	-15,003	-20,219	1,00 43,28	B	O
NGUYÊN TỬ	2927	CB	CYS	457	-54,951	-16,347	-21,660	1,00 45,94	B	C
NGUYÊN TỬ	2928	SG	CYS	457	-55,799	-17,516	-22,771	1,00 45,03	B	S
NGUYÊN TỬ	2929	N	ARG	458	-53,741	-13,483	-21,209	1,00 42,97	B	N
NGUYÊN TỬ	2930	CA	ARG	458	-53,467	-12,411	-20,249	1,00 42,03	B	C
NGUYÊN TỬ	2931	CB	ARG	458	-52,447	-11,420	-20,827	1,00 40,47	B	C
NGUYÊN TỬ	2932	CG	ARG	458	-52,907	-10,782	-22,127	1,00 42,86	B	C
NGUYÊN TỬ	2933	CD	ARG	458	-51,781	-10,065	-22,866	1,00 44,13	B	C
NGUYÊN TỬ	2934	NE	ARG	458	-51,841	-8,632	-22,622	1,00 49,28	B	N
NGUYÊN TỬ	2935	CZ	ARG	458	-52,288	-7,728	-23,485	1,00 47,66	B	C
NGUYÊN TỬ	2936	NH1	ARG	458	-52,301	-6,450	-23,135	1,00 50,19	B	N
NGUYÊN TỬ	2937	NH2	ARG	458	-52,706	-8,086	-24,690	1,00 47,08	B	N
NGUYÊN TỬ	2938	C	ARG	458	-54,770	-11,677	-19,950	1,00 41,18	B	C
NGUYÊN TỬ	2939	O	ARG	458	-55,714	-11,721	-20,746	1,00 39,62	B	O
NGUYÊN TỬ	2940	N	THR	459	-54,822	-11,004	-18,805	1,00 39,42	B	N
NGUYÊN TỬ	2941	CA	THR	459	-55,998	-10,222	-18,453	1,00 39,74	B	C
NGUYÊN TỬ	2942	CB	THR	459	-56,336	-10,376	-16,964	1,00 38,66	B	C
NGUYÊN TỬ	2943	OG1	THR	459	-56,615	-11,750	-16,683	1,00 41,49	B	O
NGUYÊN TỬ	2944	CG2	THR	459	-57,555	-9,544	-16,603	1,00 38,15	B	C
NGUYÊN TỬ	2945	C	THR	459	-55,787	-8,743	-18,764	1,00 40,32	B	C
NGUYÊN TỬ	2946	O	THR	459	-54,721	-8,189	-18,491	1,00 41,35	B	O
NGUYÊN TỬ	2947	N	VAL	460	-56,806	-8,111	-19,336	1,00 39,71	B	N
NGUYÊN TỬ	2948	CA	VAL	460	-56,747	-6,691	-19,670	1,00 40,13	B	C
NGUYÊN TỬ	2949	CB	VAL	460	-56,849	-6,476	-21,193	1,00 40,81	B	C
NGUYÊN TỬ	2950	CG1	VAL	460	-56,918	-4,986	-21,512	1,00 39,94	B	C
NGUYÊN TỬ	2951	CG2	VAL	460	-55,657	-7,121	-21,885	1,00 40,01	B	C
NGUYÊN TỬ	2952	C	VAL	460	-57,896	-5,940	-19,007	1,00 41,10	B	C
NGUYÊN TỬ	2953	O	VAL	460	-59,059	-6,148	-19,350	1,00 41,34	B	O
NGUYÊN TỬ	2954	N	TRP	461	-57,577	-5,066	-18,058	1,00 40,15	B	N
NGUYÊN TỬ	2955	CA	TRP	461	-58,606	-4,243	-17,438	1,00 41,32	B	C
NGUYÊN TỬ	2956	CB	TRP	461	-58,210	-3,864	-16,013	1,00 40,29	B	C
NGUYÊN TỬ	2957	CG	TRP	461	-58,327	-4,982	-15,025	1,00 39,72	B	C
NGUYÊN TỬ	2958	CD2	TRP	461	-59,316	-5,113	-13,997	1,00 38,69	B	C
NGUYÊN TỬ	2959	CE2	TRP	461	-59,013	-6,284	-13,272	1,00 40,64	B	C
NGUYÊN TỬ	2960	CE3	TRP	461	-60,426	-4,353	-13,618	1,00 37,91	B	C
NGUYÊN TỬ	2961	CD1	TRP	461	-57,490	-6,053	-14,891	1,00 39,19	B	C
NGUYÊN TỬ	2962	NE1	TRP	461	-57,894	-6,840	-13,836	1,00 40,77	B	N

NGUYÊN TỬ	2963	CZ2	TRP	461	-59,783	-6,713	-12,191	1,00	39,89	B C
NGUYÊN TỬ	2964	CZ3	TRP	461	-61,189	-4,779	-12,543	1,00	39,15	B C
NGUYÊN TỬ	2965	CH2	TRP	461	-60,863	-5,949	-11,841	1,00	39,06	B C
NGUYÊN TỬ	2966	C	TRP	461	-58,835	-2,974	-18,246	1,00	42,82	B C
NGUYÊN TỬ	2967	O	TRP	461	-57,895	-2,381	-18,774	1,00	42,86	B O
NGUYÊN TỬ	2968	N	SER	462	-60,091	-2,558	-18,339	1,00	44,55	B N
NGUYÊN TỬ	2969	CA	SER	462	-60,421	-1,295	-18,981	1,00	46,47	B C
NGUYÊN TỬ	2970	CB	SER	462	-61,849	-1,328	-19,521	1,00	45,66	B C
NGUYÊN TỬ	2971	OG	SER	462	-62,779	-1,265	-18,452	1,00	43,37	B O
NGUYÊN TỬ	2972	C	SER	462	-60,310	-0,175	-17,956	1,00	48,34	B C
NGUYÊN TỬ	2973	O	SER	462	-60,104	-0,422	-16,764	1,00	46,67	B O
NGUYÊN TỬ	2974	N	ALA	463	-60,460	1,057	-18,429	1,00	50,60	B N
NGUYÊN TỬ	2975	CA	ALA	463	-60,634	2,192	-17,537	1,00	54,46	B C
NGUYÊN TỬ	2976	CB	ALA	463	-60,531	3,493	-18,325	1,00	52,98	B C
NGUYÊN TỬ	2977	C	ALA	463	-61,998	2,095	-16,860	1,00	56,97	B C
NGUYÊN TỬ	2978	O	ALA	463	-62,918	1,478	-17,396	1,00	57,30	B O
NGUYÊN TỬ	2979	N	HIS	464	-62,118	2,704	-15,683	1,00	61,61	B N
NGUYÊN TỬ	2980	CA	HIS	464	-63,404	2,863	-15,000	1,00	65,67	B C
NGUYÊN TỬ	2981	CB	HIS	464	-63,204	3,685	-13,725	1,00	68,34	B C
NGUYÊN TỬ	2982	CG	HIS	464	-64,295	3,520	-12,715	1,00	71,76	B C
NGUYÊN TỬ	2983	CD2	HIS	464	-65,503	4,121	-12,599	1,00	73,40	B C
NGUYÊN TỬ	2984	ND1	HIS	464	-64,191	2,658	-11,644	1,00	73,71	B N
NGUYÊN TỬ	2985	CE1	HIS	464	-65,287	2,736	-10,910	1,00	74,59	B C
NGUYÊN TỬ	2986	NE2	HIS	464	-66,100	3,616	-11,468	1,00	75,04	B N
NGUYÊN TỬ	2987	C	HIS	464	-64,389	3,581	-15,926	1,00	67,55	B C
NGUYÊN TỬ	2988	O	HIS	464	-63,996	4,455	-16,697	1,00	67,46	B O
NGUYÊN TỬ	2989	N	SER	465	-65,667	3,220	-15,847	1,00	70,08	B N
NGUYÊN TỬ	2990	CA	SER	465	-66,655	3,714	-16,806	1,00	72,95	B C
NGUYÊN TỬ	2991	CB	SER	465	-67,866	2,783	-16,852	1,00	71,92	B C
NGUYÊN TỬ	2992	OG	SER	465	-68,608	2,866	-15,648	1,00	70,23	B O
NGUYÊN TỬ	2993	C	SER	465	-67,141	5,122	-16,487	1,00	75,78	B C
NGUYÊN TỬ	2994	O	SER	465	-67,431	5,905	-17,393	1,00	75,65	B O
NGUYÊN TỬ	2995	N	GLY	466	-67,240	5,436	-15,200	1,00	78,79	B N
NGUYÊN TỬ	2996	CA	GLY	466	-67,851	6,689	-14,794	1,00	83,44	B C
NGUYÊN TỬ	2997	C	GLY	466	-69,263	6,487	-14,272	1,00	86,66	B C
NGUYÊN TỬ	2998	O	GLY	466	-69,931	5,523	-14,649	1,00	87,19	B O
NGUYÊN TỬ	2999	N	PRO	467	-69,744	7,388	-13,400	1,00	89,00	B N
NGUYÊN TỬ	3000	CD	PRO	467	-68,954	8,535	-12,924	1,00	89,56	B C
NGUYÊN TỬ	3001	CA	PRO	467	-71,005	7,256	-12,655	1,00	90,53	B C
NGUYÊN TỬ	3002	CB	PRO	467	-70,953	8,409	-11,649	1,00	90,49	B C
NGUYÊN TỬ	3003	CG	PRO	467	-69,503	8,764	-11,549	1,00	90,14	B C
NGUYÊN TỬ	3004	C	PRO	467	-72,283	7,299	-13,496	1,00	91,90	B C
NGUYÊN TỬ	3005	O	PRO	467	-73,355	6,926	-13,016	1,00	92,02	B O
NGUYÊN TỬ	3006	N	THR	468	-72,171	7,755	-14,741	1,00	93,44	B N
NGUYÊN TỬ	3007	CA	THR	468	-73,337	7,899	-15,612	1,00	95,40	B C
NGUYÊN TỬ	3008	CB	THR	468	-72,914	8,237	-17,059	1,00	95,23	B C
NGUYÊN TỬ	3009	OG1	THR	468	-72,106	9,420	-17,060	1,00	95,12	B O
NGUYÊN TỬ	3010	CG2	THR	468	-74,140	8,468	-17,934	1,00	94,69	B C
NGUYÊN TỬ	3011	C	THR	468	-74,178	6,621	-15,635	1,00	97,16	B C
NGUYÊN TỬ	3012	O	THR	468	-73,651	5,514	-15,509	1,00	97,49	B O
NGUYÊN TỬ	3013	N	ARG	469	-75,488	6,780	-15,798	1,00	98,73	B N
NGUYÊN TỬ	3014	CA	ARG	469	-76,407	5,646	-15,781	1,00	99,90	B C
NGUYÊN TỬ	3015	CB	ARG	469	-77,854	6,143	-15,688	1,00	102,98	B C
NGUYÊN TỬ	3016	CG	ARG	469	-78,326	6,922	-16,911	1,00	106,29	B C
NGUYÊN TỬ	3017	CD	ARG	469	-79,787	7,337	-16,781	1,00	108,83	B C
NGUYÊN TỬ	3018	NE	ARG	469	-80,366	7,714	-18,069	1,00	111,09	B N
NGUYÊN TỬ	3019	CZ	ARG	469	-81,164	6,930	-18,789	1,00	112,01	B C
NGUYÊN TỬ	3020	NH1	ARG	469	-81,644	7,355	-19,951	1,00	112,06	B N
NGUYÊN TỬ	3021	NH2	ARG	469	-81,486	5,722	-18,345	1,00	112,44	B N
NGUYÊN TỬ	3022	C	ARG	469	-76,243	4,786	-17,032	1,00	98,96	B C
NGUYÊN TỬ	3023	O	ARG	469	-76,478	3,578	-17,002	1,00	98,89	B O
NGUYÊN TỬ	3024	N	MET	470	-75,841	5,422	-18,128	1,00	97,91	B N
NGUYÊN TỬ	3025	CA	MET	470	-75,657	4,732	-19,401	1,00	96,48	B C
NGUYÊN TỬ	3026	CB	MET	470	-76,405	5,475	-20,515	1,00	98,76	B C
NGUYÊN TỬ	3027	CG	MET	470	-77,923	5,370	-20,432	1,00	101,49	B C
NGUYÊN TỬ	3028	SD	MET	470	-78,555	3,783	-21,034	1,00	104,46	B S
NGUYÊN TỬ	3029	CE	MET	470	-78,069	3,857	-22,774	1,00	102,90	B C
NGUYÊN TỬ	3030	C	MET	470	-74,179	4,616	-19,770	1,00	94,05	B C
NGUYÊN TỬ	3031	O	MET	470	-73,837	4,427	-20,938	1,00	93,54	B O
NGUYÊN TỬ	3032	N	ALA	471	-73,308	4,732	-18,771	1,00	90,93	B N
NGUYÊN TỬ	3033	CA	ALA	471	-71,867	4,671	-18,998	1,00	87,61	B C
NGUYÊN TỬ	3034	CB	ALA	471	-71,123	5,251	-17,800	1,00	87,53	B C
NGUYÊN TỬ	3035	C	ALA	471	-71,406	3,239	-19,251	1,00	85,13	B C
NGUYÊN TỬ	3036	O	ALA	471	-71,870	2,300	-18,598	1,00	85,32	B O
NGUYÊN TỬ	3037	N	THR	472	-70,491	3,080	-20,203	1,00	81,39	B N
NGUYÊN TỬ	3038	CA	THR	472	-69,941	1,769	-20,528	1,00	77,96	B C

NGUYÊN TỬ	3039	CB	THR	472	-70,443	1,275	-21,911	1,00	78,06	B	C
NGUYÊN TỬ	3040	OG1	THR	472	-70,026	2,188	-22,933	1,00	77,52	B	O
NGUYÊN TỬ	3041	CG2	THR	472	-71,962	1,176	-21,921	1,00	77,75	B	C
NGUYÊN TỬ	3042	C	THR	472	-68,412	1,784	-20,539	1,00	75,20	B	C
NGUYÊN TỬ	3043	O	THR	472	-67,789	2,776	-20,922	1,00	74,74	B	O
NGUYÊN TỬ	3044	N	ALA	473	-67,813	0,676	-20,113	1,00	71,92	B	N
NGUYÊN TỬ	3045	CA	ALA	473	-66,366	0,503	-20,194	1,00	68,57	B	C
NGUYÊN TỬ	3046	CB	ALA	473	-65,827	0,020	-18,858	1,00	67,75	B	C
NGUYÊN TỬ	3047	C	ALA	473	-66,020	-0,497	-21,297	1,00	66,77	B	C
NGUYÊN TỬ	3048	O	ALA	473	-66,775	-1,433	-21,554	1,00	66,07	B	O
NGUYÊN TỬ	3049	N	ILE	474	-64,879	-0,293	-21,947	1,00	64,89	B	N
NGUYÊN TỬ	3050	CA	ILE	474	-64,443	-1,170	-23,025	1,00	63,32	B	C
NGUYÊN TỬ	3051	CB	ILE	474	-64,477	-0,437	-24,369	1,00	64,64	B	C
NGUYÊN TỬ	3052	CG2	ILE	474	-64,014	-1,361	-25,482	1,00	63,94	B	C
NGUYÊN TỬ	3053	CG1	ILE	474	-65,896	0,056	-24,652	1,00	67,76	B	C
NGUYÊN TỬ	3054	CD1	ILE	474	-65,983	0,995	-25,843	1,00	71,25	B	C
NGUYÊN TỬ	3055	C	ILE	474	-63,026	-1,685	-22,801	1,00	61,20	B	C
NGUYÊN TỬ	3056	O	ILE	474	-62,100	-0,907	-22,575	1,00	62,29	B	O
NGUYÊN TỬ	3057	N	ALA	475	-62,864	-3,002	-22,866	1,00	57,61	B	N
NGUYÊN TỬ	3058	CA	ALA	475	-61,548	-3,619	-22,783	1,00	54,56	B	C
NGUYÊN TỬ	3059	CB	ALA	475	-61,525	-4,641	-21,662	1,00	53,14	B	C
NGUYÊN TỬ	3060	C	ALA	475	-61,222	-4,284	-24,113	1,00	53,19	B	C
NGUYÊN TỬ	3061	O	ALA	475	-62,025	-5,050	-24,643	1,00	52,48	B	O
NGUYÊN TỬ	3062	N	ARG	476	-60,046	-3,984	-24,655	1,00	52,78	B	N
NGUYÊN TỬ	3063	CA	ARG	476	-59,651	-4,501	-25,960	1,00	52,83	B	C
NGUYÊN TỬ	3064	CB	ARG	476	-59,378	-3,352	-26,936	1,00	55,93	B	C
NGUYÊN TỬ	3065	CG	ARG	476	-60,608	-2,550	-27,326	1,00	61,00	B	C
NGUYÊN TỬ	3066	CD	ARG	476	-60,279	-1,499	-28,382	1,00	64,35	B	C
NGUYÊN TỬ	3067	NE	ARG	476	-61,444	-0,677	-28,700	1,00	67,87	B	N
NGUYÊN TỬ	3068	CZ	ARG	476	-61,840	0,369	-27,978	1,00	70,61	B	C
NGUYÊN TỬ	3069	NH1	ARG	476	-61,160	0,726	-26,894	1,00	70,19	B	N
NGUYÊN TỬ	3070	NH2	ARG	476	-62,925	1,048	-28,331	1,00	71,97	B	N
NGUYÊN TỬ	3071	C	ARG	476	-58,411	-5,376	-25,873	1,00	51,34	B	C
NGUYÊN TỬ	3072	O	ARG	476	-57,620	-5,264	-24,938	1,00	51,28	B	O
NGUYÊN TỬ	3073	N	CYS	477	-58,247	-6,244	-26,863	1,00	50,36	B	N
NGUYÊN TỬ	3074	CA	CYS	477	-57,048	-7,057	-26,983	1,00	50,00	B	C
NGUYÊN TỬ	3075	C	CYS	477	-56,135	-6,474	-28,053	1,00	49,37	B	C
NGUYÊN TỬ	3076	O	CYS	477	-56,556	-5,638	-28,852	1,00	48,36	B	O
NGUYÊN TỬ	3077	CB	CYS	477	-57,416	-8,495	-27,358	1,00	51,30	B	C
NGUYÊN TỬ	3078	SG	CYS	477	-58,397	-9,398	-26,112	1,00	54,92	B	S
NGUYÊN TỬ	3079	N	ALA	478	-54,883	-6,917	-28,065	1,00	49,69	B	N
NGUYÊN TỬ	3080	CA	ALA	478	-53,979	-6,597	-29,163	1,00	52,29	B	C
NGUYÊN TỬ	3081	CB	ALA	478	-52,579	-7,101	-28,852	1,00	50,02	B	C
NGUYÊN TỬ	3082	C	ALA	478	-54,502	-7,248	-30,443	1,00	54,47	B	C
NGUYÊN TỬ	3083	O	ALA	478	-55,233	-8,239	-30,394	1,00	54,91	B	O
NGUYÊN TỬ	3084	N	PRO	479	-54,131	-6,695	-31,608	1,00	56,47	B	N
NGUYÊN TỬ	3085	CD	PRO	479	-53,268	-5,506	-31,723	1,00	56,66	B	C
NGUYÊN TỬ	3086	CA	PRO	479	-54,627	-7,142	-32,919	1,00	56,71	B	C
NGUYÊN TỬ	3087	CB	PRO	479	-53,914	-6,215	-33,905	1,00	57,17	B	C
NGUYÊN TỬ	3088	CG	PRO	479	-53,584	-4,994	-33,097	1,00	57,72	B	C
NGUYÊN TỬ	3089	C	PRO	479	-54,370	-8,621	-33,235	1,00	56,70	B	C
NGUYÊN TỬ	3090	O	PRO	479	-55,207	-9,283	-33,849	1,00	56,36	B	O
NGUYÊN TỬ	3091	N	ASP	480	-53,217	-9,137	-32,822	1,00	56,51	B	N
NGUYÊN TỬ	3092	CA	ASP	480	-52,884	-10,536	-33,077	1,00	56,90	B	C
NGUYÊN TỬ	3093	CB	ASP	480	-51,368	-10,737	-33,009	1,00	60,77	B	C
NGUYÊN TỬ	3094	CG	ASP	480	-50,655	-10,216	-34,244	1,00	65,51	B	C
NGUYÊN TỬ	3095	OD1	ASP	480	-51,324	-9,580	-35,090	1,00	67,40	B	O
NGUYÊN TỬ	3096	OD2	ASP	480	-49,430	-10,445	-34,372	1,00	67,85	B	O
NGUYÊN TỬ	3097	C	ASP	480	-53,566	-11,511	-32,113	1,00	55,43	B	C
NGUYÊN TỬ	3098	O	ASP	480	-53,440	-12,727	-32,262	1,00	55,84	B	O
NGUYÊN TỬ	3099	N	GLU	481	-54,281	-10,977	-31,125	1,00	52,35	B	N
NGUYÊN TỬ	3100	CA	GLU	481	-54,880	-11,795	-30,074	1,00	50,24	B	C
NGUYÊN TỬ	3101	CB	GLU	481	-54,680	-11,134	-28,704	1,00	47,61	B	C
NGUYÊN TỬ	3102	CG	GLU	481	-53,231	-11,099	-28,221	1,00	46,45	B	C
NGUYÊN TỬ	3103	CD	GLU	481	-53,058	-10,302	-26,934	1,00	44,57	B	C
NGUYÊN TỬ	3104	OE1	GLU	481	-52,173	-10,651	-26,123	1,00	42,50	B	O
NGUYÊN TỬ	3105	OE2	GLU	481	-53,811	-9,326	-26,737	1,00	43,51	B	O
NGUYÊN TỬ	3106	C	GLU	481	-56,370	-12,031	-30,306	1,00	49,74	B	C
NGUYÊN TỬ	3107	O	GLU	481	-57,041	-11,239	-30,967	1,00	49,49	B	O
NGUYÊN TỬ	3108	N	GLU	482	-56,879	-13,130	-29,759	1,00	48,52	B	N
NGUYÊN TỬ	3109	CA	GLU	482	-58,315	-13,385	-29,740	1,00	46,82	B	C
NGUYÊN TỬ	3110	CB	GLU	482	-58,594	-14,859	-30,040	1,00	46,77	B	C
NGUYÊN TỬ	3111	CG	GLU	482	-57,890	-15,387	-31,271	1,00	49,47	B	C
NGUYÊN TỬ	3112	CD	GLU	482	-58,568	-14,957	-32,554	1,00	51,58	B	C
NGUYÊN TỬ	3113	OE1	GLU	482	-59,695	-14,418	-32,472	1,00	50,06	B	O
NGUYÊN TỬ	3114	OE2	GLU	482	-57,975	-15,162	-33,638	1,00	54,21	B	O

NGUYÊN TỬ	3115	C	GLU	482	-58,851	-13,050	-28,356	1,00	45,01	B	C
NGUYÊN TỬ	3116	O	GLU	482	-58,211	-13,351	-27,352	1,00	44,86	B	O
NGUYÊN TỬ	3117	N	LEU	483	-60,024	-12,433	-28,301	1,00	44,07	B	N
NGUYÊN TỬ	3118	CA	LEU	483	-60,709	-12,256	-27,030	1,00	45,33	B	C
NGUYÊN TỬ	3119	CB	LEU	483	-61,583	-11,003	-27,075	1,00	46,54	B	C
NGUYÊN TỬ	3120	CG	LEU	483	-62,243	-10,640	-25,742	1,00	49,38	B	C
NGUYÊN TỬ	3121	CD1	LEU	483	-62,160	-9,140	-25,513	1,00	52,67	B	C
NGUYÊN TỬ	3122	CD2	LEU	483	-63,684	-11,100	-25,745	1,00	51,11	B	C
NGUYÊN TỬ	3123	C	LEU	483	-61,570	-13,484	-26,731	1,00	44,81	B	C
NGUYÊN TỬ	3124	O	LEU	483	-62,583	-13,710	-27,390	1,00	44,85	B	O
NGUYÊN TỬ	3125	N	LEU	484	-61,165	-14,277	-25,741	1,00	44,25	B	N
NGUYÊN TỬ	3126	CA	LEU	484	-61,836	-15,545	-25,459	1,00	43,90	B	C
NGUYÊN TỬ	3127	CB	LEU	484	-60,820	-16,618	-25,064	1,00	41,25	B	C
NGUYÊN TỬ	3128	CG	LEU	484	-59,820	-17,008	-26,151	1,00	40,18	B	C
NGUYÊN TỬ	3129	CD1	LEU	484	-59,149	-18,324	-25,797	1,00	38,70	B	C
NGUYÊN TỬ	3130	CD2	LEU	484	-60,544	-17,131	-27,465	1,00	40,84	B	C
NGUYÊN TỬ	3131	C	LEU	484	-62,908	-15,444	-24,380	1,00	44,90	B	C
NGUYÊN TỬ	3132	O	LEU	484	-63,754	-16,326	-24,262	1,00	46,30	B	O
NGUYÊN TỬ	3133	N	SER	485	-62,873	-14,380	-23,587	1,00	46,22	B	N
NGUYÊN TỬ	3134	CA	SER	485	-63,958	-14,123	-22,647	1,00	46,47	B	C
NGUYÊN TỬ	3135	CB	SER	485	-63,866	-15,065	-21,450	1,00	46,34	B	C
NGUYÊN TỬ	3136	OG	SER	485	-62,827	-14,667	-20,580	1,00	45,49	B	O
NGUYÊN TỬ	3137	C	SER	485	-63,972	-12,684	-22,152	1,00	46,84	B	C
NGUYÊN TỬ	3138	O	SER	485	-63,101	-11,886	-22,486	1,00	47,34	B	O
NGUYÊN TỬ	3139	N	CYS	486	-64,968	-12,373	-21,333	1,00	48,22	B	N
NGUYÊN TỬ	3140	CA	CYS	486	-65,299	-10,997	-21,000	1,00	49,92	B	C
NGUYÊN TỬ	3141	C	CYS	486	-66,118	-10,992	-19,719	1,00	49,99	B	C
NGUYÊN TỬ	3142	O	CYS	486	-67,213	-11,557	-19,675	1,00	50,31	B	O
NGUYÊN TỬ	3143	CB	CYS	486	-66,103	-10,386	-22,151	1,00	52,24	B	C
NGUYÊN TỬ	3144	SG	CYS	486	-66,813	-8,726	-21,890	1,00	59,49	B	S
NGUYÊN TỬ	3145	N	SER	487	-65,581	-10,372	-18,672	1,00	49,69	B	N
NGUYÊN TỬ	3146	CA	SER	487	-66,331	-10,198	-17,431	1,00	49,46	B	C
NGUYÊN TỬ	3147	CB	SER	487	-65,750	-11,083	-16,328	1,00	48,38	B	C
NGUYÊN TỬ	3148	OG	SER	487	-64,402	-10,754	-16,063	1,00	49,39	B	O
NGUYÊN TỬ	3149	C	SER	487	-66,328	-8,736	-16,989	1,00	49,59	B	C
NGUYÊN TỬ	3150	O	SER	487	-65,852	-7,863	-17,713	1,00	49,27	B	O
NGUYÊN TỬ	3151	N	SER	488	-66,872	-8,470	-15,807	1,00	49,56	B	N
NGUYÊN TỬ	3152	CA	SER	488	-66,998	-7,100	-15,333	1,00	51,42	B	C
NGUYÊN TỬ	3153	CB	SER	488	-68,295	-6,485	-15,853	1,00	50,06	B	C
NGUYÊN TỬ	3154	OG	SER	488	-69,420	-7,186	-15,358	1,00	50,85	B	O
NGUYÊN TỬ	3155	C	SER	488	-66,963	-7,035	-13,814	1,00	53,00	B	C
NGUYÊN TỬ	3156	O	SER	488	-67,233	-8,022	-13,135	1,00	54,35	B	O
NGUYÊN TỬ	3157	N	PHE	489	-66,614	-5,869	-13,284	1,00	55,50	B	N
NGUYÊN TỬ	3158	CA	PHE	489	-66,478	-5,700	-11,842	1,00	58,01	B	C
NGUYÊN TỬ	3159	CB	PHE	489	-65,049	-6,037	-11,405	1,00	56,05	B	C
NGUYÊN TỬ	3160	CG	PHE	489	-64,765	-5,733	-9,959	1,00	56,36	B	C
NGUYÊN TỬ	3161	CD1	PHE	489	-65,412	-6,426	-8,949	1,00	56,87	B	C
NGUYÊN TỬ	3162	CD2	PHE	489	-63,842	-4,759	-9,611	1,00	55,96	B	C
NGUYÊN TỬ	3163	CE1	PHE	489	-65,145	-6,156	-7,615	1,00	56,29	B	C
NGUYÊN TỬ	3164	CE2	PHE	489	-63,570	-4,483	-8,281	1,00	55,63	B	C
NGUYÊN TỬ	3165	CZ	PHE	489	-64,223	-5,183	-7,281	1,00	55,87	B	C
NGUYÊN TỬ	3166	C	PHE	489	-66,829	-4,280	-11,405	1,00	60,88	B	C
NGUYÊN TỬ	3167	O	PHE	489	-66,417	-3,298	-12,028	1,00	60,67	B	O
NGUYÊN TỬ	3168	N	SER	490	-67,604	-4,188	-10,330	1,00	64,50	B	N
NGUYÊN TỬ	3169	CA	SER	490	-67,931	-2,913	-9,704	1,00	68,24	B	C
NGUYÊN TỬ	3170	CB	SER	490	-69,370	-2,513	-10,038	1,00	68,91	B	C
NGUYÊN TỬ	3171	OG	SER	490	-69,721	-1,289	-9,418	1,00	72,44	B	O
NGUYÊN TỬ	3172	C	SER	490	-67,779	-3,094	-8,200	1,00	70,33	B	C
NGUYÊN TỬ	3173	O	SER	490	-68,275	-4,068	-7,636	1,00	70,86	B	O
NGUYÊN TỬ	3174	N	ARG	491	-67,085	-2,167	-7,549	1,00	72,98	B	N
NGUYÊN TỬ	3175	CA	ARG	491	-66,842	-2,300	-6,118	1,00	75,53	B	C
NGUYÊN TỬ	3176	CB	ARG	491	-65,779	-1,295	-5,666	1,00	77,17	B	C
NGUYÊN TỬ	3177	CG	ARG	491	-64,422	-1,536	-6,308	1,00	80,24	B	C
NGUYÊN TỬ	3178	CD	ARG	491	-63,325	-0,685	-5,687	1,00	82,34	B	C
NGUYÊN TỬ	3179	NE	ARG	491	-62,027	-0,962	-6,299	1,00	83,86	B	N
NGUYÊN TỬ	3180	CZ	ARG	491	-61,603	-0,412	-7,434	1,00	84,91	B	C
NGUYÊN TỬ	3181	NH1	ARG	491	-60,408	-0,725	-7,917	1,00	84,85	B	N
NGUYÊN TỬ	3182	NH2	ARG	491	-62,373	0,453	-8,086	1,00	84,91	B	N
NGUYÊN TỬ	3183	C	ARG	491	-68,133	-2,099	-5,334	1,00	76,00	B	C
NGUYÊN TỬ	3184	O	ARG	491	-68,302	-2,649	-4,248	1,00	75,57	B	O
NGUYÊN TỬ	3185	N	SER	492	-69,047	-1,317	-5,901	1,00	77,48	B	N
NGUYÊN TỬ	3186	CA	SER	492	-70,354	-1,096	-5,290	1,00	79,37	B	C
NGUYÊN TỬ	3187	CB	SER	492	-71,028	0,129	-5,911	1,00	79,14	B	C
NGUYÊN TỬ	3188	OG	SER	492	-71,317	-0,090	-7,282	1,00	79,09	B	O
NGUYÊN TỬ	3189	C	SER	492	-71,240	-2,321	-5,494	1,00	80,75	B	C
NGUYÊN TỬ	3190	O	SER	492	-72,065	-2,652	-4,642	1,00	81,44	B	O

NGUYÊN TỬ	3191	N	GLY	493	-71,062	-2,988	-6,631	1,00	81,13	B	N
NGUYÊN TỬ	3192	CA	GLY	493	-71,864	-4,157	-6,939	1,00	80,72	B	C
NGUYÊN TỬ	3193	C	GLY	493	-73,023	-3,825	-7,858	1,00	80,78	B	C
NGUYÊN TỬ	3194	O	GLY	493	-73,689	-4,719	-8,378	1,00	80,89	B	O
NGUYÊN TỬ	3195	N	LYS	494	-73,263	-2,533	-8,060	1,00	80,45	B	N
NGUYÊN TỬ	3196	CA	LYS	494	-74,352	-2,082	-8,917	1,00	79,64	B	C
NGUYÊN TỬ	3197	CB	LYS	494	-74,821	-0,690	-8,484	1,00	81,16	B	C
NGUYÊN TỬ	3198	CG	LYS	494	-75,389	-0,633	-7,071	1,00	83,07	B	C
NGUYÊN TỬ	3199	CD	LYS	494	-75,838	0,779	-6,712	1,00	84,54	B	C
NGUYÊN TỬ	3200	CE	LYS	494	-76,744	0,789	-5,483	1,00	85,65	B	C
NGUYÊN TỬ	3201	NZ	LYS	494	-76,058	0,292	-4,255	1,00	85,21	B	N
NGUYÊN TỬ	3202	C	LYS	494	-73,900	-2,040	-10,369	1,00	78,44	B	C
NGUYÊN TỬ	3203	O	LYS	494	-73,266	-1,081	-10,805	1,00	78,70	B	O
NGUYÊN TỬ	3204	N	ARG	495	-74,232	-3,087	-11,115	1,00	77,53	B	N
NGUYÊN TỬ	3205	CA	ARG	495	-73,848	-3,179	-12,519	1,00	76,32	B	C
NGUYÊN TỬ	3206	CB	ARG	495	-72,525	-3,933	-12,655	1,00	76,14	B	C
NGUYÊN TỬ	3207	CG	ARG	495	-72,587	-5,346	-12,128	1,00	75,82	B	C
NGUYÊN TỬ	3208	CD	ARG	495	-71,211	-5,965	-12,011	1,00	76,68	B	C
NGUYÊN TỬ	3209	NE	ARG	495	-71,292	-7,320	-11,477	1,00	77,74	B	N
NGUYÊN TỬ	3210	CZ	ARG	495	-71,266	-8,420	-12,223	1,00	78,22	B	C
NGUYÊN TỬ	3211	NH1	ARG	495	-71,350	-9,613	-11,649	1,00	78,62	B	N
NGUYÊN TỬ	3212	NH2	ARG	495	-71,150	-8,330	-13,541	1,00	78,31	B	N
NGUYÊN TỬ	3213	C	ARG	495	-74,930	-3,909	-13,297	1,00	75,33	B	C
NGUYÊN TỬ	3214	O	ARG	495	-75,787	-4,564	-12,708	1,00	75,07	B	O
NGUYÊN TỬ	3215	N	ARG	496	-74,890	-3,795	-14,619	1,00	74,53	B	N
NGUYÊN TỬ	3216	CA	ARG	496	-75,827	-4,522	-15,464	1,00	74,26	B	C
NGUYÊN TỬ	3217	CB	ARG	496	-76,653	-3,540	-16,299	1,00	75,26	B	C
NGUYÊN TỬ	3218	CG	ARG	496	-77,599	-2,676	-15,472	1,00	77,17	B	C
NGUYÊN TỬ	3219	CD	ARG	496	-78,601	-1,945	-16,354	1,00	78,98	B	C
NGUYÊN TỬ	3220	NE	ARG	496	-77,937	-1,117	-17,358	1,00	82,03	B	N
NGUYÊN TỬ	3221	CZ	ARG	496	-78,553	-0,564	-18,398	1,00	83,71	B	C
NGUYÊN TỬ	3222	NH1	ARG	496	-79,855	-0,747	-18,580	1,00	84,51	B	N
NGUYÊN TỬ	3223	NH2	ARG	496	-77,864	0,174	-19,260	1,00	84,84	B	N
NGUYÊN TỬ	3224	C	ARG	496	-75,124	-5,533	-16,374	1,00	73,26	B	C
NGUYÊN TỬ	3225	O	ARG	496	-75,604	-5,837	-17,467	1,00	72,51	B	O
NGUYÊN TỬ	3226	N	GLY	497	-73,985	-6,049	-15,917	1,00	71,89	B	N
NGUYÊN TỬ	3227	CA	GLY	497	-73,320	-7,124	-16,632	1,00	70,45	B	C
NGUYÊN TỬ	3228	C	GLY	497	-72,398	-6,668	-17,747	1,00	69,59	B	C
NGUYÊN TỬ	3229	O	GLY	497	-71,964	-5,517	-17,776	1,00	69,36	B	O
NGUYÊN TỬ	3230	N	GLU	498	-72,098	-7,578	-18,670	1,00	68,77	B	N
NGUYÊN TỬ	3231	CA	GLU	498	-71,173	-7,288	-19,760	1,00	68,48	B	C
NGUYÊN TỬ	3232	CB	GLU	498	-69,744	-7,653	-19,350	1,00	67,95	B	C
NGUYÊN TỬ	3233	CG	GLU	498	-69,474	-9,150	-19,254	1,00	67,56	B	C
NGUYÊN TỬ	3234	CD	GLU	498	-70,106	-9,795	-18,030	1,00	68,08	B	C
NGUYÊN TỬ	3235	OE1	GLU	498	-69,782	-9,383	-16,895	1,00	67,57	B	O
NGUYÊN TỬ	3236	OE2	GLU	498	-70,927	-10,720	-18,202	1,00	69,43	B	O
NGUYÊN TỬ	3237	C	GLU	498	-71,550	-8,052	-21,024	1,00	68,67	B	C
NGUYÊN TỬ	3238	O	GLU	498	-72,284	-9,037	-20,968	1,00	67,70	B	O
NGUYÊN TỬ	3239	N	ARG	499	-71,046	-7,590	-22,162	1,00	69,43	B	N
NGUYÊN TỬ	3240	CA	ARG	499	-71,295	-8,254	-23,434	1,00	72,09	B	C
NGUYÊN TỬ	3241	CB	ARG	499	-72,483	-7,606	-24,149	1,00	74,63	B	C
NGUYÊN TỬ	3242	CG	ARG	499	-72,297	-6,129	-24,460	1,00	79,98	B	C
NGUYÊN TỬ	3243	CD	ARG	499	-73,461	-5,591	-25,277	1,00	83,74	B	C
NGUYÊN TỬ	3244	NE	ARG	499	-73,573	-6,288	-26,557	1,00	88,28	B	N
NGUYÊN TỬ	3245	CZ	ARG	499	-74,571	-6,120	-27,420	1,00	90,00	B	C
NGUYÊN TỬ	3246	NH1	ARG	499	-74,582	-6,802	-28,559	1,00	90,05	B	N
NGUYÊN TỬ	3247	NH2	ARG	499	-75,558	-5,275	-27,142	1,00	90,84	B	N
NGUYÊN TỬ	3248	C	ARG	499	-70,065	-8,186	-24,329	1,00	72,18	B	C
NGUYÊN TỬ	3249	O	ARG	499	-69,243	-7,284	-24,200	1,00	71,77	B	O
NGUYÊN TỬ	3250	N	MET	500	-69,939	-9,151	-25,232	1,00	73,12	B	N
NGUYÊN TỬ	3251	CA	MET	500	-68,895	-9,109	-26,245	1,00	74,86	B	C
NGUYÊN TỬ	3252	CB	MET	500	-68,290	-10,498	-26,439	1,00	75,04	B	C
NGUYÊN TỬ	3253	CG	MET	500	-67,541	-11,022	-25,231	1,00	75,98	B	C
NGUYÊN TỬ	3254	SD	MET	500	-67,019	-12,735	-25,437	1,00	77,64	B	S
NGUYÊN TỬ	3255	CE	MET	500	-68,472	-13,608	-24,783	1,00	75,19	B	C
NGUYÊN TỬ	3256	C	MET	500	-69,471	-8,611	-27,565	1,00	75,89	B	C
NGUYÊN TỬ	3257	O	MET	500	-70,349	-9,244	-28,147	1,00	75,73	B	O
NGUYÊN TỬ	3258	N	GLU	501	-68,971	-7,471	-28,029	1,00	77,75	B	N
NGUYÊN TỬ	3259	CA	GLU	501	-69,475	-6,838	-29,242	1,00	79,49	B	C
NGUYÊN TỬ	3260	CB	GLU	501	-69,823	-5,372	-28,975	1,00	80,04	B	C
NGUYÊN TỬ	3261	CG	GLU	501	-70,879	-5,151	-27,908	1,00	82,37	B	C
NGUYÊN TỬ	3262	CD	GLU	501	-71,193	-3,677	-27,702	1,00	83,60	B	C
NGUYÊN TỬ	3263	OE1	GLU	501	-70,530	-2,832	-28,343	1,00	83,92	B	O
NGUYÊN TỬ	3264	OE2	GLU	501	-72,102	-3,367	-26,901	1,00	84,18	B	O
NGUYÊN TỬ	3265	C	GLU	501	-68,432	-6,897	-30,343	1,00	80,62	B	C
NGUYÊN TỬ	3266	O	GLU	501	-67,253	-7,122	-30,080	1,00	81,37	B	O

NGUYÊN TỬ	3267	N	ALA	502	-68,871	-6,685	-31,577	1,00	81,89	B	N
NGUYÊN TỬ	3268	CA	ALA	502	-67,950	-6,483	-32,684	1,00	83,20	B	C
NGUYÊN TỬ	3269	CB	ALA	502	-68,497	-7,137	-33,942	1,00	83,17	B	C
NGUYÊN TỬ	3270	C	ALA	502	-67,739	-4,987	-32,918	1,00	84,38	B	C
NGUYÊN TỬ	3271	O	ALA	502	-68,689	-4,202	-32,889	1,00	84,50	B	O
NGUYÊN TỬ	3272	N	GLN	503	-66,485	-4,601	-33,133	1,00	85,34	B	N
NGUYÊN TỬ	3273	CA	GLN	503	-66,143	-3,237	-33,521	1,00	85,73	B	C
NGUYÊN TỬ	3274	CB	GLN	503	-65,807	-2,394	-32,291	1,00	85,79	B	C
NGUYÊN TỬ	3275	CG	GLN	503	-66,989	-2,127	-31,379	1,00	87,34	B	C
NGUYÊN TỬ	3276	CD	GLN	503	-66,707	-1,020	-30,381	1,00	88,20	B	C
NGUYÊN TỬ	3277	OE1	GLN	503	-65,587	-0,508	-30,304	1,00	88,07	B	O
NGUYÊN TỬ	3278	NE2	GLN	503	-67,723	-0,644	-29,610	1,00	88,12	B	N
NGUYÊN TỬ	3279	C	GLN	503	-64,941	-3,268	-34,456	1,00	86,14	B	C
NGUYÊN TỬ	3280	O	GLN	503	-63,865	-3,733	-34,081	1,00	86,49	B	O
NGUYÊN TỬ	3281	N	GLY	504	-65,127	-2,775	-35,675	1,00	85,95	B	N
NGUYÊN TỬ	3282	CA	GLY	504	-64,066	-2,858	-36,659	1,00	84,92	B	C
NGUYÊN TỬ	3283	C	GLY	504	-63,668	-4,298	-36,918	1,00	84,27	B	C
NGUYÊN TỬ	3284	O	GLY	504	-62,487	-4,601	-37,096	1,00	84,30	B	O
NGUYÊN TỬ	3285	N	GLY	505	-64,652	-5,192	-36,929	1,00	83,46	B	N
NGUYÊN TỬ	3286	CA	GLY	505	-64,376	-6,587	-37,221	1,00	82,44	B	C
NGUYÊN TỬ	3287	C	GLY	505	-63,505	-7,254	-36,172	1,00	81,46	B	C
NGUYÊN TỬ	3288	O	GLY	505	-62,900	-8,296	-36,426	1,00	81,89	B	O
NGUYÊN TỬ	3289	N	LYS	506	-63,434	-6,645	-34,992	1,00	79,89	B	N
NGUYÊN TỬ	3290	CA	LYS	506	-62,694	-7,214	-33,870	1,00	77,91	B	C
NGUYÊN TỬ	3291	CB	LYS	506	-61,499	-6,320	-33,519	1,00	79,66	B	C
NGUYÊN TỬ	3292	CG	LYS	506	-60,246	-7,075	-33,110	1,00	81,29	B	C
NGUYÊN TỬ	3293	CD	LYS	506	-59,493	-7,584	-34,332	1,00	83,87	B	C
NGUYÊN TỬ	3294	CE	LYS	506	-58,221	-8,327	-33,940	1,00	85,75	B	C
NGUYÊN TỬ	3295	NZ	LYS	506	-57,438	-8,754	-35,136	1,00	86,14	B	N
NGUYÊN TỬ	3296	C	LYS	506	-63,631	-7,314	-32,669	1,00	75,15	B	C
NGUYÊN TỬ	3297	O	LYS	506	-64,476	-6,442	-32,465	1,00	74,81	B	O
NGUYÊN TỬ	3298	N	LEU	507	-63,487	-8,371	-31,877	1,00	71,57	B	N
NGUYÊN TỬ	3299	CA	LEU	507	-64,313	-8,524	-30,684	1,00	68,58	B	C
NGUYÊN TỬ	3300	CB	LEU	507	-64,419	-10,000	-30,294	1,00	70,01	B	C
NGUYÊN TỬ	3301	CG	LEU	507	-65,504	-10,799	-31,017	1,00	71,09	B	C
NGUYÊN TỬ	3302	CD1	LEU	507	-65,466	-12,256	-30,572	1,00	72,08	B	C
NGUYÊN TỬ	3303	CD2	LEU	507	-66,861	-10,184	-30,716	1,00	70,93	B	C
NGUYÊN TỬ	3304	C	LEU	507	-63,774	-7,719	-29,505	1,00	65,55	B	C
NGUYÊN TỬ	3305	O	LEU	507	-62,596	-7,808	-29,162	1,00	65,40	B	O
NGUYÊN TỬ	3306	N	VAL	508	-64,647	-6,929	-28,891	1,00	62,61	B	N
NGUYÊN TỬ	3307	CA	VAL	508	-64,284	-6,166	-27,706	1,00	60,31	B	C
NGUYÊN TỬ	3308	CB	VAL	508	-64,402	-4,648	-27,958	1,00	59,66	B	C
NGUYÊN TỬ	3309	CG1	VAL	508	-63,534	-4,250	-29,141	1,00	58,42	B	C
NGUYÊN TỬ	3310	CG2	VAL	508	-65,850	-4,271	-28,199	1,00	58,70	B	C
NGUYÊN TỬ	3311	C	VAL	508	-65,181	-6,544	-26,534	1,00	59,23	B	C
NGUYÊN TỬ	3312	O	VAL	508	-66,215	-7,183	-26,713	1,00	58,09	B	O
NGUYÊN TỬ	3313	N	CYS	509	-64,773	-6,149	-25,335	1,00	59,26	B	N
NGUYÊN TỬ	3314	CA	CYS	509	-65,501	-6,483	-24,119	1,00	60,27	B	C
NGUYÊN TỬ	3315	C	CYS	509	-66,128	-5,225	-23,534	1,00	61,97	B	C
NGUYÊN TỬ	3316	O	CYS	509	-65,421	-4,335	-23,065	1,00	62,31	B	O
NGUYÊN TỬ	3317	CB	CYS	509	-64,533	-7,109	-23,113	1,00	59,87	B	C
NGUYÊN TỬ	3318	SG	CYS	509	-65,198	-7,558	-21,476	1,00	60,83	B	S
NGUYÊN TỬ	3319	N	ARG	510	-67,455	-5,155	-23,565	1,00	63,76	B	N
NGUYÊN TỬ	3320	CA	ARG	510	-68,173	-3,970	-23,107	1,00	65,70	B	C
NGUYÊN TỬ	3321	CB	ARG	510	-69,146	-3,499	-24,191	1,00	67,66	B	C
NGUYÊN TỬ	3322	CG	ARG	510	-69,977	-2,286	-23,801	1,00	71,78	B	C
NGUYÊN TỬ	3323	CD	ARG	510	-69,457	-1,026	-24,473	1,00	76,06	B	C
NGUYÊN TỬ	3324	NE	ARG	510	-70,306	-0,602	-25,585	1,00	79,19	B	N
NGUYÊN TỬ	3325	CZ	ARG	510	-69,871	0,077	-26,643	1,00	81,45	B	C
NGUYÊN TỬ	3326	NH1	ARG	510	-70,715	0,424	-27,605	1,00	82,26	B	N
NGUYÊN TỬ	3327	NH2	ARG	510	-68,590	0,407	-26,746	1,00	81,82	B	N
NGUYÊN TỬ	3328	C	ARG	510	-68,940	-4,240	-21,817	1,00	66,34	B	C
NGUYÊN TỬ	3329	O	ARG	510	-69,755	-5,157	-21,751	1,00	66,22	B	O
NGUYÊN TỬ	3330	N	ALA	511	-68,674	-3,435	-20,794	1,00	67,79	B	N
NGUYÊN TỬ	3331	CA	ALA	511	-69,380	-3,557	-19,525	1,00	69,49	B	C
NGUYÊN TỬ	3332	CB	ALA	511	-68,390	-3,565	-18,375	1,00	69,05	B	C
NGUYÊN TỬ	3333	C	ALA	511	-70,366	-2,408	-19,359	1,00	72,13	B	C
NGUYÊN TỬ	3334	O	ALA	511	-70,060	-1,260	-19,685	1,00	71,53	B	O
NGUYÊN TỬ	3335	N	HIS	512	-71,552	-2,725	-18,852	1,00	75,10	B	N
NGUYÊN TỬ	3336	CA	HIS	512	-72,610	-1,734	-18,709	1,00	77,76	B	C
NGUYÊN TỬ	3337	CB	HIS	512	-73,915	-2,276	-19,305	1,00	79,16	B	C
NGUYÊN TỬ	3338	CG	HIS	512	-73,832	-2,568	-20,773	1,00	80,99	B	C
NGUYÊN TỬ	3339	CD2	HIS	512	-73,653	-3,732	-21,442	1,00	81,47	B	C
NGUYÊN TỬ	3340	ND1	HIS	512	-73,926	-1,584	-21,735	1,00	81,65	B	N
NGUYÊN TỬ	3341	CE1	HIS	512	-73,807	-2,130	-22,933	1,00	81,85	B	C
NGUYÊN TỬ	3342	NE2	HIS	512	-73,640	-3,431	-22,783	1,00	81,72	B	N

NGUYÊN TỬ	3343	C	HIS	512	-72,814	-1,370	-17,244	1,00	78,56	B	C
NGUYÊN TỬ	3344	O	HIS	512	-72,797	-2,238	-16,371	1,00	77,69	B	O
NGUYÊN TỬ	3345	N	ASN	513	-73,006	-0,081	-16,981	1,00	80,56	B	N
NGUYÊN TỬ	3346	CA	ASN	513	-73,163	0,401	-15,613	1,00	83,31	B	C
NGUYÊN TỬ	3347	CB	ASN	513	-72,626	1,831	-15,495	1,00	82,08	B	C
NGUYÊN TỬ	3348	CG	ASN	513	-72,534	2,302	-14,054	1,00	81,68	B	C
NGUYÊN TỬ	3349	OD1	ASN	513	-72,666	1,510	-13,120	1,00	81,74	B	O
NGUYÊN TỬ	3350	ND2	ASN	513	-72,304	3,597	-13,867	1,00	80,52	B	N
NGUYÊN TỬ	3351	C	ASN	513	-74,626	0,363	-15,172	1,00	85,41	B	C
NGUYÊN TỬ	3352	O	ASN	513	-75,534	0,530	-15,987	1,00	85,81	B	O
NGUYÊN TỬ	3353	N	ALA	514	-74,847	0,140	-13,880	1,00	87,99	B	N
NGUYÊN TỬ	3354	CA	ALA	514	-76,188	0,207	-13,311	1,00	91,44	B	C
NGUYÊN TỬ	3355	CB	ALA	514	-76,222	-0,503	-11,962	1,00	90,86	B	C
NGUYÊN TỬ	3356	C	ALA	514	-76,608	1,666	-13,149	1,00	94,10	B	C
NGUYÊN TỬ	3357	O	ALA	514	-75,762	2,559	-13,074	1,00	94,52	B	O
NGUYÊN TỬ	3358	N	PHE	515	-77,916	1,905	-13,094	1,00	96,76	B	N
NGUYÊN TỬ	3359	CA	PHE	515	-78,440	3,265	-13,033	1,00	98,60	B	C
NGUYÊN TỬ	3360	CB	PHE	515	-79,951	3,262	-13,296	1,00	101,08	B	C
NGUYÊN TỬ	3361	CG	PHE	515	-80,327	2,774	-14,671	1,00	103,86	B	C
NGUYÊN TỬ	3362	CD1	PHE	515	-81,351	1,853	-14,840	1,00	104,87	B	C
NGUYÊN TỬ	3363	CD2	PHE	515	-79,658	3,237	-15,795	1,00	104,65	B	C
NGUYÊN TỬ	3364	CE1	PHE	515	-81,701	1,400	-16,103	1,00	105,30	B	C
NGUYÊN TỬ	3365	CE2	PHE	515	-80,003	2,789	-17,061	1,00	105,48	B	C
NGUYÊN TỬ	3366	CZ	PHE	515	-81,026	1,869	-17,215	1,00	105,53	B	C
NGUYÊN TỬ	3367	C	PHE	515	-78,147	3,936	-11,692	1,00	98,36	B	C
NGUYÊN TỬ	3368	O	PHE	515	-78,217	5,160	-11,576	1,00	98,94	B	O
NGUYÊN TỬ	3369	N	GLY	516	-77,816	3,135	-10,684	1,00	97,52	B	N
NGUYÊN TỬ	3370	CA	GLY	516	-77,447	3,691	-9,394	1,00	96,59	B	C
NGUYÊN TỬ	3371	C	GLY	516	-75,972	3,529	-9,061	1,00	96,24	B	C
NGUYÊN TỬ	3372	O	GLY	516	-75,559	3,767	-7,925	1,00	96,40	B	O
NGUYÊN TỬ	3373	N	GLY	517	-75,175	3,130	-10,049	1,00	95,19	B	N
NGUYÊN TỬ	3374	CA	GLY	517	-73,790	2,774	-9,787	1,00	92,79	B	C
NGUYÊN TỬ	3375	C	GLY	517	-72,776	3,864	-10,079	1,00	91,22	B	C
NGUYÊN TỬ	3376	O	GLY	517	-73,064	4,826	-10,794	1,00	91,57	B	O
NGUYÊN TỬ	3377	N	GLU	518	-71,577	3,701	-9,525	1,00	89,22	B	N
NGUYÊN TỬ	3378	CA	GLU	518	-70,512	4,693	-9,645	1,00	86,83	B	C
NGUYÊN TỬ	3379	CB	GLU	518	-69,724	4,773	-8,334	1,00	89,07	B	C
NGUYÊN TỬ	3380	CG	GLU	518	-69,853	3,538	-7,443	1,00	92,53	B	C
NGUYÊN TỬ	3381	CD	GLU	518	-69,338	2,270	-8,105	1,00	94,95	B	C
NGUYÊN TỬ	3382	OE1	GLU	518	-68,149	1,936	-7,912	1,00	96,07	B	O
NGUYÊN TỬ	3383	OE2	GLU	518	-70,124	1,603	-8,813	1,00	96,67	B	O
NGUYÊN TỬ	3384	C	GLU	518	-69,557	4,398	-10,798	1,00	83,45	B	C
NGUYÊN TỬ	3385	O	GLU	518	-68,691	5,213	-11,122	1,00	83,02	B	O
NGUYÊN TỬ	3386	N	GLY	519	-69,717	3,231	-11,413	1,00	79,54	B	N
NGUYÊN TỬ	3387	CA	GLY	519	-68,872	2,864	-12,536	1,00	73,49	B	C
NGUYÊN TỬ	3388	C	GLY	519	-68,469	1,401	-12,522	1,00	69,03	B	C
NGUYÊN TỬ	3389	O	GLY	519	-68,432	0,761	-11,468	1,00	68,16	B	O
NGUYÊN TỬ	3390	N	VAL	520	-68,164	0,868	-13,701	1,00	64,49	B	N
NGUYÊN TỬ	3391	CA	VAL	520	-67,812	-0,540	-13,838	1,00	60,24	B	C
NGUYÊN TỬ	3392	CB	VAL	520	-68,924	-1,328	-14,570	1,00	59,70	B	C
NGUYÊN TỬ	3393	CG1	VAL	520	-70,216	-1,262	-13,780	1,00	60,31	B	C
NGUYÊN TỬ	3394	CG2	VAL	520	-69,128	-0,761	-15,968	1,00	58,45	B	C
NGUYÊN TỬ	3395	C	VAL	520	-66,525	-0,699	-14,632	1,00	57,65	B	C
NGUYÊN TỬ	3396	O	VAL	520	-66,190	0,146	-15,462	1,00	55,74	B	O
NGUYÊN TỬ	3397	N	TYR	521	-65,806	-1,786	-14,376	1,00	55,08	B	N
NGUYÊN TỬ	3398	CA	TYR	521	-64,711	-2,180	-15,252	1,00	53,22	B	C
NGUYÊN TỬ	3399	CB	TYR	521	-63,522	-2,693	-14,438	1,00	52,94	B	C
NGUYÊN TỬ	3400	CG	TYR	521	-62,891	-1,659	-13,537	1,00	53,88	B	C
NGUYÊN TỬ	3401	CD1	TYR	521	-63,254	-1,566	-12,200	1,00	54,58	B	C
NGUYÊN TỬ	3402	CE1	TYR	521	-62,667	-0,639	-11,362	1,00	55,31	B	C
NGUYÊN TỬ	3403	CD2	TYR	521	-61,919	-0,790	-14,016	1,00	53,24	B	C
NGUYÊN TỬ	3404	CE2	TYR	521	-61,326	0,140	-13,185	1,00	54,89	B	C
NGUYÊN TỬ	3405	CZ	TYR	521	-61,704	0,210	-11,859	1,00	55,53	B	C
NGUYÊN TỬ	3406	OH	TYR	521	-61,120	1,134	-11,021	1,00	57,45	B	O
NGUYÊN TỬ	3407	C	TYR	521	-65,161	-3,272	-16,215	1,00	51,73	B	C
NGUYÊN TỬ	3408	O	TYR	521	-65,941	-4,155	-15,853	1,00	51,92	B	O
NGUYÊN TỬ	3409	N	ALA	522	-64,671	-3,201	-17,446	1,00	49,79	B	N
NGUYÊN TỬ	3410	CA	ALA	522	-64,726	-4,338	-18,350	1,00	48,15	B	C
NGUYÊN TỬ	3411	CB	ALA	522	-64,927	-3,866	-19,782	1,00	47,08	B	C
NGUYÊN TỬ	3412	C	ALA	522	-63,401	-5,076	-18,220	1,00	48,00	B	C
NGUYÊN TỬ	3413	O	ALA	522	-62,348	-4,451	-18,090	1,00	48,65	B	O
NGUYÊN TỬ	3414	N	ILE	523	-63,456	-6,403	-18,240	1,00	45,80	B	N
NGUYÊN TỬ	3415	CA	ILE	523	-62,257	-7,208	-18,080	1,00	43,99	B	C
NGUYÊN TỬ	3416	CB	ILE	523	-62,240	-7,891	-16,715	1,00	43,33	B	C
NGUYÊN TỬ	3417	CG2	ILE	523	-60,937	-8,642	-16,529	1,00	42,17	B	C
NGUYÊN TỬ	3418	CG1	ILE	523	-62,406	-6,837	-15,618	1,00	43,33	B	C

NGUYÊN TỬ	3419	CD1	ILE	523	-62,845	-7,401	-14,295	1,00	41,92	B	C
NGUYÊN TỬ	3420	C	ILE	523	-62,187	-8,267	-19,165	1,00	44,59	B	C
NGUYÊN TỬ	3421	O	ILE	523	-63,005	-9,190	-19,209	1,00	46,06	B	O
NGUYÊN TỬ	3422	N	ALA	524	-61,207	-8,127	-20,048	1,00	42,53	B	N
NGUYÊN TỬ	3423	CA	ALA	524	-61,078	-9,025	-21,179	1,00	41,89	B	C
NGUYÊN TỬ	3424	CB	ALA	524	-60,713	-8,238	-22,431	1,00	41,27	B	C
NGUYÊN TỬ	3425	C	ALA	524	-60,024	-10,080	-20,898	1,00	41,28	B	C
NGUYÊN TỬ	3426	O	ALA	524	-59,078	-9,851	-20,150	1,00	41,18	B	O
NGUYÊN TỬ	3427	N	ARG	525	-60,200	-11,247	-21,497	1,00	41,36	B	N
NGUYÊN TỬ	3428	CA	ARG	525	-59,173	-12,270	-21,451	1,00	41,15	B	C
NGUYÊN TỬ	3429	CB	ARG	525	-59,781	-13,570	-20,924	1,00	40,18	B	C
NGUYÊN TỬ	3430	CG	ARG	525	-58,773	-14,635	-20,566	1,00	39,48	B	C
NGUYÊN TỬ	3431	CD	ARG	525	-58,041	-14,338	-19,268	1,00	37,58	B	C
NGUYÊN TỬ	3432	NE	ARG	525	-57,191	-15,473	-18,924	1,00	37,63	B	N
NGUYÊN TỬ	3433	CZ	ARG	525	-56,069	-15,401	-18,221	1,00	38,00	B	C
NGUYÊN TỬ	3434	NH1	ARG	525	-55,376	-16,508	-17,975	1,00	35,82	B	N
NGUYÊN TỬ	3435	NH2	ARG	525	-55,643	-14,230	-17,761	1,00	37,77	B	N
NGUYÊN TỬ	3436	C	ARG	525	-58,628	-12,439	-22,869	1,00	40,98	B	C
NGUYÊN TỬ	3437	O	ARG	525	-59,364	-12,790	-23,787	1,00	41,72	B	O
NGUYÊN TỬ	3438	N	CYS	526	-57,342	-12,163	-23,050	1,00	41,85	B	N
NGUYÊN TỬ	3439	CA	CYS	526	-56,764	-12,090	-24,387	1,00	42,79	B	C
NGUYÊN TỬ	3440	C	CYS	526	-55,720	-13,167	-24,581	1,00	42,97	B	C
NGUYÊN TỬ	3441	O	CYS	526	-54,816	-13,322	-23,761	1,00	44,19	B	O
NGUYÊN TỬ	3442	CB	CYS	526	-56,121	-10,723	-24,615	1,00	45,96	B	C
NGUYÊN TỬ	3443	SG	CYS	526	-57,256	-9,311	-24,431	1,00	49,70	B	S
NGUYÊN TỬ	3444	N	CYS	527	-55,837	-13,912	-25,674	1,00	43,71	B	N
NGUYÊN TỬ	3445	CA	CYS	527	-55,014	-15,099	-25,851	1,00	43,31	B	C
NGUYÊN TỬ	3446	C	CYS	527	-54,445	-15,210	-27,257	1,00	43,72	B	C
NGUYÊN TỬ	3447	O	CYS	527	-55,045	-14,739	-28,226	1,00	41,42	B	O
NGUYÊN TỬ	3448	CB	CYS	527	-55,830	-16,351	-25,559	1,00	42,73	B	C
NGUYÊN TỬ	3449	SG	CYS	527	-56,857	-16,347	-24,051	1,00	43,67	B	S
NGUYÊN TỬ	3450	N	LEU	528	-53,287	-15,852	-27,355	1,00	46,11	B	N
NGUYÊN TỬ	3451	CA	LEU	528	-52,702	-16,187	-28,644	1,00	49,34	B	C
NGUYÊN TỬ	3452	CB	LEU	528	-51,176	-16,118	-28,565	1,00	49,97	B	C
NGUYÊN TỬ	3453	CG	LEU	528	-50,603	-14,699	-28,532	1,00	51,33	B	C
NGUYÊN TỬ	3454	CD1	LEU	528	-49,103	-14,751	-28,316	1,00	51,51	B	C
NGUYÊN TỬ	3455	CD2	LEU	528	-50,934	-13,991	-29,840	1,00	50,91	B	C
NGUYÊN TỬ	3456	C	LEU	528	-53,145	-17,583	-29,064	1,00	51,31	B	C
NGUYÊN TỬ	3457	O	LEU	528	-52,695	-18,589	-28,511	1,00	51,03	B	O
NGUYÊN TỬ	3458	N	LEU	529	-54,042	-17,622	-30,043	1,00	52,37	B	N
NGUYÊN TỬ	3459	CA	LEU	529	-54,606	-18,865	-30,548	1,00	53,39	B	C
NGUYÊN TỬ	3460	CB	LEU	529	-56,102	-18,934	-30,230	1,00	53,20	B	C
NGUYÊN TỬ	3461	CG	LEU	529	-56,625	-20,120	-29,423	1,00	52,77	B	C
NGUYÊN TỬ	3462	CD1	LEU	529	-58,118	-20,235	-29,646	1,00	52,41	B	C
NGUYÊN TỬ	3463	CD2	LEU	529	-55,929	-21,402	-29,849	1,00	53,54	B	C
NGUYÊN TỬ	3464	C	LEU	529	-54,418	-18,876	-32,057	1,00	54,80	B	C
NGUYÊN TỬ	3465	O	LEU	529	-55,236	-18,328	-32,799	1,00	53,85	B	O
NGUYÊN TỬ	3466	N	PRO	530	-53,332	-19,495	-32,532	1,00	56,84	B	N
NGUYÊN TỬ	3467	CD	PRO	530	-52,292	-20,195	-31,760	1,00	57,17	B	C
NGUYÊN TỬ	3468	CA	PRO	530	-53,078	-19,522	-33,976	1,00	58,95	B	C
NGUYÊN TỬ	3469	CB	PRO	530	-51,726	-20,233	-34,096	1,00	58,96	B	C
NGUYÊN TỬ	3470	CG	PRO	530	-51,557	-20,980	-32,809	1,00	58,65	B	C
NGUYÊN TỬ	3471	C	PRO	530	-54,184	-20,219	-34,772	1,00	60,63	B	C
NGUYÊN TỬ	3472	O	PRO	530	-54,712	-21,253	-34,353	1,00	59,30	B	O
NGUYÊN TỬ	3473	N	GLN	531	-54,538	-19,623	-35,909	1,00	62,90	B	N
NGUYÊN TỬ	3474	CA	GLN	531	-55,518	-20,193	-36,832	1,00	65,75	B	C
NGUYÊN TỬ	3475	CB	GLN	531	-54,988	-21,495	-37,431	1,00	67,57	B	C
NGUYÊN TỬ	3476	CG	GLN	531	-53,804	-21,301	-38,356	1,00	72,19	B	C
NGUYÊN TỬ	3477	CD	GLN	531	-52,752	-22,372	-38,173	1,00	75,19	B	C
NGUYÊN TỬ	3478	OE1	GLN	531	-53,063	-23,506	-37,801	1,00	76,85	B	O
NGUYÊN TỬ	3479	NE2	GLN	531	-51,496	-22,019	-38,429	1,00	76,74	B	N
NGUYÊN TỬ	3480	C	GLN	531	-56,863	-20,449	-36,175	1,00	65,84	B	C
NGUYÊN TỬ	3481	O	GLN	531	-57,506	-21,465	-36,427	1,00	66,30	B	O
NGUYÊN TỬ	3482	N	ALA	532	-57,288	-19,521	-35,330	1,00	66,37	B	N
NGUYÊN TỬ	3483	CA	ALA	532	-58,562	-19,657	-34,652	1,00	66,44	B	C
NGUYÊN TỬ	3484	CB	ALA	532	-58,439	-19,188	-33,211	1,00	66,93	B	C
NGUYÊN TỬ	3485	C	ALA	532	-59,632	-18,856	-35,373	1,00	66,62	B	C
NGUYÊN TỬ	3486	O	ALA	532	-59,369	-17,771	-35,891	1,00	67,32	B	O
NGUYÊN TỬ	3487	N	ALA	533	-60,840	-19,404	-35,407	1,00	66,62	B	N
NGUYÊN TỬ	3488	CA	ALA	533	-61,998	-18,674	-35,893	1,00	66,37	B	C
NGUYÊN TỬ	3489	CB	ALA	533	-62,599	-19,385	-37,101	1,00	65,70	B	C
NGUYÊN TỬ	3490	C	ALA	533	-63,017	-18,593	-34,763	1,00	66,18	B	C
NGUYÊN TỬ	3491	O	ALA	533	-63,818	-19,510	-34,563	1,00	66,80	B	O
NGUYÊN TỬ	3492	N	CYS	534	-62,975	-17,495	-34,020	1,00	65,19	B	N
NGUYÊN TỬ	3493	CA	CYS	534	-63,886	-17,309	-32,903	1,00	64,70	B	C
NGUYÊN TỬ	3494	C	CYS	534	-65,066	-16,439	-33,307	1,00	64,08	B	C

NGUYÊN TỬ	3495	O	CYS	534	-65,030	-15,764	-34,333	1,00	63,92	B	O
NGUYÊN TỬ	3496	CB	CYS	534	-63,164	-16,654	-31,733	1,00	64,32	B	C
NGUYÊN TỬ	3497	SG	CYS	534	-61,664	-17,496	-31,140	1,00	66,91	B	S
NGUYÊN TỬ	3498	N	SER	535	-66,107	-16,458	-32,482	1,00	64,06	B	N
NGUYÊN TỬ	3499	CA	SER	535	-67,332	-15,722	-32,756	1,00	64,37	B	C
NGUYÊN TỬ	3500	CB	SER	535	-68,104	-16,394	-33,894	1,00	65,10	B	C
NGUYÊN TỬ	3501	OG	SER	535	-68,461	-17,724	-33,551	1,00	67,16	B	O
NGUYÊN TỬ	3502	C	SER	535	-68,192	-15,695	-31,500	1,00	64,34	B	C
NGUYÊN TỬ	3503	O	SER	535	-67,978	-16,480	-30,578	1,00	64,67	B	O
NGUYÊN TỬ	3504	N	VAL	536	-69,162	-14,789	-31,467	1,00	64,90	B	N
NGUYÊN TỬ	3505	CA	VAL	536	-70,068	-14,687	-30,331	1,00	65,96	B	C
NGUYÊN TỬ	3506	CB	VAL	536	-70,133	-13,241	-29,791	1,00	65,53	B	C
NGUYÊN TỬ	3507	CG1	VAL	536	-71,068	-13,175	-28,594	1,00	64,39	B	C
NGUYÊN TỬ	3508	CG2	VAL	536	-68,743	-12,769	-29,405	1,00	65,88	B	C
NGUYÊN TỬ	3509	C	VAL	536	-71,471	-15,116	-30,738	1,00	67,18	B	C
NGUYÊN TỬ	3510	O	VAL	536	-71,923	-14,820	-31,843	1,00	65,81	B	O
NGUYÊN TỬ	3511	N	HIS	537	-72,153	-15,818	-29,840	1,00	69,33	B	N
NGUYÊN TỬ	3512	CA	HIS	537	-73,527	-16,238	-30,076	1,00	72,07	B	C
NGUYÊN TỬ	3513	CB	HIS	537	-73,586	-17,754	-30,277	1,00	73,31	B	C
NGUYÊN TỬ	3514	CG	HIS	537	-72,754	-18,240	-31,423	1,00	75,71	B	C
NGUYÊN TỬ	3515	CD2	HIS	537	-71,437	-18,549	-31,502	1,00	76,61	B	C
NGUYÊN TỬ	3516	ND1	HIS	537	-73,269	-18,438	-32,686	1,00	76,54	B	N
NGUYÊN TỬ	3517	CE1	HIS	537	-72,306	-18,847	-33,494	1,00	77,41	B	C
NGUYÊN TỬ	3518	NE2	HIS	537	-71,184	-18,922	-32,800	1,00	78,04	B	N
NGUYÊN TỬ	3519	C	HIS	537	-74,395	-15,831	-28,894	1,00	73,31	B	C
NGUYÊN TỬ	3520	O	HIS	537	-74,074	-16,135	-27,745	1,00	73,15	B	O
NGUYÊN TỬ	3521	N	THR	538	-75,493	-15,140	-29,182	1,00	75,42	B	N
NGUYÊN TỬ	3522	CA	THR	538	-76,318	-14,538	-28,141	1,00	77,29	B	C
NGUYÊN TỬ	3523	CB	THR	538	-76,397	-13,005	-28,311	1,00	77,11	B	C
NGUYÊN TỬ	3524	OG1	THR	538	-75,077	-12,447	-28,274	1,00	76,83	B	O
NGUYÊN TỬ	3525	CG2	THR	538	-77,238	-12,389	-27,203	1,00	76,60	B	C
NGUYÊN TỬ	3526	C	THR	538	-77,740	-15,086	-28,151	1,00	79,06	B	C
NGUYÊN TỬ	3527	O	THR	538	-78,284	-15,411	-29,207	1,00	78,65	B	O
NGUYÊN TỬ	3528	N	ALA	539	-78,335	-15,186	-26,968	1,00	80,99	B	N
NGUYÊN TỬ	3529	CA	ALA	539	-79,752	-15,495	-26,845	1,00	83,77	B	C
NGUYÊN TỬ	3530	CB	ALA	539	-79,933	-16,889	-26,265	1,00	83,09	B	C
NGUYÊN TỬ	3531	C	ALA	539	-80,416	-14,461	-25,944	1,00	86,16	B	C
NGUYÊN TỬ	3532	O	ALA	539	-79,932	-14,177	-24,850	1,00	86,73	B	O
NGUYÊN TỬ	3533	N	PRO	540	-81,537	-13,880	-26,396	1,00	88,31	B	N
NGUYÊN TỬ	3534	CD	PRO	540	-82,164	-14,122	-27,707	1,00	88,43	B	C
NGUYÊN TỬ	3535	CA	PRO	540	-82,293	-12,912	-25,592	1,00	90,15	B	C
NGUYÊN TỬ	3536	CB	PRO	540	-83,360	-12,399	-26,556	1,00	89,67	B	C
NGUYÊN TỬ	3537	CG	PRO	540	-83,517	-13,493	-27,559	1,00	89,11	B	C
NGUYÊN TỬ	3538	C	PRO	540	-82,898	-13,553	-24,344	1,00	92,40	B	C
NGUYÊN TỬ	3539	O	PRO	540	-82,934	-14,776	-24,219	1,00	91,96	B	O
NGUYÊN TỬ	3540	N	PRO	541	-83,380	-12,729	-23,400	1,00	94,77	B	N
NGUYÊN TỬ	3541	CD	PRO	541	-83,368	-11,257	-23,433	1,00	94,86	B	C
NGUYÊN TỬ	3542	CA	PRO	541	-83,932	-13,243	-22,141	1,00	97,44	B	C
NGUYÊN TỬ	3543	CB	PRO	541	-84,361	-11,980	-21,393	1,00	96,46	B	C
NGUYÊN TỬ	3544	CG	PRO	541	-83,528	-10,892	-21,986	1,00	95,58	B	C
NGUYÊN TỬ	3545	C	PRO	541	-85,103	-14,200	-22,362	1,00	100,50	B	C
NGUYÊN TỬ	3546	O	PRO	541	-85,968	-13,950	-23,201	1,00	100,57	B	O
NGUYÊN TỬ	3547	N	ALA	542	-85,120	-15,293	-21,604	1,00	104,26	B	N
NGUYÊN TỬ	3548	CA	ALA	542	-86,190	-16,280	-21,700	1,00	107,63	B	C
NGUYÊN TỬ	3549	CB	ALA	542	-85,685	-17,646	-21,250	1,00	107,30	B	C
NGUYÊN TỬ	3550	C	ALA	542	-87,377	-15,855	-20,843	1,00	110,11	B	C
NGUYÊN TỬ	3551	O	ALA	542	-88,513	-15,808	-21,316	1,00	110,36	B	O
NGUYÊN TỬ	3552	N	GLU	543	-87,100	-15,550	-19,578	1,00	113,18	B	N
NGUYÊN TỬ	3553	CA	GLU	543	-88,102	-15,008	-18,666	1,00	116,02	B	C
NGUYÊN TỬ	3554	CB	GLU	543	-88,709	-13,731	-19,254	1,00	116,65	B	C
NGUYÊN TỬ	3555	CG	GLU	543	-89,515	-12,911	-18,263	1,00	118,13	B	C
NGUYÊN TỬ	3556	CD	GLU	543	-89,438	-11,425	-18,547	1,00	118,89	B	C
NGUYÊN TỬ	3557	OE1	GLU	543	-90,443	-10,718	-18,316	1,00	119,23	B	O
NGUYÊN TỬ	3558	OE2	GLU	543	-88,369	-10,961	-19,002	1,00	118,98	B	O
NGUYÊN TỬ	3559	C	GLU	543	-89,202	-16,025	-18,376	1,00	117,48	B	C
NGUYÊN TỬ	3560	O	GLU	543	-89,605	-16,788	-19,258	1,00	117,72	B	O
NGUYÊN TỬ	3561	N	ALA	544	-89,682	-16,033	-17,134	1,00	118,85	B	N
NGUYÊN TỬ	3562	CA	ALA	544	-90,647	-17,034	-16,688	1,00	120,01	B	C
NGUYÊN TỬ	3563	CB	ALA	544	-91,991	-16,816	-17,382	1,00	119,80	B	C
NGUYÊN TỬ	3564	C	ALA	544	-90,118	-18,437	-16,987	1,00	120,71	B	C
NGUYÊN TỬ	3565	O	ALA	544	-90,876	-19,410	-17,014	1,00	121,08	B	O
NGUYÊN TỬ	3566	N	SER	545	-88,810	-18,526	-17,212	1,00	120,84	B	N
NGUYÊN TỬ	3567	CA	SER	545	-88,169	-19,770	-17,617	1,00	120,61	B	C
NGUYÊN TỬ	3568	CB	SER	545	-87,431	-19,561	-18,942	1,00	120,62	B	C
NGUYÊN TỬ	3569	OG	SER	545	-86,831	-20,762	-19,392	1,00	121,09	B	O
NGUYÊN TỬ	3570	C	SER	545	-87,189	-20,247	-16,548	1,00	120,42	B	C

NGUYÊN TỬ	3571	O	SER	545	-87,011	-19,591	-15,522	1,00	120,46	B	O
NGUYÊN TỬ	3572	N	MET	546	-86,559	-21,394	-16,789	1,00	120,05	B	N
NGUYÊN TỬ	3573	CA	MET	546	-85,549	-21,918	-15,875	1,00	119,53	B	C
NGUYÊN TỬ	3574	CB	MET	546	-85,530	-23,451	-15,921	1,00	120,98	B	C
NGUYÊN TỬ	3575	CG	MET	546	-84,814	-24,046	-17,132	1,00	122,54	B	C
NGUYÊN TỬ	3576	SD	MET	546	-85,634	-23,714	-18,707	1,00	124,63	B	S
NGUYÊN TỬ	3577	CE	MET	546	-84,540	-24,571	-19,851	1,00	124,00	B	C
NGUYÊN TỬ	3578	C	MET	546	-84,161	-21,374	-16,225	1,00	118,19	B	C
NGUYÊN TỬ	3579	O	MET	546	-83,141	-21,923	-15,803	1,00	118,60	B	O
NGUYÊN TỬ	3580	N	GLY	547	-84,131	-20,294	-17,001	1,00	115,77	B	N
NGUYÊN TỬ	3581	CA	GLY	547	-82,868	-19,668	-17,351	1,00	112,18	B	C
NGUYÊN TỬ	3582	C	GLY	547	-82,687	-19,464	-18,842	1,00	109,64	B	C
NGUYÊN TỬ	3583	O	GLY	547	-83,268	-20,186	-19,654	1,00	109,67	B	O
NGUYÊN TỬ	3584	N	THR	548	-81,879	-18,473	-19,205	1,00	106,80	B	N
NGUYÊN TỬ	3585	CA	THR	548	-81,561	-18,211	-20,604	1,00	103,45	B	C
NGUYÊN TỬ	3586	CB	THR	548	-81,332	-16,709	-20,848	1,00	102,95	B	C
NGUYÊN TỬ	3587	OG1	THR	548	-82,486	-15,973	-20,422	1,00	102,38	B	O
NGUYÊN TỬ	3588	CG2	THR	548	-81,089	-16,441	-22,322	1,00	102,67	B	C
NGUYÊN TỬ	3589	C	THR	548	-80,296	-18,974	-20,989	1,00	101,35	B	C
NGUYÊN TỬ	3590	O	THR	548	-79,298	-18,932	-20,270	1,00	101,40	B	O
NGUYÊN TỬ	3591	N	ARG	549	-80,342	-19,671	-22,120	1,00	98,30	B	N
NGUYÊN TỬ	3592	CA	ARG	549	-79,255	-20,565	-22,504	1,00	95,33	B	C
NGUYÊN TỬ	3593	CB	ARG	549	-79,680	-22,022	-22,300	1,00	97,27	B	C
NGUYÊN TỬ	3594	CG	ARG	549	-80,069	-22,352	-20,871	1,00	99,72	B	C
NGUYÊN TỬ	3595	CD	ARG	549	-80,915	-23,613	-20,793	1,00	101,92	B	C
NGUYÊN TỬ	3596	NE	ARG	549	-81,482	-23,787	-19,459	1,00	104,40	B	N
NGUYÊN TỬ	3597	CZ	ARG	549	-80,888	-24,457	-18,475	1,00	105,40	B	C
NGUYÊN TỬ	3598	NH1	ARG	549	-81,478	-24,562	-17,289	1,00	105,68	B	N
NGUYÊN TỬ	3599	NH2	ARG	549	-79,707	-25,026	-18,677	1,00	105,41	B	N
NGUYÊN TỬ	3600	C	ARG	549	-78,808	-20,370	-23,946	1,00	92,19	B	C
NGUYÊN TỬ	3601	O	ARG	549	-79,616	-20,090	-24,828	1,00	91,75	B	O
NGUYÊN TỬ	3602	N	VAL	550	-77,509	-20,522	-24,174	1,00	88,72	B	N
NGUYÊN TỬ	3603	CA	VAL	550	-76,959	-20,534	-25,520	1,00	85,99	B	C
NGUYÊN TỬ	3604	CB	VAL	550	-76,520	-19,120	-25,963	1,00	85,94	B	C
NGUYÊN TỬ	3605	CG1	VAL	550	-75,387	-18,624	-25,080	1,00	85,93	B	C
NGUYÊN TỬ	3606	CG2	VAL	550	-76,093	-19,138	-27,420	1,00	85,60	B	C
NGUYÊN TỬ	3607	C	VAL	550	-75,751	-21,461	-25,532	1,00	84,16	B	C
NGUYÊN TỬ	3608	O	VAL	550	-75,046	-21,584	-24,532	1,00	83,76	B	O
NGUYÊN TỬ	3609	N	HIS	551	-75,522	-22,127	-26,657	1,00	82,33	B	N
NGUYÊN TỬ	3610	CA	HIS	551	-74,368	-23,001	-26,788	1,00	81,02	B	C
NGUYÊN TỬ	3611	CB	HIS	551	-74,732	-24,438	-26,390	1,00	83,78	B	C
NGUYÊN TỬ	3612	CG	HIS	551	-75,882	-25,015	-27,158	1,00	86,60	B	C
NGUYÊN TỬ	3613	CD2	HIS	551	-75,968	-25,468	-28,431	1,00	87,05	B	C
NGUYÊN TỬ	3614	ND1	HIS	551	-77,129	-25,203	-26,600	1,00	87,85	B	N
NGUYÊN TỬ	3615	CE1	HIS	551	-77,933	-25,747	-27,496	1,00	88,26	B	C
NGUYÊN TỬ	3616	NE2	HIS	551	-77,253	-25,919	-28,615	1,00	88,32	B	N
NGUYÊN TỬ	3617	C	HIS	551	-73,800	-22,976	-28,198	1,00	78,87	B	C
NGUYÊN TỬ	3618	O	HIS	551	-74,450	-22,512	-29,135	1,00	78,95	B	O
NGUYÊN TỬ	3619	N	CYS	552	-72,575	-23,469	-28,334	1,00	76,26	B	N
NGUYÊN TỬ	3620	CA	CYS	552	-71,885	-23,474	-29,612	1,00	74,68	B	C
NGUYÊN TỬ	3621	C	CYS	552	-72,362	-24,649	-30,456	1,00	76,00	B	C
NGUYÊN TỬ	3622	O	CYS	552	-71,934	-25,786	-30,253	1,00	75,80	B	O
NGUYÊN TỬ	3623	CB	CYS	552	-70,375	-23,572	-29,387	1,00	71,57	B	C
NGUYÊN TỬ	3624	SG	CYS	552	-69,677	-22,320	-28,252	1,00	67,04	B	S
NGUYÊN TỬ	3625	N	HIS	553	-73,247	-24,363	-31,406	1,00	77,76	B	N
NGUYÊN TỬ	3626	CA	HIS	553	-73,889	-25,399	-32,212	1,00	79,66	B	C
NGUYÊN TỬ	3627	CB	HIS	553	-75,055	-24,803	-33,013	1,00	84,15	B	C
NGUYÊN TỬ	3628	CG	HIS	553	-76,263	-24,472	-32,188	1,00	88,61	B	C
NGUYÊN TỬ	3629	CD2	HIS	553	-76,626	-23,332	-31,553	1,00	90,41	B	C
NGUYÊN TỬ	3630	ND1	HIS	553	-77,290	-25,369	-31,981	1,00	90,68	B	N
NGUYÊN TỬ	3631	CE1	HIS	553	-78,234	-24,795	-31,256	1,00	91,59	B	C
NGUYÊN TỬ	3632	NE2	HIS	553	-77,857	-23,558	-30,983	1,00	91,84	B	N
NGUYÊN TỬ	3633	C	HIS	553	-72,910	-26,066	-33,177	1,00	78,29	B	C
NGUYÊN TỬ	3634	O	HIS	553	-72,901	-27,289	-33,317	1,00	78,79	B	O
NGUYÊN TỬ	3635	N	GLN	554	-72,091	-25,257	-33,841	1,00	75,87	B	N
NGUYÊN TỬ	3636	CA	GLN	554	-71,197	-25,755	-34,878	1,00	73,89	B	C
NGUYÊN TỬ	3637	CB	GLN	554	-70,435	-24,592	-35,516	1,00	76,44	B	C
NGUYÊN TỬ	3638	CG	GLN	554	-71,323	-23,528	-36,140	1,00	80,50	B	C
NGUYÊN TỬ	3639	CD	GLN	554	-70,578	-22,230	-36,395	1,00	83,46	B	C
NGUYÊN TỬ	3640	OE1	GLN	554	-70,183	-21,937	-37,527	1,00	83,91	B	O
NGUYÊN TỬ	3641	NE2	GLN	554	-70,376	-21,445	-35,337	1,00	84,48	B	N
NGUYÊN TỬ	3642	C	GLN	554	-70,204	-26,781	-34,340	1,00	71,10	B	C
NGUYÊN TỬ	3643	O	GLN	554	-69,724	-26,668	-33,212	1,00	70,66	B	O
NGUYÊN TỬ	3644	N	GLN	555	-69,900	-27,781	-35,161	1,00	67,93	B	N
NGUYÊN TỬ	3645	CA	GLN	555	-68,960	-28,829	-34,792	1,00	65,48	B	C
NGUYÊN TỬ	3646	CB	GLN	555	-69,080	-30,006	-35,762	1,00	66,77	B	C

NGUYÊN TỬ	3647	CG	GLN	555	-70,449	-30,677	-35,766	1,00	68,17	B	C
NGUYÊN TỬ	3648	CD	GLN	555	-70,635	-31,626	-34,596	1,00	69,56	B	C
NGUYÊN TỬ	3649	OE1	GLN	555	-70,909	-31,202	-33,472	1,00	68,69	B	O
NGUYÊN TỬ	3650	NE2	GLN	555	-70,483	-32,919	-34,857	1,00	70,20	B	N
NGUYÊN TỬ	3651	C	GLN	555	-67,535	-28,290	-34,818	1,00	63,77	B	C
NGUYÊN TỬ	3652	O	GLN	555	-67,166	-27,537	-35,718	1,00	63,08	B	O
NGUYÊN TỬ	3653	N	GLY	556	-66,737	-28,678	-33,828	1,00	61,44	B	N
NGUYÊN TỬ	3654	CA	GLY	556	-65,364	-28,211	-33,765	1,00	58,50	B	C
NGUYÊN TỬ	3655	C	GLY	556	-65,237	-26,820	-33,169	1,00	56,70	B	C
NGUYÊN TỬ	3656	O	GLY	556	-64,138	-26,277	-33,072	1,00	56,59	B	O
NGUYÊN TỬ	3657	N	HIS	557	-66,363	-26,238	-32,775	1,00	54,74	B	N
NGUYÊN TỬ	3658	CA	HIS	557	-66,359	-24,945	-32,104	1,00	54,39	B	C
NGUYÊN TỬ	3659	CB	HIS	557	-67,488	-24,066	-32,654	1,00	56,06	B	C
NGUYÊN TỬ	3660	CG	HIS	557	-67,257	-23,603	-34,059	1,00	59,40	B	C
NGUYÊN TỬ	3661	CD2	HIS	557	-67,399	-22,383	-34,631	1,00	60,00	B	C
NGUYÊN TỬ	3662	ND1	HIS	557	-66,794	-24,440	-35,052	1,00	60,87	B	N
NGUYÊN TỬ	3663	CE1	HIS	557	-66,658	-23,756	-36,175	1,00	60,41	B	C
NGUYÊN TỬ	3664	NE2	HIS	557	-67,018	-22,506	-35,946	1,00	60,64	B	N
NGUYÊN TỬ	3665	C	HIS	557	-66,517	-25,126	-30,597	1,00	52,41	B	C
NGUYÊN TỬ	3666	O	HIS	557	-67,488	-25,718	-30,129	1,00	52,00	B	O
NGUYÊN TỬ	3667	N	VAL	558	-65,551	-24,610	-29,843	1,00	50,33	B	N
NGUYÊN TỬ	3668	CA	VAL	558	-65,494	-24,841	-28,408	1,00	48,46	B	C
NGUYÊN TỬ	3669	CB	VAL	558	-64,078	-25,271	-27,989	1,00	48,10	B	C
NGUYÊN TỬ	3670	CG1	VAL	558	-64,079	-25,737	-26,546	1,00	48,76	B	C
NGUYÊN TỬ	3671	CG2	VAL	558	-63,581	-26,372	-28,913	1,00	47,38	B	C
NGUYÊN TỬ	3672	C	VAL	558	-65,884	-23,582	-27,642	1,00	47,50	B	C
NGUYÊN TỬ	3673	O	VAL	558	-65,607	-22,468	-28,080	1,00	48,38	B	O
NGUYÊN TỬ	3674	N	LEU	559	-66,536	-23,761	-26,499	1,00	46,06	B	N
NGUYÊN TỬ	3675	CA	LEU	559	-66,947	-22,632	-25,674	1,00	45,93	B	C
NGUYÊN TỬ	3676	CB	LEU	559	-68,119	-23,041	-24,782	1,00	45,03	B	C
NGUYÊN TỬ	3677	CG	LEU	559	-68,664	-21,975	-23,833	1,00	47,58	B	C
NGUYÊN TỬ	3678	CD1	LEU	559	-69,353	-20,881	-24,635	1,00	45,95	B	C
NGUYÊN TỬ	3679	CD2	LEU	559	-69,639	-22,617	-22,847	1,00	46,31	B	C
NGUYÊN TỬ	3680	C	LEU	559	-65,777	-22,167	-24,810	1,00	45,32	B	C
NGUYÊN TỬ	3681	O	LEU	559	-65,271	-22,923	-23,988	1,00	46,56	B	O
NGUYÊN TỬ	3682	N	THR	560	-65,342	-20,926	-24,999	1,00	44,72	B	N
NGUYÊN TỬ	3683	CA	THR	560	-64,186	-20,413	-24,267	1,00	43,84	B	C
NGUYÊN TỬ	3684	CB	THR	560	-63,195	-19,709	-25,204	1,00	42,82	B	C
NGUYÊN TỬ	3685	OG1	THR	560	-63,826	-18,565	-25,792	1,00	42,05	B	O
NGUYÊN TỬ	3686	CG2	THR	560	-62,746	-20,654	-26,302	1,00	42,95	B	C
NGUYÊN TỬ	3687	C	THR	560	-64,574	-19,433	-23,167	1,00	43,79	B	C
NGUYÊN TỬ	3688	O	THR	560	-63,807	-19,219	-22,231	1,00	44,66	B	O
NGUYÊN TỬ	3689	N	GLY	561	-65,757	-18,834	-23,281	1,00	44,15	B	N
NGUYÊN TỬ	3690	CA	GLY	561	-66,217	-17,908	-22,260	1,00	45,65	B	C
NGUYÊN TỬ	3691	C	GLY	561	-67,688	-17,546	-22,363	1,00	48,91	B	C
NGUYÊN TỬ	3692	O	GLY	561	-68,264	-17,559	-23,452	1,00	48,94	B	O
NGUYÊN TỬ	3693	N	CYS	562	-68,296	-17,223	-21,223	1,00	52,04	B	N
NGUYÊN TỬ	3694	CA	CYS	562	-69,694	-16,790	-21,173	1,00	56,94	B	C
NGUYÊN TỬ	3695	C	CYS	562	-69,821	-15,372	-20,622	1,00	57,36	B	C
NGUYÊN TỬ	3696	O	CYS	562	-69,176	-15,019	-19,638	1,00	57,14	B	O
NGUYÊN TỬ	3697	CB	CYS	562	-70,525	-17,726	-20,286	1,00	60,25	B	C
NGUYÊN TỬ	3698	SG	CYS	562	-70,658	-19,459	-20,842	1,00	68,25	B	S
NGUYÊN TỬ	3699	N	SER	563	-70,665	-14,566	-21,254	1,00	59,16	B	N
NGUYÊN TỬ	3700	CA	SER	563	-70,980	-13,238	-20,743	1,00	60,40	B	C
NGUYÊN TỬ	3701	CB	SER	563	-70,453	-12,167	-21,697	1,00	59,60	B	C
NGUYÊN TỬ	3702	OG	SER	563	-69,037	-12,162	-21,714	1,00	60,14	B	O
NGUYÊN TỬ	3703	C	SER	563	-72,484	-13,073	-20,570	1,00	61,68	B	C
NGUYÊN TỬ	3704	O	SER	563	-73,270	-13,826	-21,140	1,00	61,85	B	O
NGUYÊN TỬ	3705	N	SER	564	-72,883	-12,085	-19,780	1,00	63,51	B	N
NGUYÊN TỬ	3706	CA	SER	564	-74,296	-11,841	-19,540	1,00	65,75	B	C
NGUYÊN TỬ	3707	CB	SER	564	-74,798	-12,760	-18,424	1,00	65,21	B	C
NGUYÊN TỬ	3708	OG	SER	564	-76,187	-12,593	-18,216	1,00	64,95	B	O
NGUYÊN TỬ	3709	C	SER	564	-74,542	-10,389	-19,156	1,00	67,58	B	C
NGUYÊN TỬ	3710	O	SER	564	-73,912	-9,870	-18,236	1,00	67,06	B	O
NGUYÊN TỬ	3711	N	HIS	565	-75,458	-9,735	-19,862	1,00	70,45	B	N
NGUYÊN TỬ	3712	CA	HIS	565	-75,896	-8,401	-19,475	1,00	74,26	B	C
NGUYÊN TỬ	3713	CB	HIS	565	-75,342	-7,352	-20,444	1,00	74,10	B	C
NGUYÊN TỬ	3714	CG	HIS	565	-76,129	-7,216	-21,710	1,00	75,03	B	C
NGUYÊN TỬ	3715	CD2	HIS	565	-77,193	-6,437	-22,019	1,00	75,03	B	C
NGUYÊN TỬ	3716	ND1	HIS	565	-75,824	-7,918	-22,857	1,00	75,79	B	N
NGUYÊN TỬ	3717	CE1	HIS	565	-76,664	-7,576	-23,817	1,00	75,02	B	C
NGUYÊN TỬ	3718	NE2	HIS	565	-77,505	-6,679	-23,335	1,00	74,96	B	N
NGUYÊN TỬ	3719	C	HIS	565	-77,417	-8,327	-19,447	1,00	76,76	B	C
NGUYÊN TỬ	3720	O	HIS	565	-78,093	-9,033	-20,191	1,00	76,35	B	O
NGUYÊN TỬ	3721	N	TRP	566	-77,952	-7,471	-18,582	1,00	80,24	B	N
NGUYÊN TỬ	3722	CA	TRP	566	-79,395	-7,319	-18,457	1,00	83,92	B	C

NGUYÊN TỬ	3723	CB	TRP	566	-79,885	-7,999	-17,181	1,00	82,87	B	C
NGUYÊN TỬ	3724	CG	TRP	566	-79,070	-7,676	-15,975	1,00	81,41	B	C
NGUYÊN TỬ	3725	CD2	TRP	566	-77,859	-8,319	-15,564	1,00	80,85	B	C
NGUYÊN TỬ	3726	CE2	TRP	566	-77,461	-7,724	-14,351	1,00	80,81	B	C
NGUYÊN TỬ	3727	CE3	TRP	566	-77,073	-9,342	-16,103	1,00	80,36	B	C
NGUYÊN TỬ	3728	CD1	TRP	566	-79,348	-6,740	-15,025	1,00	81,33	B	C
NGUYÊN TỬ	3729	NE1	TRP	566	-78,387	-6,762	-14,043	1,00	81,30	B	N
NGUYÊN TỬ	3730	CZ2	TRP	566	-76,314	-8,118	-13,667	1,00	80,57	B	C
NGUYÊN TỬ	3731	CZ3	TRP	566	-75,934	-9,732	-15,423	1,00	80,05	B	C
NGUYÊN TỬ	3732	CH2	TRP	566	-75,565	-9,122	-14,218	1,00	80,06	B	C
NGUYÊN TỬ	3733	C	TRP	566	-79,835	-5,861	-18,459	1,00	87,50	B	C
NGUYÊN TỬ	3734	O	TRP	566	-79,009	-4,951	-18,373	1,00	87,72	B	O
NGUYÊN TỬ	3735	N	GLU	567	-81,146	-5,651	-18,555	1,00	91,79	B	N
NGUYÊN TỬ	3736	CA	GLU	567	-81,711	-4,311	-18,649	1,00	95,79	B	C
NGUYÊN TỬ	3737	CB	GLU	567	-82,770	-4,270	-19,749	1,00	96,18	B	C
NGUYÊN TỬ	3738	CG	GLU	567	-82,799	-2,967	-20,519	1,00	98,36	B	C
NGUYÊN TỬ	3739	CD	GLU	567	-81,568	-2,786	-21,384	1,00	99,33	B	C
NGUYÊN TỬ	3740	OE1	GLU	567	-80,732	-3,715	-21,431	1,00	98,92	B	O
NGUYÊN TỬ	3741	OE2	GLU	567	-81,436	-1,717	-22,019	1,00	100,24	B	O
NGUYÊN TỬ	3742	C	GLU	567	-82,333	-3,866	-17,328	1,00	98,41	B	C
NGUYÊN TỬ	3743	O	GLU	567	-82,113	-2,742	-16,876	1,00	98,57	B	O
NGUYÊN TỬ	3744	N	VAL	568	-83,111	-4,751	-16,714	1,00	101,90	B	N
NGUYÊN TỬ	3745	CA	VAL	568	-83,733	-4,454	-15,428	1,00	105,56	B	C
NGUYÊN TỬ	3746	CB	VAL	568	-84,660	-5,600	-14,971	1,00	105,81	B	C
NGUYÊN TỬ	3747	CG1	VAL	568	-85,738	-5,844	-16,016	1,00	105,97	B	C
NGUYÊN TỬ	3748	CG2	VAL	568	-83,847	-6,864	-14,728	1,00	105,81	B	C
NGUYÊN TỬ	3749	C	VAL	568	-82,657	-4,251	-14,371	1,00	107,91	B	C
NGUYÊN TỬ	3750	O	VAL	568	-81,478	-4,485	-14,625	1,00	108,57	B	O
NGUYÊN TỬ	3751	N	GLU	569	-83,063	-3,812	-13,187	1,00	110,90	B	N
NGUYÊN TỬ	3752	CA	GLU	569	-82,113	-3,566	-12,111	1,00	113,78	B	C
NGUYÊN TỬ	3753	CB	GLU	569	-82,451	-2,250	-11,407	1,00	114,54	B	C
NGUYÊN TỬ	3754	CG	GLU	569	-82,319	-1,029	-12,303	1,00	116,01	B	C
NGUYÊN TỬ	3755	CD	GLU	569	-80,930	-0,895	-12,904	1,00	116,56	B	C
NGUYÊN TỬ	3756	OE1	GLU	569	-79,972	-0,649	-12,140	1,00	116,54	B	O
NGUYÊN TỬ	3757	OE2	GLU	569	-80,796	-1,036	-14,139	1,00	116,94	B	O
NGUYÊN TỬ	3758	C	GLU	569	-82,088	-4,706	-11,099	1,00	115,27	B	C
NGUYÊN TỬ	3759	O	GLU	569	-81,021	-5,120	-10,646	1,00	115,42	B	O
NGUYÊN TỬ	3760	N	ASP	570	-83,267	-5,215	-10,753	1,00	116,99	B	N
NGUYÊN TỬ	3761	CA	ASP	570	-83,379	-6,268	-9,751	1,00	118,36	B	C
NGUYÊN TỬ	3762	CB	ASP	570	-84,494	-5,930	-8,758	1,00	119,50	B	C
NGUYÊN TỬ	3763	CG	ASP	570	-84,260	-4,610	-8,044	1,00	120,50	B	C
NGUYÊN TỬ	3764	OD1	ASP	570	-85,090	-4,241	-7,185	1,00	120,98	B	O
NGUYÊN TỬ	3765	OD2	ASP	570	-83,247	-3,941	-8,343	1,00	120,72	B	O
NGUYÊN TỬ	3766	C	ASP	570	-83,652	-7,627	-10,388	1,00	118,64	B	C
NGUYÊN TỬ	3767	O	ASP	570	-84,496	-7,752	-11,277	1,00	118,66	B	O
NGUYÊN TỬ	3768	N	LEU	571	-82,927	-8,641	-9,928	1,00	118,81	B	N
NGUYÊN TỬ	3769	CA	LEU	571	-83,060	-9,990	-10,463	1,00	118,86	B	C
NGUYÊN TỬ	3770	CB	LEU	571	-81,836	-10,344	-11,317	1,00	118,99	B	C
NGUYÊN TỬ	3771	CG	LEU	571	-81,609	-9,554	-12,613	1,00	118,90	B	C
NGUYÊN TỬ	3772	CD1	LEU	571	-81,205	-8,124	-12,294	1,00	119,28	B	C
NGUYÊN TỬ	3773	CD2	LEU	571	-80,523	-10,230	-13,434	1,00	118,88	B	C
NGUYÊN TỬ	3774	C	LEU	571	-83,215	-11,009	-9,336	1,00	118,75	B	C
NGUYÊN TỬ	3775	O	LEU	571	-84,241	-11,682	-9,227	1,00	118,42	B	O
NGUYÊN TỬ	3776	N	PRO	585	-72,292	-29,792	-21,993	1,00	83,79	B	N
NGUYÊN TỬ	3777	CD	PRO	585	-72,479	-31,194	-22,411	1,00	84,05	B	C
NGUYÊN TỬ	3778	CA	PRO	585	-70,992	-29,260	-22,422	1,00	83,07	B	C
NGUYÊN TỬ	3779	CB	PRO	585	-70,252	-30,493	-22,939	1,00	83,40	B	C
NGUYÊN TỬ	3780	CG	PRO	585	-71,337	-31,427	-23,365	1,00	83,43	B	C
NGUYÊN TỬ	3781	C	PRO	585	-71,129	-28,186	-23,496	1,00	81,48	B	C
NGUYÊN TỬ	3782	O	PRO	585	-71,931	-28,321	-24,418	1,00	80,88	B	O
NGUYÊN TỬ	3783	N	ASN	586	-70,340	-27,124	-23,365	1,00	80,01	B	N
NGUYÊN TỬ	3784	CA	ASN	586	-70,363	-26,010	-24,311	1,00	78,83	B	C
NGUYÊN TỬ	3785	CB	ASN	586	-70,162	-26,507	-25,749	1,00	79,79	B	C
NGUYÊN TỬ	3786	CG	ASN	586	-68,793	-27,124	-25,974	1,00	80,52	B	C
NGUYÊN TỬ	3787	OD1	ASN	586	-67,783	-26,421	-26,031	1,00	79,27	B	O
NGUYÊN TỬ	3788	ND2	ASN	586	-68,754	-28,447	-26,108	1,00	81,46	B	N
NGUYÊN TỬ	3789	C	ASN	586	-71,659	-25,214	-24,243	1,00	77,08	B	C
NGUYÊN TỬ	3790	O	ASN	586	-72,162	-24,768	-25,271	1,00	76,87	B	O
NGUYÊN TỬ	3791	N	GLN	587	-72,197	-25,034	-23,040	1,00	75,05	B	N
NGUYÊN TỬ	3792	CA	GLN	587	-73,408	-24,238	-22,875	1,00	74,57	B	C
NGUYÊN TỬ	3793	CB	GLN	587	-74,588	-25,142	-22,512	1,00	74,98	B	C
NGUYÊN TỬ	3794	CG	GLN	587	-75,876	-24,385	-22,224	1,00	75,59	B	C
NGUYÊN TỬ	3795	CD	GLN	587	-77,085	-25,298	-22,114	1,00	76,09	B	C
NGUYÊN TỬ	3796	OE1	GLN	587	-77,886	-25,396	-23,044	1,00	76,13	B	O
NGUYÊN TỬ	3797	NE2	GLN	587	-77,223	-25,970	-20,973	1,00	75,12	B	N
NGUYÊN TỬ	3798	C	GLN	587	-73,263	-23,146	-21,819	1,00	73,56	B	C

NGUYÊN TỬ	3799	O	GLN	587	-72,681	-23,372	-20,759	1,00	73,19	B	O
NGUYÊN TỬ	3800	N	CYS	588	-73,796	-21,964	-22,118	1,00	72,91	B	N
NGUYÊN TỬ	3801	CA	CYS	588	-73,872	-20,875	-21,144	1,00	72,44	B	C
NGUYÊN TỬ	3802	C	CYS	588	-75,271	-20,786	-20,551	1,00	73,33	B	C
NGUYÊN TỬ	3803	O	CYS	588	-76,266	-20,833	-21,276	1,00	73,45	B	O
NGUYÊN TỬ	3804	CB	CYS	588	-73,541	-19,530	-21,796	1,00	70,56	B	C
NGUYÊN TỬ	3805	SG	CYS	588	-71,864	-19,371	-22,479	1,00	68,54	B	S
NGUYÊN TỬ	3806	N	VAL	589	-75,348	-20,645	-19,234	1,00	74,61	B	N
NGUYÊN TỬ	3807	CA	VAL	589	-76,629	-20,427	-18,579	1,00	76,86	B	C
NGUYÊN TỬ	3808	CB	VAL	589	-76,974	-21,577	-17,618	1,00	76,35	B	C
NGUYÊN TỬ	3809	CG1	VAL	589	-78,348	-21,346	-17,016	1,00	76,62	B	C
NGUYÊN TỬ	3810	CG2	VAL	589	-76,926	-22,905	-18,355	1,00	76,25	B	C
NGUYÊN TỬ	3811	C	VAL	589	-76,612	-19,128	-17,790	1,00	78,39	B	C
NGUYÊN TỬ	3812	O	VAL	589	-75,810	-18,956	-16,874	1,00	78,41	B	O
NGUYÊN TỬ	3813	N	GLY	590	-77,503	-18,214	-18,152	1,00	80,86	B	N
NGUYÊN TỬ	3814	CA	GLY	590	-77,608	-16,965	-17,427	1,00	83,83	B	C
NGUYÊN TỬ	3815	C	GLY	590	-78,956	-16,817	-16,753	1,00	85,87	B	C
NGUYÊN TỬ	3816	O	GLY	590	-79,812	-17,695	-16,854	1,00	86,28	B	O
NGUYÊN TỬ	3817	N	HIS	591	-79,143	-15,700	-16,061	1,00	87,95	B	N
NGUYÊN TỬ	3818	CA	HIS	591	-80,426	-15,381	-15,452	1,00	89,48	B	C
NGUYÊN TỬ	3819	CB	HIS	591	-80,329	-14,043	-14,716	1,00	90,53	B	C
NGUYÊN TỬ	3820	CG	HIS	591	-81,482	-13,768	-13,803	1,00	91,97	B	C
NGUYÊN TỬ	3821	CD2	HIS	591	-81,585	-13,837	-12,454	1,00	92,54	B	C
NGUYÊN TỬ	3822	ND1	HIS	591	-82,714	-13,355	-14,262	1,00	92,28	B	N
NGUYÊN TỬ	3823	CE1	HIS	591	-83,527	-13,181	-13,235	1,00	92,99	B	C
NGUYÊN TỬ	3824	NE2	HIS	591	-82,867	-13,466	-12,126	1,00	92,92	B	N
NGUYÊN TỬ	3825	C	HIS	591	-81,503	-15,308	-16,534	1,00	89,95	B	C
NGUYÊN TỬ	3826	O	HIS	591	-81,210	-15,038	-17,700	1,00	89,23	B	O
NGUYÊN TỬ	3827	N	ARG	592	-82,749	-15,554	-16,143	1,00	90,86	B	N
NGUYÊN TỬ	3828	CA	ARG	592	-83,861	-15,556	-17,088	1,00	91,76	B	C
NGUYÊN TỬ	3829	CB	ARG	592	-85,141	-16,024	-16,390	1,00	94,45	B	C
NGUYÊN TỬ	3830	CG	ARG	592	-85,501	-15,201	-15,163	1,00	98,10	B	C
NGUYÊN TỬ	3831	CD	ARG	592	-86,947	-15,407	-14,740	1,00	101,13	B	C
NGUYÊN TỬ	3832	NE	ARG	592	-87,177	-16,735	-14,177	1,00	103,71	B	N
NGUYÊN TỬ	3833	CZ	ARG	592	-88,312	-17,112	-13,596	1,00	105,10	B	C
NGUYÊN TỬ	3834	NH1	ARG	592	-88,435	-18,342	-13,112	1,00	105,47	B	N
NGUYÊN TỬ	3835	NH2	ARG	592	-89,325	-16,259	-13,497	1,00	105,79	B	N
NGUYÊN TỬ	3836	C	ARG	592	-84,085	-14,169	-17,684	1,00	90,52	B	C
NGUYÊN TỬ	3837	O	ARG	592	-84,473	-14,038	-18,845	1,00	89,74	B	O
NGUYÊN TỬ	3838	N	GLU	593	-83,834	-13,136	-16,886	1,00	89,53	B	N
NGUYÊN TỬ	3839	CA	GLU	593	-84,083	-11,762	-17,310	1,00	88,86	B	C
NGUYÊN TỬ	3840	CB	GLU	593	-84,361	-10,877	-16,092	1,00	90,90	B	C
NGUYÊN TỬ	3841	CG	GLU	593	-85,593	-11,278	-15,292	1,00	93,06	B	C
NGUYÊN TỬ	3842	CD	GLU	593	-85,834	-10,371	-14,095	1,00	94,88	B	C
NGUYÊN TỬ	3843	OE1	GLU	593	-86,475	-9,311	-14,270	1,00	95,59	B	O
NGUYÊN TỬ	3844	OE2	GLU	593	-85,383	-10,717	-12,980	1,00	95,43	B	O
NGUYÊN TỬ	3845	C	GLU	593	-82,917	-11,181	-18,102	1,00	86,91	B	C
NGUYÊN TỬ	3846	O	GLU	593	-83,001	-10,063	-18,611	1,00	86,77	B	O
NGUYÊN TỬ	3847	N	ALA	594	-81,831	-11,941	-18,206	1,00	84,52	B	N
NGUYÊN TỬ	3848	CA	ALA	594	-80,616	-11,452	-18,852	1,00	81,65	B	C
NGUYÊN TỬ	3849	CB	ALA	594	-79,410	-11,736	-17,961	1,00	81,53	B	C
NGUYÊN TỬ	3850	C	ALA	594	-80,394	-12,061	-20,234	1,00	79,44	B	C
NGUYÊN TỬ	3851	O	ALA	594	-80,829	-13,179	-20,508	1,00	79,69	B	O
NGUYÊN TỬ	3852	N	SER	595	-79,718	-11,316	-21,105	1,00	76,43	B	N
NGUYÊN TỬ	3853	CA	SER	595	-79,199	-11,875	-22,345	1,00	73,80	B	C
NGUYÊN TỬ	3854	CB	SER	595	-78,882	-10,764	-23,343	1,00	73,82	B	C
NGUYÊN TỬ	3855	OG	SER	595	-80,030	-9,986	-23,621	1,00	74,77	B	O
NGUYÊN TỬ	3856	C	SER	595	-77,925	-12,644	-22,024	1,00	72,54	B	C
NGUYÊN TỬ	3857	O	SER	595	-77,189	-12,282	-21,108	1,00	72,16	B	O
NGUYÊN TỬ	3858	N	ILE	596	-77,669	-13,708	-22,776	1,00	71,00	B	N
NGUYÊN TỬ	3859	CA	ILE	596	-76,505	-14,546	-22,527	1,00	68,81	B	C
NGUYÊN TỬ	3860	CB	ILE	596	-76,932	-15,985	-22,162	1,00	69,08	B	C
NGUYÊN TỬ	3861	CG2	ILE	596	-77,525	-16,682	-23,376	1,00	69,30	B	C
NGUYÊN TỬ	3862	CG1	ILE	596	-75,731	-16,768	-21,634	1,00	68,96	B	C
NGUYÊN TỬ	3863	CD1	ILE	596	-75,266	-16,303	-20,276	1,00	68,21	B	C
NGUYÊN TỬ	3864	C	ILE	596	-75,613	-14,572	-23,765	1,00	67,78	B	C
NGUYÊN TỬ	3865	O	ILE	596	-76,101	-14,666	-24,892	1,00	67,52	B	O
NGUYÊN TỬ	3866	N	HIS	597	-74,304	-14,478	-23,551	1,00	66,74	B	N
NGUYÊN TỬ	3867	CA	HIS	597	-73,350	-14,407	-24,653	1,00	65,51	B	C
NGUYÊN TỬ	3868	CB	HIS	597	-72,680	-13,033	-24,678	1,00	67,23	B	C
NGUYÊN TỬ	3869	CG	HIS	597	-73,646	-11,893	-24,586	1,00	69,06	B	C
NGUYÊN TỬ	3870	CD2	HIS	597	-74,065	-11,162	-23,525	1,00	68,78	B	C
NGUYÊN TỬ	3871	ND1	HIS	597	-74,330	-11,405	-25,680	1,00	69,46	B	N
NGUYÊN TỬ	3872	CE1	HIS	597	-75,128	-10,425	-25,297	1,00	69,61	B	C
NGUYÊN TỬ	3873	NE2	HIS	597	-74,987	-10,258	-23,993	1,00	69,86	B	N
NGUYÊN TỬ	3874	C	HIS	597	-72,292	-15,492	-24,519	1,00	63,90	B	C

NGUYÊN TỬ	3875	O	HIS	597	-71,750	-15,713	-23,440	1,00	64,34	B	O
NGUYÊN TỬ	3876	N	ALA	598	-72,000	-16,169	-25,622	1,00	61,69	B	N
NGUYÊN TỬ	3877	CA	ALA	598	-71,035	-17,257	-25,606	1,00	59,24	B	C
NGUYÊN TỬ	3878	CB	ALA	598	-71,733	-18,580	-25,919	1,00	59,25	B	C
NGUYÊN TỬ	3879	C	ALA	598	-69,922	-17,002	-26,610	1,00	57,16	B	C
NGUYÊN TỬ	3880	O	ALA	598	-70,179	-16,648	-27,759	1,00	57,27	B	O
NGUYÊN TỬ	3881	N	SER	599	-68,684	-17,182	-26,172	1,00	55,41	B	N
NGUYÊN TỬ	3882	CA	SER	599	-67,548	-17,103	-27,077	1,00	54,67	B	C
NGUYÊN TỬ	3883	CB	SER	599	-66,342	-16,495	-26,349	1,00	54,38	B	C
NGUYÊN TỬ	3884	OG	SER	599	-65,192	-16,463	-27,181	1,00	53,69	B	O
NGUYÊN TỬ	3885	C	SER	599	-67,212	-18,506	-27,586	1,00	54,57	B	C
NGUYÊN TỬ	3886	O	SER	599	-66,904	-19,401	-26,800	1,00	53,49	B	O
NGUYÊN TỬ	3887	N	CYS	600	-67,282	-18,698	-28,901	1,00	55,25	B	N
NGUYÊN TỬ	3888	CA	CYS	600	-66,994	-19,999	-29,498	1,00	58,00	B	C
NGUYÊN TỬ	3889	C	CYS	600	-65,816	-19,885	-30,457	1,00	58,00	B	C
NGUYÊN TỬ	3890	O	CYS	600	-65,784	-18,994	-31,300	1,00	58,78	B	O
NGUYÊN TỬ	3891	CB	CYS	600	-68,218	-20,525	-30,259	1,00	59,36	B	C
NGUYÊN TỬ	3892	SG	CYS	600	-69,778	-20,583	-29,309	1,00	63,79	B	S
NGUYÊN TỬ	3893	N	CYS	601	-64,848	-20,784	-30,330	1,00	57,59	B	N
NGUYÊN TỬ	3894	CA	CYS	601	-63,696	-20,762	-31,220	1,00	59,73	B	C
NGUYÊN TỬ	3895	C	CYS	601	-63,475	-22,110	-31,892	1,00	59,37	B	C
NGUYÊN TỬ	3896	O	CYS	601	-63,589	-23,160	-31,260	1,00	58,29	B	O
NGUYÊN TỬ	3897	CB	CYS	601	-62,420	-20,395	-30,461	1,00	61,31	B	C
NGUYÊN TỬ	3898	SG	CYS	601	-62,321	-18,753	-29,670	1,00	67,30	B	S
NGUYÊN TỬ	3899	N	HIS	602	-63,147	-22,065	-33,177	1,00	59,49	B	N
NGUYÊN TỬ	3900	CA	HIS	602	-62,668	-23,232	-33,895	1,00	60,04	B	C
NGUYÊN TỬ	3901	CB	HIS	602	-63,299	-23,278	-35,293	1,00	62,97	B	C
NGUYÊN TỬ	3902	CG	HIS	602	-62,908	-24,479	-36,099	1,00	66,97	B	C
NGUYÊN TỬ	3903	CD2	HIS	602	-63,643	-25,517	-36,565	1,00	68,22	B	C
NGUYÊN TỬ	3904	ND1	HIS	602	-61,615	-24,706	-36,521	1,00	68,55	B	N
NGUYÊN TỬ	3905	CE1	HIS	602	-61,570	-25,832	-37,211	1,00	68,47	B	C
NGUYÊN TỬ	3906	NE2	HIS	602	-62,788	-26,344	-37,253	1,00	68,91	B	N
NGUYÊN TỬ	3907	C	HIS	602	-61,156	-23,094	-34,005	1,00	59,13	B	C
NGUYÊN TỬ	3908	O	HIS	602	-60,658	-22,117	-34,560	1,00	58,95	B	O
NGUYÊN TỬ	3909	N	ALA	603	-60,425	-24,059	-33,462	1,00	57,63	B	N
NGUYÊN TỬ	3910	CA	ALA	603	-58,972	-24,045	-33,551	1,00	57,29	B	C
NGUYÊN TỬ	3911	CB	ALA	603	-58,392	-23,137	-32,478	1,00	57,06	B	C
NGUYÊN TỬ	3912	C	ALA	603	-58,414	-25,455	-33,405	1,00	58,27	B	C
NGUYÊN TỬ	3913	O	ALA	603	-58,907	-26,254	-32,611	1,00	57,05	B	O
NGUYÊN TỬ	3914	N	PRO	604	-57,363	-25,770	-34,170	1,00	59,55	B	N
NGUYÊN TỬ	3915	CD	PRO	604	-56,540	-24,798	-34,914	1,00	60,80	B	C
NGUYÊN TỬ	3916	CA	PRO	604	-56,843	-27,137	-34,279	1,00	59,96	B	C
NGUYÊN TỬ	3917	CB	PRO	604	-55,719	-27,016	-35,308	1,00	60,62	B	C
NGUYÊN TỬ	3918	CG	PRO	604	-55,294	-25,580	-35,237	1,00	61,97	B	C
NGUYÊN TỬ	3919	C	PRO	604	-56,344	-27,701	-32,954	1,00	59,56	B	C
NGUYÊN TỬ	3920	O	PRO	604	-55,343	-27,238	-32,409	1,00	60,04	B	O
NGUYÊN TỬ	3921	N	GLY	605	-57,046	-28,708	-32,445	1,00	58,14	B	N
NGUYÊN TỬ	3922	CA	GLY	605	-56,616	-29,359	-31,223	1,00	55,88	B	C
NGUYÊN TỬ	3923	C	GLY	605	-57,024	-28,610	-29,969	1,00	54,81	B	C
NGUYÊN TỬ	3924	O	GLY	605	-56,578	-28,938	-28,870	1,00	55,62	B	O
NGUYÊN TỬ	3925	N	LEU	606	-57,871	-27,600	-30,126	1,00	52,76	B	N
NGUYÊN TỬ	3926	CA	LEU	606	-58,380	-26,859	-28,980	1,00	50,04	B	C
NGUYÊN TỬ	3927	CB	LEU	606	-59,100	-25,593	-29,445	1,00	48,66	B	C
NGUYÊN TỬ	3928	CG	LEU	606	-59,707	-24,770	-28,305	1,00	47,30	B	C
NGUYÊN TỬ	3929	CD1	LEU	606	-58,587	-24,229	-27,437	1,00	47,38	B	C
NGUYÊN TỬ	3930	CD2	LEU	606	-60,546	-23,640	-28,862	1,00	46,45	B	C
NGUYÊN TỬ	3931	C	LEU	606	-59,352	-27,715	-28,179	1,00	50,49	B	C
NGUYÊN TỬ	3932	O	LEU	606	-60,373	-28,170	-28,705	1,00	50,29	B	O
NGUYÊN TỬ	3933	N	GLU	607	-59,044	-27,932	-26,905	1,00	49,74	B	N
NGUYÊN TỬ	3934	CA	GLU	607	-60,027	-28,511	-26,004	1,00	49,92	B	C
NGUYÊN TỬ	3935	CB	GLU	607	-59,688	-29,975	-25,689	1,00	51,37	B	C
NGUYÊN TỬ	3936	CG	GLU	607	-58,375	-30,208	-24,972	1,00	54,60	B	C
NGUYÊN TỬ	3937	CD	GLU	607	-58,294	-31,599	-24,346	1,00	56,01	B	C
NGUYÊN TỬ	3938	OE1	GLU	607	-57,200	-32,202	-24,360	1,00	56,47	B	O
NGUYÊN TỬ	3939	OE2	GLU	607	-59,325	-32,089	-23,836	1,00	57,69	B	O
NGUYÊN TỬ	3940	C	GLU	607	-60,151	-27,707	-24,720	1,00	49,55	B	C
NGUYÊN TỬ	3941	O	GLU	607	-59,161	-27,218	-24,179	1,00	49,44	B	O
NGUYÊN TỬ	3942	N	CYS	608	-61,384	-27,565	-24,249	1,00	49,05	B	N
NGUYÊN TỬ	3943	CA	CYS	608	-61,677	-26,794	-23,050	1,00	49,93	B	C
NGUYÊN TỬ	3944	C	CYS	608	-62,611	-27,598	-22,155	1,00	51,10	B	C
NGUYÊN TỬ	3945	O	CYS	608	-63,400	-28,410	-22,641	1,00	51,03	B	O
NGUYÊN TỬ	3946	CB	CYS	608	-62,374	-25,482	-23,406	1,00	49,04	B	C
NGUYÊN TỬ	3947	SG	CYS	608	-61,522	-24,352	-24,553	1,00	51,08	B	S
NGUYÊN TỬ	3948	N	LYS	609	-62,526	-27,357	-20,852	1,00	51,23	B	N
NGUYÊN TỬ	3949	CA	LYS	609	-63,435	-27,976	-19,901	1,00	52,84	B	C
NGUYÊN TỬ	3950	CB	LYS	609	-62,791	-29,219	-19,286	1,00	53,14	B	C

NGUYÊN TỬ	3951	CG	LYS	609	-61,523	-28,955	-18,501	1,00	56,59	B	C
NGUYÊN TỬ	3952	CD	LYS	609	-60,931	-30,262	-17,996	1,00	59,65	B	C
NGUYÊN TỬ	3953	CE	LYS	609	-59,776	-30,034	-17,035	1,00	62,05	B	C
NGUYÊN TỬ	3954	NZ	LYS	609	-59,273	-31,333	-16,491	1,00	64,13	B	N
NGUYÊN TỬ	3955	C	LYS	609	-63,807	-26,985	-18,808	1,00	53,60	B	C
NGUYÊN TỬ	3956	O	LYS	609	-63,155	-25,953	-18,652	1,00	54,60	B	O
NGUYÊN TỬ	3957	N	VAL	610	-64,859	-27,297	-18,059	1,00	53,79	B	N
NGUYÊN TỬ	3958	CA	VAL	610	-65,302	-26,448	-16,961	1,00	54,51	B	C
NGUYÊN TỬ	3959	CB	VAL	610	-66,830	-26,320	-16,947	1,00	53,63	B	C
NGUYÊN TỬ	3960	CG1	VAL	610	-67,271	-25,529	-15,731	1,00	53,41	B	C
NGUYÊN TỬ	3961	CG2	VAL	610	-67,302	-25,645	-18,218	1,00	53,06	B	C
NGUYÊN TỬ	3962	C	VAL	610	-64,856	-26,978	-15,603	1,00	56,27	B	C
NGUYÊN TỬ	3963	O	VAL	610	-64,852	-28,186	-15,371	1,00	56,36	B	O
NGUYÊN TỬ	3964	N	LYS	611	-64,472	-26,064	-14,714	1,00	58,50	B	N
NGUYÊN TỬ	3965	CA	LYS	611	-64,239	-26,387	-13,308	1,00	60,09	B	C
NGUYÊN TỬ	3966	CB	LYS	611	-62,755	-26,257	-12,963	1,00	60,15	B	C
NGUYÊN TỬ	3967	CG	LYS	611	-61,822	-26,853	-14,002	1,00	62,60	B	C
NGUYÊN TỬ	3968	CD	LYS	611	-60,861	-27,869	-13,396	1,00	64,20	B	C
NGUYÊN TỬ	3969	CE	LYS	611	-59,980	-27,252	-12,319	1,00	63,58	B	C
NGUYÊN TỬ	3970	NZ	LYS	611	-60,714	-27,067	-11,039	1,00	62,59	B	N
NGUYÊN TỬ	3971	C	LYS	611	-65,042	-25,421	-12,449	1,00	61,71	B	C
NGUYÊN TỬ	3972	O	LYS	611	-65,139	-24,235	-12,764	1,00	62,06	B	O
NGUYÊN TỬ	3973	N	GLU	612	-65,622	-25,929	-11,369	1,00	63,68	B	N
NGUYÊN TỬ	3974	CA	GLU	612	-66,417	-25,101	-10,474	1,00	66,24	B	C
NGUYÊN TỬ	3975	CB	GLU	612	-67,877	-25,550	-10,484	1,00	67,02	B	C
NGUYÊN TỬ	3976	CG	GLU	612	-68,589	-25,366	-11,802	1,00	70,34	B	C
NGUYÊN TỬ	3977	CD	GLU	612	-70,077	-25,645	-11,685	1,00	72,40	B	C
NGUYÊN TỬ	3978	OE1	GLU	612	-70,810	-25,417	-12,671	1,00	73,78	B	O
NGUYÊN TỬ	3979	OE2	GLU	612	-70,512	-26,091	-10,600	1,00	73,79	B	O
NGUYÊN TỬ	3980	C	GLU	612	-65,901	-25,158	-9,042	1,00	68,03	B	C
NGUYÊN TỬ	3981	O	GLU	612	-65,141	-26,056	-8,675	1,00	66,96	B	O
NGUYÊN TỬ	3982	N	HIS	613	-66,327	-24,185	-8,241	1,00	70,17	B	N
NGUYÊN TỬ	3983	CA	HIS	613	-66,140	-24,226	-6,798	1,00	72,95	B	C
NGUYÊN TỬ	3984	CB	HIS	613	-64,726	-23,777	-6,426	1,00	73,69	B	C
NGUYÊN TỬ	3985	CG	HIS	613	-64,399	-23,948	-4,975	1,00	74,96	B	C
NGUYÊN TỬ	3986	CD2	HIS	613	-64,782	-23,243	-3,885	1,00	75,11	B	C
NGUYÊN TỬ	3987	ND1	HIS	613	-63,574	-24,951	-4,512	1,00	76,02	B	N
NGUYÊN TỬ	3988	CE1	HIS	613	-63,462	-24,856	-3,199	1,00	75,34	B	C
NGUYÊN TỬ	3989	NE2	HIS	613	-64,185	-23,827	-2,793	1,00	75,59	B	N
NGUYÊN TỬ	3990	C	HIS	613	-67,162	-23,310	-6,142	1,00	75,10	B	C
NGUYÊN TỬ	3991	O	HIS	613	-67,342	-22,165	-6,557	1,00	74,72	B	O
NGUYÊN TỬ	3992	N	GLY	614	-67,840	-23,824	-5,124	1,00	78,12	B	N
NGUYÊN TỬ	3993	CA	GLY	614	-68,806	-23,017	-4,404	1,00	81,74	B	C
NGUYÊN TỬ	3994	C	GLY	614	-68,482	-22,968	-2,926	1,00	84,51	B	C
NGUYÊN TỬ	3995	O	GLY	614	-67,916	-23,913	-2,376	1,00	84,08	B	O
NGUYÊN TỬ	3996	N	ILE	615	-68,829	-21,860	-2,281	1,00	87,55	B	N
NGUYÊN TỬ	3997	CA	ILE	615	-68,696	-21,749	-0,836	1,00	90,95	B	C
NGUYÊN TỬ	3998	CB	ILE	615	-67,545	-20,795	-0,445	1,00	90,68	B	C
NGUYÊN TỬ	3999	CG2	ILE	615	-67,478	-20,648	1,070	1,00	90,91	B	C
NGUYÊN TỬ	4000	CG1	ILE	615	-66,218	-21,342	-0,970	1,00	90,52	B	C
NGUYÊN TỬ	4001	CD1	ILE	615	-65,019	-20,498	-0,596	1,00	91,21	B	C
NGUYÊN TỬ	4002	C	ILE	615	-70,001	-21,236	-0,240	1,00	93,64	B	C
NGUYÊN TỬ	4003	O	ILE	615	-70,584	-20,268	-0,734	1,00	93,43	B	O
NGUYÊN TỬ	4004	N	PRO	616	-70,480	-21,892	0,829	1,00	96,49	B	N
NGUYÊN TỬ	4005	CD	PRO	616	-69,870	-23,095	1,420	1,00	97,34	B	C
NGUYÊN TỬ	4006	CA	PRO	616	-71,741	-21,540	1,490	1,00	98,31	B	C
NGUYÊN TỬ	4007	CB	PRO	616	-71,878	-22,590	2,592	1,00	98,23	B	C
NGUYÊN TỬ	4008	CG	PRO	616	-71,022	-23,732	2,137	1,00	97,91	B	C
NGUYÊN TỬ	4009	C	PRO	616	-71,695	-20,127	2,056	1,00	100,07	B	C
NGUYÊN TỬ	4010	O	PRO	616	-72,555	-19,296	1,757	1,00	100,25	B	O
NGUYÊN TỬ	4011	N	ALA	617	-70,681	-19,863	2,875	1,00	101,81	B	N
NGUYÊN TỬ	4012	CA	ALA	617	-70,478	-18,536	3,440	1,00	103,72	B	C
NGUYÊN TỬ	4013	CB	ALA	617	-70,126	-18,644	4,920	1,00	103,96	B	C
NGUYÊN TỬ	4014	C	ALA	617	-69,369	-17,810	2,690	1,00	104,59	B	C
NGUYÊN TỬ	4015	O	ALA	617	-68,188	-17,958	3,006	1,00	104,51	B	O
NGUYÊN TỬ	4016	N	PRO	618	-69,740	-17,009	1,681	1,00	105,43	B	N
NGUYÊN TỬ	4017	CD	PRO	618	-71,117	-16,737	1,232	1,00	105,79	B	C
NGUYÊN TỬ	4018	CA	PRO	618	-68,748	-16,235	0,929	1,00	105,78	B	C
NGUYÊN TỬ	4019	CB	PRO	618	-69,568	-15,579	-0,181	1,00	106,12	B	C
NGUYÊN TỬ	4020	CG	PRO	618	-70,960	-15,521	0,363	1,00	106,24	B	C
NGUYÊN TỬ	4021	C	PRO	618	-68,052	-15,211	1,821	1,00	105,78	B	C
NGUYÊN TỬ	4022	O	PRO	618	-68,610	-14,157	2,131	1,00	105,85	B	O
NGUYÊN TỬ	4023	N	GLN	619	-66,829	-15,536	2,228	1,00	105,22	B	N
NGUYÊN TỬ	4024	CA	GLN	619	-66,071	-14,709	3,158	1,00	104,16	B	C
NGUYÊN TỬ	4025	CB	GLN	619	-64,819	-15,465	3,610	1,00	106,08	B	C
NGUYÊN TỬ	4026	CG	GLN	619	-63,990	-14,740	4,651	1,00	109,04	B	C

NGUYÊN TỬ	4027	CD	GLN	619	-62,910	-15,623	5,243	1,00	110,77	B	C
NGUYÊN TỬ	4028	OE1	GLN	619	-62,885	-15,867	6,451	1,00	111,68	B	O
NGUYÊN TỬ	4029	NE2	GLN	619	-62,010	-16,111	4,394	1,00	111,21	B	N
NGUYÊN TỬ	4030	C	GLN	619	-65,675	-13,369	2,532	1,00	101,86	B	C
NGUYÊN TỬ	4031	O	GLN	619	-65,431	-12,389	3,237	1,00	102,25	B	O
NGUYÊN TỬ	4032	N	GLY	620	-65,619	-13,337	1,204	1,00	98,47	B	N
NGUYÊN TỬ	4033	CA	GLY	620	-65,264	-12,120	0,497	1,00	93,13	B	C
NGUYÊN TỬ	4034	C	GLY	620	-64,971	-12,411	-0,964	1,00	89,75	B	C
NGUYÊN TỬ	4035	O	GLY	620	-65,153	-11,556	-1,832	1,00	89,35	B	O
NGUYÊN TỬ	4036	N	GLN	621	-64,518	-13,630	-1,236	1,00	85,41	B	N
NGUYÊN TỬ	4037	CA	GLN	621	-64,285	-14,065	-2,604	1,00	81,21	B	C
NGUYÊN TỬ	4038	CB	GLN	621	-62,963	-13,499	-3,122	1,00	80,76	B	C
NGUYÊN TỬ	4039	CG	GLN	621	-61,738	-14,039	-2,412	1,00	79,63	B	C
NGUYÊN TỬ	4040	CD	GLN	621	-60,449	-13,607	-3,080	1,00	80,09	B	C
NGUYÊN TỬ	4041	OE1	GLN	621	-60,360	-12,509	-3,631	1,00	79,55	B	O
NGUYÊN TỬ	4042	NE2	GLN	621	-59,441	-14,471	-3,036	1,00	79,53	B	N
NGUYÊN TỬ	4043	C	GLN	621	-64,261	-15,585	-2,717	1,00	78,31	B	C
NGUYÊN TỬ	4044	O	GLN	621	-63,759	-16,280	-1,833	1,00	77,75	B	O
NGUYÊN TỬ	4045	N	VAL	622	-64,810	-16,094	-3,813	1,00	74,56	B	N
NGUYÊN TỬ	4046	CA	VAL	622	-64,715	-17,511	-4,135	1,00	70,71	B	C
NGUYÊN TỬ	4047	CB	VAL	622	-66,096	-18,084	-4,517	1,00	70,57	B	C
NGUYÊN TỬ	4048	CG1	VAL	622	-65,987	-19,574	-4,772	1,00	70,29	B	C
NGUYÊN TỬ	4049	CG2	VAL	622	-67,099	-17,800	-3,413	1,00	70,77	B	C
NGUYÊN TỬ	4050	C	VAL	622	-63,773	-17,661	-5,323	1,00	68,02	B	C
NGUYÊN TỬ	4051	O	VAL	622	-63,844	-16,883	-6,273	1,00	67,71	B	O
NGUYÊN TỬ	4052	N	THR	623	-62,889	-18,652	-5,272	1,00	65,11	B	N
NGUYÊN TỬ	4053	CA	THR	623	-61,955	-18,871	-6,371	1,00	62,26	B	C
NGUYÊN TỬ	4054	CB	THR	623	-60,535	-18,421	-6,005	1,00	62,27	B	C
NGUYÊN TỬ	4055	OG1	THR	623	-60,016	-19,274	-4,979	1,00	62,80	B	O
NGUYÊN TỬ	4056	CG2	THR	623	-60,539	-16,982	-5,515	1,00	61,70	B	C
NGUYÊN TỬ	4057	C	THR	623	-61,868	-20,329	-6,808	1,00	61,06	B	C
NGUYÊN TỬ	4058	O	THR	623	-62,154	-21,243	-6,037	1,00	60,46	B	O
NGUYÊN TỬ	4059	N	VAL	624	-61,463	-20,528	-8,059	1,00	58,95	B	N
NGUYÊN TỬ	4060	CA	VAL	624	-61,115	-21,845	-8,570	1,00	56,86	B	C
NGUYÊN TỬ	4061	CB	VAL	624	-62,357	-22,553	-9,183	1,00	56,41	B	C
NGUYÊN TỬ	4062	CG1	VAL	624	-62,927	-21,727	-10,326	1,00	56,31	B	C
NGUYÊN TỬ	4063	CG2	VAL	624	-61,979	-23,939	-9,672	1,00	55,46	B	C
NGUYÊN TỬ	4064	C	VAL	624	-60,026	-21,684	-9,634	1,00	55,91	B	C
NGUYÊN TỬ	4065	O	VAL	624	-60,034	-20,723	-10,399	1,00	54,97	B	O
NGUYÊN TỬ	4066	N	ALA	625	-59,085	-22,620	-9,674	1,00	55,07	B	N
NGUYÊN TỬ	4067	CA	ALA	625	-57,945	-22,504	-10,573	1,00	56,43	B	C
NGUYÊN TỬ	4068	CB	ALA	625	-56,656	-22,419	-9,766	1,00	55,50	B	C
NGUYÊN TỬ	4069	C	ALA	625	-57,869	-23,673	-11,548	1,00	57,84	B	C
NGUYÊN TỬ	4070	O	ALA	625	-58,319	-24,776	-11,241	1,00	58,31	B	O
NGUYÊN TỬ	4071	N	CYS	626	-57,294	-23,424	-12,722	1,00	57,81	B	N
NGUYÊN TỬ	4072	CA	CYS	626	-57,054	-24,479	-13,692	1,00	59,13	B	C
NGUYÊN TỬ	4073	C	CYS	626	-55,829	-25,288	-13,308	1,00	61,75	B	C
NGUYÊN TỬ	4074	O	CYS	626	-54,831	-24,741	-12,845	1,00	62,27	B	O
NGUYÊN TỬ	4075	CB	CYS	626	-56,840	-23,896	-15,088	1,00	56,64	B	C
NGUYÊN TỬ	4076	SG	CYS	626	-58,258	-22,975	-15,751	1,00	57,44	B	S
NGUYÊN TỬ	4077	N	GLU	627	-55,911	-26,596	-13,525	1,00	64,64	B	N
NGUYÊN TỬ	4078	CA	GLU	627	-54,810	-27,501	-13,241	1,00	67,51	B	C
NGUYÊN TỬ	4079	CB	GLU	627	-55,229	-28,938	-13,553	1,00	70,84	B	C
NGUYÊN TỬ	4080	CG	GLU	627	-56,560	-29,333	-12,944	1,00	76,92	B	C
NGUYÊN TỬ	4081	CD	GLU	627	-57,452	-30,066	-13,929	1,00	81,54	B	C
NGUYÊN TỬ	4082	OE1	GLU	627	-57,100	-31,203	-14,322	1,00	83,33	B	O
NGUYÊN TỬ	4083	OE2	GLU	627	-58,503	-29,502	-14,311	1,00	83,28	B	O
NGUYÊN TỬ	4084	C	GLU	627	-53,576	-27,147	-14,061	1,00	67,30	B	C
NGUYÊN TỬ	4085	O	GLU	627	-53,669	-26,488	-15,097	1,00	67,09	B	O
NGUYÊN TỬ	4086	N	GLU	628	-52,420	-27,595	-13,587	1,00	67,21	B	N
NGUYÊN TỬ	4087	CA	GLU	628	-51,178	-27,462	-14,333	1,00	67,26	B	C
NGUYÊN TỬ	4088	CB	GLU	628	-50,071	-28,260	-13,638	1,00	71,29	B	C
NGUYÊN TỬ	4089	CG	GLU	628	-48,693	-28,097	-14,259	1,00	76,58	B	C
NGUYÊN TỬ	4090	CD	GLU	628	-48,155	-26,687	-14,105	1,00	80,28	B	C
NGUYÊN TỬ	4091	OE1	GLU	628	-47,423	-26,433	-13,121	1,00	82,51	B	O
NGUYÊN TỬ	4092	OE2	GLU	628	-48,466	-25,833	-14,965	1,00	81,67	B	O
NGUYÊN TỬ	4093	C	GLU	628	-51,377	-27,986	-15,751	1,00	65,26	B	C
NGUYÊN TỬ	4094	O	GLU	628	-51,897	-29,084	-15,943	1,00	65,44	B	O
NGUYÊN TỬ	4095	N	GLY	629	-50,963	-27,198	-16,738	1,00	62,46	B	N
NGUYÊN TỬ	4096	CA	GLY	629	-51,086	-27,618	-18,123	1,00	58,55	B	C
NGUYÊN TỬ	4097	C	GLY	629	-52,260	-26,986	-18,853	1,00	56,59	B	C
NGUYÊN TỬ	4098	O	GLY	629	-52,297	-26,971	-20,085	1,00	56,28	B	O
NGUYÊN TỬ	4099	N	TRP	630	-53,220	-26,466	-18,094	1,00	54,07	B	N
NGUYÊN TỬ	4100	CA	TRP	630	-54,389	-25,811	-18,670	1,00	52,31	B	C
NGUYÊN TỬ	4101	CB	TRP	630	-55,667	-26,350	-18,020	1,00	53,37	B	C
NGUYÊN TỬ	4102	CG	TRP	630	-55,912	-27,798	-18,298	1,00	56,24	B	C

NGUYÊN TỬ	4103	CD2	TRP	630	-56,828	-28,348	-19,253	1,00	56,84	B	C
NGUYÊN TỬ	4104	CE2	TRP	630	-56,728	-29,752	-19,168	1,00	57,44	B	C
NGUYÊN TỬ	4105	CE3	TRP	630	-57,724	-27,791	-20,170	1,00	56,63	B	C
NGUYÊN TỬ	4106	CD1	TRP	630	-55,310	-28,861	-17,691	1,00	56,81	B	C
NGUYÊN TỬ	4107	NE1	TRP	630	-55,794	-30,037	-18,206	1,00	57,15	B	N
NGUYÊN TỬ	4108	CZ2	TRP	630	-57,489	-30,608	-19,964	1,00	56,00	B	C
NGUYÊN TỬ	4109	CZ3	TRP	630	-58,482	-28,644	-20,962	1,00	58,10	B	C
NGUYÊN TỬ	4110	CH2	TRP	630	-58,357	-30,037	-20,852	1,00	56,56	B	C
NGUYÊN TỬ	4111	C	TRP	630	-54,325	-24,295	-18,487	1,00	50,00	B	C
NGUYÊN TỬ	4112	O	TRP	630	-53,696	-23,802	-17,555	1,00	49,79	B	O
NGUYÊN TỬ	4113	N	THR	631	-54,987	-23,563	-19,378	1,00	46,86	B	N
NGUYÊN TỬ	4114	CA	THR	631	-55,000	-22,106	-19,313	1,00	42,14	B	C
NGUYÊN TỬ	4115	CB	THR	631	-54,472	-21,490	-20,628	1,00	41,03	B	C
NGUYÊN TỬ	4116	OG1	THR	631	-53,126	-21,924	-20,850	1,00	38,22	B	O
NGUYÊN TỬ	4117	CG2	THR	631	-54,510	-19,966	-20,568	1,00	39,04	B	C
NGUYÊN TỬ	4118	C	THR	631	-56,415	-21,601	-19,069	1,00	41,59	B	C
NGUYÊN TỬ	4119	O	THR	631	-57,349	-21,977	-19,777	1,00	41,97	B	O
NGUYÊN TỬ	4120	N	LEU	632	-56,573	-20,743	-18,068	1,00	40,02	B	N
NGUYÊN TỬ	4121	CA	LEU	632	-57,866	-20,126	-17,804	1,00	39,61	B	C
NGUYÊN TỬ	4122	CB	LEU	632	-57,799	-19,316	-16,509	1,00	38,76	B	C
NGUYÊN TỬ	4123	CG	LEU	632	-59,077	-18,608	-16,057	1,00	42,02	B	C
NGUYÊN TỬ	4124	CD1	LEU	632	-60,205	-19,619	-15,901	1,00	41,47	B	C
NGUYÊN TỬ	4125	CD2	LEU	632	-58,816	-17,899	-14,731	1,00	41,91	B	C
NGUYÊN TỬ	4126	C	LEU	632	-58,232	-19,212	-18,973	1,00	40,31	B	C
NGUYÊN TỬ	4127	O	LEU	632	-57,476	-18,301	-19,311	1,00	39,62	B	O
NGUYÊN TỬ	4128	N	THR	633	-59,377	-19,465	-19,601	1,00	40,05	B	N
NGUYÊN TỬ	4129	CA	THR	633	-59,849	-18,597	-20,676	1,00	40,37	B	C
NGUYÊN TỬ	4130	CB	THR	633	-60,166	-19,385	-21,974	1,00	40,11	B	C
NGUYÊN TỬ	4131	OG1	THR	633	-61,267	-20,270	-21,740	1,00	42,19	B	O
NGUYÊN TỬ	4132	CG2	THR	633	-58,958	-20,187	-22,430	1,00	39,36	B	C
NGUYÊN TỬ	4133	C	THR	633	-61,113	-17,855	-20,267	1,00	40,80	B	C
NGUYÊN TỬ	4134	O	THR	633	-61,408	-16,790	-20,797	1,00	42,82	B	O
NGUYÊN TỬ	4135	N	GLY	634	-61,868	-18,423	-19,335	1,00	41,84	B	N
NGUYÊN TỬ	4136	CA	GLY	634	-63,129	-17,816	-18,949	1,00	43,05	B	C
NGUYÊN TỬ	4137	C	GLY	634	-63,344	-17,877	-17,454	1,00	44,20	B	C
NGUYÊN TỬ	4138	O	GLY	634	-62,980	-18,859	-16,813	1,00	44,52	B	O
NGUYÊN TỬ	4139	N	CYS	635	-63,927	-16,823	-16,892	1,00	46,22	B	N
NGUYÊN TỬ	4140	CA	CYS	635	-64,151	-16,751	-15,452	1,00	49,45	B	C
NGUYÊN TỬ	4141	C	CYS	635	-65,479	-16,072	-15,176	1,00	50,61	B	C
NGUYÊN TỬ	4142	O	CYS	635	-65,802	-15,046	-15,774	1,00	51,08	B	O
NGUYÊN TỬ	4143	CB	CYS	635	-63,019	-15,979	-14,770	1,00	49,68	B	C
NGUYÊN TỬ	4144	SG	CYS	635	-63,191	-15,778	-12,960	1,00	54,65	B	S
NGUYÊN TỬ	4145	N	SER	636	-66,245	-16,647	-14,261	1,00	52,89	B	N
NGUYÊN TỬ	4146	CA	SER	636	-67,661	-16,339	-14,186	1,00	56,15	B	C
NGUYÊN TỬ	4147	CB	SER	636	-68,390	-17,073	-15,317	1,00	56,84	B	C
NGUYÊN TỬ	4148	OG	SER	636	-69,709	-16,597	-15,483	1,00	59,24	B	O
NGUYÊN TỬ	4149	C	SER	636	-68,215	-16,773	-12,839	1,00	57,63	B	C
NGUYÊN TỬ	4150	O	SER	636	-67,656	-17,654	-12,187	1,00	57,25	B	O
NGUYÊN TỬ	4151	N	ALA	637	-69,310	-16,148	-12,422	1,00	60,91	B	N
NGUYÊN TỬ	4152	CA	ALA	637	-70,052	-16,611	-11,253	1,00	64,91	B	C
NGUYÊN TỬ	4153	CB	ALA	637	-70,318	-15,446	-10,305	1,00	62,85	B	C
NGUYÊN TỬ	4154	C	ALA	637	-71,373	-17,231	-11,704	1,00	68,14	B	C
NGUYÊN TỬ	4155	O	ALA	637	-71,992	-16,760	-12,664	1,00	66,65	B	O
NGUYÊN TỬ	4156	N	LEU	638	-71,803	-18,286	-11,016	1,00	72,27	B	N
NGUYÊN TỬ	4157	CA	LEU	638	-73,124	-18,855	-11,268	1,00	76,39	B	C
NGUYÊN TỬ	4158	CB	LEU	638	-73,332	-20,127	-10,447	1,00	76,34	B	C
NGUYÊN TỬ	4159	CG	LEU	638	-72,627	-21,379	-10,965	1,00	77,63	B	C
NGUYÊN TỬ	4160	CD1	LEU	638	-73,027	-22,581	-10,120	1,00	77,21	B	C
NGUYÊN TỬ	4161	CD2	LEU	638	-73,002	-21,604	-12,420	1,00	76,50	B	C
NGUYÊN TỬ	4162	C	LEU	638	-74,195	-17,836	-10,907	1,00	79,19	B	C
NGUYÊN TỬ	4163	O	LEU	638	-74,146	-17,221	-9,840	1,00	79,59	B	O
NGUYÊN TỬ	4164	N	PRO	639	-75,180	-17,645	-11,797	1,00	81,71	B	N
NGUYÊN TỬ	4165	CD	PRO	639	-75,359	-18,404	-13,047	1,00	81,80	B	C
NGUYÊN TỬ	4166	CA	PRO	639	-76,228	-16,636	-11,609	1,00	84,07	B	C
NGUYÊN TỬ	4167	CB	PRO	639	-76,986	-16,652	-12,936	1,00	83,38	B	C
NGUYÊN TỬ	4168	CG	PRO	639	-76,738	-18,011	-13,494	1,00	82,31	B	C
NGUYÊN TỬ	4169	C	PRO	639	-77,139	-16,934	-10,421	1,00	86,54	B	C
NGUYÊN TỬ	4170	O	PRO	639	-77,156	-18,053	-9,904	1,00	86,12	B	O
NGUYÊN TỬ	4171	N	GLY	640	-77,887	-15,921	-9,989	1,00	89,30	B	N
NGUYÊN TỬ	4172	CA	GLY	640	-78,889	-16,126	-8,958	1,00	92,85	B	C
NGUYÊN TỬ	4173	C	GLY	640	-78,395	-15,864	-7,549	1,00	95,28	B	C
NGUYÊN TỬ	4174	O	GLY	640	-78,954	-16,386	-6,583	1,00	95,56	B	O
NGUYÊN TỬ	4175	N	THR	641	-77,345	-15,059	-7,426	1,00	97,49	B	N
NGUYÊN TỬ	4176	CA	THR	641	-76,803	-14,714	-6,115	1,00	99,35	B	C
NGUYÊN TỬ	4177	CB	THR	641	-75,305	-15,069	-6,020	1,00	100,06	B	C
NGUYÊN TỬ	4178	OG1	THR	641	-75,106	-16,425	-6,444	1,00	100,46	B	O

NGUYÊN TỬ	4179	CG2	THR	641	-74,817	-14,922	-4,584	1,00100,75	B	C
NGUYÊN TỬ	4180	C	THR	641	-76,969	-13,219	-5,859	1,00 99,93	B	C
NGUYÊN TỬ	4181	O	THR	641	-77,280	-12,800	-4,741	1,00100,09	B	O
NGUYÊN TỬ	4182	N	SER	642	-76,758	-12,426	-6,907	1,00100,54	B	N
NGUYÊN TỬ	4183	CA	SER	642	-76,919	-10,976	-6,847	1,00100,83	B	C
NGUYÊN TỬ	4184	CB	SER	642	-78,311	-10,616	-6,311	1,00101,56	B	C
NGUYÊN TỬ	4185	OG	SER	642	-79,322	-10,989	-7,233	1,00102,34	B	O
NGUYÊN TỬ	4186	C	SER	642	-75,846	-10,293	-6,000	1,00100,09	B	C
NGUYÊN TỬ	4187	O	SER	642	-75,262	-9,292	-6,421	1,00100,47	B	O
NGUYÊN TỬ	4188	N	HIS	643	-75,587	-10,835	-4,813	1,00 98,31	B	N
NGUYÊN TỬ	4189	CA	HIS	643	-74,555	-10,297	-3,931	1,00 95,91	B	C
NGUYÊN TỬ	4190	CB	HIS	643	-74,722	-10,862	-2,519	1,00 98,80	B	C
NGUYÊN TỬ	4191	CG	HIS	643	-75,936	-10,348	-1,808	1,00102,15	B	C
NGUYÊN TỬ	4192	CD2	HIS	643	-76,772	-10,941	-0,923	1,00103,19	B	C
NGUYÊN TỬ	4193	ND1	HIS	643	-76,411	-9,064	-1,982	1,00103,40	B	N
NGUYÊN TỬ	4194	CE1	HIS	643	-77,485	-8,889	-1,233	1,00103,99	B	C
NGUYÊN TỬ	4195	NE2	HIS	643	-77,726	-10,012	-0,581	1,00104,35	B	N
NGUYÊN TỬ	4196	C	HIS	643	-73,158	-10,606	-4,463	1,00 92,18	B	C
NGUYÊN TỬ	4197	O	HIS	643	-72,247	-10,950	-3,707	1,00 92,08	B	O
NGUYÊN TỬ	4198	N	VAL	644	-73,012	-10,481	-5,779	1,00 86,97	B	N
NGUYÊN TỬ	4199	CA	VAL	644	-71,728	-10,628	-6,450	1,00 81,49	B	C
NGUYÊN TỬ	4200	CB	VAL	644	-71,815	-11,675	-7,583	1,00 81,51	B	C
NGUYÊN TỬ	4201	CG1	VAL	644	-70,522	-11,693	-8,383	1,00 80,44	B	C
NGUYÊN TỬ	4202	CG2	VAL	644	-72,090	-13,049	-6,993	1,00 81,28	B	C
NGUYÊN TỬ	4203	C	VAL	644	-71,298	-9,289	-7,042	1,00 77,33	B	C
NGUYÊN TỬ	4204	O	VAL	644	-72,070	-8,629	-7,739	1,00 75,98	B	O
NGUYÊN TỬ	4205	N	LEU	645	-70,061	-8,895	-6,756	1,00 72,69	B	N
NGUYÊN TỬ	4206	CA	LEU	645	-69,520	-7,632	-7,242	1,00 68,29	B	C
NGUYÊN TỬ	4207	CB	LEU	645	-68,409	-7,148	-6,307	1,00 68,02	B	C
NGUYÊN TỬ	4208	CG	LEU	645	-68,789	-7,055	-4,827	1,00 67,91	B	C
NGUYÊN TỬ	4209	CD1	LEU	645	-67,603	-6,554	-4,015	1,00 67,93	B	C
NGUYÊN TỬ	4210	CD2	LEU	645	-69,979	-6,125	-4,668	1,00 67,53	B	C
NGUYÊN TỬ	4211	C	LEU	645	-68,971	-7,801	-8,657	1,00 65,15	B	C
NGUYÊN TỬ	4212	O	LEU	645	-68,985	-6,864	-9,457	1,00 64,28	B	O
NGUYÊN TỬ	4213	N	GLY	646	-68,493	-9,006	-8,957	1,00 61,10	B	N
NGUYÊN TỬ	4214	CA	GLY	646	-67,971	-9,289	-10,280	1,00 56,54	B	C
NGUYÊN TỬ	4215	C	GLY	646	-66,980	-10,434	-10,276	1,00 53,72	B	C
NGUYÊN TỬ	4216	O	GLY	646	-66,789	-11,101	-9,259	1,00 53,37	B	O
NGUYÊN TỬ	4217	N	ALA	647	-66,342	-10,665	-11,417	1,00 50,95	B	N
NGUYÊN TỬ	4218	CA	ALA	647	-65,407	-11,776	-11,555	1,00 47,43	B	C
NGUYÊN TỬ	4219	CB	ALA	647	-66,143	-13,011	-12,073	1,00 46,90	B	C
NGUYÊN TỬ	4220	C	ALA	647	-64,276	-11,404	-12,510	1,00 45,07	B	C
NGUYÊN TỬ	4221	O	ALA	647	-64,484	-10,664	-13,471	1,00 45,31	B	O
NGUYÊN TỬ	4222	N	TYR	648	-63,081	-11,918	-12,243	1,00 41,18	B	N
NGUYÊN TỬ	4223	CA	TYR	648	-61,950	-11,701	-13,132	1,00 40,43	B	C
NGUYÊN TỬ	4224	CB	TYR	648	-61,315	-10,324	-12,880	1,00 38,89	B	C
NGUYÊN TỬ	4225	CG	TYR	648	-61,108	-9,998	-11,418	1,00 37,05	B	C
NGUYÊN TỬ	4226	CD1	TYR	648	-59,993	-10,455	-10,733	1,00 37,52	B	C
NGUYÊN TỬ	4227	CE1	TYR	648	-59,825	-10,189	-9,381	1,00 37,90	B	C
NGUYÊN TỬ	4228	CD2	TYR	648	-62,051	-9,262	-10,714	1,00 37,16	B	C
NGUYÊN TỬ	4229	CE2	TYR	648	-61,891	-8,992	-9,370	1,00 38,07	B	C
NGUYÊN TỬ	4230	CZ	TYR	648	-60,778	-9,460	-8,708	1,00 37,64	B	C
NGUYÊN TỬ	4231	OH	TYR	648	-60,630	-9,197	-7,362	1,00 40,14	B	O
NGUYÊN TỬ	4232	C	TYR	648	-60,905	-12,786	-12,953	1,00 40,67	B	C
NGUYÊN TỬ	4233	O	TYR	648	-60,817	-13,412	-11,896	1,00 40,70	B	O
NGUYÊN TỬ	4234	N	ALA	649	-60,112	-13,001	-13,995	1,00 40,21	B	N
NGUYÊN TỬ	4235	CA	ALA	649	-59,012	-13,949	-13,936	1,00 40,94	B	C
NGUYÊN TỬ	4236	CB	ALA	649	-58,743	-14,513	-15,329	1,00 40,44	B	C
NGUYÊN TỬ	4237	C	ALA	649	-57,755	-13,273	-13,395	1,00 41,98	B	C
NGUYÊN TỬ	4238	O	ALA	649	-57,403	-12,169	-13,813	1,00 42,47	B	O
NGUYÊN TỬ	4239	N	VAL	650	-57,089	-13,942	-12,460	1,00 41,96	B	N
NGUYÊN TỬ	4240	CA	VAL	650	-55,743	-13,576	-12,056	1,00 41,03	B	C
NGUYÊN TỬ	4241	CB	VAL	650	-55,659	-13,331	-10,528	1,00 41,39	B	C
NGUYÊN TỬ	4242	CG1	VAL	650	-54,239	-12,904	-10,141	1,00 36,26	B	C
NGUYÊN TỬ	4243	CG2	VAL	650	-56,675	-12,274	-10,115	1,00 38,03	B	C
NGUYÊN TỬ	4244	C	VAL	650	-54,814	-14,728	-12,429	1,00 42,88	B	C
NGUYÊN TỬ	4245	O	VAL	650	-54,775	-15,751	-11,746	1,00 43,57	B	O
NGUYÊN TỬ	4246	N	ASP	651	-54,068	-14,555	-13,514	1,00 45,00	B	N
NGUYÊN TỬ	4247	CA	ASP	651	-53,278	-15,641	-14,084	1,00 47,26	B	C
NGUYÊN TỬ	4248	CB	ASP	651	-52,219	-16,108	-13,086	1,00 50,04	B	C
NGUYÊN TỬ	4249	CG	ASP	651	-51,177	-17,014	-13,721	1,00 55,64	B	C
NGUYÊN TỬ	4250	OD1	ASP	651	-51,113	-17,076	-14,973	1,00 57,69	B	O
NGUYÊN TỬ	4251	OD2	ASP	651	-50,420	-17,664	-12,965	1,00 57,35	B	O
NGUYÊN TỬ	4252	C	ASP	651	-54,206	-16,803	-14,451	1,00 47,02	B	C
NGUYÊN TỬ	4253	O	ASP	651	-55,093	-16,645	-15,288	1,00 45,87	B	O
NGUYÊN TỬ	4254	N	ASN	652	-54,010	-17,959	-13,821	1,00 46,56	B	N

NGUYÊN TỬ	4255	CA	ASN	652	-54,874	-19,113	-14,064	1,00	47,62	B	C
NGUYÊN TỬ	4256	CB	ASN	652	-54,041	-20,381	-14,269	1,00	46,87	B	C
NGUYÊN TỬ	4257	CG	ASN	652	-53,552	-20,527	-15,695	1,00	48,35	B	C
NGUYÊN TỬ	4258	OD1	ASN	652	-54,179	-20,029	-16,633	1,00	47,24	B	O
NGUYÊN TỬ	4259	ND2	ASN	652	-52,426	-21,207	-15,869	1,00	49,09	B	N
NGUYÊN TỬ	4260	C	ASN	652	-55,900	-19,366	-12,969	1,00	47,56	B	C
NGUYÊN TỬ	4261	O	ASN	652	-56,470	-20,453	-12,895	1,00	48,79	B	O
NGUYÊN TỬ	4262	N	THR	653	-56,140	-18,374	-12,118	1,00	46,14	B	N
NGUYÊN TỬ	4263	CA	THR	653	-57,173	-18,506	-11,102	1,00	44,77	B	C
NGUYÊN TỬ	4264	CB	THR	653	-56,648	-18,136	-9,704	1,00	44,11	B	C
NGUYÊN TỬ	4265	OG1	THR	653	-55,569	-19,011	-9,353	1,00	44,54	B	O
NGUYÊN TỬ	4266	CG2	THR	653	-57,760	-18,266	-8,670	1,00	42,08	B	C
NGUYÊN TỬ	4267	C	THR	653	-58,366	-17,622	-11,416	1,00	46,06	B	C
NGUYÊN TỬ	4268	O	THR	653	-58,213	-16,455	-11,769	1,00	46,42	B	O
NGUYÊN TỬ	4269	N	CYS	654	-59,556	-18,191	-11,288	1,00	46,34	B	N
NGUYÊN TỬ	4270	CA	CYS	654	-60,790	-17,449	-11,481	1,00	47,21	B	C
NGUYÊN TỬ	4271	C	CYS	654	-61,240	-16,909	-10,132	1,00	47,79	B	C
NGUYÊN TỬ	4272	O	CYS	654	-61,341	-17,657	-9,161	1,00	48,70	B	O
NGUYÊN TỬ	4273	CB	CYS	654	-61,857	-18,375	-12,065	1,00	47,10	B	C
NGUYÊN TỬ	4274	SG	CYS	654	-63,519	-17,664	-12,264	1,00	49,57	B	S
NGUYÊN TỬ	4275	N	VAL	655	-61,502	-15,609	-10,074	1,00	47,25	B	N
NGUYÊN TỬ	4276	CA	VAL	655	-61,840	-14,952	-8,821	1,00	46,56	B	C
NGUYÊN TỬ	4277	CB	VAL	655	-60,806	-13,854	-8,478	1,00	46,21	B	C
NGUYÊN TỬ	4278	CG1	VAL	655	-61,252	-13,070	-7,252	1,00	45,65	B	C
NGUYÊN TỬ	4279	CG2	VAL	655	-59,449	-14,483	-8,231	1,00	43,82	B	C
NGUYÊN TỬ	4280	C	VAL	655	-63,221	-14,326	-8,914	1,00	48,25	B	C
NGUYÊN TỬ	4281	O	VAL	655	-63,492	-13,520	-9,804	1,00	48,62	B	O
NGUYÊN TỬ	4282	N	VAL	656	-64,098	-14,710	-7,995	1,00	50,22	B	N
NGUYÊN TỬ	4283	CA	VAL	656	-65,419	-14,105	-7,906	1,00	52,83	B	C
NGUYÊN TỬ	4284	CB	VAL	656	-66,527	-15,182	-7,912	1,00	52,93	B	C
NGUYÊN TỬ	4285	CG1	VAL	656	-67,889	-14,530	-7,732	1,00	51,33	B	C
NGUYÊN TỬ	4286	CG2	VAL	656	-66,485	-15,959	-9,227	1,00	50,98	B	C
NGUYÊN TỬ	4287	C	VAL	656	-65,512	-13,288	-6,621	1,00	55,73	B	C
NGUYÊN TỬ	4288	O	VAL	656	-65,155	-13,767	-5,544	1,00	55,45	B	O
NGUYÊN TỬ	4289	N	ARG	657	-65,984	-12,051	-6,742	1,00	58,13	B	N
NGUYÊN TỬ	4290	CA	ARG	657	-66,028	-11,146	-5,602	1,00	62,52	B	C
NGUYÊN TỬ	4291	CB	ARG	657	-65,441	-9,786	-5,988	1,00	61,88	B	C
NGUYÊN TỬ	4292	CG	ARG	657	-63,976	-9,841	-6,376	1,00	61,18	B	C
NGUYÊN TỬ	4293	CD	ARG	657	-63,099	-10,001	-5,152	1,00	61,37	B	C
NGUYÊN TỬ	4294	NE	ARG	657	-63,292	-8,886	-4,232	1,00	61,93	B	N
NGUYÊN TỬ	4295	CZ	ARG	657	-62,779	-7,674	-4,415	1,00	63,19	B	C
NGUYÊN TỬ	4296	NH1	ARG	657	-63,010	-6,715	-3,527	1,00	63,51	B	N
NGUYÊN TỬ	4297	NH2	ARG	657	-62,032	-7,419	-5,484	1,00	62,31	B	N
NGUYÊN TỬ	4298	C	ARG	657	-67,446	-10,964	-5,082	1,00	65,59	B	C
NGUYÊN TỬ	4299	O	ARG	657	-68,333	-10,523	-5,811	1,00	65,58	B	O
NGUYÊN TỬ	4300	N	SER	658	-67,647	-11,305	-3,813	1,00	70,15	B	N
NGUYÊN TỬ	4301	CA	SER	658	-68,945	-11,149	-3,162	1,00	75,05	B	C
NGUYÊN TỬ	4302	CB	SER	658	-69,352	-12,461	-2,488	1,00	75,03	B	C
NGUYÊN TỬ	4303	OG	SER	658	-68,362	-12,879	-1,561	1,00	76,50	B	O
NGUYÊN TỬ	4304	C	SER	658	-68,876	-10,036	-2,118	1,00	77,90	B	C
NGUYÊN TỬ	4305	O	SER	658	-67,807	-9,754	-1,574	1,00	77,97	B	O
NGUYÊN TỬ	4306	N	ARG	659	-70,014	-9,409	-1,837	1,00	81,25	B	N
NGUYÊN TỬ	4307	CA	ARG	659	-70,058	-8,343	-0,843	1,00	84,24	B	C
NGUYÊN TỬ	4308	CB	ARG	659	-71,156	-7,333	-1,185	1,00	86,82	B	C
NGUYÊN TỬ	4309	CG	ARG	659	-71,021	-6,010	-0,441	1,00	90,54	B	C
NGUYÊN TỬ	4310	CD	ARG	659	-72,248	-5,131	-0,625	1,00	93,57	B	C
NGUYÊN TỬ	4311	NE	ARG	659	-73,441	-5,738	-0,040	1,00	96,92	B	N
NGUYÊN TỬ	4312	CZ	ARG	659	-74,593	-5,100	0,150	1,00	98,47	B	C
NGUYÊN TỬ	4313	NH1	ARG	659	-74,716	-3,824	-0,199	1,00	98,24	B	N
NGUYÊN TỬ	4314	NH2	ARG	659	-75,624	-5,739	0,691	1,00	99,04	B	N
NGUYÊN TỬ	4315	C	ARG	659	-70,303	-8,910	0,551	1,00	84,43	B	C
NGUYÊN TỬ	4316	O	ARG	659	-69,628	-8,534	1,510	1,00	85,18	B	O
NGUYÊN TỬ	4317	N	ALA	671	-74,537	-18,439	-0,545	1,00	74,52	B	N
NGUYÊN TỬ	4318	CA	ALA	671	-73,500	-19,241	-1,186	1,00	75,31	B	C
NGUYÊN TỬ	4319	CB	ALA	671	-73,891	-20,711	-1,157	1,00	75,29	B	C
NGUYÊN TỬ	4320	C	ALA	671	-73,234	-18,801	-2,628	1,00	75,10	B	C
NGUYÊN TỬ	4321	O	ALA	671	-74,154	-18,416	-3,357	1,00	76,03	B	O
NGUYÊN TỬ	4322	N	VAL	672	-71,970	-18,867	-3,035	1,00	73,34	B	N
NGUYÊN TỬ	4323	CA	VAL	672	-71,565	-18,405	-4,359	1,00	70,84	B	C
NGUYÊN TỬ	4324	CB	VAL	672	-70,845	-17,046	-4,262	1,00	71,44	B	C
NGUYÊN TỬ	4325	CG1	VAL	672	-70,430	-16,578	-5,642	1,00	71,15	B	C
NGUYÊN TỬ	4326	CG2	VAL	672	-71,759	-16,022	-3,605	1,00	70,69	B	C
NGUYÊN TỬ	4327	C	VAL	672	-70,637	-19,410	-5,044	1,00	68,72	B	C
NGUYÊN TỬ	4328	O	VAL	672	-69,829	-20,069	-4,385	1,00	68,45	B	O
NGUYÊN TỬ	4329	N	THR	673	-70,760	-19,527	-6,364	1,00	65,32	B	N
NGUYÊN TỬ	4330	CA	THR	673	-69,944	-20,476	-7,114	1,00	62,53	B	C

```
NGUYÊN TỬ   4331  CB  THR   673     -70,817 -21,586  -7,725  1,00 63,63      B    C
NGUYÊN TỬ   4332  OG1 THR   673     -71,524 -22,264  -6,679  1,00 64,64      B    O
NGUYÊN TỬ   4333  CG2 THR   673     -69,952 -22,590  -8,473  1,00 62,74      B    C
NGUYÊN TỬ   4334  C   THR   673     -69,132 -19,821  -8,231  1,00 59,50      B    C
NGUYÊN TỬ   4335  O   THR   673     -69,671 -19,105  -9,077  1,00 58,78      B    O
NGUYÊN TỬ   4336  N   ALA   674     -67,830 -20,080  -8,221  1,00 56,52      B    N
NGUYÊN TỬ   4337  CA  ALA   674     -66,935 -19,595  -9,264  1,00 54,91      B    C
NGUYÊN TỬ   4338  CB  ALA   674     -65,567 -19,269  -8,666  1,00 53,50      B    C
NGUYÊN TỬ   4339  C   ALA   674     -66,790 -20,634 -10,379  1,00 53,38      B    C
NGUYÊN TỬ   4340  O   ALA   674     -66,506 -21,809 -10,121  1,00 52,02      B    O
NGUYÊN TỬ   4341  N   VAL   675     -66,974 -20,186 -11,616  1,00 50,64      B    N
NGUYÊN TỬ   4342  CA  VAL   675     -66,941 -21,069 -12,776  1,00 49,05      B    C
NGUYÊN TỬ   4343  CB  VAL   675     -68,256 -20,961 -13,583  1,00 48,94      B    C
NGUYÊN TỬ   4344  CG1 VAL   675     -68,282 -22,007 -14,685  1,00 46,82      B    C
NGUYÊN TỬ   4345  CG2 VAL   675     -69,448 -21,114 -12,653  1,00 47,81      B    C
NGUYÊN TỬ   4346  C   VAL   675     -65,778 -20,709 -13,701  1,00 47,76      B    C
NGUYÊN TỬ   4347  O   VAL   675     -65,758 -19,629 -14,291  1,00 47,79      B    O
NGUYÊN TỬ   4348  N   ALA   676     -64,817 -21,619 -13,828  1,00 46,75      B    N
NGUYÊN TỬ   4349  CA  ALA   676     -63,688 -21,429 -14,736  1,00 45,42      B    C
NGUYÊN TỬ   4350  CB  ALA   676     -62,389 -21,792 -14,037  1,00 43,18      B    C
NGUYÊN TỬ   4351  C   ALA   676     -63,840 -22,275 -15,996  1,00 46,23      B    C
NGUYÊN TỬ   4352  O   ALA   676     -64,236 -23,440 -15,932  1,00 47,47      B    O
NGUYÊN TỬ   4353  N   ILE   677     -63,518 -21,687 -17,142  1,00 45,06      B    N
NGUYÊN TỬ   4354  CA  ILE   677     -63,322 -22,462 -18,358  1,00 42,84      B    C
NGUYÊN TỬ   4355  CB  ILE   677     -64,044 -21,805 -19,559  1,00 41,75      B    C
NGUYÊN TỬ   4356  CG2 ILE   677     -63,786 -22,593 -20,834  1,00 38,64      B    C
NGUYÊN TỬ   4357  CG1 ILE   677     -65,548 -21,746 -19,287  1,00 41,12      B    C
NGUYÊN TỬ   4358  CD1 ILE   677     -66,349 -21,146 -20,430  1,00 42,32      B    C
NGUYÊN TỬ   4359  C   ILE   677     -61,824 -22,534 -18,622  1,00 42,86      B    C
NGUYÊN TỬ   4360  O   ILE   677     -61,159 -21,508 -18,733  1,00 43,27      B    O
NGUYÊN TỬ   4361  N   CYS   678     -61,303 -23,754 -18,701  1,00 44,51      B    N
NGUYÊN TỬ   4362  CA  CYS   678     -59,877 -24,001 -18,896  1,00 46,16      B    C
NGUYÊN TỬ   4363  C   CYS   678     -59,656 -24,664 -20,248  1,00 46,08      B    C
NGUYÊN TỬ   4364  O   CYS   678     -60,392 -25,574 -20,615  1,00 46,07      B    O
NGUYÊN TỬ   4365  CB  CYS   678     -59,346 -24,930 -17,800  1,00 48,42      B    C
NGUYÊN TỬ   4366  SG  CYS   678     -59,691 -24,383 -16,096  1,00 55,45      B    S
NGUYÊN TỬ   4367  N   CYS   679     -58,641 -24,221 -20,981  1,00 46,30      B    N
NGUYÊN TỬ   4368  CA  CYS   679     -58,335 -24,816 -22,273  1,00 48,35      B    C
NGUYÊN TỬ   4369  C   CYS   679     -56,863 -25,140 -22,441  1,00 50,02      B    C
NGUYÊN TỬ   4370  O   CYS   679     -56,021 -24,723 -21,646  1,00 49,93      B    O
NGUYÊN TỬ   4371  CB  CYS   679     -58,737 -23,893 -23,415  1,00 47,56      B    C
NGUYÊN TỬ   4372  SG  CYS   679     -60,399 -23,172 -23,340  1,00 48,97      B    S
NGUYÊN TỬ   4373  N   ARG   680     -56,574 -25,885 -23,501  1,00 52,89      B    N
NGUYÊN TỬ   4374  CA  ARG   680     -55,214 -26,136 -23,944  1,00 57,75      B    C
NGUYÊN TỬ   4375  CB  ARG   680     -54,573 -27,236 -23,100  1,00 58,25      B    C
NGUYÊN TỬ   4376  CG  ARG   680     -55,435 -28,470 -22,933  1,00 61,86      B    C
NGUYÊN TỬ   4377  CD  ARG   680     -54,577 -29,715 -22,813  1,00 64,43      B    C
NGUYÊN TỬ   4378  NE  ARG   680     -55,302 -30,826 -22,205  1,00 68,80      B    N
NGUYÊN TỬ   4379  CZ  ARG   680     -54,806 -32,052 -22,065  1,00 70,93      B    C
NGUYÊN TỬ   4380  NH1 ARG   680     -55,532 -33,006 -21,497  1,00 71,39      B    N
NGUYÊN TỬ   4381  NH2 ARG   680     -53,583 -32,327 -22,501  1,00 73,17      B    N
NGUYÊN TỬ   4382  C   ARG   680     -55,261 -26,561 -25,404  1,00 60,89      B    C
NGUYÊN TỬ   4383  O   ARG   680     -56,339 -26,741 -25,970  1,00 59,44      B    O
NGUYÊN TỬ   4384  N   SER   681     -54,093 -26,704 -26,017  1,00 66,22      B    N
NGUYÊN TỬ   4385  CA  SER   681     -54,003 -27,243 -27,367  1,00 72,84      B    C
NGUYÊN TỬ   4386  CB  SER   681     -53,377 -26,219 -28,317  1,00 73,28      B    C
NGUYÊN TỬ   4387  OG  SER   681     -54,177 -25,056 -28,429  1,00 75,41      B    O
NGUYÊN TỬ   4388  C   SER   681     -53,148 -28,501 -27,357  1,00 76,77      B    C
NGUYÊN TỬ   4389  O   SER   681     -51,946 -28,435 -27,096  1,00 77,43      B    O
NGUYÊN TỬ   4390  N   ARG   682     -53,764 -29,645 -27,644  1,00 81,26      B    N
NGUYÊN TỬ   4391  CA  ARG   682     -53,031 -30,905 -27,694  1,00 85,36      B    C
NGUYÊN TỬ   4392  CB  ARG   682     -54,005 -32,087 -27,634  1,00 88,32      B    C
NGUYÊN TỬ   4393  CG  ARG   682     -54,534 -32,394 -26,237  1,00 92,63      B    C
NGUYÊN TỬ   4394  CD  ARG   682     -55,114 -33,804 -26,167  1,00 96,94      B    C
NGUYÊN TỬ   4395  NE  ARG   682     -54,231 -34,789 -26,789  1,00100,46      B    N
NGUYÊN TỬ   4396  CZ  ARG   682     -54,568 -36,052 -27,043  1,00102,13      B    C
NGUYÊN TỬ   4397  NH1 ARG   682     -53,691 -36,869 -27,616  1,00102,64      B    N
NGUYÊN TỬ   4398  NH2 ARG   682     -55,777 -36,500 -26,724  1,00102,84      B    N
NGUYÊN TỬ   4399  C   ARG   682     -52,165 -31,008 -28,953  1,00 86,02      B    C
NGUYÊN TỬ   4400  O   ARG   682     -52,319 -30,158 -29,860  1,00 85,88      B    O
NGUYÊN TỬ   4401  OXT ARG   682     -51,337 -31,944 -29,016  1,00 86,99      B    O
TER    4402       ARG   682                                                  B
NGUYÊN TỬ   4403  CB  GLU     1     -36,231  38,731   6,129  1,00 73,54      L    C
NGUYÊN TỬ   4404  CG  GLU     1     -35,182  39,159   5,116  1,00 77,83      L    C
NGUYÊN TỬ   4405  CD  GLU     1     -33,792  39,221   5,713  1,00 80,96      L    C
NGUYÊN TỬ   4406  OE1 GLU     1     -33,555  38,539   6,736  1,00 81,61      L    O
```

NGUYÊN TỬ	4407	OE2	GLU	1	-32,939	39,951	5,159	1,00	81,99	L	O
NGUYÊN TỬ	4408	C	GLU	1	-37,606	37,144	4,782	1,00	68,14	L	C
NGUYÊN TỬ	4409	O	GLU	1	-36,842	36,943	3,836	1,00	68,19	L	O
NGUYÊN TỬ	4410	N	GLU	1	-38,659	38,513	6,573	1,00	71,43	L	N
NGUYÊN TỬ	4411	CA	GLU	1	-37,610	38,484	5,515	1,00	70,62	L	C
NGUYÊN TỬ	4412	N	SER	2	-38,458	36,226	5,230	1,00	64,55	L	N
NGUYÊN TỬ	4413	CA	SER	2	-38,645	34,953	4,540	1,00	60,66	L	C
NGUYÊN TỬ	4414	CB	SER	2	-39,040	33,862	5,545	1,00	60,92	L	C
NGUYÊN TỬ	4415	OG	SER	2	-40,188	34,231	6,293	1,00	59,32	L	O
NGUYÊN TỬ	4416	C	SER	2	-39,713	35,079	3,450	1,00	57,06	L	C
NGUYÊN TỬ	4417	O	SER	2	-40,693	35,810	3,607	1,00	55,88	L	O
NGUYÊN TỬ	4418	N	VAL	3	-39,514	34,364	2,346	1,00	52,88	L	N
NGUYÊN TỬ	4419	CA	VAL	3	-40,437	34,408	1,212	1,00	48,89	L	C
NGUYÊN TỬ	4420	CB	VAL	3	-39,850	33,648	-0,013	1,00	49,36	L	C
NGUYÊN TỬ	4421	CG1	VAL	3	-40,818	33,703	-1,170	1,00	49,74	L	C
NGUYÊN TỬ	4422	CG2	VAL	3	-38,519	34,253	-0,420	1,00	48,94	L	C
NGUYÊN TỬ	4423	C	VAL	3	-41,798	33,801	1,562	1,00	45,34	L	C
NGUYÊN TỬ	4424	O	VAL	3	-42,831	34,242	1,057	1,00	46,42	L	O
NGUYÊN TỬ	4425	N	LEU	4	-41,796	32,783	2,419	1,00	40,20	L	N
NGUYÊN TỬ	4426	CA	LEU	4	-43,039	32,204	2,919	1,00	36,80	L	C
NGUYÊN TỬ	4427	CB	LEU	4	-42,943	30,675	2,932	1,00	35,15	L	C
NGUYÊN TỬ	4428	CG	LEU	4	-42,440	30,024	1,639	1,00	35,77	L	C
NGUYÊN TỬ	4429	CD1	LEU	4	-42,428	28,516	1,799	1,00	33,82	L	C
NGUYÊN TỬ	4430	CD2	LEU	4	-43,339	30,424	0,473	1,00	33,23	L	C
NGUYÊN TỬ	4431	C	LEU	4	-43,312	32,723	4,330	1,00	34,95	L	C
NGUYÊN TỬ	4432	O	LEU	4	-42,414	32,790	5,167	1,00	34,99	L	O
NGUYÊN TỬ	4433	N	THR	5	-44,554	33,096	4,599	1,00	34,09	L	N
NGUYÊN TỬ	4434	CA	THR	5	-44,870	33,701	5,880	1,00	33,56	L	C
NGUYÊN TỬ	4435	CB	THR	5	-45,693	34,989	5,686	1,00	34,89	L	C
NGUYÊN TỬ	4436	OG1	THR	5	-44,944	35,912	4,883	1,00	36,65	L	O
NGUYÊN TỬ	4437	CG2	THR	5	-45,998	35,636	7,037	1,00	33,40	L	C
NGUYÊN TỬ	4438	C	THR	5	-45,637	32,749	6,790	1,00	33,35	L	C
NGUYÊN TỬ	4439	O	THR	5	-46,701	32,250	6,421	1,00	33,73	L	O
NGUYÊN TỬ	4440	N	GLN	6	-45,088	32,508	7,979	1,00	32,27	L	N
NGUYÊN TỬ	4441	CA	GLN	6	-45,755	31,719	9,014	1,00	32,42	L	C
NGUYÊN TỬ	4442	CB	GLN	6	-44,886	30,527	9,440	1,00	31,42	L	C
NGUYÊN TỬ	4443	CG	GLN	6	-44,498	29,545	8,353	1,00	29,42	L	C
NGUYÊN TỬ	4444	CD	GLN	6	-43,610	28,432	8,891	1,00	29,99	L	C
NGUYÊN TỬ	4445	OE1	GLN	6	-42,530	28,172	8,362	1,00	30,78	L	O
NGUYÊN TỬ	4446	NE2	GLN	6	-44,061	27,775	9,956	1,00	26,07	L	N
NGUYÊN TỬ	4447	C	GLN	6	-45,959	32,603	10,241	1,00	33,06	L	C
NGUYÊN TỬ	4448	O	GLN	6	-45,203	33,544	10,462	1,00	33,60	L	O
NGUYÊN TỬ	4449	N	PRO	7	-46,963	32,293	11,074	1,00	32,74	L	N
NGUYÊN TỬ	4450	CD	PRO	7	-48,008	31,265	10,922	1,00	32,27	L	C
NGUYÊN TỬ	4451	CA	PRO	7	-47,036	32,979	12,369	1,00	33,15	L	C
NGUYÊN TỬ	4452	CB	PRO	7	-48,356	32,492	12,963	1,00	32,34	L	C
NGUYÊN TỬ	4453	CG	PRO	7	-48,581	31,147	12,312	1,00	33,16	L	C
NGUYÊN TỬ	4454	C	PRO	7	-45,835	32,600	13,241	1,00	33,91	L	C
NGUYÊN TỬ	4455	O	PRO	7	-45,385	31,457	13,237	1,00	34,46	L	O
NGUYÊN TỬ	4456	N	PRO	8	-45,295	33,564	13,994	1,00	35,09	L	N
NGUYÊN TỬ	4457	CD	PRO	8	-45,722	34,973	14,069	1,00	34,70	L	C
NGUYÊN TỬ	4458	CA	PRO	8	-44,112	33,292	14,825	1,00	34,71	L	C
NGUYÊN TỬ	4459	CB	PRO	8	-43,814	34,640	15,494	1,00	36,39	L	C
NGUYÊN TỬ	4460	CG	PRO	8	-44,501	35,661	14,617	1,00	38,46	L	C
NGUYÊN TỬ	4461	C	PRO	8	-44,371	32,196	15,858	1,00	33,60	L	C
NGUYÊN TỬ	4462	O	PRO	8	-43,480	31,418	16,188	1,00	33,87	L	O
NGUYÊN TỬ	4463	N	SER	9	-45,591	32,131	16,373	1,00	32,78	L	N
NGUYÊN TỬ	4464	CA	SER	9	-45,886	31,153	17,409	1,00	34,68	L	C
NGUYÊN TỬ	4465	CB	SER	9	-45,491	31,713	18,776	1,00	36,06	L	C
NGUYÊN TỬ	4466	OG	SER	9	-46,262	32,861	19,072	1,00	40,67	L	O
NGUYÊN TỬ	4467	C	SER	9	-47,349	30,732	17,439	1,00	32,15	L	C
NGUYÊN TỬ	4468	O	SER	9	-48,225	31,463	16,988	1,00	33,49	L	O
NGUYÊN TỬ	4469	N	VAL	10	-47,598	29,540	17,967	1,00	29,27	L	N
NGUYÊN TỬ	4470	CA	VAL	10	-48,952	29,078	18,237	1,00	28,93	L	C
NGUYÊN TỬ	4471	CB	VAL	10	-49,503	28,157	17,101	1,00	29,21	L	C
NGUYÊN TỬ	4472	CG1	VAL	10	-49,559	28,921	15,784	1,00	32,11	L	C
NGUYÊN TỬ	4473	CG2	VAL	10	-48,621	26,931	16,952	1,00	29,17	L	C
NGUYÊN TỬ	4474	C	VAL	10	-48,888	28,271	19,513	1,00	28,40	L	C
NGUYÊN TỬ	4475	O	VAL	10	-47,809	27,826	19,925	1,00	29,78	L	O
NGUYÊN TỬ	4476	N	SER	11	-50,035	28,067	20,143	1,00	27,75	L	N
NGUYÊN TỬ	4477	CA	SER	11	-50,049	27,307	21,377	1,00	30,00	L	C
NGUYÊN TỬ	4478	CB	SER	11	-49,688	28,225	22,550	1,00	30,66	L	C
NGUYÊN TỬ	4479	OG	SER	11	-50,592	29,314	22,626	1,00	33,85	L	O
NGUYÊN TỬ	4480	C	SER	11	-51,397	26,652	21,621	1,00	27,91	L	C
NGUYÊN TỬ	4481	O	SER	11	-52,418	27,101	21,105	1,00	27,57	L	O
NGUYÊN TỬ	4482	N	GLY	12	-51,381	25,578	22,404	1,00	27,56	L	N

NGUYÊN TỬ	4483	CA	GLY	12	-52,605	24,933	22,836	1,00	25,58	L	C
NGUYÊN TỬ	4484	C	GLY	12	-52,322	24,003	24,004	1,00	27,45	L	C
NGUYÊN TỬ	4485	O	GLY	12	-51,165	23,668	24,271	1,00	26,91	L	O
NGUYÊN TỬ	4486	N	ALA	13	-53,375	23,593	24,706	1,00	26,20	L	N
NGUYÊN TỬ	4487	CA	ALA	13	-53,259	22,596	25,762	1,00	27,69	L	C
NGUYÊN TỬ	4488	CB	ALA	13	-54,372	22,804	26,804	1,00	27,24	L	C
NGUYÊN TỬ	4489	C	ALA	13	-53,345	21,186	25,171	1,00	26,76	L	C
NGUYÊN TỬ	4490	O	ALA	13	-53,861	20,992	24,071	1,00	27,16	L	O
NGUYÊN TỬ	4491	N	PRO	14	-52,839	20,182	25,900	1,00	26,62	L	N
NGUYÊN TỬ	4492	CD	PRO	14	-52,181	20,255	27,219	1,00	26,21	L	C
NGUYÊN TỬ	4493	CA	PRO	14	-52,938	18,803	25,408	1,00	25,50	L	C
NGUYÊN TỬ	4494	CB	PRO	14	-52,425	17,965	26,587	1,00	27,17	L	C
NGUYÊN TỬ	4495	CG	PRO	14	-51,520	18,906	27,343	1,00	24,03	L	C
NGUYÊN TỬ	4496	C	PRO	14	-54,382	18,467	25,046	1,00	26,24	L	C
NGUYÊN TỬ	4497	O	PRO	14	-55,303	18,750	25,816	1,00	25,55	L	O
NGUYÊN TỬ	4498	N	GLY	15	-54,575	17,885	23,864	1,00	25,21	L	N
NGUYÊN TỬ	4499	CA	GLY	15	-55,907	17,508	23,432	1,00	25,03	L	C
NGUYÊN TỬ	4500	C	GLY	15	-56,561	18,482	22,464	1,00	26,75	L	C
NGUYÊN TỬ	4501	O	GLY	15	-57,538	18,137	21,794	1,00	28,23	L	O
NGUYÊN TỬ	4502	N	GLN	16	-56,037	19,700	22,382	1,00	25,53	L	N
NGUYÊN TỬ	4503	CA	GLN	16	-56,621	20,711	21,502	1,00	25,79	L	C
NGUYÊN TỬ	4504	CB	GLN	16	-56,273	22,122	22,001	1,00	25,68	L	C
NGUYÊN TỬ	4505	CG	GLN	16	-56,942	22,481	23,327	1,00	27,59	L	C
NGUYÊN TỬ	4506	CD	GLN	16	-56,922	23,976	23,606	1,00	30,78	L	C
NGUYÊN TỬ	4507	OE1	GLN	16	-55,867	24,552	23,878	1,00	30,95	L	O
NGUYÊN TỬ	4508	NE2	GLN	16	-58,094	24,613	23,540	1,00	27,50	L	N
NGUYÊN TỬ	4509	C	GLN	16	-56,155	20,548	20,064	1,00	25,94	L	C
NGUYÊN TỬ	4510	O	GLN	16	-55,245	19,772	19,772	1,00	24,98	L	O
NGUYÊN TỬ	4511	N	ARG	17	-56,798	21,276	19,161	1,00	28,78	L	N
NGUYÊN TỬ	4512	CA	ARG	17	-56,407	21,283	17,756	1,00	29,05	L	C
NGUYÊN TỬ	4513	CB	ARG	17	-57,628	20,990	16,876	1,00	31,19	L	C
NGUYÊN TỬ	4514	CG	ARG	17	-57,375	21,121	15,385	1,00	32,39	L	C
NGUYÊN TỬ	4515	CD	ARG	17	-58,629	20,818	14,577	1,00	32,91	L	C
NGUYÊN TỬ	4516	NE	ARG	17	-58,384	20,933	13,140	1,00	36,49	L	N
NGUYÊN TỬ	4517	CZ	ARG	17	-58,443	22,079	12,466	1,00	39,15	L	C
NGUYÊN TỬ	4518	NH1	ARG	17	-58,737	23,210	13,098	1,00	40,18	L	N
NGUYÊN TỬ	4519	NH2	ARG	17	-58,214	22,101	11,160	1,00	39,44	L	N
NGUYÊN TỬ	4520	C	ARG	17	-55,853	22,661	17,430	1,00	29,77	L	C
NGUYÊN TỬ	4521	O	ARG	17	-56,492	23,674	17,716	1,00	30,44	L	O
NGUYÊN TỬ	4522	N	VAL	18	-54,664	22,708	16,845	1,00	28,97	L	N
NGUYÊN TỬ	4523	CA	VAL	18	-54,095	23,984	16,439	1,00	30,60	L	C
NGUYÊN TỬ	4524	CB	VAL	18	-52,847	24,339	17,288	1,00	32,96	L	C
NGUYÊN TỬ	4525	CG1	VAL	18	-53,234	24,451	18,756	1,00	32,49	L	C
NGUYÊN TỬ	4526	CG2	VAL	18	-51,771	23,274	17,108	1,00	34,57	L	C
NGUYÊN TỬ	4527	C	VAL	18	-53,706	23,936	14,967	1,00	30,86	L	C
NGUYÊN TỬ	4528	O	VAL	18	-53,442	22,869	14,418	1,00	31,31	L	O
NGUYÊN TỬ	4529	N	THR	19	-53,680	25,093	14,322	1,00	30,68	L	N
NGUYÊN TỬ	4530	CA	THR	19	-53,253	25,153	12,937	1,00	30,55	L	C
NGUYÊN TỬ	4531	CB	THR	19	-54,419	25,572	12,003	1,00	33,05	L	C
NGUYÊN TỬ	4532	OG1	THR	19	-54,922	26,852	12,412	1,00	37,51	L	O
NGUYÊN TỬ	4533	CG2	THR	19	-55,549	24,544	12,057	1,00	30,05	L	C
NGUYÊN TỬ	4534	C	THR	19	-52,109	26,140	12,772	1,00	30,41	L	C
NGUYÊN TỬ	4535	O	THR	19	-51,977	27,094	13,535	1,00	31,46	L	O
NGUYÊN TỬ	4536	N	ILE	20	-51,282	25,893	11,766	1,00	30,36	L	N
NGUYÊN TỬ	4537	CA	ILE	20	-50,173	26,767	11,430	1,00	28,18	L	C
NGUYÊN TỬ	4538	CB	ILE	20	-48,827	26,063	11,700	1,00	28,17	L	C
NGUYÊN TỬ	4539	CG2	ILE	20	-47,670	26,922	11,207	1,00	24,45	L	C
NGUYÊN TỬ	4540	CG1	ILE	20	-48,706	25,749	13,199	1,00	30,05	L	C
NGUYÊN TỬ	4541	CD1	ILE	20	-47,458	24,962	13,567	1,00	27,37	L	C
NGUYÊN TỬ	4542	C	ILE	20	-50,295	27,064	9,944	1,00	31,43	L	C
NGUYÊN TỬ	4543	O	ILE	20	-50,325	26,142	9,119	1,00	31,91	L	O
NGUYÊN TỬ	4544	N	SER	21	-50,375	28,344	9,600	1,00	31,04	L	N
NGUYÊN TỬ	4545	CA	SER	21	-50,526	28,735	8,206	1,00	31,99	L	C
NGUYÊN TỬ	4546	CB	SER	21	-51,455	29,946	8,086	1,00	32,54	L	C
NGUYÊN TỬ	4547	OG	SER	21	-50,847	31,097	8,642	1,00	34,59	L	O
NGUYÊN TỬ	4548	C	SER	21	-49,187	29,064	7,567	1,00	32,68	L	C
NGUYÊN TỬ	4549	O	SER	21	-48,208	29,381	8,248	1,00	32,74	L	O
NGUYÊN TỬ	4550	N	CYS	22	-49,159	28,979	6,245	1,00	33,22	L	N
NGUYÊN TỬ	4551	CA	CYS	22	-47,970	29,269	5,456	1,00	35,47	L	C
NGUYÊN TỬ	4552	C	CYS	22	-48,488	29,994	4,222	1,00	36,21	L	C
NGUYÊN TỬ	4553	O	CYS	22	-49,257	29,423	3,447	1,00	37,64	L	O
NGUYÊN TỬ	4554	CB	CYS	22	-47,295	27,956	5,053	1,00	33,85	L	C
NGUYÊN TỬ	4555	SG	CYS	22	-45,777	28,046	4,037	1,00	40,59	L	S
NGUYÊN TỬ	4556	N	THR	23	-48,099	31,248	4,033	1,00	35,52	L	N
NGUYÊN TỬ	4557	CA	THR	23	-48,563	31,957	2,849	1,00	36,01	L	C
NGUYÊN TỬ	4558	CB	THR	23	-49,375	33,215	3,218	1,00	36,77	L	C

NGUYÊN TỬ	4559	OG1	THR	23	-48,493	34,218	3,725	1,00	43,95	L	O
NGUYÊN TỬ	4560	CG2	THR	23	-50,408	32,888	4,285	1,00	35,35	L	C
NGUYÊN TỬ	4561	C	THR	23	-47,399	32,358	1,953	1,00	35,25	L	C
NGUYÊN TỬ	4562	O	THR	23	-46,386	32,893	2,418	1,00	33,54	L	O
NGUYÊN TỬ	4563	N	GLY	24	-47,549	32,077	0,663	1,00	33,91	L	N
NGUYÊN TỬ	4564	CA	GLY	24	-46,526	32,434	-0,295	1,00	34,67	L	C
NGUYÊN TỬ	4565	C	GLY	24	-47,058	33,355	-1,373	1,00	35,72	L	C
NGUYÊN TỬ	4566	O	GLY	24	-47,847	34,259	-1,100	1,00	35,18	L	O
NGUYÊN TỬ	4567	N	SER	25	-46,622	33,120	-2,604	1,00	36,22	L	N
NGUYÊN TỬ	4568	CA	SER	25	-46,957	33,996	-3,717	1,00	38,10	L	C
NGUYÊN TỬ	4569	CB	SER	25	-45,879	35,067	-3,880	1,00	36,60	L	C
NGUYÊN TỬ	4570	OG	SER	25	-44,723	34,513	-4,495	1,00	38,31	L	O
NGUYÊN TỬ	4571	C	SER	25	-47,065	33,195	-5,012	1,00	38,80	L	C
NGUYÊN TỬ	4572	O	SER	25	-46,973	31,967	-5,011	1,00	37,63	L	O
NGUYÊN TỬ	4573	N	SER	26	-47,240	33,909	-6,118	1,00	39,46	L	N
NGUYÊN TỬ	4574	CA	SER	26	-47,413	33,284	-7,425	1,00	39,78	L	C
NGUYÊN TỬ	4575	CB	SER	26	-47,955	34,309	-8,423	1,00	40,90	L	C
NGUYÊN TỬ	4576	OG	SER	26	-47,059	35,407	-8,537	1,00	42,25	L	O
NGUYÊN TỬ	4577	C	SER	26	-46,113	32,699	-7,966	1,00	38,37	L	C
NGUYÊN TỬ	4578	O	SER	26	-46,125	31,988	-8,965	1,00	40,32	L	O
NGUYÊN TỬ	4579	N	SER	27	-44,988	33,000	-7,325	1,00	37,56	L	N
NGUYÊN TỬ	4580	CA	SER	27	-43,725	32,405	-7,756	1,00	36,90	L	C
NGUYÊN TỬ	4581	CB	SER	27	-42,586	33,423	-7,636	1,00	37,67	L	C
NGUYÊN TỬ	4582	OG	SER	27	-42,376	33,797	-6,290	1,00	46,23	L	O
NGUYÊN TỬ	4583	C	SER	27	-43,359	31,119	-7,003	1,00	34,65	L	C
NGUYÊN TỬ	4584	O	SER	27	-42,387	30,450	-7,356	1,00	34,64	L	O
NGUYÊN TỬ	4585	N	ASN	28	-44,126	30,766	-5,972	1,00	32,35	L	N
NGUYÊN TỬ	4586	CA	ASN	28	-43,899	29,493	-5,288	1,00	31,77	L	C
NGUYÊN TỬ	4587	CB	ASN	28	-43,209	29,711	-3,930	1,00	29,14	L	C
NGUYÊN TỬ	4588	CG	ASN	28	-43,767	30,891	-3,162	1,00	29,35	L	C
NGUYÊN TỬ	4589	OD1	ASN	28	-44,919	30,878	-2,717	1,00	30,17	L	O
NGUYÊN TỬ	4590	ND2	ASN	28	-42,943	31,918	-2,986	1,00	27,56	L	N
NGUYÊN TỬ	4591	C	ASN	28	-45,150	28,649	-5,101	1,00	32,18	L	C
NGUYÊN TỬ	4592	O	ASN	28	-45,499	27,846	-5,971	1,00	33,39	L	O
NGUYÊN TỬ	4593	N	ILE	29	-45,830	28,818	-3,974	1,00	31,68	L	N
NGUYÊN TỬ	4594	CA	ILE	29	-47,009	28,012	-3,703	1,00	34,34	L	C
NGUYÊN TỬ	4595	CB	ILE	29	-47,614	28,348	-2,323	1,00	34,09	L	C
NGUYÊN TỬ	4596	CG2	ILE	29	-48,921	27,592	-2,126	1,00	33,22	L	C
NGUYÊN TỬ	4597	CG1	ILE	29	-46,613	27,993	-1,221	1,00	32,59	L	C
NGUYÊN TỬ	4598	CD1	ILE	29	-47,137	28,233	0,186	1,00	33,16	L	C
NGUYÊN TỬ	4599	C	ILE	29	-48,063	28,232	-4,786	1,00	36,40	L	C
NGUYÊN TỬ	4600	O	ILE	29	-48,703	27,281	-5,241	1,00	37,01	L	O
NGUYÊN TỬ	4601	N	GLY	30	-48,230	29,485	-5,202	1,00	36,65	L	N
NGUYÊN TỬ	4602	CA	GLY	30	-49,224	29,801	-6,212	1,00	37,76	L	C
NGUYÊN TỬ	4603	C	GLY	30	-48,821	29,425	-7,630	1,00	39,98	L	C
NGUYÊN TỬ	4604	O	GLY	30	-49,600	29,610	-8,562	1,00	41,54	L	O
NGUYÊN TỬ	4605	N	ALA	31	-47,612	28,896	-7,800	1,00	39,82	L	N
NGUYÊN TỬ	4606	CA	ALA	31	-47,131	28,495	-9,119	1,00	38,00	L	C
NGUYÊN TỬ	4607	CB	ALA	31	-45,687	28,942	-9,313	1,00	34,50	L	C
NGUYÊN TỬ	4608	C	ALA	31	-47,233	26,991	-9,305	1,00	39,19	L	C
NGUYÊN TỬ	4609	O	ALA	31	-46,697	26,441	-10,268	1,00	40,14	L	O
NGUYÊN TỬ	4610	N	GLY	32	-47,907	26,319	-8,377	1,00	39,51	L	N
NGUYÊN TỬ	4611	CA	GLY	32	-48,112	24,889	-8,526	1,00	39,02	L	C
NGUYÊN TỬ	4612	C	GLY	32	-47,097	23,998	-7,825	1,00	39,80	L	C
NGUYÊN TỬ	4613	O	GLY	32	-47,106	22,779	-8,004	1,00	42,17	L	O
NGUYÊN TỬ	4614	N	TYR	33	-46,213	24,586	-7,029	1,00	36,85	L	N
NGUYÊN TỬ	4615	CA	TYR	33	-45,240	23,785	-6,297	1,00	35,51	L	C
NGUYÊN TỬ	4616	CB	TYR	33	-43,951	24,592	-6,092	1,00	34,69	L	C
NGUYÊN TỬ	4617	CG	TYR	33	-43,300	24,951	-7,410	1,00	34,74	L	C
NGUYÊN TỬ	4618	CD1	TYR	33	-42,695	23,974	-8,198	1,00	33,78	L	C
NGUYÊN TỬ	4619	CE1	TYR	33	-42,170	24,279	-9,443	1,00	34,40	L	C
NGUYÊN TỬ	4620	CD2	TYR	33	-43,356	26,250	-7,903	1,00	35,64	L	C
NGUYÊN TỬ	4621	CE2	TYR	33	-42,834	26,566	-9,149	1,00	34,16	L	C
NGUYÊN TỬ	4622	CZ	TYR	33	-42,247	25,579	-9,913	1,00	35,08	L	C
NGUYÊN TỬ	4623	OH	TYR	33	-41,747	25,893	-11,157	1,00	38,62	L	O
NGUYÊN TỬ	4624	C	TYR	33	-45,835	23,345	-4,962	1,00	32,94	L	C
NGUYÊN TỬ	4625	O	TYR	33	-46,581	24,095	-4,340	1,00	33,35	L	O
NGUYÊN TỬ	4626	N	ASP	34	-45,526	22,120	-4,544	1,00	29,96	L	N
NGUYÊN TỬ	4627	CA	ASP	34	-46,046	21,580	-3,288	1,00	28,49	L	C
NGUYÊN TỬ	4628	CB	ASP	34	-45,809	20,071	-3,221	1,00	30,81	L	C
NGUYÊN TỬ	4629	CG	ASP	34	-46,733	19,280	-4,136	1,00	34,47	L	C
NGUYÊN TỬ	4630	OD1	ASP	34	-46,567	18,041	-4,189	1,00	36,39	L	O
NGUYÊN TỬ	4631	OD2	ASP	34	-47,618	19,879	-4,793	1,00	32,29	L	O
NGUYÊN TỬ	4632	C	ASP	34	-45,377	22,229	-2,073	1,00	27,51	L	C
NGUYÊN TỬ	4633	O	ASP	34	-44,238	22,701	-2,151	1,00	25,64	L	O
NGUYÊN TỬ	4634	N	VAL	35	-46,090	22,241	-0,954	1,00	26,98	L	N

NGUYÊN TỬ	4635	CA	VAL	35	-45,523	22,652	0,326	1,00	28,45	L	C
NGUYÊN TỬ	4636	CB	VAL	35	-46,543	23,485	1,139	1,00	27,84	L	C
NGUYÊN TỬ	4637	CG1	VAL	35	-45,970	23,840	2,497	1,00	25,77	L	C
NGUYÊN TỬ	4638	CG2	VAL	35	-46,897	24,756	0,375	1,00	29,67	L	C
NGUYÊN TỬ	4639	C	VAL	35	-45,143	21,413	1,136	1,00	28,31	L	C
NGUYÊN TỬ	4640	O	VAL	35	-45,925	20,471	1,237	1,00	28,31	L	O
NGUYÊN TỬ	4641	N	HIS	36	-43,943	21,408	1,706	1,00	27,34	L	N
NGUYÊN TỬ	4642	CA	HIS	36	-43,556	20,336	2,623	1,00	27,59	L	C
NGUYÊN TỬ	4643	CB	HIS	36	-42,284	19,633	2,131	1,00	26,50	L	C
NGUYÊN TỬ	4644	CG	HIS	36	-42,256	19,391	0,653	1,00	27,79	L	C
NGUYÊN TỬ	4645	CD2	HIS	36	-41,509	19,955	-0,327	1,00	25,62	L	C
NGUYÊN TỬ	4646	ND1	HIS	36	-43,056	18,454	0,032	1,00	27,57	L	N
NGUYÊN TỬ	4647	CE1	HIS	36	-42,801	18,450	-1,264	1,00	27,14	L	C
NGUYÊN TỬ	4648	NE2	HIS	36	-41,866	19,351	-1,508	1,00	27,36	L	N
NGUYÊN TỬ	4649	C	HIS	36	-43,309	20,928	4,009	1,00	28,07	L	C
NGUYÊN TỬ	4650	O	HIS	36	-42,879	22,082	4,127	1,00	28,94	L	O
NGUYÊN TỬ	4651	N	TRP	37	-43,575	20,140	5,051	1,00	25,76	L	N
NGUYÊN TỬ	4652	CA	TRP	37	-43,456	20,614	6,426	1,00	24,75	L	C
NGUYÊN TỬ	4653	CB	TRP	37	-44,807	20,545	7,145	1,00	22,85	L	C
NGUYÊN TỬ	4654	CG	TRP	37	-45,845	21,469	6,588	1,00	25,11	L	C
NGUYÊN TỬ	4655	CD2	TRP	37	-46,188	22,769	7,082	1,00	23,55	L	C
NGUYÊN TỬ	4656	CE2	TRP	37	-47,265	23,244	6,301	1,00	24,06	L	C
NGUYÊN TỬ	4657	CE3	TRP	37	-45,693	23,576	8,111	1,00	25,38	L	C
NGUYÊN TỬ	4658	CD1	TRP	37	-46,704	21,215	5,544	1,00	22,14	L	C
NGUYÊN TỬ	4659	NE1	TRP	37	-47,559	22,278	5,370	1,00	24,91	L	N
NGUYÊN TỬ	4660	CZ2	TRP	37	-47,856	24,488	6,520	1,00	23,30	L	C
NGUYÊN TỬ	4661	CZ3	TRP	37	-46,280	24,813	8,330	1,00	24,69	L	C
NGUYÊN TỬ	4662	CH2	TRP	37	-47,352	25,257	7,537	1,00	26,88	L	C
NGUYÊN TỬ	4663	C	TRP	37	-42,437	19,813	7,220	1,00	26,46	L	C
NGUYÊN TỬ	4664	O	TRP	37	-42,348	18,587	7,099	1,00	25,56	L	O
NGUYÊN TỬ	4665	N	TYR	38	-41,678	20,528	8,042	1,00	25,83	L	N
NGUYÊN TỬ	4666	CA	TYR	38	-40,661	19,928	8,883	1,00	25,04	L	C
NGUYÊN TỬ	4667	CB	TYR	38	-39,286	20,427	8,462	1,00	24,09	L	C
NGUYÊN TỬ	4668	CG	TYR	38	-39,001	20,144	7,010	1,00	26,55	L	C
NGUYÊN TỬ	4669	CD1	TYR	38	-39,377	21,047	6,026	1,00	25,25	L	C
NGUYÊN TỬ	4670	CE1	TYR	38	-39,164	20,775	4,686	1,00	26,99	L	C
NGUYÊN TỬ	4671	CD2	TYR	38	-38,394	18,953	6,617	1,00	25,37	L	C
NGUYÊN TỬ	4672	CE2	TYR	38	-38,174	18,671	5,278	1,00	25,45	L	C
NGUYÊN TỬ	4673	CZ	TYR	38	-38,566	19,591	4,317	1,00	26,83	L	C
NGUYÊN TỬ	4674	OH	TYR	38	-38,362	19,332	2,981	1,00	27,05	L	O
NGUYÊN TỬ	4675	C	TYR	38	-40,911	20,270	10,342	1,00	27,08	L	C
NGUYÊN TỬ	4676	O	TYR	38	-41,383	21,365	10,673	1,00	25,71	L	O
NGUYÊN TỬ	4677	N	GLN	39	-40,596	19,314	11,204	1,00	27,12	L	N
NGUYÊN TỬ	4678	CA	GLN	39	-40,677	19,495	12,644	1,00	26,88	L	C
NGUYÊN TỬ	4679	CB	GLN	39	-41,471	18,349	13,262	1,00	26,61	L	C
NGUYÊN TỬ	4680	CG	GLN	39	-41,665	18,445	14,767	1,00	27,00	L	C
NGUYÊN TỬ	4681	CD	GLN	39	-42,299	17,184	15,326	1,00	28,70	L	C
NGUYÊN TỬ	4682	OE1	GLN	39	-41,752	16,087	15,179	1,00	28,98	L	O
NGUYÊN TỬ	4683	NE2	GLN	39	-43,461	17,330	15,965	1,00	25,31	L	N
NGUYÊN TỬ	4684	C	GLN	39	-39,262	19,475	13,190	1,00	27,65	L	C
NGUYÊN TỬ	4685	O	GLN	39	-38,481	18,585	12,855	1,00	27,35	L	O
NGUYÊN TỬ	4686	N	GLN	40	-38,921	20,451	14,022	1,00	26,72	L	N
NGUYÊN TỬ	4687	CA	GLN	40	-37,609	20,440	14,660	1,00	29,84	L	C
NGUYÊN TỬ	4688	CB	GLN	40	-36,766	21,624	14,172	1,00	28,79	L	C
NGUYÊN TỬ	4689	CG	GLN	40	-35,331	21,609	14,685	1,00	30,78	L	C
NGUYÊN TỬ	4690	CD	GLN	40	-34,505	22,776	14,157	1,00	31,87	L	C
NGUYÊN TỬ	4691	OE1	GLN	40	-35,014	23,887	13,984	1,00	30,96	L	O
NGUYÊN TỬ	4692	NE2	GLN	40	-33,226	22,527	13,900	1,00	26,76	L	N
NGUYÊN TỬ	4693	C	GLN	40	-37,769	20,502	16,175	1,00	31,91	L	C
NGUYÊN TỬ	4694	O	GLN	40	-38,186	21,519	16,729	1,00	30,67	L	O
NGUYÊN TỬ	4695	N	LEU	41	-37,450	19,398	16,839	1,00	36,61	L	N
NGUYÊN TỬ	4696	CA	LEU	41	-37,465	19,353	18,294	1,00	40,30	L	C
NGUYÊN TỬ	4697	CB	LEU	41	-37,397	17,906	18,779	1,00	40,69	L	C
NGUYÊN TỬ	4698	CG	LEU	41	-38,540	17,014	18,289	1,00	45,02	L	C
NGUYÊN TỬ	4699	CD1	LEU	41	-38,322	15,587	18,778	1,00	47,42	L	C
NGUYÊN TỬ	4700	CD2	LEU	41	-39,866	17,558	18,790	1,00	45,56	L	C
NGUYÊN TỬ	4701	C	LEU	41	-36,268	20,127	18,813	1,00	41,26	L	C
NGUYÊN TỬ	4702	O	LEU	41	-35,249	20,244	18,131	1,00	40,76	L	O
NGUYÊN TỬ	4703	N	PRO	42	-36,374	20,670	20,031	1,00	44,22	L	N
NGUYÊN TỬ	4704	CD	PRO	42	-37,515	20,575	20,961	1,00	44,68	L	C
NGUYÊN TỬ	4705	CA	PRO	42	-35,270	21,466	20,584	1,00	45,94	L	C
NGUYÊN TỬ	4706	CB	PRO	42	-35,733	21,786	22,006	1,00	45,06	L	C
NGUYÊN TỬ	4707	CG	PRO	42	-37,239	21,682	21,942	1,00	45,70	L	C
NGUYÊN TỬ	4708	C	PRO	42	-33,955	20,684	20,561	1,00	47,33	L	C
NGUYÊN TỬ	4709	O	PRO	42	-33,887	19,550	21,042	1,00	47,47	L	O
NGUYÊN TỬ	4710	N	GLY	43	-32,924	21,284	19,976	1,00	48,07	L	N

NGUYÊN TỬ	4711	CA	GLY	43	-31,632	20,626	19,902	1,00	49,97	L	C
NGUYÊN TỬ	4712	C	GLY	43	-31,587	19,359	19,058	1,00	51,95	L	C
NGUYÊN TỬ	4713	O	GLY	43	-30,963	18,374	19,455	1,00	54,06	L	O
NGUYÊN TỬ	4714	N	THR	44	-32,245	19,373	17,899	1,00	49,25	L	N
NGUYÊN TỬ	4715	CA	THR	44	-32,135	18,274	16,947	1,00	44,82	L	C
NGUYÊN TỬ	4716	CB	THR	44	-33,288	17,256	17,111	1,00	46,65	L	C
NGUYÊN TỬ	4717	OG1	THR	44	-34,531	17,869	16,741	1,00	48,05	L	O
NGUYÊN TỬ	4718	CG2	THR	44	-33,384	16,781	18,558	1,00	46,96	L	C
NGUYÊN TỬ	4719	C	THR	44	-32,171	18,812	15,519	1,00	41,95	L	C
NGUYÊN TỬ	4720	O	THR	44	-32,424	19,994	15,294	1,00	41,93	L	O
NGUYÊN TỬ	4721	N	ALA	45	-31,912	17,939	14,556	1,00	39,35	L	N
NGUYÊN TỬ	4722	CA	ALA	45	-32,058	18,293	13,150	1,00	37,05	L	C
NGUYÊN TỬ	4723	CB	ALA	45	-31,294	17,312	12,285	1,00	37,54	L	C
NGUYÊN TỬ	4724	C	ALA	45	-33,533	18,269	12,774	1,00	35,57	L	C
NGUYÊN TỬ	4725	O	ALA	45	-34,326	17,537	13,369	1,00	34,35	L	O
NGUYÊN TỬ	4726	N	PRO	46	-33,918	19,070	11,774	1,00	33,17	L	N
NGUYÊN TỬ	4727	CD	PRO	46	-33,124	20,113	11,103	1,00	33,74	L	C
NGUYÊN TỬ	4728	CA	PRO	46	-35,280	18,991	11,245	1,00	32,23	L	C
NGUYÊN TỬ	4729	CB	PRO	46	-35,279	20,002	10,096	1,00	32,13	L	C
NGUYÊN TỬ	4730	CG	PRO	46	-34,178	20,960	10,444	1,00	34,08	L	C
NGUYÊN TỬ	4731	C	PRO	46	-35,558	17,582	10,755	1,00	31,89	L	C
NGUYÊN TỬ	4732	O	PRO	46	-34,652	16,894	10,283	1,00	32,49	L	O
NGUYÊN TỬ	4733	N	LYS	47	-36,803	17,141	10,873	1,00	31,47	L	N
NGUYÊN TỬ	4734	CA	LYS	47	-37,210	15,914	10,200	1,00	33,45	L	C
NGUYÊN TỬ	4735	CB	LYS	47	-37,460	14,790	11,215	1,00	35,12	L	C
NGUYÊN TỬ	4736	CG	LYS	47	-38,870	14,755	11,764	1,00	41,61	L	C
NGUYÊN TỬ	4737	CD	LYS	47	-39,162	13,420	12,443	1,00	47,61	L	C
NGUYÊN TỬ	4738	CE	LYS	47	-40,662	13,196	12,597	1,00	50,11	L	C
NGUYÊN TỬ	4739	NZ	LYS	47	-40,987	11,855	13,161	1,00	52,03	L	N
NGUYÊN TỬ	4740	C	LYS	47	-38,475	16,169	9,387	1,00	30,96	L	C
NGUYÊN TỬ	4741	O	LYS	47	-39,262	17,059	9,712	1,00	28,92	L	O
NGUYÊN TỬ	4742	N	LEU	48	-38,661	15,381	8,332	1,00	30,98	L	N
NGUYÊN TỬ	4743	CA	LEU	48	-39,814	15,526	7,448	1,00	29,23	L	C
NGUYÊN TỬ	4744	CB	LEU	48	-39,668	14,589	6,245	1,00	29,31	L	C
NGUYÊN TỬ	4745	CG	LEU	48	-40,813	14,640	5,230	1,00	30,45	L	C
NGUYÊN TỬ	4746	CD1	LEU	48	-40,989	16,074	4,740	1,00	28,18	L	C
NGUYÊN TỬ	4747	CD2	LEU	48	-40,515	13,697	4,068	1,00	28,52	L	C
NGUYÊN TỬ	4748	C	LEU	48	-41,084	15,182	8,208	1,00	27,62	L	C
NGUYÊN TỬ	4749	O	LEU	48	-41,135	14,160	8,882	1,00	29,03	L	O
NGUYÊN TỬ	4750	N	LEU	49	-42,105	16,028	8,091	1,00	26,47	L	N
NGUYÊN TỬ	4751	CA	LEU	49	-43,375	15,826	8,793	1,00	25,82	L	C
NGUYÊN TỬ	4752	CB	LEU	49	-43,688	17,046	9,664	1,00	24,24	L	C
NGUYÊN TỬ	4753	CG	LEU	49	-44,941	16,965	10,538	1,00	24,60	L	C
NGUYÊN TỬ	4754	CD1	LEU	49	-44,685	15,971	11,675	1,00	18,36	L	C
NGUYÊN TỬ	4755	CD2	LEU	49	-45,295	18,353	11,086	1,00	20,80	L	C
NGUYÊN TỬ	4756	C	LEU	49	-44,544	15,589	7,825	1,00	28,13	L	C
NGUYÊN TỬ	4757	O	LEU	49	-45,342	14,669	8,007	1,00	29,97	L	O
NGUYÊN TỬ	4758	N	ILE	50	-44,648	16,438	6,808	1,00	26,87	L	N
NGUYÊN TỬ	4759	CA	ILE	50	-45,665	16,312	5,770	1,00	27,06	L	C
NGUYÊN TỬ	4760	CB	ILE	50	-46,783	17,382	5,917	1,00	26,55	L	C
NGUYÊN TỬ	4761	CG2	ILE	50	-47,716	17,325	4,697	1,00	25,11	L	C
NGUYÊN TỬ	4762	CG1	ILE	50	-47,569	17,184	7,215	1,00	24,89	L	C
NGUYÊN TỬ	4763	CD1	ILE	50	-48,447	15,944	7,230	1,00	26,04	L	C
NGUYÊN TỬ	4764	C	ILE	50	-44,968	16,569	4,432	1,00	28,76	L	C
NGUYÊN TỬ	4765	O	ILE	50	-44,224	17,547	4,293	1,00	26,93	L	O
NGUYÊN TỬ	4766	N	SER	51	-45,201	15,707	3,449	1,00	26,34	L	N
NGUYÊN TỬ	4767	CA	SER	51	-44,674	15,963	2,114	1,00	27,63	L	C
NGUYÊN TỬ	4768	CB	SER	51	-43,760	14,821	1,670	1,00	26,45	L	C
NGUYÊN TỬ	4769	OG	SER	51	-44,481	13,605	1,599	1,00	28,18	L	O
NGUYÊN TỬ	4770	C	SER	51	-45,823	16,112	1,124	1,00	28,06	L	C
NGUYÊN TỬ	4771	O	SER	51	-46,910	15,553	1,325	1,00	27,05	L	O
NGUYÊN TỬ	4772	N	GLY	52	-45,579	16,868	0,059	1,00	28,20	L	N
NGUYÊN TỬ	4773	CA	GLY	52	-46,568	16,999	-0,999	1,00	28,39	L	C
NGUYÊN TỬ	4774	C	GLY	52	-47,898	17,525	-0,495	1,00	28,92	L	C
NGUYÊN TỬ	4775	O	GLY	52	-48,950	16,985	-0,838	1,00	28,40	L	O
NGUYÊN TỬ	4776	N	ASN	53	-47,845	18,571	0,328	1,00	26,76	L	N
NGUYÊN TỬ	4777	CA	ASN	53	-49,044	19,222	0,868	1,00	28,99	L	C
NGUYÊN TỬ	4778	CB	ASN	53	-50,080	19,496	-0,239	1,00	27,64	L	C
NGUYÊN TỬ	4779	CG	ASN	53	-49,514	20,313	-1,391	1,00	31,12	L	C
NGUYÊN TỬ	4780	OD1	ASN	53	-48,790	21,288	-1,184	1,00	30,52	L	O
NGUYÊN TỬ	4781	ND2	ASN	53	-49,846	19,914	-2,617	1,00	28,74	L	N
NGUYÊN TỬ	4782	C	ASN	53	-49,737	18,448	1,986	1,00	28,32	L	C
NGUYÊN TỬ	4783	O	ASN	53	-50,223	19,047	2,947	1,00	26,59	L	O
NGUYÊN TỬ	4784	N	SER	54	-49,814	17,128	1,862	1,00	30,28	L	N
NGUYÊN TỬ	4785	CA	SER	54	-50,744	16,385	2,713	1,00	32,77	L	C
NGUYÊN TỬ	4786	CB	SER	54	-52,149	16,428	2,105	1,00	31,85	L	C

NGUYÊN TỬ	4787	OG	SER	54	-52,154	15,785	0,842	1,00	36,17	L	O
NGUYÊN TỬ	4788	C	SER	54	-50,386	14,935	3,008	1,00	31,72	L	C
NGUYÊN TỬ	4789	O	SER	54	-51,165	14,237	3,659	1,00	32,86	L	O
NGUYÊN TỬ	4790	N	ASN	55	-49,232	14,473	2,533	1,00	31,26	L	N
NGUYÊN TỬ	4791	CA	ASN	55	-48,818	13,085	2,775	1,00	32,61	L	C
NGUYÊN TỬ	4792	CB	ASN	55	-48,020	12,551	1,582	1,00	32,07	L	C
NGUYÊN TỬ	4793	CG	ASN	55	-48,839	12,526	0,298	1,00	35,95	L	C
NGUYÊN TỬ	4794	OD1	ASN	55	-49,720	11,686	0,134	1,00	36,33	L	O
NGUYÊN TỬ	4795	ND2	ASN	55	-48,553	13,453	-0,616	1,00	34,48	L	N
NGUYÊN TỬ	4796	C	ASN	55	-47,983	12,937	4,051	1,00	32,40	L	C
NGUYÊN TỬ	4797	O	ASN	55	-47,071	13,724	4,305	1,00	31,40	L	O
NGUYÊN TỬ	4798	N	ARG	56	-48,300	11,920	4,844	1,00	34,00	L	N
NGUYÊN TỬ	4799	CA	ARG	56	-47,554	11,626	6,061	1,00	35,54	L	C
NGUYÊN TỬ	4800	CB	ARG	56	-48,506	11,199	7,182	1,00	36,63	L	C
NGUYÊN TỬ	4801	CG	ARG	56	-49,371	12,328	7,723	1,00	42,78	L	C
NGUYÊN TỬ	4802	CD	ARG	56	-50,289	11,856	8,846	1,00	46,38	L	C
NGUYÊN TỬ	4803	NE	ARG	56	-51,374	11,010	8,356	1,00	49,53	L	N
NGUYÊN TỬ	4804	CZ	ARG	56	-51,380	9,683	8,449	1,00	54,19	L	C
NGUYÊN TỬ	4805	NH1	ARG	56	-52,404	8,991	7,971	1,00	55,69	L	N
NGUYÊN TỬ	4806	NH2	ARG	56	-50,363	9,047	9,025	1,00	53,47	L	N
NGUYÊN TỬ	4807	C	ARG	56	-46,539	10,523	5,822	1,00	35,53	L	C
NGUYÊN TỬ	4808	O	ARG	56	-46,886	9,444	5,353	1,00	35,07	L	O
NGUYÊN TỬ	4809	N	PRO	57	-45,267	10,781	6,154	1,00	36,46	L	N
NGUYÊN TỬ	4810	CD	PRO	57	-44,712	12,097	6,516	1,00	35,66	L	C
NGUYÊN TỬ	4811	CA	PRO	57	-44,244	9,729	6,163	1,00	37,45	L	C
NGUYÊN TỬ	4812	CB	PRO	57	-42,968	10,464	6,581	1,00	36,26	L	C
NGUYÊN TỬ	4813	CG	PRO	57	-43,240	11,915	6,281	1,00	37,45	L	C
NGUYÊN TỬ	4814	C	PRO	57	-44,613	8,632	7,167	1,00	39,29	L	C
NGUYÊN TỬ	4815	O	PRO	57	-45,359	8,875	8,121	1,00	37,09	L	O
NGUYÊN TỬ	4816	N	SER	58	-44,091	7,430	6,944	1,00	40,87	L	N
NGUYÊN TỬ	4817	CA	SER	58	-44,130	6,386	7,965	1,00	43,46	L	C
NGUYÊN TỬ	4818	CB	SER	58	-43,252	5,199	7,557	1,00	43,89	L	C
NGUYÊN TỬ	4819	OG	SER	58	-43,995	4,260	6,803	1,00	51,42	L	O
NGUYÊN TỬ	4820	C	SER	58	-43,621	6,936	9,285	1,00	41,83	L	C
NGUYÊN TỬ	4821	O	SER	58	-42,569	7,575	9,338	1,00	43,28	L	O
NGUYÊN TỬ	4822	N	GLY	59	-44,363	6,681	10,353	1,00	40,66	L	N
NGUYÊN TỬ	4823	CA	GLY	59	-43,914	7,120	11,658	1,00	40,19	L	C
NGUYÊN TỬ	4824	C	GLY	59	-44,533	8,423	12,118	1,00	40,38	L	C
NGUYÊN TỬ	4825	O	GLY	59	-44,383	8,793	13,278	1,00	44,27	L	O
NGUYÊN TỬ	4826	N	VAL	60	-45,225	9,128	11,228	1,00	38,65	L	N
NGUYÊN TỬ	4827	CA	VAL	60	-45,922	10,342	11,627	1,00	36,24	L	C
NGUYÊN TỬ	4828	CB	VAL	60	-45,788	11,446	10,550	1,00	36,26	L	C
NGUYÊN TỬ	4829	CG1	VAL	60	-46,661	12,642	10,917	1,00	33,36	L	C
NGUYÊN TỬ	4830	CG2	VAL	60	-44,329	11,874	10,425	1,00	31,61	L	C
NGUYÊN TỬ	4831	C	VAL	60	-47,398	10,061	11,882	1,00	36,29	L	C
NGUYÊN TỬ	4832	O	VAL	60	-48,119	9,613	10,992	1,00	36,29	L	O
NGUYÊN TỬ	4833	N	PRO	61	-47,866	10,327	13,113	1,00	36,76	L	N
NGUYÊN TỬ	4834	CD	PRO	61	-47,074	10,985	14,165	1,00	37,16	L	C
NGUYÊN TỬ	4835	CA	PRO	61	-49,233	10,023	13,560	1,00	36,64	L	C
NGUYÊN TỬ	4836	CB	PRO	61	-49,262	10,509	15,010	1,00	37,12	L	C
NGUYÊN TỬ	4837	CG	PRO	61	-47,829	10,647	15,415	1,00	38,26	L	C
NGUYÊN TỬ	4838	C	PRO	61	-50,271	10,762	12,714	1,00	38,15	L	C
NGUYÊN TỬ	4839	O	PRO	61	-49,997	11,847	12,193	1,00	36,93	L	O
NGUYÊN TỬ	4840	N	ASP	62	-51,464	10,189	12,594	1,00	37,72	L	N
NGUYÊN TỬ	4841	CA	ASP	62	-52,509	10,802	11,779	1,00	39,64	L	C
NGUYÊN TỬ	4842	CB	ASP	62	-53,630	9,790	11,491	1,00	45,58	L	C
NGUYÊN TỬ	4843	CG	ASP	62	-54,249	9,209	12,763	1,00	52,82	L	C
NGUYÊN TỬ	4844	OD1	ASP	62	-53,929	9,692	13,877	1,00	54,52	L	O
NGUYÊN TỬ	4845	OD2	ASP	62	-55,063	8,262	12,642	1,00	57,04	L	O
NGUYÊN TỬ	4846	C	ASP	62	-53,085	12,054	12,440	1,00	36,85	L	C
NGUYÊN TỬ	4847	O	ASP	62	-53,968	12,709	11,887	1,00	35,85	L	O
NGUYÊN TỬ	4848	N	ARG	63	-52,579	12,383	13,623	1,00	33,17	L	N
NGUYÊN TỬ	4849	CA	ARG	63	-52,920	13,642	14,275	1,00	33,59	L	C
NGUYÊN TỬ	4850	CB	ARG	63	-52,253	13,728	15,658	1,00	34,57	L	C
NGUYÊN TỬ	4851	CG	ARG	63	-52,537	12,529	16,546	1,00	40,31	L	C
NGUYÊN TỬ	4852	CD	ARG	63	-52,038	12,725	17,983	1,00	41,07	L	C
NGUYÊN TỬ	4853	NE	ARG	63	-50,578	12,668	18,119	1,00	39,33	L	N
NGUYÊN TỬ	4854	CZ	ARG	63	-49,811	13,746	18,221	1,00	36,57	L	C
NGUYÊN TỬ	4855	NH1	ARG	63	-50,373	14,944	18,188	1,00	34,87	L	N
NGUYÊN TỬ	4856	NH2	ARG	63	-48,499	13,631	18,394	1,00	34,48	L	N
NGUYÊN TỬ	4857	C	ARG	63	-52,455	14,819	13,413	1,00	30,38	L	C
NGUYÊN TỬ	4858	O	ARG	63	-53,024	15,908	13,483	1,00	28,85	L	O
NGUYÊN TỬ	4859	N	PHE	64	-51,417	14,592	12,613	1,00	27,74	L	N
NGUYÊN TỬ	4860	CA	PHE	64	-50,875	15,637	11,736	1,00	29,98	L	C
NGUYÊN TỬ	4861	CB	PHE	64	-49,348	15,502	11,621	1,00	26,68	L	C
NGUYÊN TỬ	4862	CG	PHE	64	-48,608	15,769	12,911	1,00	28,95	L	C

NGUYÊN TỬ	4863	CD1	PHE	64	-48,214	17,062	13,247	1,00	27,02	L	C
NGUYÊN TỬ	4864	CD2	PHE	64	-48,295	14,729	13,780	1,00	27,70	L	C
NGUYÊN TỬ	4865	CE1	PHE	64	-47,518	17,313	14,431	1,00	27,84	L	C
NGUYÊN TỬ	4866	CE2	PHE	64	-47,599	14,972	14,967	1,00	28,68	L	C
NGUYÊN TỬ	4867	CZ	PHE	64	-47,211	16,267	15,291	1,00	27,70	L	C
NGUYÊN TỬ	4868	C	PHE	64	-51,487	15,548	10,340	1,00	30,00	L	C
NGUYÊN TỬ	4869	O	PHE	64	-51,518	14,475	9,744	1,00	29,23	L	O
NGUYÊN TỬ	4870	N	SER	65	-51,963	16,673	9,819	1,00	29,23	L	N
NGUYÊN TỬ	4871	CA	SER	65	-52,463	16,722	8,445	1,00	31,26	L	C
NGUYÊN TỬ	4872	CB	SER	65	-53,980	16,499	8,413	1,00	30,43	L	C
NGUYÊN TỬ	4873	OG	SER	65	-54,665	17,575	9,032	1,00	32,55	L	O
NGUYÊN TỬ	4874	C	SER	65	-52,135	18,061	7,787	1,00	31,18	L	C
NGUYÊN TỬ	4875	O	SER	65	-51,937	19,066	8,470	1,00	31,63	L	O
NGUYÊN TỬ	4876	N	GLY	66	-52,077	18,066	6,460	1,00	30,29	L	N
NGUYÊN TỬ	4877	CA	GLY	66	-51,749	19,283	5,746	1,00	32,02	L	C
NGUYÊN TỬ	4878	C	GLY	66	-52,688	19,542	4,585	1,00	34,44	L	C
NGUYÊN TỬ	4879	O	GLY	66	-53,314	18,624	4,064	1,00	35,30	L	O
NGUYÊN TỬ	4880	N	SER	67	-52,793	20,798	4,174	1,00	35,63	L	N
NGUYÊN TỬ	4881	CA	SER	67	-53,540	21,126	2,971	1,00	37,94	L	C
NGUYÊN TỬ	4882	CB	SER	67	-55,018	21,369	3,304	1,00	37,38	L	C
NGUYÊN TỬ	4883	OG	SER	67	-55,168	22,386	4,280	1,00	39,96	L	O
NGUYÊN TỬ	4884	C	SER	67	-52,954	22,358	2,300	1,00	39,49	L	C
NGUYÊN TỬ	4885	O	SER	67	-52,248	23,150	2,936	1,00	39,23	L	O
NGUYÊN TỬ	4886	N	LYS	68	-53,252	22,507	1,012	1,00	40,52	L	N
NGUYÊN TỬ	4887	CA	LYS	68	-52,826	23,666	0,236	1,00	42,33	L	C
NGUYÊN TỬ	4888	CB	LYS	68	-51,729	23,267	-0,755	1,00	42,24	L	C
NGUYÊN TỬ	4889	CG	LYS	68	-51,463	24,323	-1,831	1,00	44,74	L	C
NGUYÊN TỬ	4890	CD	LYS	68	-50,479	23,832	-2,890	1,00	46,29	L	C
NGUYÊN TỬ	4891	CE	LYS	68	-50,427	24,782	-4,088	1,00	47,53	L	C
NGUYÊN TỬ	4892	NZ	LYS	68	-49,320	24,451	-5,037	1,00	44,81	L	N
NGUYÊN TỬ	4893	C	LYS	68	-54,004	24,268	-0,531	1,00	42,80	L	C
NGUYÊN TỬ	4894	O	LYS	68	-54,869	23,549	-1,026	1,00	41,34	L	O
NGUYÊN TỬ	4895	N	SER	69	-54,026	25,590	-0,640	1,00	43,73	L	N
NGUYÊN TỬ	4896	CA	SER	69	-55,090	26,268	-1,366	1,00	44,46	L	C
NGUYÊN TỬ	4897	CB	SER	69	-56,310	26,424	-0,458	1,00	46,75	L	C
NGUYÊN TỬ	4898	OG	SER	69	-57,267	27,293	-1,036	1,00	51,75	L	O
NGUYÊN TỬ	4899	C	SER	69	-54,635	27,637	-1,867	1,00	43,71	L	C
NGUYÊN TỬ	4900	O	SER	69	-54,309	28,523	-1,074	1,00	42,73	L	O
NGUYÊN TỬ	4901	N	GLY	70	-54,616	27,807	-3,186	1,00	43,48	L	N
NGUYÊN TỬ	4902	CA	GLY	70	-54,209	29,082	-3,749	1,00	41,87	L	C
NGUYÊN TỬ	4903	C	GLY	70	-52,744	29,356	-3,470	1,00	42,01	L	C
NGUYÊN TỬ	4904	O	GLY	70	-51,877	28,578	-3,871	1,00	42,41	L	O
NGUYÊN TỬ	4905	N	THR	71	-52,460	30,453	-2,775	1,00	40,06	L	N
NGUYÊN TỬ	4906	CA	THR	71	-51,083	30,799	-2,443	1,00	40,11	L	C
NGUYÊN TỬ	4907	CB	THR	71	-50,801	32,283	-2,712	1,00	40,96	L	C
NGUYÊN TỬ	4908	OG1	THR	71	-51,714	33,081	-1,951	1,00	40,94	L	O
NGUYÊN TỬ	4909	CG2	THR	71	-50,953	32,601	-4,201	1,00	39,96	L	C
NGUYÊN TỬ	4910	C	THR	71	-50,732	30,511	-0,981	1,00	39,88	L	C
NGUYÊN TỬ	4911	O	THR	71	-49,700	30,963	-0,487	1,00	40,96	L	O
NGUYÊN TỬ	4912	N	SER	72	-51,590	29,774	-0,285	1,00	37,34	L	N
NGUYÊN TỬ	4913	CA	SER	72	-51,303	29,436	1,100	1,00	37,58	L	C
NGUYÊN TỬ	4914	CB	SER	72	-52,187	30,259	2,041	1,00	38,75	L	C
NGUYÊN TỬ	4915	OG	SER	72	-53,541	29,863	1,940	1,00	43,69	L	O
NGUYÊN TỬ	4916	C	SER	72	-51,471	27,941	1,392	1,00	36,49	L	C
NGUYÊN TỬ	4917	O	SER	72	-52,095	27,201	0,619	1,00	34,73	L	O
NGUYÊN TỬ	4918	N	ALA	73	-50,880	27,504	2,500	1,00	33,01	L	N
NGUYÊN TỬ	4919	CA	ALA	73	-50,997	26,124	2,950	1,00	31,45	L	C
NGUYÊN TỬ	4920	CB	ALA	73	-49,767	25,328	2,543	1,00	30,50	L	C
NGUYÊN TỬ	4921	C	ALA	73	-51,154	26,114	4,463	1,00	31,13	L	C
NGUYÊN TỬ	4922	O	ALA	73	-50,896	27,113	5,132	1,00	30,70	L	O
NGUYÊN TỬ	4923	N	SER	74	-51,583	24,985	5,006	1,00	30,38	L	N
NGUYÊN TỬ	4924	CA	SER	74	-51,886	24,932	6,421	1,00	32,16	L	C
NGUYÊN TỬ	4925	CB	SER	74	-53,375	25,219	6,627	1,00	32,93	L	C
NGUYÊN TỬ	4926	OG	SER	74	-53,697	25,321	8,002	1,00	40,40	L	O
NGUYÊN TỬ	4927	C	SER	74	-51,510	23,574	7,001	1,00	30,96	L	C
NGUYÊN TỬ	4928	O	SER	74	-51,747	22,540	6,379	1,00	32,04	L	O
NGUYÊN TỬ	4929	N	LEU	75	-50,902	23,585	8,184	1,00	31,07	L	N
NGUYÊN TỬ	4930	CA	LEU	75	-50,638	22,354	8,928	1,00	29,53	L	C
NGUYÊN TỬ	4931	CB	LEU	75	-49,192	22,336	9,441	1,00	26,68	L	C
NGUYÊN TỬ	4932	CG	LEU	75	-48,781	21,170	10,362	1,00	28,53	L	C
NGUYÊN TỬ	4933	CD1	LEU	75	-48,627	19,878	9,553	1,00	23,41	L	C
NGUYÊN TỬ	4934	CD2	LEU	75	-47,456	21,510	11,059	1,00	24,35	L	C
NGUYÊN TỬ	4935	C	LEU	75	-51,607	22,306	10,107	1,00	31,37	L	C
NGUYÊN TỬ	4936	O	LEU	75	-51,767	23,296	10,827	1,00	30,48	L	O
NGUYÊN TỬ	4937	N	ALA	76	-52,263	21,163	10,300	1,00	30,74	L	N
NGUYÊN TỬ	4938	CA	ALA	76	-53,173	21,007	11,425	1,00	30,46	L	C

NGUYÊN TỬ	4939	CB	ALA	76	-54,600	20,778	10,930	1,00	27,72	L	C
NGUYÊN TỬ	4940	C	ALA	76	-52,737	19,857	12,316	1,00	30,96	L	C
NGUYÊN TỬ	4941	O	ALA	76	-52,334	18,803	11,833	1,00	31,40	L	O
NGUYÊN TỬ	4942	N	ILE	77	-52,822	20,077	13,624	1,00	31,12	L	N
NGUYÊN TỬ	4943	CA	ILE	77	-52,447	19,075	14,612	1,00	31,39	L	C
NGUYÊN TỬ	4944	CB	ILE	77	-51,234	19,550	15,440	1,00	32,11	L	C
NGUYÊN TỬ	4945	CG2	ILE	77	-50,800	18,460	16,412	1,00	31,86	L	C
NGUYÊN TỬ	4946	CG1	ILE	77	-50,085	19,930	14,505	1,00	33,01	L	C
NGUYÊN TỬ	4947	CD1	ILE	77	-48,913	20,579	15,210	1,00	31,72	L	C
NGUYÊN TỬ	4948	C	ILE	77	-53,630	18,887	15,550	1,00	31,92	L	C
NGUYÊN TỬ	4949	O	ILE	77	-54,000	19,811	16,271	1,00	33,01	L	O
NGUYÊN TỬ	4950	N	THR	78	-54,231	17,701	15,538	1,00	32,75	L	N
NGUYÊN TỬ	4951	CA	THR	78	-55,314	17,401	16,474	1,00	34,22	L	C
NGUYÊN TỬ	4952	CB	THR	78	-56,425	16,563	15,808	1,00	36,19	L	C
NGUYÊN TỬ	4953	OG1	THR	78	-55,877	15,314	15,369	1,00	37,55	L	O
NGUYÊN TỬ	4954	CG2	THR	78	-57,014	17,311	14,610	1,00	33,93	L	C
NGUYÊN TỬ	4955	C	THR	78	-54,750	16,618	17,652	1,00	33,72	L	C
NGUYÊN TỬ	4956	O	THR	78	-53,631	16,110	17,582	1,00	35,50	L	O
NGUYÊN TỬ	4957	N	GLY	79	-55,514	16,529	18,735	1,00	33,77	L	N
NGUYÊN TỬ	4958	CA	GLY	79	-55,052	15,777	19,891	1,00	31,44	L	C
NGUYÊN TỬ	4959	C	GLY	79	-53,649	16,178	20,312	1,00	30,87	L	C
NGUYÊN TỬ	4960	O	GLY	79	-52,798	15,327	20,543	1,00	31,97	L	O
NGUYÊN TỬ	4961	N	LEU	80	-53,406	17,480	20,410	1,00	29,82	L	N
NGUYÊN TỬ	4962	CA	LEU	80	-52,082	18,001	20,731	1,00	30,55	L	C
NGUYÊN TỬ	4963	CB	LEU	80	-52,200	19,489	21,088	1,00	31,73	L	C
NGUYÊN TỬ	4964	CG	LEU	80	-50,929	20,337	21,084	1,00	31,97	L	C
NGUYÊN TỬ	4965	CD1	LEU	80	-50,314	20,326	19,690	1,00	31,53	L	C
NGUYÊN TỬ	4966	CD2	LEU	80	-51,271	21,764	21,495	1,00	33,68	L	C
NGUYÊN TỬ	4967	C	LEU	80	-51,443	17,231	21,894	1,00	31,41	L	C
NGUYÊN TỬ	4968	O	LEU	80	-52,080	17,015	22,924	1,00	28,69	L	O
NGUYÊN TỬ	4969	N	GLN	81	-50,187	16,816	21,718	1,00	33,22	L	N
NGUYÊN TỬ	4970	CA	GLN	81	-49,425	16,126	22,769	1,00	35,00	L	C
NGUYÊN TỬ	4971	CB	GLN	81	-48,930	14,760	22,277	1,00	36,97	L	C
NGUYÊN TỬ	4972	CG	GLN	81	-50,027	13,790	21,874	1,00	46,26	L	C
NGUYÊN TỬ	4973	CD	GLN	81	-50,816	13,277	23,066	1,00	52,65	L	C
NGUYÊN TỬ	4974	OE1	GLN	81	-50,313	12,475	23,858	1,00	56,12	L	O
NGUYÊN TỬ	4975	NE2	GLN	81	-52,061	13,739	23,203	1,00	54,96	L	N
NGUYÊN TỬ	4976	C	GLN	81	-48,213	16,952	23,190	1,00	34,68	L	C
NGUYÊN TỬ	4977	O	GLN	81	-47,676	17,731	22,395	1,00	32,67	L	O
NGUYÊN TỬ	4978	N	ALA	82	-47,772	16,754	24,431	1,00	34,64	L	N
NGUYÊN TỬ	4979	CA	ALA	82	-46,587	17,427	24,966	1,00	35,20	L	C
NGUYÊN TỬ	4980	CB	ALA	82	-46,257	16,872	26,356	1,00	36,44	L	C
NGUYÊN TỬ	4981	C	ALA	82	-45,359	17,313	24,069	1,00	34,25	L	C
NGUYÊN TỬ	4982	O	ALA	82	-44,597	18,273	23,923	1,00	35,41	L	O
NGUYÊN TỬ	4983	N	GLU	83	-45,153	16,145	23,475	1,00	33,73	L	N
NGUYÊN TỬ	4984	CA	GLU	83	-43,982	15,936	22,629	1,00	36,46	L	C
NGUYÊN TỬ	4985	CB	GLU	83	-43,768	14,438	22,371	1,00	37,92	L	C
NGUYÊN TỬ	4986	CG	GLU	83	-44,991	13,694	21,844	1,00	48,23	L	C
NGUYÊN TỬ	4987	CD	GLU	83	-45,924	13,198	22,957	1,00	55,83	L	C
NGUYÊN TỬ	4988	OE1	GLU	83	-46,852	12,410	22,641	1,00	60,92	L	O
NGUYÊN TỬ	4989	OE2	GLU	83	-45,741	13,588	24,140	1,00	54,46	L	O
NGUYÊN TỬ	4990	C	GLU	83	-44,070	16,693	21,295	1,00	35,87	L	C
NGUYÊN TỬ	4991	O	GLU	83	-43,115	16,696	20,518	1,00	36,46	L	O
NGUYÊN TỬ	4992	N	ASP	84	-45,206	17,342	21,040	1,00	33,53	L	N
NGUYÊN TỬ	4993	CA	ASP	84	-45,370	18,148	19,830	1,00	32,04	L	C
NGUYÊN TỬ	4994	CB	ASP	84	-46,851	18,329	19,482	1,00	29,82	L	C
NGUYÊN TỬ	4995	CG	ASP	84	-47,539	17,024	19,156	1,00	33,55	L	C
NGUYÊN TỬ	4996	OD1	ASP	84	-46,859	16,092	18,667	1,00	33,27	L	O
NGUYÊN TỬ	4997	OD2	ASP	84	-48,763	16,930	19,390	1,00	31,73	L	O
NGUYÊN TỬ	4998	C	ASP	84	-44,737	19,528	19,979	1,00	32,06	L	C
NGUYÊN TỬ	4999	O	ASP	84	-44,653	20,279	19,003	1,00	30,80	L	O
NGUYÊN TỬ	5000	N	GLU	85	-44,309	19,877	21,191	1,00	29,59	L	N
NGUYÊN TỬ	5001	CA	GLU	85	-43,660	21,169	21,389	1,00	31,50	L	C
NGUYÊN TỬ	5002	CB	GLU	85	-43,317	21,397	22,870	1,00	33,60	L	C
NGUYÊN TỬ	5003	CG	GLU	85	-42,876	22,829	23,172	1,00	38,51	L	C
NGUYÊN TỬ	5004	CD	GLU	85	-43,034	23,215	24,641	1,00	43,82	L	C
NGUYÊN TỬ	5005	OE1	GLU	85	-42,004	23,517	25,290	1,00	47,43	L	O
NGUYÊN TỬ	5006	OE2	GLU	85	-44,182	23,229	25,150	1,00	42,38	L	O
NGUYÊN TỬ	5007	C	GLU	85	-42,391	21,182	20,549	1,00	29,61	L	C
NGUYÊN TỬ	5008	O	GLU	85	-41,542	20,307	20,688	1,00	32,34	L	O
NGUYÊN TỬ	5009	N	ALA	86	-42,269	22,164	19,664	1,00	26,98	L	N
NGUYÊN TỬ	5010	CA	ALA	86	-41,217	22,135	18,656	1,00	26,63	L	C
NGUYÊN TỬ	5011	CB	ALA	86	-41,295	20,824	17,850	1,00	27,34	L	C
NGUYÊN TỬ	5012	C	ALA	86	-41,378	23,323	17,725	1,00	27,49	L	C
NGUYÊN TỬ	5013	O	ALA	86	-42,335	24,084	17,844	1,00	28,13	L	O
NGUYÊN TỬ	5014	N	ASP	87	-40,437	23,480	16,803	1,00	28,02	L	N

NGUYÊN TỬ	5015	CA	ASP	87	-40,565	24,476	15,750	1,00	29,17	L C
NGUYÊN TỬ	5016	CB	ASP	87	-39,227	25,188	15,534	1,00	31,60	L C
NGUYÊN TỬ	5017	CG	ASP	87	-38,845	26,086	16,712	1,00	36,68	L C
NGUYÊN TỬ	5018	OD1	ASP	87	-39,736	26,768	17,260	1,00	40,12	L O
NGUYÊN TỬ	5019	OD2	ASP	87	-37,653	26,111	17,095	1,00	38,12	L O
NGUYÊN TỬ	5020	C	ASP	87	-41,007	23,786	14,458	1,00	28,96	L C
NGUYÊN TỬ	5021	O	ASP	87	-40,577	22,664	14,164	1,00	26,69	L O
NGUYÊN TỬ	5022	N	TYR	88	-41,874	24,452	13,699	1,00	26,76	L N
NGUYÊN TỬ	5023	CA	TYR	88	-42,396	23,884	12,462	1,00	27,47	L C
NGUYÊN TỬ	5024	CB	TYR	88	-43,904	23,641	12,576	1,00	25,61	L C
NGUYÊN TỬ	5025	CG	TYR	88	-44,269	22,601	13,607	1,00	23,78	L C
NGUYÊN TỬ	5026	CD1	TYR	88	-44,328	22,921	14,965	1,00	24,12	L C
NGUYÊN TỬ	5027	CE1	TYR	88	-44,617	21,946	15,920	1,00	22,16	L C
NGUYÊN TỬ	5028	CD2	TYR	88	-44,514	21,288	13,231	1,00	22,59	L C
NGUYÊN TỬ	5029	CE2	TYR	88	-44,802	20,316	14,166	1,00	22,72	L C
NGUYÊN TỬ	5030	CZ	TYR	88	-44,849	20,648	15,511	1,00	22,94	L C
NGUYÊN TỬ	5031	OH	TYR	88	-45,104	19,661	16,437	1,00	21,22	L O
NGUYÊN TỬ	5032	C	TYR	88	-42,117	24,816	11,298	1,00	26,66	L C
NGUYÊN TỬ	5033	O	TYR	88	-42,384	26,008	11,379	1,00	29,21	L O
NGUYÊN TỬ	5034	N	TYR	89	-41,580	24,261	10,219	1,00	27,15	L N
NGUYÊN TỬ	5035	CA	TYR	89	-41,213	25,044	9,044	1,00	25,90	L C
NGUYÊN TỬ	5036	CB	TYR	89	-39,698	24,971	8,814	1,00	26,15	L C
NGUYÊN TỬ	5037	CG	TYR	89	-38,873	25,579	9,931	1,00	28,08	L C
NGUYÊN TỬ	5038	CD1	TYR	89	-38,414	24,801	10,992	1,00	28,94	L C
NGUYÊN TỬ	5039	CE1	TYR	89	-37,671	25,363	12,027	1,00	27,99	L C
NGUYÊN TỬ	5040	CD2	TYR	89	-38,566	26,934	9,934	1,00	27,68	L C
NGUYÊN TỬ	5041	CE2	TYR	89	-37,829	27,503	10,962	1,00	28,70	L C
NGUYÊN TỬ	5042	CZ	TYR	89	-37,384	26,712	12,006	1,00	30,96	L C
NGUYÊN TỬ	5043	OH	TYR	89	-36,651	27,279	13,031	1,00	32,52	L O
NGUYÊN TỬ	5044	C	TYR	89	-41,935	24,510	7,811	1,00	26,61	L C
NGUYÊN TỬ	5045	O	TYR	89	-41,986	23,296	7,584	1,00	24,13	L O
NGUYÊN TỬ	5046	N	CYS	90	-42,493	25,410	7,011	1,00	26,60	L N
NGUYÊN TỬ	5047	CA	CYS	90	-42,966	25,018	5,694	1,00	25,92	L C
NGUYÊN TỬ	5048	C	CYS	90	-41,898	25,294	4,644	1,00	27,13	L C
NGUYÊN TỬ	5049	O	CYS	90	-40,957	26,053	4,877	1,00	27,83	L O
NGUYÊN TỬ	5050	CB	CYS	90	-44,270	25,748	5,342	1,00	29,34	L C
NGUYÊN TỬ	5051	SG	CYS	90	-44,257	27,570	5,342	1,00	38,10	L S
NGUYÊN TỬ	5052	N	GLN	91	-42,036	24,657	3,488	1,00	28,80	L N
NGUYÊN TỬ	5053	CA	GLN	91	-41,044	24,779	2,429	1,00	28,24	L C
NGUYÊN TỬ	5054	CB	GLN	91	-39,966	23,708	2,595	1,00	27,60	L C
NGUYÊN TỬ	5055	CG	GLN	91	-38,890	23,735	1,525	1,00	29,58	L C
NGUYÊN TỬ	5056	CD	GLN	91	-38,225	22,383	1,351	1,00	33,53	L C
NGUYÊN TỬ	5057	OE1	GLN	91	-38,893	21,347	1,360	1,00	30,27	L O
NGUYÊN TỬ	5058	NE2	GLN	91	-36,896	22,382	1,198	1,00	35,14	L N
NGUYÊN TỬ	5059	C	GLN	91	-41,718	24,615	1,078	1,00	29,35	L C
NGUYÊN TỬ	5060	O	GLN	91	-42,679	23,851	0,946	1,00	29,91	L O
NGUYÊN TỬ	5061	N	SER	92	-41,210	25,330	0,076	1,00	29,56	L N
NGUYÊN TỬ	5062	CA	SER	92	-41,704	25,207	-1,293	1,00	31,14	L C
NGUYÊN TỬ	5063	CB	SER	92	-43,013	25,991	-1,451	1,00	32,55	L C
NGUYÊN TỬ	5064	OG	SER	92	-43,443	26,023	-2,802	1,00	34,97	L O
NGUYÊN TỬ	5065	C	SER	92	-40,668	25,731	-2,285	1,00	30,79	L C
NGUYÊN TỬ	5066	O	SER	92	-39,914	26,658	-1,979	1,00	30,97	L O
NGUYÊN TỬ	5067	N	TYR	93	-40,627	25,140	-3,473	1,00	29,05	L N
NGUYÊN TỬ	5068	CA	TYR	93	-39,728	25,633	-4,507	1,00	29,06	L C
NGUYÊN TỬ	5069	CB	TYR	93	-39,677	24,663	-5,698	1,00	28,59	L C
NGUYÊN TỬ	5070	CG	TYR	93	-38,685	25,053	-6,783	1,00	30,48	L C
NGUYÊN TỬ	5071	CD1	TYR	93	-37,317	24,858	-6,609	1,00	31,57	L C
NGUYÊN TỬ	5072	CE1	TYR	93	-36,406	25,209	-7,599	1,00	30,71	L C
NGUYÊN TỬ	5073	CD2	TYR	93	-39,120	25,612	-7,983	1,00	31,67	L C
NGUYÊN TỬ	5074	CE2	TYR	93	-38,220	25,968	-8,984	1,00	30,85	L C
NGUYÊN TỬ	5075	CZ	TYR	93	-36,865	25,765	-8,783	1,00	33,32	L C
NGUYÊN TỬ	5076	OH	TYR	93	-35,969	26,129	-9,760	1,00	32,49	L O
NGUYÊN TỬ	5077	C	TYR	93	-40,233	26,996	-4,958	1,00	29,39	L C
NGUYÊN TỬ	5078	O	TYR	93	-41,441	27,234	-5,017	1,00	27,21	L O
NGUYÊN TỬ	5079	N	ASP	94	-39,303	27,898	-5,248	1,00	29,82	L N
NGUYÊN TỬ	5080	CA	ASP	94	-39,652	29,201	-5,780	1,00	31,94	L C
NGUYÊN TỬ	5081	CB	ASP	94	-39,229	30,295	-4,811	1,00	34,22	L C
NGUYÊN TỬ	5082	CG	ASP	94	-39,679	31,671	-5,256	1,00	39,09	L C
NGUYÊN TỬ	5083	OD1	ASP	94	-40,570	32,253	-4,589	1,00	38,37	L O
NGUYÊN TỬ	5084	OD2	ASP	94	-39,138	32,169	-6,272	1,00	41,24	L O
NGUYÊN TỬ	5085	C	ASP	94	-38,932	29,379	-7,110	1,00	33,39	L C
NGUYÊN TỬ	5086	O	ASP	94	-37,701	29,381	-7,157	1,00	32,83	L O
NGUYÊN TỬ	5087	N	SER	95	-39,694	29,531	-8,189	1,00	32,19	L N
NGUYÊN TỬ	5088	CA	SER	95	-39,098	29,548	-9,519	1,00	35,46	L C
NGUYÊN TỬ	5089	CB	SER	95	-40,176	29,372	-10,598	1,00	33,41	L C
NGUYÊN TỬ	5090	OG	SER	95	-41,217	30,322	-10,442	1,00	37,34	L O

NGUYÊN TỬ	5091	C	SER	95	-38,274	30,797	-9,811	1,00	35,42	L	C
NGUYÊN TỬ	5092	O	SER	95	-37,381	30,757	-10,651	1,00	38,68	L	O
NGUYÊN TỬ	5093	N	SER	96	-38,547	31,905	-9,132	1,00	37,35	L	N
NGUYÊN TỬ	5094	CA	SER	96	-37,712	33,086	-9,343	1,00	39,64	L	C
NGUYÊN TỬ	5095	CB	SER	96	-38,461	34,365	-8,947	1,00	38,48	L	C
NGUYÊN TỬ	5096	OG	SER	96	-38,428	34,586	-7,548	1,00	48,03	L	O
NGUYÊN TỬ	5097	C	SER	96	-36,378	32,997	-8,589	1,00	40,42	L	C
NGUYÊN TỬ	5098	O	SER	96	-35,411	33,664	-8,951	1,00	41,72	L	O
NGUYÊN TỬ	5099	N	LEU	97	-36,317	32,164	-7,552	1,00	40,63	L	N
NGUYÊN TỬ	5100	CA	LEU	97	-35,085	32,015	-6,776	1,00	39,89	L	C
NGUYÊN TỬ	5101	CB	LEU	97	-35,403	32,010	-5,278	1,00	39,69	L	C
NGUYÊN TỬ	5102	CG	LEU	97	-36,119	33,256	-4,752	1,00	41,84	L	C
NGUYÊN TỬ	5103	CD1	LEU	97	-36,377	33,113	-3,257	1,00	40,69	L	C
NGUYÊN TỬ	5104	CD2	LEU	97	-35,271	34,492	-5,034	1,00	39,18	L	C
NGUYÊN TỬ	5105	C	LEU	97	-34,330	30,739	-7,142	1,00	40,12	L	C
NGUYÊN TỬ	5106	O	LEU	97	-33,166	30,567	-6,775	1,00	38,81	L	O
NGUYÊN TỬ	5107	N	SER	98	-35,005	29,847	-7,862	1,00	40,10	L	N
NGUYÊN TỬ	5108	CA	SER	98	-34,432	28,559	-8,247	1,00	39,46	L	C
NGUYÊN TỬ	5109	CB	SER	98	-33,228	28,768	-9,169	1,00	39,43	L	C
NGUYÊN TỬ	5110	OG	SER	98	-33,610	29,450	-10,354	1,00	42,81	L	O
NGUYÊN TỬ	5111	C	SER	98	-34,018	27,713	-7,045	1,00	38,54	L	C
NGUYÊN TỬ	5112	O	SER	98	-33,073	26,923	-7,123	1,00	38,98	L	O
NGUYÊN TỬ	5113	N	GLY	99	-34,728	27,871	-5,934	1,00	37,42	L	N
NGUYÊN TỬ	5114	CA	GLY	99	-34,422	27,070	-4,762	1,00	35,97	L	C
NGUYÊN TỬ	5115	C	GLY	99	-35,657	26,785	-3,940	1,00	36,31	L	C
NGUYÊN TỬ	5116	O	GLY	99	-36,657	27,493	-4,065	1,00	35,39	L	O
NGUYÊN TỬ	5117	N	SER	100	-35,588	25,752	-3,100	1,00	36,91	L	N
NGUYÊN TỬ	5118	CA	SER	100	-36,707	25,374	-2,246	1,00	37,76	L	C
NGUYÊN TỬ	5119	CB	SER	100	-36,765	23,849	-2,076	1,00	39,33	L	C
NGUYÊN TỬ	5120	OG	SER	100	-37,335	23,211	-3,212	1,00	39,19	L	O
NGUYÊN TỬ	5121	C	SER	100	-36,563	26,035	-0,885	1,00	38,62	L	C
NGUYÊN TỬ	5122	O	SER	100	-35,908	25,493	0,012	1,00	40,69	L	O
NGUYÊN TỬ	5123	N	VAL	101	-37,197	27,195	-0,735	1,00	35,61	L	N
NGUYÊN TỬ	5124	CA	VAL	101	-37,020	28,048	0,428	1,00	34,08	L	C
NGUYÊN TỬ	5125	CB	VAL	101	-37,142	29,527	0,033	1,00	34,68	L	C
NGUYÊN TỬ	5126	CG1	VAL	101	-36,015	29,890	-0,932	1,00	37,67	L	C
NGUYÊN TỬ	5127	CG2	VAL	101	-38,501	29,780	-0,605	1,00	30,50	L	C
NGUYÊN TỬ	5128	C	VAL	101	-38,002	27,768	1,563	1,00	33,19	L	C
NGUYÊN TỬ	5129	O	VAL	101	-39,047	27,151	1,362	1,00	31,98	L	O
NGUYÊN TỬ	5130	N	PHE	102	-37,652	28,246	2,755	1,00	30,75	L	N
NGUYÊN TỬ	5131	CA	PHE	102	-38,362	27,915	3,985	1,00	29,44	L	C
NGUYÊN TỬ	5132	CB	PHE	102	-37,361	27,473	5,053	1,00	28,91	L	C
NGUYÊN TỬ	5133	CG	PHE	102	-36,680	26,179	4,742	1,00	27,81	L	C
NGUYÊN TỬ	5134	CD1	PHE	102	-35,472	26,161	4,070	1,00	26,76	L	C
NGUYÊN TỬ	5135	CD2	PHE	102	-37,259	24,973	5,110	1,00	26,32	L	C
NGUYÊN TỬ	5136	CE1	PHE	102	-34,853	24,960	3,764	1,00	26,61	L	C
NGUYÊN TỬ	5137	CE2	PHE	102	-36,645	23,777	4,809	1,00	25,33	L	C
NGUYÊN TỬ	5138	CZ	PHE	102	-35,439	23,770	4,133	1,00	25,96	L	C
NGUYÊN TỬ	5139	C	PHE	102	-39,158	29,094	4,521	1,00	28,98	L	C
NGUYÊN TỬ	5140	O	PHE	102	-38,750	30,244	4,372	1,00	31,15	L	O
NGUYÊN TỬ	5141	N	GLY	103	-40,292	28,811	5,154	1,00	28,82	L	N
NGUYÊN TỬ	5142	CA	GLY	103	-40,949	29,830	5,956	1,00	27,61	L	C
NGUYÊN TỬ	5143	C	GLY	103	-40,094	30,221	7,153	1,00	28,18	L	C
NGUYÊN TỬ	5144	O	GLY	103	-39,068	29,593	7,419	1,00	27,21	L	O
NGUYÊN TỬ	5145	N	GLY	104	-40,513	31,257	7,877	1,00	29,41	L	N
NGUYÊN TỬ	5146	CA	GLY	104	-39,722	31,760	8,987	1,00	30,21	L	C
NGUYÊN TỬ	5147	C	GLY	104	-39,801	30,907	10,245	1,00	31,93	L	C
NGUYÊN TỬ	5148	O	GLY	104	-39,038	31,114	11,186	1,00	31,09	L	O
NGUYÊN TỬ	5149	N	GLY	105	-40,715	29,941	10,262	1,00	31,73	L	N
NGUYÊN TỬ	5150	CA	GLY	105	-40,796	29,024	11,385	1,00	30,36	L	C
NGUYÊN TỬ	5151	C	GLY	105	-41,890	29,408	12,360	1,00	30,83	L	C
NGUYÊN TỬ	5152	O	GLY	105	-42,133	30,591	12,597	1,00	30,41	L	O
NGUYÊN TỬ	5153	N	THR	106	-42,557	28,408	12,924	1,00	30,56	L	N
NGUYÊN TỬ	5154	CA	THR	106	-43,546	28,648	13,969	1,00	30,39	L	C
NGUYÊN TỬ	5155	CB	THR	106	-44,950	28,202	13,538	1,00	30,35	L	C
NGUYÊN TỬ	5156	OG1	THR	106	-45,338	28,900	12,354	1,00	32,39	L	O
NGUYÊN TỬ	5157	CG2	THR	106	-45,950	28,490	14,635	1,00	30,52	L	C
NGUYÊN TỬ	5158	C	THR	106	-43,170	27,865	15,219	1,00	30,74	L	C
NGUYÊN TỬ	5159	O	THR	106	-42,953	26,655	15,167	1,00	30,35	L	O
NGUYÊN TỬ	5160	N	LYS	107	-43,099	28,568	16,341	1,00	31,45	L	N
NGUYÊN TỬ	5161	CA	LYS	107	-42,788	27,954	17,623	1,00	33,01	L	C
NGUYÊN TỬ	5162	CB	LYS	107	-42,130	28,999	18,540	1,00	38,62	L	C
NGUYÊN TỬ	5163	CG	LYS	107	-41,064	28,452	19,485	1,00	44,72	L	C
NGUYÊN TỬ	5164	CD	LYS	107	-41,600	27,310	20,334	1,00	49,04	L	C
NGUYÊN TỬ	5165	CE	LYS	107	-40,472	26,415	20,831	1,00	51,13	L	C
NGUYÊN TỬ	5166	NZ	LYS	107	-40,985	25,086	21,262	1,00	50,21	L	N

NGUYÊN TỬ	5167	C	LYS	107	-44,107	27,486	18,230	1,00	31,74	L	C
NGUYÊN TỬ	5168	O	LYS	107	-44,979	28,307	18,538	1,00	32,77	L	O
NGUYÊN TỬ	5169	N	LEU	108	-44,273	26,179	18,393	1,00	28,38	L	N
NGUYÊN TỬ	5170	CA	LEU	108	-45,486	25,668	19,037	1,00	30,04	L	C
NGUYÊN TỬ	5171	CB	LEU	108	-45,970	24,391	18,351	1,00	26,99	L	C
NGUYÊN TỬ	5172	CG	LEU	108	-47,289	23,796	18,861	1,00	29,30	L	C
NGUYÊN TỬ	5173	CD1	LEU	108	-47,883	22,884	17,802	1,00	29,60	L	C
NGUYÊN TỬ	5174	CD2	LEU	108	-47,058	23,018	20,150	1,00	31,06	L	C
NGUYÊN TỬ	5175	C	LEU	108	-45,256	25,376	20,515	1,00	29,02	L	C
NGUYÊN TỬ	5176	O	LEU	108	-44,342	24,647	20,871	1,00	31,80	L	O
NGUYÊN TỬ	5177	N	THR	109	-46,112	25,921	21,367	1,00	30,44	L	N
NGUYÊN TỬ	5178	CA	THR	109	-45,992	25,733	22,812	1,00	32,72	L	C
NGUYÊN TỬ	5179	CB	THR	109	-45,942	27,101	23,535	1,00	33,32	L	C
NGUYÊN TỬ	5180	OG1	THR	109	-44,728	27,776	23,190	1,00	39,35	L	O
NGUYÊN TỬ	5181	CG2	THR	109	-45,991	26,924	25,030	1,00	36,60	L	C
NGUYÊN TỬ	5182	C	THR	109	-47,173	24,932	23,352	1,00	31,37	L	C
NGUYÊN TỬ	5183	O	THR	109	-48,326	25,247	23,056	1,00	32,44	L	O
NGUYÊN TỬ	5184	N	VAL	110	-46,890	23,901	24,141	1,00	29,28	L	N
NGUYÊN TỬ	5185	CA	VAL	110	-47,952	23,126	24,759	1,00	30,60	L	C
NGUYÊN TỬ	5186	CB	VAL	110	-47,589	21,639	24,843	1,00	31,58	L	C
NGUYÊN TỬ	5187	CG1	VAL	110	-48,696	20,885	25,564	1,00	31,21	L	C
NGUYÊN TỬ	5188	CG2	VAL	110	-47,391	21,068	23,437	1,00	29,51	L	C
NGUYÊN TỬ	5189	C	VAL	110	-48,247	23,642	26,163	1,00	32,83	L	C
NGUYÊN TỬ	5190	O	VAL	110	-47,389	23,608	27,041	1,00	32,80	L	O
NGUYÊN TỬ	5191	N	LEU	111	-49,470	24,119	26,364	1,00	34,22	L	N
NGUYÊN TỬ	5192	CA	LEU	111	-49,831	24,834	27,581	1,00	34,04	L	C
NGUYÊN TỬ	5193	CB	LEU	111	-50,785	25,985	27,247	1,00	34,30	L	C
NGUYÊN TỬ	5194	CG	LEU	111	-50,233	27,051	26,294	1,00	39,19	L	C
NGUYÊN TỬ	5195	CD1	LEU	111	-51,313	28,073	25,964	1,00	37,22	L	C
NGUYÊN TỬ	5196	CD2	LEU	111	-49,029	27,728	26,934	1,00	38,67	L	C
NGUYÊN TỬ	5197	C	LEU	111	-50,492	23,919	28,598	1,00	34,06	L	C
NGUYÊN TỬ	5198	O	LEU	111	-50,631	22,719	28,376	1,00	34,37	L	O
NGUYÊN TỬ	5199	N	GLY	112	-50,893	24,498	29,724	1,00	33,66	L	N
NGUYÊN TỬ	5200	CA	GLY	112	-51,772	23,797	30,632	1,00	32,43	L	C
NGUYÊN TỬ	5201	C	GLY	112	-51,139	23,268	31,903	1,00	32,20	L	C
NGUYÊN TỬ	5202	O	GLY	112	-51,853	22,922	32,838	1,00	32,07	L	O
NGUYÊN TỬ	5203	N	GLN	113	-49,815	23,199	31,965	1,00	31,98	L	N
NGUYÊN TỬ	5204	CA	GLN	113	-49,186	22,612	33,145	1,00	33,88	L	C
NGUYÊN TỬ	5205	CB	GLN	113	-47,725	22,251	32,853	1,00	34,74	L	C
NGUYÊN TỬ	5206	CG	GLN	113	-46,732	23,380	32,993	1,00	38,41	L	C
NGUYÊN TỬ	5207	CD	GLN	113	-45,326	22,922	32,653	1,00	42,73	L	C
NGUYÊN TỬ	5208	OE1	GLN	113	-44,513	22,659	33,543	1,00	42,57	L	O
NGUYÊN TỬ	5209	NE2	GLN	113	-45,034	22,811	31,354	1,00	42,20	L	N
NGUYÊN TỬ	5210	C	GLN	113	-49,282	23,548	34,354	1,00	32,67	L	C
NGUYÊN TỬ	5211	O	GLN	113	-49,377	24,770	34,208	1,00	30,96	L	O
NGUYÊN TỬ	5212	N	PRO	114	-49,282	22,981	35,568	1,00	32,80	L	N
NGUYÊN TỬ	5213	CD	PRO	114	-49,223	21,540	35,868	1,00	33,24	L	C
NGUYÊN TỬ	5214	CA	PRO	114	-49,519	23,784	36,777	1,00	32,36	L	C
NGUYÊN TỬ	5215	CB	PRO	114	-49,539	22,748	37,902	1,00	32,38	L	C
NGUYÊN TỬ	5216	CG	PRO	114	-49,909	21,457	37,213	1,00	34,37	L	C
NGUYÊN TỬ	5217	C	PRO	114	-48,458	24,863	37,007	1,00	30,82	L	C
NGUYÊN TỬ	5218	O	PRO	114	-47,285	24,686	36,677	1,00	26,86	L	O
NGUYÊN TỬ	5219	N	LYS	115	-48,874	25,989	37,569	1,00	31,80	L	N
NGUYÊN TỬ	5220	CA	LYS	115	-47,916	27,022	37,930	1,00	34,33	L	C
NGUYÊN TỬ	5221	CB	LYS	115	-48,634	28,202	38,583	1,00	36,99	L	C
NGUYÊN TỬ	5222	CG	LYS	115	-47,748	29,426	38,753	1,00	44,60	L	C
NGUYÊN TỬ	5223	CD	LYS	115	-47,982	30,122	40,084	1,00	48,66	L	C
NGUYÊN TỬ	5224	CE	LYS	115	-49,028	31,218	39,966	1,00	50,81	L	C
NGUYÊN TỬ	5225	NZ	LYS	115	-48,997	32,126	41,157	1,00	52,88	L	N
NGUYÊN TỬ	5226	C	LYS	115	-46,879	26,437	38,897	1,00	33,33	L	C
NGUYÊN TỬ	5227	O	LYS	115	-47,206	25,588	39,736	1,00	30,94	L	O
NGUYÊN TỬ	5228	N	ALA	116	-45,630	26,877	38,762	1,00	32,81	L	N
NGUYÊN TỬ	5229	CA	ALA	116	-44,570	26,495	39,697	1,00	33,88	L	C
NGUYÊN TỬ	5230	CB	ALA	116	-43,738	25,366	39,111	1,00	30,45	L	C
NGUYÊN TỬ	5231	C	ALA	116	-43,678	27,697	40,012	1,00	33,75	L	C
NGUYÊN TỬ	5232	O	ALA	116	-43,179	28,368	39,105	1,00	33,41	L	O
NGUYÊN TỬ	5233	N	ALA	117	-43,487	27,969	41,300	1,00	34,49	L	N
NGUYÊN TỬ	5234	CA	ALA	117	-42,664	29,097	41,733	1,00	34,10	L	C
NGUYÊN TỬ	5235	CB	ALA	117	-43,008	29,480	43,181	1,00	34,76	L	C
NGUYÊN TỬ	5236	C	ALA	117	-41,188	28,724	41,622	1,00	34,26	L	C
NGUYÊN TỬ	5237	O	ALA	117	-40,818	27,561	41,781	1,00	34,36	L	O
NGUYÊN TỬ	5238	N	PRO	118	-40,329	29,712	41,331	1,00	34,24	L	N
NGUYÊN TỬ	5239	CD	PRO	118	-40,679	31,132	41,151	1,00	33,58	L	C
NGUYÊN TỬ	5240	CA	PRO	118	-38,902	29,463	41,114	1,00	35,01	L	C
NGUYÊN TỬ	5241	CB	PRO	118	-38,394	30,772	40,517	1,00	34,92	L	C
NGUYÊN TỬ	5242	CG	PRO	118	-39,339	31,811	41,039	1,00	34,58	L	C

NGUYÊN TỬ	5243	C	PRO	118	-38,172	29,108	42,403	1,00	37,33	L C
NGUYÊN TỬ	5244	O	PRO	118	-38,483	29,643	43,467	1,00	37,79	L O
NGUYÊN TỬ	5245	N	SER	119	-37,212	28,192	42,295	1,00	37,11	L N
NGUYÊN TỬ	5246	CA	SER	119	-36,175	28,046	43,304	1,00	37,74	L C
NGUYÊN TỬ	5247	CB	SER	119	-35,621	26,622	43,312	1,00	36,71	L C
NGUYÊN TỬ	5248	OG	SER	119	-36,607	25,707	43,742	1,00	45,31	L O
NGUYÊN TỬ	5249	C	SER	119	-35,055	29,006	42,951	1,00	37,01	L C
NGUYÊN TỬ	5250	O	SER	119	-34,615	29,064	41,799	1,00	38,07	L O
NGUYÊN TỬ	5251	N	VAL	120	-34,597	29,756	43,944	1,00	35,51	L N
NGUYÊN TỬ	5252	CA	VAL	120	-33,478	30,666	43,758	1,00	35,22	L C
NGUYÊN TỬ	5253	CB	VAL	120	-33,889	32,126	44,059	1,00	34,18	L C
NGUYÊN TỬ	5254	CG1	VAL	120	-32,680	33,048	43,933	1,00	30,75	L C
NGUYÊN TỬ	5255	CG2	VAL	120	-34,995	32,558	43,103	1,00	33,05	L C
NGUYÊN TỬ	5256	C	VAL	120	-32,338	30,278	44,684	1,00	36,13	L C
NGUYÊN TỬ	5257	O	VAL	120	-32,543	30,053	45,879	1,00	35,93	L O
NGUYÊN TỬ	5258	N	THR	121	-31,134	30,187	44,134	1,00	35,67	L N
NGUYÊN TỬ	5259	CA	THR	121	-29,961	30,097	44,975	1,00	36,07	L C
NGUYÊN TỬ	5260	CB	THR	121	-29,413	28,637	45,022	1,00	38,17	L C
NGUYÊN TỬ	5261	OG1	THR	121	-28,028	28,622	44,670	1,00	43,48	L O
NGUYÊN TỬ	5262	CG2	THR	121	-30,191	27,741	44,092	1,00	38,07	L C
NGUYÊN TỬ	5263	C	THR	121	-28,900	31,093	44,518	1,00	35,24	L C
NGUYÊN TỬ	5264	O	THR	121	-28,695	31,310	43,321	1,00	33,07	L O
NGUYÊN TỬ	5265	N	LEU	122	-28,253	31,728	45,490	1,00	34,06	L N
NGUYÊN TỬ	5266	CA	LEU	122	-27,357	32,847	45,220	1,00	34,60	L C
NGUYÊN TỬ	5267	CB	LEU	122	-27,971	34,136	45,762	1,00	31,62	L C
NGUYÊN TỬ	5268	CG	LEU	122	-27,093	35,388	45,764	1,00	33,67	L C
NGUYÊN TỬ	5269	CD1	LEU	122	-26,790	35,813	44,337	1,00	31,18	L C
NGUYÊN TỬ	5270	CD2	LEU	122	-27,815	36,508	46,519	1,00	34,33	L C
NGUYÊN TỬ	5271	C	LEU	122	-25,979	32,625	45,852	1,00	35,18	L C
NGUYÊN TỬ	5272	O	LEU	122	-25,873	32,339	47,048	1,00	35,07	L O
NGUYÊN TỬ	5273	N	PHE	123	-24,934	32,756	45,040	1,00	34,10	L N
NGUYÊN TỬ	5274	CA	PHE	123	-23,563	32,581	45,503	1,00	33,60	L C
NGUYÊN TỬ	5275	CB	PHE	123	-22,803	31,613	44,598	1,00	32,81	L C
NGUYÊN TỬ	5276	CG	PHE	123	-23,292	30,200	44,673	1,00	33,31	L C
NGUYÊN TỬ	5277	CD1	PHE	123	-24,108	29,683	43,680	1,00	31,54	L C
NGUYÊN TỬ	5278	CD2	PHE	123	-22,919	29,380	45,726	1,00	31,90	L C
NGUYÊN TỬ	5279	CE1	PHE	123	-24,545	28,373	43,731	1,00	32,77	L C
NGUYÊN TỬ	5280	CE2	PHE	123	-23,351	28,066	45,783	1,00	31,56	L C
NGUYÊN TỬ	5281	CZ	PHE	123	-24,165	27,562	44,784	1,00	32,86	L C
NGUYÊN TỬ	5282	C	PHE	123	-22,822	33,902	45,507	1,00	34,23	L C
NGUYÊN TỬ	5283	O	PHE	123	-22,887	34,660	44,541	1,00	33,21	L O
NGUYÊN TỬ	5284	N	PRO	124	-22,085	34,183	46,595	1,00	34,60	L N
NGUYÊN TỬ	5285	CD	PRO	124	-22,022	33,339	47,802	1,00	33,97	L C
NGUYÊN TỬ	5286	CA	PRO	124	-21,179	35,334	46,681	1,00	33,22	L C
NGUYÊN TỬ	5287	CB	PRO	124	-20,827	35,396	48,162	1,00	32,92	L C
NGUYÊN TỬ	5288	CG	PRO	124	-20,911	33,971	48,613	1,00	32,54	L C
NGUYÊN TỬ	5289	C	PRO	124	-19,952	35,072	45,815	1,00	33,35	L C
NGUYÊN TỬ	5290	O	PRO	124	-19,764	33,962	45,318	1,00	32,14	L O
NGUYÊN TỬ	5291	N	PRO	125	-19,100	36,089	45,624	1,00	34,18	L N
NGUYÊN TỬ	5292	CD	PRO	125	-19,242	37,482	46,084	1,00	34,13	L C
NGUYÊN TỬ	5293	CA	PRO	125	-17,823	35,865	44,937	1,00	33,64	L C
NGUYÊN TỬ	5294	CB	PRO	125	-17,180	37,253	44,894	1,00	34,39	L C
NGUYÊN TỬ	5295	CG	PRO	125	-18,291	38,220	45,187	1,00	35,53	L C
NGUYÊN TỬ	5296	C	PRO	125	-16,961	34,878	45,732	1,00	35,03	L C
NGUYÊN TỬ	5297	O	PRO	125	-16,917	34,937	46,962	1,00	35,09	L O
NGUYÊN TỬ	5298	N	SER	126	-16,281	33,973	45,035	1,00	34,42	L N
NGUYÊN TỬ	5299	CA	SER	126	-15,335	33,076	45,691	1,00	34,25	L C
NGUYÊN TỬ	5300	CB	SER	126	-14,937	31,950	44,744	1,00	32,73	L C
NGUYÊN TỬ	5301	OG	SER	126	-14,250	32,467	43,621	1,00	32,43	L O
NGUYÊN TỬ	5302	C	SER	126	-14,093	33,870	46,084	1,00	35,04	L C
NGUYÊN TỬ	5303	O	SER	126	-13,777	34,884	45,461	1,00	33,38	L O
NGUYÊN TỬ	5304	N	SER	127	-13,383	33,412	47,110	1,00	35,77	L N
NGUYÊN TỬ	5305	CA	SER	127	-12,176	34,116	47,534	1,00	37,95	L C
NGUYÊN TỬ	5306	CB	SER	127	-11,653	33,549	48,864	1,00	39,02	L C
NGUYÊN TỬ	5307	OG	SER	127	-11,268	32,195	48,731	1,00	45,05	L O
NGUYÊN TỬ	5308	C	SER	127	-11,100	34,022	46,452	1,00	36,52	L C
NGUYÊN TỬ	5309	O	SER	127	-10,301	34,941	46,276	1,00	35,94	L O
NGUYÊN TỬ	5310	N	GLU	128	-11,099	32,928	45,703	1,00	36,21	L N
NGUYÊN TỬ	5311	CA	GLU	128	-10,172	32,797	44,590	1,00	38,71	L C
NGUYÊN TỬ	5312	CB	GLU	128	-10,288	31,401	43,975	1,00	40,30	L C
NGUYÊN TỬ	5313	CG	GLU	128	-9,137	31,038	43,054	1,00	44,77	L C
NGUYÊN TỬ	5314	CD	GLU	128	-9,217	29,605	42,538	1,00	48,56	L C
NGUYÊN TỬ	5315	OE1	GLU	128	-8,448	29,266	41,610	1,00	48,39	L O
NGUYÊN TỬ	5316	OE2	GLU	128	-10,041	28,817	43,061	1,00	49,98	L O
NGUYÊN TỬ	5317	C	GLU	128	-10,396	33,874	43,514	1,00	40,21	L C
NGUYÊN TỬ	5318	O	GLU	128	-9,436	34,479	43,025	1,00	39,54	L O

NGUYÊN TỬ	5319	N	GLU	129	-11,652	34,127	43,147	1,00	40,30	L	N
NGUYÊN TỬ	5320	CA	GLU	129	-11,927	35,156	42,142	1,00	38,87	L	C
NGUYÊN TỬ	5321	CB	GLU	129	-13,406	35,152	41,720	1,00	39,30	L	C
NGUYÊN TỬ	5322	CG	GLU	129	-13,717	36,210	40,653	1,00	40,41	L	C
NGUYÊN TỬ	5323	CD	GLU	129	-15,192	36,289	40,261	1,00	42,41	L	C
NGUYÊN TỬ	5324	OE1	GLU	129	-15,469	36,599	39,081	1,00	44,06	L	O
NGUYÊN TỬ	5325	OE2	GLU	129	-16,072	36,055	41,117	1,00	40,48	L	O
NGUYÊN TỬ	5326	C	GLU	129	-11,560	36,538	42,681	1,00	38,41	L	C
NGUYÊN TỬ	5327	O	GLU	129	-11,107	37,405	41,933	1,00	36,76	L	O
NGUYÊN TỬ	5328	N	LEU	130	-11,759	36,746	43,979	1,00	37,71	L	N
NGUYÊN TỬ	5329	CA	LEU	130	-11,361	38,003	44,599	1,00	38,42	L	C
NGUYÊN TỬ	5330	CB	LEU	130	-11,837	38,042	46,053	1,00	36,50	L	C
NGUYÊN TỬ	5331	CG	LEU	130	-13,358	38,169	46,237	1,00	36,84	L	C
NGUYÊN TỬ	5332	CD1	LEU	130	-13,723	38,067	47,713	1,00	34,95	L	C
NGUYÊN TỬ	5333	CD2	LEU	130	-13,832	39,497	45,657	1,00	33,05	L	C
NGUYÊN TỬ	5334	C	LEU	130	-9,844	38,231	44,515	1,00	40,34	L	C
NGUYÊN TỬ	5335	O	LEU	130	-9,401	39,348	44,243	1,00	40,94	L	O
NGUYÊN TỬ	5336	N	GLN	131	-9,056	37,176	44,730	1,00	41,55	L	N
NGUYÊN TỬ	5337	CA	GLN	131	-7,606	37,236	44,532	1,00	43,80	L	C
NGUYÊN TỬ	5338	CB	GLN	131	-6,950	35,883	44,844	1,00	43,76	L	C
NGUYÊN TỬ	5339	CG	GLN	131	-6,260	35,816	46,191	1,00	47,33	L	C
NGUYÊN TỬ	5340	CD	GLN	131	-5,469	37,072	46,514	1,00	47,15	L	C
NGUYÊN TỬ	5341	OE1	GLN	131	-5,756	37,757	47,497	1,00	49,05	L	O
NGUYÊN TỬ	5342	NE2	GLN	131	-4,470	37,382	45,692	1,00	45,39	L	N
NGUYÊN TỬ	5343	C	GLN	131	-7,248	37,626	43,105	1,00	45,27	L	C
NGUYÊN TỬ	5344	O	GLN	131	-6,261	38,333	42,876	1,00	46,89	L	O
NGUYÊN TỬ	5345	N	ALA	132	-8,039	37,146	42,147	1,00	45,27	L	N
NGUYÊN TỬ	5346	CA	ALA	132	-7,868	37,521	40,743	1,00	43,98	L	C
NGUYÊN TỬ	5347	CB	ALA	132	-8,552	36,497	39,841	1,00	43,38	L	C
NGUYÊN TỬ	5348	C	ALA	132	-8,435	38,915	40,474	1,00	43,57	L	C
NGUYÊN TỬ	5349	O	ALA	132	-8,516	39,351	39,327	1,00	42,33	L	O
NGUYÊN TỬ	5350	N	ASN	133	-8,845	39,602	41,537	1,00	43,82	L	N
NGUYÊN TỬ	5351	CA	ASN	133	-9,273	40,996	41,433	1,00	46,95	L	C
NGUYÊN TỬ	5352	CB	ASN	133	-8,155	41,830	40,792	1,00	48,35	L	C
NGUYÊN TỬ	5353	CG	ASN	133	-8,282	43,309	41,101	1,00	50,92	L	C
NGUYÊN TỬ	5354	OD1	ASN	133	-8,791	43,694	42,158	1,00	51,72	L	O
NGUYÊN TỬ	5355	ND2	ASN	133	-7,821	44,150	40,179	1,00	51,45	L	N
NGUYÊN TỬ	5356	C	ASN	133	-10,581	41,179	40,642	1,00	46,81	L	C
NGUYÊN TỬ	5357	O	ASN	133	-10,751	42,171	39,929	1,00	47,08	L	O
NGUYÊN TỬ	5358	N	LYS	134	-11,494	40,218	40,768	1,00	46,18	L	N
NGUYÊN TỬ	5359	CA	LYS	134	-12,830	40,324	40,186	1,00	45,08	L	C
NGUYÊN TỬ	5360	CB	LYS	134	-12,955	39,437	38,946	1,00	46,32	L	C
NGUYÊN TỬ	5361	CG	LYS	134	-11,819	39,552	37,947	1,00	49,14	L	C
NGUYÊN TỬ	5362	CD	LYS	134	-11,935	40,811	37,107	1,00	55,33	L	C
NGUYÊN TỬ	5363	CE	LYS	134	-11,460	40,559	35,673	1,00	58,41	L	C
NGUYÊN TỬ	5364	NZ	LYS	134	-10,414	39,490	35,603	1,00	59,23	L	N
NGUYÊN TỬ	5365	C	LYS	134	-13,854	39,864	41,218	1,00	44,89	L	C
NGUYÊN TỬ	5366	O	LYS	134	-13,510	39,179	42,181	1,00	45,02	L	O
NGUYÊN TỬ	5367	N	ALA	135	-15,112	40,237	41,013	1,00	43,12	L	N
NGUYÊN TỬ	5368	CA	ALA	135	-16,199	39,733	41,845	1,00	42,34	L	C
NGUYÊN TỬ	5369	CB	ALA	135	-16,485	40,710	42,986	1,00	40,89	L	C
NGUYÊN TỬ	5370	C	ALA	135	-17,465	39,497	41,019	1,00	41,64	L	C
NGUYÊN TỬ	5371	O	ALA	135	-17,928	40,383	40,299	1,00	42,40	L	O
NGUYÊN TỬ	5372	N	THR	136	-18,019	38,295	41,129	1,00	41,17	L	N
NGUYÊN TỬ	5373	CA	THR	136	-19,223	37,928	40,392	1,00	36,95	L	C
NGUYÊN TỬ	5374	CB	THR	136	-18,910	36,884	39,301	1,00	36,17	L	C
NGUYÊN TỬ	5375	OG1	THR	136	-17,877	37,385	38,448	1,00	34,77	L	O
NGUYÊN TỬ	5376	CG2	THR	136	-20,149	36,592	38,460	1,00	35,99	L	C
NGUYÊN TỬ	5377	C	THR	136	-20,234	37,326	41,349	1,00	35,86	L	C
NGUYÊN TỬ	5378	O	THR	136	-19,952	36,323	42,003	1,00	35,40	L	O
NGUYÊN TỬ	5379	N	LEU	137	-21,410	37,940	41,434	1,00	35,37	L	N
NGUYÊN TỬ	5380	CA	LEU	137	-22,527	37,333	42,140	1,00	34,20	L	C
NGUYÊN TỬ	5381	CB	LEU	137	-23,417	38,412	42,758	1,00	36,75	L	C
NGUYÊN TỬ	5382	CG	LEU	137	-22,746	39,314	43,798	1,00	40,79	L	C
NGUYÊN TỬ	5383	CD1	LEU	137	-23,790	40,073	44,597	1,00	41,82	L	C
NGUYÊN TỬ	5384	CD2	LEU	137	-21,929	38,465	44,725	1,00	42,69	L	C
NGUYÊN TỬ	5385	C	LEU	137	-23,332	36,481	41,160	1,00	34,75	L	C
NGUYÊN TỬ	5386	O	LEU	137	-23,562	36,877	40,013	1,00	33,76	L	O
NGUYÊN TỬ	5387	N	VAL	138	-23,748	35,305	41,616	1,00	33,20	L	N
NGUYÊN TỬ	5388	CA	VAL	138	-24,366	34,322	40,741	1,00	33,86	L	C
NGUYÊN TỬ	5389	CB	VAL	138	-23,496	33,058	40,627	1,00	33,39	L	C
NGUYÊN TỬ	5390	CG1	VAL	138	-24,158	32,065	39,679	1,00	31,94	L	C
NGUYÊN TỬ	5391	CG2	VAL	138	-22,096	33,436	40,155	1,00	28,69	L	C
NGUYÊN TỬ	5392	C	VAL	138	-25,736	33,916	41,261	1,00	34,92	L	C
NGUYÊN TỬ	5393	O	VAL	138	-25,851	33,261	42,303	1,00	35,11	L	O
NGUYÊN TỬ	5394	N	CYS	139	-26,772	34,310	40,528	1,00	34,33	L	N

NGUYÊN TỬ	5395	CA	CYS	139	-28,145	34,048	40,937	1,00	34,32	L C
NGUYÊN TỬ	5396	C	CYS	139	-28,755	33,014	40,009	1,00	32,61	L C
NGUYÊN TỬ	5397	O	CYS	139	-28,914	33,263	38,816	1,00	32,03	L O
NGUYÊN TỬ	5398	CB	CYS	139	-28,963	35,330	40,868	1,00	36,04	L C
NGUYÊN TỬ	5399	SG	CYS	139	-30,606	35,207	41,630	1,00	39,55	L S
NGUYÊN TỬ	5400	N	LEU	140	-29,092	31,856	40,559	1,00	30,81	L N
NGUYÊN TỬ	5401	CA	LEU	140	-29,556	30,747	39,745	1,00	32,77	L C
NGUYÊN TỬ	5402	CB	LEU	140	-28,722	29,503	40,041	1,00	32,67	L C
NGUYÊN TỬ	5403	CG	LEU	140	-27,225	29,678	39,777	1,00	33,78	L C
NGUYÊN TỬ	5404	CD1	LEU	140	-26,500	28,410	40,172	1,00	31,83	L C
NGUYÊN TỬ	5405	CD2	LEU	140	-26,981	29,995	38,302	1,00	30,83	L C
NGUYÊN TỬ	5406	C	LEU	140	-31,024	30,472	40,018	1,00	33,03	L C
NGUYÊN TỬ	5407	O	LEU	140	-31,432	30,317	41,169	1,00	32,85	L O
NGUYÊN TỬ	5408	N	ILE	141	-31,808	30,409	38,946	1,00	33,23	L N
NGUYÊN TỬ	5409	CA	ILE	141	-33,266	30,360	39,040	1,00	33,94	L C
NGUYÊN TỬ	5410	CB	ILE	141	-33,873	31,630	38,419	1,00	33,58	L C
NGUYÊN TỬ	5411	CG2	ILE	141	-35,333	31,765	38,822	1,00	34,21	L C
NGUYÊN TỬ	5412	CG1	ILE	141	-33,095	32,858	38,899	1,00	32,33	L C
NGUYÊN TỬ	5413	CD1	ILE	141	-33,396	34,114	38,106	1,00	32,35	L C
NGUYÊN TỬ	5414	C	ILE	141	-33,784	29,143	38,277	1,00	33,63	L C
NGUYÊN TỬ	5415	O	ILE	141	-33,506	28,990	37,088	1,00	36,23	L O
NGUYÊN TỬ	5416	N	SER	142	-34,533	28,276	38,947	1,00	32,80	L N
NGUYÊN TỬ	5417	CA	SER	142	-34,925	27,014	38,327	1,00	33,50	L C
NGUYÊN TỬ	5418	CB	SER	142	-33,897	25,918	38,651	1,00	34,71	L C
NGUYÊN TỬ	5419	OG	SER	142	-33,838	25,659	40,040	1,00	39,34	L O
NGUYÊN TỬ	5420	C	SER	142	-36,315	26,537	38,720	1,00	33,10	L C
NGUYÊN TỬ	5421	O	SER	142	-36,918	27,054	39,664	1,00	31,05	L O
NGUYÊN TỬ	5422	N	ASP	143	-36,820	25,562	37,963	1,00	33,73	L N
NGUYÊN TỬ	5423	CA	ASP	143	-38,075	24,877	38,266	1,00	35,27	L C
NGUYÊN TỬ	5424	CB	ASP	143	-37,980	24,159	39,613	1,00	37,99	L C
NGUYÊN TỬ	5425	CG	ASP	143	-36,947	23,050	39,606	1,00	46,04	L C
NGUYÊN TỬ	5426	OD1	ASP	143	-36,195	22,932	40,601	1,00	49,81	L O
NGUYÊN TỬ	5427	OD2	ASP	143	-36,886	22,298	38,604	1,00	46,96	L O
NGUYÊN TỬ	5428	C	ASP	143	-39,301	25,776	38,277	1,00	35,39	L C
NGUYÊN TỬ	5429	O	ASP	143	-40,216	25,564	39,075	1,00	35,57	L O
NGUYÊN TỬ	5430	N	PHE	144	-39,340	26,778	37,408	1,00	32,40	L N
NGUYÊN TỬ	5431	CA	PHE	144	-40,513	27,630	37,392	1,00	33,33	L C
NGUYÊN TỬ	5432	CB	PHE	144	-40,120	29,101	37,632	1,00	32,73	L C
NGUYÊN TỬ	5433	CG	PHE	144	-39,148	29,667	36,624	1,00	32,95	L C
NGUYÊN TỬ	5434	CD1	PHE	144	-39,606	30,394	35,529	1,00	32,15	L C
NGUYÊN TỬ	5435	CD2	PHE	144	-37,776	29,554	36,820	1,00	32,00	L C
NGUYÊN TỬ	5436	CE1	PHE	144	-38,712	31,008	34,649	1,00	32,86	L C
NGUYÊN TỬ	5437	CE2	PHE	144	-36,874	30,164	35,946	1,00	31,42	L C
NGUYÊN TỬ	5438	CZ	PHE	144	-37,345	30,894	34,859	1,00	31,87	L C
NGUYÊN TỬ	5439	C	PHE	144	-41,360	27,491	36,126	1,00	33,15	L C
NGUYÊN TỬ	5440	O	PHE	144	-40,859	27,152	35,051	1,00	31,11	L O
NGUYÊN TỬ	5441	N	TYR	145	-42,658	27,728	36,277	1,00	32,99	L N
NGUYÊN TỬ	5442	CA	TYR	145	-43,570	27,759	35,146	1,00	35,64	L C
NGUYÊN TỬ	5443	CB	TYR	145	-44,099	26,353	34,814	1,00	35,95	L C
NGUYÊN TỬ	5444	CG	TYR	145	-44,958	26,360	33,567	1,00	40,08	L C
NGUYÊN TỬ	5445	CD1	TYR	145	-46,301	26,743	33,623	1,00	40,50	L C
NGUYÊN TỬ	5446	CE1	TYR	145	-47,053	26,893	32,471	1,00	42,12	L C
NGUYÊN TỬ	5447	CD2	TYR	145	-44,399	26,112	32,316	1,00	39,32	L C
NGUYÊN TỬ	5448	CE2	TYR	145	-45,144	26,258	31,158	1,00	41,02	L C
NGUYÊN TỬ	5449	CZ	TYR	145	-46,466	26,653	31,240	1,00	42,27	L C
NGUYÊN TỬ	5450	OH	TYR	145	-47,196	26,833	30,089	1,00	43,82	L O
NGUYÊN TỬ	5451	C	TYR	145	-44,735	28,661	35,499	1,00	35,38	L C
NGUYÊN TỬ	5452	O	TYR	145	-45,261	28,586	36,609	1,00	37,77	L O
NGUYÊN TỬ	5453	N	PRO	146	-45,168	29,521	34,562	1,00	35,04	L N
NGUYÊN TỬ	5454	CD	PRO	146	-46,411	30,290	34,759	1,00	34,49	L C
NGUYÊN TỬ	5455	CA	PRO	146	-44,607	29,714	33,217	1,00	36,14	L C
NGUYÊN TỬ	5456	CB	PRO	146	-45,686	30,514	32,480	1,00	33,39	L C
NGUYÊN TỬ	5457	CG	PRO	146	-46,458	31,194	33,550	1,00	35,09	L C
NGUYÊN TỬ	5458	C	PRO	146	-43,247	30,417	33,179	1,00	38,56	L C
NGUYÊN TỬ	5459	O	PRO	146	-42,752	30,910	34,200	1,00	38,92	L O
NGUYÊN TỬ	5460	N	GLY	147	-42,668	30,477	31,981	1,00	38,91	L N
NGUYÊN TỬ	5461	CA	GLY	147	-41,256	30,772	31,843	1,00	40,73	L C
NGUYÊN TỬ	5462	C	GLY	147	-40,878	32,226	31,670	1,00	41,71	L C
NGUYÊN TỬ	5463	O	GLY	147	-39,990	32,542	30,886	1,00	45,13	L O
NGUYÊN TỬ	5464	N	ALA	148	-41,533	33,117	32,399	1,00	41,10	L N
NGUYÊN TỬ	5465	CA	ALA	148	-41,119	34,510	32,410	1,00	42,96	L C
NGUYÊN TỬ	5466	CB	ALA	148	-42,205	35,384	31,801	1,00	42,15	L C
NGUYÊN TỬ	5467	C	ALA	148	-40,826	34,963	33,838	1,00	43,29	L C
NGUYÊN TỬ	5468	O	ALA	148	-41,658	34,807	34,730	1,00	43,64	L O
NGUYÊN TỬ	5469	N	VAL	149	-39,638	35,517	34,047	1,00	42,89	L N
NGUYÊN TỬ	5470	CA	VAL	149	-39,300	36,155	35,315	1,00	43,55	L C

NGUYÊN TỬ	5471	CB	VAL	149	-38,333	35,293	36,159	1,00	42,09	L	C
NGUYÊN TỬ	5472	CG1	VAL	149	-39,040	34,062	36,679	1,00	40,84	L	C
NGUYÊN TỬ	5473	CG2	VAL	149	-37,126	34,903	35,318	1,00	40,82	L	C
NGUYÊN TỬ	5474	C	VAL	149	-38,606	37,471	35,027	1,00	44,09	L	C
NGUYÊN TỬ	5475	O	VAL	149	-38,039	37,663	33,951	1,00	44,44	L	O
NGUYÊN TỬ	5476	N	THR	150	-38,651	38,379	35,990	1,00	44,32	L	N
NGUYÊN TỬ	5477	CA	THR	150	-37,788	39,546	35,947	1,00	45,76	L	C
NGUYÊN TỬ	5478	CB	THR	150	-38,603	40,854	35,969	1,00	47,68	L	C
NGUYÊN TỬ	5479	OG1	THR	150	-39,451	40,866	37,124	1,00	50,74	L	O
NGUYÊN TỬ	5480	CG2	THR	150	-39,455	40,971	34,710	1,00	48,08	L	C
NGUYÊN TỬ	5481	C	THR	150	-36,871	39,509	37,159	1,00	44,03	L	C
NGUYÊN TỬ	5482	O	THR	150	-37,286	39,113	38,251	1,00	42,08	L	O
NGUYÊN TỬ	5483	N	VAL	151	-35,623	39,916	36,960	1,00	43,16	L	N
NGUYÊN TỬ	5484	CA	VAL	151	-34,645	39,902	38,034	1,00	43,36	L	C
NGUYÊN TỬ	5485	CB	VAL	151	-33,424	39,035	37,659	1,00	43,35	L	C
NGUYÊN TỬ	5486	CG1	VAL	151	-32,524	38,850	38,880	1,00	42,41	L	C
NGUYÊN TỬ	5487	CG2	VAL	151	-33,885	37,694	37,119	1,00	41,25	L	C
NGUYÊN TỬ	5488	C	VAL	151	-34,162	41,315	38,343	1,00	43,86	L	C
NGUYÊN TỬ	5489	O	VAL	151	-33,789	42,065	37,442	1,00	44,90	L	O
NGUYÊN TỬ	5490	N	ALA	152	-34,164	41,671	39,623	1,00	44,46	L	N
NGUYÊN TỬ	5491	CA	ALA	152	-33,621	42,953	40,067	1,00	46,25	L	C
NGUYÊN TỬ	5492	CB	ALA	152	-34,750	43,846	40,590	1,00	44,32	L	C
NGUYÊN TỬ	5493	C	ALA	152	-32,581	42,728	41,167	1,00	46,44	L	C
NGUYÊN TỬ	5494	O	ALA	152	-32,771	41,881	42,041	1,00	45,37	L	O
NGUYÊN TỬ	5495	N	TRP	153	-31,489	43,488	41,121	1,00	46,96	L	N
NGUYÊN TỬ	5496	CA	TRP	153	-30,434	43,375	42,124	1,00	48,34	L	C
NGUYÊN TỬ	5497	CB	TRP	153	-29,068	43,258	41,445	1,00	46,62	L	C
NGUYÊN TỬ	5498	CG	TRP	153	-28,835	41,977	40,692	1,00	44,35	L	C
NGUYÊN TỬ	5499	CD2	TRP	153	-28,153	40,809	41,174	1,00	43,29	L	C
NGUYÊN TỬ	5500	CE2	TRP	153	-28,095	39,888	40,106	1,00	42,33	L	C
NGUYÊN TỬ	5501	CE3	TRP	153	-27,584	40,454	42,403	1,00	41,90	L	C
NGUYÊN TỬ	5502	CD1	TRP	153	-29,158	41,719	39,390	1,00	43,20	L	C
NGUYÊN TỬ	5503	NE1	TRP	153	-28,714	40,467	39,030	1,00	41,75	L	N
NGUYÊN TỬ	5504	CZ2	TRP	153	-27,487	38,636	40,231	1,00	41,82	L	C
NGUYÊN TỬ	5505	CZ3	TRP	153	-26,982	39,210	42,525	1,00	40,30	L	C
NGUYÊN TỬ	5506	CH2	TRP	153	-26,938	38,317	41,443	1,00	41,25	L	C
NGUYÊN TỬ	5507	C	TRP	153	-30,425	44,586	43,055	1,00	50,76	L	C
NGUYÊN TỬ	5508	O	TRP	153	-30,656	45,710	42,619	1,00	51,60	L	O
NGUYÊN TỬ	5509	N	LYS	154	-30,158	44,349	44,337	1,00	53,56	L	N
NGUYÊN TỬ	5510	CA	LYS	154	-30,028	45,430	45,311	1,00	55,91	L	C
NGUYÊN TỬ	5511	CB	LYS	154	-31,100	45,307	46,400	1,00	57,60	L	C
NGUYÊN TỬ	5512	CG	LYS	154	-32,529	45,384	45,893	1,00	61,06	L	C
NGUYÊN TỬ	5513	CD	LYS	154	-32,750	46,616	45,026	1,00	64,51	L	C
NGUYÊN TỬ	5514	CE	LYS	154	-34,157	46,635	44,439	1,00	65,49	L	C
NGUYÊN TỬ	5515	NZ	LYS	154	-35,197	46,612	45,509	1,00	67,42	L	N
NGUYÊN TỬ	5516	C	LYS	154	-28,649	45,439	45,974	1,00	56,74	L	C
NGUYÊN TỬ	5517	O	LYS	154	-28,189	44,416	46,490	1,00	55,15	L	O
NGUYÊN TỬ	5518	N	ALA	155	-27,998	46,599	45,952	1,00	57,64	L	N
NGUYÊN TỬ	5519	CA	ALA	155	-26,844	46,854	46,809	1,00	59,43	L	C
NGUYÊN TỬ	5520	CB	ALA	155	-25,912	47,859	46,147	1,00	58,00	L	C
NGUYÊN TỬ	5521	C	ALA	155	-27,352	47,399	48,142	1,00	60,59	L	C
NGUYÊN TỬ	5522	O	ALA	155	-27,797	48,546	48,228	1,00	60,44	L	O
NGUYÊN TỬ	5523	N	ASP	156	-27,292	46,568	49,176	1,00	62,39	L	N
NGUYÊN TỬ	5524	CA	ASP	156	-27,989	46,848	50,426	1,00	65,83	L	C
NGUYÊN TỬ	5525	CB	ASP	156	-27,503	48,165	51,032	1,00	67,21	L	C
NGUYÊN TỬ	5526	CG	ASP	156	-26,129	48,044	51,654	1,00	69,56	L	C
NGUYÊN TỬ	5527	OD1	ASP	156	-25,959	47,193	52,554	1,00	70,11	L	O
NGUYÊN TỬ	5528	OD2	ASP	156	-25,220	48,796	51,239	1,00	71,44	L	O
NGUYÊN TỬ	5529	C	ASP	156	-29,492	46,918	50,195	1,00	67,34	L	C
NGUYÊN TỬ	5530	O	ASP	156	-30,177	45,893	50,179	1,00	68,08	L	O
NGUYÊN TỬ	5531	N	SER	157	-30,004	48,131	50,012	1,00	68,19	L	N
NGUYÊN TỬ	5532	CA	SER	157	-31,422	48,321	49,739	1,00	69,31	L	C
NGUYÊN TỬ	5533	CB	SER	157	-32,119	48,937	50,954	1,00	70,08	L	C
NGUYÊN TỬ	5534	OG	SER	157	-32,192	48,008	52,025	1,00	71,57	L	O
NGUYÊN TỬ	5535	C	SER	157	-31,650	49,199	48,513	1,00	69,35	L	C
NGUYÊN TỬ	5536	O	SER	157	-32,765	49,654	48,265	1,00	69,73	L	O
NGUYÊN TỬ	5537	N	SER	158	-30,591	49,433	47,747	1,00	68,83	L	N
NGUYÊN TỬ	5538	CA	SER	158	-30,677	50,297	46,580	1,00	69,49	L	C
NGUYÊN TỬ	5539	CB	SER	158	-29,621	51,395	46,679	1,00	70,91	L	C
NGUYÊN TỬ	5540	OG	SER	158	-29,610	51,946	47,986	1,00	73,20	L	O
NGUYÊN TỬ	5541	C	SER	158	-30,488	49,512	45,285	1,00	69,20	L	C
NGUYÊN TỬ	5542	O	SER	158	-29,701	48,572	45,225	1,00	69,63	L	O
NGUYÊN TỬ	5543	N	PRO	159	-31,215	49,896	44,229	1,00	68,97	L	N
NGUYÊN TỬ	5544	CD	PRO	159	-32,254	50,939	44,259	1,00	69,29	L	C
NGUYÊN TỬ	5545	CA	PRO	159	-31,157	49,225	42,926	1,00	68,40	L	C
NGUYÊN TỬ	5546	CB	PRO	159	-32,184	49,980	42,083	1,00	68,16	L	C

NGUYÊN TỬ	5547	CG	PRO	159	-33,113	50,583	43,082	1,00	69,30	L C
NGUYÊN TỬ	5548	C	PRO	159	-29,771	49,269	42,294	1,00	68,38	L C
NGUYÊN TỬ	5549	O	PRO	159	-29,129	50,320	42,249	1,00	68,62	L O
NGUYÊN TỬ	5550	N	VAL	160	-29,317	48,120	41,804	1,00	67,89	L N
NGUYÊN TỬ	5551	CA	VAL	160	-28,076	48,042	41,047	1,00	67,89	L C
NGUYÊN TỬ	5552	CB	VAL	160	-27,268	46,788	41,426	1,00	67,44	L C
NGUYÊN TỬ	5553	CG1	VAL	160	-25,984	46,736	40,614	1,00	66,24	L C
NGUYÊN TỬ	5554	CG2	VAL	160	-26,970	46,790	42,917	1,00	66,87	L C
NGUYÊN TỬ	5555	C	VAL	160	-28,415	47,962	39,566	1,00	68,75	L C
NGUYÊN TỬ	5556	O	VAL	160	-29,066	47,019	39,128	1,00	70,43	L O
NGUYÊN TỬ	5557	N	LYS	161	-27,968	48,945	38,796	1,00	68,73	L N
NGUYÊN TỬ	5558	CA	LYS	161	-28,304	48,998	37,378	1,00	68,60	L C
NGUYÊN TỬ	5559	CB	LYS	161	-28,436	50,458	36,927	1,00	73,13	L C
NGUYÊN TỬ	5560	CG	LYS	161	-29,469	51,270	37,711	1,00	77,34	L C
NGUYÊN TỬ	5561	CD	LYS	161	-30,885	50,731	37,505	1,00	80,36	L C
NGUYÊN TỬ	5562	CE	LYS	161	-31,912	51,540	38,294	1,00	82,15	L C
NGUYÊN TỬ	5563	NZ	LYS	161	-33,299	51,001	38,144	1,00	82,95	L N
NGUYÊN TỬ	5564	C	LYS	161	-27,254	48,291	36,523	1,00	65,92	L C
NGUYÊN TỬ	5565	O	LYS	161	-27,562	47,346	35,787	1,00	65,61	L O
NGUYÊN TỬ	5566	N	ALA	162	-26,012	48,754	36,634	1,00	61,33	L N
NGUYÊN TỬ	5567	CA	ALA	162	-24,935	48,296	35,763	1,00	57,37	L C
NGUYÊN TỬ	5568	CB	ALA	162	-23,839	49,356	35,699	1,00	57,49	L C
NGUYÊN TỬ	5569	C	ALA	162	-24,344	46,963	36,219	1,00	53,70	L C
NGUYÊN TỬ	5570	O	ALA	162	-24,505	46,561	37,368	1,00	51,79	L O
NGUYÊN TỬ	5571	N	GLY	163	-23,663	46,283	35,303	1,00	50,45	L N
NGUYÊN TỬ	5572	CA	GLY	163	-22,992	45,044	35,646	1,00	49,48	L C
NGUYÊN TỬ	5573	C	GLY	163	-23,885	43,813	35,674	1,00	48,47	L C
NGUYÊN TỬ	5574	O	GLY	163	-23,441	42,737	36,078	1,00	49,78	L O
NGUYÊN TỬ	5575	N	VAL	164	-25,137	43,960	35,252	1,00	44,89	L N
NGUYÊN TỬ	5576	CA	VAL	164	-26,079	42,849	35,282	1,00	42,87	L C
NGUYÊN TỬ	5577	CB	VAL	164	-27,466	43,304	35,757	1,00	41,38	L C
NGUYÊN TỬ	5578	CG1	VAL	164	-28,429	42,123	35,757	1,00	40,11	L C
NGUYÊN TỬ	5579	CG2	VAL	164	-27,365	43,909	37,146	1,00	40,00	L C
NGUYÊN TỬ	5580	C	VAL	164	-26,237	42,197	33,920	1,00	42,51	L C
NGUYÊN TỬ	5581	O	VAL	164	-26,474	42,878	32,926	1,00	43,92	L O
NGUYÊN TỬ	5582	N	GLU	165	-26,106	40,875	33,874	1,00	41,72	L N
NGUYÊN TỬ	5583	CA	GLU	165	-26,428	40,126	32,664	1,00	43,48	L C
NGUYÊN TỬ	5584	CB	GLU	165	-25,143	39,769	31,911	1,00	45,09	L C
NGUYÊN TỬ	5585	CG	GLU	165	-24,375	41,016	31,483	1,00	50,70	L C
NGUYÊN TỬ	5586	CD	GLU	165	-23,153	40,719	30,637	1,00	54,19	L C
NGUYÊN TỬ	5587	OE1	GLU	165	-23,033	41,317	29,542	1,00	54,85	L O
NGUYÊN TỬ	5588	OE2	GLU	165	-22,312	39,899	31,070	1,00	55,72	L O
NGUYÊN TỬ	5589	C	GLU	165	-27,238	38,873	32,984	1,00	42,87	L C
NGUYÊN TỬ	5590	O	GLU	165	-26,797	38,015	33,752	1,00	42,63	L O
NGUYÊN TỬ	5591	N	THR	166	-28,430	38,792	32,394	1,00	41,04	L N
NGUYÊN TỬ	5592	CA	THR	166	-29,392	37,732	32,681	1,00	40,42	L C
NGUYÊN TỬ	5593	CB	THR	166	-30,700	38,326	33,233	1,00	40,61	L C
NGUYÊN TỬ	5594	OG1	THR	166	-30,414	39,093	34,406	1,00	41,13	L O
NGUYÊN TỬ	5595	CG2	THR	166	-31,691	37,226	33,580	1,00	40,33	L C
NGUYÊN TỬ	5596	C	THR	166	-29,719	36,945	31,415	1,00	40,37	L C
NGUYÊN TỬ	5597	O	THR	166	-29,941	37,532	30,360	1,00	42,10	L O
NGUYÊN TỬ	5598	N	THR	167	-29,749	35,620	31,513	1,00	41,03	L N
NGUYÊN TỬ	5599	CA	THR	167	-30,116	34,790	30,365	1,00	40,58	L C
NGUYÊN TỬ	5600	CB	THR	167	-29,722	33,308	30,567	1,00	39,43	L C
NGUYÊN TỬ	5601	OG1	THR	167	-30,455	32,766	31,671	1,00	39,95	L O
NGUYÊN TỬ	5602	CG2	THR	167	-28,233	33,176	30,832	1,00	38,27	L C
NGUYÊN TỬ	5603	C	THR	167	-31,627	34,845	30,149	1,00	41,37	L C
NGUYÊN TỬ	5604	O	THR	167	-32,373	35,320	31,010	1,00	41,43	L O
NGUYÊN TỬ	5605	N	THR	168	-32,078	34,363	28,996	1,00	41,45	L N
NGUYÊN TỬ	5606	CA	THR	168	-33,509	34,207	28,760	1,00	42,31	L C
NGUYÊN TỬ	5607	CB	THR	168	-33,852	34,322	27,256	1,00	44,42	L C
NGUYÊN TỬ	5608	OG1	THR	168	-33,082	33,364	26,522	1,00	48,18	L O
NGUYÊN TỬ	5609	CG2	THR	168	-33,535	35,723	26,732	1,00	44,90	L C
NGUYÊN TỬ	5610	C	THR	168	-33,922	32,831	29,259	1,00	40,42	L C
NGUYÊN TỬ	5611	O	THR	168	-33,178	31,860	29,112	1,00	40,27	L O
NGUYÊN TỬ	5612	N	PRO	169	-35,116	32,729	29,858	1,00	40,18	L N
NGUYÊN TỬ	5613	CD	PRO	169	-36,045	33,834	30,151	1,00	40,79	L C
NGUYÊN TỬ	5614	CA	PRO	169	-35,595	31,453	30,400	1,00	41,42	L C
NGUYÊN TỬ	5615	CB	PRO	169	-37,008	31,776	30,879	1,00	39,94	L C
NGUYÊN TỬ	5616	CG	PRO	169	-36,956	33,241	31,200	1,00	41,04	L C
NGUYÊN TỬ	5617	C	PRO	169	-35,571	30,338	29,364	1,00	42,24	L C
NGUYÊN TỬ	5618	O	PRO	169	-35,869	30,553	28,193	1,00	45,17	L O
NGUYÊN TỬ	5619	N	SER	170	-35,207	29,145	29,805	1,00	42,33	L N
NGUYÊN TỬ	5620	CA	SER	170	-35,041	28,016	28,907	1,00	43,07	L C
NGUYÊN TỬ	5621	CB	SER	170	-33,561	27,872	28,562	1,00	42,97	L C
NGUYÊN TỬ	5622	OG	SER	170	-33,297	26,630	27,950	1,00	50,77	L O

NGUYÊN TỬ	5623	C	SER	170	-35,566	26,746	29,582	1,00	43,51	L	C
NGUYÊN TỬ	5624	O	SER	170	-35,396	26,564	30,790	1,00	43,82	L	O
NGUYÊN TỬ	5625	N	LYS	171	-36,211	25,876	28,809	1,00	43,46	L	N
NGUYÊN TỬ	5626	CA	LYS	171	-36,836	24,676	29,359	1,00	44,64	L	C
NGUYÊN TỬ	5627	CB	LYS	171	-37,741	24,007	28,317	1,00	46,55	L	C
NGUYÊN TỬ	5628	CG	LYS	171	-39,099	24,659	28,140	1,00	51,02	L	C
NGUYÊN TỬ	5629	CD	LYS	171	-40,179	23,923	28,923	1,00	52,77	L	C
NGUYÊN TỬ	5630	CE	LYS	171	-41,558	24,174	28,315	1,00	54,67	L	C
NGUYÊN TỬ	5631	NZ	LYS	171	-42,624	23,309	28,902	1,00	54,14	L	N
NGUYÊN TỬ	5632	C	LYS	171	-35,805	23,664	29,833	1,00	44,02	L	C
NGUYÊN TỬ	5633	O	LYS	171	-34,858	23,350	29,119	1,00	43,67	L	O
NGUYÊN TỬ	5634	N	GLN	172	-36,007	23,153	31,041	1,00	44,49	L	N
NGUYÊN TỬ	5635	CA	GLN	172	-35,185	22,077	31,583	1,00	46,21	L	C
NGUYÊN TỬ	5636	CB	GLN	172	-35,218	22,112	33,116	1,00	45,47	L	C
NGUYÊN TỬ	5637	CG	GLN	172	-34,806	23,449	33,714	1,00	49,31	L	C
NGUYÊN TỬ	5638	CD	GLN	172	-35,245	23,619	35,167	1,00	49,94	L	C
NGUYÊN TỬ	5639	OE1	GLN	172	-34,665	24,403	35,909	1,00	52,52	L	O
NGUYÊN TỬ	5640	NE2	GLN	172	-36,273	22,885	35,570	1,00	51,29	L	N
NGUYÊN TỬ	5641	C	GLN	172	-35,736	20,743	31,093	1,00	45,91	L	C
NGUYÊN TỬ	5642	O	GLN	172	-36,790	20,692	30,461	1,00	46,76	L	O
NGUYÊN TỬ	5643	N	SER	173	-35,031	19,662	31,396	1,00	46,60	L	N
NGUYÊN TỬ	5644	CA	SER	173	-35,463	18,341	30,961	1,00	48,58	L	C
NGUYÊN TỬ	5645	CB	SER	173	-34,335	17,324	31,157	1,00	49,25	L	C
NGUYÊN TỬ	5646	OG	SER	173	-34,118	17,066	32,535	1,00	52,49	L	O
NGUYÊN TỬ	5647	C	SER	173	-36,715	17,877	31,711	1,00	48,45	L	C
NGUYÊN TỬ	5648	O	SER	173	-37,363	16,911	31,307	1,00	48,69	L	O
NGUYÊN TỬ	5649	N	ASN	174	-37,058	18,562	32,799	1,00	47,11	L	N
NGUYÊN TỬ	5650	CA	ASN	174	-38,284	18,243	33,526	1,00	47,32	L	C
NGUYÊN TỬ	5651	CB	ASN	174	-38,067	18,376	35,032	1,00	48,35	L	C
NGUYÊN TỬ	5652	CG	ASN	174	-37,959	19,818	35,483	1,00	51,01	L	C
NGUYÊN TỬ	5653	OD1	ASN	174	-37,810	20,733	34,666	1,00	50,68	L	O
NGUYÊN TỬ	5654	ND2	ASN	174	-38,036	20,032	36,794	1,00	52,49	L	N
NGUYÊN TỬ	5655	C	ASN	174	-39,426	19,154	33,093	1,00	47,13	L	C
NGUYÊN TỬ	5656	O	ASN	174	-40,484	19,183	33,721	1,00	47,39	L	O
NGUYÊN TỬ	5657	N	ASN	175	-39,188	19,912	32,028	1,00	46,42	L	N
NGUYÊN TỬ	5658	CA	ASN	175	-40,231	20,697	31,378	1,00	46,60	L	C
NGUYÊN TỬ	5659	CB	ASN	175	-41,476	19,840	31,148	1,00	49,67	L	C
NGUYÊN TỬ	5660	CG	ASN	175	-42,214	20,236	29,886	1,00	56,34	L	C
NGUYÊN TỬ	5661	OD1	ASN	175	-43,406	20,564	29,920	1,00	58,64	L	O
NGUYÊN TỬ	5662	ND2	ASN	175	-41,502	20,218	28,757	1,00	57,45	L	N
NGUYÊN TỬ	5663	C	ASN	175	-40,621	21,969	32,126	1,00	44,32	L	C
NGUYÊN TỬ	5664	O	ASN	175	-41,609	22,620	31,789	1,00	42,56	L	O
NGUYÊN TỬ	5665	N	LYS	176	-39,847	22,322	33,144	1,00	42,39	L	N
NGUYÊN TỬ	5666	CA	LYS	176	-39,974	23,638	33,753	1,00	40,88	L	C
NGUYÊN TỬ	5667	CB	LYS	176	-39,993	23,517	35,281	1,00	41,57	L	C
NGUYÊN TỬ	5668	CG	LYS	176	-41,086	22,592	35,806	1,00	43,43	L	C
NGUYÊN TỬ	5669	CD	LYS	176	-41,149	22,596	37,330	1,00	46,57	L	C
NGUYÊN TỬ	5670	CE	LYS	176	-41,815	21,331	37,867	1,00	48,69	L	C
NGUYÊN TỬ	5671	NZ	LYS	176	-42,250	21,472	39,295	1,00	52,64	L	N
NGUYÊN TỬ	5672	C	LYS	176	-38,802	24,500	33,290	1,00	39,00	L	C
NGUYÊN TỬ	5673	O	LYS	176	-37,914	24,020	32,580	1,00	36,87	L	O
NGUYÊN TỬ	5674	N	TYR	177	-38,804	25,768	33,686	1,00	37,05	L	N
NGUYÊN TỬ	5675	CA	TYR	177	-37,856	26,731	33,143	1,00	37,79	L	C
NGUYÊN TỬ	5676	CB	TYR	177	-38,582	28,028	32,787	1,00	40,04	L	C
NGUYÊN TỬ	5677	CG	TYR	177	-39,386	27,955	31,509	1,00	42,10	L	C
NGUYÊN TỬ	5678	CD1	TYR	177	-38,803	28,262	30,285	1,00	43,92	L	C
NGUYÊN TỬ	5679	CE1	TYR	177	-39,535	28,227	29,114	1,00	46,21	L	C
NGUYÊN TỬ	5680	CD2	TYR	177	-40,732	27,604	31,527	1,00	43,08	L	C
NGUYÊN TỬ	5681	CE2	TYR	177	-41,477	27,568	30,361	1,00	46,97	L	C
NGUYÊN TỬ	5682	CZ	TYR	177	-40,870	27,882	29,153	1,00	47,58	L	C
NGUYÊN TỬ	5683	OH	TYR	177	-41,600	27,858	27,987	1,00	48,95	L	O
NGUYÊN TỬ	5684	C	TYR	177	-36,682	27,054	34,065	1,00	36,65	L	C
NGUYÊN TỬ	5685	O	TYR	177	-36,783	26,952	35,291	1,00	35,52	L	O
NGUYÊN TỬ	5686	N	ALA	178	-35,571	27,457	33,458	1,00	34,98	L	N
NGUYÊN TỬ	5687	CA	ALA	178	-34,397	27,889	34,205	1,00	34,14	L	C
NGUYÊN TỬ	5688	CB	ALA	178	-33,345	26,777	34,220	1,00	33,79	L	C
NGUYÊN TỬ	5689	C	ALA	178	-33,804	29,155	33,599	1,00	34,93	L	C
NGUYÊN TỬ	5690	O	ALA	178	-33,840	29,362	32,380	1,00	34,79	L	O
NGUYÊN TỬ	5691	N	ALA	179	-33,252	30,000	34,461	1,00	32,77	L	N
NGUYÊN TỬ	5692	CA	ALA	179	-32,551	31,192	34,019	1,00	31,61	L	C
NGUYÊN TỬ	5693	CB	ALA	179	-33,519	32,369	33,943	1,00	30,08	L	C
NGUYÊN TỬ	5694	C	ALA	179	-31,450	31,478	35,024	1,00	32,24	L	C
NGUYÊN TỬ	5695	O	ALA	179	-31,486	30,976	36,148	1,00	31,98	L	O
NGUYÊN TỬ	5696	N	SER	180	-30,468	32,277	34,629	1,00	32,46	L	N
NGUYÊN TỬ	5697	CA	SER	180	-29,469	32,730	35,585	1,00	34,62	L	C
NGUYÊN TỬ	5698	CB	SER	180	-28,191	31,887	35,475	1,00	34,30	L	C

NGUYÊN TỬ	5699	OG	SER	180	-27,821	31,682	34,130	1,00	36,12	L	O
NGUYÊN TỬ	5700	C	SER	180	-29,149	34,201	35,401	1,00	35,73	L	C
NGUYÊN TỬ	5701	O	SER	180	-29,371	34,762	34,328	1,00	36,20	L	O
NGUYÊN TỬ	5702	N	SER	181	-28,648	34,827	36,464	1,00	35,66	L	N
NGUYÊN TỬ	5703	CA	SER	181	-28,306	36,242	36,428	1,00	35,32	L	C
NGUYÊN TỬ	5704	CB	SER	181	-29,420	37,066	37,085	1,00	35,39	L	C
NGUYÊN TỬ	5705	OG	SER	181	-29,219	38,452	36,863	1,00	35,35	L	O
NGUYÊN TỬ	5706	C	SER	181	-26,975	36,503	37,134	1,00	34,93	L	C
NGUYÊN TỬ	5707	O	SER	181	-26,740	36,028	38,246	1,00	34,66	L	O
NGUYÊN TỬ	5708	N	TYR	182	-26,110	37,263	36,474	1,00	34,88	L	N
NGUYÊN TỬ	5709	CA	TYR	182	-24,768	37,537	36,970	1,00	34,05	L	C
NGUYÊN TỬ	5710	CB	TYR	182	-23,739	37,082	35,936	1,00	33,06	L	C
NGUYÊN TỬ	5711	CG	TYR	182	-23,721	35,591	35,710	1,00	33,67	L	C
NGUYÊN TỬ	5712	CD1	TYR	182	-24,573	34,994	34,787	1,00	33,90	L	C
NGUYÊN TỬ	5713	CE1	TYR	182	-24,556	33,619	34,580	1,00	32,99	L	C
NGUYÊN TỬ	5714	CD2	TYR	182	-22,850	34,775	36,422	1,00	34,60	L	C
NGUYÊN TỬ	5715	CE2	TYR	182	-22,823	33,407	36,226	1,00	33,92	L	C
NGUYÊN TỬ	5716	CZ	TYR	182	-23,675	32,832	35,304	1,00	34,85	L	C
NGUYÊN TỬ	5717	OH	TYR	182	-23,624	31,471	35,101	1,00	35,11	L	O
NGUYÊN TỬ	5718	C	TYR	182	-24,576	39,027	37,246	1,00	35,65	L	C
NGUYÊN TỬ	5719	O	TYR	182	-24,817	39,863	36,373	1,00	34,81	L	O
NGUYÊN TỬ	5720	N	LEU	183	-24,136	39,358	38,456	1,00	35,39	L	N
NGUYÊN TỬ	5721	CA	LEU	183	-23,780	40,739	38,778	1,00	36,48	L	C
NGUYÊN TỬ	5722	CB	LEU	183	-24,485	41,185	40,062	1,00	36,53	L	C
NGUYÊN TỬ	5723	CG	LEU	183	-24,120	42,570	40,611	1,00	38,34	L	C
NGUYÊN TỬ	5724	CD1	LEU	183	-24,315	43,637	39,541	1,00	38,29	L	C
NGUYÊN TỬ	5725	CD2	LEU	183	-24,983	42,871	41,831	1,00	37,55	L	C
NGUYÊN TỬ	5726	C	LEU	183	-22,269	40,871	38,946	1,00	37,69	L	C
NGUYÊN TỬ	5727	O	LEU	183	-21,681	40,268	39,847	1,00	38,05	L	O
NGUYÊN TỬ	5728	N	SER	184	-21,648	41,650	38,067	1,00	38,46	L	N
NGUYÊN TỬ	5729	CA	SER	184	-20,215	41,907	38,142	1,00	40,81	L	C
NGUYÊN TỬ	5730	CB	SER	184	-19,639	42,113	36,741	1,00	39,79	L	C
NGUYÊN TỬ	5731	OG	SER	184	-19,775	40,942	35,960	1,00	42,53	L	O
NGUYÊN TỬ	5732	C	SER	184	-19,913	43,138	38,992	1,00	42,63	L	C
NGUYÊN TỬ	5733	O	SER	184	-20,460	44,216	38,759	1,00	44,23	L	O
NGUYÊN TỬ	5734	N	LEU	185	-19,036	42,963	39,977	1,00	44,38	L	N
NGUYÊN TỬ	5735	CA	LEU	185	-18,597	44,046	40,854	1,00	44,18	L	C
NGUYÊN TỬ	5736	CB	LEU	185	-19,093	43,804	42,276	1,00	43,90	L	C
NGUYÊN TỬ	5737	CG	LEU	185	-20,592	43,694	42,518	1,00	45,77	L	C
NGUYÊN TỬ	5738	CD1	LEU	185	-20,840	43,370	43,987	1,00	43,80	L	C
NGUYÊN TỬ	5739	CD2	LEU	185	-21,267	45,005	42,125	1,00	46,33	L	C
NGUYÊN TỬ	5740	C	LEU	185	-17,069	44,087	40,879	1,00	45,19	L	C
NGUYÊN TỬ	5741	O	LEU	185	-16,414	43,094	40,556	1,00	45,27	L	O
NGUYÊN TỬ	5742	N	THR	186	-16,502	45,225	41,271	1,00	44,94	L	N
NGUYÊN TỬ	5743	CA	THR	186	-15,103	45,247	41,691	1,00	44,94	L	C
NGUYÊN TỬ	5744	CB	THR	186	-14,512	46,671	41,708	1,00	44,97	L	C
NGUYÊN TỬ	5745	OG1	THR	186	-15,145	47,439	42,742	1,00	47,27	L	O
NGUYÊN TỬ	5746	CG2	THR	186	-14,720	47,353	40,367	1,00	42,76	L	C
NGUYÊN TỬ	5747	C	THR	186	-15,067	44,711	43,115	1,00	44,48	L	C
NGUYÊN TỬ	5748	O	THR	186	-16,047	44,825	43,859	1,00	43,11	L	O
NGUYÊN TỬ	5749	N	PRO	187	-13,937	44,113	43,515	1,00	44,61	L	N
NGUYÊN TỬ	5750	CD	PRO	187	-12,753	43,786	42,702	1,00	43,46	L	C
NGUYÊN TỬ	5751	CA	PRO	187	-13,813	43,620	44,890	1,00	45,61	L	C
NGUYÊN TỬ	5752	CB	PRO	187	-12,374	43,113	44,959	1,00	43,07	L	C
NGUYÊN TỬ	5753	CG	PRO	187	-12,048	42,759	43,546	1,00	44,14	L	C
NGUYÊN TỬ	5754	C	PRO	187	-14,098	44,714	45,917	1,00	47,37	L	C
NGUYÊN TỬ	5755	O	PRO	187	-14,677	44,452	46,973	1,00	47,85	L	O
NGUYÊN TỬ	5756	N	GLU	188	-13,707	45,941	45,597	1,00	49,99	L	N
NGUYÊN TỬ	5757	CA	GLU	188	-13,931	47,066	46,500	1,00	54,63	L	C
NGUYÊN TỬ	5758	CB	GLU	188	-13,236	48,323	45,963	1,00	57,78	L	C
NGUYÊN TỬ	5759	CG	GLU	188	-11,728	48,174	45,779	1,00	64,11	L	C
NGUYÊN TỬ	5760	CD	GLU	188	-11,354	47,335	44,562	1,00	67,50	L	C
NGUYÊN TỬ	5761	OE1	GLU	188	-10,157	47,000	44,411	1,00	70,08	L	O
NGUYÊN TỬ	5762	OE2	GLU	188	-12,252	47,012	43,756	1,00	69,12	L	O
NGUYÊN TỬ	5763	C	GLU	188	-15,424	47,342	46,695	1,00	54,97	L	C
NGUYÊN TỬ	5764	O	GLU	188	-15,875	47,570	47,818	1,00	54,27	L	O
NGUYÊN TỬ	5765	N	GLN	189	-16,186	47,318	45,602	1,00	54,96	L	N
NGUYÊN TỬ	5766	CA	GLN	189	-17,634	47,478	45,688	1,00	54,99	L	C
NGUYÊN TỬ	5767	CB	GLN	189	-18,266	47,452	44,297	1,00	57,33	L	C
NGUYÊN TỬ	5768	CG	GLN	189	-17,986	48,677	43,461	1,00	59,74	L	C
NGUYÊN TỬ	5769	CD	GLN	189	-18,586	48,570	42,076	1,00	62,10	L	C
NGUYÊN TỬ	5770	OE1	GLN	189	-18,126	47,785	41,244	1,00	62,33	L	O
NGUYÊN TỬ	5771	NE2	GLN	189	-19,623	49,359	41,819	1,00	63,40	L	N
NGUYÊN TỬ	5772	C	GLN	189	-18,245	46,370	46,533	1,00	54,40	L	C
NGUYÊN TỬ	5773	O	GLN	189	-19,102	46,623	47,379	1,00	54,55	L	O
NGUYÊN TỬ	5774	N	TRP	190	-17,803	45,139	46,298	1,00	53,18	L	N

NGUYÊN TỬ	5775	CA	TRP	190	-18,328	43,996	47,031	1,00	52,69	L C
NGUYÊN TỬ	5776	CB	TRP	190	-17,647	42,713	46,555	1,00	47,71	L C
NGUYÊN TỬ	5777	CG	TRP	190	-17,835	41,541	47,469	1,00	43,39	L C
NGUYÊN TỬ	5778	CD2	TRP	190	-19,078	40,931	47,852	1,00	42,46	L C
NGUYÊN TỬ	5779	CE2	TRP	190	-18,767	39,839	48,690	1,00	41,15	L C
NGUYÊN TỬ	5780	CE3	TRP	190	-20,420	41,201	47,568	1,00	40,32	L C
NGUYÊN TỬ	5781	CD1	TRP	190	-16,853	40,815	48,076	1,00	42,75	L C
NGUYÊN TỬ	5782	NE1	TRP	190	-17,403	39,789	48,810	1,00	40,87	L N
NGUYÊN TỬ	5783	CZ2	TRP	190	-19,749	39,017	49,246	1,00	39,96	L C
NGUYÊN TỬ	5784	CZ3	TRP	190	-21,395	40,381	48,123	1,00	39,31	L C
NGUYÊN TỬ	5785	CH2	TRP	190	-21,054	39,306	48,951	1,00	37,86	L C
NGUYÊN TỬ	5786	C	TRP	190	-18,122	44,161	48,532	1,00	55,45	L C
NGUYÊN TỬ	5787	O	TRP	190	-19,014	43,858	49,325	1,00	56,54	L O
NGUYÊN TỬ	5788	N	LYS	191	-16,949	44,647	48,922	1,00	57,84	L N
NGUYÊN TỬ	5789	CA	LYS	191	-16,606	44,715	50,337	1,00	61,22	L C
NGUYÊN TỬ	5790	CB	LYS	191	-15,087	44,624	50,514	1,00	63,09	L C
NGUYÊN TỬ	5791	CG	LYS	191	-14,517	43,262	50,141	1,00	68,04	L C
NGUYÊN TỬ	5792	CD	LYS	191	-13,238	42,951	50,908	1,00	71,58	L C
NGUYÊN TỬ	5793	CE	LYS	191	-12,009	43,532	50,217	1,00	73,94	L C
NGUYÊN TỬ	5794	NZ	LYS	191	-11,653	42,782	48,975	1,00	75,18	L N
NGUYÊN TỬ	5795	C	LYS	191	-17,142	45,962	51,037	1,00	61,69	L C
NGUYÊN TỬ	5796	O	LYS	191	-17,204	46,008	52,264	1,00	61,30	L O
NGUYÊN TỬ	5797	N	SER	192	-17,545	46,962	50,259	1,00	62,65	L N
NGUYÊN TỬ	5798	CA	SER	192	-17,975	48,237	50,824	1,00	63,95	L C
NGUYÊN TỬ	5799	CB	SER	192	-17,613	49,382	49,874	1,00	64,65	L C
NGUYÊN TỬ	5800	OG	SER	192	-18,392	49,335	48,692	1,00	67,19	L O
NGUYÊN TỬ	5801	C	SER	192	-19,467	48,315	51,161	1,00	64,72	L C
NGUYÊN TỬ	5802	O	SER	192	-19,935	49,335	51,673	1,00	66,00	L O
NGUYÊN TỬ	5803	N	HIS	193	-20,217	47,253	50,874	1,00	63,86	L N
NGUYÊN TỬ	5804	CA	HIS	193	-21,638	47,219	51,216	1,00	61,95	L C
NGUYÊN TỬ	5805	CB	HIS	193	-22,485	46,954	49,970	1,00	61,37	L C
NGUYÊN TỬ	5806	CG	HIS	193	-22,486	48,084	48,988	1,00	61,60	L C
NGUYÊN TỬ	5807	CD2	HIS	193	-23,325	49,136	48,841	1,00	61,56	L C
NGUYÊN TỬ	5808	ND1	HIS	193	-21,535	48,211	47,998	1,00	61,98	L N
NGUYÊN TỬ	5809	CE1	HIS	193	-21,789	49,293	47,283	1,00	62,58	L C
NGUYÊN TỬ	5810	NE2	HIS	193	-22,870	49,872	47,773	1,00	62,31	L N
NGUYÊN TỬ	5811	C	HIS	193	-21,924	46,155	52,260	1,00	62,02	L C
NGUYÊN TỬ	5812	O	HIS	193	-21,148	45,216	52,428	1,00	62,20	L O
NGUYÊN TỬ	5813	N	ARG	194	-23,040	46,305	52,965	1,00	62,45	L N
NGUYÊN TỬ	5814	CA	ARG	194	-23,416	45,343	53,991	1,00	63,53	L C
NGUYÊN TỬ	5815	CB	ARG	194	-24,500	45,926	54,902	1,00	68,20	L C
NGUYÊN TỬ	5816	CG	ARG	194	-23,971	46,895	55,941	1,00	75,45	L C
NGUYÊN TỬ	5817	CD	ARG	194	-23,055	46,173	56,922	1,00	80,85	L C
NGUYÊN TỬ	5818	NE	ARG	194	-22,122	47,082	57,584	1,00	85,64	L N
NGUYÊN TỬ	5819	CZ	ARG	194	-21,136	46,687	58,386	1,00	87,72	L C
NGUYÊN TỬ	5820	NH1	ARG	194	-20,332	47,584	58,947	1,00	88,22	L N
NGUYÊN TỬ	5821	NH2	ARG	194	-20,953	45,394	58,629	1,00	88,28	L N
NGUYÊN TỬ	5822	C	ARG	194	-23,916	44,049	53,369	1,00	61,25	L C
NGUYÊN TỬ	5823	O	ARG	194	-23,696	42,964	53,910	1,00	60,80	L O
NGUYÊN TỬ	5824	N	SER	195	-24,595	44,164	52,232	1,00	57,80	L N
NGUYÊN TỬ	5825	CA	SER	195	-25,120	42,984	51,562	1,00	55,09	L C
NGUYÊN TỬ	5826	CB	SER	195	-26,280	42,393	52,369	1,00	55,10	L C
NGUYÊN TỬ	5827	OG	SER	195	-27,376	43,289	52,411	1,00	57,11	L O
NGUYÊN TỬ	5828	C	SER	195	-25,581	43,272	50,142	1,00	52,03	L C
NGUYÊN TỬ	5829	O	SER	195	-25,760	44,423	49,748	1,00	51,53	L O
NGUYÊN TỬ	5830	N	TYR	196	-25,757	42,205	49,374	1,00	48,88	L N
NGUYÊN TỬ	5831	CA	TYR	196	-26,331	42,298	48,044	1,00	45,63	L C
NGUYÊN TỬ	5832	CB	TYR	196	-25,279	41,968	46,989	1,00	44,45	L C
NGUYÊN TỬ	5833	CG	TYR	196	-24,395	43,139	46,626	1,00	44,49	L C
NGUYÊN TỬ	5834	CD1	TYR	196	-24,664	43,904	45,501	1,00	43,92	L C
NGUYÊN TỬ	5835	CE1	TYR	196	-23,850	44,957	45,140	1,00	46,40	L C
NGUYÊN TỬ	5836	CD2	TYR	196	-23,279	43,464	47,390	1,00	45,08	L C
NGUYÊN TỬ	5837	CE2	TYR	196	-22,451	44,524	47,035	1,00	45,84	L C
NGUYÊN TỬ	5838	CZ	TYR	196	-22,742	45,263	45,907	1,00	47,07	L C
NGUYÊN TỬ	5839	OH	TYR	196	-21,920	46,301	45,516	1,00	48,23	L O
NGUYÊN TỬ	5840	C	TYR	196	-27,493	41,326	47,946	1,00	44,90	L C
NGUYÊN TỬ	5841	O	TYR	196	-27,504	40,290	48,614	1,00	44,93	L O
NGUYÊN TỬ	5842	N	SER	197	-28,480	41,669	47,126	1,00	44,07	L N
NGUYÊN TỬ	5843	CA	SER	197	-29,666	40,838	47,001	1,00	44,08	L C
NGUYÊN TỬ	5844	CB	SER	197	-30,846	41,485	47,727	1,00	43,76	L C
NGUYÊN TỬ	5845	OG	SER	197	-30,752	41,272	49,125	1,00	46,25	L O
NGUYÊN TỬ	5846	C	SER	197	-30,043	40,562	45,556	1,00	43,65	L C
NGUYÊN TỬ	5847	O	SER	197	-29,923	41,432	44,687	1,00	42,68	L O
NGUYÊN TỬ	5848	N	CYS	198	-30,490	39,335	45,311	1,00	42,68	L N
NGUYÊN TỬ	5849	CA	CYS	198	-31,085	38,966	44,037	1,00	43,42	L C
NGUYÊN TỬ	5850	C	CYS	198	-32,590	38,845	44,260	1,00	42,81	L C

NGUYÊN TỬ	5851	O	CYS	198	-33,036	38,049	45,089	1,00	41,88	L O
NGUYÊN TỬ	5852	CB	CYS	198	-30,516	37,624	43,548	1,00	42,55	L C
NGUYÊN TỬ	5853	SG	CYS	198	-31,115	37,164	41,887	1,00	48,59	L S
NGUYÊN TỬ	5854	N	GLN	199	-33,368	39,641	43,532	1,00	42,44	L N
NGUYÊN TỬ	5855	CA	GLN	199	-34,826	39,605	43,650	1,00	43,18	L C
NGUYÊN TỬ	5856	CB	GLN	199	-35,370	41,007	43,922	1,00	45,67	L C
NGUYÊN TỬ	5857	CG	GLN	199	-34,995	41,547	45,290	1,00	53,84	L C
NGUYÊN TỬ	5858	CD	GLN	199	-35,634	42,891	45,584	1,00	56,85	L C
NGUYÊN TỬ	5859	OE1	GLN	199	-35,855	43,699	44,681	1,00	60,04	L O
NGUYÊN TỬ	5860	NE2	GLN	199	-35,935	43,136	46,852	1,00	58,12	L N
NGUYÊN TỬ	5861	C	GLN	199	-35,462	39,057	42,381	1,00	41,40	L C
NGUYÊN TỬ	5862	O	GLN	199	-35,324	39,639	41,306	1,00	40,06	L O
NGUYÊN TỬ	5863	N	VAL	200	-36,160	37,935	42,508	1,00	40,36	L N
NGUYÊN TỬ	5864	CA	VAL	200	-36,772	37,303	41,347	1,00	39,58	L C
NGUYÊN TỬ	5865	CB	VAL	200	-36,363	35,811	41,230	1,00	40,32	L C
NGUYÊN TỬ	5866	CG1	VAL	200	-37,035	35,177	40,010	1,00	37,77	L C
NGUYÊN TỬ	5867	CG2	VAL	200	-34,842	35,699	41,120	1,00	38,20	L C
NGUYÊN TỬ	5868	C	VAL	200	-38,284	37,396	41,433	1,00	39,21	L C
NGUYÊN TỬ	5869	O	VAL	200	-38,897	36,911	42,388	1,00	37,45	L O
NGUYÊN TỬ	5870	N	THR	201	-38,880	38,029	40,429	1,00	39,72	L N
NGUYÊN TỬ	5871	CA	THR	201	-40,323	38,206	40,389	1,00	40,93	L C
NGUYÊN TỬ	5872	CB	THR	201	-40,698	39,680	40,082	1,00	43,40	L C
NGUYÊN TỬ	5873	OG1	THR	201	-40,139	40,532	41,092	1,00	45,08	L O
NGUYÊN TỬ	5874	CG2	THR	201	-42,218	39,857	40,073	1,00	43,33	L C
NGUYÊN TỬ	5875	C	THR	201	-40,935	37,296	39,332	1,00	40,49	L C
NGUYÊN TỬ	5876	O	THR	201	-40,502	37,278	38,176	1,00	39,58	L O
NGUYÊN TỬ	5877	N	HIS	202	-41,942	36,538	39,748	1,00	41,15	L N
NGUYÊN TỬ	5878	CA	HIS	202	-42,586	35,550	38,891	1,00	41,11	L C
NGUYÊN TỬ	5879	CB	HIS	202	-42,032	34,156	39,196	1,00	38,98	L C
NGUYÊN TỬ	5880	CG	HIS	202	-42,664	33,063	38,394	1,00	36,71	L C
NGUYÊN TỬ	5881	CD2	HIS	202	-42,498	32,696	37,101	1,00	35,64	L C
NGUYÊN TỬ	5882	ND1	HIS	202	-43,575	32,179	38,930	1,00	35,58	L N
NGUYÊN TỬ	5883	CE1	HIS	202	-43,941	31,311	38,003	1,00	35,45	L C
NGUYÊN TỬ	5884	NE2	HIS	202	-43,301	31,602	36,883	1,00	35,15	L N
NGUYÊN TỬ	5885	C	HIS	202	-44,081	35,572	39,165	1,00	42,13	L C
NGUYÊN TỬ	5886	O	HIS	202	-44,516	35,276	40,279	1,00	41,36	L O
NGUYÊN TỬ	5887	N	GLU	203	-44,862	35,931	38,151	1,00	44,96	L N
NGUYÊN TỬ	5888	CA	GLU	203	-46,310	36,022	38,298	1,00	47,24	L C
NGUYÊN TỬ	5889	CB	GLU	203	-46,907	34,628	38,489	1,00	49,44	L C
NGUYÊN TỬ	5890	CG	GLU	203	-46,537	33,646	37,394	1,00	53,20	L C
NGUYÊN TỬ	5891	CD	GLU	203	-47,209	33,974	36,076	1,00	57,10	L C
NGUYÊN TỬ	5892	OE1	GLU	203	-46,488	34,219	35,082	1,00	59,14	L O
NGUYÊN TỬ	5893	OE2	GLU	203	-48,460	33,987	36,038	1,00	57,31	L O
NGUYÊN TỬ	5894	C	GLU	203	-46,676	36,900	39,486	1,00	47,57	L C
NGUYÊN TỬ	5895	O	GLU	203	-47,514	36,529	40,306	1,00	47,36	L O
NGUYÊN TỬ	5896	N	GLY	203	-46,031	38,059	39,586	1,00	49,08	L N
NGUYÊN TỬ	5897	CA	GLY	203	-46,380	39,009	40,626	1,00	50,03	L C
NGUYÊN TỬ	5898	C	GLY	203	-45,999	38,603	42,040	1,00	52,56	L C
NGUYÊN TỬ	5899	O	GLY	203	-46,399	39,264	43,000	1,00	54,19	L O
NGUYÊN TỬ	5900	N	SER	205	-45,243	37,519	42,189	1,00	52,78	L N
NGUYÊN TỬ	5901	CA	SER	205	-44,651	37,192	43,484	1,00	53,25	L C
NGUYÊN TỬ	5902	CB	SER	205	-45,060	35,790	43,934	1,00	54,26	L C
NGUYÊN TỬ	5903	OG	SER	205	-46,365	35,790	44,481	1,00	57,58	L O
NGUYÊN TỬ	5904	C	SER	205	-43,135	37,280	43,423	1,00	53,40	L C
NGUYÊN TỬ	5905	O	SER	205	-42,511	36,793	42,476	1,00	53,90	L O
NGUYÊN TỬ	5906	N	THR	206	-42,548	37,902	44,439	1,00	53,20	L N
NGUYÊN TỬ	5907	CA	THR	206	-41,107	38,107	44,486	1,00	54,04	L C
NGUYÊN TỬ	5908	CB	THR	206	-40,781	39,557	44,891	1,00	54,25	L C
NGUYÊN TỬ	5909	OG1	THR	206	-41,343	40,455	43,926	1,00	55,24	L O
NGUYÊN TỬ	5910	CG2	THR	206	-39,279	39,771	44,948	1,00	54,82	L C
NGUYÊN TỬ	5911	C	THR	206	-40,415	37,147	45,457	1,00	53,61	L C
NGUYÊN TỬ	5912	O	THR	206	-40,846	36,985	46,599	1,00	53,73	L O
NGUYÊN TỬ	5913	N	VAL	207	-39,351	36,501	44,987	1,00	52,25	L N
NGUYÊN TỬ	5914	CA	VAL	207	-38,490	35,690	45,848	1,00	51,34	L C
NGUYÊN TỬ	5915	CB	VAL	207	-38,309	34,254	45,282	1,00	51,23	L C
NGUYÊN TỬ	5916	CG1	VAL	207	-37,331	33,472	46,137	1,00	50,68	L C
NGUYÊN TỬ	5917	CG2	VAL	207	-39,642	33,535	45,240	1,00	51,24	L C
NGUYÊN TỬ	5918	C	VAL	207	-37,120	36,365	45,941	1,00	51,56	L C
NGUYÊN TỬ	5919	O	VAL	207	-36,562	36,801	44,930	1,00	50,04	L O
NGUYÊN TỬ	5920	N	GLU	208	-36,582	36,451	47,154	1,00	51,89	L N
NGUYÊN TỬ	5921	CA	GLU	208	-35,353	37,203	47,389	1,00	51,48	L C
NGUYÊN TỬ	5922	CB	GLU	208	-35,661	38,430	48,241	1,00	53,42	L C
NGUYÊN TỬ	5923	CG	GLU	208	-34,455	39,296	48,538	1,00	58,86	L C
NGUYÊN TỬ	5924	CD	GLU	208	-34,835	40,595	49,224	1,00	61,76	L C
NGUYÊN TỬ	5925	OE1	GLU	208	-34,754	41,657	48,569	1,00	63,24	L O
NGUYÊN TỬ	5926	OE2	GLU	208	-35,218	40,554	50,415	1,00	62,32	L O

NGUYÊN TỬ	5927	C	GLU	208	-34,260	36,375	48,066	1,00	50,33	L	C
NGUYÊN TỬ	5928	O	GLU	208	-34,530	35,605	48,989	1,00	49,28	L	O
NGUYÊN TỬ	5929	N	LYS	209	-33,026	36,535	47,601	1,00	47,90	L	N
NGUYÊN TỬ	5930	CA	LYS	209	-31,877	35,983	48,310	1,00	47,26	L	C
NGUYÊN TỬ	5931	CB	LYS	209	-31,271	34,810	47,530	1,00	47,11	L	C
NGUYÊN TỬ	5932	CG	LYS	209	-32,148	33,570	47,496	1,00	45,45	L	C
NGUYÊN TỬ	5933	CD	LYS	209	-32,621	33,211	48,887	1,00	46,72	L	C
NGUYÊN TỬ	5934	CE	LYS	209	-33,750	32,188	48,858	1,00	48,50	L	C
NGUYÊN TỬ	5935	NZ	LYS	209	-33,244	30,791	48,874	1,00	49,58	L	N
NGUYÊN TỬ	5936	C	LYS	209	-30,825	37,067	48,529	1,00	46,93	L	C
NGUYÊN TỬ	5937	O	LYS	209	-30,685	37,986	47,714	1,00	44,32	L	O
NGUYÊN TỬ	5938	N	THR	210	-30,096	36,952	49,636	1,00	46,89	L	N
NGUYÊN TỬ	5939	CA	THR	210	-29,125	37,968	50,037	1,00	48,05	L	C
NGUYÊN TỬ	5940	CB	THR	210	-29,661	38,817	51,222	1,00	49,81	L	C
NGUYÊN TỬ	5941	OG1	THR	210	-30,865	39,487	50,831	1,00	50,72	L	O
NGUYÊN TỬ	5942	CG2	THR	210	-28,634	39,857	51,643	1,00	50,82	L	C
NGUYÊN TỬ	5943	C	THR	210	-27,805	37,330	50,470	1,00	47,03	L	C
NGUYÊN TỬ	5944	O	THR	210	-27,796	36,316	51,170	1,00	45,40	L	O
NGUYÊN TỬ	5945	N	VAL	211	-26,692	37,926	50,057	1,00	46,63	L	N
NGUYÊN TỬ	5946	CA	VAL	211	-25,389	37,516	50,565	1,00	46,45	L	C
NGUYÊN TỬ	5947	CB	VAL	211	-24,565	36,770	49,494	1,00	44,37	L	C
NGUYÊN TỬ	5948	CG1	VAL	211	-25,186	35,408	49,225	1,00	41,67	L	C
NGUYÊN TỬ	5949	CG2	VAL	211	-24,489	37,602	48,217	1,00	40,70	L	C
NGUYÊN TỬ	5950	C	VAL	211	-24,580	38,701	51,066	1,00	48,37	L	C
NGUYÊN TỬ	5951	O	VAL	211	-24,732	39,823	50,577	1,00	48,59	L	O
NGUYÊN TỬ	5952	N	ALA	212	-23,722	38,441	52,048	1,00	50,94	L	N
NGUYÊN TỬ	5953	CA	ALA	212	-22,915	39,485	52,676	1,00	52,66	L	C
NGUYÊN TỬ	5954	CB	ALA	212	-23,324	39,647	54,135	1,00	51,32	L	C
NGUYÊN TỬ	5955	C	ALA	212	-21,431	39,150	52,585	1,00	53,53	L	C
NGUYÊN TỬ	5956	O	ALA	212	-21,037	37,991	52,706	1,00	52,26	L	O
NGUYÊN TỬ	5957	N	PRO	213	-20,588	40,172	52,383	1,00	55,64	L	N
NGUYÊN TỬ	5958	CD	PRO	213	-20,964	41,593	52,338	1,00	56,63	L	C
NGUYÊN TỬ	5959	CA	PRO	213	-19,137	39,980	52,293	1,00	59,09	L	C
NGUYÊN TỬ	5960	CB	PRO	213	-18,597	41,391	52,069	1,00	57,17	L	C
NGUYÊN TỬ	5961	CG	PRO	213	-19,661	42,294	52,577	1,00	57,07	L	C
NGUYÊN TỬ	5962	C	PRO	213	-18,579	39,337	53,554	1,00	63,09	L	C
NGUYÊN TỬ	5963	O	PRO	213	-17,587	38,605	53,511	1,00	63,69	L	O
NGUYÊN TỬ	5964	N	THR	214	-19,236	39,607	54,675	1,00	67,26	L	N
NGUYÊN TỬ	5965	CA	THR	214	-18,898	38,972	55,939	1,00	72,25	L	C
NGUYÊN TỬ	5966	CB	THR	214	-19,825	39,478	57,069	1,00	73,76	L	C
NGUYÊN TỬ	5967	OG1	THR	214	-19,832	40,913	57,072	1,00	74,88	L	O
NGUYÊN TỬ	5968	CG2	THR	214	-19,336	38,979	58,429	1,00	74,89	L	C
NGUYÊN TỬ	5969	C	THR	214	-19,025	37,447	55,821	1,00	73,85	L	C
NGUYÊN TỬ	5970	O	THR	214	-19,975	36,886	56,412	1,00	75,17	L	O
NGUYÊN TỬ	5971	OXT	THR	214	-18,178	36,832	55,130	1,00	74,44	L	O
TER	5972		THR	214						L	
NGUYÊN TỬ	5973	CB	GLU	1	-30,422	3,027	8,715	1,00	67,00	H	C
NGUYÊN TỬ	5974	CG	GLU	1	-29,516	3,883	9,599	1,00	72,68	H	C
NGUYÊN TỬ	5975	CD	GLU	1	-30,286	4,614	10,699	1,00	76,76	H	C
NGUYÊN TỬ	5976	OE1	GLU	1	-30,875	3,938	11,574	1,00	78,40	H	O
NGUYÊN TỬ	5977	OE2	GLU	1	-30,305	5,867	10,687	1,00	78,19	H	O
NGUYÊN TỬ	5978	C	GLU	1	-29,301	3,794	6,619	1,00	59,84	H	C
NGUYÊN TỬ	5979	O	GLU	1	-28,098	4,037	6,505	1,00	59,47	H	O
NGUYÊN TỬ	5980	N	GLU	1	-28,667	1,616	7,662	1,00	63,51	H	N
NGUYÊN TỬ	5981	CA	GLU	1	-29,785	2,571	7,395	1,00	63,39	H	C
NGUYÊN TỬ	5982	N	VAL	2	-30,249	4,558	6,086	1,00	56,40	H	N
NGUYÊN TỬ	5983	CA	VAL	2	-29,937	5,786	5,366	1,00	53,61	H	C
NGUYÊN TỬ	5984	CB	VAL	2	-31,204	6,398	4,751	1,00	53,06	H	C
NGUYÊN TỬ	5985	CG1	VAL	2	-30,873	7,721	4,084	1,00	53,81	H	C
NGUYÊN TỬ	5986	CG2	VAL	2	-31,808	5,430	3,747	1,00	52,96	H	C
NGUYÊN TỬ	5987	C	VAL	2	-29,313	6,798	6,314	1,00	52,68	H	C
NGUYÊN TỬ	5988	O	VAL	2	-29,805	7,001	7,422	1,00	53,56	H	O
NGUYÊN TỬ	5989	N	GLN	3	-28,231	7,438	5,887	1,00	49,43	H	N
NGUYÊN TỬ	5990	CA	GLN	3	-27,479	8,274	6,805	1,00	48,34	H	C
NGUYÊN TỬ	5991	CB	GLN	3	-26,566	7,385	7,649	1,00	51,60	H	C
NGUYÊN TỬ	5992	CG	GLN	3	-25,834	8,110	8,751	1,00	57,66	H	C
NGUYÊN TỬ	5993	CD	GLN	3	-25,334	7,163	9,826	1,00	61,96	H	C
NGUYÊN TỬ	5994	OE1	GLN	3	-25,022	7,586	10,944	1,00	63,82	H	O
NGUYÊN TỬ	5995	NE2	GLN	3	-25,257	5,873	9,496	1,00	62,05	H	N
NGUYÊN TỬ	5996	C	GLN	3	-26,663	9,367	6,121	1,00	44,78	H	C
NGUYÊN TỬ	5997	O	GLN	3	-26,083	9,154	5,056	1,00	45,81	H	O
NGUYÊN TỬ	5998	N	LEU	4	-26,622	10,540	6,745	1,00	41,09	H	N
NGUYÊN TỬ	5999	CA	LEU	4	-25,808	11,649	6,257	1,00	39,82	H	C
NGUYÊN TỬ	6000	CB	LEU	4	-26,701	12,732	5,635	1,00	36,60	H	C
NGUYÊN TỬ	6001	CG	LEU	4	-27,484	12,382	4,368	1,00	36,08	H	C
NGUYÊN TỬ	6002	CD1	LEU	4	-28,454	13,513	4,027	1,00	34,06	H	C

NGUYÊN TỬ	6003	CD2	LEU	4	-26,512	12,144	3,226	1,00	32,76	H C
NGUYÊN TỬ	6004	C	LEU	4	-25,009	12,253	7,413	1,00	39,72	H C
NGUYÊN TỬ	6005	O	LEU	4	-25,575	12,613	8,444	1,00	39,93	H O
NGUYÊN TỬ	6006	N	VAL	5	-23,696	12,365	7,241	1,00	39,98	H N
NGUYÊN TỬ	6007	CA	VAL	5	-22,839	12,906	8,293	1,00	39,49	H C
NGUYÊN TỬ	6008	CB	VAL	5	-21,879	11,827	8,851	1,00	40,46	H C
NGUYÊN TỬ	6009	CG1	VAL	5	-21,035	12,426	9,971	1,00	37,54	H C
NGUYÊN TỬ	6010	CG2	VAL	5	-22,672	10,619	9,354	1,00	38,37	H C
NGUYÊN TỬ	6011	C	VAL	5	-21,991	14,059	7,774	1,00	40,34	H C
NGUYÊN TỬ	6012	O	VAL	5	-21,056	13,851	7,004	1,00	40,18	H O
NGUYÊN TỬ	6013	N	GLU	6	-22,308	15,278	8,188	1,00	40,67	H N
NGUYÊN TỬ	6014	CA	GLU	6	-21,511	16,411	7,744	1,00	43,08	H C
NGUYÊN TỬ	6015	CB	GLU	6	-22,383	17,671	7,589	1,00	42,43	H C
NGUYÊN TỬ	6016	CG	GLU	6	-23,333	17,966	8,728	1,00	47,10	H C
NGUYÊN TỬ	6017	CD	GLU	6	-24,611	17,139	8,680	1,00	45,96	H C
NGUYÊN TỬ	6018	OE1	GLU	6	-24,620	16,045	9,272	1,00	46,73	H O
NGUYÊN TỬ	6019	OE2	GLU	6	-25,606	17,582	8,064	1,00	43,63	H O
NGUYÊN TỬ	6020	C	GLU	6	-20,343	16,668	8,689	1,00	42,63	H C
NGUYÊN TỬ	6021	O	GLU	6	-20,410	16,352	9,876	1,00	45,51	H O
NGUYÊN TỬ	6022	N	SER	7	-19,258	17,215	8,151	1,00	41,61	H N
NGUYÊN TỬ	6023	CA	SER	7	-18,100	17,544	8,967	1,00	41,73	H C
NGUYÊN TỬ	6024	CB	SER	7	-17,167	16,334	9,090	1,00	43,65	H C
NGUYÊN TỬ	6025	OG	SER	7	-16,636	15,958	7,832	1,00	47,20	H O
NGUYÊN TỬ	6026	C	SER	7	-17,341	18,722	8,383	1,00	40,62	H C
NGUYÊN TỬ	6027	O	SER	7	-17,662	19,201	7,294	1,00	39,51	H O
NGUYÊN TỬ	6028	N	GLY	8	-16,345	19,195	9,126	1,00	39,23	H N
NGUYÊN TỬ	6029	CA	GLY	8	-15,489	20,261	8,640	1,00	35,58	H C
NGUYÊN TỬ	6030	C	GLY	8	-15,757	21,589	9,309	1,00	36,50	H C
NGUYÊN TỬ	6031	O	GLY	8	-15,050	22,566	9,069	1,00	37,45	H O
NGUYÊN TỬ	6032	N	GLY	9	-16,781	21,642	10,152	1,00	36,88	H N
NGUYÊN TỬ	6033	CA	GLY	9	-17,098	22,895	10,815	1,00	39,47	H C
NGUYÊN TỬ	6034	C	GLY	9	-15,964	23,359	11,717	1,00	40,73	H C
NGUYÊN TỬ	6035	O	GLY	9	-15,073	22,579	12,053	1,00	41,05	H O
NGUYÊN TỬ	6036	N	GLY	10	-15,991	24,628	12,105	1,00	40,13	H N
NGUYÊN TỬ	6037	CA	GLY	10	-14,982	25,132	13,014	1,00	39,76	H C
NGUYÊN TỬ	6038	C	GLY	10	-15,118	26,619	13,266	1,00	41,15	H C
NGUYÊN TỬ	6039	O	GLY	10	-16,118	27,239	12,892	1,00	41,81	H O
NGUYÊN TỬ	6040	N	LEU	11	-14,106	27,189	13,914	1,00	40,63	H N
NGUYÊN TỬ	6041	CA	LEU	11	-14,038	28,628	14,137	1,00	40,05	H C
NGUYÊN TỬ	6042	CB	LEU	11	-13,486	28,926	15,537	1,00	39,42	H C
NGUYÊN TỬ	6043	CG	LEU	11	-13,247	30,405	15,850	1,00	40,30	H C
NGUYÊN TỬ	6044	CD1	LEU	11	-14,555	31,157	15,728	1,00	39,60	H C
NGUYÊN TỬ	6045	CD2	LEU	11	-12,673	30,564	17,258	1,00	42,60	H C
NGUYÊN TỬ	6046	C	LEU	11	-13,109	29,217	13,087	1,00	39,22	H C
NGUYÊN TỬ	6047	O	LEU	11	-12,065	28,642	12,792	1,00	38,39	H O
NGUYÊN TỬ	6048	N	VAL	12	-13,493	30,356	12,521	1,00	39,30	H N
NGUYÊN TỬ	6049	CA	VAL	12	-12,696	31,006	11,489	1,00	41,06	H C
NGUYÊN TỬ	6050	CB	VAL	12	-13,127	30,525	10,062	1,00	43,20	H C
NGUYÊN TỬ	6051	CG1	VAL	12	-14,583	30,861	9,809	1,00	44,60	H C
NGUYÊN TỬ	6052	CG2	VAL	12	-12,266	31,172	9,000	1,00	45,13	H C
NGUYÊN TỬ	6053	C	VAL	12	-12,890	32,511	11,617	1,00	40,57	H C
NGUYÊN TỬ	6054	O	VAL	12	-13,887	32,962	12,179	1,00	40,30	H O
NGUYÊN TỬ	6055	N	LYS	13	-11,934	33,283	11,111	1,00	41,09	H N
NGUYÊN TỬ	6056	CA	LYS	13	-12,029	34,738	11,137	1,00	42,69	H C
NGUYÊN TỬ	6057	CB	LYS	13	-10,633	35,361	11,253	1,00	46,79	H C
NGUYÊN TỬ	6058	CG	LYS	13	-9,867	34,948	12,507	1,00	50,67	H C
NGUYÊN TỬ	6059	CD	LYS	13	-8,787	35,953	12,854	0,50	53,26	H C
NGUYÊN TỬ	6060	CE	LYS	13	-8,152	35,619	14,192	1,00	56,49	H C
NGUYÊN TỬ	6061	NZ	LYS	13	-9,187	35,477	15,251	1,00	58,69	H N
NGUYÊN TỬ	6062	C	LYS	13	-12,712	35,268	9,883	1,00	42,31	H C
NGUYÊN TỬ	6063	O	LYS	13	-12,663	34,645	8,823	1,00	41,76	H O
NGUYÊN TỬ	6064	N	PRO	14	-13,348	36,444	9,987	1,00	41,71	H N
NGUYÊN TỬ	6065	CD	PRO	14	-13,507	37,249	11,210	1,00	40,26	H C
NGUYÊN TỬ	6066	CA	PRO	14	-13,974	37,078	8,822	1,00	40,68	H C
NGUYÊN TỬ	6067	CB	PRO	14	-14,351	38,466	9,331	1,00	40,52	H C
NGUYÊN TỬ	6068	CG	PRO	14	-14,540	38,266	10,813	1,00	41,11	H C
NGUYÊN TỬ	6069	C	PRO	14	-13,008	37,139	7,646	1,00	42,52	H C
NGUYÊN TỬ	6070	O	PRO	14	-11,828	37,437	7,817	1,00	42,90	H O
NGUYÊN TỬ	6071	N	GLY	15	-13,513	36,839	6,452	1,00	42,59	H N
NGUYÊN TỬ	6072	CA	GLY	15	-12,668	36,859	5,275	1,00	40,18	H C
NGUYÊN TỬ	6073	C	GLY	15	-12,003	35,524	5,013	1,00	40,77	H C
NGUYÊN TỬ	6074	O	GLY	15	-11,419	35,320	3,948	1,00	41,52	H O
NGUYÊN TỬ	6075	N	GLY	16	-12,097	34,608	5,974	1,00	40,21	H N
NGUYÊN TỬ	6076	CA	GLY	16	-11,460	33,309	5,822	1,00	42,04	H C
NGUYÊN TỬ	6077	C	GLY	16	-12,291	32,279	5,067	1,00	43,65	H C
NGUYÊN TỬ	6078	O	GLY	16	-13,333	32,611	4,497	1,00	43,64	H O

NGUYÊN TỬ	6079	N	SER	17	-11,829	31,029	5,076	1,00	44,25	H	N
NGUYÊN TỬ	6080	CA	SER	17	-12,407	29,961	4,261	1,00	45,74	H	C
NGUYÊN TỬ	6081	CB	SER	17	-11,515	29,681	3,050	1,00	46,55	H	C
NGUYÊN TỬ	6082	OG	SER	17	-11,340	30,848	2,267	1,00	53,54	H	O
NGUYÊN TỬ	6083	C	SER	17	-12,576	28,662	5,047	1,00	45,37	H	C
NGUYÊN TỬ	6084	O	SER	17	-11,792	28,372	5,946	1,00	44,90	H	O
NGUYÊN TỬ	6085	N	LEU	18	-13,592	27,881	4,681	1,00	44,78	H	N
NGUYÊN TỬ	6086	CA	LEU	18	-13,834	26,557	5,255	1,00	44,09	H	C
NGUYÊN TỬ	6087	CB	LEU	18	-14,857	26,641	6,391	1,00	44,85	H	C
NGUYÊN TỬ	6088	CG	LEU	18	-14,385	26,754	7,838	1,00	47,60	H	C
NGUYÊN TỬ	6089	CD1	LEU	18	-15,602	26,870	8,755	1,00	46,16	H	C
NGUYÊN TỬ	6090	CD2	LEU	18	-13,554	25,526	8,203	1,00	48,80	H	C
NGUYÊN TỬ	6091	C	LEU	18	-14,386	25,624	4,183	1,00	43,53	H	C
NGUYÊN TỬ	6092	O	LEU	18	-15,068	26,062	3,262	1,00	44,97	H	O
NGUYÊN TỬ	6093	N	ARG	19	-14,106	24,336	4,315	1,00	41,93	H	N
NGUYÊN TỬ	6094	CA	ARG	19	-14,658	23,350	3,407	1,00	41,54	H	C
NGUYÊN TỬ	6095	CB	ARG	19	-13,538	22,673	2,617	1,00	42,94	H	C
NGUYÊN TỬ	6096	CG	ARG	19	-14,030	21,678	1,573	1,00	46,58	H	C
NGUYÊN TỬ	6097	CD	ARG	19	-12,969	21,451	0,511	1,00	51,36	H	C
NGUYÊN TỬ	6098	NE	ARG	19	-13,459	20,676	-0,627	1,00	56,49	H	N
NGUYÊN TỬ	6099	CZ	ARG	19	-13,334	19,357	-0,746	1,00	59,18	H	C
NGUYÊN TỬ	6100	NH1	ARG	19	-13,807	18,737	-1,821	1,00	59,16	H	N
NGUYÊN TỬ	6101	NH2	ARG	19	-12,743	18,653	0,213	1,00	59,69	H	N
NGUYÊN TỬ	6102	C	ARG	19	-15,454	22,300	4,172	1,00	40,18	H	C
NGUYÊN TỬ	6103	O	ARG	19	-14,884	21,482	4,898	1,00	39,83	H	O
NGUYÊN TỬ	6104	N	LEU	20	-16,773	22,316	4,002	1,00	37,32	H	N
NGUYÊN TỬ	6105	CA	LEU	20	-17,617	21,320	4,647	1,00	35,94	H	C
NGUYÊN TỬ	6106	CB	LEU	20	-19,007	21,894	4,928	1,00	33,09	H	C
NGUYÊN TỬ	6107	CG	LEU	20	-19,027	23,242	5,656	1,00	35,63	H	C
NGUYÊN TỬ	6108	CD1	LEU	20	-20,474	23,659	5,917	1,00	34,30	H	C
NGUYÊN TỬ	6109	CD2	LEU	20	-18,241	23,140	6,976	1,00	32,60	H	C
NGUYÊN TỬ	6110	C	LEU	20	-17,731	20,093	3,763	1,00	35,92	H	C
NGUYÊN TỬ	6111	O	LEU	20	-17,699	20,190	2,535	1,00	37,48	H	O
NGUYÊN TỬ	6112	N	SER	21	-17,848	18,936	4,396	1,00	35,54	H	N
NGUYÊN TỬ	6113	CA	SER	21	-18,112	17,699	3,685	1,00	37,66	H	C
NGUYÊN TỬ	6114	CB	SER	21	-16,935	16,730	3,826	1,00	38,97	H	C
NGUYÊN TỬ	6115	OG	SER	21	-15,752	17,291	3,290	1,00	45,86	H	O
NGUYÊN TỬ	6116	C	SER	21	-19,356	17,061	4,274	1,00	38,28	H	C
NGUYÊN TỬ	6117	O	SER	21	-19,740	17,356	5,404	1,00	37,83	H	O
NGUYÊN TỬ	6118	N	CYS	22	-19,976	16,184	3,495	1,00	39,37	H	N
NGUYÊN TỬ	6119	CA	CYS	22	-21,137	15,428	3,930	1,00	42,63	H	C
NGUYÊN TỬ	6120	C	CYS	22	-20,974	14,049	3,305	1,00	42,53	H	C
NGUYÊN TỬ	6121	O	CYS	22	-20,881	13,921	2,078	1,00	41,03	H	O
NGUYÊN TỬ	6122	CB	CYS	22	-22,413	16,125	3,431	1,00	46,05	H	C
NGUYÊN TỬ	6123	SG	CYS	22	-24,012	15,257	3,610	1,00	55,21	H	S
NGUYÊN TỬ	6124	N	ALA	23	-20,901	13,019	4,145	1,00	40,59	H	N
NGUYÊN TỬ	6125	CA	ALA	23	-20,748	11,658	3,645	1,00	41,14	H	C
NGUYÊN TỬ	6126	CB	ALA	23	-19,698	10,905	4,464	1,00	40,28	H	C
NGUYÊN TỬ	6127	C	ALA	23	-22,078	10,935	3,712	1,00	41,05	H	C
NGUYÊN TỬ	6128	O	ALA	23	-22,754	10,959	4,739	1,00	43,31	H	O
NGUYÊN TỬ	6129	N	ALA	24	-22,455	10,292	2,613	1,00	41,38	H	N
NGUYÊN TỬ	6130	CA	ALA	24	-23,727	9,581	2,558	1,00	42,11	H	C
NGUYÊN TỬ	6131	CB	ALA	24	-24,483	9,956	1,282	1,00	40,56	H	C
NGUYÊN TỬ	6132	C	ALA	24	-23,512	8,074	2,611	1,00	42,05	H	C
NGUYÊN TỬ	6133	O	ALA	24	-22,507	7,557	2,119	1,00	42,39	H	O
NGUYÊN TỬ	6134	N	SER	25	-24,461	7,367	3,207	1,00	40,96	H	N
NGUYÊN TỬ	6135	CA	SER	25	-24,384	5,917	3,243	1,00	40,89	H	C
NGUYÊN TỬ	6136	CB	SER	25	-23,532	5,462	4,430	1,00	41,08	H	C
NGUYÊN TỬ	6137	OG	SER	25	-24,120	5,876	5,651	1,00	44,95	H	O
NGUYÊN TỬ	6138	C	SER	25	-25,779	5,347	3,367	1,00	39,60	H	C
NGUYÊN TỬ	6139	O	SER	25	-26,697	6,034	3,815	1,00	38,57	H	O
NGUYÊN TỬ	6140	N	GLY	26	-25,935	4,089	2,966	1,00	39,26	H	N
NGUYÊN TỬ	6141	CA	GLY	26	-27,200	3,406	3,153	1,00	39,31	H	C
NGUYÊN TỬ	6142	C	GLY	26	-28,198	3,613	2,031	1,00	40,96	H	C
NGUYÊN TỬ	6143	O	GLY	26	-29,320	3,112	2,103	1,00	43,15	H	O
NGUYÊN TỬ	6144	N	PHE	27	-27,811	4,348	0,994	1,00	39,72	H	N
NGUYÊN TỬ	6145	CA	PHE	27	-28,725	4,576	-0,117	1,00	39,40	H	C
NGUYÊN TỬ	6146	CB	PHE	27	-29,741	5,681	0,240	1,00	39,12	H	C
NGUYÊN TỬ	6147	CG	PHE	27	-29,157	7,073	0,282	1,00	37,43	H	C
NGUYÊN TỬ	6148	CD1	PHE	27	-28,398	7,494	1,369	1,00	34,06	H	C
NGUYÊN TỬ	6149	CD2	PHE	27	-29,386	7,967	-0,760	1,00	34,48	H	C
NGUYÊN TỬ	6150	CE1	PHE	27	-27,878	8,781	1,421	1,00	33,04	H	C
NGUYÊN TỬ	6151	CE2	PHE	27	-28,867	9,262	-0,716	1,00	34,47	H	C
NGUYÊN TỬ	6152	CZ	PHE	27	-28,113	9,669	0,376	1,00	34,29	H	C
NGUYÊN TỬ	6153	C	PHE	27	-28,014	4,913	-1,422	1,00	38,19	H	C
NGUYÊN TỬ	6154	O	PHE	27	-26,808	5,149	-1,449	1,00	38,12	H	O

NGUYÊN TỬ	6155	N	THR	28	-28,779	4,926	-2,506	1,00	38,67	H	N
NGUYÊN TỬ	6156	CA	THR	28	-28,236	5,123	-3,842	1,00	37,98	H	C
NGUYÊN TỬ	6157	CB	THR	28	-29,221	4,577	-4,889	1,00	39,03	H	C
NGUYÊN TỬ	6158	OG1	THR	28	-29,545	3,222	-4,557	1,00	43,37	H	O
NGUYÊN TỬ	6159	CG2	THR	28	-28,613	4,603	-6,272	1,00	39,31	H	C
NGUYÊN TỬ	6160	C	THR	28	-27,976	6,609	-4,094	1,00	37,20	H	C
NGUYÊN TỬ	6161	O	THR	28	-28,784	7,301	-4,715	1,00	37,60	H	O
NGUYÊN TỬ	6162	N	PHE	29	-26,829	7,077	-3,613	1,00	35,10	H	N
NGUYÊN TỬ	6163	CA	PHE	29	-26,473	8,491	-3,618	1,00	34,39	H	C
NGUYÊN TỬ	6164	CB	PHE	29	-25,055	8,640	-3,060	1,00	32,43	H	C
NGUYÊN TỬ	6165	CG	PHE	29	-24,583	10,061	-2,929	1,00	31,23	H	C
NGUYÊN TỬ	6166	CD1	PHE	29	-25,109	10,898	-1,956	1,00	31,44	H	C
NGUYÊN TỬ	6167	CD2	PHE	29	-23,562	10,541	-3,739	1,00	31,88	H	C
NGUYÊN TỬ	6168	CE1	PHE	29	-24,623	12,191	-1,784	1,00	30,12	H	C
NGUYÊN TỬ	6169	CE2	PHE	29	-23,070	11,828	-3,577	1,00	30,39	H	C
NGUYÊN TỬ	6170	CZ	PHE	29	-23,603	12,656	-2,594	1,00	32,44	H	C
NGUYÊN TỬ	6171	C	PHE	29	-26,566	9,143	-5,001	1,00	35,36	H	C
NGUYÊN TỬ	6172	O	PHE	29	-26,948	10,305	-5,121	1,00	37,04	H	O
NGUYÊN TỬ	6173	N	SER	30	-26,226	8,397	-6,044	1,00	35,18	H	N
NGUYÊN TỬ	6174	CA	SER	30	-26,089	8,978	-7,373	1,00	36,29	H	C
NGUYÊN TỬ	6175	CB	SER	30	-25,270	8,046	-8,271	1,00	36,47	H	C
NGUYÊN TỬ	6176	OG	SER	30	-23,971	7,861	-7,726	1,00	41,17	H	O
NGUYÊN TỬ	6177	C	SER	30	-27,425	9,297	-8,041	1,00	35,64	H	C
NGUYÊN TỬ	6178	O	SER	30	-27,453	9,892	-9,116	1,00	33,90	H	O
NGUYÊN TỬ	6179	N	SER	31	-28,529	8,909	-7,405	1,00	34,26	H	N
NGUYÊN TỬ	6180	CA	SER	31	-29,853	9,258	-7,912	1,00	32,93	H	C
NGUYÊN TỬ	6181	CB	SER	31	-30,753	8,024	-7,953	1,00	32,80	H	C
NGUYÊN TỬ	6182	OG	SER	31	-30,280	7,090	-8,908	1,00	35,66	H	O
NGUYÊN TỬ	6183	C	SER	31	-30,522	10,351	-7,087	1,00	32,29	H	C
NGUYÊN TỬ	6184	O	SER	31	-31,670	10,719	-7,342	1,00	31,47	H	O
NGUYÊN TỬ	6185	N	TYR	32	-29,805	10,875	-6,099	1,00	30,85	H	N
NGUYÊN TỬ	6186	CA	TYR	32	-30,367	11,926	-5,261	1,00	29,83	H	C
NGUYÊN TỬ	6187	CB	TYR	32	-30,301	11,528	-3,783	1,00	28,34	H	C
NGUYÊN TỬ	6188	CG	TYR	32	-31,397	10,571	-3,380	1,00	28,23	H	C
NGUYÊN TỬ	6189	CD1	TYR	32	-31,313	9,215	-3,680	1,00	28,84	H	C
NGUYÊN TỬ	6190	CE1	TYR	32	-32,340	8,338	-3,340	1,00	28,61	H	C
NGUYÊN TỬ	6191	CD2	TYR	32	-32,533	11,028	-2,727	1,00	27,49	H	C
NGUYÊN TỬ	6192	CE2	TYR	32	-33,555	10,168	-2,383	1,00	27,94	H	C
NGUYÊN TỬ	6193	CZ	TYR	32	-33,458	8,826	-2,690	1,00	30,33	H	C
NGUYÊN TỬ	6194	OH	TYR	32	-34,487	7,976	-2,339	1,00	32,86	H	O
NGUYÊN TỬ	6195	C	TYR	32	-29,676	13,259	-5,465	1,00	30,11	H	C
NGUYÊN TỬ	6196	O	TYR	32	-28,450	13,326	-5,575	1,00	30,60	H	O
NGUYÊN TỬ	6197	N	SER	33	-30,475	14,319	-5,529	1,00	28,01	H	N
NGUYÊN TỬ	6198	CA	SER	33	-29,953	15,673	-5,405	1,00	28,98	H	C
NGUYÊN TỬ	6199	CB	SER	33	-31,006	16,688	-5,854	1,00	28,82	H	C
NGUYÊN TỬ	6200	OG	SER	33	-31,407	16,426	-7,194	1,00	32,46	H	O
NGUYÊN TỬ	6201	C	SER	33	-29,604	15,902	-3,940	1,00	29,47	H	C
NGUYÊN TỬ	6202	O	SER	33	-30,146	15,227	-3,058	1,00	28,61	H	O
NGUYÊN TỬ	6203	N	MET	34	-28,702	16,849	-3,687	1,00	29,06	H	N
NGUYÊN TỬ	6204	CA	MET	34	-28,261	17,168	-2,332	1,00	29,90	H	C
NGUYÊN TỬ	6205	CB	MET	34	-26,813	16,705	-2,138	1,00	29,95	H	C
NGUYÊN TỬ	6206	CG	MET	34	-26,657	15,197	-2,193	1,00	31,01	H	C
NGUYÊN TỬ	6207	SD	MET	34	-27,587	14,381	-0,852	1,00	34,80	H	S
NGUYÊN TỬ	6208	CE	MET	34	-26,780	15,106	0,605	1,00	32,82	H	C
NGUYÊN TỬ	6209	C	MET	34	-28,379	18,665	-2,061	1,00	29,84	H	C
NGUYÊN TỬ	6210	O	MET	34	-28,388	19,474	-2,994	1,00	29,89	H	O
NGUYÊN TỬ	6211	N	ASN	35	-28,479	19,030	-0,786	1,00	26,73	H	N
NGUYÊN TỬ	6212	CA	ASN	35	-28,740	20,414	-0,411	1,00	27,72	H	C
NGUYÊN TỬ	6213	CB	ASN	35	-30,239	20,625	-0,169	1,00	27,88	H	C
NGUYÊN TỬ	6214	CG	ASN	35	-31,098	20,079	-1,298	1,00	31,61	H	C
NGUYÊN TỬ	6215	OD1	ASN	35	-31,478	20,814	-2,204	1,00	31,06	H	O
NGUYÊN TỬ	6216	ND2	ASN	35	-31,410	18,784	-1,244	1,00	27,46	H	N
NGUYÊN TỬ	6217	C	ASN	35	-27,985	20,793	0,863	1,00	29,07	H	C
NGUYÊN TỬ	6218	O	ASN	35	-27,755	19,951	1,729	1,00	28,59	H	O
NGUYÊN TỬ	6219	N	TRP	36	-27,610	22,064	0,967	1,00	27,79	H	N
NGUYÊN TỬ	6220	CA	TRP	36	-27,153	22,623	2,224	1,00	26,46	H	C
NGUYÊN TỬ	6221	CB	TRP	36	-25,815	23,351	2,044	1,00	26,13	H	C
NGUYÊN TỬ	6222	CG	TRP	36	-24,650	22,430	1,747	1,00	30,50	H	C
NGUYÊN TỬ	6223	CD2	TRP	36	-23,918	21,632	2,693	1,00	29,81	H	C
NGUYÊN TỬ	6224	CE2	TRP	36	-22,939	20,919	1,969	1,00	29,00	H	C
NGUYÊN TỬ	6225	CE3	TRP	36	-23,997	21,455	4,080	1,00	29,79	H	C
NGUYÊN TỬ	6226	CD1	TRP	36	-24,093	22,176	0,525	1,00	29,38	H	C
NGUYÊN TỬ	6227	NE1	TRP	36	-23,065	21,269	0,651	1,00	31,64	H	N
NGUYÊN TỬ	6228	CZ2	TRP	36	-22,046	20,040	2,584	1,00	31,48	H	C
NGUYÊN TỬ	6229	CZ3	TRP	36	-23,110	20,581	4,692	1,00	29,03	H	C
NGUYÊN TỬ	6230	CH2	TRP	36	-22,148	19,884	3,944	1,00	30,42	H	C

NGUYÊN TỬ	6231	C	TRP	36	-28,209	23,599	2,739	1,00	28,02	H	C
NGUYÊN TỬ	6232	O	TRP	36	-28,731	24,440	1,990	1,00	26,76	H	O
NGUYÊN TỬ	6233	N	VAL	37	-28,517	23,467	4,025	1,00	26,57	H	N
NGUYÊN TỬ	6234	CA	VAL	37	-29,437	24,355	4,719	1,00	26,25	H	C
NGUYÊN TỬ	6235	CB	VAL	37	-30,750	23,618	5,054	1,00	25,90	H	C
NGUYÊN TỬ	6236	CG1	VAL	37	-31,734	24,565	5,733	1,00	21,86	H	C
NGUYÊN TỬ	6237	CG2	VAL	37	-31,343	23,019	3,779	1,00	23,23	H	C
NGUYÊN TỬ	6238	C	VAL	37	-28,759	24,761	6,023	1,00	28,43	H	C
NGUYÊN TỬ	6239	O	VAL	37	-28,183	23,921	6,715	1,00	29,50	H	O
NGUYÊN TỬ	6240	N	ARG	38	-28,828	26,039	6,368	1,00	27,29	H	N
NGUYÊN TỬ	6241	CA	ARG	38	-28,145	26,503	7,559	1,00	27,16	H	C
NGUYÊN TỬ	6242	CB	ARG	38	-27,031	27,481	7,177	1,00	25,84	H	C
NGUYÊN TỬ	6243	CG	ARG	38	-27,488	28,872	6,834	1,00	25,35	H	C
NGUYÊN TỬ	6244	CD	ARG	38	-26,289	29,696	6,406	1,00	28,59	H	C
NGUYÊN TỬ	6245	NE	ARG	38	-26,672	31,009	5,904	1,00	29,47	H	N
NGUYÊN TỬ	6246	CZ	ARG	38	-25,815	31,881	5,381	1,00	29,76	H	C
NGUYÊN TỬ	6247	NH1	ARG	38	-24,526	31,577	5,291	1,00	29,29	H	N
NGUYÊN TỬ	6248	NH2	ARG	38	-26,247	33,058	4,956	1,00	29,33	H	N
NGUYÊN TỬ	6249	C	ARG	38	-29,105	27,149	8,545	1,00	28,31	H	C
NGUYÊN TỬ	6250	O	ARG	38	-30,212	27,549	8,177	1,00	27,74	H	O
NGUYÊN TỬ	6251	N	GLN	39	-28,681	27,234	9,802	1,00	27,51	H	N
NGUYÊN TỬ	6252	CA	GLN	39	-29,518	27,796	10,857	1,00	28,91	H	C
NGUYÊN TỬ	6253	CB	GLN	39	-30,293	26,674	11,560	1,00	26,80	H	C
NGUYÊN TỬ	6254	CG	GLN	39	-31,269	27,149	12,628	1,00	28,63	H	C
NGUYÊN TỬ	6255	CD	GLN	39	-32,223	26,054	13,076	1,00	28,81	H	C
NGUYÊN TỬ	6256	OE1	GLN	39	-31,833	24,898	13,240	1,00	30,27	H	O
NGUYÊN TỬ	6257	NE2	GLN	39	-33,481	26,415	13,274	1,00	28,47	H	N
NGUYÊN TỬ	6258	C	GLN	39	-28,644	28,541	11,866	1,00	31,02	H	C
NGUYÊN TỬ	6259	O	GLN	39	-27,842	27,932	12,586	1,00	29,71	H	O
NGUYÊN TỬ	6260	N	ALA	40	-28,787	29,860	11,900	1,00	33,52	H	N
NGUYÊN TỬ	6261	CA	ALA	40	-28,090	30,675	12,886	1,00	37,63	H	C
NGUYÊN TỬ	6262	CB	ALA	40	-28,247	32,156	12,547	1,00	37,07	H	C
NGUYÊN TỬ	6263	C	ALA	40	-28,708	30,371	14,247	1,00	40,34	H	C
NGUYÊN TỬ	6264	O	ALA	40	-29,901	30,098	14,347	1,00	39,58	H	O
NGUYÊN TỬ	6265	N	PRO	41	-27,899	30,402	15,315	1,00	44,34	H	N
NGUYÊN TỬ	6266	CD	PRO	41	-26,477	30,793	15,353	1,00	44,86	H	C
NGUYÊN TỬ	6267	CA	PRO	41	-28,399	29,989	16,638	1,00	43,86	H	C
NGUYÊN TỬ	6268	CB	PRO	41	-27,229	30,292	17,572	1,00	45,74	H	C
NGUYÊN TỬ	6269	CG	PRO	41	-26,010	30,221	16,665	1,00	47,13	H	C
NGUYÊN TỬ	6270	C	PRO	41	-29,668	30,743	17,032	1,00	43,16	H	C
NGUYÊN TỬ	6271	O	PRO	41	-29,700	31,973	16,995	1,00	43,04	H	O
NGUYÊN TỬ	6272	N	GLY	42	-30,715	29,997	17,383	1,00	42,32	H	N
NGUYÊN TỬ	6273	CA	GLY	42	-31,990	30,609	17,720	1,00	40,30	H	C
NGUYÊN TỬ	6274	C	GLY	42	-32,770	31,198	16,550	1,00	40,88	H	C
NGUYÊN TỬ	6275	O	GLY	42	-33,703	31,977	16,753	1,00	39,91	H	O
NGUYÊN TỬ	6276	N	LYS	43	-32,399	30,839	15,324	1,00	40,15	H	N
NGUYÊN TỬ	6277	CA	LYS	43	-33,050	31,402	14,135	1,00	39,69	H	C
NGUYÊN TỬ	6278	CB	LYS	43	-32,034	32,183	13,297	1,00	44,93	H	C
NGUYÊN TỬ	6279	CG	LYS	43	-31,342	33,322	14,031	1,00	49,72	H	C
NGUYÊN TỬ	6280	CD	LYS	43	-32,297	34,476	14,299	1,00	55,35	H	C
NGUYÊN TỬ	6281	CE	LYS	43	-31,548	35,700	14,832	1,00	59,19	H	C
NGUYÊN TỬ	6282	NZ	LYS	43	-30,434	36,120	13,913	1,00	61,48	H	N
NGUYÊN TỬ	6283	C	LYS	43	-33,704	30,327	13,258	1,00	36,98	H	C
NGUYÊN TỬ	6284	O	LYS	43	-33,728	29,148	13,611	1,00	34,51	H	O
NGUYÊN TỬ	6285	N	GLY	44	-34,233	30,748	12,110	1,00	36,40	H	N
NGUYÊN TỬ	6286	CA	GLY	44	-34,940	29,831	11,230	1,00	31,67	H	C
NGUYÊN TỬ	6287	C	GLY	44	-34,039	29,115	10,240	1,00	30,70	H	C
NGUYÊN TỬ	6288	O	GLY	44	-32,887	29,496	10,049	1,00	31,21	H	O
NGUYÊN TỬ	6289	N	LEU	45	-34,562	28,069	9,609	1,00	29,44	H	N
NGUYÊN TỬ	6290	CA	LEU	45	-33,834	27,377	8,553	1,00	28,81	H	C
NGUYÊN TỬ	6291	CB	LEU	45	-34,583	26,103	8,142	1,00	27,99	H	C
NGUYÊN TỬ	6292	CG	LEU	45	-34,801	25,086	9,266	1,00	27,14	H	C
NGUYÊN TỬ	6293	CD1	LEU	45	-35,685	23,956	8,765	1,00	26,36	H	C
NGUYÊN TỬ	6294	CD2	LEU	45	-33,454	24,551	9,750	1,00	24,68	H	C
NGUYÊN TỬ	6295	C	LEU	45	-33,674	28,302	7,348	1,00	28,72	H	C
NGUYÊN TỬ	6296	O	LEU	45	-34,572	29,085	7,033	1,00	27,69	H	O
NGUYÊN TỬ	6297	N	GLU	46	-32,520	28,219	6,690	1,00	28,43	H	N
NGUYÊN TỬ	6298	CA	GLU	46	-32,259	29,005	5,489	1,00	28,83	H	C
NGUYÊN TỬ	6299	CB	GLU	46	-31,341	30,193	5,798	1,00	31,44	H	C
NGUYÊN TỬ	6300	CG	GLU	46	-31,043	31,069	4,571	1,00	39,18	H	C
NGUYÊN TỬ	6301	CD	GLU	46	-30,004	32,169	4,826	1,00	43,02	H	C
NGUYÊN TỬ	6302	OE1	GLU	46	-30,027	33,182	4,094	1,00	45,99	H	O
NGUYÊN TỬ	6303	OE2	GLU	46	-29,163	32,028	5,743	1,00	43,91	H	O
NGUYÊN TỬ	6304	C	GLU	46	-31,597	28,124	4,438	1,00	28,50	H	C
NGUYÊN TỬ	6305	O	GLU	46	-30,513	27,586	4,664	1,00	28,35	H	O
NGUYÊN TỬ	6306	N	TRP	47	-32,256	27,974	3,291	1,00	26,22	H	N

NGUYÊN TỬ	6307	CA	TRP	47	-31,680	27,234	2,174	1,00	23,96	H	C
NGUYÊN TỬ	6308	CB	TRP	47	-32,691	27,135	1,020	1,00	25,33	H	C
NGUYÊN TỬ	6309	CG	TRP	47	-32,073	26,630	-0,243	1,00	25,29	H	C
NGUYÊN TỬ	6310	CD2	TRP	47	-31,798	27,387	-1,431	1,00	24,26	H	C
NGUYÊN TỬ	6311	CE2	TRP	47	-31,161	26,517	-2,342	1,00	24,29	H	C
NGUYÊN TỬ	6312	CE3	TRP	47	-32,029	28,713	-1,812	1,00	25,96	H	C
NGUYÊN TỬ	6313	CD1	TRP	47	-31,608	25,363	-0,478	1,00	24,30	H	C
NGUYÊN TỬ	6314	NE1	TRP	47	-31,058	25,292	-1,737	1,00	26,54	H	N
NGUYÊN TỬ	6315	CZ2	TRP	47	-30,751	26,931	-3,610	1,00	23,53	H	C
NGUYÊN TỬ	6316	CZ3	TRP	47	-31,623	29,124	-3,073	1,00	25,72	H	C
NGUYÊN TỬ	6317	CH2	TRP	47	-30,990	28,234	-3,956	1,00	24,04	H	C
NGUYÊN TỬ	6318	C	TRP	47	-30,429	27,949	1,684	1,00	23,89	H	C
NGUYÊN TỬ	6319	O	TRP	47	-30,433	29,167	1,520	1,00	23,38	H	O
NGUYÊN TỬ	6320	N	VAL	48	-29,370	27,186	1,439	1,00	24,56	H	N
NGUYÊN TỬ	6321	CA	VAL	48	-28,082	27,748	1,032	1,00	27,13	H	C
NGUYÊN TỬ	6322	CB	VAL	48	-26,929	27,214	1,940	1,00	26,57	H	C
NGUYÊN TỬ	6323	CG1	VAL	48	-25,589	27,683	1,408	1,00	25,87	H	C
NGUYÊN TỬ	6324	CG2	VAL	48	-27,130	27,696	3,373	1,00	25,68	H	C
NGUYÊN TỬ	6325	C	VAL	48	-27,727	27,425	-0,424	1,00	27,12	H	C
NGUYÊN TỬ	6326	O	VAL	48	-27,359	28,310	-1,200	1,00	28,60	H	O
NGUYÊN TỬ	6327	N	SER	49	-27,829	26,153	-0,789	1,00	25,51	H	N
NGUYÊN TỬ	6328	CA	SER	49	-27,422	25,723	-2,113	1,00	27,18	H	C
NGUYÊN TỬ	6329	CB	SER	49	-25,893	25,755	-2,204	1,00	27,60	H	C
NGUYÊN TỬ	6330	OG	SER	49	-25,445	25,455	-3,514	1,00	30,37	H	O
NGUYÊN TỬ	6331	C	SER	49	-27,952	24,317	-2,427	1,00	28,05	H	C
NGUYÊN TỬ	6332	O	SER	49	-28,228	23,531	-1,518	1,00	26,28	H	O
NGUYÊN TỬ	6333	N	SER	50	-28,101	24,015	-3,716	1,00	28,27	H	N
NGUYÊN TỬ	6334	CA	SER	50	-28,581	22,704	-4,154	1,00	28,54	H	C
NGUYÊN TỬ	6335	CB	SER	50	-30,061	22,782	-4,550	1,00	28,85	H	C
NGUYÊN TỬ	6336	OG	SER	50	-30,882	23,050	-3,418	1,00	32,42	H	O
NGUYÊN TỬ	6337	C	SER	50	-27,768	22,205	-5,345	1,00	28,12	H	C
NGUYÊN TỬ	6338	O	SER	50	-27,315	22,997	-6,169	1,00	28,29	H	O
NGUYÊN TỬ	6339	N	ILE	51	-27,595	20,890	-5,441	1,00	26,82	H	N
NGUYÊN TỬ	6340	CA	ILE	51	-26,921	20,303	-6,590	1,00	24,36	H	C
NGUYÊN TỬ	6341	CB	ILE	51	-25,419	20,114	-6,302	1,00	26,43	H	C
NGUYÊN TỬ	6342	CG2	ILE	51	-25,220	19,159	-5,109	1,00	21,83	H	C
NGUYÊN TỬ	6343	CG1	ILE	51	-24,709	19,587	-7,552	1,00	25,90	H	C
NGUYÊN TỬ	6344	CD1	ILE	51	-23,194	19,662	-7,452	1,00	27,92	H	C
NGUYÊN TỬ	6345	C	ILE	51	-27,552	18,958	-6,956	1,00	26,47	H	C
NGUYÊN TỬ	6346	O	ILE	51	-27,751	18,097	-6,096	1,00	24,86	H	O
NGUYÊN TỬ	6347	N	SER	52	-27,869	18,783	-8,238	1,00	25,97	H	N
NGUYÊN TỬ	6348	CA	SER	52	-28,633	17,624	-8,673	1,00	25,28	H	C
NGUYÊN TỬ	6349	CB	SER	52	-29,308	17,912	-10,019	1,00	24,40	H	C
NGUYÊN TỬ	6350	OG	SER	52	-28,348	18,107	-11,046	1,00	27,24	H	O
NGUYÊN TỬ	6351	C	SER	52	-27,713	16,412	-8,782	1,00	26,88	H	C
NGUYÊN TỬ	6352	O	SER	52	-26,494	16,536	-8,650	1,00	28,49	H	O
NGUYÊN TỬ	6353	N	SER	53	-28,292	15,240	-9,017	1,00	25,41	H	N
NGUYÊN TỬ	6354	CA	SER	53	-27,523	14,007	-8,983	1,00	28,14	H	C
NGUYÊN TỬ	6355	CB	SER	53	-28,433	12,811	-9,267	1,00	27,87	H	C
NGUYÊN TỬ	6356	OG	SER	53	-29,011	12,911	-10,555	1,00	30,31	H	O
NGUYÊN TỬ	6357	C	SER	53	-26,344	14,000	-9,959	1,00	30,57	H	C
NGUYÊN TỬ	6358	O	SER	53	-25,284	13,447	-9,645	1,00	32,17	H	O
NGUYÊN TỬ	6359	N	SER	54	-26,517	14,606	-11,135	1,00	28,22	H	N
NGUYÊN TỬ	6360	CA	SER	54	-25,437	14,649	-12,123	1,00	28,16	H	C
NGUYÊN TỬ	6361	CB	SER	54	-25,966	14,259	-13,520	1,00	27,82	H	C
NGUYÊN TỬ	6362	OG	SER	54	-26,898	15,215	-14,023	1,00	29,46	H	O
NGUYÊN TỬ	6363	C	SER	54	-24,766	16,027	-12,185	1,00	27,90	H	C
NGUYÊN TỬ	6364	O	SER	54	-23,979	16,302	-13,087	1,00	28,59	H	O
NGUYÊN TỬ	6365	N	SER	55	-25,087	16,882	-11,220	1,00	28,14	H	N
NGUYÊN TỬ	6366	CA	SER	55	-24,520	18,230	-11,124	1,00	30,31	H	C
NGUYÊN TỬ	6367	CB	SER	55	-22,987	18,166	-11,092	1,00	31,88	H	C
NGUYÊN TỬ	6368	OG	SER	55	-22,526	17,349	-10,023	1,00	34,17	H	O
NGUYÊN TỬ	6369	C	SER	55	-24,968	19,180	-12,244	1,00	30,07	H	C
NGUYÊN TỬ	6370	O	SER	55	-24,353	20,230	-12,457	1,00	29,82	H	O
NGUYÊN TỬ	6371	N	SER	56	-26,039	18,828	-12,950	1,00	27,46	H	N
NGUYÊN TỬ	6372	CA	SER	56	-26,501	19,654	-14,066	1,00	27,70	H	C
NGUYÊN TỬ	6373	CB	SER	56	-27,098	18,772	-15,174	1,00	29,06	H	C
NGUYÊN TỬ	6374	OG	SER	56	-28,269	18,101	-14,734	1,00	34,97	H	O
NGUYÊN TỬ	6375	C	SER	56	-27,505	20,727	-13,637	1,00	27,78	H	C
NGUYÊN TỬ	6376	O	SER	56	-27,805	21,642	-14,406	1,00	27,41	H	O
NGUYÊN TỬ	6377	N	TYR	57	-28,028	20,611	-12,413	1,00	27,64	H	N
NGUYÊN TỬ	6378	CA	TYR	57	-28,685	21,738	-11,742	1,00	27,77	H	C
NGUYÊN TỬ	6379	CB	TYR	57	-30,107	21,369	-11,294	1,00	27,25	H	C
NGUYÊN TỬ	6380	CG	TYR	57	-31,053	20,945	-12,400	1,00	29,87	H	C
NGUYÊN TỬ	6381	CD1	TYR	57	-31,126	19,616	-12,798	1,00	28,73	H	C
NGUYÊN TỬ	6382	CE1	TYR	57	-32,050	19,199	-13,735	1,00	30,08	H	C

NGUYÊN TỬ	6383	CD2	TYR	57	-31,933	21,857	-12,984	1,00	28,13	H	C
NGUYÊN TỬ	6384	CE2	TYR	57	-32,861	21,448	-13,929	1,00	29,41	H	C
NGUYÊN TỬ	6385	CZ	TYR	57	-32,917	20,113	-14,294	1,00	30,49	H	C
NGUYÊN TỬ	6386	OH	TYR	57	-33,861	19,669	-15,193	1,00	29,95	H	O
NGUYÊN TỬ	6387	C	TYR	57	-27,881	22,156	-10,504	1,00	29,02	H	C
NGUYÊN TỬ	6388	O	TYR	57	-27,628	21,344	-9,598	1,00	29,53	H	O
NGUYÊN TỬ	6389	N	ILE	58	-27,487	23,424	-10,469	1,00	29,50	H	N
NGUYÊN TỬ	6390	CA	ILE	58	-26,789	24,003	-9,325	1,00	29,52	H	C
NGUYÊN TỬ	6391	CB	ILE	58	-25,270	24,148	-9,614	1,00	30,72	H	C
NGUYÊN TỬ	6392	CG2	ILE	58	-24,589	24,915	-8,498	1,00	29,96	H	C
NGUYÊN TỬ	6393	CG1	ILE	58	-24,627	22,765	-9,740	1,00	30,72	H	C
NGUYÊN TỬ	6394	CD1	ILE	58	-23,154	22,795	-10,092	1,00	28,84	H	C
NGUYÊN TỬ	6395	C	ILE	58	-27,392	25,380	-9,067	1,00	29,74	H	C
NGUYÊN TỬ	6396	O	ILE	58	-27,609	26,145	-10,003	1,00	30,44	H	O
NGUYÊN TỬ	6397	N	SER	59	-27,697	25,685	-7,809	1,00	27,57	H	N
NGUYÊN TỬ	6398	CA	SER	59	-28,161	27,021	-7,458	1,00	29,06	H	C
NGUYÊN TỬ	6399	CB	SER	59	-29,680	27,113	-7,616	1,00	28,15	H	C
NGUYÊN TỬ	6400	OG	SER	59	-30,321	26,100	-6,874	1,00	34,72	H	O
NGUYÊN TỬ	6401	C	SER	59	-27,758	27,454	-6,044	1,00	28,73	H	C
NGUYÊN TỬ	6402	O	SER	59	-27,358	26,634	-5,213	1,00	29,00	H	O
NGUYÊN TỬ	6403	N	TYR	60	-27,874	28,754	-5,791	1,00	27,30	H	N
NGUYÊN TỬ	6404	CA	TYR	60	-27,374	29,366	-4,571	1,00	27,26	H	C
NGUYÊN TỬ	6405	CB	TYR	60	-26,039	30,073	-4,834	1,00	25,88	H	C
NGUYÊN TỬ	6406	CG	TYR	60	-24,917	29,156	-5,258	1,00	25,19	H	C
NGUYÊN TỬ	6407	CD1	TYR	60	-24,210	28,421	-4,315	1,00	23,78	H	C
NGUYÊN TỬ	6408	CE1	TYR	60	-23,190	27,572	-4,687	1,00	22,85	H	C
NGUYÊN TỬ	6409	CD2	TYR	60	-24,567	29,018	-6,603	1,00	23,48	H	C
NGUYÊN TỬ	6410	CE2	TYR	60	-23,543	28,171	-6,988	1,00	21,69	H	C
NGUYÊN TỬ	6411	CZ	TYR	60	-22,859	27,447	-6,021	1,00	23,85	H	C
NGUYÊN TỬ	6412	OH	TYR	60	-21,854	26,575	-6,377	1,00	24,72	H	O
NGUYÊN TỬ	6413	C	TYR	60	-28,379	30,397	-4,087	1,00	28,79	H	C
NGUYÊN TỬ	6414	O	TYR	60	-29,032	31,059	-4,894	1,00	27,21	H	O
NGUYÊN TỬ	6415	N	ALA	61	-28,499	30,528	-2,770	1,00	28,73	H	N
NGUYÊN TỬ	6416	CA	ALA	61	-29,203	31,657	-2,180	1,00	30,11	H	C
NGUYÊN TỬ	6417	CB	ALA	61	-29,264	31,491	-0,658	1,00	28,64	H	C
NGUYÊN TỬ	6418	C	ALA	61	-28,426	32,926	-2,544	1,00	31,88	H	C
NGUYÊN TỬ	6419	O	ALA	61	-27,210	32,883	-2,702	1,00	29,32	H	O
NGUYÊN TỬ	6420	N	ASP	62	-29,127	34,046	-2,683	1,00	35,01	H	N
NGUYÊN TỬ	6421	CA	ASP	62	-28,475	35,314	-2,995	1,00	40,62	H	C
NGUYÊN TỬ	6422	CB	ASP	62	-29,500	36,444	-2,997	1,00	47,18	H	C
NGUYÊN TỬ	6423	CG	ASP	62	-29,915	36,842	-4,390	1,00	55,90	H	C
NGUYÊN TỬ	6424	OD1	ASP	62	-31,131	36,750	-4,693	1,00	59,73	H	O
NGUYÊN TỬ	6425	OD2	ASP	62	-29,023	37,246	-5,177	1,00	57,97	H	O
NGUYÊN TỬ	6426	C	ASP	62	-27,366	35,666	-2,007	1,00	41,05	H	C
NGUYÊN TỬ	6427	O	ASP	62	-26,320	36,181	-2,394	1,00	41,21	H	O
NGUYÊN TỬ	6428	N	SER	63	-27,606	35,387	-0,731	1,00	40,70	H	N
NGUYÊN TỬ	6429	CA	SER	63	-26,704	35,804	0,337	1,00	41,03	H	C
NGUYÊN TỬ	6430	CB	SER	63	-27,354	35,546	1,695	1,00	41,93	H	C
NGUYÊN TỬ	6431	OG	SER	63	-27,781	34,199	1,795	1,00	42,20	H	O
NGUYÊN TỬ	6432	C	SER	63	-25,333	35,131	0,302	1,00	40,04	H	C
NGUYÊN TỬ	6433	O	SER	63	-24,396	35,606	0,943	1,00	42,70	H	O
NGUYÊN TỬ	6434	N	VAL	64	-25,206	34,033	-0,434	1,00	37,58	H	N
NGUYÊN TỬ	6435	CA	VAL	64	-23,923	33,342	-0,516	1,00	35,50	H	C
NGUYÊN TỬ	6436	CB	VAL	64	-24,023	31,883	-0,010	1,00	34,20	H	C
NGUYÊN TỬ	6437	CG1	VAL	64	-24,635	31,851	1,399	1,00	32,45	H	C
NGUYÊN TỬ	6438	CG2	VAL	64	-24,844	31,054	-0,987	1,00	32,80	H	C
NGUYÊN TỬ	6439	C	VAL	64	-23,386	33,309	-1,941	1,00	36,79	H	C
NGUYÊN TỬ	6440	O	VAL	64	-22,329	32,726	-2,203	1,00	35,31	H	O
NGUYÊN TỬ	6441	N	LYS	65	-24,117	33,925	-2,862	1,00	37,48	H	N
NGUYÊN TỬ	6442	CA	LYS	65	-23,742	33,884	-4,272	1,00	42,50	H	C
NGUYÊN TỬ	6443	CB	LYS	65	-24,766	34,661	-5,106	1,00	46,64	H	C
NGUYÊN TỬ	6444	CG	LYS	65	-24,604	34,500	-6,605	1,00	52,44	H	C
NGUYÊN TỬ	6445	CD	LYS	65	-25,762	33,691	-7,189	1,00	57,69	H	C
NGUYÊN TỬ	6446	CE	LYS	65	-27,105	34,302	-6,786	1,00	60,32	H	C
NGUYÊN TỬ	6447	NZ	LYS	65	-28,261	33,402	-7,060	1,00	62,20	H	N
NGUYÊN TỬ	6448	C	LYS	65	-22,354	34,494	-4,465	1,00	42,87	H	C
NGUYÊN TỬ	6449	O	LYS	65	-22,077	35,593	-3,978	1,00	43,54	H	O
NGUYÊN TỬ	6450	N	GLY	66	-21,484	33,780	-5,171	1,00	42,33	H	N
NGUYÊN TỬ	6451	CA	GLY	66	-20,156	34,301	-5,437	1,00	42,49	H	C
NGUYÊN TỬ	6452	C	GLY	66	-19,126	33,988	-4,361	1,00	44,27	H	C
NGUYÊN TỬ	6453	O	GLY	66	-17,926	34,142	-4,589	1,00	44,84	H	O
NGUYÊN TỬ	6454	N	ARG	67	-19,580	33,549	-3,189	1,00	41,56	H	N
NGUYÊN TỬ	6455	CA	ARG	67	-18,663	33,212	-2,108	1,00	39,45	H	C
NGUYÊN TỬ	6456	CB	ARG	67	-19,063	33,955	-0,830	1,00	40,38	H	C
NGUYÊN TỬ	6457	CG	ARG	67	-19,033	35,478	-0,968	1,00	39,81	H	C
NGUYÊN TỬ	6458	CD	ARG	67	-19,250	36,182	0,366	1,00	39,55	H	C

NGUYÊN TỬ	6459	NE	ARG	67	-20,572	35,918	0,933	1,00	39,73	H	N
NGUYÊN TỬ	6460	CZ	ARG	67	-20,786	35,246	2,064	1,00	39,95	H	C
NGUYÊN TỬ	6461	NH1	ARG	67	-19,760	34,763	2,760	1,00	36,21	H	N
NGUYÊN TỬ	6462	NH2	ARG	67	-22,028	35,057	2,498	1,00	37,67	H	N
NGUYÊN TỬ	6463	C	ARG	67	-18,616	31,710	-1,849	1,00	38,91	H	C
NGUYÊN TỬ	6464	O	ARG	67	-17,549	31,160	-1,566	1,00	38,47	H	O
NGUYÊN TỬ	6465	N	PHE	68	-19,769	31,046	-1,951	1,00	37,70	H	N
NGUYÊN TỬ	6466	CA	PHE	68	-19,846	29,603	-1,714	1,00	34,66	H	C
NGUYÊN TỬ	6467	CB	PHE	68	-21,092	29,247	-0,889	1,00	33,55	H	C
NGUYÊN TỬ	6468	CG	PHE	68	-21,064	29,759	0,530	1,00	34,88	H	C
NGUYÊN TỬ	6469	CD1	PHE	68	-22,001	29,316	1,453	1,00	34,07	H	C
NGUYÊN TỬ	6470	CD2	PHE	68	-20,120	30,692	0,937	1,00	34,38	H	C
NGUYÊN TỬ	6471	CE1	PHE	68	-22,004	29,791	2,747	1,00	33,89	H	C
NGUYÊN TỬ	6472	CE2	PHE	68	-20,115	31,176	2,238	1,00	34,40	H	C
NGUYÊN TỬ	6473	CZ	PHE	68	-21,058	30,725	3,143	1,00	35,06	H	C
NGUYÊN TỬ	6474	C	PHE	68	-19,895	28,840	-3,029	1,00	34,39	H	C
NGUYÊN TỬ	6475	O	PHE	68	-20,485	29,302	-4,006	1,00	33,33	H	O
NGUYÊN TỬ	6476	N	THR	69	-19,275	27,666	-3,045	1,00	33,03	H	N
NGUYÊN TỬ	6477	CA	THR	69	-19,317	26,787	-4,204	1,00	33,88	H	C
NGUYÊN TỬ	6478	CB	THR	69	-17,954	26,710	-4,911	1,00	34,15	H	C
NGUYÊN TỬ	6479	OG1	THR	69	-17,583	28,010	-5,384	1,00	36,58	H	O
NGUYÊN TỬ	6480	CG2	THR	69	-18,026	25,739	-6,088	1,00	33,48	H	C
NGUYÊN TỬ	6481	C	THR	69	-19,680	25,379	-3,757	1,00	34,59	H	C
NGUYÊN TỬ	6482	O	THR	69	-18,985	24,786	-2,930	1,00	34,69	H	O
NGUYÊN TỬ	6483	N	ILE	70	-20,758	24,841	-4,315	1,00	32,65	H	N
NGUYÊN TỬ	6484	CA	ILE	70	-21,203	23,503	-3,957	1,00	31,01	H	C
NGUYÊN TỬ	6485	CB	ILE	70	-22,754	23,432	-3,936	1,00	30,63	H	C
NGUYÊN TỬ	6486	CG2	ILE	70	-23,308	23,592	-5,351	1,00	29,46	H	C
NGUYÊN TỬ	6487	CG1	ILE	70	-23,219	22,111	-3,329	1,00	29,67	H	C
NGUYÊN TỬ	6488	CD1	ILE	70	-24,719	22,090	-3,004	1,00	27,57	H	C
NGUYÊN TỬ	6489	C	ILE	70	-20,635	22,534	-4,987	1,00	31,28	H	C
NGUYÊN TỬ	6490	O	ILE	70	-20,373	22,914	-6,122	1,00	33,97	H	O
NGUYÊN TỬ	6491	N	SER	71	-20,406	21,293	-4,582	1,00	31,56	H	N
NGUYÊN TỬ	6492	CA	SER	71	-20,011	20,255	-5,522	1,00	32,33	H	C
NGUYÊN TỬ	6493	CB	SER	71	-18,547	20,427	-5,947	1,00	33,86	H	C
NGUYÊN TỬ	6494	OG	SER	71	-17,673	20,291	-4,839	1,00	37,91	H	O
NGUYÊN TỬ	6495	C	SER	71	-20,195	18,902	-4,861	1,00	32,41	H	C
NGUYÊN TỬ	6496	O	SER	71	-20,456	18,821	-3,660	1,00	31,10	H	O
NGUYÊN TỬ	6497	N	ARG	72	-20,066	17,843	-5,648	1,00	31,25	H	N
NGUYÊN TỬ	6498	CA	ARG	72	-20,285	16,500	-5,140	1,00	32,41	H	C
NGUYÊN TỬ	6499	CB	ARG	72	-21,747	16,092	-5,343	1,00	30,85	H	C
NGUYÊN TỬ	6500	CG	ARG	72	-22,194	16,055	-6,802	1,00	29,48	H	C
NGUYÊN TỬ	6501	CD	ARG	72	-23,691	15,820	-6,912	1,00	28,57	H	C
NGUYÊN TỬ	6502	NE	ARG	72	-24,075	14,470	-6,497	1,00	28,84	H	N
NGUYÊN TỬ	6503	CZ	ARG	72	-25,264	14,152	-5,989	1,00	27,19	H	C
NGUYÊN TỬ	6504	NH1	ARG	72	-26,197	15,086	-5,828	1,00	26,26	H	N
NGUYÊN TỬ	6505	NH2	ARG	72	-25,525	12,900	-5,641	1,00	26,57	H	N
NGUYÊN TỬ	6506	C	ARG	72	-19,368	15,530	-5,860	1,00	34,09	H	C
NGUYÊN TỬ	6507	O	ARG	72	-18,870	15,821	-6,944	1,00	33,62	H	O
NGUYÊN TỬ	6508	N	ASP	73	-19,136	14,379	-5,243	1,00	38,28	H	N
NGUYÊN TỬ	6509	CA	ASP	73	-18,327	13,325	-5,849	1,00	39,48	H	C
NGUYÊN TỬ	6510	CB	ASP	73	-16,947	13,281	-5,179	1,00	41,60	H	C
NGUYÊN TỬ	6511	CG	ASP	73	-15,990	12,292	-5,843	1,00	44,95	H	C
NGUYÊN TỬ	6512	OD1	ASP	73	-16,426	11,183	-6,225	1,00	45,18	H	O
NGUYÊN TỬ	6513	OD2	ASP	73	-14,791	12,630	-5,974	1,00	46,94	H	O
NGUYÊN TỬ	6514	C	ASP	73	-19,066	12,013	-5,624	1,00	39,78	H	C
NGUYÊN TỬ	6515	O	ASP	73	-18,978	11,423	-4,545	1,00	40,60	H	O
NGUYÊN TỬ	6516	N	ASN	74	-19,797	11,560	-6,639	1,00	38,88	H	N
NGUYÊN TỬ	6517	CA	ASN	74	-20,653	10,388	-6,486	1,00	39,67	H	C
NGUYÊN TỬ	6518	CB	ASN	74	-21,523	10,195	-7,732	1,00	37,88	H	C
NGUYÊN TỬ	6519	CG	ASN	74	-22,648	11,215	-7,821	1,00	38,36	H	C
NGUYÊN TỬ	6520	OD1	ASN	74	-22,954	11,915	-6,848	1,00	38,42	H	O
NGUYÊN TỬ	6521	ND2	ASN	74	-23,271	11,303	-8,989	1,00	35,16	H	N
NGUYÊN TỬ	6522	C	ASN	74	-19,865	9,115	-6,212	1,00	41,22	H	C
NGUYÊN TỬ	6523	O	ASN	74	-20,336	8,230	-5,499	1,00	42,03	H	O
NGUYÊN TỬ	6524	N	ALA	75	-18,667	9,017	-6,780	1,00	41,81	H	N
NGUYÊN TỬ	6525	CA	ALA	75	-17,819	7,852	-6,554	1,00	44,00	H	C
NGUYÊN TỬ	6526	CB	ALA	75	-16,553	7,948	-7,410	1,00	42,83	H	C
NGUYÊN TỬ	6527	C	ALA	75	-17,450	7,748	-5,074	1,00	45,21	H	C
NGUYÊN TỬ	6528	O	ALA	75	-17,252	6,654	-4,550	1,00	45,78	H	O
NGUYÊN TỬ	6529	N	LYS	76	-17,368	8,892	-4,402	1,00	46,01	H	N
NGUYÊN TỬ	6530	CA	LYS	76	-17,043	8,916	-2,982	1,00	47,14	H	C
NGUYÊN TỬ	6531	CB	LYS	76	-16,034	10,029	-2,696	1,00	49,80	H	C
NGUYÊN TỬ	6532	CG	LYS	76	-14,694	9,846	-3,389	1,00	52,73	H	C
NGUYÊN TỬ	6533	CD	LYS	76	-13,726	10,958	-3,012	1,00	56,34	H	C
NGUYÊN TỬ	6534	CE	LYS	76	-12,383	10,797	-3,724	1,00	58,48	H	C

NGUYÊN TỬ	6535	NZ	LYS	76	-11,483	11,966	-3,476	1,00	60,20	H N
NGUYÊN TỬ	6536	C	LYS	76	-18,271	9,107	-2,090	1,00	47,47	H C
NGUYÊN TỬ	6537	O	LYS	76	-18,141	9,232	-0,875	1,00	47,19	H O
NGUYÊN TỬ	6538	N	ASN	77	-19,460	9,136	-2,690	1,00	46,65	H N
NGUYÊN TỬ	6539	CA	ASN	77	-20,689	9,376	-1,933	1,00	44,74	H C
NGUYÊN TỬ	6540	CB	ASN	77	-21,023	8,166	-1,052	1,00	45,89	H C
NGUYÊN TỬ	6541	CG	ASN	77	-21,302	6,913	-1,860	1,00	47,96	H C
NGUYÊN TỬ	6542	OD1	ASN	77	-22,410	6,709	-2,352	1,00	49,54	H O
NGUYÊN TỬ	6543	ND2	ASN	77	-20,292	6,065	-2,000	1,00	50,93	H N
NGUYÊN TỬ	6544	C	ASN	77	-20,545	10,617	-1,050	1,00	42,51	H C
NGUYÊN TỬ	6545	O	ASN	77	-20,883	10,588	0,134	1,00	42,35	H O
NGUYÊN TỬ	6546	N	SER	78	-20,039	11,704	-1,621	1,00	39,28	H N
NGUYÊN TỬ	6547	CA	SER	78	-19,787	12,898	-0,836	1,00	38,34	H C
NGUYÊN TỬ	6548	CB	SER	78	-18,291	13,032	-0,565	1,00	40,48	H C
NGUYÊN TỬ	6549	OG	SER	78	-17,830	11,912	0,169	1,00	46,08	H O
NGUYÊN TỬ	6550	C	SER	78	-20,310	14,186	-1,456	1,00	37,03	H C
NGUYÊN TỬ	6551	O	SER	78	-20,320	14,350	-2,678	1,00	37,05	H O
NGUYÊN TỬ	6552	N	LEU	79	-20,733	15,093	-0,580	1,00	33,76	H N
NGUYÊN TỬ	6553	CA	LEU	79	-21,212	16,417	-0,945	1,00	33,07	H C
NGUYÊN TỬ	6554	CB	LEU	79	-22,642	16,599	-0,412	1,00	30,60	H C
NGUYÊN TỬ	6555	CG	LEU	79	-23,219	18,015	-0,350	1,00	29,82	H C
NGUYÊN TỬ	6556	CD1	LEU	79	-23,487	18,523	-1,763	1,00	28,74	H C
NGUYÊN TỬ	6557	CD2	LEU	79	-24,504	18,008	0,470	1,00	26,94	H C
NGUYÊN TỬ	6558	C	LEU	79	-20,263	17,436	-0,294	1,00	33,73	H C
NGUYÊN TỬ	6559	O	LEU	79	-19,834	17,237	0,844	1,00	35,43	H O
NGUYÊN TỬ	6560	N	TYR	80	-19,931	18,512	-1,003	1,00	31,34	H N
NGUYÊN TỬ	6561	CA	TYR	80	-19,001	19,507	-0,479	1,00	30,56	H C
NGUYÊN TỬ	6562	CB	TYR	80	-17,698	19,500	-1,274	1,00	32,57	H C
NGUYÊN TỬ	6563	CG	TYR	80	-17,067	18,136	-1,386	1,00	35,32	H C
NGUYÊN TỬ	6564	CD1	TYR	80	-17,045	17,465	-2,599	1,00	36,45	H C
NGUYÊN TỬ	6565	CE1	TYR	80	-16,486	16,208	-2,711	1,00	38,72	H C
NGUYÊN TỬ	6566	CD2	TYR	80	-16,507	17,510	-0,275	1,00	36,23	H C
NGUYÊN TỬ	6567	CE2	TYR	80	-15,945	16,250	-0,374	1,00	37,75	H C
NGUYÊN TỬ	6568	CZ	TYR	80	-15,938	15,604	-1,598	1,00	40,42	H C
NGUYÊN TỬ	6569	OH	TYR	80	-15,387	14,349	-1,721	1,00	42,98	H O
NGUYÊN TỬ	6570	C	TYR	80	-19,574	20,909	-0,508	1,00	31,38	H C
NGUYÊN TỬ	6571	O	TYR	80	-20,414	21,226	-1,336	1,00	31,59	H O
NGUYÊN TỬ	6572	N	LEU	81	-19,118	21,749	0,413	1,00	32,68	H N
NGUYÊN TỬ	6573	CA	LEU	81	-19,394	23,172	0,341	1,00	33,13	H C
NGUYÊN TỬ	6574	CB	LEU	81	-20,476	23,573	1,350	1,00	30,32	H C
NGUYÊN TỬ	6575	CG	LEU	81	-20,966	25,018	1,180	1,00	31,03	H C
NGUYÊN TỬ	6576	CD1	LEU	81	-21,629	25,162	-0,186	1,00	30,17	H C
NGUYÊN TỬ	6577	CD2	LEU	81	-21,955	25,387	2,279	1,00	29,51	H C
NGUYÊN TỬ	6578	C	LEU	81	-18,106	23,941	0,633	1,00	35,97	H C
NGUYÊN TỬ	6579	O	LEU	81	-17,618	23,955	1,770	1,00	35,94	H O
NGUYÊN TỬ	6580	N	GLN	82	-17,558	24,571	-0,400	1,00	35,80	H N
NGUYÊN TỬ	6581	CA	GLN	82	-16,424	25,463	-0,235	1,00	37,59	H C
NGUYÊN TỬ	6582	CB	GLN	82	-15,592	25,501	-1,521	1,00	38,62	H C
NGUYÊN TỬ	6583	CG	GLN	82	-14,362	26,406	-1,448	1,00	42,10	H C
NGUYÊN TỬ	6584	CD	GLN	82	-13,374	25,975	-0,368	1,00	43,68	H C
NGUYÊN TỬ	6585	OE1	GLN	82	-12,986	24,805	-0,292	1,00	43,76	H O
NGUYÊN TỬ	6586	NE2	GLN	82	-12,968	26,922	0,473	1,00	43,92	H N
NGUYÊN TỬ	6587	C	GLN	82	-16,940	26,854	0,099	1,00	38,25	H C
NGUYÊN TỬ	6588	O	GLN	82	-17,640	27,472	-0,698	1,00	39,65	H O
NGUYÊN TỬ	6589	N	MET	83	-16,600	27,341	1,289	1,00	40,33	H N
NGUYÊN TỬ	6590	CA	MET	83	-17,043	28,657	1,733	1,00	42,26	H C
NGUYÊN TỬ	6591	CB	MET	83	-17,682	28,557	3,120	1,00	42,53	H C
NGUYÊN TỬ	6592	CG	MET	83	-18,815	27,538	3,240	1,00	46,08	H C
NGUYÊN TỬ	6593	SD	MET	83	-19,506	27,440	4,929	1,00	49,67	H S
NGUYÊN TỬ	6594	CE	MET	83	-18,162	26,710	5,786	1,00	50,01	H C
NGUYÊN TỬ	6595	C	MET	83	-15,868	29,634	1,785	1,00	43,58	H C
NGUYÊN TỬ	6596	O	MET	83	-14,917	29,441	2,545	1,00	45,85	H O
NGUYÊN TỬ	6597	N	ASN	84	-15,942	30,686	0,979	1,00	42,66	H N
NGUYÊN TỬ	6598	CA	ASN	84	-14,899	31,699	0,945	1,00	42,04	H C
NGUYÊN TỬ	6599	CB	ASN	84	-14,353	31,857	-0,472	1,00	42,61	H C
NGUYÊN TỬ	6600	CG	ASN	84	-13,545	30,664	-0,917	1,00	45,11	H C
NGUYÊN TỬ	6601	OD1	ASN	84	-13,083	29,866	-0,098	1,00	46,92	H O
NGUYÊN TỬ	6602	ND2	ASN	84	-13,368	30,529	-2,224	1,00	47,46	H N
NGUYÊN TỬ	6603	C	ASN	84	-15,443	33,032	1,416	1,00	42,87	H C
NGUYÊN TỬ	6604	O	ASN	84	-16,657	33,229	1,478	1,00	41,82	H O
NGUYÊN TỬ	6605	N	SER	85	-14,532	33,941	1,752	1,00	42,16	H N
NGUYÊN TỬ	6606	CA	SER	85	-14,898	35,288	2,153	1,00	41,46	H C
NGUYÊN TỬ	6607	CB	SER	85	-15,383	36,077	0,938	1,00	43,66	H C
NGUYÊN TỬ	6608	OG	SER	85	-14,432	36,002	-0,110	1,00	47,73	H O
NGUYÊN TỬ	6609	C	SER	85	-15,981	35,268	3,217	1,00	40,30	H C
NGUYÊN TỬ	6610	O	SER	85	-16,959	36,020	3,135	1,00	39,19	H O

NGUYÊN TỬ	6611	N	LEU	86	-15,798	34,409	4,217	1,00	39,13	H	N
NGUYÊN TỬ	6612	CA	LEU	86	-16,785	34,255	5,281	1,00	39,06	H	C
NGUYÊN TỬ	6613	CB	LEU	86	-16,347	33,159	6,245	1,00	37,15	H	C
NGUYÊN TỬ	6614	CG	LEU	86	-16,565	31,763	5,669	1,00	38,36	H	C
NGUYÊN TỬ	6615	CD1	LEU	86	-15,834	30,724	6,492	1,00	37,27	H	C
NGUYÊN TỬ	6616	CD2	LEU	86	-18,054	31,485	5,628	1,00	37,79	H	C
NGUYÊN TỬ	6617	C	LEU	86	-17,039	35,540	6,051	1,00	39,98	H	C
NGUYÊN TỬ	6618	O	LEU	86	-16,138	36,359	6,235	1,00	41,95	H	O
NGUYÊN TỬ	6619	N	ARG	87	-18,280	35,714	6,489	1,00	40,79	H	N
NGUYÊN TỬ	6620	CA	ARG	87	-18,662	36,863	7,296	1,00	43,46	H	C
NGUYÊN TỬ	6621	CB	ARG	87	-19,635	37,754	6,532	1,00	45,67	H	C
NGUYÊN TỬ	6622	CG	ARG	87	-19,140	38,192	5,182	1,00	49,88	H	C
NGUYÊN TỬ	6623	CD	ARG	87	-20,293	38,703	4,351	1,00	53,41	H	C
NGUYÊN TỬ	6624	NE	ARG	87	-19,920	38,894	2,955	1,00	57,94	H	N
NGUYÊN TỬ	6625	CZ	ARG	87	-20,781	39,233	2,001	1,00	59,50	H	C
NGUYÊN TỬ	6626	NH1	ARG	87	-20,366	39,389	0,750	1,00	59,64	H	N
NGUYÊN TỬ	6627	NH2	ARG	87	-22,062	39,410	2,303	1,00	58,79	H	N
NGUYÊN TỬ	6628	C	ARG	87	-19,329	36,387	8,577	1,00	43,92	H	C
NGUYÊN TỬ	6629	O	ARG	87	-19,737	35,227	8,681	1,00	42,74	H	O
NGUYÊN TỬ	6630	N	ALA	88	-19,444	37,291	9,544	1,00	44,62	H	N
NGUYÊN TỬ	6631	CA	ALA	88	-20,030	36,960	10,838	1,00	45,48	H	C
NGUYÊN TỬ	6632	CB	ALA	88	-20,133	38,222	11,699	1,00	44,63	H	C
NGUYÊN TỬ	6633	C	ALA	88	-21,413	36,335	10,649	1,00	44,68	H	C
NGUYÊN TỬ	6634	O	ALA	88	-21,762	35,364	11,320	1,00	43,24	H	O
NGUYÊN TỬ	6635	N	GLU	89	-22,180	36,900	9,718	1,00	45,01	H	N
NGUYÊN TỬ	6636	CA	GLU	89	-23,546	36,460	9,441	1,00	44,88	H	C
NGUYÊN TỬ	6637	CB	GLU	89	-24,219	37,419	8,453	1,00	49,04	H	C
NGUYÊN TỬ	6638	CG	GLU	89	-24,223	38,878	8,894	1,00	58,20	H	C
NGUYÊN TỬ	6639	CD	GLU	89	-22,918	39,596	8,569	1,00	62,22	H	C
NGUYÊN TỬ	6640	OE1	GLU	89	-22,376	40,289	9,461	1,00	64,59	H	O
NGUYÊN TỬ	6641	OE2	GLU	89	-22,441	39,466	7,419	1,00	64,36	H	O
NGUYÊN TỬ	6642	C	GLU	89	-23,625	35,041	8,883	1,00	41,48	H	C
NGUYÊN TỬ	6643	O	GLU	89	-24,703	34,461	8,822	1,00	40,85	H	O
NGUYÊN TỬ	6644	N	ASP	90	-22,491	34,487	8,465	1,00	38,97	H	N
NGUYÊN TỬ	6645	CA	ASP	90	-22,451	33,104	8,003	1,00	36,93	H	C
NGUYÊN TỬ	6646	CB	ASP	90	-21,268	32,884	7,058	1,00	38,32	H	C
NGUYÊN TỬ	6647	CG	ASP	90	-21,391	33,687	5,772	1,00	41,49	H	C
NGUYÊN TỬ	6648	OD1	ASP	90	-22,526	33,850	5,265	1,00	41,50	H	O
NGUYÊN TỬ	6649	OD2	ASP	90	-20,348	34,160	5,272	1,00	42,86	H	O
NGUYÊN TỬ	6650	C	ASP	90	-22,357	32,120	9,162	1,00	36,53	H	C
NGUYÊN TỬ	6651	O	ASP	90	-22,304	30,907	8,951	1,00	37,19	H	O
NGUYÊN TỬ	6652	N	THR	91	-22,334	32,643	10,385	1,00	34,31	H	N
NGUYÊN TỬ	6653	CA	THR	91	-22,252	31,797	11,572	1,00	34,08	H	C
NGUYÊN TỬ	6654	CB	THR	91	-22,036	32,656	12,849	1,00	34,84	H	C
NGUYÊN TỬ	6655	OG1	THR	91	-20,738	33,263	12,799	1,00	36,83	H	O
NGUYÊN TỬ	6656	CG2	THR	91	-22,160	31,804	14,109	1,00	31,37	H	C
NGUYÊN TỬ	6657	C	THR	91	-23,553	31,019	11,710	1,00	32,40	H	C
NGUYÊN TỬ	6658	O	THR	91	-24,628	31,613	11,763	1,00	32,80	H	O
NGUYÊN TỬ	6659	N	ALA	92	-23,465	29,695	11,774	1,00	29,43	H	N
NGUYÊN TỬ	6660	CA	ALA	92	-24,674	28,884	11,827	1,00	29,39	H	C
NGUYÊN TỬ	6661	CB	ALA	92	-25,551	29,177	10,601	1,00	31,93	H	C
NGUYÊN TỬ	6662	C	ALA	92	-24,334	27,409	11,867	1,00	28,87	H	C
NGUYÊN TỬ	6663	O	ALA	92	-23,197	27,025	11,599	1,00	28,15	H	O
NGUYÊN TỬ	6664	N	VAL	93	-25,321	26,581	12,202	1,00	28,51	H	N
NGUYÊN TỬ	6665	CA	VAL	93	-25,210	25,145	11,954	1,00	28,45	H	C
NGUYÊN TỬ	6666	CB	VAL	93	-26,178	24,339	12,851	1,00	30,44	H	C
NGUYÊN TỬ	6667	CG1	VAL	93	-26,090	22,866	12,503	1,00	29,75	H	C
NGUYÊN TỬ	6668	CG2	VAL	93	-25,836	24,558	14,344	1,00	31,02	H	C
NGUYÊN TỬ	6669	C	VAL	93	-25,562	24,877	10,485	1,00	30,00	H	C
NGUYÊN TỬ	6670	O	VAL	93	-26,553	25,403	9,969	1,00	30,05	H	O
NGUYÊN TỬ	6671	N	TYR	94	-24,741	24,077	9,812	1,00	29,21	H	N
NGUYÊN TỬ	6672	CA	TYR	94	-24,997	23,711	8,424	1,00	29,79	H	C
NGUYÊN TỬ	6673	CB	TYR	94	-23,742	23,945	7,570	1,00	29,58	H	C
NGUYÊN TỬ	6674	CG	TYR	94	-23,442	25,410	7,332	1,00	32,16	H	C
NGUYÊN TỬ	6675	CD1	TYR	94	-23,617	25,981	6,074	1,00	31,93	H	C
NGUYÊN TỬ	6676	CE1	TYR	94	-23,410	27,336	5,865	1,00	30,72	H	C
NGUYÊN TỬ	6677	CD2	TYR	94	-23,041	26,237	8,379	1,00	31,28	H	C
NGUYÊN TỬ	6678	CE2	TYR	94	-22,831	27,592	8,182	1,00	30,20	H	C
NGUYÊN TỬ	6679	CZ	TYR	94	-23,022	28,137	6,922	1,00	32,69	H	C
NGUYÊN TỬ	6680	OH	TYR	94	-22,863	29,495	6,727	1,00	32,53	H	O
NGUYÊN TỬ	6681	C	TYR	94	-25,424	22,249	8,320	1,00	29,99	H	C
NGUYÊN TỬ	6682	O	TYR	94	-24,688	21,352	8,750	1,00	30,54	H	O
NGUYÊN TỬ	6683	N	PHE	95	-26,610	22,019	7,754	1,00	29,58	H	N
NGUYÊN TỬ	6684	CA	PHE	95	-27,123	20,666	7,512	1,00	29,84	H	C
NGUYÊN TỬ	6685	CB	PHE	95	-28,601	20,557	7,905	1,00	27,29	H	C
NGUYÊN TỬ	6686	CG	PHE	95	-28,900	20,937	9,334	1,00	30,50	H	C

NGUYÊN TỬ	6687	CD1	PHE	95	-28,783	20,004	10,357	1,00	30,20	H	C
NGUYÊN TỬ	6688	CD2	PHE	95	-29,336	22,218	9,651	1,00	30,58	H	C
NGUYÊN TỬ	6689	CE1	PHE	95	-29,098	20,343	11,671	1,00	27,42	H	C
NGUYÊN TỬ	6690	CE2	PHE	95	-29,652	22,560	10,960	1,00	29,43	H	C
NGUYÊN TỬ	6691	CZ	PHE	95	-29,531	21,619	11,968	1,00	27,23	H	C
NGUYÊN TỬ	6692	C	PHE	95	-27,016	20,347	6,023	1,00	31,72	H	C
NGUYÊN TỬ	6693	O	PHE	95	-27,203	21,240	5,185	1,00	30,65	H	O
NGUYÊN TỬ	6694	N	CYS	96	-26,734	19,085	5,694	1,00	32,57	H	N
NGUYÊN TỬ	6695	CA	CYS	96	-27,051	18,566	4,366	1,00	35,64	H	C
NGUYÊN TỬ	6696	C	CYS	96	-28,344	17,753	4,388	1,00	34,02	H	C
NGUYÊN TỬ	6697	O	CYS	96	-28,718	17,185	5,414	1,00	33,53	H	O
NGUYÊN TỬ	6698	CB	CYS	96	-25,898	17,710	3,784	1,00	41,97	H	C
NGUYÊN TỬ	6699	SG	CYS	96	-25,132	16,445	4,858	1,00	55,63	H	S
NGUYÊN TỬ	6700	N	ALA	97	-29,028	17,710	3,249	1,00	30,78	H	N
NGUYÊN TỬ	6701	CA	ALA	97	-30,273	16,962	3,134	1,00	30,15	H	C
NGUYÊN TỬ	6702	CB	ALA	97	-31,450	17,824	3,582	1,00	28,28	H	C
NGUYÊN TỬ	6703	C	ALA	97	-30,457	16,540	1,690	1,00	29,71	H	C
NGUYÊN TỬ	6704	O	ALA	97	-30,050	17,252	0,768	1,00	31,75	H	O
NGUYÊN TỬ	6705	N	ARG	98	-31,067	15,382	1,492	1,00	27,73	H	N
NGUYÊN TỬ	6706	CA	ARG	98	-31,226	14,840	0,155	1,00	28,67	H	C
NGUYÊN TỬ	6707	CB	ARG	98	-30,979	13,334	0,164	1,00	28,08	H	C
NGUYÊN TỬ	6708	CG	ARG	98	-32,090	12,571	0,851	1,00	29,78	H	C
NGUYÊN TỬ	6709	CD	ARG	98	-31,942	11,080	0,677	1,00	27,61	H	C
NGUYÊN TỬ	6710	NE	ARG	98	-33,217	10,417	0,910	1,00	30,98	H	N
NGUYÊN TỬ	6711	CZ	ARG	98	-33,400	9,099	0,859	1,00	31,84	H	C
NGUYÊN TỬ	6712	NH1	ARG	98	-32,384	8,292	0,587	1,00	32,85	H	N
NGUYÊN TỬ	6713	NH2	ARG	98	-34,605	8,593	1,064	1,00	29,18	H	N
NGUYÊN TỬ	6714	C	ARG	98	-32,635	15,105	-0,344	1,00	28,25	H	C
NGUYÊN TỬ	6715	O	ARG	98	-33,546	15,321	0,447	1,00	27,82	H	O
NGUYÊN TỬ	6716	N	ASP	99	-32,803	15,096	-1,663	1,00	28,56	H	N
NGUYÊN TỬ	6717	CA	ASP	99	-34,121	14,950	-2,262	1,00	27,74	H	C
NGUYÊN TỬ	6718	CB	ASP	99	-34,795	16,321	-2,466	1,00	28,14	H	C
NGUYÊN TỬ	6719	CG	ASP	99	-34,086	17,193	-3,497	1,00	34,77	H	C
NGUYÊN TỬ	6720	OD1	ASP	99	-32,927	17,611	-3,252	1,00	34,38	H	O
NGUYÊN TỬ	6721	OD2	ASP	99	-34,699	17,474	-4,556	1,00	36,63	H	O
NGUYÊN TỬ	6722	C	ASP	99	-33,963	14,219	-3,586	1,00	27,51	H	C
NGUYÊN TỬ	6723	O	ASP	99	-33,051	14,518	-4,364	1,00	27,91	H	O
NGUYÊN TỬ	6724	N	TYR	100	-34,832	13,244	-3,838	1,00	25,59	H	N
NGUYÊN TỬ	6725	CA	TYR	100	-34,683	12,437	-5,036	1,00	25,30	H	C
NGUYÊN TỬ	6726	CB	TYR	100	-35,791	11,385	-5,123	1,00	26,94	H	C
NGUYÊN TỬ	6727	CG	TYR	100	-35,608	10,449	-6,296	1,00	28,57	H	C
NGUYÊN TỬ	6728	CD1	TYR	100	-34,740	9,365	-6,214	1,00	28,82	H	C
NGUYÊN TỬ	6729	CE1	TYR	100	-34,511	8,547	-7,310	1,00	28,92	H	C
NGUYÊN TỬ	6730	CD2	TYR	100	-36,252	10,686	-7,505	1,00	28,98	H	C
NGUYÊN TỬ	6731	CE2	TYR	100	-36,032	9,873	-8,607	1,00	31,42	H	C
NGUYÊN TỬ	6732	CZ	TYR	100	-35,157	8,804	-8,504	1,00	32,55	H	C
NGUYÊN TỬ	6733	OH	TYR	100	-34,924	7,999	-9,604	1,00	33,58	H	O
NGUYÊN TỬ	6734	C	TYR	100	-34,708	13,331	-6,274	1,00	25,64	H	C
NGUYÊN TỬ	6735	O	TYR	100	-35,485	14,289	-6,355	1,00	23,00	H	O
NGUYÊN TỬ	6736	N	ASP	101	-33,850	13,022	-7,239	1,00	26,57	H	N
NGUYÊN TỬ	6737	CA	ASP	101	-33,715	13,877	-8,410	1,00	28,69	H	C
NGUYÊN TỬ	6738	CB	ASP	101	-32,296	13,760	-8,978	1,00	28,46	H	C
NGUYÊN TỬ	6739	CG	ASP	101	-32,013	14,776	-10,074	1,00	31,11	H	C
NGUYÊN TỬ	6740	OD1	ASP	101	-32,949	15,493	-10,483	1,00	30,58	H	O
NGUYÊN TỬ	6741	OD2	ASP	101	-30,846	14,860	-10,525	1,00	32,28	H	O
NGUYÊN TỬ	6742	C	ASP	101	-34,751	13,461	-9,458	1,00	28,47	H	C
NGUYÊN TỬ	6743	O	ASP	101	-34,602	12,433	-10,112	1,00	27,60	H	O
NGUYÊN TỬ	6744	N	PHE	102	-35,808	14,258	-9,593	1,00	28,19	H	N
NGUYÊN TỬ	6745	CA	PHE	102	-36,838	14,019	-10,604	1,00	28,93	H	C
NGUYÊN TỬ	6746	CB	PHE	102	-38,225	14,347	-10,036	1,00	28,62	H	C
NGUYÊN TỬ	6747	CG	PHE	102	-38,652	13,455	-8,889	1,00	28,28	H	C
NGUYÊN TỬ	6748	CD1	PHE	102	-39,240	12,217	-9,134	1,00	27,61	H	C
NGUYÊN TỬ	6749	CD2	PHE	102	-38,482	13,862	-7,573	1,00	28,22	H	C
NGUYÊN TỬ	6750	CE1	PHE	102	-39,654	11,399	-8,086	1,00	29,20	H	C
NGUYÊN TỬ	6751	CE2	PHE	102	-38,894	13,049	-6,508	1,00	29,50	H	C
NGUYÊN TỬ	6752	CZ	PHE	102	-39,481	11,815	-6,767	1,00	28,70	H	C
NGUYÊN TỬ	6753	C	PHE	102	-36,578	14,871	-11,859	1,00	28,33	H	C
NGUYÊN TỬ	6754	O	PHE	102	-37,447	15,010	-12,725	1,00	29,51	H	O
NGUYÊN TỬ	6755	N	TRP	103	-35,384	15,451	-11,939	1,00	25,45	H	N
NGUYÊN TỬ	6756	CA	TRP	103	-34,952	16,192	-13,123	1,00	25,17	H	C
NGUYÊN TỬ	6757	CB	TRP	103	-34,858	15,245	-14,323	1,00	25,43	H	C
NGUYÊN TỬ	6758	CG	TRP	103	-33,937	14,070	-14,091	1,00	26,29	H	C
NGUYÊN TỬ	6759	CD2	TRP	103	-32,526	14,010	-14,361	1,00	27,47	H	C
NGUYÊN TỬ	6760	CE2	TRP	103	-32,080	12,723	-13,970	1,00	27,34	H	C
NGUYÊN TỬ	6761	CE3	TRP	103	-31,598	14,914	-14,898	1,00	26,51	H	C
NGUYÊN TỬ	6762	CD1	TRP	103	-34,276	12,853	-13,565	1,00	26,52	H	C

NGUYÊN TỬ	6763	NE1	TRP	103	-33,167	12,040	-13,489	1,00	26,07	H	N
NGUYÊN TỬ	6764	CZ2	TRP	103	-30,744	12,321	-14,093	1,00	25,38	H	C
NGUYÊN TỬ	6765	CZ3	TRP	103	-30,272	14,514	-15,023	1,00	26,49	H	C
NGUYÊN TỬ	6766	CH2	TRP	103	-29,858	13,225	-14,621	1,00	27,17	H	C
NGUYÊN TỬ	6767	C	TRP	103	-35,875	17,373	-13,448	1,00	26,58	H	C
NGUYÊN TỬ	6768	O	TRP	103	-36,174	17,644	-14,617	1,00	25,55	H	O
NGUYÊN TỬ	6769	N	SER	104	-36,310	18,063	-12,393	1,00	26,77	H	N
NGUYÊN TỬ	6770	CA	SER	104	-37,202	19,226	-12,456	1,00	27,21	H	C
NGUYÊN TỬ	6771	CB	SER	104	-36,686	20,280	-13,463	1,00	28,29	H	C
NGUYÊN TỬ	6772	OG	SER	104	-37,065	20,001	-14,806	1,00	28,50	H	O
NGUYÊN TỬ	6773	C	SER	104	-38,655	18,875	-12,760	1,00	27,34	H	C
NGUYÊN TỬ	6774	O	SER	104	-39,497	19,758	-12,843	1,00	29,98	H	O
NGUYÊN TỬ	6775	N	ALA	105	-38,961	17,590	-12,911	1,00	27,05	H	N
NGUYÊN TỬ	6776	CA	ALA	105	-40,349	17,178	-13,141	1,00	27,35	H	C
NGUYÊN TỬ	6777	CB	ALA	105	-40,406	15,700	-13,521	1,00	25,10	H	C
NGUYÊN TỬ	6778	C	ALA	105	-41,196	17,422	-11,893	1,00	27,00	H	C
NGUYÊN TỬ	6779	O	ALA	105	-42,404	17,675	-11,979	1,00	26,55	H	O
NGUYÊN TỬ	6780	N	TYR	106	-40,554	17,331	-10,733	1,00	26,09	H	N
NGUYÊN TỬ	6781	CA	TYR	106	-41,233	17,502	-9,456	1,00	25,70	H	C
NGUYÊN TỬ	6782	CB	TYR	106	-41,923	16,190	-9,043	1,00	27,12	H	C
NGUYÊN TỬ	6783	CG	TYR	106	-42,597	16,242	-7,682	1,00	27,55	H	C
NGUYÊN TỬ	6784	CD1	TYR	106	-42,076	15,545	-6,598	1,00	25,52	H	C
NGUYÊN TỬ	6785	CE1	TYR	106	-42,678	15,609	-5,347	1,00	26,89	H	C
NGUYÊN TỬ	6786	CD2	TYR	106	-43,745	17,009	-7,482	1,00	26,08	H	C
NGUYÊN TỬ	6787	CE2	TYR	106	-44,349	17,085	-6,242	1,00	27,05	H	C
NGUYÊN TỬ	6788	CZ	TYR	106	-43,810	16,383	-5,179	1,00	28,47	H	C
NGUYÊN TỬ	6789	OH	TYR	106	-44,405	16,471	-3,945	1,00	29,33	H	O
NGUYÊN TỬ	6790	C	TYR	106	-40,189	17,884	-8,416	1,00	27,08	H	C
NGUYÊN TỬ	6791	O	TYR	106	-39,053	17,414	-8,468	1,00	29,19	H	O
NGUYÊN TỬ	6792	N	TYR	107	-40,562	18,734	-7,469	1,00	27,35	H	N
NGUYÊN TỬ	6793	CA	TYR	107	-39,632	19,091	-6,403	1,00	29,15	H	C
NGUYÊN TỬ	6794	CB	TYR	107	-39,511	20,614	-6,307	1,00	29,00	H	C
NGUYÊN TỬ	6795	CG	TYR	107	-38,874	21,203	-7,548	1,00	31,69	H	C
NGUYÊN TỬ	6796	CD1	TYR	107	-39,638	21,854	-8,511	1,00	30,78	H	C
NGUYÊN TỬ	6797	CE1	TYR	107	-39,059	22,362	-9,664	1,00	31,09	H	C
NGUYÊN TỬ	6798	CD2	TYR	107	-37,510	21,075	-7,774	1,00	32,92	H	C
NGUYÊN TỬ	6799	CE2	TYR	107	-36,921	21,579	-8,928	1,00	33,30	H	C
NGUYÊN TỬ	6800	CZ	TYR	107	-37,702	22,221	-9,868	1,00	31,33	H	C
NGUYÊN TỬ	6801	OH	TYR	107	-37,115	22,718	-11,012	1,00	31,72	H	O
NGUYÊN TỬ	6802	C	TYR	107	-40,069	18,483	-5,078	1,00	27,80	H	C
NGUYÊN TỬ	6803	O	TYR	107	-41,029	18,933	-4,451	1,00	27,16	H	O
NGUYÊN TỬ	6804	N	ASP	108	-39,356	17,439	-4,673	1,00	26,30	H	N
NGUYÊN TỬ	6805	CA	ASP	108	-39,769	16,624	-3,547	1,00	27,34	H	C
NGUYÊN TỬ	6806	CB	ASP	108	-39,196	15,214	-3,692	1,00	28,85	H	C
NGUYÊN TỬ	6807	CG	ASP	108	-39,932	14,183	-2,844	1,00	32,64	H	C
NGUYÊN TỬ	6808	OD1	ASP	108	-40,918	14,543	-2,149	1,00	28,23	H	O
NGUYÊN TỬ	6809	OD2	ASP	108	-39,517	13,002	-2,879	1,00	31,34	H	O
NGUYÊN TỬ	6810	C	ASP	108	-39,250	17,262	-2,269	1,00	27,61	H	C
NGUYÊN TỬ	6811	O	ASP	108	-38,456	18,203	-2,319	1,00	27,35	H	O
NGUYÊN TỬ	6812	N	ALA	109	-39,704	16,742	-1,135	1,00	26,89	H	N
NGUYÊN TỬ	6813	CA	ALA	109	-39,248	17,186	0,174	1,00	28,36	H	C
NGUYÊN TỬ	6814	CB	ALA	109	-40,160	16,614	1,264	1,00	28,17	H	C
NGUYÊN TỬ	6815	C	ALA	109	-37,814	16,734	0,409	1,00	30,74	H	C
NGUYÊN TỬ	6816	O	ALA	109	-37,346	15,767	-0,209	1,00	30,34	H	O
NGUYÊN TỬ	6817	N	PHE	110	-37,118	17,444	1,299	1,00	30,36	H	N
NGUYÊN TỬ	6818	CA	PHE	110	-35,829	16,997	1,815	1,00	29,18	H	C
NGUYÊN TỬ	6819	CB	PHE	110	-35,087	18,166	2,481	1,00	27,43	H	C
NGUYÊN TỬ	6820	CG	PHE	110	-34,728	19,286	1,537	1,00	26,74	H	C
NGUYÊN TỬ	6821	CD1	PHE	110	-34,084	20,420	2,006	1,00	25,08	H	C
NGUYÊN TỬ	6822	CD2	PHE	110	-35,044	19,210	0,187	1,00	27,64	H	C
NGUYÊN TỬ	6823	CE1	PHE	110	-33,760	21,470	1,146	1,00	29,39	H	C
NGUYÊN TỬ	6824	CE2	PHE	110	-34,725	20,253	-0,683	1,00	31,03	H	C
NGUYÊN TỬ	6825	CZ	PHE	110	-34,081	21,387	-0,201	1,00	28,21	H	C
NGUYÊN TỬ	6826	C	PHE	110	-36,142	15,930	2,856	1,00	30,56	H	C
NGUYÊN TỬ	6827	O	PHE	110	-36,469	16,256	3,999	1,00	32,31	H	O
NGUYÊN TỬ	6828	N	ASP	111	-36,065	14,657	2,479	1,00	31,23	H	N
NGUYÊN TỬ	6829	CA	ASP	111	-36,660	13,634	3,336	1,00	33,06	H	C
NGUYÊN TỬ	6830	CB	ASP	111	-37,352	12,546	2,491	1,00	33,67	H	C
NGUYÊN TỬ	6831	CG	ASP	111	-36,385	11,710	1,664	1,00	37,65	H	C
NGUYÊN TỬ	6832	OD1	ASP	111	-35,276	12,183	1,326	1,00	37,86	H	O
NGUYÊN TỬ	6833	OD2	ASP	111	-36,756	10,560	1,344	1,00	38,69	H	O
NGUYÊN TỬ	6834	C	ASP	111	-35,717	13,009	4,355	1,00	32,70	H	C
NGUYÊN TỬ	6835	O	ASP	111	-36,162	12,365	5,305	1,00	33,78	H	O
NGUYÊN TỬ	6836	N	VAL	112	-34,418	13,213	4,167	1,00	32,63	H	N
NGUYÊN TỬ	6837	CA	VAL	112	-33,425	12,801	5,151	1,00	32,15	H	C
NGUYÊN TỬ	6838	CB	VAL	112	-32,689	11,505	4,708	1,00	33,32	H	C

NGUYÊN TỬ	6839	CG1	VAL	112	-31,585	11,153	5,718	1,00	30,53	H	C
NGUYÊN TỬ	6840	CG2	VAL	112	-33,688	10,356	4,599	1,00	31,40	H	C
NGUYÊN TỬ	6841	C	VAL	112	-32,400	13,914	5,343	1,00	32,58	H	C
NGUYÊN TỬ	6842	O	VAL	112	-31,889	14,476	4,370	1,00	33,04	H	O
NGUYÊN TỬ	6843	N	TRP	113	-32,112	14,228	6,602	1,00	32,15	H	N
NGUYÊN TỬ	6844	CA	TRP	113	-31,161	15,277	6,953	1,00	31,65	H	C
NGUYÊN TỬ	6845	CB	TRP	113	-31,843	16,338	7,816	1,00	29,50	H	C
NGUYÊN TỬ	6846	CG	TRP	113	-32,931	17,105	7,128	1,00	28,47	H	C
NGUYÊN TỬ	6847	CD2	TRP	113	-33,006	18,527	6,977	1,00	25,65	H	C
NGUYÊN TỬ	6848	CE2	TRP	113	-34,217	18,813	6,315	1,00	26,45	H	C
NGUYÊN TỬ	6849	CE3	TRP	113	-32,167	19,586	7,341	1,00	24,52	H	C
NGUYÊN TỬ	6850	CD1	TRP	113	-34,069	16,597	6,562	1,00	26,10	H	C
NGUYÊN TỬ	6851	NE1	TRP	113	-34,847	17,620	6,074	1,00	28,26	H	N
NGUYÊN TỬ	6852	CZ2	TRP	113	-34,611	20,118	6,008	1,00	26,31	H	C
NGUYÊN TỬ	6853	CZ3	TRP	113	-32,558	20,886	7,037	1,00	24,40	H	C
NGUYÊN TỬ	6854	CH2	TRP	113	-33,771	21,139	6,377	1,00	25,50	H	C
NGUYÊN TỬ	6855	C	TRP	113	-29,996	14,687	7,746	1,00	33,12	H	C
NGUYÊN TỬ	6856	O	TRP	113	-30,136	13,634	8,371	1,00	31,88	H	O
NGUYÊN TỬ	6857	N	GLY	114	-28,855	15,373	7,723	1,00	32,68	H	N
NGUYÊN TỬ	6858	CA	GLY	114	-27,776	15,044	8,639	1,00	35,69	H	C
NGUYÊN TỬ	6859	C	GLY	114	-27,980	15,743	9,974	1,00	37,38	H	C
NGUYÊN TỬ	6860	O	GLY	114	-28,984	16,429	10,170	1,00	38,62	H	O
NGUYÊN TỬ	6861	N	GLN	115	-27,036	15,587	10,894	1,00	38,12	H	N
NGUYÊN TỬ	6862	CA	GLN	115	-27,189	16,182	12,218	1,00	40,72	H	C
NGUYÊN TỬ	6863	CB	GLN	115	-26,590	15,262	13,285	1,00	43,53	H	C
NGUYÊN TỬ	6864	CG	GLN	115	-27,488	14,063	13,619	1,00	51,75	H	C
NGUYÊN TỬ	6865	CD	GLN	115	-28,955	14,461	13,857	1,00	56,93	H	C
NGUYÊN TỬ	6866	OE1	GLN	115	-29,269	15,223	14,778	1,00	58,91	H	O
NGUYÊN TỬ	6867	NE2	GLN	115	-29,853	13,944	13,018	1,00	58,11	H	N
NGUYÊN TỬ	6868	C	GLN	115	-26,573	17,573	12,303	1,00	39,58	H	C
NGUYÊN TỬ	6869	O	GLN	115	-26,820	18,321	13,254	1,00	38,68	H	O
NGUYÊN TỬ	6870	N	GLY	116	-25,782	17,928	11,298	1,00	37,78	H	N
NGUYÊN TỬ	6871	CA	GLY	116	-25,283	19,285	11,220	1,00	38,42	H	C
NGUYÊN TỬ	6872	C	GLY	116	-23,874	19,439	11,752	1,00	39,35	H	C
NGUYÊN TỬ	6873	O	GLY	116	-23,407	18,644	12,568	1,00	39,93	H	O
NGUYÊN TỬ	6874	N	THR	117	-23,188	20,466	11,267	1,00	39,58	H	N
NGUYÊN TỬ	6875	CA	THR	117	-21,862	20,803	11,750	1,00	39,22	H	C
NGUYÊN TỬ	6876	CB	THR	117	-20,776	20,415	10,720	1,00	39,77	H	C
NGUYÊN TỬ	6877	OG1	THR	117	-19,482	20,645	11,284	1,00	41,61	H	O
NGUYÊN TỬ	6878	CG2	THR	117	-20,912	21,241	9,445	1,00	38,56	H	C
NGUYÊN TỬ	6879	C	THR	117	-21,849	22,306	11,985	1,00	38,56	H	C
NGUYÊN TỬ	6880	O	THR	117	-22,412	23,063	11,194	1,00	39,43	H	O
NGUYÊN TỬ	6881	N	MET	118	-21,227	22,733	13,079	1,00	38,05	H	N
NGUYÊN TỬ	6882	CA	MET	118	-21,275	24,134	13,498	1,00	36,74	H	C
NGUYÊN TỬ	6883	CB	MET	118	-21,189	24,230	15,024	1,00	38,21	H	C
NGUYÊN TỬ	6884	CG	MET	118	-21,254	25,649	15,561	1,00	41,58	H	C
NGUYÊN TỬ	6885	SD	MET	118	-22,818	26,465	15,157	1,00	50,65	H	S
NGUYÊN TỬ	6886	CE	MET	118	-22,441	28,169	15,524	1,00	47,35	H	C
NGUYÊN TỬ	6887	C	MET	118	-20,147	24,946	12,871	1,00	34,48	H	C
NGUYÊN TỬ	6888	O	MET	118	-19,013	24,487	12,768	1,00	34,26	H	O
NGUYÊN TỬ	6889	N	VAL	119	-20,474	26,159	12,449	1,00	34,68	H	N
NGUYÊN TỬ	6890	CA	VAL	119	-19,506	27,054	11,833	1,00	33,91	H	C
NGUYÊN TỬ	6891	CB	VAL	119	-19,783	27,251	10,311	1,00	33,34	H	C
NGUYÊN TỬ	6892	CG1	VAL	119	-19,007	28,445	9,793	1,00	33,26	H	C
NGUYÊN TỬ	6893	CG2	VAL	119	-19,376	26,001	9,531	1,00	31,55	H	C
NGUYÊN TỬ	6894	C	VAL	119	-19,643	28,389	12,520	1,00	34,59	H	C
NGUYÊN TỬ	6895	O	VAL	119	-20,724	28,981	12,517	1,00	37,76	H	O
NGUYÊN TỬ	6896	N	THR	120	-18,553	28,863	13,117	1,00	34,91	H	N
NGUYÊN TỬ	6897	CA	THR	120	-18,554	30,171	13,762	1,00	35,35	H	C
NGUYÊN TỬ	6898	CB	THR	120	-18,134	30,073	15,256	1,00	35,88	H	C
NGUYÊN TỬ	6899	OG1	THR	120	-19,037	29,212	15,960	1,00	37,94	H	O
NGUYÊN TỬ	6900	CG2	THR	120	-18,154	31,444	15,902	1,00	34,25	H	C
NGUYÊN TỬ	6901	C	THR	120	-17,578	31,085	13,038	1,00	35,16	H	C
NGUYÊN TỬ	6902	O	THR	120	-16,442	30,705	12,768	1,00	35,56	H	O
NGUYÊN TỬ	6903	N	VAL	121	-18,028	32,291	12,721	1,00	36,37	H	N
NGUYÊN TỬ	6904	CA	VAL	121	-17,166	33,271	12,088	1,00	37,55	H	C
NGUYÊN TỬ	6905	CB	VAL	121	-17,718	33,687	10,703	1,00	38,08	H	C
NGUYÊN TỬ	6906	CG1	VAL	121	-16,839	34,765	10,089	1,00	36,30	H	C
NGUYÊN TỬ	6907	CG2	VAL	121	-17,774	32,470	9,784	1,00	36,74	H	C
NGUYÊN TỬ	6908	C	VAL	121	-17,063	34,491	12,985	1,00	38,28	H	C
NGUYÊN TỬ	6909	O	VAL	121	-18,029	35,233	13,156	1,00	39,94	H	O
NGUYÊN TỬ	6910	N	SER	122	-15,884	34,694	13,563	1,00	38,45	H	N
NGUYÊN TỬ	6911	CA	SER	122	-15,694	35,755	14,550	1,00	39,93	H	C
NGUYÊN TỬ	6912	CB	SER	122	-15,947	35,209	15,962	1,00	40,21	H	C
NGUYÊN TỬ	6913	OG	SER	122	-15,882	36,242	16,929	1,00	42,15	H	O
NGUYÊN TỬ	6914	C	SER	122	-14,284	36,331	14,473	1,00	39,50	H	C

NGUYÊN TỬ	6915	O	SER	122	-13,320	35,615	14,199	1,00	37,65	H O
NGUYÊN TỬ	6916	N	SER	123	-14,165	37,627	14,726	1,00	41,58	H N
NGUYÊN TỬ	6917	CA	SER	123	-12,849	38,253	14,807	1,00	44,16	H C
NGUYÊN TỬ	6918	CB	SER	123	-12,993	39,776	14,777	1,00	44,85	H C
NGUYÊN TỬ	6919	OG	SER	123	-13,875	40,223	15,794	1,00	49,05	H O
NGUYÊN TỬ	6920	C	SER	123	-12,105	37,819	16,079	1,00	44,60	H C
NGUYÊN TỬ	6921	O	SER	123	-10,893	37,995	16,184	1,00	45,68	H O
NGUYÊN TỬ	6922	N	ALA	124	-12,837	37,240	17,031	1,00	43,93	H N
NGUYÊN TỬ	6923	CA	ALA	124	-12,262	36,801	18,301	1,00	42,24	H C
NGUYÊN TỬ	6924	CB	ALA	124	-13,326	36,848	19,390	1,00	40,10	H C
NGUYÊN TỬ	6925	C	ALA	124	-11,675	35,394	18,214	1,00	42,14	H C
NGUYÊN TỬ	6926	O	ALA	124	-12,274	34,500	17,620	1,00	43,33	H O
NGUYÊN TỬ	6927	N	SER	125	-10,503	35,201	18,820	1,00	42,38	H N
NGUYÊN TỬ	6928	CA	SER	125	-9,862	33,887	18,876	1,00	40,59	H C
NGUYÊN TỬ	6929	CB	SER	125	-8,355	34,041	19,109	1,00	42,02	H C
NGUYÊN TỬ	6930	OG	SER	125	-7,752	34,799	18,072	1,00	45,10	H O
NGUYÊN TỬ	6931	C	SER	125	-10,466	33,067	20,010	1,00	38,95	H C
NGUYÊN TỬ	6932	O	SER	125	-11,093	33,619	20,907	1,00	37,48	H O
NGUYÊN TỬ	6933	N	THR	126	-10,271	31,753	19,977	1,00	37,66	H N
NGUYÊN TỬ	6934	CA	THR	126	-10,785	30,905	21,042	1,00	39,23	H C
NGUYÊN TỬ	6935	CB	THR	126	-10,669	29,419	20,674	1,00	38,28	H C
NGUYÊN TỬ	6936	OG1	THR	126	-11,284	28,629	21,697	1,00	41,97	H O
NGUYÊN TỬ	6937	CG2	THR	126	-9,217	29,008	20,533	1,00	37,08	H C
NGUYÊN TỬ	6938	C	THR	126	-10,049	31,147	22,370	1,00	41,01	H C
NGUYÊN TỬ	6939	O	THR	126	-8,841	31,397	22,392	1,00	41,24	H O
NGUYÊN TỬ	6940	N	LYS	127	-10,794	31,074	23,471	1,00	40,95	H N
NGUYÊN TỬ	6941	CA	LYS	127	-10,262	31,339	24,806	1,00	38,98	H C
NGUYÊN TỬ	6942	CB	LYS	127	-10,599	32,771	25,231	1,00	38,46	H C
NGUYÊN TỬ	6943	CG	LYS	127	-10,108	33,139	26,625	1,00	39,85	H C
NGUYÊN TỬ	6944	CD	LYS	127	-10,581	34,529	27,043	1,00	39,69	H C
NGUYÊN TỬ	6945	CE	LYS	127	-10,208	34,833	28,494	1,00	40,59	H C
NGUYÊN TỬ	6946	NZ	LYS	127	-10,600	33,727	29,429	1,00	41,49	H N
NGUYÊN TỬ	6947	C	LYS	127	-10,862	30,359	25,809	1,00	37,64	H C
NGUYÊN TỬ	6948	O	LYS	127	-12,080	30,248	25,916	1,00	37,85	H O
NGUYÊN TỬ	6949	N	GLY	128	-10,005	29,648	26,536	1,00	36,50	H N
NGUYÊN TỬ	6950	CA	GLY	128	-10,476	28,740	27,566	1,00	33,05	H C
NGUYÊN TỬ	6951	C	GLY	128	-11,064	29,484	28,750	1,00	32,53	H C
NGUYÊN TỬ	6952	O	GLY	128	-10,832	30,681	28,923	1,00	32,58	H O
NGUYÊN TỬ	6953	N	PRO	129	-11,856	28,798	29,578	1,00	32,14	H N
NGUYÊN TỬ	6954	CD	PRO	129	-12,255	27,396	29,361	1,00	32,62	H C
NGUYÊN TỬ	6955	CA	PRO	129	-12,553	29,387	30,728	1,00	32,53	H C
NGUYÊN TỬ	6956	CB	PRO	129	-13,695	28,411	30,978	1,00	31,17	H C
NGUYÊN TỬ	6957	CG	PRO	129	-13,119	27,096	30,561	1,00	30,16	H C
NGUYÊN TỬ	6958	C	PRO	129	-11,663	29,522	31,967	1,00	33,22	H C
NGUYÊN TỬ	6959	O	PRO	129	-10,742	28,732	32,161	1,00	31,90	H O
NGUYÊN TỬ	6960	N	SER	130	-11,954	30,513	32,804	1,00	32,62	H N
NGUYÊN TỬ	6961	CA	SER	130	-11,478	30,505	34,185	1,00	35,02	H C
NGUYÊN TỬ	6962	CB	SER	130	-11,275	31,932	34,687	1,00	34,24	H C
NGUYÊN TỬ	6963	OG	SER	130	-10,239	32,566	33,964	1,00	41,41	H O
NGUYÊN TỬ	6964	C	SER	130	-12,522	29,807	35,050	1,00	35,50	H C
NGUYÊN TỬ	6965	O	SER	130	-13,708	30,118	34,958	1,00	37,01	H O
NGUYÊN TỬ	6966	N	VAL	131	-12,091	28,868	35,884	1,00	34,84	H N
NGUYÊN TỬ	6967	CA	VAL	131	-13,026	28,121	36,716	1,00	34,36	H C
NGUYÊN TỬ	6968	CB	VAL	131	-12,840	26,605	36,526	1,00	34,23	H C
NGUYÊN TỬ	6969	CG1	VAL	131	-13,882	25,848	37,333	1,00	33,85	H C
NGUYÊN TỬ	6970	CG2	VAL	131	-12,938	26,251	35,046	1,00	34,73	H C
NGUYÊN TỬ	6971	C	VAL	131	-12,860	28,460	38,198	1,00	35,71	H C
NGUYÊN TỬ	6972	O	VAL	131	-11,760	28,349	38,750	1,00	35,77	H O
NGUYÊN TỬ	6973	N	PHE	132	-13,955	28,878	38,834	1,00	34,57	H N
NGUYÊN TỬ	6974	CA	PHE	132	-13,953	29,184	40,261	1,00	33,58	H C
NGUYÊN TỬ	6975	CB	PHE	132	-14,266	30,664	40,489	1,00	32,57	H C
NGUYÊN TỬ	6976	CG	PHE	132	-13,327	31,593	39,782	1,00	34,21	H C
NGUYÊN TỬ	6977	CD1	PHE	132	-12,103	31,922	40,344	1,00	35,59	H C
NGUYÊN TỬ	6978	CD2	PHE	132	-13,651	32,114	38,538	1,00	33,19	H C
NGUYÊN TỬ	6979	CE1	PHE	132	-11,214	32,750	39,674	1,00	37,01	H C
NGUYÊN TỬ	6980	CE2	PHE	132	-12,769	32,943	37,862	1,00	35,41	H C
NGUYÊN TỬ	6981	CZ	PHE	132	-11,548	33,262	38,430	1,00	36,28	H C
NGUYÊN TỬ	6982	C	PHE	132	-14,963	28,325	41,022	1,00	34,57	H C
NGUYÊN TỬ	6983	O	PHE	132	-16,041	28,012	40,512	1,00	32,06	H O
NGUYÊN TỬ	6984	N	PRO	133	-14,617	27,927	42,258	1,00	34,29	H N
NGUYÊN TỬ	6985	CD	PRO	133	-13,324	28,197	42,918	1,00	34,35	H C
NGUYÊN TỬ	6986	CA	PRO	133	-15,511	27,132	43,108	1,00	35,13	H C
NGUYÊN TỬ	6987	CB	PRO	133	-14,593	26,624	44,220	1,00	33,32	H C
NGUYÊN TỬ	6988	CG	PRO	133	-13,541	27,689	44,336	1,00	34,24	H C
NGUYÊN TỬ	6989	C	PRO	133	-16,645	27,983	43,662	1,00	35,55	H C
NGUYÊN TỬ	6990	O	PRO	133	-16,426	29,128	44,068	1,00	36,64	H O

NGUYÊN TỬ	6991	N	LEU	134	-17,852	27,424	43,674	1,00	35,32	H	N
NGUYÊN TỬ	6992	CA	LEU	134	-18,977	28,048	44,366	1,00	36,08	H	C
NGUYÊN TỬ	6993	CB	LEU	134	-20,209	28,094	43,450	1,00	34,28	H	C
NGUYÊN TỬ	6994	CG	LEU	134	-19,960	28,860	42,142	1,00	34,73	H	C
NGUYÊN TỬ	6995	CD1	LEU	134	-21,140	28,718	41,185	1,00	31,18	H	C
NGUYÊN TỬ	6996	CD2	LEU	134	-19,697	30,321	42,475	1,00	33,05	H	C
NGUYÊN TỬ	6997	C	LEU	134	-19,259	27,224	45,618	1,00	36,52	H	C
NGUYÊN TỬ	6998	O	LEU	134	-19,999	26,234	45,585	1,00	34,85	H	O
NGUYÊN TỬ	6999	N	ALA	135	-18,645	27,635	46,720	1,00	37,22	H	N
NGUYÊN TỬ	7000	CA	ALA	135	-18,596	26,810	47,917	1,00	40,97	H	C
NGUYÊN TỬ	7001	CB	ALA	135	-17,561	27,367	48,891	1,00	38,81	H	C
NGUYÊN TỬ	7002	C	ALA	135	-19,957	26,725	48,594	1,00	44,00	H	C
NGUYÊN TỬ	7003	O	ALA	135	-20,712	27,697	48,626	1,00	40,78	H	O
NGUYÊN TỬ	7004	N	PRO	136	-20,283	25,550	49,148	1,00	48,76	H	N
NGUYÊN TỬ	7005	CD	PRO	136	-19,446	24,338	49,152	1,00	49,46	H	C
NGUYÊN TỬ	7006	CA	PRO	136	-21,531	25,360	49,890	1,00	54,13	H	C
NGUYÊN TỬ	7007	CB	PRO	136	-21,528	23,874	50,232	1,00	52,72	H	C
NGUYÊN TỬ	7008	CG	PRO	136	-20,085	23,486	50,205	1,00	51,83	H	C
NGUYÊN TỬ	7009	C	PRO	136	-21,586	26,238	51,132	1,00	59,78	H	C
NGUYÊN TỬ	7010	O	PRO	136	-20,570	26,460	51,794	1,00	59,54	H	O
NGUYÊN TỬ	7011	N	SER	137	-22,782	26,737	51,432	1,00	67,10	H	N
NGUYÊN TỬ	7012	CA	SER	137	-22,993	27,638	52,560	1,00	74,14	H	C
NGUYÊN TỬ	7013	CB	SER	137	-24,411	28,215	52,507	1,00	75,09	H	C
NGUYÊN TỬ	7014	OG	SER	137	-24,664	29,061	53,617	1,00	78,01	H	O
NGUYÊN TỬ	7015	C	SER	137	-22,774	26,926	53,892	1,00	77,67	H	C
NGUYÊN TỬ	7016	O	SER	137	-22,866	25,699	53,977	1,00	78,44	H	O
NGUYÊN TỬ	7017	N	SER	138	-22,492	27,707	54,931	1,00	82,40	H	N
NGUYÊN TỬ	7018	CA	SER	138	-22,171	27,163	56,248	1,00	86,84	H	C
NGUYÊN TỬ	7019	CB	SER	138	-21,280	28,151	57,011	1,00	87,07	H	C
NGUYÊN TỬ	7020	OG	SER	138	-20,112	28,463	56,271	1,00	87,61	H	O
NGUYÊN TỬ	7021	C	SER	138	-23,414	26,841	57,087	1,00	89,30	H	C
NGUYÊN TỬ	7022	O	SER	138	-23,688	27,512	58,085	1,00	89,91	H	O
NGUYÊN TỬ	7023	N	LYS	139	-24,161	25,816	56,678	1,00	91,76	H	N
NGUYÊN TỬ	7024	CA	LYS	139	-25,298	25,325	57,457	1,00	93,44	H	C
NGUYÊN TỬ	7025	CB	LYS	139	-26,616	25,879	56,899	1,00	93,81	H	C
NGUYÊN TỬ	7026	CG	LYS	139	-26,910	27,321	57,291	1,00	94,61	H	C
NGUYÊN TỬ	7027	CD	LYS	139	-26,118	28,303	56,442	1,00	95,03	H	C
NGUYÊN TỬ	7028	CE	LYS	139	-26,243	29,721	56,976	1,00	95,42	H	C
NGUYÊN TỬ	7029	NZ	LYS	139	-25,510	30,700	56,125	1,00	95,24	H	N
NGUYÊN TỬ	7030	C	LYS	139	-25,349	23,798	57,464	1,00	94,08	H	C
NGUYÊN TỬ	7031	O	LYS	139	-26,414	23,202	57,638	1,00	95,08	H	O
NGUYÊN TỬ	7032	N	GLY	143	-30,107	19,527	59,281	1,00	59,11	H	N
NGUYÊN TỬ	7033	CA	GLY	143	-29,319	19,470	58,062	1,00	61,11	H	C
NGUYÊN TỬ	7034	C	GLY	143	-29,957	18,625	56,968	1,00	60,28	H	C
NGUYÊN TỬ	7035	O	GLY	143	-30,100	17,406	57,106	1,00	60,72	H	O
NGUYÊN TỬ	7036	N	GLY	144	-30,342	19,280	55,877	1,00	58,29	H	N
NGUYÊN TỬ	7037	CA	GLY	144	-30,925	18,578	54,746	1,00	54,60	H	C
NGUYÊN TỬ	7038	C	GLY	144	-29,972	18,554	53,562	1,00	52,81	H	C
NGUYÊN TỬ	7039	O	GLY	144	-29,023	17,772	53,550	1,00	53,00	H	O
NGUYÊN TỬ	7040	N	THR	145	-30,216	19,401	52,565	1,00	49,01	H	N
NGUYÊN TỬ	7041	CA	THR	145	-29,334	19,461	51,403	1,00	46,11	H	C
NGUYÊN TỬ	7042	CB	THR	145	-30,109	19,311	50,080	1,00	46,35	H	C
NGUYÊN TỬ	7043	OG1	THR	145	-31,019	20,410	49,929	1,00	48,50	H	O
NGUYÊN TỬ	7044	CG2	THR	145	-30,877	18,001	50,056	1,00	44,98	H	C
NGUYÊN TỬ	7045	C	THR	145	-28,562	20,775	51,343	1,00	44,27	H	C
NGUYÊN TỬ	7046	O	THR	145	-28,979	21,788	51,912	1,00	42,47	H	O
NGUYÊN TỬ	7047	N	ALA	146	-27,428	20,751	50,651	1,00	41,79	H	N
NGUYÊN TỬ	7048	CA	ALA	146	-26,691	21,974	50,374	1,00	40,00	H	C
NGUYÊN TỬ	7049	CB	ALA	146	-25,407	22,009	51,187	1,00	40,43	H	C
NGUYÊN TỬ	7050	C	ALA	146	-26,374	22,057	48,888	1,00	39,46	H	C
NGUYÊN TỬ	7051	O	ALA	146	-26,227	21,037	48,212	1,00	38,93	H	O
NGUYÊN TỬ	7052	N	ALA	147	-26,278	23,279	48,380	1,00	37,34	H	N
NGUYÊN TỬ	7053	CA	ALA	147	-25,943	23,491	46,986	1,00	35,51	H	C
NGUYÊN TỬ	7054	CB	ALA	147	-26,894	24,512	46,374	1,00	34,09	H	C
NGUYÊN TỬ	7055	C	ALA	147	-24,500	23,977	46,874	1,00	35,59	H	C
NGUYÊN TỬ	7056	O	ALA	147	-24,055	24,852	47,620	1,00	35,64	H	O
NGUYÊN TỬ	7057	N	LEU	148	-23,765	23,396	45,942	1,00	34,79	H	N
NGUYÊN TỬ	7058	CA	LEU	148	-22,421	23,857	45,658	1,00	34,42	H	C
NGUYÊN TỬ	7059	CB	LEU	148	-21,402	23,008	46,425	1,00	35,26	H	C
NGUYÊN TỬ	7060	CG	LEU	148	-21,395	21,515	46,088	1,00	38,02	H	C
NGUYÊN TỬ	7061	CD1	LEU	148	-20,408	21,250	44,961	1,00	38,18	H	C
NGUYÊN TỬ	7062	CD2	LEU	148	-21,011	20,713	47,323	1,00	39,69	H	C
NGUYÊN TỬ	7063	C	LEU	148	-22,221	23,721	44,159	1,00	33,02	H	C
NGUYÊN TỬ	7064	O	LEU	148	-22,934	22,968	43,498	1,00	32,43	H	O
NGUYÊN TỬ	7065	N	GLY	149	-21,267	24,457	43,612	1,00	32,54	H	N
NGUYÊN TỬ	7066	CA	GLY	149	-21,040	24,349	42,187	1,00	35,20	H	C

NGUYÊN TỬ	7067	C	GLY	149	-19,729	24,945	41,742	1,00	35,35	H	C
NGUYÊN TỬ	7068	O	GLY	149	-18,812	25,171	42,537	1,00	34,93	H	O
NGUYÊN TỬ	7069	N	CYS	150	-19,626	25,201	40,451	1,00	36,17	H	N
NGUYÊN TỬ	7070	CA	CYS	150	-18,464	25,898	39,974	1,00	38,63	H	C
NGUYÊN TỬ	7071	C	CYS	150	-18,825	26,843	38,841	1,00	36,98	H	C
NGUYÊN TỬ	7072	O	CYS	150	-19,729	26,576	38,048	1,00	37,67	H	O
NGUYÊN TỬ	7073	CB	CYS	150	-17,360	24,886	39,601	1,00	42,69	H	C
NGUYÊN TỬ	7074	SG	CYS	150	-17,554	23,900	38,089	1,00	55,77	H	S
NGUYÊN TỬ	7075	N	LEU	151	-18,141	27,981	38,818	1,00	35,05	H	N
NGUYÊN TỬ	7076	CA	LEU	151	-18,431	29,068	37,898	1,00	33,32	H	C
NGUYÊN TỬ	7077	CB	LEU	151	-18,334	30,397	38,640	1,00	31,86	H	C
NGUYÊN TỬ	7078	CG	LEU	151	-18,258	31,673	37,803	1,00	34,10	H	C
NGUYÊN TỬ	7079	CD1	LEU	151	-19,607	31,930	37,141	1,00	31,52	H	C
NGUYÊN TỬ	7080	CD2	LEU	151	-17,863	32,841	38,701	1,00	32,35	H	C
NGUYÊN TỬ	7081	C	LEU	151	-17,415	29,035	36,764	1,00	35,15	H	C
NGUYÊN TỬ	7082	O	LEU	151	-16,204	29,012	37,002	1,00	34,70	H	O
NGUYÊN TỬ	7083	N	VAL	152	-17,909	29,034	35,531	1,00	35,15	H	N
NGUYÊN TỬ	7084	CA	VAL	152	-17,053	28,860	34,365	1,00	33,97	H	C
NGUYÊN TỬ	7085	CB	VAL	152	-17,542	27,662	33,519	1,00	34,25	H	C
NGUYÊN TỬ	7086	CG1	VAL	152	-16,662	27,474	32,298	1,00	33,15	H	C
NGUYÊN TỬ	7087	CG2	VAL	152	-17,540	26,398	34,373	1,00	33,07	H	C
NGUYÊN TỬ	7088	C	VAL	152	-17,090	30,136	33,536	1,00	35,52	H	C
NGUYÊN TỬ	7089	O	VAL	152	-18,059	30,388	32,816	1,00	35,70	H	O
NGUYÊN TỬ	7090	N	LYS	153	-16,025	30,931	33,644	1,00	35,56	H	N
NGUYÊN TỬ	7091	CA	LYS	153	-16,020	32,325	33,194	1,00	36,98	H	C
NGUYÊN TỬ	7092	CB	LYS	153	-15,435	33,227	34,288	1,00	37,29	H	C
NGUYÊN TỬ	7093	CG	LYS	153	-16,456	33,857	35,205	1,00	44,06	H	C
NGUYÊN TỬ	7094	CD	LYS	153	-15,778	34,702	36,286	1,00	45,54	H	C
NGUYÊN TỬ	7095	CE	LYS	153	-15,056	35,903	35,687	1,00	48,07	H	C
NGUYÊN TỬ	7096	NZ	LYS	153	-14,280	36,672	36,708	1,00	48,70	H	N
NGUYÊN TỬ	7097	C	LYS	153	-15,250	32,589	31,896	1,00	35,32	H	C
NGUYÊN TỬ	7098	O	LYS	153	-14,178	32,029	31,674	1,00	33,48	H	O
NGUYÊN TỬ	7099	N	ASP	154	-15,803	33,466	31,061	1,00	35,67	H	N
NGUYÊN TỬ	7100	CA	ASP	154	-15,069	34,081	29,951	1,00	38,13	H	C
NGUYÊN TỬ	7101	CB	ASP	154	-13,929	34,957	30,488	1,00	38,72	H	C
NGUYÊN TỬ	7102	CG	ASP	154	-14,421	36,122	31,326	1,00	42,66	H	C
NGUYÊN TỬ	7103	OD1	ASP	154	-15,540	36,626	31,078	1,00	42,06	H	O
NGUYÊN TỬ	7104	OD2	ASP	154	-13,675	36,538	32,241	1,00	47,57	H	O
NGUYÊN TỬ	7105	C	ASP	154	-14,473	33,096	28,945	1,00	37,85	H	C
NGUYÊN TỬ	7106	O	ASP	154	-13,271	33,134	28,676	1,00	39,38	H	O
NGUYÊN TỬ	7107	N	TYR	155	-15,286	32,217	28,377	1,00	36,72	H	N
NGUYÊN TỬ	7108	CA	TYR	155	-14,769	31,349	27,326	1,00	35,87	H	C
NGUYÊN TỬ	7109	CB	TYR	155	-15,004	29,883	27,690	1,00	35,27	H	C
NGUYÊN TỬ	7110	CG	TYR	155	-16,462	29,508	27,807	1,00	37,64	H	C
NGUYÊN TỬ	7111	CD1	TYR	155	-17,179	29,084	26,693	1,00	36,63	H	C
NGUYÊN TỬ	7112	CE1	TYR	155	-18,510	28,735	26,793	1,00	38,10	H	C
NGUYÊN TỬ	7113	CD2	TYR	155	-17,123	29,569	29,032	1,00	36,52	H	C
NGUYÊN TỬ	7114	CE2	TYR	155	-18,457	29,217	29,140	1,00	36,48	H	C
NGUYÊN TỬ	7115	CZ	TYR	155	-19,144	28,802	28,017	1,00	37,43	H	C
NGUYÊN TỬ	7116	OH	TYR	155	-20,475	28,465	28,105	1,00	38,45	H	O
NGUYÊN TỬ	7117	C	TYR	155	-15,398	31,670	25,966	1,00	36,12	H	C
NGUYÊN TỬ	7118	O	TYR	155	-16,382	32,414	25,881	1,00	35,25	H	O
NGUYÊN TỬ	7119	N	PHE	156	-14,814	31,116	24,908	1,00	36,85	H	N
NGUYÊN TỬ	7120	CA	PHE	156	-15,321	31,310	23,554	1,00	38,37	H	C
NGUYÊN TỬ	7121	CB	PHE	156	-15,072	32,745	23,088	1,00	38,82	H	C
NGUYÊN TỬ	7122	CG	PHE	156	-15,588	33,032	21,705	1,00	42,82	H	C
NGUYÊN TỬ	7123	CD1	PHE	156	-14,798	32,792	20,588	1,00	43,82	H	C
NGUYÊN TỬ	7124	CD2	PHE	156	-16,870	33,526	21,516	1,00	43,40	H	C
NGUYÊN TỬ	7125	CE1	PHE	156	-15,280	33,039	19,308	1,00	44,30	H	C
NGUYÊN TỬ	7126	CE2	PHE	156	-17,358	33,774	20,235	1,00	43,81	H	C
NGUYÊN TỬ	7127	CZ	PHE	156	-16,561	33,530	19,134	1,00	41,90	H	C
NGUYÊN TỬ	7128	C	PHE	156	-14,646	30,342	22,593	1,00	39,91	H	C
NGUYÊN TỬ	7129	O	PHE	156	-13,452	30,067	22,710	1,00	40,67	H	O
NGUYÊN TỬ	7130	N	PRO	157	-15,410	29,793	21,635	1,00	40,59	H	N
NGUYÊN TỬ	7131	CD	PRO	157	-14,843	29,059	20,491	1,00	41,29	H	C
NGUYÊN TỬ	7132	CA	PRO	157	-16,873	29,867	21,549	1,00	40,24	H	C
NGUYÊN TỬ	7133	CB	PRO	157	-17,141	29,658	20,065	1,00	41,39	H	C
NGUYÊN TỬ	7134	CG	PRO	157	-16,070	28,698	19,661	1,00	42,40	H	C
NGUYÊN TỬ	7135	C	PRO	157	-17,533	28,777	22,402	1,00	38,74	H	C
NGUYÊN TỬ	7136	O	PRO	157	-16,863	28,082	23,163	1,00	36,64	H	O
NGUYÊN TỬ	7137	N	GLU	158	-18,845	28,619	22,258	1,00	39,77	H	N
NGUYÊN TỬ	7138	CA	GLU	158	-19,543	27,476	22,849	1,00	41,74	H	C
NGUYÊN TỬ	7139	CB	GLU	158	-21,058	27,665	22,739	1,00	40,97	H	C
NGUYÊN TỬ	7140	CG	GLU	158	-21,620	28,752	23,634	1,00	42,42	H	C
NGUYÊN TỬ	7141	CD	GLU	158	-22,272	28,194	24,893	1,00	45,45	H	C
NGUYÊN TỬ	7142	OE1	GLU	158	-21,641	27,366	25,594	1,00	47,64	H	O

NGUYÊN TỬ	7143	OE2	GLU	158	-23,423	28,583	25,182	1,00	45,92	H	O
NGUYÊN TỬ	7144	C	GLU	158	-19,135	26,202	22,117	1,00	41,79	H	C
NGUYÊN TỬ	7145	O	GLU	158	-18,668	26,257	20,981	1,00	43,21	H	O
NGUYÊN TỬ	7146	N	PRO	159	-19,324	25,031	22,746	1,00	43,12	H	N
NGUYÊN TỬ	7147	CD	PRO	159	-19,151	23,773	21,993	1,00	40,80	H	C
NGUYÊN TỬ	7148	CA	PRO	159	-19,854	24,763	24,090	1,00	42,75	H	C
NGUYÊN TỬ	7149	CB	PRO	159	-20,732	23,545	23,861	1,00	41,21	H	C
NGUYÊN TỬ	7150	CG	PRO	159	-19,907	22,746	22,852	1,00	42,04	H	C
NGUYÊN TỬ	7151	C	PRO	159	-18,755	24,454	25,116	1,00	43,47	H	C
NGUYÊN TỬ	7152	O	PRO	159	-17,610	24,204	24,748	1,00	43,74	H	O
NGUYÊN TỬ	7153	N	VAL	160	-19,112	24,440	26,399	1,00	44,59	H	N
NGUYÊN TỬ	7154	CA	VAL	160	-18,333	23,682	27,381	1,00	45,26	H	C
NGUYÊN TỬ	7155	CB	VAL	160	-17,819	24,563	28,546	1,00	44,95	H	C
NGUYÊN TỬ	7156	CG1	VAL	160	-17,135	25,800	28,015	1,00	45,98	H	C
NGUYÊN TỬ	7157	CG2	VAL	160	-18,960	24,931	29,455	1,00	47,14	H	C
NGUYÊN TỬ	7158	C	VAL	160	-19,223	22,598	27,980	1,00	45,46	H	C
NGUYÊN TỬ	7159	O	VAL	160	-20,436	22,770	28,090	1,00	45,76	H	O
NGUYÊN TỬ	7160	N	THR	161	-18,621	21,479	28,358	1,00	44,80	H	N
NGUYÊN TỬ	7161	CA	THR	161	-19,341	20,457	29,095	1,00	45,47	H	C
NGUYÊN TỬ	7162	CB	THR	161	-19,128	19,065	28,470	1,00	47,53	H	C
NGUYÊN TỬ	7163	OG1	THR	161	-17,767	18,658	28,658	1,00	50,04	H	O
NGUYÊN TỬ	7164	CG2	THR	161	-19,424	19,101	26,973	1,00	47,52	H	C
NGUYÊN TỬ	7165	C	THR	161	-18,838	20,440	30,536	1,00	44,68	H	C
NGUYÊN TỬ	7166	O	THR	161	-17,665	20,714	30,800	1,00	44,39	H	O
NGUYÊN TỬ	7167	N	VAL	162	-19,733	20,131	31,468	1,00	43,69	H	N
NGUYÊN TỬ	7168	CA	VAL	162	-19,364	20,021	32,874	1,00	42,46	H	C
NGUYÊN TỬ	7169	CB	VAL	162	-19,983	21,165	33,710	1,00	41,02	H	C
NGUYÊN TỬ	7170	CG1	VAL	162	-19,557	21,033	35,159	1,00	39,15	H	C
NGUYÊN TỬ	7171	CG2	VAL	162	-19,553	22,510	33,154	1,00	39,60	H	C
NGUYÊN TỬ	7172	C	VAL	162	-19,853	18,692	33,439	1,00	42,98	H	C
NGUYÊN TỬ	7173	O	VAL	162	-21,023	18,344	33,302	1,00	44,77	H	O
NGUYÊN TỬ	7174	N	SER	163	-18,955	17,947	34,067	1,00	41,43	H	N
NGUYÊN TỬ	7175	CA	SER	163	-19,347	16,736	34,767	1,00	41,82	H	C
NGUYÊN TỬ	7176	CB	SER	163	-18,732	15,503	34,095	1,00	43,74	H	C
NGUYÊN TỬ	7177	OG	SER	163	-17,328	15,465	34,281	1,00	47,54	H	O
NGUYÊN TỬ	7178	C	SER	163	-18,854	16,852	36,199	1,00	40,92	H	C
NGUYÊN TỬ	7179	O	SER	163	-18,027	17,710	36,505	1,00	40,33	H	O
NGUYÊN TỬ	7180	N	TRP	164	-19,366	16,003	37,081	1,00	39,41	H	N
NGUYÊN TỬ	7181	CA	TRP	164	-18,936	16,031	38,469	1,00	39,92	H	C
NGUYÊN TỬ	7182	CB	TRP	164	-20,109	16,427	39,367	1,00	38,97	H	C
NGUYÊN TỬ	7183	CG	TRP	164	-20,453	17,878	39,251	1,00	36,68	H	C
NGUYÊN TỬ	7184	CD2	TRP	164	-19,970	18,936	40,083	1,00	35,35	H	C
NGUYÊN TỬ	7185	CE2	TRP	164	-20,531	20,138	39,599	1,00	35,70	H	C
NGUYÊN TỬ	7186	CE3	TRP	164	-19,117	18,986	41,189	1,00	35,83	H	C
NGUYÊN TỬ	7187	CD1	TRP	164	-21,268	18,463	38,320	1,00	36,06	H	C
NGUYÊN TỬ	7188	NE1	TRP	164	-21,319	19,823	38,524	1,00	34,61	H	N
NGUYÊN TỬ	7189	CZ2	TRP	164	-20,265	21,372	40,185	1,00	36,66	H	C
NGUYÊN TỬ	7190	CZ3	TRP	164	-18,853	20,214	41,770	1,00	38,04	H	C
NGUYÊN TỬ	7191	CH2	TRP	164	-19,427	21,392	41,266	1,00	37,96	H	C
NGUYÊN TỬ	7192	C	TRP	164	-18,365	14,690	38,899	1,00	41,57	H	C
NGUYÊN TỬ	7193	O	TRP	164	-18,923	13,641	38,579	1,00	41,54	H	O
NGUYÊN TỬ	7194	N	ASN	165	-17,247	14,734	39,623	1,00	43,99	H	N
NGUYÊN TỬ	7195	CA	ASN	165	-16,524	13,531	40,015	1,00	45,28	H	C
NGUYÊN TỬ	7196	CB	ASN	165	-17,216	12,870	41,211	1,00	44,38	H	C
NGUYÊN TỬ	7197	CG	ASN	165	-17,097	13,698	42,477	1,00	44,74	H	C
NGUYÊN TỬ	7198	OD1	ASN	165	-16,354	14,679	42,515	1,00	48,85	H	O
NGUYÊN TỬ	7199	ND2	ASN	165	-17,823	13,309	43,520	1,00	43,07	H	N
NGUYÊN TỬ	7200	C	ASN	165	-16,426	12,552	38,848	1,00	48,10	H	C
NGUYÊN TỬ	7201	O	ASN	165	-16,682	11,358	38,998	1,00	48,86	H	O
NGUYÊN TỬ	7202	N	SER	166	-16,071	13,075	37,679	1,00	50,62	H	N
NGUYÊN TỬ	7203	CA	SER	166	-15,795	12,251	36,507	1,00	54,00	H	C
NGUYÊN TỬ	7204	CB	SER	166	-14,620	11,310	36,787	1,00	54,39	H	C
NGUYÊN TỬ	7205	OG	SER	166	-13,465	12,038	37,171	1,00	56,87	H	O
NGUYÊN TỬ	7206	C	SER	166	-17,003	11,436	36,065	1,00	55,66	H	C
NGUYÊN TỬ	7207	O	SER	166	-16,854	10,353	35,505	1,00	56,97	H	O
NGUYÊN TỬ	7208	N	GLY	167	-18,199	11,958	36,317	1,00	56,98	H	N
NGUYÊN TỬ	7209	CA	GLY	167	-19,403	11,303	35,835	1,00	56,82	H	C
NGUYÊN TỬ	7210	C	GLY	167	-20,035	10,371	36,853	1,00	57,13	H	C
NGUYÊN TỬ	7211	O	GLY	167	-21,137	9,865	36,640	1,00	57,48	H	O
NGUYÊN TỬ	7212	N	ALA	168	-19,340	10,141	37,962	1,00	55,72	H	N
NGUYÊN TỬ	7213	CA	ALA	168	-19,868	9,296	39,024	1,00	56,14	H	C
NGUYÊN TỬ	7214	CB	ALA	168	-18,762	8,958	40,018	1,00	54,67	H	C
NGUYÊN TỬ	7215	C	ALA	168	-21,030	9,980	39,746	1,00	56,76	H	C
NGUYÊN TỬ	7216	O	ALA	168	-21,869	9,316	40,359	1,00	57,75	H	O
NGUYÊN TỬ	7217	N	LEU	169	-21,073	11,308	39,676	1,00	55,50	H	N
NGUYÊN TỬ	7218	CA	LEU	169	-22,129	12,076	40,325	1,00	53,11	H	C

NGUYÊN TỬ	7219	CB	LEU	169	-21,519	13,117	41,263	1,00	52,46	H	C
NGUYÊN TỬ	7220	CG	LEU	169	-22,471	14,079	41,979	1,00	52,36	H	C
NGUYÊN TỬ	7221	CD1	LEU	169	-23,459	13,291	42,831	1,00	50,70	H	C
NGUYÊN TỬ	7222	CD2	LEU	169	-21,660	15,036	42,847	1,00	50,44	H	C
NGUYÊN TỬ	7223	C	LEU	169	-22,989	12,761	39,273	1,00	52,77	H	C
NGUYÊN TỬ	7224	O	LEU	169	-22,540	13,678	38,588	1,00	52,53	H	O
NGUYÊN TỬ	7225	N	THR	170	-24,230	12,304	39,147	1,00	52,69	H	N
NGUYÊN TỬ	7226	CA	THR	170	-25,126	12,796	38,110	1,00	52,29	H	C
NGUYÊN TỬ	7227	CB	THR	170	-25,414	11,699	37,077	1,00	52,97	H	C
NGUYÊN TỬ	7228	OG1	THR	170	-25,938	10,543	37,744	1,00	52,52	H	O
NGUYÊN TỬ	7229	CG2	THR	170	-24,135	11,322	36,339	1,00	51,54	H	C
NGUYÊN TỬ	7230	C	THR	170	-26,447	13,274	38,702	1,00	52,12	H	C
NGUYÊN TỬ	7231	O	THR	170	-27,083	14,192	38,182	1,00	52,03	H	O
NGUYÊN TỬ	7232	N	SER	171	-26,854	12,649	39,798	1,00	51,23	H	N
NGUYÊN TỬ	7233	CA	SER	171	-28,080	13,042	40,469	1,00	50,24	H	C
NGUYÊN TỬ	7234	CB	SER	171	-28,477	11,974	41,490	1,00	51,95	H	C
NGUYÊN TỬ	7235	OG	SER	171	-29,732	12,268	42,075	1,00	55,96	H	O
NGUYÊN TỬ	7236	C	SER	171	-27,898	14,392	41,164	1,00	48,92	H	C
NGUYÊN TỬ	7237	O	SER	171	-26,913	14,607	41,879	1,00	48,18	H	O
NGUYÊN TỬ	7238	N	GLY	172	-28,848	15,298	40,946	1,00	46,35	H	N
NGUYÊN TỬ	7239	CA	GLY	172	-28,794	16,600	41,589	1,00	44,63	H	C
NGUYÊN TỬ	7240	C	GLY	172	-27,951	17,617	40,839	1,00	43,58	H	C
NGUYÊN TỬ	7241	O	GLY	172	-27,815	18,762	41,276	1,00	43,02	H	O
NGUYÊN TỬ	7242	N	VAL	173	-27,381	17,206	39,711	1,00	41,66	H	N
NGUYÊN TỬ	7243	CA	VAL	173	-26,556	18,099	38,907	1,00	40,61	H	C
NGUYÊN TỬ	7244	CB	VAL	173	-25,533	17,313	38,052	1,00	40,49	H	C
NGUYÊN TỬ	7245	CG1	VAL	173	-24,782	18,265	37,122	1,00	36,94	H	C
NGUYÊN TỬ	7246	CG2	VAL	173	-24,556	16,584	38,959	1,00	38,36	H	C
NGUYÊN TỬ	7247	C	VAL	173	-27,414	18,941	37,974	1,00	39,99	H	C
NGUYÊN TỬ	7248	O	VAL	173	-28,250	18,415	37,240	1,00	39,43	H	O
NGUYÊN TỬ	7249	N	HIS	174	-27,202	20,251	38,008	1,00	39,34	H	N
NGUYÊN TỬ	7250	CA	HIS	174	-27,856	21,144	37,065	1,00	39,73	H	C
NGUYÊN TỬ	7251	CB	HIS	174	-29,001	21,901	37,751	1,00	41,08	H	C
NGUYÊN TỬ	7252	CG	HIS	174	-29,858	22,680	36,800	1,00	45,12	H	C
NGUYÊN TỬ	7253	CD2	HIS	174	-29,788	22,828	35,455	1,00	46,87	H	C
NGUYÊN TỬ	7254	ND1	HIS	174	-30,944	23,424	37,210	1,00	47,42	H	N
NGUYÊN TỬ	7255	CE1	HIS	174	-31,506	23,997	36,159	1,00	46,85	H	C
NGUYÊN TỬ	7256	NE2	HIS	174	-30,823	23,652	35,082	1,00	47,87	H	N
NGUYÊN TỬ	7257	C	HIS	174	-26,850	22,135	36,485	1,00	38,58	H	C
NGUYÊN TỬ	7258	O	HIS	174	-26,371	23,035	37,176	1,00	37,51	H	O
NGUYÊN TỬ	7259	N	THR	175	-26,534	21,962	35,208	1,00	38,03	H	N
NGUYÊN TỬ	7260	CA	THR	175	-25,664	22,893	34,507	1,00	36,61	H	C
NGUYÊN TỬ	7261	CB	THR	175	-24,692	22,135	33,585	1,00	37,00	H	C
NGUYÊN TỬ	7262	OG1	THR	175	-23,814	21,331	34,390	1,00	36,64	H	O
NGUYÊN TỬ	7263	CG2	THR	175	-23,868	23,115	32,749	1,00	36,37	H	C
NGUYÊN TỬ	7264	C	THR	175	-26,504	23,868	33,694	1,00	36,47	H	C
NGUYÊN TỬ	7265	O	THR	175	-27,269	23,462	32,822	1,00	38,71	H	O
NGUYÊN TỬ	7266	N	PHE	176	-26,370	25,155	33,994	1,00	34,80	H	N
NGUYÊN TỬ	7267	CA	PHE	176	-27,245	26,165	33,416	1,00	33,49	H	C
NGUYÊN TỬ	7268	CB	PHE	176	-27,366	27,370	34,350	1,00	29,26	H	C
NGUYÊN TỬ	7269	CG	PHE	176	-28,218	27,117	35,554	1,00	29,36	H	C
NGUYÊN TỬ	7270	CD1	PHE	176	-27,803	26,234	36,543	1,00	28,93	H	C
NGUYÊN TỬ	7271	CD2	PHE	176	-29,437	27,761	35,701	1,00	26,76	H	C
NGUYÊN TỬ	7272	CE1	PHE	176	-28,597	25,997	37,666	1,00	30,31	H	C
NGUYÊN TỬ	7273	CE2	PHE	176	-30,233	27,532	36,814	1,00	28,16	H	C
NGUYÊN TỬ	7274	CZ	PHE	176	-29,812	26,648	37,798	1,00	29,02	H	C
NGUYÊN TỬ	7275	C	PHE	176	-26,734	26,636	32,068	1,00	34,89	H	C
NGUYÊN TỬ	7276	O	PHE	176	-25,530	26,650	31,822	1,00	35,66	H	O
NGUYÊN TỬ	7277	N	PRO	177	-27,652	27,033	31,175	1,00	35,42	H	N
NGUYÊN TỬ	7278	CD	PRO	177	-29,113	26,855	31,270	1,00	34,38	H	C
NGUYÊN TỬ	7279	CA	PRO	177	-27,251	27,589	29,881	1,00	35,34	H	C
NGUYÊN TỬ	7280	CB	PRO	177	-28,583	27,873	29,182	1,00	34,43	H	C
NGUYÊN TỬ	7281	CG	PRO	177	-29,548	26,907	29,830	1,00	35,56	H	C
NGUYÊN TỬ	7282	C	PRO	177	-26,419	28,848	30,082	1,00	35,62	H	C
NGUYÊN TỬ	7283	O	PRO	177	-26,689	29,640	30,986	1,00	37,58	H	O
NGUYÊN TỬ	7284	N	ALA	178	-25,410	29,022	29,237	1,00	34,61	H	N
NGUYÊN TỬ	7285	CA	ALA	178	-24,468	30,122	29,379	1,00	34,64	H	C
NGUYÊN TỬ	7286	CB	ALA	178	-23,295	29,930	28,424	1,00	32,42	H	C
NGUYÊN TỬ	7287	C	ALA	178	-25,129	31,466	29,121	1,00	34,20	H	C
NGUYÊN TỬ	7288	O	ALA	178	-26,116	31,560	28,394	1,00	35,25	H	O
NGUYÊN TỬ	7289	N	VAL	179	-24,583	32,507	29,734	1,00	33,24	H	N
NGUYÊN TỬ	7290	CA	VAL	179	-24,940	33,864	29,372	1,00	34,36	H	C
NGUYÊN TỬ	7291	CB	VAL	179	-24,935	34,784	30,613	1,00	35,45	H	C
NGUYÊN TỬ	7292	CG1	VAL	179	-23,532	34,865	31,198	1,00	34,78	H	C
NGUYÊN TỬ	7293	CG2	VAL	179	-25,460	36,158	30,246	1,00	33,91	H	C
NGUYÊN TỬ	7294	C	VAL	179	-23,904	34,352	28,359	1,00	35,86	H	C

NGUYÊN TỬ	7295	O	VAL	179	-22,734	33,962	28,413	1,00	34,73	H	O
NGUYÊN TỬ	7296	N	LEU	180	-24,336	35,180	27,416	1,00	39,05	H	N
NGUYÊN TỬ	7297	CA	LEU	180	-23,402	35,795	26,476	1,00	41,77	H	C
NGUYÊN TỬ	7298	CB	LEU	180	-23,998	35,815	25,065	1,00	41,69	H	C
NGUYÊN TỬ	7299	CG	LEU	180	-23,180	36,524	23,982	1,00	43,45	H	C
NGUYÊN TỬ	7300	CD1	LEU	180	-21,808	35,879	23,862	1,00	43,12	H	C
NGUYÊN TỬ	7301	CD2	LEU	180	-23,925	36,450	22,655	1,00	42,68	H	C
NGUYÊN TỬ	7302	C	LEU	180	-23,112	37,213	26,939	1,00	42,76	H	C
NGUYÊN TỬ	7303	O	LEU	180	-24,023	38,026	27,071	1,00	44,73	H	O
NGUYÊN TỬ	7304	N	GLN	181	-21,845	37,511	27,202	1,00	44,83	H	N
NGUYÊN TỬ	7305	CA	GLN	181	-21,494	38,815	27,750	1,00	47,27	H	C
NGUYÊN TỬ	7306	CB	GLN	181	-20,189	38,727	28,534	1,00	48,86	H	C
NGUYÊN TỬ	7307	CG	GLN	181	-20,135	37,607	29,554	1,00	52,26	H	C
NGUYÊN TỬ	7308	CD	GLN	181	-18,767	37,504	30,198	1,00	53,89	H	C
NGUYÊN TỬ	7309	OE1	GLN	181	-18,275	38,467	30,794	1,00	56,33	H	O
NGUYÊN TỬ	7310	NE2	GLN	181	-18,140	36,341	30,075	1,00	51,83	H	N
NGUYÊN TỬ	7311	C	GLN	181	-21,339	39,857	26,648	1,00	47,64	H	C
NGUYÊN TỬ	7312	O	GLN	181	-21,008	39,525	25,508	1,00	45,43	H	O
NGUYÊN TỬ	7313	N	SER	182	-21,569	41,117	27,005	1,00	48,50	H	N
NGUYÊN TỬ	7314	CA	SER	182	-21,284	42,241	26,117	1,00	50,22	H	C
NGUYÊN TỬ	7315	CB	SER	182	-21,346	43,553	26,897	1,00	50,75	H	C
NGUYÊN TỬ	7316	OG	SER	182	-22,606	43,704	27,526	1,00	55,71	H	O
NGUYÊN TỬ	7317	C	SER	182	-19,910	42,110	25,468	1,00	49,58	H	C
NGUYÊN TỬ	7318	O	SER	182	-19,711	42,528	24,327	1,00	50,47	H	O
NGUYÊN TỬ	7319	N	SER	183	-18,964	41,531	26,198	1,00	47,76	H	N
NGUYÊN TỬ	7320	CA	SER	183	-17,606	41,360	25,693	1,00	46,55	H	C
NGUYÊN TỬ	7321	CB	SER	183	-16,691	40,844	26,803	1,00	46,41	H	C
NGUYÊN TỬ	7322	OG	SER	183	-16,966	39,479	27,074	1,00	47,06	H	O
NGUYÊN TỬ	7323	C	SER	183	-17,558	40,375	24,533	1,00	45,50	H	C
NGUYÊN TỬ	7324	O	SER	183	-16,549	40,289	23,830	1,00	47,15	H	O
NGUYÊN TỬ	7325	N	GLY	184	-18,634	39,610	24,354	1,00	43,61	H	N
NGUYÊN TỬ	7326	CA	GLY	184	-18,630	38,554	23,354	1,00	41,62	H	C
NGUYÊN TỬ	7327	C	GLY	184	-18,155	37,206	23,873	1,00	41,63	H	C
NGUYÊN TỬ	7328	O	GLY	184	-18,108	36,225	23,127	1,00	42,12	H	O
NGUYÊN TỬ	7329	N	LEU	185	-17,797	37,151	25,154	1,00	41,06	H	N
NGUYÊN TỬ	7330	CA	LEU	185	-17,391	35,896	25,782	1,00	39,48	H	C
NGUYÊN TỬ	7331	CB	LEU	185	-16,222	36,147	26,740	1,00	40,59	H	C
NGUYÊN TỬ	7332	CG	LEU	185	-14,954	36,763	26,134	1,00	41,75	H	C
NGUYÊN TỬ	7333	CD1	LEU	185	-13,943	37,034	27,238	1,00	41,08	H	C
NGUYÊN TỬ	7334	CD2	LEU	185	-14,363	35,829	25,088	1,00	40,63	H	C
NGUYÊN TỬ	7335	C	LEU	185	-18,566	35,270	26,541	1,00	37,17	H	C
NGUYÊN TỬ	7336	O	LEU	185	-19,534	35,956	26,870	1,00	36,34	H	O
NGUYÊN TỬ	7337	N	TYR	186	-18,479	33,969	26,811	1,00	35,21	H	N
NGUYÊN TỬ	7338	CA	TYR	186	-19,544	33,257	27,520	1,00	35,82	H	C
NGUYÊN TỬ	7339	CB	TYR	186	-19,905	31,958	26,790	1,00	35,22	H	C
NGUYÊN TỬ	7340	CG	TYR	186	-20,484	32,132	25,400	1,00	38,74	H	C
NGUYÊN TỬ	7341	CD1	TYR	186	-21,859	32,213	25,201	1,00	39,50	H	C
NGUYÊN TỬ	7342	CE1	TYR	186	-22,393	32,334	23,930	1,00	41,29	H	C
NGUYÊN TỬ	7343	CD2	TYR	186	-19,658	32,181	24,286	1,00	37,63	H	C
NGUYÊN TỬ	7344	CE2	TYR	186	-20,178	32,304	23,018	1,00	40,69	H	C
NGUYÊN TỬ	7345	CZ	TYR	186	-21,545	32,378	22,840	1,00	43,16	H	C
NGUYÊN TỬ	7346	OH	TYR	186	-22,060	32,482	21,565	1,00	45,56	H	O
NGUYÊN TỬ	7347	C	TYR	186	-19,137	32,901	28,956	1,00	35,42	H	C
NGUYÊN TỬ	7348	O	TYR	186	-17,962	32,669	29,233	1,00	36,05	H	O
NGUYÊN TỬ	7349	N	SER	187	-20,118	32,841	29,854	1,00	33,07	H	N
NGUYÊN TỬ	7350	CA	SER	187	-19,939	32,219	31,166	1,00	33,69	H	C
NGUYÊN TỬ	7351	CB	SER	187	-19,760	33,293	32,249	1,00	30,64	H	C
NGUYÊN TỬ	7352	OG	SER	187	-18,614	34,090	31,992	1,00	31,70	H	O
NGUYÊN TỬ	7353	C	SER	187	-21,157	31,362	31,508	1,00	33,84	H	C
NGUYÊN TỬ	7354	O	SER	187	-22,288	31,709	31,153	1,00	33,92	H	O
NGUYÊN TỬ	7355	N	LEU	188	-20,932	30,247	32,198	1,00	33,13	H	N
NGUYÊN TỬ	7356	CA	LEU	188	-22,041	29,488	32,762	1,00	32,13	H	C
NGUYÊN TỬ	7357	CB	LEU	188	-22,372	28,284	31,880	1,00	30,17	H	C
NGUYÊN TỬ	7358	CG	LEU	188	-21,331	27,175	31,701	1,00	32,49	H	C
NGUYÊN TỬ	7359	CD1	LEU	188	-21,234	26,317	32,963	1,00	30,00	H	C
NGUYÊN TỬ	7360	CD2	LEU	188	-21,747	26,310	30,518	1,00	29,79	H	C
NGUYÊN TỬ	7361	C	LEU	188	-21,753	29,023	34,183	1,00	33,34	H	C
NGUYÊN TỬ	7362	O	LEU	188	-20,650	29,200	34,700	1,00	33,47	H	O
NGUYÊN TỬ	7363	N	SER	189	-22,758	28,430	34,814	1,00	32,89	H	N
NGUYÊN TỬ	7364	CA	SER	189	-22,580	27,833	36,125	1,00	32,77	H	C
NGUYÊN TỬ	7365	CB	SER	189	-23,270	28,675	37,201	1,00	31,98	H	C
NGUYÊN TỬ	7366	OG	SER	189	-22,656	29,947	37,313	1,00	33,26	H	O
NGUYÊN TỬ	7367	C	SER	189	-23,159	26,435	36,123	1,00	33,45	H	C
NGUYÊN TỬ	7368	O	SER	189	-24,163	26,164	35,458	1,00	32,42	H	O
NGUYÊN TỬ	7369	N	SER	190	-22,502	25,546	36,856	1,00	34,16	H	N
NGUYÊN TỬ	7370	CA	SER	190	-23,029	24,220	37,108	1,00	34,97	H	C

NGUYÊN TỬ	7371	CB	SER	190	-22,098	23,157	36,521	1,00	35,56	H	C
NGUYÊN TỬ	7372	OG	SER	190	-22,601	21,852	36,764	1,00	36,81	H	O
NGUYÊN TỬ	7373	C	SER	190	-23,130	24,049	38,617	1,00	36,41	H	C
NGUYÊN TỬ	7374	O	SER	190	-22,185	24,356	39,350	1,00	35,33	H	O
NGUYÊN TỬ	7375	N	VAL	191	-24,281	23,571	39,075	1,00	36,33	H	N
NGUYÊN TỬ	7376	CA	VAL	191	-24,522	23,382	40,495	1,00	38,43	H	C
NGUYÊN TỬ	7377	CB	VAL	191	-25,583	24,369	41,013	1,00	39,52	H	C
NGUYÊN TỬ	7378	CG1	VAL	191	-25,902	24,085	42,471	1,00	41,66	H	C
NGUYÊN TỬ	7379	CG2	VAL	191	-25,066	25,774	40,876	1,00	41,62	H	C
NGUYÊN TỬ	7380	C	VAL	191	-24,998	21,968	40,761	1,00	39,28	H	C
NGUYÊN TỬ	7381	O	VAL	191	-25,663	21,358	39,927	1,00	40,77	H	O
NGUYÊN TỬ	7382	N	VAL	192	-24,647	21,437	41,924	1,00	39,29	H	N
NGUYÊN TỬ	7383	CA	VAL	192	-25,145	20,134	42,316	1,00	38,27	H	C
NGUYÊN TỬ	7384	CB	VAL	192	-24,027	19,066	42,249	1,00	37,49	H	C
NGUYÊN TỬ	7385	CG1	VAL	192	-22,875	19,462	43,149	1,00	39,66	H	C
NGUYÊN TỬ	7386	CG2	VAL	192	-24,579	17,708	42,650	1,00	38,15	H	C
NGUYÊN TỬ	7387	C	VAL	192	-25,700	20,223	43,724	1,00	37,59	H	C
NGUYÊN TỬ	7388	O	VAL	192	-25,123	20,882	44,587	1,00	35,77	H	O
NGUYÊN TỬ	7389	N	THR	193	-26,838	19,576	43,944	1,00	39,03	H	N
NGUYÊN TỬ	7390	CA	THR	193	-27,465	19,546	45,264	1,00	40,19	H	C
NGUYÊN TỬ	7391	CB	THR	193	-29,000	19,651	45,142	1,00	42,63	H	C
NGUYÊN TỬ	7392	OG1	THR	193	-29,342	20,941	44,618	1,00	45,54	H	O
NGUYÊN TỬ	7393	CG2	THR	193	-29,675	19,459	46,504	1,00	41,23	H	C
NGUYÊN TỬ	7394	C	THR	193	-27,102	18,246	45,967	1,00	38,72	H	C
NGUYÊN TỬ	7395	O	THR	193	-27,343	17,163	45,438	1,00	38,35	H	O
NGUYÊN TỬ	7396	N	VAL	194	-26,508	18,357	47,150	1,00	38,96	H	N
NGUYÊN TỬ	7397	CA	VAL	194	-25,998	17,183	47,862	1,00	40,70	H	C
NGUYÊN TỬ	7398	CB	VAL	194	-24,452	17,105	47,801	1,00	38,53	H	C
NGUYÊN TỬ	7399	CG1	VAL	194	-23,986	17,097	46,362	1,00	39,05	H	C
NGUYÊN TỬ	7400	CG2	VAL	194	-23,841	18,271	48,566	1,00	34,97	H	C
NGUYÊN TỬ	7401	C	VAL	194	-26,402	17,197	49,333	1,00	42,41	H	C
NGUYÊN TỬ	7402	O	VAL	194	-26,782	18,239	49,876	1,00	42,66	H	O
NGUYÊN TỬ	7403	N	PRO	195	-26,315	16,035	50,003	1,00	44,22	H	N
NGUYÊN TỬ	7404	CD	PRO	195	-26,009	14,700	49,463	1,00	45,72	H	C
NGUYÊN TỬ	7405	CA	PRO	195	-26,603	15,989	51,439	1,00	46,23	H	C
NGUYÊN TỬ	7406	CB	PRO	195	-26,475	14,506	51,786	1,00	47,19	H	C
NGUYÊN TỬ	7407	CG	PRO	195	-26,632	13,788	50,476	1,00	47,45	H	C
NGUYÊN TỬ	7408	C	PRO	195	-25,585	16,838	52,191	1,00	47,52	H	C
NGUYÊN TỬ	7409	O	PRO	195	-24,381	16,671	52,005	1,00	48,34	H	O
NGUYÊN TỬ	7410	N	SER	196	-26,054	17,751	53,031	1,00	47,83	H	N
NGUYÊN TỬ	7411	CA	SER	196	-25,130	18,582	53,787	1,00	52,32	H	C
NGUYÊN TỬ	7412	CB	SER	196	-25,879	19,705	54,514	1,00	52,90	H	C
NGUYÊN TỬ	7413	OG	SER	196	-26,802	19,189	55,450	1,00	57,28	H	O
NGUYÊN TỬ	7414	C	SER	196	-24,354	17,737	54,789	1,00	53,77	H	C
NGUYÊN TỬ	7415	O	SER	196	-23,330	18,170	55,317	1,00	54,68	H	O
NGUYÊN TỬ	7416	N	SER	197	-24,838	16,526	55,045	1,00	55,89	H	N
NGUYÊN TỬ	7417	CA	SER	197	-24,154	15,615	55,957	1,00	58,39	H	C
NGUYÊN TỬ	7418	CB	SER	197	-25,098	14,489	56,397	1,00	57,25	H	C
NGUYÊN TỬ	7419	OG	SER	197	-25,329	13,570	55,345	1,00	56,57	H	O
NGUYÊN TỬ	7420	C	SER	197	-22,912	15,020	55,292	1,00	59,35	H	C
NGUYÊN TỬ	7421	O	SER	197	-21,974	14,607	55,970	1,00	59,77	H	O
NGUYÊN TỬ	7422	N	SER	198	-22,909	14,984	53,963	1,00	60,41	H	N
NGUYÊN TỬ	7423	CA	SER	198	-21,781	14,441	53,213	1,00	60,89	H	C
NGUYÊN TỬ	7424	CB	SER	198	-22,231	14,008	51,818	1,00	59,87	H	C
NGUYÊN TỬ	7425	OG	SER	198	-22,374	15,135	50,967	1,00	60,91	H	O
NGUYÊN TỬ	7426	C	SER	198	-20,659	15,470	53,080	1,00	61,53	H	C
NGUYÊN TỬ	7427	O	SER	198	-19,515	15,116	52,807	1,00	62,27	H	O
NGUYÊN TỬ	7428	N	LEU	199	-20,989	16,744	53,264	1,00	62,42	H	N
NGUYÊN TỬ	7429	CA	LEU	199	-19,986	17,799	53,170	1,00	63,79	H	C
NGUYÊN TỬ	7430	CB	LEU	199	-20,591	19,164	53,518	1,00	60,27	H	C
NGUYÊN TỬ	7431	CG	LEU	199	-21,688	19,724	52,607	1,00	58,84	H	C
NGUYÊN TỬ	7432	CD1	LEU	199	-22,169	21,058	53,158	1,00	56,44	H	C
NGUYÊN TỬ	7433	CD2	LEU	199	-21,159	19,886	51,190	1,00	56,85	H	C
NGUYÊN TỬ	7434	C	LEU	199	-18,859	17,490	54,142	1,00	66,35	H	C
NGUYÊN TỬ	7435	O	LEU	199	-19,092	17,296	55,337	1,00	68,30	H	O
NGUYÊN TỬ	7436	N	GLY	200	-17,635	17,437	53,634	1,00	67,32	H	N
NGUYÊN TỬ	7437	CA	GLY	200	-16,505	17,234	54,519	1,00	69,17	H	C
NGUYÊN TỬ	7438	C	GLY	200	-16,023	15,799	54,633	1,00	68,88	H	C
NGUYÊN TỬ	7439	O	GLY	200	-14,974	15,556	55,224	1,00	70,04	H	O
NGUYÊN TỬ	7440	N	THR	201	-16,771	14,846	54,083	1,00	67,65	H	N
NGUYÊN TỬ	7441	CA	THR	201	-16,241	13,493	53,930	1,00	67,09	H	C
NGUYÊN TỬ	7442	CB	THR	201	-17,079	12,444	54,702	1,00	67,94	H	C
NGUYÊN TỬ	7443	OG1	THR	201	-18,284	12,155	53,981	1,00	69,01	H	O
NGUYÊN TỬ	7444	CG2	THR	201	-17,430	12,967	56,094	1,00	67,66	H	C
NGUYÊN TỬ	7445	C	THR	201	-16,217	13,108	52,456	1,00	65,62	H	C
NGUYÊN TỬ	7446	O	THR	201	-15,265	12,486	51,984	1,00	66,99	H	O

NGUYÊN TỬ	7447	N	GLN	202	-17,265	13,482	51,731	1,00	63,03	H	N
NGUYÊN TỬ	7448	CA	GLN	202	-17,288	13,296	50,286	1,00	60,90	H	C
NGUYÊN TỬ	7449	CB	GLN	202	-18,726	13,167	49,795	1,00	61,55	H	C
NGUYÊN TỬ	7450	CG	GLN	202	-18,853	13,129	48,289	1,00	64,43	H	C
NGUYÊN TỬ	7451	CD	GLN	202	-18,191	11,913	47,677	1,00	66,51	H	C
NGUYÊN TỬ	7452	OE1	GLN	202	-18,749	10,814	47,694	1,00	67,79	H	O
NGUYÊN TỬ	7453	NE2	GLN	202	-16,994	12,103	47,129	1,00	66,84	H	N
NGUYÊN TỬ	7454	C	GLN	202	-16,617	14,487	49,607	1,00	58,78	H	C
NGUYÊN TỬ	7455	O	GLN	202	-16,892	15,641	49,936	1,00	58,19	H	O
NGUYÊN TỬ	7456	N	THR	203	-15,725	14,214	48,666	1,00	55,82	H	N
NGUYÊN TỬ	7457	CA	THR	203	-15,092	15,299	47,934	1,00	53,36	H	C
NGUYÊN TỬ	7458	CB	THR	203	-13,615	14,991	47,617	1,00	54,58	H	C
NGUYÊN TỬ	7459	OG1	THR	203	-13,537	13,811	46,810	1,00	55,09	H	O
NGUYÊN TỬ	7460	CG2	THR	203	-12,826	14,789	48,903	1,00	54,39	H	C
NGUYÊN TỬ	7461	C	THR	203	-15,838	15,553	46,631	1,00	49,49	H	C
NGUYÊN TỬ	7462	O	THR	203	-16,299	14,617	45,965	1,00	47,29	H	O
NGUYÊN TỬ	7463	N	TYR	204	-15,962	16,827	46,278	1,00	45,01	H	N
NGUYÊN TỬ	7464	CA	TYR	204	-16,675	17,202	45,068	1,00	42,84	H	C
NGUYÊN TỬ	7465	CB	TYR	204	-17,884	18,070	45,427	1,00	40,12	H	C
NGUYÊN TỬ	7466	CG	TYR	204	-18,919	17,314	46,224	1,00	38,49	H	C
NGUYÊN TỬ	7467	CD1	TYR	204	-19,065	17,527	47,590	1,00	38,48	H	C
NGUYÊN TỬ	7468	CE1	TYR	204	-19,994	16,806	48,330	1,00	38,92	H	C
NGUYÊN TỬ	7469	CD2	TYR	204	-19,731	16,362	45,615	1,00	38,50	H	C
NGUYÊN TỬ	7470	CE2	TYR	204	-20,659	15,639	46,343	1,00	38,51	H	C
NGUYÊN TỬ	7471	CZ	TYR	204	-20,785	15,866	47,699	1,00	38,77	H	C
NGUYÊN TỬ	7472	OH	TYR	204	-21,706	15,148	48,425	1,00	41,78	H	O
NGUYÊN TỬ	7473	C	TYR	204	-15,762	17,924	44,097	1,00	41,23	H	C
NGUYÊN TỬ	7474	O	TYR	204	-15,124	18,925	44,436	1,00	40,31	H	O
NGUYÊN TỬ	7475	N	ILE	205	-15,694	17,395	42,885	1,00	41,27	H	N
NGUYÊN TỬ	7476	CA	ILE	205	-14,812	17,944	41,868	1,00	41,45	H	C
NGUYÊN TỬ	7477	CB	ILE	205	-13,640	16,985	41,577	1,00	42,17	H	C
NGUYÊN TỬ	7478	CG2	ILE	205	-12,732	17,578	40,499	1,00	40,04	H	C
NGUYÊN TỬ	7479	CG1	ILE	205	-12,850	16,734	42,865	1,00	41,38	H	C
NGUYÊN TỬ	7480	CD1	ILE	205	-11,695	15,767	42,693	1,00	41,84	H	C
NGUYÊN TỬ	7481	C	ILE	205	-15,601	18,158	40,591	1,00	41,22	H	C
NGUYÊN TỬ	7482	O	ILE	205	-16,240	17,236	40,083	1,00	41,08	H	O
NGUYÊN TỬ	7483	N	CYS	206	-15,563	19,373	40,067	1,00	40,41	H	N
NGUYÊN TỬ	7484	CA	CYS	206	-16,252	19,629	38,819	1,00	42,57	H	C
NGUYÊN TỬ	7485	C	CYS	206	-15,242	19,546	37,667	1,00	42,00	H	C
NGUYÊN TỬ	7486	O	CYS	206	-14,135	20,079	37,752	1,00	41,39	H	O
NGUYÊN TỬ	7487	CB	CYS	206	-16,974	20,992	38,895	1,00	45,38	H	C
NGUYÊN TỬ	7488	SG	CYS	206	-16,108	22,456	38,247	1,00	54,25	H	S
NGUYÊN TỬ	7489	N	ASN	207	-15,613	18,832	36,609	1,00	40,73	H	N
NGUYÊN TỬ	7490	CA	ASN	207	-14,714	18,599	35,482	1,00	40,35	H	C
NGUYÊN TỬ	7491	CB	ASN	207	-14,680	17,109	35,124	1,00	39,81	H	C
NGUYÊN TỬ	7492	CG	ASN	207	-14,565	16,216	36,350	1,00	42,88	H	C
NGUYÊN TỬ	7493	OD1	ASN	207	-15,521	15,533	36,725	1,00	42,86	H	O
NGUYÊN TỬ	7494	ND2	ASN	207	-13,392	16,217	36,981	1,00	40,06	H	N
NGUYÊN TỬ	7495	C	ASN	207	-15,198	19,398	34,281	1,00	39,79	H	C
NGUYÊN TỬ	7496	O	ASN	207	-16,219	19,070	33,677	1,00	39,54	H	O
NGUYÊN TỬ	7497	N	VAL	208	-14,456	20,447	33,941	1,00	38,89	H	N
NGUYÊN TỬ	7498	CA	VAL	208	-14,853	21,353	32,875	1,00	39,31	H	C
NGUYÊN TỬ	7499	CB	VAL	208	-14,612	22,825	33,288	1,00	39,03	H	C
NGUYÊN TỬ	7500	CG1	VAL	208	-14,979	23,761	32,147	1,00	36,52	H	C
NGUYÊN TỬ	7501	CG2	VAL	208	-15,432	23,154	34,533	1,00	36,09	H	C
NGUYÊN TỬ	7502	C	VAL	208	-14,069	21,061	31,604	1,00	41,22	H	C
NGUYÊN TỬ	7503	O	VAL	208	-12,839	21,053	31,611	1,00	43,41	H	O
NGUYÊN TỬ	7504	N	ASN	209	-14,782	20,821	30,511	1,00	43,06	H	N
NGUYÊN TỬ	7505	CA	ASN	209	-14,136	20,546	29,234	1,00	44,34	H	C
NGUYÊN TỬ	7506	CB	ASN	209	-14,500	19,136	28,756	1,00	47,58	H	C
NGUYÊN TỬ	7507	CG	ASN	209	-13,650	18,677	27,578	1,00	54,59	H	C
NGUYÊN TỬ	7508	OD1	ASN	209	-12,994	19,486	26,913	1,00	57,77	H	O
NGUYÊN TỬ	7509	ND2	ASN	209	-13,657	17,372	27,316	1,00	55,14	H	N
NGUYÊN TỬ	7510	C	ASN	209	-14,556	21,583	28,196	1,00	43,67	H	C
NGUYÊN TỬ	7511	O	ASN	209	-15,745	21,776	27,942	1,00	44,34	H	O
NGUYÊN TỬ	7512	N	HIS	210	-13,573	22,261	27,612	1,00	42,73	H	N
NGUYÊN TỬ	7513	CA	HIS	210	-13,823	23,227	26,548	1,00	42,37	H	C
NGUYÊN TỬ	7514	CB	HIS	210	-13,448	24,636	27,019	1,00	41,38	H	C
NGUYÊN TỬ	7515	CG	HIS	210	-13,788	25,717	26,040	1,00	40,95	H	C
NGUYÊN TỬ	7516	CD2	HIS	210	-14,971	26,086	25,494	1,00	40,98	H	C
NGUYÊN TỬ	7517	ND1	HIS	210	-12,845	26,584	25,529	1,00	42,03	H	N
NGUYÊN TỬ	7518	CE1	HIS	210	-13,432	27,442	24,712	1,00	40,17	H	C
NGUYÊN TỬ	7519	NE2	HIS	210	-14,722	27,161	24,673	1,00	41,17	H	N
NGUYÊN TỬ	7520	C	HIS	210	-12,987	22,842	25,331	1,00	43,48	H	C
NGUYÊN TỬ	7521	O	HIS	210	-11,847	23,286	25,185	1,00	43,46	H	O
NGUYÊN TỬ	7522	N	LYS	211	-13,558	22,018	24,455	1,00	44,53	H	N

NGUYÊN TỬ	7523	CA	LYS	211	-12,811	21,468	23,328	1,00	45,35	H C
NGUYÊN TỬ	7524	CB	LYS	211	-13,644	20,393	22,623	1,00	48,43	H C
NGUYÊN TỬ	7525	CG	LYS	211	-13,903	19,179	23,508	1,00	54,24	H C
NGUYÊN TỬ	7526	CD	LYS	211	-14,558	18,028	22,751	1,00	59,93	H C
NGUYÊN TỬ	7527	CE	LYS	211	-14,674	16,781	23,638	1,00	63,06	H C
NGUYÊN TỬ	7528	NZ	LYS	211	-15,144	15,575	22,888	1,00	64,57	H N
NGUYÊN TỬ	7529	C	LYS	211	-12,313	22,501	22,317	1,00	41,93	H C
NGUYÊN TỬ	7530	O	LYS	211	-11,200	22,387	21,816	1,00	43,23	H O
NGUYÊN TỬ	7531	N	PRO	212	-13,113	23,534	22,020	1,00	40,22	H N
NGUYÊN TỬ	7532	CD	PRO	212	-14,467	23,852	22,506	1,00	38,83	H C
NGUYÊN TỬ	7533	CA	PRO	212	-12,628	24,526	21,052	1,00	41,43	H C
NGUYÊN TỬ	7534	CB	PRO	212	-13,702	25,618	21,083	1,00	39,54	H C
NGUYÊN TỬ	7535	CG	PRO	212	-14,939	24,906	21,540	1,00	37,50	H C
NGUYÊN TỬ	7536	C	PRO	212	-11,229	25,079	21,373	1,00	44,16	H C
NGUYÊN TỬ	7537	O	PRO	212	-10,457	25,394	20,464	1,00	46,27	H O
NGUYÊN TỬ	7538	N	SER	213	-10,903	25,187	22,661	1,00	44,31	H N
NGUYÊN TỬ	7539	CA	SER	213	-9,593	25,691	23,077	1,00	43,30	H C
NGUYÊN TỬ	7540	CB	SER	213	-9,751	26,781	24,139	1,00	43,36	H C
NGUYÊN TỬ	7541	OG	SER	213	-10,185	26,231	25,375	1,00	42,70	H O
NGUYÊN TỬ	7542	C	SER	213	-8,690	24,594	23,630	1,00	43,68	H C
NGUYÊN TỬ	7543	O	SER	213	-7,572	24,870	24,062	1,00	44,07	H O
NGUYÊN TỬ	7544	N	ASN	214	-9,172	23,357	23,630	1,00	43,44	H N
NGUYÊN TỬ	7545	CA	ASN	214	-8,372	22,234	24,110	1,00	46,08	H C
NGUYÊN TỬ	7546	CB	ASN	214	-7,097	22,093	23,272	1,00	48,48	H C
NGUYÊN TỬ	7547	CG	ASN	214	-7,388	21,690	21,832	1,00	52,65	H C
NGUYÊN TỬ	7548	OD1	ASN	214	-7,140	22,457	20,895	1,00	52,37	H O
NGUYÊN TỬ	7549	ND2	ASN	214	-7,919	20,483	21,652	1,00	52,33	H N
NGUYÊN TỬ	7550	C	ASN	214	-7,999	22,388	25,584	1,00	46,19	H C
NGUYÊN TỬ	7551	O	ASN	214	-6,891	22,046	25,996	1,00	45,93	H O
NGUYÊN TỬ	7552	N	THR	215	-8,935	22,904	26,372	1,00	45,35	H N
NGUYÊN TỬ	7553	CA	THR	215	-8,716	23,108	27,794	1,00	44,99	H C
NGUYÊN TỬ	7554	CB	THR	215	-9,062	24,553	28,198	1,00	44,21	H C
NGUYÊN TỬ	7555	OG1	THR	215	-8,385	25,468	27,329	1,00	44,83	H O
NGUYÊN TỬ	7556	CG2	THR	215	-8,635	24,822	29,632	1,00	43,77	H C
NGUYÊN TỬ	7557	C	THR	215	-9,599	22,162	28,608	1,00	45,50	H C
NGUYÊN TỬ	7558	O	THR	215	-10,815	22,122	28,414	1,00	45,25	H O
NGUYÊN TỬ	7559	N	LYS	216	-8,985	21,402	29,511	1,00	44,26	H N
NGUYÊN TỬ	7560	CA	LYS	216	-9,725	20,736	30,577	1,00	45,60	H C
NGUYÊN TỬ	7561	CB	LYS	216	-9,439	19,234	30,595	1,00	47,96	H C
NGUYÊN TỬ	7562	CG	LYS	216	-10,062	18,437	29,460	1,00	52,62	H C
NGUYÊN TỬ	7563	CD	LYS	216	-9,851	16,937	29,685	1,00	55,74	H C
NGUYÊN TỬ	7564	CE	LYS	216	-10,309	16,114	28,487	1,00	58,57	H C
NGUYÊN TỬ	7565	NZ	LYS	216	-9,548	16,453	27,249	1,00	60,46	H N
NGUYÊN TỬ	7566	C	LYS	216	-9,311	21,332	31,913	1,00	44,05	H C
NGUYÊN TỬ	7567	O	LYS	216	-8,132	21,579	32,144	1,00	43,16	H O
NGUYÊN TỬ	7568	N	VAL	217	-10,282	21,562	32,790	1,00	43,83	H N
NGUYÊN TỬ	7569	CA	VAL	217	-9,998	22,049	34,134	1,00	42,88	H C
NGUYÊN TỬ	7570	CB	VAL	217	-10,428	23,517	34,297	1,00	42,10	H C
NGUYÊN TỬ	7571	CG1	VAL	217	-10,096	24,003	35,702	1,00	40,43	H C
NGUYÊN TỬ	7572	CG2	VAL	217	-9,743	24,379	33,250	1,00	41,13	H C
NGUYÊN TỬ	7573	C	VAL	217	-10,734	21,216	35,178	1,00	44,48	H C
NGUYÊN TỬ	7574	O	VAL	217	-11,927	20,941	35,034	1,00	44,28	H O
NGUYÊN TỬ	7575	N	ASP	218	-10,021	20,812	36,224	1,00	45,43	H N
NGUYÊN TỬ	7576	CA	ASP	218	-10,647	20,153	37,368	1,00	46,54	H C
NGUYÊN TỬ	7577	CB	ASP	218	-9,980	18,810	37,663	1,00	49,28	H C
NGUYÊN TỬ	7578	CG	ASP	218	-10,346	17,743	36,657	1,00	54,06	H C
NGUYÊN TỬ	7579	OD1	ASP	218	-11,245	17,982	35,822	1,00	56,26	H O
NGUYÊN TỬ	7580	OD2	ASP	218	-9,732	16,658	36,701	1,00	59,11	H O
NGUYÊN TỬ	7581	C	ASP	218	-10,534	21,038	38,593	1,00	45,42	H C
NGUYÊN TỬ	7582	O	ASP	218	-9,450	21,515	38,925	1,00	45,41	H O
NGUYÊN TỬ	7583	N	LYS	219	-11,658	21,254	39,265	1,00	43,94	H N
NGUYÊN TỬ	7584	CA	LYS	219	-11,679	22,099	40,444	1,00	43,70	H C
NGUYÊN TỬ	7585	CB	LYS	219	-12,358	23,429	40,119	1,00	43,41	H C
NGUYÊN TỬ	7586	CG	LYS	219	-12,481	24,361	41,302	1,00	45,72	H C
NGUYÊN TỬ	7587	CD	LYS	219	-11,136	24,958	41,689	1,00	46,20	H C
NGUYÊN TỬ	7588	CE	LYS	219	-10,569	25,794	40,560	1,00	45,39	H C
NGUYÊN TỬ	7589	NZ	LYS	219	-9,622	26,809	41,087	1,00	48,37	H N
NGUYÊN TỬ	7590	C	LYS	219	-12,416	21,400	41,578	1,00	44,16	H C
NGUYÊN TỬ	7591	O	LYS	219	-13,581	21,035	41,442	1,00	44,32	H O
NGUYÊN TỬ	7592	N	LYS	220	-11,728	21,210	42,697	1,00	44,00	H N
NGUYÊN TỬ	7593	CA	LYS	220	-12,356	20,635	43,875	1,00	45,01	H C
NGUYÊN TỬ	7594	CB	LYS	220	-11,294	20,017	44,794	1,00	48,33	H C
NGUYÊN TỬ	7595	CG	LYS	220	-11,843	19,277	46,009	1,00	51,01	H C
NGUYÊN TỬ	7596	CD	LYS	220	-10,696	18,744	46,869	1,00	57,34	H C
NGUYÊN TỬ	7597	CE	LYS	220	-11,185	17,829	47,990	1,00	60,75	H C
NGUYÊN TỬ	7598	NZ	LYS	220	-11,920	18,562	49,066	1,00	62,49	H N

```
NGUYÊN TỬ   7599  C   LYS   220     -13,092  21,748  44,601  1,00 43,21       H    C
NGUYÊN TỬ   7600  O   LYS   220     -12,560  22,846  44,779  1,00 40,91       H    O
NGUYÊN TỬ   7601  N   VAL   221     -14,324  21,468  45,007  1,00 42,53       H    N
NGUYÊN TỬ   7602  CA  VAL   221     -15,142  22,475  45,666  1,00 43,36       H    C
NGUYÊN TỬ   7603  CB  VAL   221     -16,521  22,606  44,975  1,00 40,89       H    C
NGUYÊN TỬ   7604  CG1 VAL   221     -17,341  23,702  45,641  1,00 37,25       H    C
NGUYÊN TỬ   7605  CG2 VAL   221     -16,330  22,905  43,489  1,00 37,55       H    C
NGUYÊN TỬ   7606  C   VAL   221     -15,336  22,092  47,126  1,00 45,76       H    C
NGUYÊN TỬ   7607  O   VAL   221     -15,936  21,064  47,428  1,00 45,44       H    O
NGUYÊN TỬ   7608  N   GLU   222     -14,814  22,919  48,025  1,00 49,29       H    N
NGUYÊN TỬ   7609  CA  GLU   222     -14,822  22,613  49,455  1,00 53,13       H    C
NGUYÊN TỬ   7610  CB  GLU   222     -13,394  22,573  50,004  1,00 54,80       H    C
NGUYÊN TỬ   7611  CG  GLU   222     -12,501  21,504  49,408  1,00 59,95       H    C
NGUYÊN TỬ   7612  CD  GLU   222     -11,109  21,507  50,028  1,00 63,23       H    C
NGUYÊN TỬ   7613  OE1 GLU   222     -10,566  20,411  50,289  1,00 65,91       H    O
NGUYÊN TỬ   7614  OE2 GLU   222     -10,556  22,607  50,256  1,00 63,80       H    O
NGUYÊN TỬ   7615  C   GLU   222     -15,609  23,656  50,234  1,00 53,98       H    C
NGUYÊN TỬ   7616  O   GLU   222     -15,745  24,798  49,798  1,00 52,85       H    O
NGUYÊN TỬ   7617  N   PRO   223     -16,124  23,271  51,412  1,00 55,55       H    N
NGUYÊN TỬ   7618  CD  PRO   223     -16,157  21,876  51,886  1,00 55,58       H    C
NGUYÊN TỬ   7619  CA  PRO   223     -16,809  24,179  52,339  1,00 57,83       H    C
NGUYÊN TỬ   7620  CB  PRO   223     -17,228  23,267  53,492  1,00 57,45       H    C
NGUYÊN TỬ   7621  CG  PRO   223     -17,264  21,894  52,896  1,00 56,88       H    C
NGUYÊN TỬ   7622  C   PRO   223     -15,892  25,306  52,807  1,00 61,01       H    C
NGUYÊN TỬ   7623  O   PRO   223     -14,674  25,152  52,821  1,00 61,88       H    O
NGUYÊN TỬ   7624  N   LYS   224     -16,481  26,434  53,189  1,00 64,76       H    N
NGUYÊN TỬ   7625  CA  LYS   224     -15,710  27,608  53,598  1,00 68,89       H    C
NGUYÊN TỬ   7626  CB  LYS   224     -16,608  28,848  53,602  1,00 71,49       H    C
NGUYÊN TỬ   7627  CG  LYS   224     -17,358  29,095  52,302  1,00 74,50       H    C
NGUYÊN TỬ   7628  CD  LYS   224     -18,487  30,095  52,518  1,00 76,86       H    C
NGUYÊN TỬ   7629  CE  LYS   224     -19,142  30,504  51,212  1,00 77,87       H    C
NGUYÊN TỬ   7630  NZ  LYS   224     -20,308  31,401  51,451  1,00 78,94       H    N
NGUYÊN TỬ   7631  C   LYS   224     -15,090  27,431  54,988  1,00 69,98       H    C
NGUYÊN TỬ   7632  O   LYS   224     -13,862  27,636  55,125  1,00 70,34       H    O
NGUYÊN TỬ   7633  OXT LYS   224     -15,848  27,105  55,928  1,00 70,58       H    O
TER    7634       LYS   224                                              H
NGUYÊN TỬ   8057  NA  NA      1     -48,879  -0,173 -21,279  1,00 64,24       ION  N
TER    8058       NA      1                                              ION
END
```

Table 35,2

NGUYÊN TỬ	1	CB	THR	61	10,449	-40,746	-18,654	1,00	36,37	A	C
NGUYÊN TỬ	2	OG1	THR	61	10,788	-42,078	-18,244	1,00	39,29	A	O
NGUYÊN TỬ	3	CG2	THR	61	11,631	-39,827	-18,376	1,00	36,88	A	C
NGUYÊN TỬ	4	C	THR	61	9,503	-39,926	-16,424	1,00	32,74	A	C
NGUYÊN TỬ	5	O	THR	61	10,188	-38,932	-16,133	1,00	32,55	A	O
NGUYÊN TỬ	6	N	THR	61	8,558	-39,083	-18,582	1,00	33,91	A	N
NGUYÊN TỬ	7	CA	THR	61	9,165	-40,263	-17,892	1,00	34,36	A	C
NGUYÊN TỬ	8	N	ALA	62	9,017	-40,768	-15,509	1,00	30,00	A	N
NGUYÊN TỬ	9	CA	ALA	62	8,977	-40,452	-14,074	1,00	26,49	A	C
NGUYÊN TỬ	10	CB	ALA	62	8,158	-41,501	-13,337	1,00	24,81	A	C
NGUYÊN TỬ	11	C	ALA	62	10,345	-40,330	-13,425	1,00	24,06	A	C
NGUYÊN TỬ	12	O	ALA	62	11,301	-40,970	-13,849	1,00	26,36	A	O
NGUYÊN TỬ	13	N	THR	63	10,427	-39,513	-12,381	1,00	21,77	A	N
NGUYÊN TỬ	14	CA	THR	63	11,687	-39,264	-11,691	1,00	18,83	A	C
NGUYÊN TỬ	15	CB	THR	63	12,049	-37,757	-11,731	1,00	17,84	A	C
NGUYÊN TỬ	16	OG1	THR	63	11,064	-37,000	-11,029	1,00	19,65	A	O
NGUYÊN TỬ	17	CG2	THR	63	12,086	-37,256	-13,151	1,00	17,35	A	C
NGUYÊN TỬ	18	C	THR	63	11,667	-39,741	-10,234	1,00	17,55	A	C
NGUYÊN TỬ	19	O	THR	63	10,611	-39,991	-9,663	1,00	17,43	A	O
NGUYÊN TỬ	20	N	PHE	64	12,851	-39,886	-9,649	1,00	18,91	A	N
NGUYÊN TỬ	21	CA	PHE	64	12,987	-40,230	-8,239	1,00	18,70	A	C
NGUYÊN TỬ	22	CB	PHE	64	13,904	-41,433	-8,066	1,00	18,53	A	C
NGUYÊN TỬ	23	CG	PHE	64	14,182	-41,779	-6,631	1,00	19,76	A	C
NGUYÊN TỬ	24	CD1	PHE	64	13,146	-42,007	-5,745	1,00	21,07	A	C
NGUYÊN TỬ	25	CD2	PHE	64	15,479	-41,893	-6,169	1,00	20,97	A	C
NGUYÊN TỬ	26	CE1	PHE	64	13,405	-42,353	-4,418	1,00	22,93	A	C
NGUYÊN TỬ	27	CE2	PHE	64	15,745	-42,237	-4,847	1,00	20,76	A	C
NGUYÊN TỬ	28	CZ	PHE	64	14,712	-42,465	-3,972	1,00	20,85	A	C
NGUYÊN TỬ	29	C	PHE	64	13,562	-39,062	-7,457	1,00	19,32	A	C
NGUYÊN TỬ	30	O	PHE	64	14,475	-38,380	-7,932	1,00	19,55	A	O
NGUYÊN TỬ	31	N	HIS	65	13,028	-38,846	-6,256	1,00	19,72	A	N
NGUYÊN TỬ	32	CA	HIS	65	13,445	-37,744	-5,395	1,00	18,95	A	C
NGUYÊN TỬ	33	CB	HIS	65	12,394	-36,638	-5,417	1,00	17,76	A	C
NGUYÊN TỬ	34	CG	HIS	65	12,152	-36,074	-6,780	1,00	19,55	A	C
NGUYÊN TỬ	35	CD2	HIS	65	11,341	-36,481	-7,783	1,00	20,70	A	C
NGUYÊN TỬ	36	ND1	HIS	65	12,813	-34,962	-7,253	1,00	20,16	A	N
NGUYÊN TỬ	37	CE1	HIS	65	12,420	-34,709	-8,488	1,00	17,64	A	C
NGUYÊN TỬ	38	NE2	HIS	65	11,527	-35,616	-8,834	1,00	17,20	A	N
NGUYÊN TỬ	39	C	HIS	65	13,682	-38,196	-3,959	1,00	19,09	A	C
NGUYÊN TỬ	40	O	HIS	65	13,039	-39,123	-3,468	1,00	18,05	A	O
NGUYÊN TỬ	41	N	ARG	66	14,608	-37,519	-3,289	1,00	19,61	A	N
NGUYÊN TỬ	42	CA	ARG	66	15,107	-37,964	-2,000	1,00	20,80	A	C
NGUYÊN TỬ	43	CB	ARG	66	16,306	-38,873	-2,238	1,00	20,79	A	C
NGUYÊN TỬ	44	CG	ARG	66	16,797	-39,615	-1,039	1,00	23,33	A	C
NGUYÊN TỬ	45	CD	ARG	66	18,313	-39,719	-1,112	1,00	25,65	A	C
NGUYÊN TỬ	46	NE	ARG	66	18,769	-41,038	-1,533	1,00	25,62	A	N
NGUYÊN TỬ	47	CZ	ARG	66	20,031	-41,338	-1,827	1,00	24,86	A	C
NGUYÊN TỬ	48	NH1	ARG	66	20,346	-42,573	-2,195	1,00	24,37	A	N
NGUYÊN TỬ	49	NH2	ARG	66	20,974	-40,408	-1,760	1,00	23,60	A	N
NGUYÊN TỬ	50	C	ARG	66	15,496	-36,737	-1,172	1,00	22,22	A	C
NGUYÊN TỬ	51	O	ARG	66	15,836	-35,695	-1,727	1,00	21,06	A	O
NGUYÊN TỬ	52	N	CYS	67	15,429	-36,852	0,152	1,00	24,84	A	N
NGUYÊN TỬ	53	CA	CYS	67	15,637	-35,694	1,022	1,00	26,62	A	C
NGUYÊN TỬ	54	CB	CYS	67	15,124	-35,966	2,437	1,00	26,30	A	C
NGUYÊN TỬ	55	SG	CYS	67	15,480	-34,603	3,602	1,00	29,02	A	S
NGUYÊN TỬ	56	C	CYS	67	17,105	-35,321	1,107	1,00	28,15	A	C
NGUYÊN TỬ	57	O	CYS	67	17,951	-36,170	1,412	1,00	29,15	A	O
NGUYÊN TỬ	58	N	ALA	68	17,404	-34,045	0,863	1,00	28,74	A	N
NGUYÊN TỬ	59	CA	ALA	68	18,786	-33,593	0,787	1,00	28,43	A	C
NGUYÊN TỬ	60	CB	ALA	68	18,856	-32,228	0,139	1,00	27,23	A	C
NGUYÊN TỬ	61	C	ALA	68	19,438	-33,564	2,162	1,00	28,95	A	C
NGUYÊN TỬ	62	O	ALA	68	20,660	-33,551	2,270	1,00	30,22	A	O
NGUYÊN TỬ	63	N	LYS	69	18,623	-33,565	3,212	1,00	29,94	A	N
NGUYÊN TỬ	64	CA	LYS	69	19,131	-33,726	4,570	1,00	31,16	A	C
NGUYÊN TỬ	65	CB	LYS	69	18,197	-33,047	5,575	1,00	33,82	A	C
NGUYÊN TỬ	66	CG	LYS	69	17,843	-31,621	5,209	1,00	36,96	A	C
NGUYÊN TỬ	67	CD	LYS	69	18,947	-30,629	5,550	1,00	38,61	A	C
NGUYÊN TỬ	68	CE	LYS	69	18,481	-29,195	5,237	1,00	41,46	A	C
NGUYÊN TỬ	69	NZ	LYS	69	19,397	-28,113	5,730	1,00	40,68	A	N
NGUYÊN TỬ	70	C	LYS	69	19,233	-35,212	4,887	1,00	29,96	A	C
NGUYÊN TỬ	71	O	LYS	69	18,252	-35,845	5,273	1,00	30,13	A	O
NGUYÊN TỬ	72	N	ASP	70	20,427	-35,764	4,731	1,00	28,75	A	N
NGUYÊN TỬ	73	CA	ASP	70	20,580	-37,202	4,782	1,00	27,72	A	C
NGUYÊN TỬ	74	CB	ASP	70	22,052	-37,571	4,623	1,00	30,38	A	C

NGUYÊN TỬ	75	CG	ASP	70	22,243	-38,864	3,847	1,00	33,51	A	C
NGUYÊN TỬ	76	OD1	ASP	70	21,800	-38,932	2,675	1,00	34,66	A	O
NGUYÊN TỬ	77	OD2	ASP	70	22,834	-39,813	4,406	1,00	33,99	A	O
NGUYÊN TỬ	78	C	ASP	70	20,008	-37,850	6,045	1,00	25,79	A	C
NGUYÊN TỬ	79	O	ASP	70	19,346	-38,878	5,970	1,00	25,05	A	O
NGUYÊN TỬ	80	N	PRO	71	20,258	-37,265	7,225	1,00	24,83	A	N
NGUYÊN TỬ	81	CD	PRO	71	21,116	-36,107	7,526	1,00	24,43	A	C
NGUYÊN TỬ	82	CA	PRO	71	19,729	-37,890	8,445	1,00	24,69	A	C
NGUYÊN TỬ	83	CB	PRO	71	20,456	-37,157	9,572	1,00	24,48	A	C
NGUYÊN TỬ	84	CG	PRO	71	20,847	-35,854	8,980	1,00	24,31	A	C
NGUYÊN TỬ	85	C	PRO	71	18,207	-37,806	8,587	1,00	24,67	A	C
NGUYÊN TỬ	86	O	PRO	71	17,603	-38,557	9,353	1,00	25,53	A	O
NGUYÊN TỬ	87	N	TRP	72	17,589	-36,892	7,848	1,00	22,88	A	N
NGUYÊN TỬ	88	CA	TRP	72	16,145	-36,742	7,892	1,00	21,03	A	C
NGUYÊN TỬ	89	CB	TRP	72	15,749	-35,337	7,462	1,00	21,00	A	C
NGUYÊN TỬ	90	CG	TRP	72	16,168	-34,308	8,454	1,00	20,77	A	C
NGUYÊN TỬ	91	CD2	TRP	72	15,958	-32,894	8,366	1,00	18,78	A	C
NGUYÊN TỬ	92	CE2	TRP	72	16,470	-32,326	9,551	1,00	18,39	A	C
NGUYÊN TỬ	93	CE3	TRP	72	15,390	-32,056	7,406	1,00	16,68	A	C
NGUYÊN TỬ	94	CD1	TRP	72	16,785	-34,531	9,650	1,00	19,91	A	C
NGUYÊN TỬ	95	NE1	TRP	72	16,967	-33,345	10,316	1,00	19,30	A	N
NGUYÊN TỬ	96	CZ2	TRP	72	16,425	-30,956	9,796	1,00	15,74	A	C
NGUYÊN TỬ	97	CZ3	TRP	72	15,348	-30,701	7,654	1,00	14,03	A	C
NGUYÊN TỬ	98	CH2	TRP	72	15,861	-30,165	8,838	1,00	14,11	A	C
NGUYÊN TỬ	99	C	TRP	72	15,486	-37,762	6,993	1,00	21,80	A	C
NGUYÊN TỬ	100	O	TRP	72	14,281	-38,007	7,090	1,00	24,16	A	O
NGUYÊN TỬ	101	N	ARG	73	16,288	-38,362	6,120	1,00	21,43	A	N
NGUYÊN TỬ	102	CA	ARG	73	15,820	-39,451	5,266	1,00	18,71	A	C
NGUYÊN TỬ	103	CB	ARG	73	16,942	-39,936	4,341	1,00	15,20	A	C
NGUYÊN TỬ	104	CG	ARG	73	17,321	-38,950	3,272	1,00	13,51	A	C
NGUYÊN TỬ	105	CD	ARG	73	18,419	-39,521	2,401	1,00	15,16	A	C
NGUYÊN TỬ	106	NE	ARG	73	18,059	-40,830	1,856	1,00	15,36	A	N
NGUYÊN TỬ	107	CZ	ARG	73	18,930	-41,794	1,576	1,00	13,61	A	C
NGUYÊN TỬ	108	NH1	ARG	73	20,222	-41,601	1,793	1,00	10,92	A	N
NGUYÊN TỬ	109	NH2	ARG	73	18,507	-42,950	1,079	1,00	11,59	A	N
NGUYÊN TỬ	110	C	ARG	73	15,297	-40,629	6,081	1,00	17,55	A	C
NGUYÊN TỬ	111	O	ARG	73	15,826	-40,952	7,147	1,00	16,42	A	O
NGUYÊN TỬ	112	N	LEU	74	14,245	-41,248	5,556	1,00	17,09	A	N
NGUYÊN TỬ	113	CA	LEU	74	13,646	-42,438	6,131	1,00	17,51	A	C
NGUYÊN TỬ	114	CB	LEU	74	12,264	-42,115	6,721	1,00	16,82	A	C
NGUYÊN TỬ	115	CG	LEU	74	12,207	-41,101	7,868	1,00	17,36	A	C
NGUYÊN TỬ	116	CD1	LEU	74	10,767	-40,742	8,206	1,00	15,71	A	C
NGUYÊN TỬ	117	CD2	LEU	74	12,914	-41,689	9,069	1,00	14,95	A	C
NGUYÊN TỬ	118	C	LEU	74	13,493	-43,437	4,994	1,00	18,74	A	C
NGUYÊN TỬ	119	O	LEU	74	12,401	-43,611	4,451	1,00	20,09	A	O
NGUYÊN TỬ	120	N	PRO	75	14,594	-44,102	4,610	1,00	19,33	A	N
NGUYÊN TỬ	121	CD	PRO	75	15,932	-43,950	5,198	1,00	17,44	A	C
NGUYÊN TỬ	122	CA	PRO	75	14,608	-44,997	3,446	1,00	18,25	A	C
NGUYÊN TỬ	123	CB	PRO	75	16,091	-45,274	3,226	1,00	16,29	A	C
NGUYÊN TỬ	124	CG	PRO	75	16,714	-45,036	4,531	1,00	15,69	A	C
NGUYÊN TỬ	125	C	PRO	75	13,802	-46,280	3,619	1,00	18,01	A	C
NGUYÊN TỬ	126	O	PRO	75	13,625	-46,766	4,729	1,00	19,35	A	O
NGUYÊN TỬ	127	N	GLY	76	13,319	-46,828	2,510	1,00	17,66	A	N
NGUYÊN TỬ	128	CA	GLY	76	12,610	-48,092	2,568	1,00	16,82	A	C
NGUYÊN TỬ	129	C	GLY	76	11,119	-47,864	2,556	1,00	16,73	A	C
NGUYÊN TỬ	130	O	GLY	76	10,328	-48,792	2,431	1,00	16,37	A	O
NGUYÊN TỬ	131	N	THR	77	10,732	-46,610	2,702	1,00	16,94	A	N
NGUYÊN TỬ	132	CA	THR	77	9,352	-46,241	2,510	1,00	18,46	A	C
NGUYÊN TỬ	133	CB	THR	77	8,753	-45,699	3,799	1,00	20,12	A	C
NGUYÊN TỬ	134	OG1	THR	77	8,988	-46,643	4,850	1,00	22,67	A	O
NGUYÊN TỬ	135	CG2	THR	77	7,250	-45,499	3,642	1,00	20,19	A	C
NGUYÊN TỬ	136	C	THR	77	9,301	-45,189	1,427	1,00	17,73	A	C
NGUYÊN TỬ	137	O	THR	77	10,106	-44,259	1,415	1,00	17,66	A	O
NGUYÊN TỬ	138	N	TYR	78	8,362	-45,354	0,501	1,00	18,93	A	N
NGUYÊN TỬ	139	CA	TYR	78	8,281	-44,474	-0,656	1,00	19,73	A	C
NGUYÊN TỬ	140	CB	TYR	78	8,854	-45,173	-1,892	1,00	18,09	A	C
NGUYÊN TỬ	141	CG	TYR	78	10,285	-45,575	-1,679	1,00	19,07	A	C
NGUYÊN TỬ	142	CD1	TYR	78	10,601	-46,777	-1,050	1,00	19,20	A	C
NGUYÊN TỬ	143	CE1	TYR	78	11,909	-47,114	-0,777	1,00	18,84	A	C
NGUYÊN TỬ	144	CD2	TYR	78	11,323	-44,727	-2,035	1,00	18,89	A	C
NGUYÊN TỬ	145	CE2	TYR	78	12,633	-45,061	-1,771	1,00	18,34	A	C
NGUYÊN TỬ	146	CZ	TYR	78	12,917	-46,252	-1,137	1,00	18,13	A	C
NGUYÊN TỬ	147	OH	TYR	78	14,215	-46,565	-0,835	1,00	20,00	A	O
NGUYÊN TỬ	148	C	TYR	78	6,861	-44,025	-0,917	1,00	20,34	A	C
NGUYÊN TỬ	149	O	TYR	78	5,894	-44,735	-0,617	1,00	21,95	A	O
NGUYÊN TỬ	150	N	VAL	79	6,750	-42,826	-1,472	1,00	20,31	A	N

NGUYÊN TỬ	151	CA	VAL	79	5,460	-42,246	-1,791	1,00	19,33	A	C
NGUYÊN TỬ	152	CB	VAL	79	5,336	-40,845	-1,171	1,00	19,66	A	C
NGUYÊN TỬ	153	CG1	VAL	79	3,957	-40,279	-1,436	1,00	20,37	A	C
NGUYÊN TỬ	154	CG2	VAL	79	5,620	-40,916	0,319	1,00	17,38	A	C
NGUYÊN TỬ	155	C	VAL	79	5,344	-42,140	-3,302	1,00	18,08	A	C
NGUYÊN TỬ	156	O	VAL	79	5,816	-41,188	-3,900	1,00	18,83	A	O
NGUYÊN TỬ	157	N	VAL	80	4,716	-43,129	-3,919	1,00	18,93	A	N
NGUYÊN TỬ	158	CA	VAL	80	4,508	-43,112	-5,359	1,00	18,97	A	C
NGUYÊN TỬ	159	CB	VAL	80	4,142	-44,508	-5,872	1,00	18,62	A	C
NGUYÊN TỬ	160	CG1	VAL	80	4,083	-44,504	-7,391	1,00	16,15	A	C
NGUYÊN TỬ	161	CG2	VAL	80	5,150	-45,513	-5,356	1,00	16,43	A	C
NGUYÊN TỬ	162	C	VAL	80	3,386	-42,157	-5,727	1,00	19,40	A	C
NGUYÊN TỬ	163	O	VAL	80	2,241	-42,362	-5,327	1,00	19,75	A	O
NGUYÊN TỬ	164	N	VAL	81	3,733	-41,123	-6,492	1,00	20,81	A	N
NGUYÊN TỬ	165	CA	VAL	81	2,808	-40,060	-6,889	1,00	22,10	A	C
NGUYÊN TỬ	166	CB	VAL	81	3,451	-38,651	-6,730	1,00	22,25	A	C
NGUYÊN TỬ	167	CG1	VAL	81	2,536	-37,580	-7,304	1,00	19,18	A	C
NGUYÊN TỬ	168	CG2	VAL	81	3,718	-38,366	-5,264	1,00	22,64	A	C
NGUYÊN TỬ	169	C	VAL	81	2,398	-40,229	-8,341	1,00	24,17	A	C
NGUYÊN TỬ	170	O	VAL	81	3,212	-40,105	-9,259	1,00	24,19	A	O
NGUYÊN TỬ	171	N	LEU	82	1,123	-40,509	-8,546	1,00	26,03	A	N
NGUYÊN TỬ	172	CA	LEU	82	0,622	-40,717	-9,885	1,00	27,03	A	C
NGUYÊN TỬ	173	CB	LEU	82	-0,593	-41,641	-9,828	1,00	27,37	A	C
NGUYÊN TỬ	174	CG	LEU	82	-0,289	-42,868	-8,959	1,00	28,39	A	C
NGUYÊN TỬ	175	CD1	LEU	82	-1,516	-43,767	-8,828	1,00	28,17	A	C
NGUYÊN TỬ	176	CD2	LEU	82	0,889	-43,627	-9,574	1,00	27,31	A	C
NGUYÊN TỬ	177	C	LEU	82	0,261	-39,362	-10,448	1,00	27,34	A	C
NGUYÊN TỬ	178	O	LEU	82	0,098	-38,404	-9,701	1,00	24,96	A	O
NGUYÊN TỬ	179	N	LYS	83	0,162	-39,279	-11,768	1,00	30,55	A	N
NGUYÊN TỬ	180	CA	LYS	83	-0,317	-38,067	-12,414	1,00	33,51	A	C
NGUYÊN TỬ	181	CB	LYS	83	-0,422	-38,286	-13,915	1,00	31,93	A	C
NGUYÊN TỬ	182	CG	LYS	83	0,905	-38,539	-14,576	1,00	34,59	A	C
NGUYÊN TỬ	183	CD	LYS	83	0,707	-39,240	-15,898	1,00	37,08	A	C
NGUYÊN TỬ	184	CE	LYS	83	1,989	-39,282	-16,705	1,00	38,83	A	C
NGUYÊN TỬ	185	NZ	LYS	83	1,749	-39,874	-18,052	1,00	40,48	A	N
NGUYÊN TỬ	186	C	LYS	83	-1,682	-37,702	-11,852	1,00	36,22	A	C
NGUYÊN TỬ	187	O	LYS	83	-2,568	-38,553	-11,750	1,00	36,20	A	O
NGUYÊN TỬ	188	N	GLU	84	-1,855	-36,440	-11,475	1,00	38,84	A	N
NGUYÊN TỬ	189	CA	GLU	84	-3,128	-36,023	-10,919	1,00	40,89	A	C
NGUYÊN TỬ	190	CB	GLU	84	-3,069	-34,579	-10,428	1,00	42,22	A	C
NGUYÊN TỬ	191	CG	GLU	84	-2,933	-33,546	-11,512	1,00	46,22	A	C
NGUYÊN TỬ	192	CD	GLU	84	-3,066	-32,138	-10,964	1,00	49,28	A	C
NGUYÊN TỬ	193	OE1	GLU	84	-3,370	-31,995	-9,759	1,00	50,03	A	O
NGUYÊN TỬ	194	OE2	GLU	84	-2,872	-31,173	-11,734	1,00	51,27	A	O
NGUYÊN TỬ	195	C	GLU	84	-4,181	-36,171	-11,996	1,00	41,56	A	C
NGUYÊN TỬ	196	O	GLU	84	-3,880	-36,094	-13,190	1,00	40,94	A	O
NGUYÊN TỬ	197	N	GLU	85	-5,413	-36,399	-11,558	1,00	42,71	A	N
NGUYÊN TỬ	198	CA	GLU	85	-6,483	-36,829	-12,443	1,00	43,97	A	C
NGUYÊN TỬ	199	CB	GLU	85	-6,446	-36,052	-13,759	1,00	47,49	A	C
NGUYÊN TỬ	200	CG	GLU	85	-6,820	-34,579	-13,615	1,00	53,47	A	C
NGUYÊN TỬ	201	CD	GLU	85	-6,879	-33,857	-14,955	1,00	57,25	A	C
NGUYÊN TỬ	202	OE1	GLU	85	-7,821	-33,053	-15,160	1,00	58,40	A	O
NGUYÊN TỬ	203	OE2	GLU	85	-5,985	-34,096	-15,804	1,00	58,66	A	O
NGUYÊN TỬ	204	C	GLU	85	-6,407	-38,323	-12,724	1,00	41,83	A	C
NGUYÊN TỬ	205	O	GLU	85	-7,152	-38,839	-13,549	1,00	42,95	A	O
NGUYÊN TỬ	206	N	THR	86	-5,503	-39,019	-12,042	1,00	39,72	A	N
NGUYÊN TỬ	207	CA	THR	86	-5,578	-40,471	-11,973	1,00	36,25	A	C
NGUYÊN TỬ	208	CB	THR	86	-4,213	-41,106	-11,608	1,00	34,62	A	C
NGUYÊN TỬ	209	OG1	THR	86	-3,301	-40,957	-12,701	1,00	30,95	A	O
NGUYÊN TỬ	210	CG2	THR	86	-4,379	-42,585	-11,295	1,00	33,47	A	C
NGUYÊN TỬ	211	C	THR	86	-6,599	-40,825	-10,902	1,00	35,99	A	C
NGUYÊN TỬ	212	O	THR	86	-6,593	-40,255	-9,817	1,00	36,01	A	O
NGUYÊN TỬ	213	N	HIS	87	-7,482	-41,761	-11,213	1,00	35,71	A	N
NGUYÊN TỬ	214	CA	HIS	87	-8,564	-42,089	-10,312	1,00	36,27	A	C
NGUYÊN TỬ	215	CB	HIS	87	-9,823	-42,388	-11,112	1,00	38,72	A	C
NGUYÊN TỬ	216	CG	HIS	87	-10,446	-41,172	-11,715	1,00	41,65	A	C
NGUYÊN TỬ	217	CD2	HIS	87	-11,072	-40,117	-11,143	1,00	41,88	A	C
NGUYÊN TỬ	218	ND1	HIS	87	-10,461	-40,937	-13,074	1,00	43,71	A	N
NGUYÊN TỬ	219	CE1	HIS	87	-11,070	-39,790	-13,314	1,00	43,53	A	C
NGUYÊN TỬ	220	NE2	HIS	87	-11,451	-39,273	-12,159	1,00	43,79	A	N
NGUYÊN TỬ	221	C	HIS	87	-8,239	-43,251	-9,393	1,00	35,80	A	C
NGUYÊN TỬ	222	O	HIS	87	-7,406	-44,097	-9,705	1,00	36,51	A	O
NGUYÊN TỬ	223	N	LEU	88	-8,925	-43,288	-8,258	1,00	34,46	A	N
NGUYÊN TỬ	224	CA	LEU	88	-8,567	-44,177	-7,168	1,00	32,12	A	C
NGUYÊN TỬ	225	CB	LEU	88	-9,537	-43,994	-6,004	1,00	28,85	A	C
NGUYÊN TỬ	226	CG	LEU	88	-9,207	-44,893	-4,817	1,00	26,89	A	C

NGUYÊN TỬ	227	CD1	LEU	88	-7,810	-44,563	-4,298	1,00	25,11	A	C
NGUYÊN TỬ	228	CD2	LEU	88	-10,249	-44,724	-3,744	1,00	24,99	A	C
NGUYÊN TỬ	229	C	LEU	88	-8,511	-45,652	-7,549	1,00	31,90	A	C
NGUYÊN TỬ	230	O	LEU	88	-7,850	-46,438	-6,866	1,00	32,53	A	O
NGUYÊN TỬ	231	N	SER	89	-9,184	-46,038	-8,628	1,00	31,60	A	N
NGUYÊN TỬ	232	CA	SER	89	-9,173	-47,440	-9,012	1,00	32,76	A	C
NGUYÊN TỬ	233	CB	SER	89	-10,412	-47,801	-9,813	1,00	32,88	A	C
NGUYÊN TỬ	234	OG	SER	89	-10,215	-47,494	-11,183	1,00	37,17	A	O
NGUYÊN TỬ	235	C	SER	89	-7,938	-47,674	-9,875	1,00	32,28	A	C
NGUYÊN TỬ	236	O	SER	89	-7,371	-48,771	-9,852	1,00	32,59	A	O
NGUYÊN TỬ	237	N	GLN	90	-7,533	-46,652	-10,641	1,00	33,53	A	N
NGUYÊN TỬ	238	CA	GLN	90	-6,260	-46,691	-11,384	1,00	35,45	A	C
NGUYÊN TỬ	239	CB	GLN	90	-6,130	-45,500	-12,337	1,00	38,30	A	C
NGUYÊN TỬ	240	CG	GLN	90	-7,054	-45,578	-13,538	1,00	41,60	A	C
NGUYÊN TỬ	241	CD	GLN	90	-7,386	-44,199	-14,107	1,00	44,93	A	C
NGUYÊN TỬ	242	OE1	GLN	90	-6,964	-43,179	-13,553	1,00	46,74	A	O
NGUYÊN TỬ	243	NE2	GLN	90	-8,148	-44,162	-15,214	1,00	46,21	A	N
NGUYÊN TỬ	244	C	GLN	90	-5,081	-46,714	-10,399	1,00	33,56	A	C
NGUYÊN TỬ	245	O	GLN	90	-4,123	-47,444	-10,636	1,00	33,85	A	O
NGUYÊN TỬ	246	N	SER	91	-5,176	-45,966	-9,289	1,00	32,27	A	N
NGUYÊN TỬ	247	CA	SER	91	-4,234	-46,079	-8,168	1,00	31,90	A	C
NGUYÊN TỬ	248	CB	SER	91	-4,673	-45,187	-7,010	1,00	32,61	A	C
NGUYÊN TỬ	249	OG	SER	91	-4,020	-43,938	-7,044	1,00	35,88	A	O
NGUYÊN TỬ	250	C	SER	91	-4,116	-47,509	-7,667	1,00	30,46	A	C
NGUYÊN TỬ	251	O	SER	91	-3,053	-48,115	-7,740	1,00	29,82	A	O
NGUYÊN TỬ	252	N	GLU	92	-5,219	-48,040	-7,159	1,00	30,78	A	N
NGUYÊN TỬ	253	CA	GLU	92	-5,238	-49,385	-6,616	1,00	29,62	A	C
NGUYÊN TỬ	254	CB	GLU	92	-6,652	-49,765	-6,200	1,00	30,03	A	C
NGUYÊN TỬ	255	CG	GLU	92	-7,297	-48,854	-5,173	1,00	31,12	A	C
NGUYÊN TỬ	256	CD	GLU	92	-8,720	-49,289	-4,847	1,00	33,15	A	C
NGUYÊN TỬ	257	OE1	GLU	92	-9,229	-50,204	-5,540	1,00	33,55	A	O
NGUYÊN TỬ	258	OE2	GLU	92	-9,326	-48,720	-3,908	1,00	32,58	A	O
NGUYÊN TỬ	259	C	GLU	92	-4,738	-50,399	-7,632	1,00	28,84	A	C
NGUYÊN TỬ	260	O	GLU	92	-4,051	-51,353	-7,275	1,00	27,60	A	O
NGUYÊN TỬ	261	N	ARG	93	-5,087	-50,202	-8,899	1,00	28,96	A	N
NGUYÊN TỬ	262	CA	ARG	93	-4,744	-51,186	-9,911	1,00	29,05	A	C
NGUYÊN TỬ	263	CB	ARG	93	-5,381	-50,820	-11,259	1,00	31,00	A	C
NGUYÊN TỬ	264	CG	ARG	93	-5,574	-52,005	-12,218	1,00	34,57	A	C
NGUYÊN TỬ	265	CD	ARG	93	-6,296	-51,599	-13,519	1,00	39,82	A	C
NGUYÊN TỬ	266	NE	ARG	93	-7,724	-51,277	-13,341	1,00	44,62	A	N
NGUYÊN TỬ	267	CZ	ARG	93	-8,288	-50,103	-13,651	1,00	45,59	A	C
NGUYÊN TỬ	268	NH1	ARG	93	-9,594	-49,903	-13,456	1,00	44,61	A	N
NGUYÊN TỬ	269	NH2	ARG	93	-7,548	-49,120	-14,155	1,00	45,28	A	N
NGUYÊN TỬ	270	C	ARG	93	-3,229	-51,201	-10,020	1,00	27,72	A	C
NGUYÊN TỬ	271	O	ARG	93	-2,613	-52,261	-10,149	1,00	26,82	A	O
NGUYÊN TỬ	272	N	THR	94	-2,640	-50,011	-9,932	1,00	27,00	A	N
NGUYÊN TỬ	273	CA	THR	94	-1,197	-49,837	-10,068	1,00	26,48	A	C
NGUYÊN TỬ	274	CB	THR	94	-0,822	-48,354	-10,250	1,00	25,41	A	C
NGUYÊN TỬ	275	OG1	THR	94	-1,140	-47,942	-11,585	1,00	24,63	A	O
NGUYÊN TỬ	276	CG2	THR	94	0,657	-48,145	-9,995	1,00	25,11	A	C
NGUYÊN TỬ	277	C	THR	94	-0,407	-50,388	-8,894	1,00	26,50	A	C
NGUYÊN TỬ	278	O	THR	94	0,637	-51,007	-9,081	1,00	26,28	A	O
NGUYÊN TỬ	279	N	ALA	95	-0,898	-50,155	-7,684	1,00	26,80	A	N
NGUYÊN TỬ	280	CA	ALA	95	-0,282	-50,736	-6,508	1,00	26,79	A	C
NGUYÊN TỬ	281	CB	ALA	95	-1,066	-50,347	-5,265	1,00	25,54	A	C
NGUYÊN TỬ	282	C	ALA	95	-0,241	-52,257	-6,662	1,00	27,87	A	C
NGUYÊN TỬ	283	O	ALA	95	0,753	-52,893	-6,322	1,00	28,83	A	O
NGUYÊN TỬ	284	N	ARG	96	-1,318	-52,841	-7,180	1,00	28,88	A	N
NGUYÊN TỬ	285	CA	ARG	96	-1,386	-54,297	-7,327	1,00	28,84	A	C
NGUYÊN TỬ	286	CB	ARG	96	-2,785	-54,731	-7,793	1,00	29,30	A	C
NGUYÊN TỬ	287	CG	ARG	96	-3,808	-54,845	-6,680	1,00	29,85	A	C
NGUYÊN TỬ	288	CD	ARG	96	-5,163	-55,261	-7,206	1,00	31,96	A	C
NGUYÊN TỬ	289	NE	ARG	96	-6,184	-54,262	-6,887	1,00	36,30	A	N
NGUYÊN TỬ	290	CZ	ARG	96	-6,973	-53,679	-7,789	1,00	37,39	A	C
NGUYÊN TỬ	291	NH1	ARG	96	-7,874	-52,774	-7,410	1,00	37,42	A	N
NGUYÊN TỬ	292	NH2	ARG	96	-6,865	-54,005	-9,072	1,00	37,61	A	N
NGUYÊN TỬ	293	C	ARG	96	-0,336	-54,783	-8,320	1,00	28,39	A	C
NGUYÊN TỬ	294	O	ARG	96	0,303	-55,814	-8,113	1,00	28,76	A	O
NGUYÊN TỬ	295	N	ARG	97	-0,163	-54,019	-9,391	1,00	27,77	A	N
NGUYÊN TỬ	296	CA	ARG	97	0,755	-54,372	-10,459	1,00	28,70	A	C
NGUYÊN TỬ	297	CB	ARG	97	0,576	-53,397	-11,628	1,00	30,62	A	C
NGUYÊN TỬ	298	CG	ARG	97	1,419	-53,715	-12,834	1,00	34,83	A	C
NGUYÊN TỬ	299	CD	ARG	97	1,054	-52,827	-14,005	1,00	39,80	A	C
NGUYÊN TỬ	300	NE	ARG	97	0,580	-53,596	-15,155	1,00	43,80	A	N
NGUYÊN TỬ	301	CZ	ARG	97	-0,693	-53,661	-15,537	1,00	45,70	A	C
NGUYÊN TỬ	302	NH1	ARG	97	-1,037	-54,385	-16,595	1,00	47,10	A	N

NGUYÊN TỬ	303	NH2	ARG	97	-1,627	-53,000	-14,865	1,00	45,89	A	N
NGUYÊN TỬ	304	C	ARG	97	2,202	-54,346	-9,964	1,00	27,88	A	C
NGUYÊN TỬ	305	O	ARG	97	2,983	-55,253	-10,248	1,00	28,38	A	O
NGUYÊN TỬ	306	N	LEU	98	2,545	-53,296	-9,223	1,00	27,13	A	N
NGUYÊN TỬ	307	CA	LEU	98	3,852	-53,161	-8,585	1,00	23,63	A	C
NGUYÊN TỬ	308	CB	LEU	98	3,863	-51,911	-7,705	1,00	23,28	A	C
NGUYÊN TỬ	309	CG	LEU	98	4,960	-51,732	-6,656	1,00	24,24	A	C
NGUYÊN TỬ	310	CD1	LEU	98	6,330	-51,842	-7,301	1,00	25,92	A	C
NGUYÊN TỬ	311	CD2	LEU	98	4,798	-50,374	-5,996	1,00	23,55	A	C
NGUYÊN TỬ	312	C	LEU	98	4,115	-54,376	-7,732	1,00	22,69	A	C
NGUYÊN TỬ	313	O	LEU	98	5,145	-55,031	-7,849	1,00	23,28	A	O
NGUYÊN TỬ	314	N	GLN	99	3,147	-54,664	-6,874	1,00	22,76	A	N
NGUYÊN TỬ	315	CA	GLN	99	3,208	-55,766	-5,931	1,00	21,72	A	C
NGUYÊN TỬ	316	CB	GLN	99	1,848	-55,904	-5,261	1,00	23,87	A	C
NGUYÊN TỬ	317	CG	GLN	99	1,895	-56,405	-3,838	1,00	28,10	A	C
NGUYÊN TỬ	318	CD	GLN	99	1,583	-55,309	-2,857	1,00	28,27	A	C
NGUYÊN TỬ	319	OE1	GLN	99	1,373	-55,555	-1,669	1,00	29,74	A	O
NGUYÊN TỬ	320	NE2	GLN	99	1,551	-54,078	-3,351	1,00	29,27	A	N
NGUYÊN TỬ	321	C	GLN	99	3,569	-57,066	-6,644	1,00	20,42	A	C
NGUYÊN TỬ	322	O	GLN	99	4,434	-57,822	-6,196	1,00	18,61	A	O
NGUYÊN TỬ	323	N	ALA	100	2,886	-57,306	-7,759	1,00	19,89	A	N
NGUYÊN TỬ	324	CA	ALA	100	3,071	-58,504	-8,567	1,00	19,33	A	C
NGUYÊN TỬ	325	CB	ALA	100	2,023	-58,546	-9,668	1,00	17,45	A	C
NGUYÊN TỬ	326	C	ALA	100	4,464	-58,551	-9,180	1,00	18,79	A	C
NGUYÊN TỬ	327	O	ALA	100	5,216	-59,499	-8,959	1,00	21,98	A	O
NGUYÊN TỬ	328	N	GLN	101	4,803	-57,524	-9,950	1,00	16,83	A	N
NGUYÊN TỬ	329	CA	GLN	101	6,090	-57,452	-10,617	1,00	14,81	A	C
NGUYÊN TỬ	330	CB	GLN	101	6,204	-56,118	-11,339	1,00	14,22	A	C
NGUYÊN TỬ	331	CG	GLN	101	5,063	-55,912	-12,293	1,00	17,42	A	C
NGUYÊN TỬ	332	CD	GLN	101	5,207	-54,679	-13,146	1,00	20,01	A	C
NGUYÊN TỬ	333	OE1	GLN	101	4,281	-54,306	-13,870	1,00	24,17	A	O
NGUYÊN TỬ	334	NE2	GLN	101	6,364	-54,033	-13,070	1,00	20,43	A	N
NGUYÊN TỬ	335	C	GLN	101	7,217	-57,602	-9,607	1,00	15,13	A	C
NGUYÊN TỬ	336	O	GLN	101	8,253	-58,205	-9,893	1,00	14,83	A	O
NGUYÊN TỬ	337	N	ALA	102	6,997	-57,054	-8,417	1,00	14,58	A	N
NGUYÊN TỬ	338	CA	ALA	102	7,975	-57,129	-7,348	1,00	13,30	A	C
NGUYÊN TỬ	339	CB	ALA	102	7,632	-56,117	-6,279	1,00	11,40	A	C
NGUYÊN TỬ	340	C	ALA	102	8,047	-58,536	-6,749	1,00	13,44	A	C
NGUYÊN TỬ	341	O	ALA	102	9,107	-58,993	-6,339	1,00	12,59	A	O
NGUYÊN TỬ	342	N	ALA	103	6,918	-59,226	-6,698	1,00	15,23	A	N
NGUYÊN TỬ	343	CA	ALA	103	6,904	-60,566	-6,142	1,00	17,52	A	C
NGUYÊN TỬ	344	CB	ALA	103	5,488	-61,014	-5,894	1,00	13,93	A	C
NGUYÊN TỬ	345	C	ALA	103	7,587	-61,500	-7,124	1,00	20,68	A	C
NGUYÊN TỬ	346	O	ALA	103	8,338	-62,395	-6,731	1,00	20,64	A	O
NGUYÊN TỬ	347	N	ARG	104	7,329	-61,291	-8,407	1,00	23,25	A	N
NGUYÊN TỬ	348	CA	ARG	104	7,976	-62,104	-9,411	1,00	26,07	A	C
NGUYÊN TỬ	349	CB	ARG	104	7,556	-61,665	-10,806	1,00	28,33	A	C
NGUYÊN TỬ	350	CG	ARG	104	6,248	-62,282	-11,215	1,00	33,77	A	C
NGUYÊN TỬ	351	CD	ARG	104	5,898	-61,942	-12,629	1,00	39,49	A	C
NGUYÊN TỬ	352	NE	ARG	104	4,707	-61,099	-12,687	1,00	46,45	A	N
NGUYÊN TỬ	353	CZ	ARG	104	4,716	-59,802	-12,988	1,00	48,94	A	C
NGUYÊN TỬ	354	NH1	ARG	104	3,572	-59,128	-13,016	1,00	50,90	A	N
NGUYÊN TỬ	355	NH2	ARG	104	5,861	-59,179	-13,265	1,00	49,24	A	N
NGUYÊN TỬ	356	C	ARG	104	9,481	-62,001	-9,257	1,00	27,46	A	C
NGUYÊN TỬ	357	O	ARG	104	10,200	-62,974	-9,467	1,00	29,34	A	O
NGUYÊN TỬ	358	N	ARG	105	9,963	-60,828	-8,874	1,00	28,17	A	N
NGUYÊN TỬ	359	CA	ARG	105	11,384	-60,669	-8,636	1,00	27,57	A	C
NGUYÊN TỬ	360	CB	ARG	105	11,786	-59,203	-8,778	1,00	29,99	A	C
NGUYÊN TỬ	361	CG	ARG	105	11,942	-58,762	-10,220	1,00	34,08	A	C
NGUYÊN TỬ	362	CD	ARG	105	12,558	-57,373	-10,326	1,00	38,94	A	C
NGUYÊN TỬ	363	NE	ARG	105	14,002	-57,376	-10,107	1,00	43,02	A	N
NGUYÊN TỬ	364	CZ	ARG	105	14,688	-56,338	-9,635	1,00	46,10	A	C
NGUYÊN TỬ	365	NH1	ARG	105	16,004	-56,429	-9,470	1,00	48,21	A	N
NGUYÊN TỬ	366	NH2	ARG	105	14,057	-55,210	-9,319	1,00	46,61	A	N
NGUYÊN TỬ	367	C	ARG	105	11,775	-61,195	-7,260	1,00	26,22	A	C
NGUYÊN TỬ	368	O	ARG	105	12,947	-61,228	-6,917	1,00	25,88	A	O
NGUYÊN TỬ	369	N	GLY	106	10,793	-61,609	-6,473	1,00	26,12	A	N
NGUYÊN TỬ	370	CA	GLY	106	11,090	-62,194	-5,174	1,00	25,74	A	C
NGUYÊN TỬ	371	C	GLY	106	11,029	-61,231	-4,000	1,00	25,62	A	C
NGUYÊN TỬ	372	O	GLY	106	11,455	-61,566	-2,892	1,00	25,64	A	O
NGUYÊN TỬ	373	N	TYR	107	10,497	-60,035	-4,237	1,00	25,48	A	N
NGUYÊN TỬ	374	CA	TYR	107	10,483	-58,990	-3,222	1,00	25,01	A	C
NGUYÊN TỬ	375	CB	TYR	107	10,780	-57,627	-3,846	1,00	24,93	A	C
NGUYÊN TỬ	376	CG	TYR	107	12,237	-57,386	-4,137	1,00	26,36	A	C
NGUYÊN TỬ	377	CD1	TYR	107	13,070	-56,810	-3,183	1,00	25,53	A	C
NGUYÊN TỬ	378	CE1	TYR	107	14,406	-56,570	-3,448	1,00	26,30	A	C

NGUYÊN TỬ	379	CD2	TYR	107	12,781	-57,724	-5,369	1,00	26,57	A	C
NGUYÊN TỬ	380	CE2	TYR	107	14,117	-57,487	-5,647	1,00	27,76	A	C
NGUYÊN TỬ	381	CZ	TYR	107	14,927	-56,909	-4,684	1,00	28,67	A	C
NGUYÊN TỬ	382	OH	TYR	107	16,248	-56,640	-4,975	1,00	29,04	A	O
NGUYÊN TỬ	383	C	TYR	107	9,173	-58,906	-2,471	1,00	24,19	A	C
NGUYÊN TỬ	384	O	TYR	107	8,110	-58,711	-3,054	1,00	25,14	A	O
NGUYÊN TỬ	385	N	LEU	108	9,266	-59,045	-1,159	1,00	24,06	A	N
NGUYÊN TỬ	386	CA	LEU	108	8,158	-58,736	-0,275	1,00	23,48	A	C
NGUYÊN TỬ	387	CB	LEU	108	8,537	-59,153	1,142	1,00	22,61	A	C
NGUYÊN TỬ	388	CG	LEU	108	7,498	-58,975	2,234	1,00	24,41	A	C
NGUYÊN TỬ	389	CD1	LEU	108	6,261	-59,780	1,881	1,00	27,40	A	C
NGUYÊN TỬ	390	CD2	LEU	108	8,078	-59,433	3,562	1,00	25,45	A	C
NGUYÊN TỬ	391	C	LEU	108	7,891	-57,223	-0,343	1,00	22,40	A	C
NGUYÊN TỬ	392	O	LEU	108	8,830	-56,431	-0,309	1,00	23,50	A	O
NGUYÊN TỬ	393	N	THR	109	6,625	-56,822	-0,464	1,00	21,22	A	N
NGUYÊN TỬ	394	CA	THR	109	6,268	-55,405	-0,403	1,00	19,07	A	C
NGUYÊN TỬ	395	CB	THR	109	6,087	-54,760	-1,794	1,00	19,59	A	C
NGUYÊN TỬ	396	OG1	THR	109	4,895	-55,264	-2,398	1,00	19,90	A	O
NGUYÊN TỬ	397	CG2	THR	109	7,274	-55,056	-2,694	1,00	20,38	A	C
NGUYÊN TỬ	398	C	THR	109	4,956	-55,235	0,309	1,00	17,86	A	C
NGUYÊN TỬ	399	O	THR	109	4,152	-56,150	0,351	1,00	17,14	A	O
NGUYÊN TỬ	400	N	LYS	110	4,741	-54,044	0,849	1,00	18,44	A	N
NGUYÊN TỬ	401	CA	LYS	110	3,512	-53,738	1,552	1,00	19,57	A	C
NGUYÊN TỬ	402	CB	LYS	110	3,736	-53,841	3,054	1,00	20,21	A	C
NGUYÊN TỬ	403	CG	LYS	110	2,505	-53,554	3,861	1,00	22,66	A	C
NGUYÊN TỬ	404	CD	LYS	110	2,449	-54,457	5,061	1,00	24,45	A	C
NGUYÊN TỬ	405	CE	LYS	110	1,013	-54,835	5,367	1,00	26,17	A	C
NGUYÊN TỬ	406	NZ	LYS	110	0,944	-56,041	6,235	1,00	28,22	A	N
NGUYÊN TỬ	407	C	LYS	110	3,001	-52,347	1,219	1,00	19,90	A	C
NGUYÊN TỬ	408	O	LYS	110	3,728	-51,359	1,344	1,00	20,91	A	O
NGUYÊN TỬ	409	N	ILE	111	1,741	-52,270	0,809	1,00	19,04	A	N
NGUYÊN TỬ	410	CA	ILE	111	1,085	-50,982	0,623	1,00	18,90	A	C
NGUYÊN TỬ	411	CB	ILE	111	-0,029	-51,093	-0,406	1,00	17,72	A	C
NGUYÊN TỬ	412	CG2	ILE	111	-0,751	-49,766	-0,525	1,00	18,36	A	C
NGUYÊN TỬ	413	CG1	ILE	111	0,559	-51,524	-1,750	1,00	19,16	A	C
NGUYÊN TỬ	414	CD1	ILE	111	1,519	-50,522	-2,347	1,00	17,38	A	C
NGUYÊN TỬ	415	C	ILE	111	0,498	-50,431	1,927	1,00	18,80	A	C
NGUYÊN TỬ	416	O	ILE	111	-0,408	-51,018	2,512	1,00	17,44	A	O
NGUYÊN TỬ	417	N	LEU	112	1,016	-49,291	2,373	1,00	19,52	A	N
NGUYÊN TỬ	418	CA	LEU	112	0,667	-48,762	3,687	1,00	19,22	A	C
NGUYÊN TỬ	419	CB	LEU	112	1,845	-47,976	4,273	1,00	19,32	A	C
NGUYÊN TỬ	420	CG	LEU	112	3,124	-48,811	4,439	1,00	22,22	A	C
NGUYÊN TỬ	421	CD1	LEU	112	4,303	-47,914	4,746	1,00	22,17	A	C
NGUYÊN TỬ	422	CD2	LEU	112	2,935	-49,838	5,534	1,00	20,39	A	C
NGUYÊN TỬ	423	C	LEU	112	-0,565	-47,883	3,622	1,00	18,62	A	C
NGUYÊN TỬ	424	O	LEU	112	-1,298	-47,762	4,599	1,00	18,34	A	O
NGUYÊN TỬ	425	N	HIS	113	-0,800	-47,284	2,460	1,00	18,84	A	N
NGUYÊN TỬ	426	CA	HIS	113	-1,900	-46,344	2,299	1,00	19,02	A	C
NGUYÊN TỬ	427	CB	HIS	113	-1,589	-45,050	3,057	1,00	20,19	A	C
NGUYÊN TỬ	428	CG	HIS	113	-2,658	-44,007	2,949	1,00	22,51	A	C
NGUYÊN TỬ	429	CD2	HIS	113	-2,829	-42,992	2,066	1,00	22,37	A	C
NGUYÊN TỬ	430	ND1	HIS	113	-3,716	-43,931	3,830	1,00	21,62	A	N
NGUYÊN TỬ	431	CE1	HIS	113	-4,492	-42,916	3,494	1,00	21,55	A	C
NGUYÊN TỬ	432	NE2	HIS	113	-3,977	-42,330	2,428	1,00	21,95	A	N
NGUYÊN TỬ	433	C	HIS	113	-2,114	-46,036	0,829	1,00	18,98	A	C
NGUYÊN TỬ	434	O	HIS	113	-1,163	-45,968	0,059	1,00	19,75	A	O
NGUYÊN TỬ	435	N	VAL	114	-3,366	-45,854	0,434	1,00	19,49	A	N
NGUYÊN TỬ	436	CA	VAL	114	-3,662	-45,387	-0,910	1,00	20,33	A	C
NGUYÊN TỬ	437	CB	VAL	114	-4,528	-46,418	-1,678	1,00	19,03	A	C
NGUYÊN TỬ	438	CG1	VAL	114	-4,729	-45,983	-3,119	1,00	16,98	A	C
NGUYÊN TỬ	439	CG2	VAL	114	-3,865	-47,777	-1,635	1,00	18,60	A	C
NGUYÊN TỬ	440	C	VAL	114	-4,414	-44,071	-0,793	1,00	21,30	A	C
NGUYÊN TỬ	441	O	VAL	114	-5,416	-43,998	-0,098	1,00	22,35	A	O
NGUYÊN TỬ	442	N	PHE	115	-3,932	-43,035	-1,468	1,00	22,44	A	N
NGUYÊN TỬ	443	CA	PHE	115	-4,532	-41,713	-1,351	1,00	25,41	A	C
NGUYÊN TỬ	444	CB	PHE	115	-3,513	-40,640	-1,757	1,00	26,99	A	C
NGUYÊN TỬ	445	CG	PHE	115	-2,287	-40,613	-0,890	1,00	27,32	A	C
NGUYÊN TỬ	446	CD1	PHE	115	-1,182	-41,383	-1,209	1,00	26,01	A	C
NGUYÊN TỬ	447	CD2	PHE	115	-2,247	-39,836	0,259	1,00	26,96	A	C
NGUYÊN TỬ	448	CE1	PHE	115	-0,068	-41,383	-0,403	1,00	24,13	A	C
NGUYÊN TỬ	449	CE2	PHE	115	-1,130	-39,833	1,070	1,00	25,59	A	C
NGUYÊN TỬ	450	CZ	PHE	115	-0,043	-40,607	0,736	1,00	24,86	A	C
NGUYÊN TỬ	451	C	PHE	115	-5,813	-41,538	-2,171	1,00	26,85	A	C
NGUYÊN TỬ	452	O	PHE	115	-5,856	-41,860	-3,371	1,00	27,95	A	O
NGUYÊN TỬ	453	N	HIS	116	-6,844	-41,019	-1,503	1,00	26,78	A	N
NGUYÊN TỬ	454	CA	HIS	116	-8,118	-40,659	-2,124	1,00	27,32	A	C

NGUYÊN TỬ	455	CB	HIS	116	-9,299	-40,991	-1,192	1,00	24,94	A	C
NGUYÊN TỬ	456	CG	HIS	116	-9,464	-42,450	-0,886	1,00	24,70	A	C
NGUYÊN TỬ	457	CD2	HIS	116	-10,571	-43,177	-0,597	1,00	24,63	A	C
NGUYÊN TỬ	458	ND1	HIS	116	-8,406	-43,330	-0,821	1,00	25,06	A	N
NGUYÊN TỬ	459	CE1	HIS	116	-8,852	-44,534	-0,506	1,00	23,26	A	C
NGUYÊN TỬ	460	NE2	HIS	116	-10,162	-44,468	-0,365	1,00	22,78	A	N
NGUYÊN TỬ	461	C	HIS	116	-8,144	-39,153	-2,418	1,00	28,43	A	C
NGUYÊN TỬ	462	O	HIS	116	-9,172	-38,612	-2,819	1,00	29,04	A	O
NGUYÊN TỬ	463	N	GLY	117	-7,022	-38,474	-2,215	1,00	29,51	A	N
NGUYÊN TỬ	464	CA	GLY	117	-7,061	-37,021	-2,127	1,00	32,31	A	C
NGUYÊN TỬ	465	C	GLY	117	-7,039	-36,199	-3,416	1,00	32,25	A	C
NGUYÊN TỬ	466	O	GLY	117	-7,454	-36,658	-4,489	1,00	32,39	A	O
NGUYÊN TỬ	467	N	LEU	118	-6,568	-34,957	-3,286	1,00	30,44	A	N
NGUYÊN TỬ	468	CA	LEU	118	-6,261	-34,099	-4,427	1,00	29,49	A	C
NGUYÊN TỬ	469	CB	LEU	118	-6,188	-32,630	-3,991	1,00	27,76	A	C
NGUYÊN TỬ	470	CG	LEU	118	-7,442	-31,991	-3,399	1,00	26,47	A	C
NGUYÊN TỬ	471	CD1	LEU	118	-7,061	-30,748	-2,612	1,00	26,36	A	C
NGUYÊN TỬ	472	CD2	LEU	118	-8,421	-31,662	-4,511	1,00	25,77	A	C
NGUYÊN TỬ	473	C	LEU	118	-4,906	-34,520	-4,966	1,00	29,07	A	C
NGUYÊN TỬ	474	O	LEU	118	-4,345	-33,878	-5,848	1,00	29,41	A	O
NGUYÊN TỬ	475	N	LEU	119	-4,382	-35,602	-4,407	1,00	29,30	A	N
NGUYÊN TỬ	476	CA	LEU	119	-3,057	-36,084	-4,747	1,00	29,49	A	C
NGUYÊN TỬ	477	CB	LEU	119	-2,093	-35,724	-3,624	1,00	28,72	A	C
NGUYÊN TỬ	478	CG	LEU	119	-0,605	-35,959	-3,870	1,00	30,16	A	C
NGUYÊN TỬ	479	CD1	LEU	119	0,070	-34,639	-4,268	1,00	29,01	A	C
NGUYÊN TỬ	480	CD2	LEU	119	0,025	-36,538	-2,602	1,00	29,14	A	C
NGUYÊN TỬ	481	C	LEU	119	-3,090	-37,600	-4,935	1,00	29,79	A	C
NGUYÊN TỬ	482	O	LEU	119	-2,874	-38,358	-3,988	1,00	30,11	A	O
NGUYÊN TỬ	483	N	PRO	120	-3,369	-38,061	-6,164	1,00	29,03	A	N
NGUYÊN TỬ	484	CD	PRO	120	-3,629	-37,259	-7,367	1,00	28,57	A	C
NGUYÊN TỬ	485	CA	PRO	120	-3,499	-39,498	-6,422	1,00	28,72	A	C
NGUYÊN TỬ	486	CB	PRO	120	-4,078	-39,562	-7,831	1,00	27,70	A	C
NGUYÊN TỬ	487	CG	PRO	120	-3,675	-38,291	-8,455	1,00	28,64	A	C
NGUYÊN TỬ	488	C	PRO	120	-2,178	-40,242	-6,312	1,00	27,90	A	C
NGUYÊN TỬ	489	O	PRO	120	-1,167	-39,838	-6,890	1,00	28,70	A	O
NGUYÊN TỬ	490	N	GLY	121	-2,196	-41,334	-5,561	1,00	27,12	A	N
NGUYÊN TỬ	491	CA	GLY	121	-0,998	-42,130	-5,392	1,00	25,12	A	C
NGUYÊN TỬ	492	C	GLY	121	-1,206	-43,167	-4,315	1,00	24,57	A	C
NGUYÊN TỬ	493	O	GLY	121	-2,343	-43,528	-4,009	1,00	25,06	A	O
NGUYÊN TỬ	494	N	PHE	122	-0,108	-43,652	-3,746	1,00	23,56	A	N
NGUYÊN TỬ	495	CA	PHE	122	-0,166	-44,565	-2,611	1,00	22,66	A	C
NGUYÊN TỬ	496	CB	PHE	122	-0,560	-45,971	-3,064	1,00	23,01	A	C
NGUYÊN TỬ	497	CG	PHE	122	0,355	-46,552	-4,109	1,00	25,01	A	C
NGUYÊN TỬ	498	CD1	PHE	122	1,428	-47,349	-3,747	1,00	24,64	A	C
NGUYÊN TỬ	499	CD2	PHE	122	0,128	-46,320	-5,457	1,00	25,34	A	C
NGUYÊN TỬ	500	CE1	PHE	122	2,252	-47,903	-4,707	1,00	23,88	A	C
NGUYÊN TỬ	501	CE2	PHE	122	0,952	-46,874	-6,421	1,00	25,50	A	C
NGUYÊN TỬ	502	CZ	PHE	122	2,015	-47,667	-6,043	1,00	24,61	A	C
NGUYÊN TỬ	503	C	PHE	122	1,196	-44,603	-1,945	1,00	22,06	A	C
NGUYÊN TỬ	504	O	PHE	122	2,181	-44,162	-2,520	1,00	22,52	A	O
NGUYÊN TỬ	505	N	LEU	123	1,237	-45,115	-0,722	1,00	22,50	A	N
NGUYÊN TỬ	506	CA	LEU	123	2,466	-45,171	0,064	1,00	23,34	A	C
NGUYÊN TỬ	507	CB	LEU	123	2,257	-44,478	1,424	1,00	22,27	A	C
NGUYÊN TỬ	508	CG	LEU	123	3,295	-44,748	2,522	1,00	20,76	A	C
NGUYÊN TỬ	509	CD1	LEU	123	4,386	-43,683	2,536	1,00	18,72	A	C
NGUYÊN TỬ	510	CD2	LEU	123	2,585	-44,776	3,841	1,00	19,62	A	C
NGUYÊN TỬ	511	C	LEU	123	2,882	-46,627	0,279	1,00	23,45	A	C
NGUYÊN TỬ	512	O	LEU	123	2,122	-47,432	0,828	1,00	23,19	A	O
NGUYÊN TỬ	513	N	VAL	124	4,094	-46,958	-0,152	1,00	23,78	A	N
NGUYÊN TỬ	514	CA	VAL	124	4,541	-48,342	-0,136	1,00	23,86	A	C
NGUYÊN TỬ	515	CB	VAL	124	4,718	-48,873	-1,580	1,00	21,15	A	C
NGUYÊN TỬ	516	CG1	VAL	124	5,646	-47,970	-2,357	1,00	19,01	A	C
NGUYÊN TỬ	517	CG2	VAL	124	5,263	-50,288	-1,550	1,00	21,68	A	C
NGUYÊN TỬ	518	C	VAL	124	5,838	-48,557	0,657	1,00	24,98	A	C
NGUYÊN TỬ	519	O	VAL	124	6,769	-47,751	0,596	1,00	23,20	A	O
NGUYÊN TỬ	520	N	LYS	125	5,860	-49,648	1,418	1,00	26,11	A	N
NGUYÊN TỬ	521	CA	LYS	125	7,057	-50,127	2,098	1,00	27,32	A	C
NGUYÊN TỬ	522	CB	LYS	125	6,696	-50,623	3,498	1,00	25,97	A	C
NGUYÊN TỬ	523	CG	LYS	125	7,812	-51,373	4,183	1,00	23,58	A	C
NGUYÊN TỬ	524	CD	LYS	125	7,383	-51,861	5,549	1,00	25,85	A	C
NGUYÊN TỬ	525	CE	LYS	125	8,566	-52,431	6,316	1,00	28,11	A	C
NGUYÊN TỬ	526	NZ	LYS	125	8,220	-52,783	7,731	1,00	32,00	A	N
NGUYÊN TỬ	527	C	LYS	125	7,673	-51,275	1,289	1,00	29,44	A	C
NGUYÊN TỬ	528	O	LYS	125	7,025	-52,302	1,057	1,00	30,59	A	O
NGUYÊN TỬ	529	N	MET	126	8,926	-51,097	0,873	1,00	29,55	A	N
NGUYÊN TỬ	530	CA	MET	126	9,587	-52,004	-0,066	1,00	27,34	A	C

NGUYÊN TỬ	531	CB	MET	126	8,929	-51,896	-1,435	1,00	25,09	A	C
NGUYÊN TỬ	532	CG	MET	126	9,170	-50,536	-2,052	1,00	24,16	A	C
NGUYÊN TỬ	533	SD	MET	126	8,824	-50,453	-3,795	1,00	24,67	A	S
NGUYÊN TỬ	534	CE	MET	126	9,694	-48,998	-4,214	1,00	24,23	A	C
NGUYÊN TỬ	535	C	MET	126	11,054	-51,588	-0,208	1,00	27,55	A	C
NGUYÊN TỬ	536	O	MET	126	11,407	-50,438	0,069	1,00	28,53	A	O
NGUYÊN TỬ	537	N	SER	127	11,900	-52,514	-0,658	1,00	26,25	A	N
NGUYÊN TỬ	538	CA	SER	127	13,272	-52,178	-1,035	1,00	24,19	A	C
NGUYÊN TỬ	539	CB	SER	127	13,991	-53,408	-1,590	1,00	23,41	A	C
NGUYÊN TỬ	540	OG	SER	127	15,272	-53,060	-2,093	1,00	19,90	A	O
NGUYÊN TỬ	541	C	SER	127	13,336	-51,074	-2,081	1,00	23,63	A	C
NGUYÊN TỬ	542	O	SER	127	12,560	-51,066	-3,036	1,00	23,04	A	O
NGUYÊN TỬ	543	N	GLY	128	14,279	-50,153	-1,907	1,00	23,89	A	N
NGUYÊN TỬ	544	CA	GLY	128	14,572	-49,194	-2,958	1,00	25,02	A	C
NGUYÊN TỬ	545	C	GLY	128	15,125	-49,844	-4,221	1,00	25,07	A	C
NGUYÊN TỬ	546	O	GLY	128	15,369	-49,174	-5,221	1,00	25,81	A	O
NGUYÊN TỬ	547	N	ASP	129	15,321	-51,157	-4,182	1,00	24,43	A	N
NGUYÊN TỬ	548	CA	ASP	129	15,845	-51,872	-5,327	1,00	23,02	A	C
NGUYÊN TỬ	549	CB	ASP	129	16,282	-53,270	-4,923	1,00	25,00	A	C
NGUYÊN TỬ	550	CG	ASP	129	17,578	-53,266	-4,157	1,00	26,85	A	C
NGUYÊN TỬ	551	OD1	ASP	129	18,089	-52,159	-3,878	1,00	29,00	A	O
NGUYÊN TỬ	552	OD2	ASP	129	18,086	-54,365	-3,840	1,00	27,23	A	O
NGUYÊN TỬ	553	C	ASP	129	14,833	-51,972	-6,433	1,00	22,97	A	C
NGUYÊN TỬ	554	O	ASP	129	15,178	-52,312	-7,556	1,00	24,66	A	O
NGUYÊN TỬ	555	N	LEU	130	13,580	-51,677	-6,114	1,00	23,97	A	N
NGUYÊN TỬ	556	CA	LEU	130	12,493	-51,807	-7,077	1,00	23,49	A	C
NGUYÊN TỬ	557	CB	LEU	130	11,257	-52,375	-6,393	1,00	22,01	A	C
NGUYÊN TỬ	558	CG	LEU	130	11,441	-53,659	-5,597	1,00	21,51	A	C
NGUYÊN TỬ	559	CD1	LEU	130	10,365	-53,753	-4,524	1,00	19,81	A	C
NGUYÊN TỬ	560	CD2	LEU	130	11,390	-54,837	-6,543	1,00	20,88	A	C
NGUYÊN TỬ	561	C	LEU	130	12,139	-50,464	-7,700	1,00	23,13	A	C
NGUYÊN TỬ	562	O	LEU	130	11,138	-50,344	-8,410	1,00	23,93	A	O
NGUYÊN TỬ	563	N	LEU	131	12,954	-49,453	-7,429	1,00	23,29	A	N
NGUYÊN TỬ	564	CA	LEU	131	12,666	-48,112	-7,915	1,00	24,47	A	C
NGUYÊN TỬ	565	CB	LEU	131	13,665	-47,117	-7,331	1,00	23,09	A	C
NGUYÊN TỬ	566	CG	LEU	131	13,505	-46,795	-5,843	1,00	22,95	A	C
NGUYÊN TỬ	567	CD1	LEU	131	14,687	-45,956	-5,418	1,00	22,36	A	C
NGUYÊN TỬ	568	CD2	LEU	131	12,188	-46,066	-5,568	1,00	20,28	A	C
NGUYÊN TỬ	569	C	LEU	131	12,662	-48,002	-9,437	1,00	25,34	A	C
NGUYÊN TỬ	570	O	LEU	131	11,704	-47,493	-10,025	1,00	25,04	A	O
NGUYÊN TỬ	571	N	GLU	132	13,726	-48,473	-10,077	1,00	27,24	A	N
NGUYÊN TỬ	572	CA	GLU	132	13,782	-48,456	-11,534	1,00	28,71	A	C
NGUYÊN TỬ	573	CB	GLU	132	15,045	-49,164	-12,034	1,00	30,19	A	C
NGUYÊN TỬ	574	CG	GLU	132	16,295	-48,304	-12,008	1,00	32,76	A	C
NGUYÊN TỬ	575	CD	GLU	132	17,528	-49,061	-12,454	1,00	34,92	A	C
NGUYÊN TỬ	576	OE1	GLU	132	17,661	-50,244	-12,069	1,00	34,12	A	O
NGUYÊN TỬ	577	OE2	GLU	132	18,359	-48,476	-13,191	1,00	36,98	A	O
NGUYÊN TỬ	578	C	GLU	132	12,547	-49,136	-12,112	1,00	29,50	A	C
NGUYÊN TỬ	579	O	GLU	132	12,005	-48,697	-13,128	1,00	30,00	A	O
NGUYÊN TỬ	580	N	LEU	133	12,106	-50,207	-11,451	1,00	29,35	A	N
NGUYÊN TỬ	581	CA	LEU	133	10,930	-50,960	-11,879	1,00	28,02	A	C
NGUYÊN TỬ	582	CB	LEU	133	10,769	-52,229	-11,036	1,00	28,47	A	C
NGUYÊN TỬ	583	CG	LEU	133	9,429	-52,959	-11,156	1,00	26,56	A	C
NGUYÊN TỬ	584	CD1	LEU	133	9,241	-53,439	-12,578	1,00	26,64	A	C
NGUYÊN TỬ	585	CD2	LEU	133	9,397	-54,123	-10,206	1,00	25,35	A	C
NGUYÊN TỬ	586	C	LEU	133	9,660	-50,132	-11,769	1,00	27,30	A	C
NGUYÊN TỬ	587	O	LEU	133	8,901	-50,022	-12,733	1,00	27,98	A	O
NGUYÊN TỬ	588	N	ALA	134	9,435	-49,555	-10,592	1,00	25,72	A	N
NGUYÊN TỬ	589	CA	ALA	134	8,198	-48,831	-10,314	1,00	24,04	A	C
NGUYÊN TỬ	590	CB	ALA	134	8,147	-48,430	-8,847	1,00	24,07	A	C
NGUYÊN TỬ	591	C	ALA	134	8,032	-47,598	-11,195	1,00	21,33	A	C
NGUYÊN TỬ	592	O	ALA	134	6,917	-47,263	-11,603	1,00	21,21	A	O
NGUYÊN TỬ	593	N	LEU	135	9,141	-46,927	-11,487	1,00	18,76	A	N
NGUYÊN TỬ	594	CA	LEU	135	9,103	-45,742	-12,323	1,00	17,09	A	C
NGUYÊN TỬ	595	CB	LEU	135	10,491	-45,136	-12,414	1,00	17,50	A	C
NGUYÊN TỬ	596	CG	LEU	135	10,969	-44,445	-11,139	1,00	18,25	A	C
NGUYÊN TỬ	597	CD1	LEU	135	12,446	-44,197	-11,239	1,00	18,59	A	C
NGUYÊN TỬ	598	CD2	LEU	135	10,227	-43,139	-10,937	1,00	19,48	A	C
NGUYÊN TỬ	599	C	LEU	135	8,579	-46,054	-13,713	1,00	17,06	A	C
NGUYÊN TỬ	600	O	LEU	135	7,968	-45,213	-14,352	1,00	16,31	A	O
NGUYÊN TỬ	601	N	LYS	136	8,802	-47,277	-14,178	1,00	18,88	A	N
NGUYÊN TỬ	602	CA	LYS	136	8,217	-47,722	-15,438	1,00	18,70	A	C
NGUYÊN TỬ	603	CB	LYS	136	8,974	-48,935	-15,967	1,00	19,33	A	C
NGUYÊN TỬ	604	CG	LYS	136	10,417	-48,673	-16,319	1,00	21,05	A	C
NGUYÊN TỬ	605	CD	LYS	136	11,128	-49,987	-16,527	1,00	25,15	A	C
NGUYÊN TỬ	606	CE	LYS	136	12,629	-49,826	-16,488	1,00	29,77	A	C

NGUYÊN TỬ	607	NZ	LYS	136	13,174	-49,445	-17,824	1,00	33,49	A	N
NGUYÊN TỬ	608	C	LYS	136	6,718	-48,050	-15,366	1,00	18,94	A	C
NGUYÊN TỬ	609	O	LYS	136	6,062	-48,132	-16,403	1,00	19,33	A	O
NGUYÊN TỬ	610	N	LEU	137	6,175	-48,236	-14,160	1,00	19,09	A	N
NGUYÊN TỬ	611	CA	LEU	137	4,736	-48,494	-13,999	1,00	18,90	A	C
NGUYÊN TỬ	612	CB	LEU	137	4,378	-48,748	-12,526	1,00	16,30	A	C
NGUYÊN TỬ	613	CG	LEU	137	4,790	-50,075	-11,878	1,00	15,79	A	C
NGUYÊN TỬ	614	CD1	LEU	137	4,652	-49,976	-10,379	1,00	14,21	A	C
NGUYÊN TỬ	615	CD2	LEU	137	3,936	-51,207	-12,414	1,00	16,03	A	C
NGUYÊN TỬ	616	C	LEU	137	3,903	-47,320	-14,522	1,00	20,04	A	C
NGUYÊN TỬ	617	O	LEU	137	4,313	-46,163	-14,450	1,00	19,08	A	O
NGUYÊN TỬ	618	N	PRO	138	2,713	-47,611	-15,057	1,00	21,62	A	N
NGUYÊN TỬ	619	CD	PRO	138	1,982	-48,887	-14,964	1,00	23,18	A	C
NGUYÊN TỬ	620	CA	PRO	138	1,918	-46,579	-15,721	1,00	23,00	A	C
NGUYÊN TỬ	621	CB	PRO	138	0,862	-47,385	-16,471	1,00	22,04	A	C
NGUYÊN TỬ	622	CG	PRO	138	0,653	-48,578	-15,607	1,00	21,35	A	C
NGUYÊN TỬ	623	C	PRO	138	1,306	-45,617	-14,705	1,00	22,95	A	C
NGUYÊN TỬ	624	O	PRO	138	0,952	-46,032	-13,608	1,00	23,32	A	O
NGUYÊN TỬ	625	N	HIS	139	1,195	-44,343	-15,080	1,00	23,11	A	N
NGUYÊN TỬ	626	CA	HIS	139	0,543	-43,325	-14,258	1,00	23,62	A	C
NGUYÊN TỬ	627	CB	HIS	139	-0,625	-43,920	-13,473	1,00	27,86	A	C
NGUYÊN TỬ	628	CG	HIS	139	-1,698	-44,509	-14,334	1,00	31,12	A	C
NGUYÊN TỬ	629	CD2	HIS	139	-2,450	-43,963	-15,320	1,00	30,94	A	C
NGUYÊN TỬ	630	ND1	HIS	139	-2,103	-45,823	-14,227	1,00	32,87	A	N
NGUYÊN TỬ	631	CE1	HIS	139	-3,058	-46,061	-15,108	1,00	32,29	A	C
NGUYÊN TỬ	632	NE2	HIS	139	-3,286	-44,949	-15,784	1,00	32,01	A	N
NGUYÊN TỬ	633	C	HIS	139	1,476	-42,648	-13,278	1,00	22,78	A	C
NGUYÊN TỬ	634	O	HIS	139	1,107	-41,655	-12,658	1,00	23,61	A	O
NGUYÊN TỬ	635	N	VAL	140	2,677	-43,195	-13,124	1,00	22,21	A	N
NGUYÊN TỬ	636	CA	VAL	140	3,650	-42,649	-12,189	1,00	19,92	A	C
NGUYÊN TỬ	637	CB	VAL	140	4,872	-43,576	-12,021	1,00	18,16	A	C
NGUYÊN TỬ	638	CG1	VAL	140	5,852	-42,973	-11,029	1,00	16,60	A	C
NGUYÊN TỬ	639	CG2	VAL	140	4,427	-44,938	-11,555	1,00	16,58	A	C
NGUYÊN TỬ	640	C	VAL	140	4,138	-41,297	-12,677	1,00	19,89	A	C
NGUYÊN TỬ	641	O	VAL	140	4,483	-41,124	-13,841	1,00	18,54	A	O
NGUYÊN TỬ	642	N	ASP	141	4,158	-40,336	-11,765	1,00	21,38	A	N
NGUYÊN TỬ	643	CA	ASP	141	4,647	-39,001	-12,065	1,00	21,70	A	C
NGUYÊN TỬ	644	CB	ASP	141	3,736	-37,976	-11,401	1,00	23,53	A	C
NGUYÊN TỬ	645	CG	ASP	141	3,853	-36,609	-12,018	1,00	24,88	A	C
NGUYÊN TỬ	646	OD1	ASP	141	4,819	-36,375	-12,776	1,00	26,94	A	O
NGUYÊN TỬ	647	OD2	ASP	141	2,971	-35,766	-11,741	1,00	27,24	A	O
NGUYÊN TỬ	648	C	ASP	141	6,057	-38,889	-11,508	1,00	19,63	A	C
NGUYÊN TỬ	649	O	ASP	141	6,989	-38,466	-12,190	1,00	18,59	A	O
NGUYÊN TỬ	650	N	TYR	142	6,194	-39,293	-10,256	1,00	18,63	A	N
NGUYÊN TỬ	651	CA	TYR	142	7,488	-39,383	-9,609	1,00	19,45	A	C
NGUYÊN TỬ	652	CB	TYR	142	8,044	-37,980	-9,335	1,00	18,30	A	C
NGUYÊN TỬ	653	CG	TYR	142	7,128	-37,082	-8,527	1,00	19,04	A	C
NGUYÊN TỬ	654	CD1	TYR	142	7,309	-36,920	-7,157	1,00	18,23	A	C
NGUYÊN TỬ	655	CE1	TYR	142	6,496	-36,077	-6,421	1,00	17,86	A	C
NGUYÊN TỬ	656	CD2	TYR	142	6,103	-36,373	-9,141	1,00	18,51	A	C
NGUYÊN TỬ	657	CE2	TYR	142	5,285	-35,528	-8,413	1,00	18,75	A	C
NGUYÊN TỬ	658	CZ	TYR	142	5,486	-35,382	-7,054	1,00	19,08	A	C
NGUYÊN TỬ	659	OH	TYR	142	4,676	-34,537	-6,331	1,00	18,33	A	O
NGUYÊN TỬ	660	C	TYR	142	7,333	-40,160	-8,302	1,00	19,33	A	C
NGUYÊN TỬ	661	O	TYR	142	6,219	-40,402	-7,843	1,00	19,86	A	O
NGUYÊN TỬ	662	N	ILE	143	8,447	-40,564	-7,709	1,00	18,21	A	N
NGUYÊN TỬ	663	CA	ILE	143	8,388	-41,236	-6,421	1,00	18,63	A	C
NGUYÊN TỬ	664	CB	ILE	143	8,795	-42,710	-6,568	1,00	19,75	A	C
NGUYÊN TỬ	665	CG2	ILE	143	8,693	-43,414	-5,224	1,00	19,43	A	C
NGUYÊN TỬ	666	CG1	ILE	143	7,907	-43,383	-7,620	1,00	18,58	A	C
NGUYÊN TỬ	667	CD1	ILE	143	8,575	-44,520	-8,370	1,00	15,29	A	C
NGUYÊN TỬ	668	C	ILE	143	9,348	-40,544	-5,471	1,00	18,03	A	C
NGUYÊN TỬ	669	O	ILE	143	10,498	-40,326	-5,819	1,00	20,14	A	O
NGUYÊN TỬ	670	N	GLU	144	8,876	-40,182	-4,284	1,00	18,26	A	N
NGUYÊN TỬ	671	CA	GLU	144	9,733	-39,529	-3,292	1,00	19,45	A	C
NGUYÊN TỬ	672	CB	GLU	144	9,167	-38,157	-2,908	1,00	18,29	A	C
NGUYÊN TỬ	673	CG	GLU	144	10,120	-37,303	-2,068	1,00	19,87	A	C
NGUYÊN TỬ	674	CD	GLU	144	9,478	-36,013	-1,543	1,00	21,24	A	C
NGUYÊN TỬ	675	OE1	GLU	144	8,950	-35,224	-2,362	1,00	22,48	A	O
NGUYÊN TỬ	676	OE2	GLU	144	9,503	-35,787	-0,307	1,00	19,26	A	O
NGUYÊN TỬ	677	C	GLU	144	9,880	-40,392	-2,041	1,00	19,63	A	C
NGUYÊN TỬ	678	O	GLU	144	8,907	-40,944	-1,536	1,00	20,55	A	O
NGUYÊN TỬ	679	N	GLU	145	11,100	-40,514	-1,539	1,00	20,79	A	N
NGUYÊN TỬ	680	CA	GLU	145	11,344	-41,370	-0,384	1,00	22,29	A	C
NGUYÊN TỬ	681	CB	GLU	145	12,780	-41,881	-0,408	1,00	24,00	A	C
NGUYÊN TỬ	682	CG	GLU	145	13,257	-42,460	0,904	1,00	25,67	A	C

NGUYÊN TỬ	683	CD	GLU	145	14,657	-41,994	1,229	1,00	27,32	A	C
NGUYÊN TỬ	684	OE1	GLU	145	14,909	-40,770	1,121	1,00	29,46	A	O
NGUYÊN TỬ	685	OE2	GLU	145	15,501	-42,843	1,578	1,00	25,95	A	O
NGUYÊN TỬ	686	C	GLU	145	11,071	-40,648	0,934	1,00	22,03	A	C
NGUYÊN TỬ	687	O	GLU	145	11,501	-39,512	1,141	1,00	21,79	A	O
NGUYÊN TỬ	688	N	ASP	146	10,361	-41,330	1,826	1,00	21,77	A	N
NGUYÊN TỬ	689	CA	ASP	146	9,805	-40,698	3,010	1,00	21,81	A	C
NGUYÊN TỬ	690	CB	ASP	146	8,946	-41,693	3,792	1,00	23,57	A	C
NGUYÊN TỬ	691	CG	ASP	146	8,061	-41,015	4,831	1,00	26,04	A	C
NGUYÊN TỬ	692	OD1	ASP	146	7,680	-39,836	4,626	1,00	25,09	A	O
NGUYÊN TỬ	693	OD2	ASP	146	7,735	-41,666	5,851	1,00	26,40	A	O
NGUYÊN TỬ	694	C	ASP	146	10,901	-40,164	3,902	1,00	20,29	A	C
NGUYÊN TỬ	695	O	ASP	146	11,944	-40,767	4,066	1,00	20,15	A	O
NGUYÊN TỬ	696	N	SER	147	10,653	-39,000	4,472	1,00	20,99	A	N
NGUYÊN TỬ	697	CA	SER	147	11,635	-38,327	5,320	1,00	21,78	A	C
NGUYÊN TỬ	698	CB	SER	147	12,306	-37,175	4,553	1,00	21,45	A	C
NGUYÊN TỬ	699	OG	SER	147	11,393	-36,616	3,622	1,00	21,30	A	O
NGUYÊN TỬ	700	C	SER	147	10,917	-37,800	6,539	1,00	22,03	A	C
NGUYÊN TỬ	701	O	SER	147	9,683	-37,841	6,594	1,00	22,28	A	O
NGUYÊN TỬ	702	N	SER	148	11,682	-37,280	7,495	1,00	20,88	A	N
NGUYÊN TỬ	703	CA	SER	148	11,097	-36,709	8,695	1,00	18,56	A	C
NGUYÊN TỬ	704	CB	SER	148	12,030	-36,971	9,875	1,00	17,76	A	C
NGUYÊN TỬ	705	OG	SER	148	11,817	-38,303	10,343	1,00	23,02	A	O
NGUYÊN TỬ	706	C	SER	148	10,740	-35,220	8,591	1,00	17,96	A	C
NGUYÊN TỬ	707	O	SER	148	11,243	-34,500	7,705	1,00	18,68	A	O
NGUYÊN TỬ	708	N	VAL	149	9,817	-34,797	9,464	1,00	17,56	A	N
NGUYÊN TỬ	709	CA	VAL	149	9,528	-33,382	9,732	1,00	14,60	A	C
NGUYÊN TỬ	710	CB	VAL	149	8,123	-32,931	9,188	1,00	10,11	A	C
NGUYÊN TỬ	711	CG1	VAL	149	8,098	-32,979	7,681	1,00	7,29	A	C
NGUYÊN TỬ	712	CG2	VAL	149	7,022	-33,790	9,768	1,00	4,64	A	C
NGUYÊN TỬ	713	C	VAL	149	9,565	-33,145	11,243	1,00	14,75	A	C
NGUYÊN TỬ	714	O	VAL	149	9,483	-34,090	12,034	1,00	13,75	A	O
NGUYÊN TỬ	715	N	PHE	150	9,687	-31,882	11,635	1,00	14,76	A	N
NGUYÊN TỬ	716	CA	PHE	150	9,958	-31,564	13,020	1,00	14,98	A	C
NGUYÊN TỬ	717	CB	PHE	150	11,455	-31,301	13,209	1,00	13,78	A	C
NGUYÊN TỬ	718	CG	PHE	150	12,340	-32,416	12,706	1,00	13,73	A	C
NGUYÊN TỬ	719	CD1	PHE	150	12,825	-32,408	11,399	1,00	13,23	A	C
NGUYÊN TỬ	720	CD2	PHE	150	12,699	-33,464	13,544	1,00	12,73	A	C
NGUYÊN TỬ	721	CE1	PHE	150	13,651	-33,424	10,940	1,00	13,20	A	C
NGUYÊN TỬ	722	CE2	PHE	150	13,528	-34,488	13,093	1,00	12,62	A	C
NGUYÊN TỬ	723	CZ	PHE	150	14,007	-34,468	11,789	1,00	13,49	A	C
NGUYÊN TỬ	724	C	PHE	150	9,161	-30,358	13,493	1,00	15,59	A	C
NGUYÊN TỬ	725	O	PHE	150	9,022	-29,371	12,769	1,00	15,48	A	O
NGUYÊN TỬ	726	N	ALA	151	8,652	-30,462	14,721	1,00	16,70	A	N
NGUYÊN TỬ	727	CA	ALA	151	7,941	-29,391	15,405	1,00	17,59	A	C
NGUYÊN TỬ	728	CB	ALA	151	7,546	-29,861	16,800	1,00	14,66	A	C
NGUYÊN TỬ	729	C	ALA	151	8,807	-28,134	15,499	1,00	20,08	A	C
NGUYÊN TỬ	730	O	ALA	151	9,987	-28,214	15,863	1,00	21,40	A	O
NGUYÊN TỬ	731	N	GLN	152	8,224	-26,974	15,185	1,00	21,45	A	N
NGUYÊN TỬ	732	CA	GLN	152	8,999	-25,734	15,123	1,00	22,94	A	C
NGUYÊN TỬ	733	CB	GLN	152	8,816	-25,094	13,751	1,00	22,61	A	C
NGUYÊN TỬ	734	CG	GLN	152	9,251	-25,981	12,600	1,00	24,12	A	C
NGUYÊN TỬ	735	CD	GLN	152	10,729	-26,298	12,639	1,00	24,23	A	C
NGUYÊN TỬ	736	OE1	GLN	152	11,555	-25,426	12,900	1,00	25,38	A	O
NGUYÊN TỬ	737	NE2	GLN	152	11,073	-27,553	12,384	1,00	25,68	A	N
NGUYÊN TỬ	738	C	GLN	152	8,690	-24,693	16,212	1,00	24,95	A	C
NGUYÊN TỬ	739	O	GLN	152	8,769	-23,483	15,892	1,00	25,70	A	O
NGUYÊN TỬ	740	OXT	GLN	152	8,403	-25,079	17,372	1,00	25,96	A	O
TER	741		GLN	152						A	
NGUYÊN TỬ	742	CB	SER	153	-2,118	-5,652	31,558	1,00	64,33	B	C
NGUYÊN TỬ	743	OG	SER	153	-3,502	-5,729	31,243	1,00	65,73	B	O
NGUYÊN TỬ	744	C	SER	153	-1,938	-7,936	30,526	1,00	60,48	B	C
NGUYÊN TỬ	745	O	SER	153	-2,486	-9,027	30,714	1,00	61,28	B	O
NGUYÊN TỬ	746	N	SER	153	-0,031	-6,953	31,819	1,00	62,19	B	N
NGUYÊN TỬ	747	CA	SER	153	-1,516	-7,054	31,716	1,00	62,27	B	C
NGUYÊN TỬ	748	N	ILE	154	-1,691	-7,442	29,312	1,00	56,98	B	N
NGUYÊN TỬ	749	CA	ILE	154	-1,789	-8,241	28,096	1,00	53,64	B	C
NGUYÊN TỬ	750	CB	ILE	154	-2,590	-7,497	26,997	1,00	54,07	B	C
NGUYÊN TỬ	751	CG2	ILE	154	-2,566	-8,298	25,696	1,00	53,46	B	C
NGUYÊN TỬ	752	CG1	ILE	154	-4,033	-7,284	27,459	1,00	54,70	B	C
NGUYÊN TỬ	753	CD1	ILE	154	-4,702	-8,539	27,999	1,00	55,43	B	C
NGUYÊN TỬ	754	C	ILE	154	-0,387	-8,536	27,576	1,00	50,51	B	C
NGUYÊN TỬ	755	O	ILE	154	0,459	-7,638	27,493	1,00	51,05	B	O
NGUYÊN TỬ	756	N	PRO	155	-0,124	-9,807	27,215	1,00	46,28	B	N
NGUYÊN TỬ	757	CD	PRO	155	-1,077	-10,927	27,297	1,00	44,83	B	C
NGUYÊN TỬ	758	CA	PRO	155	1,190	-10,235	26,719	1,00	42,26	B	C

NGUYÊN TỬ	759	CB	PRO	155	1,044	-11,747	26,515	1,00	43,54	B	C
NGUYÊN TỬ	760	CG	PRO	155	-0,419	-12,012	26,469	1,00	43,77	B	C
NGUYÊN TỬ	761	C	PRO	155	1,624	-9,511	25,468	1,00	38,35	B	C
NGUYÊN TỬ	762	O	PRO	155	0,810	-9,280	24,581	1,00	37,59	B	O
NGUYÊN TỬ	763	N	TRP	156	2,883	-9,073	25,464	1,00	35,05	B	N
NGUYÊN TỬ	764	CA	TRP	156	3,404	-8,189	24,434	1,00	31,77	B	C
NGUYÊN TỬ	765	CB	TRP	156	4,931	-8,188	24,492	1,00	30,82	B	C
NGUYÊN TỬ	766	CG	TRP	156	5,560	-9,409	23,877	1,00	29,15	B	C
NGUYÊN TỬ	767	CD2	TRP	156	5,935	-9,573	22,504	1,00	28,01	B	C
NGUYÊN TỬ	768	CE2	TRP	156	6,429	-10,887	22,365	1,00	28,46	B	C
NGUYÊN TỬ	769	CE3	TRP	156	5,893	-8,741	21,383	1,00	26,98	B	C
NGUYÊN TỬ	770	CD1	TRP	156	5,845	-10,597	24,498	1,00	28,63	B	C
NGUYÊN TỬ	771	NE1	TRP	156	6,367	-11,489	23,592	1,00	27,53	B	N
NGUYÊN TỬ	772	CZ2	TRP	156	6,878	-11,380	21,145	1,00	27,62	B	C
NGUYÊN TỬ	773	CZ3	TRP	156	6,337	-9,230	20,183	1,00	27,01	B	C
NGUYÊN TỬ	774	CH2	TRP	156	6,821	-10,538	20,068	1,00	27,44	B	C
NGUYÊN TỬ	775	C	TRP	156	2,945	-8,565	23,034	1,00	30,37	B	C
NGUYÊN TỬ	776	O	TRP	156	2,745	-7,698	22,188	1,00	29,94	B	O
NGUYÊN TỬ	777	N	ASN	157	2,790	-9,860	22,792	1,00	30,00	B	N
NGUYÊN TỬ	778	CA	ASN	157	2,496	-10,358	21,461	1,00	30,04	B	C
NGUYÊN TỬ	779	CB	ASN	157	2,841	-11,844	21,387	1,00	30,90	B	C
NGUYÊN TỬ	780	CG	ASN	157	2,297	-12,631	22,566	1,00	32,76	B	C
NGUYÊN TỬ	781	OD1	ASN	157	2,678	-12,393	23,720	1,00	32,26	B	O
NGUYÊN TỬ	782	ND2	ASN	157	1,406	-13,582	22,282	1,00	32,40	B	N
NGUYÊN TỬ	783	C	ASN	157	1,042	-10,132	21,050	1,00	29,16	B	C
NGUYÊN TỬ	784	O	ASN	157	0,759	-9,778	19,905	1,00	28,18	B	O
NGUYÊN TỬ	785	N	LEU	158	0,118	-10,340	21,979	1,00	28,71	B	N
NGUYÊN TỬ	786	CA	LEU	158	-1,275	-10,005	21,720	1,00	29,10	B	C
NGUYÊN TỬ	787	CB	LEU	158	-2,159	-10,499	22,869	1,00	26,66	B	C
NGUYÊN TỬ	788	CG	LEU	158	-2,299	-12,012	23,001	1,00	23,99	B	C
NGUYÊN TỬ	789	CD1	LEU	158	-3,369	-12,316	24,011	1,00	22,11	B	C
NGUYÊN TỬ	790	CD2	LEU	158	-2,656	-12,624	21,661	1,00	22,63	B	C
NGUYÊN TỬ	791	C	LEU	158	-1,380	-8,493	21,595	1,00	30,36	B	C
NGUYÊN TỬ	792	O	LEU	158	-2,015	-7,956	20,690	1,00	27,77	B	O
NGUYÊN TỬ	793	N	GLU	159	-0,734	-7,818	22,531	1,00	34,34	B	N
NGUYÊN TỬ	794	CA	GLU	159	-0,599	-6,377	22,499	1,00	38,03	B	C
NGUYÊN TỬ	795	CB	GLU	159	0,373	-5,958	23,596	1,00	42,36	B	C
NGUYÊN TỬ	796	CG	GLU	159	0,570	-4,472	23,754	1,00	49,60	B	C
NGUYÊN TỬ	797	CD	GLU	159	1,497	-4,146	24,917	1,00	54,93	B	C
NGUYÊN TỬ	798	OE1	GLU	159	1,838	-5,078	25,690	1,00	56,11	B	O
NGUYÊN TỬ	799	OE2	GLU	159	1,884	-2,960	25,053	1,00	57,72	B	O
NGUYÊN TỬ	800	C	GLU	159	-0,081	-5,946	21,133	1,00	37,92	B	C
NGUYÊN TỬ	801	O	GLU	159	-0,657	-5,065	20,497	1,00	38,35	B	O
NGUYÊN TỬ	802	N	ARG	160	0,993	-6,595	20,685	1,00	37,80	B	N
NGUYÊN TỬ	803	CA	ARG	160	1,690	-6,234	19,451	1,00	37,18	B	C
NGUYÊN TỬ	804	CB	ARG	160	2,871	-7,182	19,217	1,00	38,09	B	C
NGUYÊN TỬ	805	CG	ARG	160	3,727	-6,822	18,011	1,00	40,19	B	C
NGUYÊN TỬ	806	CD	ARG	160	4,297	-5,430	18,181	1,00	43,31	B	C
NGUYÊN TỬ	807	NE	ARG	160	4,594	-5,181	19,590	1,00	47,57	B	N
NGUYÊN TỬ	808	CZ	ARG	160	5,820	-5,112	20,106	1,00	48,38	B	C
NGUYÊN TỬ	809	NH1	ARG	160	5,986	-4,890	21,409	1,00	48,57	B	N
NGUYÊN TỬ	810	NH2	ARG	160	6,879	-5,250	19,321	1,00	47,72	B	N
NGUYÊN TỬ	811	C	ARG	160	0,789	-6,255	18,220	1,00	36,61	B	C
NGUYÊN TỬ	812	O	ARG	160	0,748	-5,290	17,457	1,00	35,07	B	O
NGUYÊN TỬ	813	N	ILE	161	0,071	-7,361	18,034	1,00	37,09	B	N
NGUYÊN TỬ	814	CA	ILE	161	-0,735	-7,569	16,832	1,00	36,70	B	C
NGUYÊN TỬ	815	CB	ILE	161	-1,083	-9,056	16,649	1,00	34,95	B	C
NGUYÊN TỬ	816	CG2	ILE	161	0,167	-9,895	16,787	1,00	34,16	B	C
NGUYÊN TỬ	817	CG1	ILE	161	-2,096	-9,495	17,698	1,00	31,99	B	C
NGUYÊN TỬ	818	CD1	ILE	161	-2,663	-10,865	17,425	1,00	31,11	B	C
NGUYÊN TỬ	819	C	ILE	161	-2,037	-6,760	16,842	1,00	37,39	B	C
NGUYÊN TỬ	820	O	ILE	161	-2,845	-6,851	15,922	1,00	36,70	B	O
NGUYÊN TỬ	821	N	THR	162	-2,228	-5,972	17,893	1,00	38,96	B	N
NGUYÊN TỬ	822	CA	THR	162	-3,346	-5,046	17,977	1,00	39,63	B	C
NGUYÊN TỬ	823	CB	THR	162	-3,960	-5,062	19,366	1,00	37,84	B	C
NGUYÊN TỬ	824	OG1	THR	162	-4,768	-6,230	19,511	1,00	36,55	B	O
NGUYÊN TỬ	825	CG2	THR	162	-4,795	-3,828	19,588	1,00	37,94	B	C
NGUYÊN TỬ	826	C	THR	162	-2,896	-3,629	17,696	1,00	42,17	B	C
NGUYÊN TỬ	827	O	THR	162	-2,007	-3,116	18,373	1,00	43,46	B	O
NGUYÊN TỬ	828	N	PRO	163	-3,507	-2,973	16,695	1,00	44,52	B	N
NGUYÊN TỬ	829	CD	PRO	163	-4,456	-3,541	15,722	1,00	44,90	B	C
NGUYÊN TỬ	830	CA	PRO	163	-3,231	-1,557	16,428	1,00	46,29	B	C
NGUYÊN TỬ	831	CB	PRO	163	-3,865	-1,316	15,062	1,00	45,47	B	C
NGUYÊN TỬ	832	CG	PRO	163	-4,953	-2,330	14,977	1,00	45,09	B	C
NGUYÊN TỬ	833	C	PRO	163	-3,824	-0,652	17,508	1,00	48,53	B	C
NGUYÊN TỬ	834	O	PRO	163	-4,773	-1,027	18,198	1,00	47,74	B	O

NGUYÊN TỬ	835	N	PRO	164	-3,266	0,559	17,657	1,00	50,33	B	N
NGUYÊN TỬ	836	CD	PRO	164	-2,151	1,049	16,825	1,00	51,64	B	C
NGUYÊN TỬ	837	CA	PRO	164	-3,672	1,546	18,666	1,00	50,37	B	C
NGUYÊN TỬ	838	CB	PRO	164	-2,839	2,779	18,314	1,00	50,83	B	C
NGUYÊN TỬ	839	CG	PRO	164	-1,638	2,229	17,606	1,00	51,59	B	C
NGUYÊN TỬ	840	C	PRO	164	-5,170	1,845	18,648	1,00	49,88	B	C
NGUYÊN TỬ	841	O	PRO	164	-5,784	2,055	19,696	1,00	49,10	B	O
NGUYÊN TỬ	842	N	GLY	176	-14,144	-13,280	18,361	1,00	32,04	B	N
NGUYÊN TỬ	843	CA	GLY	176	-12,995	-13,701	17,570	1,00	33,60	B	C
NGUYÊN TỬ	844	C	GLY	176	-13,330	-14,191	16,169	1,00	33,76	B	C
NGUYÊN TỬ	845	O	GLY	176	-14,095	-13,548	15,451	1,00	36,77	B	O
NGUYÊN TỬ	846	N	GLY	177	-12,770	-15,327	15,766	1,00	32,58	B	N
NGUYÊN TỬ	847	CA	GLY	177	-12,976	-15,794	14,401	1,00	31,46	B	C
NGUYÊN TỬ	848	C	GLY	177	-14,045	-16,865	14,275	1,00	30,95	B	C
NGUYÊN TỬ	849	O	GLY	177	-13,760	-18,006	13,924	1,00	30,29	B	O
NGUYÊN TỬ	850	N	SER	178	-15,288	-16,490	14,552	1,00	30,81	B	N
NGUYÊN TỬ	851	CA	SER	178	-16,381	-17,452	14,695	1,00	30,89	B	C
NGUYÊN TỬ	852	CB	SER	178	-17,619	-16,729	15,221	1,00	30,25	B	C
NGUYÊN TỬ	853	OG	SER	178	-17,669	-15,393	14,738	1,00	32,95	B	O
NGUYÊN TỬ	854	C	SER	178	-16,747	-18,256	13,437	1,00	30,60	B	C
NGUYÊN TỬ	855	O	SER	178	-17,146	-19,414	13,539	1,00	31,32	B	O
NGUYÊN TỬ	856	N	LEU	179	-16,613	-17,655	12,258	1,00	29,16	B	N
NGUYÊN TỬ	857	CA	LEU	179	-16,991	-18,327	11,022	1,00	28,05	B	C
NGUYÊN TỬ	858	CB	LEU	179	-17,207	-17,306	9,900	1,00	27,27	B	C
NGUYÊN TỬ	859	CG	LEU	179	-18,273	-16,239	10,143	1,00	26,59	B	C
NGUYÊN TỬ	860	CD1	LEU	179	-18,583	-15,514	8,855	1,00	22,84	B	C
NGUYÊN TỬ	861	CD2	LEU	179	-19,514	-16,895	10,699	1,00	26,13	B	C
NGUYÊN TỬ	862	C	LEU	179	-15,968	-19,359	10,554	1,00	28,95	B	C
NGUYÊN TỬ	863	O	LEU	179	-16,306	-20,296	9,832	1,00	29,75	B	O
NGUYÊN TỬ	864	N	VAL	180	-14,709	-19,194	10,939	1,00	29,57	B	N
NGUYÊN TỬ	865	CA	VAL	180	-13,690	-20,076	10,392	1,00	28,73	B	C
NGUYÊN TỬ	866	CB	VAL	180	-12,380	-19,321	10,040	1,00	29,20	B	C
NGUYÊN TỬ	867	CG1	VAL	180	-12,692	-17,928	9,531	1,00	28,98	B	C
NGUYÊN TỬ	868	CG2	VAL	180	-11,467	-19,283	11,232	1,00	30,37	B	C
NGUYÊN TỬ	869	C	VAL	180	-13,350	-21,229	11,329	1,00	28,24	B	C
NGUYÊN TỬ	870	O	VAL	180	-13,657	-21,211	12,525	1,00	26,19	B	O
NGUYÊN TỬ	871	N	GLU	181	-12,718	-22,240	10,746	1,00	29,33	B	N
NGUYÊN TỬ	872	CA	GLU	181	-12,366	-23,461	11,439	1,00	30,53	B	C
NGUYÊN TỬ	873	CB	GLU	181	-13,206	-24,615	10,894	1,00	32,40	B	C
NGUYÊN TỬ	874	CG	GLU	181	-13,309	-25,810	11,806	1,00	37,22	B	C
NGUYÊN TỬ	875	CD	GLU	181	-14,641	-26,513	11,661	1,00	40,66	B	C
NGUYÊN TỬ	876	OE1	GLU	181	-14,661	-27,688	11,235	1,00	44,08	B	O
NGUYÊN TỬ	877	OE2	GLU	181	-15,675	-25,885	11,971	1,00	42,45	B	O
NGUYÊN TỬ	878	C	GLU	181	-10,881	-23,710	11,186	1,00	29,82	B	C
NGUYÊN TỬ	879	O	GLU	181	-10,433	-23,763	10,036	1,00	28,64	B	O
NGUYÊN TỬ	880	N	VAL	182	-10,120	-23,844	12,267	1,00	29,16	B	N
NGUYÊN TỬ	881	CA	VAL	182	-8,683	-24,032	12,162	1,00	27,69	B	C
NGUYÊN TỬ	882	CB	VAL	182	-7,935	-23,145	13,172	1,00	26,22	B	C
NGUYÊN TỬ	883	CG1	VAL	182	-6,457	-23,419	13,117	1,00	25,33	B	C
NGUYÊN TỬ	884	CG2	VAL	182	-8,186	-21,694	12,847	1,00	26,31	B	C
NGUYÊN TỬ	885	C	VAL	182	-8,309	-25,483	12,384	1,00	27,38	B	C
NGUYÊN TỬ	886	O	VAL	182	-8,629	-26,073	13,415	1,00	26,94	B	O
NGUYÊN TỬ	887	N	TYR	183	-7,644	-26,058	11,391	1,00	28,09	B	N
NGUYÊN TỬ	888	CA	TYR	183	-7,113	-27,402	11,515	1,00	29,37	B	C
NGUYÊN TỬ	889	CB	TYR	183	-7,221	-28,135	10,183	1,00	29,70	B	C
NGUYÊN TỬ	890	CG	TYR	183	-8,562	-28,795	9,965	1,00	31,89	B	C
NGUYÊN TỬ	891	CD1	TYR	183	-9,592	-28,132	9,300	1,00	31,43	B	C
NGUYÊN TỬ	892	CE1	TYR	183	-10,818	-28,743	9,094	1,00	31,92	B	C
NGUYÊN TỬ	893	CD2	TYR	183	-8,797	-30,087	10,416	1,00	32,07	B	C
NGUYÊN TỬ	894	CE2	TYR	183	-10,014	-30,704	10,213	1,00	32,69	B	C
NGUYÊN TỬ	895	CZ	TYR	183	-11,024	-30,032	9,554	1,00	33,05	B	C
NGUYÊN TỬ	896	OH	TYR	183	-12,237	-30,666	9,360	1,00	34,31	B	O
NGUYÊN TỬ	897	C	TYR	183	-5,661	-27,315	11,944	1,00	30,17	B	C
NGUYÊN TỬ	898	O	TYR	183	-4,868	-26,596	11,339	1,00	31,22	B	O
NGUYÊN TỬ	899	N	LEU	184	-5,326	-28,045	12,999	1,00	30,04	B	N
NGUYÊN TỬ	900	CA	LEU	184	-3,963	-28,099	13,502	1,00	30,29	B	C
NGUYÊN TỬ	901	CB	LEU	184	-3,959	-27,740	14,991	1,00	30,85	B	C
NGUYÊN TỬ	902	CG	LEU	184	-2,652	-27,812	15,786	1,00	32,45	B	C
NGUYÊN TỬ	903	CD1	LEU	184	-1,684	-26,740	15,303	1,00	32,56	B	C
NGUYÊN TỬ	904	CD2	LEU	184	-2,956	-27,627	17,270	1,00	31,96	B	C
NGUYÊN TỬ	905	C	LEU	184	-3,380	-29,499	13,294	1,00	30,49	B	C
NGUYÊN TỬ	906	O	LEU	184	-3,897	-30,484	13,819	1,00	30,53	B	O
NGUYÊN TỬ	907	N	LEU	185	-2,312	-29,594	12,515	1,00	30,52	B	N
NGUYÊN TỬ	908	CA	LEU	185	-1,579	-30,847	12,432	1,00	32,04	B	C
NGUYÊN TỬ	909	CB	LEU	185	-1,178	-31,162	10,991	1,00	32,70	B	C
NGUYÊN TỬ	910	CG	LEU	185	-2,326	-31,422	10,023	1,00	33,68	B	C

NGUYÊN TỬ	911	CD1	LEU	185	-2,960	-30,097	9,644	1,00	34,74	B	C
NGUYÊN TỬ	912	CD2	LEU	185	-1,813	-32,130	8,788	1,00	33,81	B	C
NGUYÊN TỬ	913	C	LEU	185	-0,340	-30,715	13,284	1,00	32,10	B	C
NGUYÊN TỬ	914	O	LEU	185	0,518	-29,875	13,016	1,00	33,06	B	O
NGUYÊN TỬ	915	N	ASP	186	-0,244	-31,547	14,312	1,00	32,16	B	N
NGUYÊN TỬ	916	CA	ASP	186	0,716	-31,296	15,365	1,00	33,03	B	C
NGUYÊN TỬ	917	CB	ASP	186	0,299	-30,036	16,118	1,00	35,89	B	C
NGUYÊN TỬ	918	CG	ASP	186	1,439	-29,410	16,876	1,00	40,10	B	C
NGUYÊN TỬ	919	OD1	ASP	186	2,197	-28,616	16,272	1,00	41,27	B	O
NGUYÊN TỬ	920	OD2	ASP	186	1,575	-29,714	18,082	1,00	44,20	B	O
NGUYÊN TỬ	921	C	ASP	186	0,797	-32,485	16,315	1,00	32,10	B	C
NGUYÊN TỬ	922	O	ASP	186	0,362	-33,583	15,981	1,00	33,15	B	O
NGUYÊN TỬ	923	N	THR	187	1,365	-32,265	17,494	1,00	30,56	B	N
NGUYÊN TỬ	924	CA	THR	187	1,426	-33,291	18,525	1,00	29,30	B	C
NGUYÊN TỬ	925	CB	THR	187	2,265	-32,840	19,706	1,00	29,76	B	C
NGUYÊN TỬ	926	OG1	THR	187	1,568	-31,790	20,387	1,00	28,42	B	O
NGUYÊN TỬ	927	CG2	THR	187	3,625	-32,325	19,235	1,00	28,84	B	C
NGUYÊN TỬ	928	C	THR	187	0,021	-33,501	19,042	1,00	29,16	B	C
NGUYÊN TỬ	929	O	THR	187	-0,934	-32,961	18,496	1,00	30,34	B	O
NGUYÊN TỬ	930	N	SER	188	-0,101	-34,279	20,109	1,00	29,21	B	N
NGUYÊN TỬ	931	CA	SER	188	-1,387	-34,471	20,756	1,00	28,11	B	C
NGUYÊN TỬ	932	CB	SER	188	-1,352	-35,725	21,637	1,00	25,78	B	C
NGUYÊN TỬ	933	OG	SER	188	-0,424	-35,577	22,688	1,00	23,67	B	O
NGUYÊN TỬ	934	C	SER	188	-1,703	-33,237	21,594	1,00	29,15	B	C
NGUYÊN TỬ	935	O	SER	188	-0,801	-32,520	22,020	1,00	29,20	B	O
NGUYÊN TỬ	936	N	ILE	189	-2,991	-32,993	21,815	1,00	31,00	B	N
NGUYÊN TỬ	937	CA	ILE	189	-3,458	-31,824	22,560	1,00	31,96	B	C
NGUYÊN TỬ	938	CB	ILE	189	-4,547	-31,091	21,767	1,00	32,72	B	C
NGUYÊN TỬ	939	CG2	ILE	189	-5,002	-29,863	22,512	1,00	34,17	B	C
NGUYÊN TỬ	940	CG1	ILE	189	-4,000	-30,715	20,393	1,00	34,80	B	C
NGUYÊN TỬ	941	CD1	ILE	189	-2,550	-30,250	20,422	1,00	34,94	B	C
NGUYÊN TỬ	942	C	ILE	189	-4,033	-32,223	23,915	1,00	31,62	B	C
NGUYÊN TỬ	943	O	ILE	189	-4,439	-33,365	24,105	1,00	32,27	B	O
NGUYÊN TỬ	944	N	GLN	190	-4,063	-31,292	24,860	1,00	32,36	B	N
NGUYÊN TỬ	945	CA	GLN	190	-4,861	-31,489	26,064	1,00	33,98	B	C
NGUYÊN TỬ	946	CB	GLN	190	-4,083	-31,063	27,305	1,00	32,89	B	C
NGUYÊN TỬ	947	CG	GLN	190	-4,502	-31,817	28,548	1,00	36,37	B	C
NGUYÊN TỬ	948	CD	GLN	190	-5,107	-30,914	29,599	1,00	39,51	B	C
NGUYÊN TỬ	949	OE1	GLN	190	-6,187	-30,364	29,403	1,00	42,37	B	O
NGUYÊN TỬ	950	NE2	GLN	190	-4,410	-30,750	30,726	1,00	40,58	B	N
NGUYÊN TỬ	951	C	GLN	190	-6,135	-30,666	25,936	1,00	34,78	B	C
NGUYÊN TỬ	952	O	GLN	190	-6,184	-29,509	26,356	1,00	35,39	B	O
NGUYÊN TỬ	953	N	SER	191	-7,162	-31,280	25,353	1,00	35,46	B	N
NGUYÊN TỬ	954	CA	SER	191	-8,255	-30,546	24,721	1,00	36,57	B	C
NGUYÊN TỬ	955	CB	SER	191	-9,034	-31,458	23,787	1,00	36,91	B	C
NGUYÊN TỬ	956	OG	SER	191	-9,937	-32,247	24,540	1,00	37,76	B	O
NGUYÊN TỬ	957	C	SER	191	-9,231	-29,962	25,718	1,00	37,07	B	C
NGUYÊN TỬ	958	O	SER	191	-10,183	-29,285	25,333	1,00	36,92	B	O
NGUYÊN TỬ	959	N	ASP	192	-9,010	-30,245	26,995	1,00	37,93	B	N
NGUYÊN TỬ	960	CA	ASP	192	-9,853	-29,681	28,032	1,00	38,96	B	C
NGUYÊN TỬ	961	CB	ASP	192	-10,593	-30,797	28,784	1,00	43,84	B	C
NGUYÊN TỬ	962	CG	ASP	192	-9,655	-31,797	29,420	1,00	47,60	B	C
NGUYÊN TỬ	963	OD1	ASP	192	-8,434	-31,704	29,155	1,00	50,20	B	O
NGUYÊN TỬ	964	OD2	ASP	192	-10,142	-32,669	30,182	1,00	48,68	B	O
NGUYÊN TỬ	965	C	ASP	192	-9,078	-28,793	29,001	1,00	36,46	B	C
NGUYÊN TỬ	966	O	ASP	192	-9,563	-28,451	30,078	1,00	35,83	B	O
NGUYÊN TỬ	967	N	HIS	193	-7,872	-28,411	28,611	1,00	34,81	B	N
NGUYÊN TỬ	968	CA	HIS	193	-7,174	-27,356	29,319	1,00	34,03	B	C
NGUYÊN TỬ	969	CB	HIS	193	-5,859	-27,022	28,619	1,00	33,96	B	C
NGUYÊN TỬ	970	CG	HIS	193	-5,066	-25,959	29,308	1,00	33,51	B	C
NGUYÊN TỬ	971	CD2	HIS	193	-3,978	-26,038	30,108	1,00	33,22	B	C
NGUYÊN TỬ	972	ND1	HIS	193	-5,379	-24,621	29,215	1,00	33,43	B	N
NGUYÊN TỬ	973	CE1	HIS	193	-4,517	-23,920	29,930	1,00	33,67	B	C
NGUYÊN TỬ	974	NE2	HIS	193	-3,658	-24,756	30,483	1,00	33,30	B	N
NGUYÊN TỬ	975	C	HIS	193	-8,089	-26,138	29,309	1,00	33,86	B	C
NGUYÊN TỬ	976	O	HIS	193	-8,669	-25,795	28,274	1,00	34,18	B	O
NGUYÊN TỬ	977	N	ARG	194	-8,214	-25,488	30,461	1,00	32,52	B	N
NGUYÊN TỬ	978	CA	ARG	194	-9,264	-24,507	30,662	1,00	31,10	B	C
NGUYÊN TỬ	979	CB	ARG	194	-9,101	-23,830	32,026	1,00	29,16	B	C
NGUYÊN TỬ	980	CG	ARG	194	-8,795	-22,340	31,959	1,00	28,99	B	C
NGUYÊN TỬ	981	CD	ARG	194	-9,657	-21,522	32,934	1,00	26,01	B	C
NGUYÊN TỬ	982	NE	ARG	194	-8,938	-21,075	34,132	1,00	23,97	B	N
NGUYÊN TỬ	983	CZ	ARG	194	-7,921	-20,212	34,126	1,00	23,47	B	C
NGUYÊN TỬ	984	NH1	ARG	194	-7,334	-19,864	35,262	1,00	23,18	B	N
NGUYÊN TỬ	985	NH2	ARG	194	-7,479	-19,699	32,984	1,00	23,23	B	N
NGUYÊN TỬ	986	C	ARG	194	-9,235	-23,471	29,552	1,00	31,87	B	C

NGUYÊN TỬ	987	O	ARG	194	-10,245	-22,835	29,249	1,00	32,31	B	O
NGUYÊN TỬ	988	N	GLU	195	-8,073	-23,327	28,930	1,00	31,93	B	N
NGUYÊN TỬ	989	CA	GLU	195	-7,834	-22,250	27,981	1,00	31,02	B	C
NGUYÊN TỬ	990	CB	GLU	195	-6,324	-22,075	27,807	1,00	31,22	B	C
NGUYÊN TỬ	991	CG	GLU	195	-5,917	-21,036	26,791	1,00	32,56	B	C
NGUYÊN TỬ	992	CD	GLU	195	-5,879	-19,625	27,358	1,00	33,36	B	C
NGUYÊN TỬ	993	OE1	GLU	195	-6,529	-19,363	28,404	1,00	31,05	B	O
NGUYÊN TỬ	994	OE2	GLU	195	-5,191	-18,782	26,736	1,00	32,52	B	O
NGUYÊN TỬ	995	C	GLU	195	-8,506	-22,462	26,617	1,00	30,14	B	C
NGUYÊN TỬ	996	O	GLU	195	-8,857	-21,496	25,939	1,00	29,15	B	O
NGUYÊN TỬ	997	N	ILE	196	-8,690	-23,720	26,221	1,00	29,91	B	N
NGUYÊN TỬ	998	CA	ILE	196	-9,100	-24,037	24,855	1,00	29,25	B	C
NGUYÊN TỬ	999	CB	ILE	196	-7,951	-24,687	24,064	1,00	27,84	B	C
NGUYÊN TỬ	1000	CG2	ILE	196	-6,854	-23,670	23,801	1,00	26,24	B	C
NGUYÊN TỬ	1001	CG1	ILE	196	-7,436	-25,909	24,834	1,00	26,53	B	C
NGUYÊN TỬ	1002	CD1	ILE	196	-6,554	-26,819	24,033	1,00	24,05	B	C
NGUYÊN TỬ	1003	C	ILE	196	-10,274	-24,999	24,811	1,00	30,60	B	C
NGUYÊN TỬ	1004	O	ILE	196	-10,948	-25,135	23,788	1,00	30,51	B	O
NGUYÊN TỬ	1005	N	GLU	197	-10,512	-25,686	25,916	1,00	32,24	B	N
NGUYÊN TỬ	1006	CA	GLU	197	-11,490	-26,759	25,910	1,00	34,74	B	C
NGUYÊN TỬ	1007	CB	GLU	197	-11,610	-27,350	27,309	1,00	35,54	B	C
NGUYÊN TỬ	1008	CG	GLU	197	-12,153	-26,413	28,324	1,00	38,11	B	C
NGUYÊN TỬ	1009	CD	GLU	197	-13,648	-26,430	28,324	1,00	41,53	B	C
NGUYÊN TỬ	1010	OE1	GLU	197	-14,254	-25,395	28,669	1,00	45,11	B	O
NGUYÊN TỬ	1011	OE2	GLU	197	-14,219	-27,484	27,971	1,00	43,30	B	O
NGUYÊN TỬ	1012	C	GLU	197	-12,855	-26,287	25,413	1,00	34,89	B	C
NGUYÊN TỬ	1013	O	GLU	197	-13,359	-25,251	25,844	1,00	34,37	B	O
NGUYÊN TỬ	1014	N	GLY	198	-13,446	-27,046	24,497	1,00	34,64	B	N
NGUYÊN TỬ	1015	CA	GLY	198	-14,707	-26,631	23,918	1,00	34,42	B	C
NGUYÊN TỬ	1016	C	GLY	198	-14,534	-25,954	22,570	1,00	35,86	B	C
NGUYÊN TỬ	1017	O	GLY	198	-15,436	-26,002	21,732	1,00	36,41	B	O
NGUYÊN TỬ	1018	N	ARG	199	-13,383	-25,318	22,354	1,00	36,46	B	N
NGUYÊN TỬ	1019	CA	ARG	199	-13,081	-24,694	21,066	1,00	37,77	B	C
NGUYÊN TỬ	1020	CB	ARG	199	-12,258	-23,416	21,257	1,00	39,47	B	C
NGUYÊN TỬ	1021	CG	ARG	199	-12,909	-22,372	22,129	1,00	41,61	B	C
NGUYÊN TỬ	1022	CD	ARG	199	-11,888	-21,766	23,062	1,00	43,31	B	C
NGUYÊN TỬ	1023	NE	ARG	199	-12,472	-20,711	23,877	1,00	45,69	B	N
NGUYÊN TỬ	1024	CZ	ARG	199	-12,610	-19,453	23,475	1,00	48,05	B	C
NGUYÊN TỬ	1025	NH1	ARG	199	-13,153	-18,552	24,283	1,00	49,22	B	N
NGUYÊN TỬ	1026	NH2	ARG	199	-12,208	-19,095	22,262	1,00	48,95	B	N
NGUYÊN TỬ	1027	C	ARG	199	-12,275	-25,673	20,242	1,00	37,48	B	C
NGUYÊN TỬ	1028	O	ARG	199	-12,100	-25,507	19,042	1,00	37,33	B	O
NGUYÊN TỬ	1029	N	VAL	200	-11,768	-26,692	20,916	1,00	38,28	B	N
NGUYÊN TỬ	1030	CA	VAL	200	-10,894	-27,662	20,286	1,00	39,41	B	C
NGUYÊN TỬ	1031	CB	VAL	200	-9,503	-27,665	20,976	1,00	40,93	B	C
NGUYÊN TỬ	1032	CG1	VAL	200	-8,662	-28,836	20,488	1,00	40,39	B	C
NGUYÊN TỬ	1033	CG2	VAL	200	-8,791	-26,346	20,688	1,00	40,81	B	C
NGUYÊN TỬ	1034	C	VAL	200	-11,516	-29,051	20,361	1,00	39,27	B	C
NGUYÊN TỬ	1035	O	VAL	200	-11,652	-29,628	21,443	1,00	39,35	B	O
NGUYÊN TỬ	1036	N	MET	201	-11,904	-29,565	19,199	1,00	39,35	B	N
NGUYÊN TỬ	1037	CA	MET	201	-12,387	-30,930	19,063	1,00	38,47	B	C
NGUYÊN TỬ	1038	CB	MET	201	-13,537	-30,968	18,057	1,00	39,97	B	C
NGUYÊN TỬ	1039	CG	MET	201	-14,150	-32,335	17,862	1,00	43,51	B	C
NGUYÊN TỬ	1040	SD	MET	201	-13,407	-33,296	16,515	1,00	49,43	B	S
NGUYÊN TỬ	1041	CE	MET	201	-13,750	-34,985	17,094	1,00	46,63	B	C
NGUYÊN TỬ	1042	C	MET	201	-11,233	-31,801	18,575	1,00	37,52	B	C
NGUYÊN TỬ	1043	O	MET	201	-10,835	-31,727	17,414	1,00	37,13	B	O
NGUYÊN TỬ	1044	N	VAL	202	-10,680	-32,612	19,467	1,00	36,78	B	N
NGUYÊN TỬ	1045	CA	VAL	202	-9,624	-33,533	19,076	1,00	35,76	B	C
NGUYÊN TỬ	1046	CB	VAL	202	-8,927	-34,157	20,303	1,00	34,80	B	C
NGUYÊN TỬ	1047	CG1	VAL	202	-8,212	-35,428	19,905	1,00	33,07	B	C
NGUYÊN TỬ	1048	CG2	VAL	202	-7,934	-33,173	20,888	1,00	33,22	B	C
NGUYÊN TỬ	1049	C	VAL	202	-10,226	-34,641	18,230	1,00	36,18	B	C
NGUYÊN TỬ	1050	O	VAL	202	-11,025	-35,447	18,716	1,00	35,82	B	O
NGUYÊN TỬ	1051	N	THR	203	-9,848	-34,668	16,956	1,00	36,30	B	N
NGUYÊN TỬ	1052	CA	THR	203	-10,380	-35,662	16,041	1,00	35,62	B	C
NGUYÊN TỬ	1053	CB	THR	203	-10,067	-35,316	14,568	1,00	34,74	B	C
NGUYÊN TỬ	1054	OG1	THR	203	-8,719	-35,682	14,257	1,00	34,72	B	O
NGUYÊN TỬ	1055	CG2	THR	203	-10,240	-33,821	14,334	1,00	33,32	B	C
NGUYÊN TỬ	1056	C	THR	203	-9,745	-36,993	16,389	1,00	36,32	B	C
NGUYÊN TỬ	1057	O	THR	203	-9,147	-37,151	17,447	1,00	37,09	B	O
NGUYÊN TỬ	1058	N	ASP	204	-9,881	-37,956	15,497	1,00	37,59	B	N
NGUYÊN TỬ	1059	CA	ASP	204	-9,461	-39,315	15,786	1,00	38,74	B	C
NGUYÊN TỬ	1060	CB	ASP	204	-10,615	-40,264	15,511	1,00	42,30	B	C
NGUYÊN TỬ	1061	CG	ASP	204	-11,162	-40,090	14,112	1,00	47,00	B	C
NGUYÊN TỬ	1062	OD1	ASP	204	-10,783	-40,892	13,228	1,00	50,09	B	O

NGUYÊN TỬ	1063	OD2	ASP	204	-11,953	-39,137	13,891	1,00	48,97	B	O
NGUYÊN TỬ	1064	C	ASP	204	-8,293	-39,671	14,886	1,00	37,76	B	C
NGUYÊN TỬ	1065	O	ASP	204	-7,862	-40,823	14,846	1,00	38,21	B	O
NGUYÊN TỬ	1066	N	PHE	205	-7,790	-38,684	14,151	1,00	35,84	B	N
NGUYÊN TỬ	1067	CA	PHE	205	-6,668	-38,913	13,249	1,00	33,48	B	C
NGUYÊN TỬ	1068	CB	PHE	205	-6,603	-37,818	12,190	1,00	31,69	B	C
NGUYÊN TỬ	1069	CG	PHE	205	-5,544	-38,049	11,166	1,00	31,35	B	C
NGUYÊN TỬ	1070	CD1	PHE	205	-4,288	-37,502	11,317	1,00	31,19	B	C
NGUYÊN TỬ	1071	CD2	PHE	205	-5,798	-38,827	10,051	1,00	32,23	B	C
NGUYÊN TỬ	1072	CE1	PHE	205	-3,303	-37,726	10,371	1,00	31,97	B	C
NGUYÊN TỬ	1073	CE2	PHE	205	-4,813	-39,052	9,102	1,00	32,26	B	C
NGUYÊN TỬ	1074	CZ	PHE	205	-3,568	-38,502	9,264	1,00	30,67	B	C
NGUYÊN TỬ	1075	C	PHE	205	-5,314	-39,001	13,959	1,00	32,69	B	C
NGUYÊN TỬ	1076	O	PHE	205	-4,991	-38,201	14,842	1,00	32,36	B	O
NGUYÊN TỬ	1077	N	GLU	206	-4,515	-39,978	13,563	1,00	31,16	B	N
NGUYÊN TỬ	1078	CA	GLU	206	-3,160	-40,042	14,060	1,00	30,22	B	C
NGUYÊN TỬ	1079	CB	GLU	206	-3,156	-40,639	15,456	1,00	30,05	B	C
NGUYÊN TỬ	1080	CG	GLU	206	-1,784	-40,771	16,058	1,00	32,36	B	C
NGUYÊN TỬ	1081	CD	GLU	206	-1,797	-41,638	17,292	1,00	35,04	B	C
NGUYÊN TỬ	1082	OE1	GLU	206	-1,549	-41,109	18,397	1,00	38,43	B	O
NGUYÊN TỬ	1083	OE2	GLU	206	-2,063	-42,850	17,160	1,00	34,75	B	O
NGUYÊN TỬ	1084	C	GLU	206	-2,250	-40,843	13,142	1,00	28,87	B	C
NGUYÊN TỬ	1085	O	GLU	206	-2,529	-41,991	12,825	1,00	27,95	B	O
NGUYÊN TỬ	1086	N	ASN	207	-1,163	-40,213	12,712	1,00	29,34	B	N
NGUYÊN TỬ	1087	CA	ASN	207	-0,115	-40,894	11,966	1,00	29,09	B	C
NGUYÊN TỬ	1088	CB	ASN	207	-0,283	-40,651	10,462	1,00	29,34	B	C
NGUYÊN TỬ	1089	CG	ASN	207	0,661	-41,504	9,620	1,00	28,97	B	C
NGUYÊN TỬ	1090	OD1	ASN	207	0,231	-42,440	8,961	1,00	27,55	B	O
NGUYÊN TỬ	1091	ND2	ASN	207	1,956	-41,175	9,643	1,00	30,27	B	N
NGUYÊN TỬ	1092	C	ASN	207	1,249	-40,382	12,415	1,00	28,09	B	C
NGUYÊN TỬ	1093	O	ASN	207	1,760	-39,399	11,878	1,00	29,19	B	O
NGUYÊN TỬ	1094	N	VAL	208	1,835	-41,057	13,397	1,00	26,80	B	N
NGUYÊN TỬ	1095	CA	VAL	208	3,126	-40,654	13,925	1,00	25,13	B	C
NGUYÊN TỬ	1096	CB	VAL	208	2,987	-40,135	15,371	1,00	23,53	B	C
NGUYÊN TỬ	1097	CG1	VAL	208	2,211	-38,842	15,388	1,00	22,53	B	C
NGUYÊN TỬ	1098	CG2	VAL	208	2,278	-41,159	16,219	1,00	21,79	B	C
NGUYÊN TỬ	1099	C	VAL	208	4,127	-41,805	13,892	1,00	26,28	B	C
NGUYÊN TỬ	1100	O	VAL	208	3,752	-42,969	13,992	1,00	26,48	B	O
NGUYÊN TỬ	1101	N	PRO	209	5,418	-41,482	13,722	1,00	28,18	B	N
NGUYÊN TỬ	1102	CD	PRO	209	5,845	-40,119	13,351	1,00	29,06	B	C
NGUYÊN TỬ	1103	CA	PRO	209	6,562	-42,394	13,827	1,00	30,05	B	C
NGUYÊN TỬ	1104	CB	PRO	209	7,692	-41,608	13,190	1,00	28,79	B	C
NGUYÊN TỬ	1105	CG	PRO	209	7,339	-40,177	13,468	1,00	26,64	B	C
NGUYÊN TỬ	1106	C	PRO	209	6,872	-42,725	15,280	1,00	33,78	B	C
NGUYÊN TỬ	1107	O	PRO	209	6,671	-41,897	16,166	1,00	34,02	B	O
NGUYÊN TỬ	1108	N	GLU	210	7,378	-43,924	15,529	1,00	38,83	B	N
NGUYÊN TỬ	1109	CA	GLU	210	7,634	-44,337	16,899	1,00	44,60	B	C
NGUYÊN TỬ	1110	CB	GLU	210	8,115	-45,777	16,947	1,00	46,99	B	C
NGUYÊN TỬ	1111	CG	GLU	210	7,149	-46,753	16,350	1,00	52,51	B	C
NGUYÊN TỬ	1112	CD	GLU	210	7,807	-48,078	16,052	1,00	56,68	B	C
NGUYÊN TỬ	1113	OE1	GLU	210	8,749	-48,448	16,791	1,00	58,71	B	O
NGUYÊN TỬ	1114	OE2	GLU	210	7,390	-48,744	15,077	1,00	58,58	B	O
NGUYÊN TỬ	1115	C	GLU	210	8,682	-43,450	17,531	1,00	46,80	B	C
NGUYÊN TỬ	1116	O	GLU	210	9,615	-42,998	16,867	1,00	45,67	B	O
NGUYÊN TỬ	1117	N	GLU	211	8,532	-43,210	18,823	1,00	50,25	B	N
NGUYÊN TỬ	1118	CA	GLU	211	9,508	-42,412	19,545	1,00	53,81	B	C
NGUYÊN TỬ	1119	CB	GLU	211	9,122	-42,343	21,020	1,00	54,42	B	C
NGUYÊN TỬ	1120	CG	GLU	211	7,641	-42,600	21,242	1,00	56,19	B	C
NGUYÊN TỬ	1121	CD	GLU	211	6,791	-41,386	20,950	1,00	56,76	B	C
NGUYÊN TỬ	1122	OE1	GLU	211	7,332	-40,269	21,041	1,00	58,23	B	O
NGUYÊN TỬ	1123	OE2	GLU	211	5,589	-41,543	20,631	1,00	55,21	B	O
NGUYÊN TỬ	1124	C	GLU	211	10,872	-43,060	19,410	1,00	55,25	B	C
NGUYÊN TỬ	1125	O	GLU	211	10,981	-44,286	19,400	1,00	55,73	B	O
NGUYÊN TỬ	1126	N	ASP	212	11,907	-42,237	19,296	1,00	57,47	B	N
NGUYÊN TỬ	1127	CA	ASP	212	13,257	-42,726	19,497	1,00	59,60	B	C
NGUYÊN TỬ	1128	CB	ASP	212	13,335	-43,386	20,870	1,00	61,46	B	C
NGUYÊN TỬ	1129	CG	ASP	212	14,753	-43,585	21,348	1,00	63,54	B	C
NGUYÊN TỬ	1130	OD1	ASP	212	15,701	-43,219	20,613	1,00	65,22	B	O
NGUYÊN TỬ	1131	OD2	ASP	212	14,911	-44,119	22,468	1,00	65,41	B	O
NGUYÊN TỬ	1132	C	ASP	212	13,595	-43,735	18,407	1,00	61,25	B	C
NGUYÊN TỬ	1133	O	ASP	212	14,004	-43,364	17,310	1,00	62,44	B	O
NGUYÊN TỬ	1134	N	LYS	222	5,879	-33,583	27,994	1,00	46,08	B	N
NGUYÊN TỬ	1135	CA	LYS	222	4,625	-34,186	27,575	1,00	46,76	B	C
NGUYÊN TỬ	1136	CB	LYS	222	3,455	-33,569	28,341	1,00	47,87	B	C
NGUYÊN TỬ	1137	CG	LYS	222	3,481	-33,867	29,823	1,00	50,38	B	C
NGUYÊN TỬ	1138	CD	LYS	222	2,205	-33,438	30,501	1,00	52,96	B	C

NGUYÊN TỬ	1139	CE	LYS	222	2,195	-33,878	31,954	1,00	55,83	B	C
NGUYÊN TỬ	1140	NZ	LYS	222	1,005	-33,423	32,731	1,00	59,69	B	N
NGUYÊN TỬ	1141	C	LYS	222	4,382	-34,040	26,079	1,00	45,41	B	C
NGUYÊN TỬ	1142	O	LYS	222	4,825	-33,080	25,445	1,00	45,49	B	O
NGUYÊN TỬ	1143	N	CYS	223	3,646	-35,003	25,540	1,00	43,53	B	N
NGUYÊN TỬ	1144	CA	CYS	223	3,327	-35,050	24,125	1,00	41,93	B	C
NGUYÊN TỬ	1145	C	CYS	223	2,291	-33,991	23,784	1,00	40,12	B	C
NGUYÊN TỬ	1146	O	CYS	223	2,093	-33,666	22,619	1,00	39,88	B	O
NGUYÊN TỬ	1147	CB	CYS	223	2,774	-36,424	23,779	1,00	43,01	B	C
NGUYÊN TỬ	1148	SG	CYS	223	3,674	-37,758	24,630	1,00	45,72	B	S
NGUYÊN TỬ	1149	N	ASP	224	1,613	-33,482	24,809	1,00	38,82	B	N
NGUYÊN TỬ	1150	CA	ASP	224	0,589	-32,452	24,646	1,00	36,21	B	C
NGUYÊN TỬ	1151	CB	ASP	224	-0,267	-32,332	25,907	1,00	38,96	B	C
NGUYÊN TỬ	1152	CG	ASP	224	-0,850	-33,650	26,351	1,00	41,36	B	C
NGUYÊN TỬ	1153	OD1	ASP	224	-0,148	-34,679	26,266	1,00	44,99	B	O
NGUYÊN TỬ	1154	OD2	ASP	224	-2,017	-33,657	26,792	1,00	42,87	B	O
NGUYÊN TỬ	1155	C	ASP	224	1,280	-31,118	24,421	1,00	34,07	B	C
NGUYÊN TỬ	1156	O	ASP	224	0,778	-30,248	23,706	1,00	32,46	B	O
NGUYÊN TỬ	1157	N	SER	225	2,442	-30,979	25,053	1,00	31,41	B	N
NGUYÊN TỬ	1158	CA	SER	225	3,169	-29,721	25,120	1,00	28,08	B	C
NGUYÊN TỬ	1159	CB	SER	225	4,651	-30,002	25,351	1,00	26,55	B	C
NGUYÊN TỬ	1160	OG	SER	225	5,418	-28,847	25,088	1,00	27,45	B	O
NGUYÊN TỬ	1161	C	SER	225	3,004	-28,809	23,906	1,00	26,58	B	C
NGUYÊN TỬ	1162	O	SER	225	2,371	-27,760	23,991	1,00	25,91	B	O
NGUYÊN TỬ	1163	N	HIS	226	3,576	-29,203	22,778	1,00	25,93	B	N
NGUYÊN TỬ	1164	CA	HIS	226	3,721	-28,286	21,651	1,00	25,28	B	C
NGUYÊN TỬ	1165	CB	HIS	226	4,530	-28,958	20,541	1,00	25,17	B	C
NGUYÊN TỬ	1166	CG	HIS	226	4,905	-28,039	19,419	1,00	25,61	B	C
NGUYÊN TỬ	1167	CD2	HIS	226	5,842	-27,065	19,339	1,00	25,96	B	C
NGUYÊN TỬ	1168	ND1	HIS	226	4,308	-28,100	18,177	1,00	25,61	B	N
NGUYÊN TỬ	1169	CE1	HIS	226	4,864	-27,205	17,380	1,00	26,84	B	C
NGUYÊN TỬ	1170	NE2	HIS	226	5,799	-26,563	18,060	1,00	26,81	B	N
NGUYÊN TỬ	1171	C	HIS	226	2,382	-27,807	21,095	1,00	24,30	B	C
NGUYÊN TỬ	1172	O	HIS	226	2,193	-26,613	20,867	1,00	24,47	B	O
NGUYÊN TỬ	1173	N	GLY	227	1,460	-28,742	20,883	1,00	23,30	B	N
NGUYÊN TỬ	1174	CA	GLY	227	0,196	-28,419	20,251	1,00	22,28	B	C
NGUYÊN TỬ	1175	C	GLY	227	-0,772	-27,718	21,184	1,00	23,20	B	C
NGUYÊN TỬ	1176	O	GLY	227	-1,589	-26,907	20,754	1,00	23,88	B	O
NGUYÊN TỬ	1177	N	THR	228	-0,684	-28,022	22,471	1,00	23,01	B	N
NGUYÊN TỬ	1178	CA	THR	228	-1,561	-27,394	23,447	1,00	22,63	B	C
NGUYÊN TỬ	1179	CB	THR	228	-1,394	-28,024	24,842	1,00	23,38	B	C
NGUYÊN TỬ	1180	OG1	THR	228	-1,516	-29,450	24,748	1,00	23,12	B	O
NGUYÊN TỬ	1181	CG2	THR	228	-2,456	-27,499	25,782	1,00	21,83	B	C
NGUYÊN TỬ	1182	C	THR	228	-1,233	-25,913	23,542	1,00	22,38	B	C
NGUYÊN TỬ	1183	O	THR	228	-2,121	-25,067	23,614	1,00	23,83	B	O
NGUYÊN TỬ	1184	N	HIS	229	0,050	-25,592	23,534	1,00	22,67	B	N
NGUYÊN TỬ	1185	CA	HIS	229	0,446	-24,198	23,574	1,00	22,18	B	C
NGUYÊN TỬ	1186	CB	HIS	229	1,964	-24,077	23,632	1,00	22,78	B	C
NGUYÊN TỬ	1187	CG	HIS	229	2,448	-22,720	24,041	1,00	23,95	B	C
NGUYÊN TỬ	1188	CD2	HIS	229	2,598	-22,159	25,264	1,00	23,15	B	C
NGUYÊN TỬ	1189	ND1	HIS	229	2,896	-21,783	23,132	1,00	23,61	B	N
NGUYÊN TỬ	1190	CE1	HIS	229	3,305	-20,707	23,778	1,00	23,68	B	C
NGUYÊN TỬ	1191	NE2	HIS	229	3,136	-20,909	25,074	1,00	23,94	B	N
NGUYÊN TỬ	1192	C	HIS	229	-0,080	-23,527	22,321	1,00	21,39	B	C
NGUYÊN TỬ	1193	O	HIS	229	-0,646	-22,443	22,381	1,00	20,56	B	O
NGUYÊN TỬ	1194	N	LEU	230	0,096	-24,187	21,184	1,00	20,66	B	N
NGUYÊN TỬ	1195	CA	LEU	230	-0,314	-23,605	19,919	1,00	21,11	B	C
NGUYÊN TỬ	1196	CB	LEU	230	0,134	-24,495	18,764	1,00	21,06	B	C
NGUYÊN TỬ	1197	CG	LEU	230	1,647	-24,572	18,592	1,00	22,74	B	C
NGUYÊN TỬ	1198	CD1	LEU	230	1,993	-25,388	17,359	1,00	21,39	B	C
NGUYÊN TỬ	1199	CD2	LEU	230	2,204	-23,156	18,478	1,00	23,15	B	C
NGUYÊN TỬ	1200	C	LEU	230	-1,821	-23,401	19,858	1,00	21,39	B	C
NGUYÊN TỬ	1201	O	LEU	230	-2,296	-22,404	19,304	1,00	21,76	B	O
NGUYÊN TỬ	1202	N	ALA	231	-2,569	-24,341	20,431	1,00	21,33	B	N
NGUYÊN TỬ	1203	CA	ALA	231	-4,026	-24,270	20,417	1,00	21,00	B	C
NGUYÊN TỬ	1204	CB	ALA	231	-4,618	-25,474	21,138	1,00	18,46	B	C
NGUYÊN TỬ	1205	C	ALA	231	-4,473	-22,979	21,090	1,00	22,12	B	C
NGUYÊN TỬ	1206	O	ALA	231	-5,335	-22,264	20,572	1,00	21,92	B	O
NGUYÊN TỬ	1207	N	GLY	232	-3,868	-22,685	22,240	1,00	22,96	B	N
NGUYÊN TỬ	1208	CA	GLY	232	-4,181	-21,468	22,965	1,00	24,03	B	C
NGUYÊN TỬ	1209	C	GLY	232	-3,799	-20,213	22,207	1,00	24,50	B	C
NGUYÊN TỬ	1210	O	GLY	232	-4,573	-19,265	22,132	1,00	25,89	B	O
NGUYÊN TỬ	1211	N	VAL	233	-2,609	-20,196	21,628	1,00	25,98	B	N
NGUYÊN TỬ	1212	CA	VAL	233	-2,169	-19,014	20,908	1,00	26,71	B	C
NGUYÊN TỬ	1213	CB	VAL	233	-0,805	-19,224	20,252	1,00	25,92	B	C
NGUYÊN TỬ	1214	CG1	VAL	233	-0,390	-17,959	19,531	1,00	25,35	B	C

NGUYÊN TỬ	1215	CG2	VAL	233	0,215	-19,601	21,294	1,00	25,45	B	C
NGUYÊN TỬ	1216	C	VAL	233	-3,171	-18,663	19,823	1,00	28,02	B	C
NGUYÊN TỬ	1217	O	VAL	233	-3,284	-17,506	19,424	1,00	29,94	B	O
NGUYÊN TỬ	1218	N	VAL	234	-3,906	-19,664	19,349	1,00	29,13	B	N
NGUYÊN TỬ	1219	CA	VAL	234	-4,922	-19,447	18,320	1,00	28,46	B	C
NGUYÊN TỬ	1220	CB	VAL	234	-5,133	-20,693	17,455	1,00	29,28	B	C
NGUYÊN TỬ	1221	CG1	VAL	234	-6,540	-20,693	16,905	1,00	29,41	B	C
NGUYÊN TỬ	1222	CG2	VAL	234	-4,135	-20,704	16,310	1,00	30,36	B	C
NGUYÊN TỬ	1223	C	VAL	234	-6,281	-19,046	18,854	1,00	26,66	B	C
NGUYÊN TỬ	1224	O	VAL	234	-6,833	-18,043	18,425	1,00	26,52	B	O
NGUYÊN TỬ	1225	N	SER	235	-6,819	-19,832	19,781	1,00	25,95	B	N
NGUYÊN TỬ	1226	CA	SER	235	-8,194	-19,648	20,222	1,00	26,62	B	C
NGUYÊN TỬ	1227	CB	SER	235	-9,046	-20,814	19,740	1,00	27,81	B	C
NGUYÊN TỬ	1228	OG	SER	235	-8,946	-21,905	20,639	1,00	30,51	B	O
NGUYÊN TỬ	1229	C	SER	235	-8,354	-19,516	21,735	1,00	26,18	B	C
NGUYÊN TỬ	1230	O	SER	235	-9,471	-19,410	22,230	1,00	25,76	B	O
NGUYÊN TỬ	1231	N	GLY	236	-7,243	-19,531	22,464	1,00	26,66	B	N
NGUYÊN TỬ	1232	CA	GLY	236	-7,295	-19,505	23,917	1,00	26,34	B	C
NGUYÊN TỬ	1233	C	GLY	236	-8,147	-18,384	24,488	1,00	27,10	B	C
NGUYÊN TỬ	1234	O	GLY	236	-8,256	-17,308	23,899	1,00	26,56	B	O
NGUYÊN TỬ	1235	N	ARG	237	-8,749	-18,637	25,646	1,00	27,20	B	N
NGUYÊN TỬ	1236	CA	ARG	237	-9,678	-17,693	26,258	1,00	28,66	B	C
NGUYÊN TỬ	1237	CB	ARG	237	-10,412	-18,355	27,422	1,00	31,42	B	C
NGUYÊN TỬ	1238	CG	ARG	237	-11,558	-19,253	26,990	1,00	36,85	B	C
NGUYÊN TỬ	1239	CD	ARG	237	-11,972	-20,233	28,086	1,00	41,17	B	C
NGUYÊN TỬ	1240	NE	ARG	237	-13,193	-20,955	27,729	1,00	46,01	B	N
NGUYÊN TỬ	1241	CZ	ARG	237	-13,224	-22,136	27,114	1,00	48,46	B	C
NGUYÊN TỬ	1242	NH1	ARG	237	-14,395	-22,702	26,833	1,00	49,07	B	N
NGUYÊN TỬ	1243	NH2	ARG	237	-12,093	-22,756	26,784	1,00	48,35	B	N
NGUYÊN TỬ	1244	C	ARG	237	-9,021	-16,416	26,748	1,00	27,85	B	C
NGUYÊN TỬ	1245	O	ARG	237	-9,582	-15,331	26,603	1,00	26,35	B	O
NGUYÊN TỬ	1246	N	ASP	238	-7,838	-16,546	27,334	1,00	28,76	B	N
NGUYÊN TỬ	1247	CA	ASP	238	-7,118	-15,392	27,861	1,00	30,27	B	C
NGUYÊN TỬ	1248	CB	ASP	238	-6,617	-15,685	29,280	1,00	33,62	B	C
NGUYÊN TỬ	1249	CG	ASP	238	-7,733	-16,134	30,216	1,00	37,65	B	C
NGUYÊN TỬ	1250	OD1	ASP	238	-8,918	-15,968	29,852	1,00	39,82	B	O
NGUYÊN TỬ	1251	OD2	ASP	238	-7,429	-16,652	31,316	1,00	37,81	B	O
NGUYÊN TỬ	1252	C	ASP	238	-5,935	-15,002	26,978	1,00	29,53	B	C
NGUYÊN TỬ	1253	O	ASP	238	-5,566	-13,836	26,902	1,00	29,35	B	O
NGUYÊN TỬ	1254	N	ALA	239	-5,342	-15,985	26,311	1,00	30,01	B	N
NGUYÊN TỬ	1255	CA	ALA	239	-4,086	-15,779	25,601	1,00	29,41	B	C
NGUYÊN TỬ	1256	CB	ALA	239	-3,024	-16,745	26,132	1,00	27,71	B	C
NGUYÊN TỬ	1257	C	ALA	239	-4,251	-15,961	24,098	1,00	29,33	B	C
NGUYÊN TỬ	1258	O	ALA	239	-3,298	-15,821	23,342	1,00	29,65	B	O
NGUYÊN TỬ	1259	N	GLY	240	-5,462	-16,280	23,663	1,00	30,49	B	N
NGUYÊN TỬ	1260	CA	GLY	240	-5,670	-16,564	22,258	1,00	29,73	B	C
NGUYÊN TỬ	1261	C	GLY	240	-5,746	-15,301	21,434	1,00	29,50	B	C
NGUYÊN TỬ	1262	O	GLY	240	-5,981	-14,218	21,967	1,00	28,77	B	O
NGUYÊN TỬ	1263	N	VAL	241	-5,539	-15,449	20,129	1,00	29,66	B	N
NGUYÊN TỬ	1264	CA	VAL	241	-5,801	-14,389	19,165	1,00	29,00	B	C
NGUYÊN TỬ	1265	CB	VAL	241	-4,887	-14,534	17,934	1,00	27,73	B	C
NGUYÊN TỬ	1266	CG1	VAL	241	-5,211	-13,462	16,912	1,00	27,00	B	C
NGUYÊN TỬ	1267	CG2	VAL	241	-3,441	-14,432	18,359	1,00	27,06	B	C
NGUYÊN TỬ	1268	C	VAL	241	-7,261	-14,426	18,703	1,00	29,65	B	C
NGUYÊN TỬ	1269	O	VAL	241	-8,006	-13,454	18,869	1,00	30,73	B	O
NGUYÊN TỬ	1270	N	ALA	242	-7,670	-15,555	18,130	1,00	29,93	B	N
NGUYÊN TỬ	1271	CA	ALA	242	-9,018	-15,693	17,580	1,00	29,53	B	C
NGUYÊN TỬ	1272	CB	ALA	242	-8,964	-16,377	16,220	1,00	28,85	B	C
NGUYÊN TỬ	1273	C	ALA	242	-9,921	-16,478	18,515	1,00	28,85	B	C
NGUYÊN TỬ	1274	O	ALA	242	-10,393	-17,559	18,176	1,00	28,12	B	O
NGUYÊN TỬ	1275	N	LYS	243	-10,159	-15,930	19,696	1,00	29,26	B	N
NGUYÊN TỬ	1276	CA	LYS	243	-11,157	-16,492	20,582	1,00	29,82	B	C
NGUYÊN TỬ	1277	CB	LYS	243	-11,445	-15,500	21,697	1,00	28,15	B	C
NGUYÊN TỬ	1278	CG	LYS	243	-10,347	-14,472	21,869	1,00	26,26	B	C
NGUYÊN TỬ	1279	CD	LYS	243	-9,612	-14,683	23,175	1,00	26,89	B	C
NGUYÊN TỬ	1280	CE	LYS	243	-8,704	-13,506	23,508	1,00	26,93	B	C
NGUYÊN TỬ	1281	NZ	LYS	243	-8,473	-13,398	24,973	1,00	26,14	B	N
NGUYÊN TỬ	1282	C	LYS	243	-12,415	-16,735	19,747	1,00	31,25	B	C
NGUYÊN TỬ	1283	O	LYS	243	-12,645	-16,054	18,750	1,00	33,02	B	O
NGUYÊN TỬ	1284	N	GLY	244	-13,220	-17,718	20,123	1,00	31,12	B	N
NGUYÊN TỬ	1285	CA	GLY	244	-14,451	-17,936	19,385	1,00	31,63	B	C
NGUYÊN TỬ	1286	C	GLY	244	-14,296	-18,595	18,025	1,00	31,24	B	C
NGUYÊN TỬ	1287	O	GLY	244	-15,258	-19,141	17,487	1,00	31,27	B	O
NGUYÊN TỬ	1288	N	ALA	245	-13,100	-18,542	17,456	1,00	31,32	B	N
NGUYÊN TỬ	1289	CA	ALA	245	-12,768	-19,446	16,366	1,00	32,05	B	C
NGUYÊN TỬ	1290	CB	ALA	245	-11,446	-19,059	15,757	1,00	31,24	B	C

NGUYÊN TỬ	1291	C	ALA	245	-12,683	-20,847	16,956	1,00	32,80	B	C
NGUYÊN TỬ	1292	O	ALA	245	-12,548	-21,012	18,170	1,00	33,98	B	O
NGUYÊN TỬ	1293	N	SER	246	-12,764	-21,864	16,111	1,00	33,54	B	N
NGUYÊN TỬ	1294	CA	SER	246	-12,791	-23,227	16,625	1,00	34,92	B	C
NGUYÊN TỬ	1295	CB	SER	246	-14,207	-23,775	16,536	1,00	36,59	B	C
NGUYÊN TỬ	1296	OG	SER	246	-15,062	-23,000	17,353	1,00	39,79	B	O
NGUYÊN TỬ	1297	C	SER	246	-11,821	-24,180	15,951	1,00	34,43	B	C
NGUYÊN TỬ	1298	O	SER	246	-11,525	-24,051	14,768	1,00	34,27	B	O
NGUYÊN TỬ	1299	N	MET	247	-11,334	-25,145	16,719	1,00	34,89	B	N
NGUYÊN TỬ	1300	CA	MET	247	-10,205	-25,947	16,292	1,00	35,66	B	C
NGUYÊN TỬ	1301	CB	MET	247	-9,026	-25,702	17,237	1,00	38,44	B	C
NGUYÊN TỬ	1302	CG	MET	247	-8,439	-24,296	17,103	1,00	41,75	B	C
NGUYÊN TỬ	1303	SD	MET	247	-7,185	-23,868	18,326	1,00	45,85	B	S
NGUYÊN TỬ	1304	CE	MET	247	-5,832	-24,890	17,796	1,00	44,65	B	C
NGUYÊN TỬ	1305	C	MET	247	-10,499	-27,436	16,194	1,00	35,05	B	C
NGUYÊN TỬ	1306	O	MET	247	-11,242	-28,001	16,995	1,00	34,54	B	O
NGUYÊN TỬ	1307	N	ARG	248	-9,909	-28,066	15,190	1,00	34,28	B	N
NGUYÊN TỬ	1308	CA	ARG	248	-9,950	-29,509	15,083	1,00	33,81	B	C
NGUYÊN TỬ	1309	CB	ARG	248	-10,815	-29,914	13,897	1,00	35,62	B	C
NGUYÊN TỬ	1310	CG	ARG	248	-11,884	-28,894	13,551	1,00	38,31	B	C
NGUYÊN TỬ	1311	CD	ARG	248	-12,886	-29,472	12,566	1,00	40,68	B	C
NGUYÊN TỬ	1312	NE	ARG	248	-13,589	-30,609	13,149	1,00	44,00	B	N
NGUYÊN TỬ	1313	CZ	ARG	248	-14,713	-30,509	13,849	1,00	45,66	B	C
NGUYÊN TỬ	1314	NH1	ARG	248	-15,285	-31,596	14,351	1,00	46,06	B	N
NGUYÊN TỬ	1315	NH2	ARG	248	-15,268	-29,320	14,041	1,00	46,30	B	N
NGUYÊN TỬ	1316	C	ARG	248	-8,526	-30,023	14,905	1,00	32,41	B	C
NGUYÊN TỬ	1317	O	ARG	248	-7,850	-29,692	13,928	1,00	32,44	B	O
NGUYÊN TỬ	1318	N	SER	249	-8,083	-30,836	15,857	1,00	29,90	B	N
NGUYÊN TỬ	1319	CA	SER	249	-6,694	-31,247	15,930	1,00	27,61	B	C
NGUYÊN TỬ	1320	CB	SER	249	-6,250	-31,200	17,393	1,00	27,24	B	C
NGUYÊN TỬ	1321	OG	SER	249	-5,681	-32,427	17,811	1,00	27,75	B	O
NGUYÊN TỬ	1322	C	SER	249	-6,420	-32,638	15,330	1,00	26,69	B	C
NGUYÊN TỬ	1323	O	SER	249	-7,102	-33,608	15,649	1,00	27,35	B	O
NGUYÊN TỬ	1324	N	LEU	250	-5,415	-32,727	14,462	1,00	25,20	B	N
NGUYÊN TỬ	1325	CA	LEU	250	-4,862	-34,016	14,044	1,00	24,40	B	C
NGUYÊN TỬ	1326	CB	LEU	250	-4,708	-34,070	12,521	1,00	25,99	B	C
NGUYÊN TỬ	1327	CG	LEU	250	-5,964	-34,039	11,643	1,00	25,42	B	C
NGUYÊN TỬ	1328	CD1	LEU	250	-6,634	-32,682	11,736	1,00	25,61	B	C
NGUYÊN TỬ	1329	CD2	LEU	250	-5,574	-34,329	10,205	1,00	25,09	B	C
NGUYÊN TỬ	1330	C	LEU	250	-3,493	-34,224	14,691	1,00	23,33	B	C
NGUYÊN TỬ	1331	O	LEU	250	-2,813	-33,257	15,010	1,00	23,67	B	O
NGUYÊN TỬ	1332	N	ARG	251	-3,091	-35,477	14,891	1,00	22,89	B	N
NGUYÊN TỬ	1333	CA	ARG	251	-1,769	-35,763	15,438	1,00	22,61	B	C
NGUYÊN TỬ	1334	CB	ARG	251	-1,859	-36,714	16,630	1,00	21,26	B	C
NGUYÊN TỬ	1335	CG	ARG	251	-0,487	-37,028	17,209	1,00	23,82	B	C
NGUYÊN TỬ	1336	CD	ARG	251	-0,542	-37,959	18,419	1,00	26,20	B	C
NGUYÊN TỬ	1337	NE	ARG	251	0,709	-37,945	19,182	1,00	26,31	B	N
NGUYÊN TỬ	1338	CZ	ARG	251	1,351	-39,036	19,585	1,00	25,27	B	C
NGUYÊN TỬ	1339	NH1	ARG	251	0,863	-40,233	19,299	1,00	24,93	B	N
NGUYÊN TỬ	1340	NH2	ARG	251	2,477	-38,931	20,275	1,00	25,73	B	N
NGUYÊN TỬ	1341	C	ARG	251	-0,812	-36,355	14,406	1,00	23,38	B	C
NGUYÊN TỬ	1342	O	ARG	251	-0,951	-37,511	13,993	1,00	23,07	B	O
NGUYÊN TỬ	1343	N	VAL	252	0,174	-35,559	14,002	1,00	23,27	B	N
NGUYÊN TỬ	1344	CA	VAL	252	1,136	-35,992	12,999	1,00	24,29	B	C
NGUYÊN TỬ	1345	CB	VAL	252	1,134	-35,048	11,791	1,00	24,61	B	C
NGUYÊN TỬ	1346	CG1	VAL	252	-0,182	-35,150	11,053	1,00	24,12	B	C
NGUYÊN TỬ	1347	CG2	VAL	252	1,350	-33,633	12,261	1,00	25,97	B	C
NGUYÊN TỬ	1348	C	VAL	252	2,546	-36,054	13,570	1,00	24,19	B	C
NGUYÊN TỬ	1349	O	VAL	252	3,447	-36,634	12,959	1,00	25,34	B	O
NGUYÊN TỬ	1350	N	LEU	253	2,720	-35,454	14,744	1,00	24,84	B	N
NGUYÊN TỬ	1351	CA	LEU	253	4,006	-35,411	15,430	1,00	24,76	B	C
NGUYÊN TỬ	1352	CB	LEU	253	4,361	-33,967	15,776	1,00	23,72	B	C
NGUYÊN TỬ	1353	CG	LEU	253	4,361	-32,960	14,625	1,00	22,29	B	C
NGUYÊN TỬ	1354	CD1	LEU	253	4,645	-31,576	15,154	1,00	21,59	B	C
NGUYÊN TỬ	1355	CD2	LEU	253	5,408	-33,352	13,607	1,00	22,92	B	C
NGUYÊN TỬ	1356	C	LEU	253	3,950	-36,233	16,714	1,00	26,34	B	C
NGUYÊN TỬ	1357	O	LEU	253	3,063	-36,031	17,551	1,00	26,64	B	O
NGUYÊN TỬ	1358	N	ASN	254	4,907	-37,147	16,870	1,00	27,39	B	N
NGUYÊN TỬ	1359	CA	ASN	254	4,999	-37,981	18,066	1,00	27,84	B	C
NGUYÊN TỬ	1360	CB	ASN	254	5,988	-39,131	17,832	1,00	28,42	B	C
NGUYÊN TỬ	1361	CG	ASN	254	7,439	-38,676	17,836	1,00	28,34	B	C
NGUYÊN TỬ	1362	OD1	ASN	254	7,727	-37,486	17,881	1,00	28,47	B	O
NGUYÊN TỬ	1363	ND2	ASN	254	8,358	-39,630	17,788	1,00	28,22	B	N
NGUYÊN TỬ	1364	C	ASN	254	5,414	-37,177	19,306	1,00	28,27	B	C
NGUYÊN TỬ	1365	O	ASN	254	5,418	-35,938	19,295	1,00	28,25	B	O
NGUYÊN TỬ	1366	N	CYS	255	5,756	-37,884	20,376	1,00	28,16	B	N

NGUYÊN TỬ	1367	CA	CYS	255	6,024	-37,239	21,655	1,00	28,63	B	C
NGUYÊN TỬ	1368	C	CYS	255	7,325	-36,487	21,675	1,00	26,69	B	C
NGUYÊN TỬ	1369	O	CYS	255	7,626	-35,806	22,645	1,00	27,25	B	O
NGUYÊN TỬ	1370	CB	CYS	255	6,045	-38,258	22,781	1,00	32,30	B	C
NGUYÊN TỬ	1371	SG	CYS	255	4,407	-38,942	23,137	1,00	43,56	B	S
NGUYÊN TỬ	1372	N	GLN	256	8,111	-36,622	20,617	1,00	24,58	B	N
NGUYÊN TỬ	1373	CA	GLN	256	9,348	-35,875	20,520	1,00	21,14	B	C
NGUYÊN TỬ	1374	CB	GLN	256	10,503	-36,846	20,406	1,00	21,92	B	C
NGUYÊN TỬ	1375	CG	GLN	256	10,613	-37,723	21,623	1,00	24,98	B	C
NGUYÊN TỬ	1376	CD	GLN	256	11,095	-39,115	21,295	1,00	28,39	B	C
NGUYÊN TỬ	1377	OE1	GLN	256	11,508	-39,398	20,165	1,00	30,69	B	O
NGUYÊN TỬ	1378	NE2	GLN	256	11,045	-40,001	22,283	1,00	30,25	B	N
NGUYÊN TỬ	1379	C	GLN	256	9,337	-34,893	19,357	1,00	20,02	B	C
NGUYÊN TỬ	1380	O	GLN	256	10,385	-34,517	18,843	1,00	19,29	B	O
NGUYÊN TỬ	1381	N	GLY	257	8,139	-34,479	18,950	1,00	19,22	B	N
NGUYÊN TỬ	1382	CA	GLY	257	8,004	-33,430	17,957	1,00	19,26	B	C
NGUYÊN TỬ	1383	C	GLY	257	8,241	-33,906	16,542	1,00	19,45	B	C
NGUYÊN TỬ	1384	O	GLY	257	8,408	-33,104	15,619	1,00	18,96	B	O
NGUYÊN TỬ	1385	N	LYS	258	8,248	-35,223	16,370	1,00	20,81	B	N
NGUYÊN TỬ	1386	CA	LYS	258	8,682	-35,826	15,123	1,00	21,90	B	C
NGUYÊN TỬ	1387	CB	LYS	258	9,762	-36,856	15,415	1,00	21,99	B	C
NGUYÊN TỬ	1388	CG	LYS	258	10,399	-37,442	14,179	1,00	27,25	B	C
NGUYÊN TỬ	1389	CD	LYS	258	11,905	-37,233	14,196	1,00	30,54	B	C
NGUYÊN TỬ	1390	CE	LYS	258	12,624	-38,401	13,536	1,00	34,07	B	C
NGUYÊN TỬ	1391	NZ	LYS	258	14,066	-38,101	13,269	1,00	37,21	B	N
NGUYÊN TỬ	1392	C	LYS	258	7,536	-36,476	14,353	1,00	21,86	B	C
NGUYÊN TỬ	1393	O	LYS	258	6,699	-37,167	14,923	1,00	23,60	B	O
NGUYÊN TỬ	1394	N	GLY	259	7,504	-36,233	13,050	1,00	22,07	B	N
NGUYÊN TỬ	1395	CA	GLY	259	6,571	-36,918	12,178	1,00	22,34	B	C
NGUYÊN TỬ	1396	C	GLY	259	7,238	-37,276	10,862	1,00	22,86	B	C
NGUYÊN TỬ	1397	O	GLY	259	8,467	-37,230	10,747	1,00	23,37	B	O
NGUYÊN TỬ	1398	N	THR	260	6,435	-37,637	9,866	1,00	21,84	B	N
NGUYÊN TỬ	1399	CA	THR	260	6,966	-37,958	8,548	1,00	21,86	B	C
NGUYÊN TỬ	1400	CB	THR	260	6,869	-39,462	8,253	1,00	20,56	B	C
NGUYÊN TỬ	1401	OG1	THR	260	5,496	-39,859	8,248	1,00	19,54	B	O
NGUYÊN TỬ	1402	CG2	THR	260	7,622	-40,251	9,309	1,00	19,92	B	C
NGUYÊN TỬ	1403	C	THR	260	6,203	-37,201	7,475	1,00	22,65	B	C
NGUYÊN TỬ	1404	O	THR	260	5,080	-36,777	7,704	1,00	24,48	B	O
NGUYÊN TỬ	1405	N	VAL	261	6,811	-37,024	6,306	1,00	22,69	B	N
NGUYÊN TỬ	1406	CA	VAL	261	6,173	-36,262	5,247	1,00	21,49	B	C
NGUYÊN TỬ	1407	CB	VAL	261	7,091	-36,153	4,018	1,00	20,59	B	C
NGUYÊN TỬ	1408	CG1	VAL	261	6,402	-35,364	2,919	1,00	19,43	B	C
NGUYÊN TỬ	1409	CG2	VAL	261	8,388	-35,473	4,408	1,00	19,44	B	C
NGUYÊN TỬ	1410	C	VAL	261	4,872	-36,951	4,860	1,00	21,94	B	C
NGUYÊN TỬ	1411	O	VAL	261	3,850	-36,301	4,624	1,00	22,12	B	O
NGUYÊN TỬ	1412	N	SER	262	4,911	-38,278	4,830	1,00	22,53	B	N
NGUYÊN TỬ	1413	CA	SER	262	3,757	-39,076	4,428	1,00	22,26	B	C
NGUYÊN TỬ	1414	CB	SER	262	4,165	-40,541	4,284	1,00	22,47	B	C
NGUYÊN TỬ	1415	OG	SER	262	4,955	-40,941	5,390	1,00	25,99	B	O
NGUYÊN TỬ	1416	C	SER	262	2,605	-38,962	5,414	1,00	21,68	B	C
NGUYÊN TỬ	1417	O	SER	262	1,457	-38,779	5,009	1,00	22,09	B	O
NGUYÊN TỬ	1418	N	GLY	263	2,916	-39,076	6,702	1,00	21,45	B	N
NGUYÊN TỬ	1419	CA	GLY	263	1,909	-38,867	7,724	1,00	21,21	B	C
NGUYÊN TỬ	1420	C	GLY	263	1,256	-37,506	7,567	1,00	22,43	B	C
NGUYÊN TỬ	1421	O	GLY	263	0,063	-37,328	7,845	1,00	21,36	B	O
NGUYÊN TỬ	1422	N	THR	264	2,039	-36,538	7,103	1,00	22,11	B	N
NGUYÊN TỬ	1423	CA	THR	264	1,527	-35,202	6,887	1,00	21,72	B	C
NGUYÊN TỬ	1424	CB	THR	264	2,644	-34,228	6,597	1,00	21,29	B	C
NGUYÊN TỬ	1425	OG1	THR	264	3,532	-34,176	7,715	1,00	20,27	B	O
NGUYÊN TỬ	1426	CG2	THR	264	2,074	-32,850	6,348	1,00	21,16	B	C
NGUYÊN TỬ	1427	C	THR	264	0,585	-35,208	5,701	1,00	23,10	B	C
NGUYÊN TỬ	1428	O	THR	264	-0,547	-34,732	5,796	1,00	25,02	B	O
NGUYÊN TỬ	1429	N	LEU	265	1,058	-35,753	4,584	1,00	23,29	B	N
NGUYÊN TỬ	1430	CA	LEU	265	0,233	-35,904	3,388	1,00	21,86	B	C
NGUYÊN TỬ	1431	CB	LEU	265	0,904	-36,860	2,412	1,00	20,38	B	C
NGUYÊN TỬ	1432	CG	LEU	265	2,200	-36,340	1,805	1,00	20,98	B	C
NGUYÊN TỬ	1433	CD1	LEU	265	2,879	-37,457	1,015	1,00	20,52	B	C
NGUYÊN TỬ	1434	CD2	LEU	265	1,898	-35,139	0,919	1,00	19,35	B	C
NGUYÊN TỬ	1435	C	LEU	265	-1,135	-36,455	3,745	1,00	21,27	B	C
NGUYÊN TỬ	1436	O	LEU	265	-2,159	-35,900	3,361	1,00	23,43	B	O
NGUYÊN TỬ	1437	N	ILE	266	-1,136	-37,555	4,485	1,00	19,76	B	N
NGUYÊN TỬ	1438	CA	ILE	266	-2,355	-38,257	4,838	1,00	18,31	B	C
NGUYÊN TỬ	1439	CB	ILE	266	-2,002	-39,585	5,543	1,00	16,80	B	C
NGUYÊN TỬ	1440	CG2	ILE	266	-3,251	-40,323	5,957	1,00	13,78	B	C
NGUYÊN TỬ	1441	CG1	ILE	266	-1,151	-40,436	4,603	1,00	14,04	B	C
NGUYÊN TỬ	1442	CD1	ILE	266	-0,945	-41,830	5,071	1,00	14,81	B	C

NGUYÊN TỬ	1443	C	ILE	266	-3,219	-37,386	5,746	1,00	20,40	B	C
NGUYÊN TỬ	1444	O	ILE	266	-4,454	-37,447	5,703	1,00	20,07	B	O
NGUYÊN TỬ	1445	N	GLY	267	-2,560	-36,566	6,560	1,00	21,94	B	N
NGUYÊN TỬ	1446	CA	GLY	267	-3,283	-35,624	7,393	1,00	21,97	B	C
NGUYÊN TỬ	1447	C	GLY	267	-4,098	-34,693	6,520	1,00	22,46	B	C
NGUYÊN TỬ	1448	O	GLY	267	-5,301	-34,527	6,717	1,00	23,67	B	O
NGUYÊN TỬ	1449	N	LEU	268	-3,444	-34,092	5,538	1,00	21,50	B	N
NGUYÊN TỬ	1450	CA	LEU	268	-4,124	-33,185	4,639	1,00	21,24	B	C
NGUYÊN TỬ	1451	CB	LEU	268	-3,108	-32,532	3,697	1,00	21,08	B	C
NGUYÊN TỬ	1452	CG	LEU	268	-1,978	-31,721	4,354	1,00	20,19	B	C
NGUYÊN TỬ	1453	CD1	LEU	268	-1,029	-31,208	3,291	1,00	20,01	B	C
NGUYÊN TỬ	1454	CD2	LEU	268	-2,550	-30,556	5,130	1,00	19,67	B	C
NGUYÊN TỬ	1455	C	LEU	268	-5,214	-33,910	3,841	1,00	22,54	B	C
NGUYÊN TỬ	1456	O	LEU	268	-6,269	-33,333	3,558	1,00	24,32	B	O
NGUYÊN TỬ	1457	N	GLU	269	-4,983	-35,172	3,488	1,00	21,86	B	N
NGUYÊN TỬ	1458	CA	GLU	269	-6,009	-35,930	2,778	1,00	21,18	B	C
NGUYÊN TỬ	1459	CB	GLU	269	-5,553	-37,367	2,519	1,00	22,31	B	C
NGUYÊN TỬ	1460	CG	GLU	269	-6,368	-38,078	1,431	1,00	24,62	B	C
NGUYÊN TỬ	1461	CD	GLU	269	-6,354	-39,593	1,562	1,00	25,91	B	C
NGUYÊN TỬ	1462	OE1	GLU	269	-5,320	-40,154	1,966	1,00	27,02	B	O
NGUYÊN TỬ	1463	OE2	GLU	269	-7,382	-40,229	1,257	1,00	27,61	B	O
NGUYÊN TỬ	1464	C	GLU	269	-7,250	-35,957	3,650	1,00	20,82	B	C
NGUYÊN TỬ	1465	O	GLU	269	-8,365	-35,650	3,209	1,00	21,02	B	O
NGUYÊN TỬ	1466	N	PHE	270	-7,032	-36,321	4,906	1,00	19,63	B	N
NGUYÊN TỬ	1467	CA	PHE	270	-8,100	-36,429	5,881	1,00	17,51	B	C
NGUYÊN TỬ	1468	CB	PHE	270	-7,495	-36,822	7,220	1,00	16,07	B	C
NGUYÊN TỬ	1469	CG	PHE	270	-8,467	-36,847	8,342	1,00	15,79	B	C
NGUYÊN TỬ	1470	CD1	PHE	270	-8,923	-38,046	8,844	1,00	16,82	B	C
NGUYÊN TỬ	1471	CD2	PHE	270	-8,884	-35,672	8,940	1,00	16,62	B	C
NGUYÊN TỬ	1472	CE1	PHE	270	-9,774	-38,081	9,933	1,00	17,22	B	C
NGUYÊN TỬ	1473	CE2	PHE	270	-9,728	-35,697	10,023	1,00	17,59	B	C
NGUYÊN TỬ	1474	CZ	PHE	270	-10,176	-36,910	10,523	1,00	18,31	B	C
NGUYÊN TỬ	1475	C	PHE	270	-8,860	-35,114	5,997	1,00	16,78	B	C
NGUYÊN TỬ	1476	O	PHE	270	-10,089	-35,096	6,065	1,00	17,12	B	O
NGUYÊN TỬ	1477	N	ILE	271	-8,125	-34,012	6,008	1,00	15,76	B	N
NGUYÊN TỬ	1478	CA	ILE	271	-8,743	-32,713	6,185	1,00	16,00	B	C
NGUYÊN TỬ	1479	CB	ILE	271	-7,686	-31,603	6,253	1,00	16,26	B	C
NGUYÊN TỬ	1480	CG2	ILE	271	-8,346	-30,272	6,509	1,00	15,52	B	C
NGUYÊN TỬ	1481	CG1	ILE	271	-6,715	-31,875	7,390	1,00	16,87	B	C
NGUYÊN TỬ	1482	CD1	ILE	271	-5,899	-30,666	7,767	1,00	16,57	B	C
NGUYÊN TỬ	1483	C	ILE	271	-9,697	-32,409	5,039	1,00	16,31	B	C
NGUYÊN TỬ	1484	O	ILE	271	-10,801	-31,905	5,247	1,00	18,27	B	O
NGUYÊN TỬ	1485	N	ARG	272	-9,276	-32,722	3,825	1,00	15,58	B	N
NGUYÊN TỬ	1486	CA	ARG	272	-10,058	-32,368	2,657	1,00	14,76	B	C
NGUYÊN TỬ	1487	CB	ARG	272	-9,167	-32,521	1,425	1,00	13,53	B	C
NGUYÊN TỬ	1488	CG	ARG	272	-9,870	-32,459	0,112	1,00	14,31	B	C
NGUYÊN TỬ	1489	CD	ARG	272	-10,647	-31,195	-0,054	1,00	14,45	B	C
NGUYÊN TỬ	1490	NE	ARG	272	-10,958	-30,998	-1,464	1,00	18,03	B	N
NGUYÊN TỬ	1491	CZ	ARG	272	-11,694	-30,000	-1,939	1,00	17,53	B	C
NGUYÊN TỬ	1492	NH1	ARG	272	-11,920	-29,895	-3,237	1,00	18,77	B	N
NGUYÊN TỬ	1493	NH2	ARG	272	-12,217	-29,114	-1,117	1,00	17,11	B	N
NGUYÊN TỬ	1494	C	ARG	272	-11,332	-33,229	2,569	1,00	14,98	B	C
NGUYÊN TỬ	1495	O	ARG	272	-12,411	-32,735	2,240	1,00	13,74	B	O
NGUYÊN TỬ	1496	N	LYS	273	-11,213	-34,511	2,898	1,00	16,77	B	N
NGUYÊN TỬ	1497	CA	LYS	273	-12,380	-35,393	2,914	1,00	19,15	B	C
NGUYÊN TỬ	1498	CB	LYS	273	-11,971	-36,834	3,234	1,00	19,12	B	C
NGUYÊN TỬ	1499	CG	LYS	273	-13,115	-37,702	3,711	1,00	21,09	B	C
NGUYÊN TỬ	1500	CD	LYS	273	-13,108	-37,797	5,246	1,00	28,83	B	C
NGUYÊN TỬ	1501	CE	LYS	273	-14,534	-37,717	5,868	1,00	32,67	B	C
NGUYÊN TỬ	1502	NZ	LYS	273	-14,605	-37,111	7,263	1,00	30,13	B	N
NGUYÊN TỬ	1503	C	LYS	273	-13,424	-34,937	3,924	1,00	20,09	B	C
NGUYÊN TỬ	1504	O	LYS	273	-14,622	-34,957	3,639	1,00	20,19	B	O
NGUYÊN TỬ	1505	N	SER	274	-12,970	-34,528	5,104	1,00	20,81	B	N
NGUYÊN TỬ	1506	CA	SER	274	-13,879	-34,101	6,166	1,00	21,13	B	C
NGUYÊN TỬ	1507	CB	SER	274	-13,089	-33,634	7,385	1,00	20,17	B	C
NGUYÊN TỬ	1508	OG	SER	274	-12,088	-34,580	7,707	1,00	21,58	B	O
NGUYÊN TỬ	1509	C	SER	274	-14,713	-32,956	5,648	1,00	20,96	B	C
NGUYÊN TỬ	1510	O	SER	274	-15,902	-32,838	5,927	1,00	22,15	B	O
NGUYÊN TỬ	1511	N	GLN	275	-14,068	-32,112	4,867	1,00	20,71	B	N
NGUYÊN TỬ	1512	CA	GLN	275	-14,668	-30,868	4,471	1,00	20,82	B	C
NGUYÊN TỬ	1513	CB	GLN	275	-13,566	-29,907	4,085	1,00	19,43	B	C
NGUYÊN TỬ	1514	CG	GLN	275	-14,035	-28,600	3,568	1,00	18,84	B	C
NGUYÊN TỬ	1515	CD	GLN	275	-13,215	-28,212	2,389	1,00	19,76	B	C
NGUYÊN TỬ	1516	OE1	GLN	275	-12,708	-29,082	1,681	1,00	22,34	B	O
NGUYÊN TỬ	1517	NE2	GLN	275	-13,057	-26,918	2,163	1,00	18,84	B	N
NGUYÊN TỬ	1518	C	GLN	275	-15,632	-31,078	3,320	1,00	21,36	B	C

NGUYÊN TỬ	1519	O	GLN	275	-16,578	-30,317	3,144	1,00	21,85	B	O
NGUYÊN TỬ	1520	N	LEU	276	-15,393	-32,124	2,542	1,00	21,35	B	N
NGUYÊN TỬ	1521	CA	LEU	276	-16,293	-32,468	1,458	1,00	21,46	B	C
NGUYÊN TỬ	1522	CB	LEU	276	-15,569	-33,370	0,468	1,00	20,85	B	C
NGUYÊN TỬ	1523	CG	LEU	276	-14,412	-32,655	-0,222	1,00	21,54	B	C
NGUYÊN TỬ	1524	CD1	LEU	276	-13,352	-33,659	-0,648	1,00	21,26	B	C
NGUYÊN TỬ	1525	CD2	LEU	276	-14,946	-31,877	-1,410	1,00	18,00	B	C
NGUYÊN TỬ	1526	C	LEU	276	-17,540	-33,162	1,994	1,00	22,78	B	C
NGUYÊN TỬ	1527	O	LEU	276	-18,622	-33,061	1,406	1,00	23,18	B	O
NGUYÊN TỬ	1528	N	VAL	277	-17,378	-33,855	3,119	1,00	23,69	B	N
NGUYÊN TỬ	1529	CA	VAL	277	-18,449	-34,645	3,719	1,00	23,85	B	C
NGUYÊN TỬ	1530	CB	VAL	277	-17,867	-35,768	4,570	1,00	21,82	B	C
NGUYÊN TỬ	1531	CG1	VAL	277	-18,977	-36,622	5,132	1,00	21,54	B	C
NGUYÊN TỬ	1532	CG2	VAL	277	-16,941	-36,597	3,735	1,00	22,34	B	C
NGUYÊN TỬ	1533	C	VAL	277	-19,370	-33,801	4,596	1,00	25,25	B	C
NGUYÊN TỬ	1534	O	VAL	277	-20,541	-34,136	4,804	1,00	25,41	B	O
NGUYÊN TỬ	1535	N	GLN	278	-18,826	-32,707	5,115	1,00	26,20	B	N
NGUYÊN TỬ	1536	CA	GLN	278	-19,583	-31,798	5,960	1,00	26,06	B	C
NGUYÊN TỬ	1537	CB	GLN	278	-19,440	-32,202	7,414	1,00	28,61	B	C
NGUYÊN TỬ	1538	CG	GLN	278	-20,458	-33,207	7,843	1,00	35,11	B	C
NGUYÊN TỬ	1539	CD	GLN	278	-21,228	-32,729	9,047	1,00	39,20	B	C
NGUYÊN TỬ	1540	OE1	GLN	278	-20,635	-32,271	10,033	1,00	40,40	B	O
NGUYÊN TỬ	1541	NE2	GLN	278	-22,562	-32,821	8,980	1,00	41,21	B	N
NGUYÊN TỬ	1542	C	GLN	278	-19,108	-30,372	5,791	1,00	25,07	B	C
NGUYÊN TỬ	1543	O	GLN	278	-18,602	-29,760	6,729	1,00	25,51	B	O
NGUYÊN TỬ	1544	N	PRO	279	-19,272	-29,817	4,586	1,00	24,43	B	N
NGUYÊN TỬ	1545	CD	PRO	279	-20,021	-30,374	3,449	1,00	22,73	B	C
NGUYÊN TỬ	1546	CA	PRO	279	-18,773	-28,467	4,320	1,00	23,37	B	C
NGUYÊN TỬ	1547	CB	PRO	279	-19,302	-28,148	2,922	1,00	21,77	B	C
NGUYÊN TỬ	1548	CG	PRO	279	-20,342	-29,170	2,644	1,00	22,09	B	C
NGUYÊN TỬ	1549	C	PRO	279	-19,239	-27,470	5,362	1,00	22,65	B	C
NGUYÊN TỬ	1550	O	PRO	279	-20,374	-27,525	5,820	1,00	23,20	B	O
NGUYÊN TỬ	1551	N	VAL	280	-18,336	-26,571	5,742	1,00	23,67	B	N
NGUYÊN TỬ	1552	CA	VAL	280	-18,598	-25,562	6,768	1,00	22,67	B	C
NGUYÊN TỬ	1553	CB	VAL	280	-17,728	-25,800	8,019	1,00	22,17	B	C
NGUYÊN TỬ	1554	CG1	VAL	280	-18,175	-27,056	8,729	1,00	20,68	B	C
NGUYÊN TỬ	1555	CG2	VAL	280	-16,267	-25,934	7,607	1,00	23,06	B	C
NGUYÊN TỬ	1556	C	VAL	280	-18,283	-24,179	6,220	1,00	22,17	B	C
NGUYÊN TỬ	1557	O	VAL	280	-18,635	-23,858	5,088	1,00	20,16	B	O
NGUYÊN TỬ	1558	N	GLY	281	-17,613	-23,366	7,032	1,00	23,75	B	N
NGUYÊN TỬ	1559	CA	GLY	281	-17,163	-22,064	6,570	1,00	24,31	B	C
NGUYÊN TỬ	1560	C	GLY	281	-15,768	-22,144	5,984	1,00	24,09	B	C
NGUYÊN TỬ	1561	O	GLY	281	-15,317	-23,229	5,636	1,00	24,64	B	O
NGUYÊN TỬ	1562	N	PRO	282	-15,059	-21,013	5,865	1,00	24,04	B	N
NGUYÊN TỬ	1563	CD	PRO	282	-15,556	-19,651	6,123	1,00	24,55	B	C
NGUYÊN TỬ	1564	CA	PRO	282	-13,654	-21,006	5,451	1,00	24,01	B	C
NGUYÊN TỬ	1565	CB	PRO	282	-13,274	-19,527	5,493	1,00	24,10	B	C
NGUYÊN TỬ	1566	CG	PRO	282	-14,564	-18,795	5,411	1,00	23,06	B	C
NGUYÊN TỬ	1567	C	PRO	282	-12,796	-21,839	6,409	1,00	24,43	B	C
NGUYÊN TỬ	1568	O	PRO	282	-13,047	-21,856	7,617	1,00	24,10	B	O
NGUYÊN TỬ	1569	N	LEU	283	-11,792	-22,528	5,863	1,00	24,32	B	N
NGUYÊN TỬ	1570	CA	LEU	283	-10,926	-23,400	6,651	1,00	23,30	B	C
NGUYÊN TỬ	1571	CB	LEU	283	-10,884	-24,802	6,057	1,00	22,99	B	C
NGUYÊN TỬ	1572	CG	LEU	283	-12,166	-25,615	6,083	1,00	23,79	B	C
NGUYÊN TỬ	1573	CD1	LEU	283	-11,845	-27,055	5,708	1,00	24,80	B	C
NGUYÊN TỬ	1574	CD2	LEU	283	-12,784	-25,549	7,465	1,00	25,21	B	C
NGUYÊN TỬ	1575	C	LEU	283	-9,512	-22,865	6,687	1,00	22,69	B	C
NGUYÊN TỬ	1576	O	LEU	283	-8,999	-22,402	5,679	1,00	23,60	B	O
NGUYÊN TỬ	1577	N	VAL	284	-8,881	-22,944	7,851	1,00	22,49	B	N
NGUYÊN TỬ	1578	CA	VAL	284	-7,471	-22,605	7,973	1,00	21,61	B	C
NGUYÊN TỬ	1579	CB	VAL	284	-7,271	-21,405	8,918	1,00	21,87	B	C
NGUYÊN TỬ	1580	CG1	VAL	284	-5,794	-21,231	9,247	1,00	20,77	B	C
NGUYÊN TỬ	1581	CG2	VAL	284	-7,825	-20,147	8,268	1,00	20,07	B	C
NGUYÊN TỬ	1582	C	VAL	284	-6,679	-23,794	8,496	1,00	20,93	B	C
NGUYÊN TỬ	1583	O	VAL	284	-6,957	-24,315	9,573	1,00	20,79	B	O
NGUYÊN TỬ	1584	N	VAL	285	-5,696	-24,231	7,718	1,00	21,45	B	N
NGUYÊN TỬ	1585	CA	VAL	285	-4,803	-25,283	8,175	1,00	21,67	B	C
NGUYÊN TỬ	1586	CB	VAL	285	-4,470	-26,269	7,049	1,00	23,02	B	C
NGUYÊN TỬ	1587	CG1	VAL	285	-3,716	-27,470	7,613	1,00	22,15	B	C
NGUYÊN TỬ	1588	CG2	VAL	285	-5,747	-26,714	6,363	1,00	24,14	B	C
NGUYÊN TỬ	1589	C	VAL	285	-3,506	-24,674	8,687	1,00	20,61	B	C
NGUYÊN TỬ	1590	O	VAL	285	-2,849	-23,902	7,986	1,00	18,40	B	O
NGUYÊN TỬ	1591	N	LEU	286	-3,161	-25,023	9,924	1,00	20,05	B	N
NGUYÊN TỬ	1592	CA	LEU	286	-1,912	-24,605	10,535	1,00	20,46	B	C
NGUYÊN TỬ	1593	CB	LEU	286	-2,150	-24,169	11,973	1,00	21,88	B	C
NGUYÊN TỬ	1594	CG	LEU	286	-0,864	-23,852	12,738	1,00	22,20	B	C

NGUYÊN TỬ	1595	CD1	LEU	286	-0,189	-22,614	12,136	1,00	20,76	B	C
NGUYÊN TỬ	1596	CD2	LEU	286	-1,201	-23,638	14,196	1,00	21,62	B	C
NGUYÊN TỬ	1597	C	LEU	286	-0,892	-25,734	10,532	1,00	20,34	B	C
NGUYÊN TỬ	1598	O	LEU	286	-1,162	-26,824	11,035	1,00	19,43	B	O
NGUYÊN TỬ	1599	N	LEU	287	0,286	-25,458	9,978	1,00	21,20	B	N
NGUYÊN TỬ	1600	CA	LEU	287	1,346	-26,463	9,881	1,00	21,06	B	C
NGUYÊN TỬ	1601	CB	LEU	287	1,646	-26,744	8,406	1,00	20,12	B	C
NGUYÊN TỬ	1602	CG	LEU	287	0,453	-27,283	7,608	1,00	17,86	B	C
NGUYÊN TỬ	1603	CD1	LEU	287	0,647	-27,013	6,144	1,00	16,35	B	C
NGUYÊN TỬ	1604	CD2	LEU	287	0,292	-28,768	7,864	1,00	17,11	B	C
NGUYÊN TỬ	1605	C	LEU	287	2,616	-26,007	10,612	1,00	20,61	B	C
NGUYÊN TỬ	1606	O	LEU	287	3,545	-25,471	10,001	1,00	20,04	B	O
NGUYÊN TỬ	1607	N	PRO	288	2,657	-26,211	11,941	1,00	20,31	B	N
NGUYÊN TỬ	1608	CD	PRO	288	1,636	-26,978	12,681	1,00	19,79	B	C
NGUYÊN TỬ	1609	CA	PRO	288	3,741	-25,767	12,823	1,00	19,59	B	C
NGUYÊN TỬ	1610	CB	PRO	288	3,062	-25,699	14,187	1,00	19,77	B	C
NGUYÊN TỬ	1611	CG	PRO	288	2,020	-26,783	14,126	1,00	19,23	B	C
NGUYÊN TỬ	1612	C	PRO	288	4,925	-26,736	12,786	1,00	18,73	B	C
NGUYÊN TỬ	1613	O	PRO	288	5,436	-27,179	13,829	1,00	17,76	B	O
NGUYÊN TỬ	1614	N	LEU	289	5,341	-27,069	11,565	1,00	17,09	B	N
NGUYÊN TỬ	1615	CA	LEU	289	6,372	-28,076	11,355	1,00	16,76	B	C
NGUYÊN TỬ	1616	CB	LEU	289	5,741	-29,470	11,230	1,00	15,59	B	C
NGUYÊN TỬ	1617	CG	LEU	289	4,678	-29,630	10,138	1,00	16,71	B	C
NGUYÊN TỬ	1618	CD1	LEU	289	5,301	-30,269	8,897	1,00	17,39	B	C
NGUYÊN TỬ	1619	CD2	LEU	289	3,525	-30,474	10,662	1,00	14,29	B	C
NGUYÊN TỬ	1620	C	LEU	289	7,200	-27,766	10,120	1,00	16,66	B	C
NGUYÊN TỬ	1621	O	LEU	289	6,795	-26,960	9,267	1,00	15,85	B	O
NGUYÊN TỬ	1622	N	ALA	290	8,371	-28,399	10,046	1,00	17,02	B	N
NGUYÊN TỬ	1623	CA	ALA	290	9,266	-28,245	8,910	1,00	17,79	B	C
NGUYÊN TỬ	1624	CB	ALA	290	10,198	-27,063	9,127	1,00	16,37	B	C
NGUYÊN TỬ	1625	C	ALA	290	10,080	-29,507	8,714	1,00	19,12	B	C
NGUYÊN TỬ	1626	O	ALA	290	10,594	-30,089	9,682	1,00	18,31	B	O
NGUYÊN TỬ	1627	N	GLY	291	10,181	-29,920	7,452	1,00	20,09	B	N
NGUYÊN TỬ	1628	CA	GLY	291	11,138	-30,934	7,050	1,00	20,48	B	C
NGUYÊN TỬ	1629	C	GLY	291	11,980	-30,388	5,915	1,00	20,72	B	C
NGUYÊN TỬ	1630	O	GLY	291	11,786	-29,242	5,500	1,00	21,90	B	O
NGUYÊN TỬ	1631	N	GLY	292	12,919	-31,186	5,412	1,00	20,93	B	N
NGUYÊN TỬ	1632	CA	GLY	292	13,737	-30,734	4,299	1,00	20,49	B	C
NGUYÊN TỬ	1633	C	GLY	292	12,862	-30,506	3,088	1,00	20,99	B	C
NGUYÊN TỬ	1634	O	GLY	292	11,752	-31,020	3,027	1,00	22,41	B	O
NGUYÊN TỬ	1635	N	TYR	293	13,340	-29,744	2,116	1,00	22,10	B	N
NGUYÊN TỬ	1636	CA	TYR	293	12,499	-29,422	0,969	1,00	21,97	B	C
NGUYÊN TỬ	1637	CB	TYR	293	13,293	-28,690	-0,106	1,00	22,23	B	C
NGUYÊN TỬ	1638	CG	TYR	293	12,489	-28,396	-1,344	1,00	22,52	B	C
NGUYÊN TỬ	1639	CD1	TYR	293	11,931	-27,137	-1,554	1,00	23,24	B	C
NGUYÊN TỬ	1640	CE1	TYR	293	11,215	-26,853	-2,706	1,00	23,07	B	C
NGUYÊN TỬ	1641	CD2	TYR	293	12,304	-29,367	-2,318	1,00	22,54	B	C
NGUYÊN TỬ	1642	CE2	TYR	293	11,589	-29,095	-3,470	1,00	23,87	B	C
NGUYÊN TỬ	1643	CZ	TYR	293	11,051	-27,839	-3,662	1,00	24,37	B	C
NGUYÊN TỬ	1644	OH	TYR	293	10,373	-27,571	-4,829	1,00	24,90	B	O
NGUYÊN TỬ	1645	C	TYR	293	11,897	-30,681	0,373	1,00	21,19	B	C
NGUYÊN TỬ	1646	O	TYR	293	12,579	-31,688	0,186	1,00	21,55	B	O
NGUYÊN TỬ	1647	N	SER	294	10,607	-30,608	0,078	1,00	20,40	B	N
NGUYÊN TỬ	1648	CA	SER	294	9,865	-31,758	-0,397	1,00	19,74	B	C
NGUYÊN TỬ	1649	CB	SER	294	8,982	-32,285	0,724	1,00	18,39	B	C
NGUYÊN TỬ	1650	OG	SER	294	8,273	-33,436	0,313	1,00	19,04	B	O
NGUYÊN TỬ	1651	C	SER	294	9,012	-31,412	-1,619	1,00	19,99	B	C
NGUYÊN TỬ	1652	O	SER	294	8,284	-30,422	-1,625	1,00	19,62	B	O
NGUYÊN TỬ	1653	N	ARG	295	9,110	-32,236	-2,658	1,00	20,06	B	N
NGUYÊN TỬ	1654	CA	ARG	295	8,328	-32,012	-3,859	1,00	18,83	B	C
NGUYÊN TỬ	1655	CB	ARG	295	8,908	-32,790	-5,033	1,00	16,98	B	C
NGUYÊN TỬ	1656	CG	ARG	295	7,854	-33,248	-5,999	1,00	18,85	B	C
NGUYÊN TỬ	1657	CD	ARG	295	8,040	-32,668	-7,377	1,00	20,56	B	C
NGUYÊN TỬ	1658	NE	ARG	295	8,627	-33,644	-8,290	1,00	22,09	B	N
NGUYÊN TỬ	1659	CZ	ARG	295	8,278	-33,790	-9,567	1,00	22,80	B	C
NGUYÊN TỬ	1660	NH1	ARG	295	7,331	-33,023	-10,103	1,00	20,61	B	N
NGUYÊN TỬ	1661	NH2	ARG	295	8,889	-34,707	-10,316	1,00	24,02	B	N
NGUYÊN TỬ	1662	C	ARG	295	6,903	-32,457	-3,608	1,00	18,54	B	C
NGUYÊN TỬ	1663	O	ARG	295	5,956	-31,735	-3,908	1,00	17,83	B	O
NGUYÊN TỬ	1664	N	VAL	296	6,754	-33,652	-3,053	1,00	19,37	B	N
NGUYÊN TỬ	1665	CA	VAL	296	5,425	-34,189	-2,812	1,00	19,78	B	C
NGUYÊN TỬ	1666	CB	VAL	296	5,459	-35,674	-2,372	1,00	18,32	B	C
NGUYÊN TỬ	1667	CG1	VAL	296	6,315	-35,852	-1,154	1,00	16,29	B	C
NGUYÊN TỬ	1668	CG2	VAL	296	4,061	-36,142	-2,074	1,00	16,25	B	C
NGUYÊN TỬ	1669	C	VAL	296	4,710	-33,375	-1,749	1,00	20,69	B	C
NGUYÊN TỬ	1670	O	VAL	296	3,544	-33,021	-1,917	1,00	23,04	B	O

NGUYÊN TỬ	1671	N	LEU	297	5,405	-33,055	-0,664	1,00	20,71	B	N
NGUYÊN TỬ	1672	CA	LEU	297	4,784	-32,286	0,408	1,00	20,16	B	C
NGUYÊN TỬ	1673	CB	LEU	297	5,766	-32,061	1,561	1,00	19,83	B	C
NGUYÊN TỬ	1674	CG	LEU	297	5,115	-31,355	2,748	1,00	19,79	B	C
NGUYÊN TỬ	1675	CD1	LEU	297	3,837	-32,103	3,088	1,00	19,32	B	C
NGUYÊN TỬ	1676	CD2	LEU	297	6,048	-31,300	3,942	1,00	17,12	B	C
NGUYÊN TỬ	1677	C	LEU	297	4,330	-30,945	-0,133	1,00	19,04	B	C
NGUYÊN TỬ	1678	O	LEU	297	3,187	-30,549	0,051	1,00	18,61	B	O
NGUYÊN TỬ	1679	N	ASN	298	5,237	-30,258	-0,814	1,00	19,03	B	N
NGUYÊN TỬ	1680	CA	ASN	298	4,924	-28,982	-1,438	1,00	19,13	B	C
NGUYÊN TỬ	1681	CB	ASN	298	6,132	-28,481	-2,233	1,00	19,01	B	C
NGUYÊN TỬ	1682	CG	ASN	298	7,070	-27,627	-1,397	1,00	20,79	B	C
NGUYÊN TỬ	1683	OD1	ASN	298	7,070	-27,694	-0,161	1,00	19,14	B	O
NGUYÊN TỬ	1684	ND2	ASN	298	7,878	-26,813	-2,072	1,00	21,14	B	N
NGUYÊN TỬ	1685	C	ASN	298	3,712	-29,055	-2,358	1,00	19,17	B	C
NGUYÊN TỬ	1686	O	ASN	298	2,981	-28,080	-2,502	1,00	20,60	B	O
NGUYÊN TỬ	1687	N	ALA	299	3,512	-30,209	-2,991	1,00	20,42	B	N
NGUYÊN TỬ	1688	CA	ALA	299	2,475	-30,370	-4,010	1,00	19,62	B	C
NGUYÊN TỬ	1689	CB	ALA	299	2,808	-31,555	-4,892	1,00	18,75	B	C
NGUYÊN TỬ	1690	C	ALA	299	1,113	-30,575	-3,350	1,00	20,32	B	C
NGUYÊN TỬ	1691	O	ALA	299	0,110	-29,965	-3,740	1,00	18,83	B	O
NGUYÊN TỬ	1692	N	ALA	300	1,090	-31,443	-2,347	1,00	19,46	B	N
NGUYÊN TỬ	1693	CA	ALA	300	-0,084	-31,611	-1,521	1,00	19,11	B	C
NGUYÊN TỬ	1694	CB	ALA	300	0,283	-32,382	-0,286	1,00	16,69	B	C
NGUYÊN TỬ	1695	C	ALA	300	-0,622	-30,239	-1,140	1,00	20,79	B	C
NGUYÊN TỬ	1696	O	ALA	300	-1,786	-29,918	-1,387	1,00	21,71	B	O
NGUYÊN TỬ	1697	N	CYS	301	0,249	-29,426	-0,551	1,00	22,30	B	N
NGUYÊN TỬ	1698	CA	CYS	301	-0,120	-28,099	-0,080	1,00	22,76	B	C
NGUYÊN TỬ	1699	CB	CYS	301	1,070	-27,416	0,582	1,00	23,52	B	C
NGUYÊN TỬ	1700	SG	CYS	301	1,582	-28,239	2,077	1,00	26,02	B	S
NGUYÊN TỬ	1701	C	CYS	301	-0,618	-27,234	-1,200	1,00	22,64	B	C
NGUYÊN TỬ	1702	O	CYS	301	-1,618	-26,556	-1,052	1,00	24,93	B	O
NGUYÊN TỬ	1703	N	GLN	302	0,077	-27,245	-2,323	1,00	23,10	B	N
NGUYÊN TỬ	1704	CA	GLN	302	-0,368	-26,448	-3,442	1,00	24,66	B	C
NGUYÊN TỬ	1705	CB	GLN	302	0,572	-26,621	-4,615	1,00	26,73	B	C
NGUYÊN TỬ	1706	CG	GLN	302	0,020	-26,012	-5,874	1,00	32,13	B	C
NGUYÊN TỬ	1707	CD	GLN	302	0,813	-26,408	-7,091	1,00	36,06	B	C
NGUYÊN TỬ	1708	OE1	GLN	302	0,632	-25,850	-8,176	1,00	37,94	B	O
NGUYÊN TỬ	1709	NE2	GLN	302	1,708	-27,382	-6,921	1,00	39,51	B	N
NGUYÊN TỬ	1710	C	GLN	302	-1,784	-26,816	-3,881	1,00	24,41	B	C
NGUYÊN TỬ	1711	O	GLN	302	-2,604	-25,939	-4,146	1,00	25,13	B	O
NGUYÊN TỬ	1712	N	ARG	303	-2,075	-28,109	-3,960	1,00	23,65	B	N
NGUYÊN TỬ	1713	CA	ARG	303	-3,357	-28,553	-4,490	1,00	21,86	B	C
NGUYÊN TỬ	1714	CB	ARG	303	-3,414	-30,069	-4,570	1,00	21,24	B	C
NGUYÊN TỬ	1715	CG	ARG	303	-2,200	-30,679	-5,168	1,00	22,97	B	C
NGUYÊN TỬ	1716	CD	ARG	303	-2,556	-31,516	-6,363	1,00	23,46	B	C
NGUYÊN TỬ	1717	NE	ARG	303	-1,353	-31,932	-7,067	1,00	25,29	B	N
NGUYÊN TỬ	1718	CZ	ARG	303	-1,188	-33,120	-7,632	1,00	26,86	B	C
NGUYÊN TỬ	1719	NH1	ARG	303	-0,048	-33,399	-8,251	1,00	26,86	B	N
NGUYÊN TỬ	1720	NH2	ARG	303	-2,158	-34,025	-7,578	1,00	27,68	B	N
NGUYÊN TỬ	1721	C	ARG	303	-4,448	-28,094	-3,561	1,00	21,46	B	C
NGUYÊN TỬ	1722	O	ARG	303	-5,502	-27,632	-3,994	1,00	22,14	B	O
NGUYÊN TỬ	1723	N	LEU	304	-4,184	-28,247	-2,273	1,00	20,16	B	N
NGUYÊN TỬ	1724	CA	LEU	304	-5,166	-27,946	-1,250	1,00	18,95	B	C
NGUYÊN TỬ	1725	CB	LEU	304	-4,613	-28,345	0,113	1,00	17,05	B	C
NGUYÊN TỬ	1726	CG	LEU	304	-5,650	-28,360	1,225	1,00	17,78	B	C
NGUYÊN TỬ	1727	CD1	LEU	304	-6,880	-29,111	0,750	1,00	18,88	B	C
NGUYÊN TỬ	1728	CD2	LEU	304	-5,056	-29,006	2,460	1,00	17,39	B	C
NGUYÊN TỬ	1729	C	LEU	304	-5,498	-26,458	-1,262	1,00	17,86	B	C
NGUYÊN TỬ	1730	O	LEU	304	-6,647	-26,062	-1,060	1,00	16,37	B	O
NGUYÊN TỬ	1731	N	ALA	305	-4,474	-25,645	-1,503	1,00	18,14	B	N
NGUYÊN TỬ	1732	CA	ALA	305	-4,595	-24,196	-1,499	1,00	18,65	B	C
NGUYÊN TỬ	1733	CB	ALA	305	-3,223	-23,568	-1,606	1,00	18,26	B	C
NGUYÊN TỬ	1734	C	ALA	305	-5,452	-23,755	-2,664	1,00	19,54	B	C
NGUYÊN TỬ	1735	O	ALA	305	-6,277	-22,854	-2,537	1,00	19,94	B	O
NGUYÊN TỬ	1736	N	ARG	306	-5,238	-24,399	-3,803	1,00	20,90	B	N
NGUYÊN TỬ	1737	CA	ARG	306	-6,015	-24,122	-4,996	1,00	23,22	B	C
NGUYÊN TỬ	1738	CB	ARG	306	-5,258	-24,629	-6,217	1,00	26,07	B	C
NGUYÊN TỬ	1739	CG	ARG	306	-3,873	-24,036	-6,332	1,00	32,51	B	C
NGUYÊN TỬ	1740	CD	ARG	306	-2,949	-24,978	-7,079	1,00	40,27	B	C
NGUYÊN TỬ	1741	NE	ARG	306	-2,167	-24,284	-8,100	1,00	46,05	B	N
NGUYÊN TỬ	1742	CZ	ARG	306	-1,806	-24,827	-9,261	1,00	48,83	B	C
NGUYÊN TỬ	1743	NH1	ARG	306	-1,094	-24,120	-10,133	1,00	50,33	B	N
NGUYÊN TỬ	1744	NH2	ARG	306	-2,157	-26,076	-9,552	1,00	49,46	B	N
NGUYÊN TỬ	1745	C	ARG	306	-7,400	-24,764	-4,923	1,00	21,55	B	C
NGUYÊN TỬ	1746	O	ARG	306	-8,291	-24,445	-5,710	1,00	22,43	B	O

NGUYÊN TỬ	1747	N	ALA	307	-7,581	-25,668	-3,974	1,00	19,75	B	N
NGUYÊN TỬ	1748	CA	ALA	307	-8,861	-26,329	-3,807	1,00	18,30	B	C
NGUYÊN TỬ	1749	CB	ALA	307	-8,662	-27,684	-3,143	1,00	18,38	B	C
NGUYÊN TỬ	1750	C	ALA	307	-9,737	-25,435	-2,946	1,00	18,11	B	C
NGUYÊN TỬ	1751	O	ALA	307	-10,925	-25,697	-2,752	1,00	18,26	B	O
NGUYÊN TỬ	1752	N	GLY	308	-9,131	-24,373	-2,427	1,00	18,07	B	N
NGUYÊN TỬ	1753	CA	GLY	308	-9,883	-23,397	-1,670	1,00	17,27	B	C
NGUYÊN TỬ	1754	C	GLY	308	-9,464	-23,190	-0,224	1,00	17,47	B	C
NGUYÊN TỬ	1755	O	GLY	308	-9,854	-22,199	0,371	1,00	18,26	B	O
NGUYÊN TỬ	1756	N	VAL	309	-8,679	-24,092	0,358	1,00	17,85	B	N
NGUYÊN TỬ	1757	CA	VAL	309	-8,288	-23,942	1,762	1,00	17,40	B	C
NGUYÊN TỬ	1758	CB	VAL	309	-8,113	-25,327	2,426	1,00	15,52	B	C
NGUYÊN TỬ	1759	CG1	VAL	309	-7,427	-25,197	3,750	1,00	16,49	B	C
NGUYÊN TỬ	1760	CG2	VAL	309	-9,465	-25,941	2,660	1,00	14,46	B	C
NGUYÊN TỬ	1761	C	VAL	309	-7,039	-23,065	2,012	1,00	17,87	B	C
NGUYÊN TỬ	1762	O	VAL	309	-6,136	-22,986	1,179	1,00	19,05	B	O
NGUYÊN TỬ	1763	N	VAL	310	-7,020	-22,385	3,159	1,00	17,38	B	N
NGUYÊN TỬ	1764	CA	VAL	310	-5,918	-21,508	3,550	1,00	18,63	B	C
NGUYÊN TỬ	1765	CB	VAL	310	-6,408	-20,376	4,464	1,00	19,64	B	C
NGUYÊN TỬ	1766	CG1	VAL	310	-5,227	-19,605	5,018	1,00	18,09	B	C
NGUYÊN TỬ	1767	CG2	VAL	310	-7,334	-19,464	3,702	1,00	18,46	B	C
NGUYÊN TỬ	1768	C	VAL	310	-4,854	-22,270	4,318	1,00	19,53	B	C
NGUYÊN TỬ	1769	O	VAL	310	-5,146	-22,917	5,327	1,00	19,08	B	O
NGUYÊN TỬ	1770	N	LEU	311	-3,612	-22,189	3,857	1,00	20,49	B	N
NGUYÊN TỬ	1771	CA	LEU	311	-2,539	-22,836	4,601	1,00	20,59	B	C
NGUYÊN TỬ	1772	CB	LEU	311	-1,847	-23,898	3,729	1,00	21,10	B	C
NGUYÊN TỬ	1773	CG	LEU	311	-2,719	-25,114	3,374	1,00	20,77	B	C
NGUYÊN TỬ	1774	CD1	LEU	311	-3,169	-25,035	1,924	1,00	19,01	B	C
NGUYÊN TỬ	1775	CD2	LEU	311	-1,929	-26,384	3,595	1,00	19,85	B	C
NGUYÊN TỬ	1776	C	LEU	311	-1,523	-21,846	5,170	1,00	19,52	B	C
NGUYÊN TỬ	1777	O	LEU	311	-0,989	-20,984	4,465	1,00	18,71	B	O
NGUYÊN TỬ	1778	N	VAL	312	-1,287	-21,971	6,469	1,00	19,75	B	N
NGUYÊN TỬ	1779	CA	VAL	312	-0,284	-21,166	7,165	1,00	20,13	B	C
NGUYÊN TỬ	1780	CB	VAL	312	-0,954	-20,298	8,283	1,00	21,70	B	C
NGUYÊN TỬ	1781	CG1	VAL	312	0,103	-19,499	9,048	1,00	20,27	B	C
NGUYÊN TỬ	1782	CG2	VAL	312	-1,998	-19,364	7,660	1,00	18,86	B	C
NGUYÊN TỬ	1783	C	VAL	312	0,774	-22,086	7,784	1,00	18,09	B	C
NGUYÊN TỬ	1784	O	VAL	312	0,442	-23,018	8,528	1,00	15,74	B	O
NGUYÊN TỬ	1785	N	THR	313	2,043	-21,833	7,463	1,00	17,81	B	N
NGUYÊN TỬ	1786	CA	THR	313	3,130	-22,664	8,001	1,00	17,87	B	C
NGUYÊN TỬ	1787	CB	THR	313	3,775	-23,550	6,924	1,00	16,57	B	C
NGUYÊN TỬ	1788	OG1	THR	313	4,473	-24,615	7,568	1,00	15,42	B	O
NGUYÊN TỬ	1789	CG2	THR	313	4,772	-22,752	6,088	1,00	13,87	B	C
NGUYÊN TỬ	1790	C	THR	313	4,265	-21,899	8,670	1,00	17,42	B	C
NGUYÊN TỬ	1791	O	THR	313	4,567	-20,752	8,306	1,00	19,31	B	O
NGUYÊN TỬ	1792	N	ALA	314	4,893	-22,551	9,645	1,00	15,83	B	N
NGUYÊN TỬ	1793	CA	ALA	314	6,148	-22,070	10,220	1,00	14,33	B	C
NGUYÊN TỬ	1794	CB	ALA	314	6,611	-23,014	11,316	1,00	12,97	B	C
NGUYÊN TỬ	1795	C	ALA	314	7,231	-21,944	9,147	1,00	13,75	B	C
NGUYÊN TỬ	1796	O	ALA	314	7,228	-22,653	8,139	1,00	12,56	B	O
NGUYÊN TỬ	1797	N	ALA	315	8,152	-21,016	9,366	1,00	14,84	B	N
NGUYÊN TỬ	1798	CA	ALA	315	9,267	-20,818	8,455	1,00	15,19	B	C
NGUYÊN TỬ	1799	CB	ALA	315	9,764	-19,384	8,563	1,00	12,98	B	C
NGUYÊN TỬ	1800	C	ALA	315	10,398	-21,803	8,793	1,00	16,33	B	C
NGUYÊN TỬ	1801	O	ALA	315	11,223	-22,147	7,933	1,00	16,84	B	O
NGUYÊN TỬ	1802	N	GLY	316	10,416	-22,251	10,049	1,00	15,86	B	N
NGUYÊN TỬ	1803	CA	GLY	316	11,460	-23,134	10,522	1,00	15,85	B	C
NGUYÊN TỬ	1804	C	GLY	316	12,487	-22,390	11,352	1,00	17,04	B	C
NGUYÊN TỬ	1805	O	GLY	316	12,662	-21,181	11,191	1,00	15,26	B	O
NGUYÊN TỬ	1806	N	ASN	317	13,173	-23,123	12,230	1,00	18,37	B	N
NGUYÊN TỬ	1807	CA	ASN	317	14,084	-22,530	13,205	1,00	20,16	B	C
NGUYÊN TỬ	1808	CB	ASN	317	13,729	-23,023	14,600	1,00	17,67	B	C
NGUYÊN TỬ	1809	CG	ASN	317	12,270	-22,864	14,894	1,00	17,51	B	C
NGUYÊN TỬ	1810	OD1	ASN	317	11,632	-21,947	14,385	1,00	15,76	B	O
NGUYÊN TỬ	1811	ND2	ASN	317	11,721	-23,758	15,709	1,00	19,11	B	N
NGUYÊN TỬ	1812	C	ASN	317	15,535	-22,853	12,897	1,00	20,80	B	C
NGUYÊN TỬ	1813	O	ASN	317	16,302	-23,250	13,779	1,00	20,23	B	O
NGUYÊN TỬ	1814	N	PHE	318	15,899	-22,663	11,635	1,00	21,80	B	N
NGUYÊN TỬ	1815	CA	PHE	318	17,167	-23,148	11,126	1,00	24,16	B	C
NGUYÊN TỬ	1816	CB	PHE	318	16,905	-24,123	9,979	1,00	24,38	B	C
NGUYÊN TỬ	1817	CG	PHE	318	16,091	-25,325	10,383	1,00	25,06	B	C
NGUYÊN TỬ	1818	CD1	PHE	318	16,578	-26,227	11,319	1,00	23,42	B	C
NGUYÊN TỬ	1819	CD2	PHE	318	14,847	-25,562	9,816	1,00	24,55	B	C
NGUYÊN TỬ	1820	CE1	PHE	318	15,839	-27,341	11,681	1,00	23,94	B	C
NGUYÊN TỬ	1821	CE2	PHE	318	14,104	-26,676	10,175	1,00	22,84	B	C
NGUYÊN TỬ	1822	CZ	PHE	318	14,601	-27,565	11,108	1,00	22,93	B	C

NGUYÊN TỬ	1823	C	PHE	318	18,106	-22,038	10,666	1,00	25,02	B	C
NGUYÊN TỬ	1824	O	PHE	318	19,162	-22,312	10,109	1,00	26,36	B	O
NGUYÊN TỬ	1825	N	ARG	319	17,716	-20,789	10,893	1,00	25,77	B	N
NGUYÊN TỬ	1826	CA	ARG	319	18,570	-19,654	10,571	1,00	26,61	B	C
NGUYÊN TỬ	1827	CB	ARG	319	19,788	-19,643	11,508	1,00	28,47	B	C
NGUYÊN TỬ	1828	CG	ARG	319	20,420	-18,273	11,749	1,00	32,16	B	C
NGUYÊN TỬ	1829	CD	ARG	319	21,502	-18,345	12,822	1,00	36,07	B	C
NGUYÊN TỬ	1830	NE	ARG	319	21,972	-17,023	13,247	1,00	42,52	B	N
NGUYÊN TỬ	1831	CZ	ARG	319	23,231	-16,735	13,597	1,00	45,72	B	C
NGUYÊN TỬ	1832	NH1	ARG	319	24,169	-17,674	13,579	1,00	44,82	B	N
NGUYÊN TỬ	1833	NH2	ARG	319	23,560	-15,499	13,966	1,00	45,86	B	N
NGUYÊN TỬ	1834	C	ARG	319	19,019	-19,766	9,115	1,00	26,48	B	C
NGUYÊN TỬ	1835	O	ARG	319	20,203	-19,627	8,808	1,00	26,94	B	O
NGUYÊN TỬ	1836	N	ASP	320	18,066	-20,022	8,221	1,00	25,91	B	N
NGUYÊN TỬ	1837	CA	ASP	320	18,377	-20,386	6,839	1,00	25,38	B	C
NGUYÊN TỬ	1838	CB	ASP	320	18,482	-21,907	6,716	1,00	27,38	B	C
NGUYÊN TỬ	1839	CG	ASP	320	19,283	-22,347	5,492	1,00	31,81	B	C
NGUYÊN TỬ	1840	OD1	ASP	320	19,625	-21,483	4,646	1,00	30,34	B	O
NGUYÊN TỬ	1841	OD2	ASP	320	19,572	-23,567	5,381	1,00	34,03	B	O
NGUYÊN TỬ	1842	C	ASP	320	17,310	-19,879	5,882	1,00	23,72	B	C
NGUYÊN TỬ	1843	O	ASP	320	16,259	-19,420	6,311	1,00	24,64	B	O
NGUYÊN TỬ	1844	N	ASP	321	17,578	-19,959	4,584	1,00	21,64	B	N
NGUYÊN TỬ	1845	CA	ASP	321	16,545	-19,676	3,604	1,00	20,23	B	C
NGUYÊN TỬ	1846	CB	ASP	321	17,118	-19,655	2,187	1,00	20,01	B	C
NGUYÊN TỬ	1847	CG	ASP	321	16,160	-19,032	1,177	1,00	23,00	B	C
NGUYÊN TỬ	1848	OD1	ASP	321	15,034	-18,631	1,557	1,00	25,85	B	O
NGUYÊN TỬ	1849	OD2	ASP	321	16,529	-18,936	-0,009	1,00	24,40	B	O
NGUYÊN TỬ	1850	C	ASP	321	15,500	-20,768	3,715	1,00	20,33	B	C
NGUYÊN TỬ	1851	O	ASP	321	15,785	-21,937	3,470	1,00	20,93	B	O
NGUYÊN TỬ	1852	N	ALA	322	14,289	-20,376	4,092	1,00	20,81	B	N
NGUYÊN TỬ	1853	CA	ALA	322	13,189	-21,311	4,245	1,00	20,82	B	C
NGUYÊN TỬ	1854	CB	ALA	322	12,027	-20,619	4,903	1,00	20,87	B	C
NGUYÊN TỬ	1855	C	ALA	322	12,773	-21,879	2,896	1,00	22,07	B	C
NGUYÊN TỬ	1856	O	ALA	322	11,925	-22,770	2,814	1,00	24,23	B	O
NGUYÊN TỬ	1857	N	CYS	323	13,380	-21,362	1,836	1,00	21,62	B	N
NGUYÊN TỬ	1858	CA	CYS	323	13,189	-21,906	0,505	1,00	21,78	B	C
NGUYÊN TỬ	1859	C	CYS	323	13,745	-23,327	0,420	1,00	20,87	B	C
NGUYÊN TỬ	1860	O	CYS	323	13,523	-24,041	-0,562	1,00	20,76	B	O
NGUYÊN TỬ	1861	CB	CYS	323	13,883	-21,013	-0,517	1,00	23,38	B	C
NGUYÊN TỬ	1862	SG	CYS	323	12,973	-19,497	-0,993	1,00	34,53	B	S
NGUYÊN TỬ	1863	N	LEU	324	14,473	-23,729	1,457	1,00	19,41	B	N
NGUYÊN TỬ	1864	CA	LEU	324	15,129	-25,034	1,485	1,00	17,45	B	C
NGUYÊN TỬ	1865	CB	LEU	324	16,580	-24,895	1,928	1,00	14,89	B	C
NGUYÊN TỬ	1866	CG	LEU	324	17,426	-23,921	1,129	1,00	14,62	B	C
NGUYÊN TỬ	1867	CD1	LEU	324	18,812	-23,877	1,719	1,00	12,16	B	C
NGUYÊN TỬ	1868	CD2	LEU	324	17,470	-24,357	-0,324	1,00	16,39	B	C
NGUYÊN TỬ	1869	C	LEU	324	14,436	-26,000	2,426	1,00	17,67	B	C
NGUYÊN TỬ	1870	O	LEU	324	14,998	-27,046	2,769	1,00	17,60	B	O
NGUYÊN TỬ	1871	N	TYR	325	13,231	-25,643	2,862	1,00	16,35	B	N
NGUYÊN TỬ	1872	CA	TYR	325	12,460	-26,512	3,744	1,00	15,57	B	C
NGUYÊN TỬ	1873	CB	TYR	325	12,534	-26,011	5,178	1,00	14,14	B	C
NGUYÊN TỬ	1874	CG	TYR	325	13,949	-25,807	5,651	1,00	14,56	B	C
NGUYÊN TỬ	1875	CD1	TYR	325	14,620	-26,806	6,355	1,00	12,52	B	C
NGUYÊN TỬ	1876	CE1	TYR	325	15,915	-26,636	6,755	1,00	11,36	B	C
NGUYÊN TỬ	1877	CD2	TYR	325	14,626	-24,631	5,363	1,00	10,83	B	C
NGUYÊN TỬ	1878	CE2	TYR	325	15,916	-24,455	5,753	1,00	12,48	B	C
NGUYÊN TỬ	1879	CZ	TYR	325	16,563	-25,459	6,449	1,00	13,44	B	C
NGUYÊN TỬ	1880	OH	TYR	325	17,869	-25,275	6,839	1,00	14,00	B	O
NGUYÊN TỬ	1881	C	TYR	325	11,017	-26,553	3,303	1,00	16,17	B	C
NGUYÊN TỬ	1882	O	TYR	325	10,554	-25,661	2,593	1,00	19,07	B	O
NGUYÊN TỬ	1883	N	SER	326	10,307	-27,594	3,718	1,00	15,32	B	N
NGUYÊN TỬ	1884	CA	SER	326	8,884	-27,706	3,436	1,00	14,45	B	C
NGUYÊN TỬ	1885	CB	SER	326	8,643	-28,777	2,365	1,00	13,51	B	C
NGUYÊN TỬ	1886	OG	SER	326	9,232	-28,396	1,136	1,00	9,68	B	O
NGUYÊN TỬ	1887	C	SER	326	8,098	-28,036	4,702	1,00	14,43	B	C
NGUYÊN TỬ	1888	O	SER	326	8,596	-28,721	5,593	1,00	13,96	B	O
NGUYÊN TỬ	1889	N	PRO	327	6,846	-27,557	4,791	1,00	16,56	B	N
NGUYÊN TỬ	1890	CD	PRO	327	5,970	-27,849	5,938	1,00	16,61	B	C
NGUYÊN TỬ	1891	CA	PRO	327	6,131	-26,829	3,729	1,00	17,34	B	C
NGUYÊN TỬ	1892	CB	PRO	327	4,669	-26,884	4,171	1,00	15,73	B	C
NGUYÊN TỬ	1893	CG	PRO	327	4,735	-27,040	5,641	1,00	16,44	B	C
NGUYÊN TỬ	1894	C	PRO	327	6,582	-25,397	3,456	1,00	18,31	B	C
NGUYÊN TỬ	1895	O	PRO	327	6,117	-24,779	2,501	1,00	18,41	B	O
NGUYÊN TỬ	1896	N	ALA	328	7,478	-24,872	4,286	1,00	20,01	B	N
NGUYÊN TỬ	1897	CA	ALA	328	7,811	-23,450	4,231	1,00	22,14	B	C
NGUYÊN TỬ	1898	CB	ALA	328	9,031	-23,170	5,107	1,00	21,67	B	C

NGUYÊN TỬ	1899	C	ALA	328	8,056	-22,946	2,799	1,00	23,20	B	C
NGUYÊN TỬ	1900	O	ALA	328	7,640	-21,835	2,438	1,00	23,95	B	O
NGUYÊN TỬ	1901	N	SER	329	8,711	-23,773	1,986	1,00	22,51	B	N
NGUYÊN TỬ	1902	CA	SER	329	9,159	-23,358	0,662	1,00	22,34	B	C
NGUYÊN TỬ	1903	CB	SER	329	10,296	-24,261	0,199	1,00	21,26	B	C
NGUYÊN TỬ	1904	OG	SER	329	9,830	-25,579	-0,021	1,00	18,71	B	O
NGUYÊN TỬ	1905	C	SER	329	8,054	-23,355	-0,399	1,00	23,40	B	C
NGUYÊN TỬ	1906	O	SER	329	8,228	-22,787	-1,476	1,00	23,51	B	O
NGUYÊN TỬ	1907	N	ALA	330	6,926	-23,993	-0,100	1,00	25,31	B	N
NGUYÊN TỬ	1908	CA	ALA	330	5,835	-24,107	-1,064	1,00	26,56	B	C
NGUYÊN TỬ	1909	CB	ALA	330	4,822	-25,133	-0,590	1,00	27,06	B	C
NGUYÊN TỬ	1910	C	ALA	330	5,160	-22,758	-1,250	1,00	27,53	B	C
NGUYÊN TỬ	1911	O	ALA	330	4,727	-22,133	-0,284	1,00	29,15	B	O
NGUYÊN TỬ	1912	N	PRO	331	5,065	-22,293	-2,503	1,00	28,24	B	N
NGUYÊN TỬ	1913	CD	PRO	331	5,431	-23,095	-3,682	1,00	28,39	B	C
NGUYÊN TỬ	1914	CA	PRO	331	4,718	-20,909	-2,866	1,00	29,18	B	C
NGUYÊN TỬ	1915	CB	PRO	331	4,844	-20,891	-4,391	1,00	28,66	B	C
NGUYÊN TỬ	1916	CG	PRO	331	5,727	-22,051	-4,711	1,00	28,90	B	C
NGUYÊN TỬ	1917	C	PRO	331	3,326	-20,464	-2,416	1,00	29,39	B	C
NGUYÊN TỬ	1918	O	PRO	331	3,115	-19,296	-2,078	1,00	29,76	B	O
NGUYÊN TỬ	1919	N	GLU	332	2,384	-21,400	-2,420	1,00	28,61	B	N
NGUYÊN TỬ	1920	CA	GLU	332	0,983	-21,080	-2,211	1,00	28,81	B	C
NGUYÊN TỬ	1921	CB	GLU	332	0,121	-22,089	-2,970	1,00	31,96	B	C
NGUYÊN TỬ	1922	CG	GLU	332	0,851	-23,396	-3,296	1,00	36,23	B	C
NGUYÊN TỬ	1923	CD	GLU	332	1,701	-23,306	-4,566	1,00	39,36	B	C
NGUYÊN TỬ	1924	OE1	GLU	332	1,169	-22,910	-5,630	1,00	41,08	B	O
NGUYÊN TỬ	1925	OE2	GLU	332	2,904	-23,639	-4,503	1,00	40,19	B	O
NGUYÊN TỬ	1926	C	GLU	332	0,637	-21,087	-0,722	1,00	27,73	B	C
NGUYÊN TỬ	1927	O	GLU	332	-0,452	-20,683	-0,318	1,00	26,94	B	O
NGUYÊN TỬ	1928	N	VAL	333	1,575	-21,554	0,091	1,00	26,86	B	N
NGUYÊN TỬ	1929	CA	VAL	333	1,422	-21,524	1,541	1,00	25,32	B	C
NGUYÊN TỬ	1930	CB	VAL	333	2,269	-22,633	2,227	1,00	23,61	B	C
NGUYÊN TỬ	1931	CG1	VAL	333	2,247	-22,441	3,732	1,00	23,08	B	C
NGUYÊN TỬ	1932	CG2	VAL	333	1,727	-24,009	1,873	1,00	23,25	B	C
NGUYÊN TỬ	1933	C	VAL	333	1,848	-20,166	2,101	1,00	24,40	B	C
NGUYÊN TỬ	1934	O	VAL	333	2,781	-19,529	1,596	1,00	24,78	B	O
NGUYÊN TỬ	1935	N	ILE	334	1,156	-19,724	3,145	1,00	23,38	B	N
NGUYÊN TỬ	1936	CA	ILE	334	1,588	-18,546	3,878	1,00	22,82	B	C
NGUYÊN TỬ	1937	CB	ILE	334	0,413	-17,867	4,582	1,00	23,36	B	C
NGUYÊN TỬ	1938	CG2	ILE	334	0,908	-16,682	5,373	1,00	21,37	B	C
NGUYÊN TỬ	1939	CG1	ILE	334	-0,617	-17,418	3,546	1,00	22,38	B	C
NGUYÊN TỬ	1940	CD1	ILE	334	-1,908	-16,964	4,149	1,00	19,76	B	C
NGUYÊN TỬ	1941	C	ILE	334	2,626	-18,950	4,910	1,00	21,94	B	C
NGUYÊN TỬ	1942	O	ILE	334	2,337	-19,676	5,863	1,00	20,41	B	O
NGUYÊN TỬ	1943	N	THR	335	3,844	-18,471	4,694	1,00	21,71	B	N
NGUYÊN TỬ	1944	CA	THR	335	5,010	-18,951	5,419	1,00	22,66	B	C
NGUYÊN TỬ	1945	CB	THR	335	6,141	-19,283	4,426	1,00	24,07	B	C
NGUYÊN TỬ	1946	OG1	THR	335	5,600	-20,019	3,315	1,00	24,80	B	O
NGUYÊN TỬ	1947	CG2	THR	335	7,219	-20,116	5,100	1,00	23,59	B	C
NGUYÊN TỬ	1948	C	THR	335	5,463	-17,861	6,394	1,00	22,37	B	C
NGUYÊN TỬ	1949	O	THR	335	5,772	-16,741	5,988	1,00	21,19	B	O
NGUYÊN TỬ	1950	N	VAL	336	5,486	-18,192	7,682	1,00	22,56	B	N
NGUYÊN TỬ	1951	CA	VAL	336	5,552	-17,173	8,731	1,00	22,60	B	C
NGUYÊN TỬ	1952	CB	VAL	336	4,355	-17,296	9,692	1,00	22,03	B	C
NGUYÊN TỬ	1953	CG1	VAL	336	4,359	-16,147	10,689	1,00	19,46	B	C
NGUYÊN TỬ	1954	CG2	VAL	336	3,069	-17,332	8,897	1,00	21,19	B	C
NGUYÊN TỬ	1955	C	VAL	336	6,824	-17,242	9,566	1,00	22,61	B	C
NGUYÊN TỬ	1956	O	VAL	336	7,119	-18,276	10,160	1,00	22,75	B	O
NGUYÊN TỬ	1957	N	GLY	337	7,553	-16,127	9,623	1,00	23,52	B	N
NGUYÊN TỬ	1958	CA	GLY	337	8,746	-16,036	10,454	1,00	24,53	B	C
NGUYÊN TỬ	1959	C	GLY	337	8,500	-15,342	11,784	1,00	25,08	B	C
NGUYÊN TỬ	1960	O	GLY	337	7,451	-14,745	11,996	1,00	26,14	B	O
NGUYÊN TỬ	1961	N	ALA	338	9,463	-15,413	12,691	1,00	25,21	B	N
NGUYÊN TỬ	1962	CA	ALA	338	9,243	-14,906	14,036	1,00	25,87	B	C
NGUYÊN TỬ	1963	CB	ALA	338	9,544	-15,990	15,047	1,00	25,68	B	C
NGUYÊN TỬ	1964	C	ALA	338	10,081	-13,674	14,340	1,00	27,22	B	C
NGUYÊN TỬ	1965	O	ALA	338	11,271	-13,641	14,033	1,00	28,69	B	O
NGUYÊN TỬ	1966	N	THR	339	9,452	-12,665	14,943	1,00	27,73	B	N
NGUYÊN TỬ	1967	CA	THR	339	10,165	-11,528	15,529	1,00	27,88	B	C
NGUYÊN TỬ	1968	CB	THR	339	9,680	-10,187	14,944	1,00	28,43	B	C
NGUYÊN TỬ	1969	OG1	THR	339	8,410	-9,838	15,515	1,00	30,24	B	O
NGUYÊN TỬ	1970	CG2	THR	339	9,535	-10,297	13,438	1,00	27,60	B	C
NGUYÊN TỬ	1971	C	THR	339	9,912	-11,514	17,038	1,00	28,11	B	C
NGUYÊN TỬ	1972	O	THR	339	9,127	-12,313	17,545	1,00	29,32	B	O
NGUYÊN TỬ	1973	N	ASN	340	10,576	-10,612	17,754	1,00	28,25	B	N
NGUYÊN TỬ	1974	CA	ASN	340	10,390	-10,507	19,197	1,00	28,64	B	C

NGUYÊN TỬ	1975	CB	ASN	340	11,683	-10,900	19,937	1,00	26,79	B	C
NGUYÊN TỬ	1976	CG	ASN	340	12,780	-9,837	19,842	1,00	24,82	B	C
NGUYÊN TỬ	1977	OD1	ASN	340	12,778	-8,987	18,954	1,00	23,33	B	O
NGUYÊN TỬ	1978	ND2	ASN	340	13,718	-9,889	20,768	1,00	21,41	B	N
NGUYÊN TỬ	1979	C	ASN	340	9,947	-9,105	19,614	1,00	30,56	B	C
NGUYÊN TỬ	1980	O	ASN	340	9,662	-8,253	18,776	1,00	30,36	B	O
NGUYÊN TỬ	1981	N	ALA	341	9,886	-8,874	20,917	1,00	32,81	B	N
NGUYÊN TỬ	1982	CA	ALA	341	9,383	-7,618	21,435	1,00	34,72	B	C
NGUYÊN TỬ	1983	CB	ALA	341	9,352	-7,677	22,943	1,00	33,86	B	C
NGUYÊN TỬ	1984	C	ALA	341	10,193	-6,404	20,959	1,00	37,05	B	C
NGUYÊN TỬ	1985	O	ALA	341	9,686	-5,281	20,932	1,00	37,22	B	O
NGUYÊN TỬ	1986	N	GLN	342	11,449	-6,617	20,582	1,00	39,17	B	N
NGUYÊN TỬ	1987	CA	GLN	342	12,237	-5,518	20,037	1,00	41,65	B	C
NGUYÊN TỬ	1988	CB	GLN	342	13,682	-5,544	20,558	1,00	43,43	B	C
NGUYÊN TỬ	1989	CG	GLN	342	14,069	-6,779	21,353	1,00	47,47	B	C
NGUYÊN TỬ	1990	CD	GLN	342	13,394	-6,830	22,709	1,00	49,49	B	C
NGUYÊN TỬ	1991	OE1	GLN	342	13,198	-7,907	23,289	1,00	48,68	B	O
NGUYÊN TỬ	1992	NE2	GLN	342	13,024	-5,660	23,223	1,00	50,00	B	N
NGUYÊN TỬ	1993	C	GLN	342	12,239	-5,576	18,518	1,00	43,22	B	C
NGUYÊN TỬ	1994	O	GLN	342	13,174	-5,104	17,869	1,00	43,77	B	O
NGUYÊN TỬ	1995	N	ASP	343	11,189	-6,170	17,956	1,00	43,93	B	N
NGUYÊN TỬ	1996	CA	ASP	343	10,986	-6,170	16,509	1,00	43,53	B	C
NGUYÊN TỬ	1997	CB	ASP	343	10,524	-4,775	16,050	1,00	43,99	B	C
NGUYÊN TỬ	1998	CG	ASP	343	9,011	-4,565	16,209	1,00	44,42	B	C
NGUYÊN TỬ	1999	OD1	ASP	343	8,245	-5,558	16,276	1,00	42,52	B	O
NGUYÊN TỬ	2000	OD2	ASP	343	8,587	-3,393	16,260	1,00	44,78	B	O
NGUYÊN TỬ	2001	C	ASP	343	12,244	-6,601	15,737	1,00	42,39	B	C
NGUYÊN TỬ	2002	O	ASP	343	12,546	-6,085	14,657	1,00	42,07	B	O
NGUYÊN TỬ	2003	N	GLN	344	12,976	-7,552	16,302	1,00	41,78	B	N
NGUYÊN TỬ	2004	CA	GLN	344	14,134	-8,127	15,629	1,00	41,56	B	C
NGUYÊN TỬ	2005	CB	GLN	344	15,408	-7,797	16,396	1,00	44,09	B	C
NGUYÊN TỬ	2006	CG	GLN	344	15,384	-8,247	17,839	1,00	48,25	B	C
NGUYÊN TỬ	2007	CD	GLN	344	16,394	-7,499	18,687	1,00	50,65	B	C
NGUYÊN TỬ	2008	OE1	GLN	344	16,657	-7,863	19,840	1,00	51,73	B	O
NGUYÊN TỬ	2009	NE2	GLN	344	16,968	-6,440	18,118	1,00	51,25	B	N
NGUYÊN TỬ	2010	C	GLN	344	13,963	-9,630	15,540	1,00	38,96	B	C
NGUYÊN TỬ	2011	O	GLN	344	13,247	-10,227	16,341	1,00	38,19	B	O
NGUYÊN TỬ	2012	N	PRO	345	14,614	-10,263	14,556	1,00	37,58	B	N
NGUYÊN TỬ	2013	CD	PRO	345	15,492	-9,635	13,555	1,00	36,39	B	C
NGUYÊN TỬ	2014	CA	PRO	345	14,416	-11,698	14,298	1,00	37,16	B	C
NGUYÊN TỬ	2015	CB	PRO	345	15,331	-11,980	13,101	1,00	35,35	B	C
NGUYÊN TỬ	2016	CG	PRO	345	15,514	-10,648	12,446	1,00	35,43	B	C
NGUYÊN TỬ	2017	C	PRO	345	14,759	-12,573	15,510	1,00	37,13	B	C
NGUYÊN TỬ	2018	O	PRO	345	15,782	-12,364	16,162	1,00	39,08	B	O
NGUYÊN TỬ	2019	N	VAL	346	13,910	-13,551	15,811	1,00	36,05	B	N
NGUYÊN TỬ	2020	CA	VAL	346	14,149	-14,421	16,957	1,00	34,82	B	C
NGUYÊN TỬ	2021	CB	VAL	346	12,915	-15,281	17,287	1,00	33,18	B	C
NGUYÊN TỬ	2022	CG1	VAL	346	13,244	-16,221	18,428	1,00	33,07	B	C
NGUYÊN TỬ	2023	CG2	VAL	346	11,740	-14,401	17,664	1,00	31,64	B	C
NGUYÊN TỬ	2024	C	VAL	346	15,333	-15,359	16,745	1,00	35,10	B	C
NGUYÊN TỬ	2025	O	VAL	346	15,385	-16,111	15,770	1,00	34,39	B	O
NGUYÊN TỬ	2026	N	THR	347	16,285	-15,311	17,669	1,00	35,85	B	N
NGUYÊN TỬ	2027	CA	THR	347	17,388	-16,264	17,671	1,00	37,77	B	C
NGUYÊN TỬ	2028	CB	THR	347	18,718	-15,599	18,074	1,00	36,41	B	C
NGUYÊN TỬ	2029	OG1	THR	347	18,567	-14,985	19,358	1,00	35,69	B	O
NGUYÊN TỬ	2030	CG2	THR	347	19,129	-14,554	17,050	1,00	33,79	B	C
NGUYÊN TỬ	2031	C	THR	347	17,084	-17,381	18,661	1,00	39,16	B	C
NGUYÊN TỬ	2032	O	THR	347	16,755	-17,124	19,819	1,00	39,34	B	O
NGUYÊN TỬ	2033	N	LEU	348	17,188	-18,620	18,196	1,00	40,40	B	N
NGUYÊN TỬ	2034	CA	LEU	348	16,839	-19,770	19,014	1,00	42,15	B	C
NGUYÊN TỬ	2035	CB	LEU	348	15,727	-20,580	18,334	1,00	42,90	B	C
NGUYÊN TỬ	2036	CG	LEU	348	14,364	-19,887	18,207	1,00	44,13	B	C
NGUYÊN TỬ	2037	CD1	LEU	348	13,468	-20,686	17,284	1,00	44,95	B	C
NGUYÊN TỬ	2038	CD2	LEU	348	13,725	-19,739	19,584	1,00	44,34	B	C
NGUYÊN TỬ	2039	C	LEU	348	18,076	-20,631	19,221	1,00	42,53	B	C
NGUYÊN TỬ	2040	O	LEU	348	18,481	-21,390	18,333	1,00	44,15	B	O
NGUYÊN TỬ	2041	N	GLY	349	18,680	-20,514	20,396	1,00	41,43	B	N
NGUYÊN TỬ	2042	CA	GLY	349	19,985	-21,107	20,581	1,00	40,94	B	C
NGUYÊN TỬ	2043	C	GLY	349	20,931	-20,405	19,636	1,00	40,49	B	C
NGUYÊN TỬ	2044	O	GLY	349	20,898	-19,177	19,536	1,00	40,57	B	O
NGUYÊN TỬ	2045	N	THR	350	21,761	-21,172	18,934	1,00	40,43	B	N
NGUYÊN TỬ	2046	CA	THR	350	22,649	-20,602	17,923	1,00	40,06	B	C
NGUYÊN TỬ	2047	CB	THR	350	23,967	-21,395	17,796	1,00	41,33	B	C
NGUYÊN TỬ	2048	OG1	THR	350	23,689	-22,717	17,311	1,00	42,85	B	O
NGUYÊN TỬ	2049	CG2	THR	350	24,679	-21,468	19,142	1,00	39,97	B	C
NGUYÊN TỬ	2050	C	THR	350	21,976	-20,596	16,557	1,00	38,80	B	C

NGUYÊN TỬ	2051	O	THR	350	22,599	-20,288	15,543	1,00	39,80	B	O
NGUYÊN TỬ	2052	N	LEU	351	20,702	-20,960	16,533	1,00	36,87	B	N
NGUYÊN TỬ	2053	CA	LEU	351	19,916	-20,858	15,320	1,00	35,16	B	C
NGUYÊN TỬ	2054	CB	LEU	351	19,330	-22,236	14,982	1,00	34,71	B	C
NGUYÊN TỬ	2055	CG	LEU	351	20,325	-23,192	14,299	1,00	32,23	B	C
NGUYÊN TỬ	2056	CD1	LEU	351	20,033	-24,639	14,626	1,00	29,33	B	C
NGUYÊN TỬ	2057	CD2	LEU	351	20,247	-22,975	12,807	1,00	32,45	B	C
NGUYÊN TỬ	2058	C	LEU	351	18,825	-19,788	15,484	1,00	34,05	B	C
NGUYÊN TỬ	2059	O	LEU	351	18,970	-18,858	16,284	1,00	33,71	B	O
NGUYÊN TỬ	2060	N	GLY	352	17,747	-19,899	14,717	1,00	33,23	B	N
NGUYÊN TỬ	2061	CA	GLY	352	16,666	-18,938	14,839	1,00	30,44	B	C
NGUYÊN TỬ	2062	C	GLY	352	15,731	-18,988	13,652	1,00	28,36	B	C
NGUYÊN TỬ	2063	O	GLY	352	15,681	-19,984	12,934	1,00	27,74	B	O
NGUYÊN TỬ	2064	N	THR	353	14,991	-17,907	13,441	1,00	25,82	B	N
NGUYÊN TỬ	2065	CA	THR	353	13,991	-17,868	12,386	1,00	23,39	B	C
NGUYÊN TỬ	2066	CB	THR	353	13,177	-16,565	12,446	1,00	23,46	B	C
NGUYÊN TỬ	2067	OG1	THR	353	12,050	-16,652	11,559	1,00	22,87	B	O
NGUYÊN TỬ	2068	CG2	THR	353	14,054	-15,387	12,031	1,00	23,22	B	C
NGUYÊN TỬ	2069	C	THR	353	14,657	-17,954	11,020	1,00	21,85	B	C
NGUYÊN TỬ	2070	O	THR	353	15,659	-17,290	10,768	1,00	23,19	B	O
NGUYÊN TỬ	2071	N	ASN	354	14,099	-18,776	10,142	1,00	19,78	B	N
NGUYÊN TỬ	2072	CA	ASN	354	14,513	-18,776	8,751	1,00	18,88	B	C
NGUYÊN TỬ	2073	CB	ASN	354	13,905	-19,981	8,029	1,00	19,41	B	C
NGUYÊN TỬ	2074	CG	ASN	354	14,733	-21,232	8,203	1,00	18,91	B	C
NGUYÊN TỬ	2075	OD1	ASN	354	15,835	-21,175	8,720	1,00	22,77	B	O
NGUYÊN TỬ	2076	ND2	ASN	354	14,211	-22,363	7,765	1,00	20,48	B	N
NGUYÊN TỬ	2077	C	ASN	354	14,057	-17,464	8,114	1,00	19,36	B	C
NGUYÊN TỬ	2078	O	ASN	354	13,425	-16,641	8,775	1,00	18,72	B	O
NGUYÊN TỬ	2079	N	PHE	355	14,380	-17,258	6,842	1,00	20,03	B	N
NGUYÊN TỬ	2080	CA	PHE	355	14,126	-15,974	6,191	1,00	22,21	B	C
NGUYÊN TỬ	2081	CB	PHE	355	15,174	-14,960	6,638	1,00	19,82	B	C
NGUYÊN TỬ	2082	CG	PHE	355	16,550	-15,546	6,737	1,00	20,47	B	C
NGUYÊN TỬ	2083	CD1	PHE	355	17,080	-15,893	7,972	1,00	19,70	B	C
NGUYÊN TỬ	2084	CD2	PHE	355	17,281	-15,832	5,590	1,00	19,94	B	C
NGUYÊN TỬ	2085	CE1	PHE	355	18,305	-16,521	8,064	1,00	18,39	B	C
NGUYÊN TỬ	2086	CE2	PHE	355	18,504	-16,457	5,676	1,00	19,14	B	C
NGUYÊN TỬ	2087	CZ	PHE	355	19,016	-16,804	6,918	1,00	18,75	B	C
NGUYÊN TỬ	2088	C	PHE	355	14,188	-16,140	4,672	1,00	24,66	B	C
NGUYÊN TỬ	2089	O	PHE	355	14,063	-17,254	4,154	1,00	26,20	B	O
NGUYÊN TỬ	2090	N	GLY	356	14,384	-15,031	3,963	1,00	25,89	B	N
NGUYÊN TỬ	2091	CA	GLY	356	14,478	-15,090	2,520	1,00	27,05	B	C
NGUYÊN TỬ	2092	C	GLY	356	13,145	-14,824	1,856	1,00	28,45	B	C
NGUYÊN TỬ	2093	O	GLY	356	12,172	-14,473	2,509	1,00	28,91	B	O
NGUYÊN TỬ	2094	N	ARG	357	13,103	-15,003	0,545	1,00	29,61	B	N
NGUYÊN TỬ	2095	CA	ARG	357	11,921	-14,683	-0,235	1,00	30,42	B	C
NGUYÊN TỬ	2096	CB	ARG	357	12,312	-14,507	-1,702	1,00	33,04	B	C
NGUYÊN TỬ	2097	CG	ARG	357	12,919	-15,749	-2,307	1,00	38,74	B	C
NGUYÊN TỬ	2098	CD	ARG	357	12,688	-15,791	-3,794	1,00	43,88	B	C
NGUYÊN TỬ	2099	NE	ARG	357	13,524	-14,837	-4,515	1,00	49,58	B	N
NGUYÊN TỬ	2100	CZ	ARG	357	14,766	-15,094	-4,921	1,00	52,78	B	C
NGUYÊN TỬ	2101	NH1	ARG	357	15,456	-14,164	-5,580	1,00	53,88	B	N
NGUYÊN TỬ	2102	NH2	ARG	357	15,322	-16,277	-4,662	1,00	53,07	B	N
NGUYÊN TỬ	2103	C	ARG	357	10,802	-15,725	-0,121	1,00	29,64	B	C
NGUYÊN TỬ	2104	O	ARG	357	9,708	-15,518	-0,635	1,00	28,09	B	O
NGUYÊN TỬ	2105	N	CYS	358	11,064	-16,845	0,543	1,00	29,30	B	N
NGUYÊN TỬ	2106	CA	CYS	358	9,998	-17,817	0,778	1,00	28,85	B	C
NGUYÊN TỬ	2107	C	CYS	358	9,170	-17,473	2,017	1,00	27,26	B	C
NGUYÊN TỬ	2108	O	CYS	358	8,119	-18,067	2,257	1,00	27,00	B	O
NGUYÊN TỬ	2109	CB	CYS	358	10,570	-19,239	0,899	1,00	30,23	B	C
NGUYÊN TỬ	2110	SG	CYS	358	10,992	-19,934	-0,727	1,00	33,15	B	S
NGUYÊN TỬ	2111	N	VAL	359	9,635	-16,508	2,801	1,00	25,41	B	N
NGUYÊN TỬ	2112	CA	VAL	359	8,846	-16,037	3,927	1,00	24,19	B	C
NGUYÊN TỬ	2113	CB	VAL	359	9,747	-15,506	5,072	1,00	24,35	B	C
NGUYÊN TỬ	2114	CG1	VAL	359	8,898	-14,934	6,197	1,00	22,54	B	C
NGUYÊN TỬ	2115	CG2	VAL	359	10,602	-16,640	5,615	1,00	25,11	B	C
NGUYÊN TỬ	2116	C	VAL	359	7,903	-14,941	3,461	1,00	23,48	B	C
NGUYÊN TỬ	2117	O	VAL	359	8,282	-14,058	2,693	1,00	24,15	B	O
NGUYÊN TỬ	2118	N	ASP	360	6,660	-15,017	3,914	1,00	22,77	B	N
NGUYÊN TỬ	2119	CA	ASP	360	5,648	-14,067	3,504	1,00	20,61	B	C
NGUYÊN TỬ	2120	CB	ASP	360	4,286	-14,766	3,445	1,00	23,47	B	C
NGUYÊN TỬ	2121	CG	ASP	360	4,162	-15,711	2,237	1,00	26,57	B	C
NGUYÊN TỬ	2122	OD1	ASP	360	3,832	-15,224	1,128	1,00	25,68	B	O
NGUYÊN TỬ	2123	OD2	ASP	360	4,396	-16,935	2,395	1,00	27,94	B	O
NGUYÊN TỬ	2124	C	ASP	360	5,632	-12,899	4,475	1,00	17,89	B	C
NGUYÊN TỬ	2125	O	ASP	360	5,638	-11,740	4,069	1,00	16,84	B	O
NGUYÊN TỬ	2126	N	LEU	361	5,639	-13,207	5,763	1,00	16,38	B	N

NGUYÊN TỬ	2127	CA	LEU	361	5,770	-12,171	6,777	1,00	16,17	B	C
NGUYÊN TỬ	2128	CB	LEU	361	4,447	-11,425	6,946	1,00	17,23	B	C
NGUYÊN TỬ	2129	CG	LEU	361	3,252	-12,186	7,523	1,00	16,84	B	C
NGUYÊN TỬ	2130	CD1	LEU	361	2,087	-11,229	7,633	1,00	16,25	B	C
NGUYÊN TỬ	2131	CD2	LEU	361	2,881	-13,374	6,643	1,00	18,27	B	C
NGUYÊN TỬ	2132	C	LEU	361	6,225	-12,719	8,128	1,00	15,83	B	C
NGUYÊN TỬ	2133	O	LEU	361	6,477	-13,913	8,278	1,00	16,68	B	O
NGUYÊN TỬ	2134	N	PHE	362	6,345	-11,832	9,109	1,00	15,56	B	N
NGUYÊN TỬ	2135	CA	PHE	362	6,792	-12,235	10,432	1,00	14,82	B	C
NGUYÊN TỬ	2136	CB	PHE	362	8,059	-11,474	10,814	1,00	14,14	B	C
NGUYÊN TỬ	2137	CG	PHE	362	9,259	-11,872	10,002	1,00	12,01	B	C
NGUYÊN TỬ	2138	CD1	PHE	362	10,157	-12,818	10,486	1,00	9,24	B	C
NGUYÊN TỬ	2139	CD2	PHE	362	9,464	-11,332	8,738	1,00	8,63	B	C
NGUYÊN TỬ	2140	CE1	PHE	362	11,233	-13,218	9,726	1,00	8,18	B	C
NGUYÊN TỬ	2141	CE2	PHE	362	10,534	-11,725	7,970	1,00	7,87	B	C
NGUYÊN TỬ	2142	CZ	PHE	362	11,423	-12,671	8,463	1,00	9,03	B	C
NGUYÊN TỬ	2143	C	PHE	362	5,710	-11,997	11,450	1,00	14,66	B	C
NGUYÊN TỬ	2144	O	PHE	362	4,720	-11,336	11,158	1,00	17,08	B	O
NGUYÊN TỬ	2145	N	ALA	363	5,891	-12,547	12,641	1,00	14,32	B	N
NGUYÊN TỬ	2146	CA	ALA	363	4,877	-12,453	13,674	1,00	15,69	B	C
NGUYÊN TỬ	2147	CB	ALA	363	3,767	-13,462	13,408	1,00	14,68	B	C
NGUYÊN TỬ	2148	C	ALA	363	5,509	-12,717	15,025	1,00	17,04	B	C
NGUYÊN TỬ	2149	O	ALA	363	6,544	-13,370	15,115	1,00	18,01	B	O
NGUYÊN TỬ	2150	N	PRO	364	4,894	-12,207	16,101	1,00	18,24	B	N
NGUYÊN TỬ	2151	CD	PRO	364	3,855	-11,163	16,138	1,00	17,59	B	C
NGUYÊN TỬ	2152	CA	PRO	364	5,395	-12,521	17,438	1,00	18,94	B	C
NGUYÊN TỬ	2153	CB	PRO	364	4,227	-12,146	18,339	1,00	18,02	B	C
NGUYÊN TỬ	2154	CG	PRO	364	3,597	-10,978	17,621	1,00	17,86	B	C
NGUYÊN TỬ	2155	C	PRO	364	5,753	-13,992	17,540	1,00	20,27	B	C
NGUYÊN TỬ	2156	O	PRO	364	4,962	-14,851	17,152	1,00	22,37	B	O
NGUYÊN TỬ	2157	N	GLY	365	6,950	-14,279	18,044	1,00	20,34	B	N
NGUYÊN TỬ	2158	CA	GLY	365	7,380	-15,658	18,138	1,00	22,18	B	C
NGUYÊN TỬ	2159	C	GLY	365	8,373	-15,948	19,243	1,00	23,70	B	C
NGUYÊN TỬ	2160	O	GLY	365	8,973	-17,018	19,270	1,00	23,16	B	O
NGUYÊN TỬ	2161	N	GLU	366	8,558	-15,002	20,154	1,00	25,89	B	N
NGUYÊN TỬ	2162	CA	GLU	366	9,498	-15,193	21,252	1,00	29,11	B	C
NGUYÊN TỬ	2163	CB	GLU	366	10,758	-14,359	21,023	1,00	31,40	B	C
NGUYÊN TỬ	2164	CG	GLU	366	11,838	-14,585	22,053	1,00	35,84	B	C
NGUYÊN TỬ	2165	CD	GLU	366	12,907	-13,508	22,017	1,00	40,32	B	C
NGUYÊN TỬ	2166	OE1	GLU	366	13,931	-13,702	21,320	1,00	42,04	B	O
NGUYÊN TỬ	2167	OE2	GLU	366	12,723	-12,462	22,685	1,00	43,30	B	O
NGUYÊN TỬ	2168	C	GLU	366	8,856	-14,794	22,563	1,00	28,79	B	C
NGUYÊN TỬ	2169	O	GLU	366	8,202	-13,753	22,642	1,00	28,23	B	O
NGUYÊN TỬ	2170	N	ASP	367	9,048	-15,624	23,586	1,00	29,00	B	N
NGUYÊN TỬ	2171	CA	ASP	367	8,400	-15,431	24,884	1,00	29,74	B	C
NGUYÊN TỬ	2172	CB	ASP	367	8,868	-14,145	25,549	1,00	33,33	B	C
NGUYÊN TỬ	2173	CG	ASP	367	10,172	-14,314	26,270	1,00	38,62	B	C
NGUYÊN TỬ	2174	OD1	ASP	367	11,177	-13,708	25,839	1,00	42,20	B	O
NGUYÊN TỬ	2175	OD2	ASP	367	10,195	-15,057	27,272	1,00	42,52	B	O
NGUYÊN TỬ	2176	C	ASP	367	6,898	-15,371	24,771	1,00	28,66	B	C
NGUYÊN TỬ	2177	O	ASP	367	6,273	-14,473	25,327	1,00	29,35	B	O
NGUYÊN TỬ	2178	N	ILE	368	6,312	-16,316	24,047	1,00	28,05	B	N
NGUYÊN TỬ	2179	CA	ILE	368	4,859	-16,347	23,911	1,00	26,36	B	C
NGUYÊN TỬ	2180	CB	ILE	368	4,425	-16,924	22,542	1,00	24,44	B	C
NGUYÊN TỬ	2181	CG2	ILE	368	2,921	-16,746	22,359	1,00	22,78	B	C
NGUYÊN TỬ	2182	CG1	ILE	368	5,175	-16,208	21,414	1,00	23,14	B	C
NGUYÊN TỬ	2183	CD1	ILE	368	4,953	-14,710	21,380	1,00	21,33	B	C
NGUYÊN TỬ	2184	C	ILE	368	4,233	-17,175	25,028	1,00	25,21	B	C
NGUYÊN TỬ	2185	O	ILE	368	4,365	-18,399	25,076	1,00	25,00	B	O
NGUYÊN TỬ	2186	N	ILE	369	3,561	-16,491	25,940	1,00	23,47	B	N
NGUYÊN TỬ	2187	CA	ILE	369	2,872	-17,179	27,007	1,00	24,06	B	C
NGUYÊN TỬ	2188	CB	ILE	369	2,562	-16,226	28,161	1,00	24,47	B	C
NGUYÊN TỬ	2189	CG2	ILE	369	2,407	-14,812	27,645	1,00	24,60	B	C
NGUYÊN TỬ	2190	CG1	ILE	369	1,328	-16,723	28,901	1,00	24,42	B	C
NGUYÊN TỬ	2191	CD1	ILE	369	0,614	-15,646	29,639	1,00	26,06	B	C
NGUYÊN TỬ	2192	C	ILE	369	1,578	-17,780	26,496	1,00	23,71	B	C
NGUYÊN TỬ	2193	O	ILE	369	0,827	-17,129	25,783	1,00	24,50	B	O
NGUYÊN TỬ	2194	N	GLY	370	1,326	-19,029	26,866	1,00	24,27	B	N
NGUYÊN TỬ	2195	CA	GLY	370	0,172	-19,743	26,357	1,00	24,97	B	C
NGUYÊN TỬ	2196	C	GLY	370	-0,100	-20,957	27,214	1,00	26,60	B	C
NGUYÊN TỬ	2197	O	GLY	370	0,565	-21,153	28,235	1,00	27,10	B	O
NGUYÊN TỬ	2198	N	ALA	371	-1,063	-21,778	26,799	1,00	27,73	B	N
NGUYÊN TỬ	2199	CA	ALA	371	-1,526	-22,902	27,615	1,00	27,34	B	C
NGUYÊN TỬ	2200	CB	ALA	371	-2,705	-23,580	26,946	1,00	26,39	B	C
NGUYÊN TỬ	2201	C	ALA	371	-0,431	-23,922	27,880	1,00	27,36	B	C
NGUYÊN TỬ	2202	O	ALA	371	0,319	-24,296	26,980	1,00	28,65	B	O

NGUYÊN TỬ	2203	N	SER	372	-0,343	-24,371	29,126	1,00	27,77	B	N
NGUYÊN TỬ	2204	CA	SER	372	0,621	-25,397	29,498	1,00	28,83	B	C
NGUYÊN TỬ	2205	CB	SER	372	1,439	-24,952	30,706	1,00	29,82	B	C
NGUYÊN TỬ	2206	OG	SER	372	2,034	-26,074	31,322	1,00	30,59	B	O
NGUYÊN TỬ	2207	C	SER	372	-0,076	-26,700	29,829	1,00	29,05	B	C
NGUYÊN TỬ	2208	O	SER	372	-0,969	-26,741	30,665	1,00	29,97	B	O
NGUYÊN TỬ	2209	N	SER	373	0,349	-27,770	29,172	1,00	30,11	B	N
NGUYÊN TỬ	2210	CA	SER	373	-0,304	-29,060	29,310	1,00	30,04	B	C
NGUYÊN TỬ	2211	CB	SER	373	0,107	-29,979	28,159	1,00	30,84	B	C
NGUYÊN TỬ	2212	OG	SER	373	1,493	-30,283	28,205	1,00	33,39	B	O
NGUYÊN TỬ	2213	C	SER	373	0,062	-29,695	30,641	1,00	30,17	B	C
NGUYÊN TỬ	2214	O	SER	373	-0,443	-30,761	30,986	1,00	29,58	B	O
NGUYÊN TỬ	2215	N	ASP	374	0,942	-29,030	31,385	1,00	31,28	B	N
NGUYÊN TỬ	2216	CA	ASP	374	1,373	-29,532	32,688	1,00	32,37	B	C
NGUYÊN TỬ	2217	CB	ASP	374	2,410	-28,602	33,317	1,00	32,98	B	C
NGUYÊN TỬ	2218	CG	ASP	374	3,832	-28,993	32,964	1,00	34,09	B	C
NGUYÊN TỬ	2219	OD1	ASP	374	4,016	-29,822	32,042	1,00	35,12	B	O
NGUYÊN TỬ	2220	OD2	ASP	374	4,763	-28,471	33,615	1,00	34,70	B	O
NGUYÊN TỬ	2221	C	ASP	374	0,187	-29,639	33,616	1,00	31,98	B	C
NGUYÊN TỬ	2222	O	ASP	374	0,079	-30,578	34,403	1,00	33,02	B	O
NGUYÊN TỬ	2223	N	CYS	375	-0,696	-28,654	33,525	1,00	32,06	B	N
NGUYÊN TỬ	2224	CA	CYS	375	-1,976	-28,705	34,204	1,00	31,88	B	C
NGUYÊN TỬ	2225	C	CYS	375	-2,922	-27,755	33,477	1,00	30,87	B	C
NGUYÊN TỬ	2226	O	CYS	375	-2,495	-26,986	32,618	1,00	28,42	B	O
NGUYÊN TỬ	2227	CB	CYS	375	-1,809	-28,308	35,674	1,00	31,19	B	C
NGUYÊN TỬ	2228	SG	CYS	375	-2,015	-26,538	36,040	1,00	37,01	B	S
NGUYÊN TỬ	2229	N	SER	376	-4,207	-27,816	33,807	1,00	32,21	B	N
NGUYÊN TỬ	2230	CA	SER	376	-5,221	-27,206	32,954	1,00	33,14	B	C
NGUYÊN TỬ	2231	CB	SER	376	-6,529	-27,973	33,071	1,00	32,67	B	C
NGUYÊN TỬ	2232	OG	SER	376	-6,680	-28,456	34,388	1,00	36,61	B	O
NGUYÊN TỬ	2233	C	SER	376	-5,455	-25,734	33,237	1,00	32,73	B	C
NGUYÊN TỬ	2234	O	SER	376	-6,133	-25,052	32,474	1,00	33,18	B	O
NGUYÊN TỬ	2235	N	THR	377	-4,892	-25,245	34,335	1,00	33,07	B	N
NGUYÊN TỬ	2236	CA	THR	377	-4,816	-23,808	34,571	1,00	32,43	B	C
NGUYÊN TỬ	2237	CB	THR	377	-5,466	-23,429	35,916	1,00	32,44	B	C
NGUYÊN TỬ	2238	OG1	THR	377	-4,997	-24,310	36,947	1,00	31,10	B	O
NGUYÊN TỬ	2239	CG2	THR	377	-6,974	-23,510	35,801	1,00	31,10	B	C
NGUYÊN TỬ	2240	C	THR	377	-3,366	-23,319	34,549	1,00	31,50	B	C
NGUYÊN TỬ	2241	O	THR	377	-3,047	-22,242	35,061	1,00	30,92	B	O
NGUYÊN TỬ	2242	N	CYS	378	-2,497	-24,116	33,936	1,00	29,98	B	N
NGUYÊN TỬ	2243	CA	CYS	378	-1,081	-23,786	33,837	1,00	29,05	B	C
NGUYÊN TỬ	2244	C	CYS	378	-0,729	-23,067	32,527	1,00	26,98	B	C
NGUYÊN TỬ	2245	O	CYS	378	-1,265	-23,382	31,459	1,00	25,69	B	O
NGUYÊN TỬ	2246	CB	CYS	378	-0,249	-25,064	33,989	1,00	29,82	B	C
NGUYÊN TỬ	2247	SG	CYS	378	-0,190	-25,678	35,704	1,00	33,15	B	S
NGUYÊN TỬ	2248	N	PHE	379	0,169	-22,090	32,627	1,00	24,89	B	N
NGUYÊN TỬ	2249	CA	PHE	379	0,663	-21,372	31,463	1,00	23,14	B	C
NGUYÊN TỬ	2250	CB	PHE	379	0,228	-19,909	31,530	1,00	21,19	B	C
NGUYÊN TỬ	2251	CG	PHE	379	-1,233	-19,730	31,289	1,00	22,53	B	C
NGUYÊN TỬ	2252	CD1	PHE	379	-2,151	-19,959	32,309	1,00	22,23	B	C
NGUYÊN TỬ	2253	CD2	PHE	379	-1,709	-19,409	30,019	1,00	22,19	B	C
NGUYÊN TỬ	2254	CE1	PHE	379	-3,520	-19,886	32,059	1,00	22,41	B	C
NGUYÊN TỬ	2255	CE2	PHE	379	-3,072	-19,335	29,764	1,00	20,69	B	C
NGUYÊN TỬ	2256	CZ	PHE	379	-3,978	-19,571	30,783	1,00	21,30	B	C
NGUYÊN TỬ	2257	C	PHE	379	2,172	-21,483	31,357	1,00	23,01	B	C
NGUYÊN TỬ	2258	O	PHE	379	2,837	-21,948	32,285	1,00	23,48	B	O
NGUYÊN TỬ	2259	N	VAL	380	2,710	-21,073	30,215	1,00	21,60	B	N
NGUYÊN TỬ	2260	CA	VAL	380	4,127	-21,259	29,953	1,00	21,47	B	C
NGUYÊN TỬ	2261	CB	VAL	380	4,421	-22,730	29,624	1,00	20,54	B	C
NGUYÊN TỬ	2262	CG1	VAL	380	3,910	-23,050	28,235	1,00	19,96	B	C
NGUYÊN TỬ	2263	CG2	VAL	380	5,895	-23,015	29,760	1,00	19,12	B	C
NGUYÊN TỬ	2264	C	VAL	380	4,526	-20,395	28,768	1,00	21,24	B	C
NGUYÊN TỬ	2265	O	VAL	380	3,706	-20,143	27,891	1,00	21,49	B	O
NGUYÊN TỬ	2266	N	SER	381	5,774	-19,937	28,737	1,00	21,07	B	N
NGUYÊN TỬ	2267	CA	SER	381	6,242	-19,163	27,596	1,00	23,27	B	C
NGUYÊN TỬ	2268	CB	SER	381	7,095	-17,992	28,073	1,00	24,23	B	C
NGUYÊN TỬ	2269	OG	SER	381	7,575	-17,242	26,972	1,00	27,50	B	O
NGUYÊN TỬ	2270	C	SER	381	7,038	-20,022	26,603	1,00	24,40	B	C
NGUYÊN TỬ	2271	O	SER	381	7,786	-20,921	27,003	1,00	25,03	B	O
NGUYÊN TỬ	2272	N	GLN	382	6,866	-19,759	25,310	1,00	22,98	B	N
NGUYÊN TỬ	2273	CA	GLN	382	7,558	-20,537	24,294	1,00	24,19	B	C
NGUYÊN TỬ	2274	CB	GLN	382	6,699	-21,731	23,851	1,00	25,69	B	C
NGUYÊN TỬ	2275	CG	GLN	382	6,625	-22,896	24,858	1,00	28,37	B	C
NGUYÊN TỬ	2276	CD	GLN	382	5,873	-24,131	24,310	1,00	31,99	B	C
NGUYÊN TỬ	2277	OE1	GLN	382	5,701	-25,134	25,011	1,00	32,02	B	O
NGUYÊN TỬ	2278	NE2	GLN	382	5,430	-24,054	23,055	1,00	33,34	B	N

NGUYÊN TỬ	2279	C	GLN	382	7,924	-19,672	23,090	1,00	24,25	B	C
NGUYÊN TỬ	2280	O	GLN	382	7,331	-18,621	22,869	1,00	23,92	B	O
NGUYÊN TỬ	2281	N	SER	383	8,918	-20,117	22,328	1,00	24,93	B	N
NGUYÊN TỬ	2282	CA	SER	383	9,435	-19,366	21,186	1,00	25,23	B	C
NGUYÊN TỬ	2283	CB	SER	383	10,741	-18,650	21,569	1,00	24,50	B	C
NGUYÊN TỬ	2284	OG	SER	383	10,523	-17,648	22,550	1,00	21,80	B	O
NGUYÊN TỬ	2285	C	SER	383	9,686	-20,306	20,003	1,00	25,02	B	C
NGUYÊN TỬ	2286	O	SER	383	9,703	-21,521	20,165	1,00	26,23	B	O
NGUYÊN TỬ	2287	N	GLY	384	9,892	-19,739	18,818	1,00	25,92	B	N
NGUYÊN TỬ	2288	CA	GLY	384	9,975	-20,544	17,611	1,00	25,10	B	C
NGUYÊN TỬ	2289	C	GLY	384	9,031	-20,032	16,534	1,00	25,74	B	C
NGUYÊN TỬ	2290	O	GLY	384	8,130	-19,234	16,804	1,00	24,41	B	O
NGUYÊN TỬ	2291	N	THR	385	9,240	-20,479	15,302	1,00	26,36	B	N
NGUYÊN TỬ	2292	CA	THR	385	8,417	-20,030	14,185	1,00	26,63	B	C
NGUYÊN TỬ	2293	CB	THR	385	9,056	-20,415	12,841	1,00	25,25	B	C
NGUYÊN TỬ	2294	OG1	THR	385	9,504	-21,777	12,890	1,00	23,96	B	O
NGUYÊN TỬ	2295	CG2	THR	385	10,221	-19,506	12,541	1,00	25,37	B	C
NGUYÊN TỬ	2296	C	THR	385	7,003	-20,615	14,254	1,00	27,62	B	C
NGUYÊN TỬ	2297	O	THR	385	6,094	-20,163	13,554	1,00	28,58	B	O
NGUYÊN TỬ	2298	N	SER	386	6,820	-21,621	15,099	1,00	26,33	B	N
NGUYÊN TỬ	2299	CA	SER	386	5,495	-22,160	15,316	1,00	26,38	B	C
NGUYÊN TỬ	2300	CB	SER	386	5,572	-23,414	16,184	1,00	26,41	B	C
NGUYÊN TỬ	2301	OG	SER	386	5,940	-24,523	15,395	1,00	27,85	B	O
NGUYÊN TỬ	2302	C	SER	386	4,591	-21,125	15,978	1,00	26,58	B	C
NGUYÊN TỬ	2303	O	SER	386	3,444	-20,948	15,572	1,00	27,11	B	O
NGUYÊN TỬ	2304	N	GLN	387	5,104	-20,443	16,998	1,00	25,64	B	N
NGUYÊN TỬ	2305	CA	GLN	387	4,283	-19,532	17,780	1,00	23,63	B	C
NGUYÊN TỬ	2306	CB	GLN	387	5,064	-19,006	18,978	1,00	22,61	B	C
NGUYÊN TỬ	2307	CG	GLN	387	6,153	-19,938	19,464	1,00	22,42	B	C
NGUYÊN TỬ	2308	CD	GLN	387	5,615	-21,198	20,096	1,00	21,76	B	C
NGUYÊN TỬ	2309	OE1	GLN	387	4,627	-21,162	20,839	1,00	21,92	B	O
NGUYÊN TỬ	2310	NE2	GLN	387	6,263	-22,327	19,809	1,00	20,35	B	N
NGUYÊN TỬ	2311	C	GLN	387	3,880	-18,378	16,886	1,00	23,78	B	C
NGUYÊN TỬ	2312	O	GLN	387	2,777	-17,846	16,997	1,00	24,91	B	O
NGUYÊN TỬ	2313	N	ALA	388	4,787	-18,002	15,992	1,00	23,75	B	N
NGUYÊN TỬ	2314	CA	ALA	388	4,497	-17,002	14,972	1,00	23,70	B	C
NGUYÊN TỬ	2315	CB	ALA	388	5,740	-16,768	14,094	1,00	23,02	B	C
NGUYÊN TỬ	2316	C	ALA	388	3,319	-17,475	14,113	1,00	23,75	B	C
NGUYÊN TỬ	2317	O	ALA	388	2,242	-16,873	14,129	1,00	24,11	B	O
NGUYÊN TỬ	2318	N	ALA	389	3,529	-18,561	13,374	1,00	22,91	B	N
NGUYÊN TỬ	2319	CA	ALA	389	2,503	-19,106	12,498	1,00	21,81	B	C
NGUYÊN TỬ	2320	CB	ALA	389	2,887	-20,521	12,086	1,00	19,84	B	C
NGUYÊN TỬ	2321	C	ALA	389	1,123	-19,094	13,172	1,00	22,14	B	C
NGUYÊN TỬ	2322	O	ALA	389	0,135	-18,644	12,584	1,00	22,22	B	O
NGUYÊN TỬ	2323	N	ALA	390	1,057	-19,570	14,410	1,00	22,17	B	N
NGUYÊN TỬ	2324	CA	ALA	390	-0,215	-19,627	15,123	1,00	22,04	B	C
NGUYÊN TỬ	2325	CB	ALA	390	-0,026	-20,241	16,506	1,00	22,25	B	C
NGUYÊN TỬ	2326	C	ALA	390	-0,843	-18,241	15,249	1,00	21,51	B	C
NGUYÊN TỬ	2327	O	ALA	390	-2,068	-18,099	15,179	1,00	21,52	B	O
NGUYÊN TỬ	2328	N	HIS	391	-0,012	-17,219	15,443	1,00	20,10	B	N
NGUYÊN TỬ	2329	CA	HIS	391	-0,526	-15,858	15,538	1,00	18,46	B	C
NGUYÊN TỬ	2330	CB	HIS	391	0,615	-14,857	15,771	1,00	19,36	B	C
NGUYÊN TỬ	2331	CG	HIS	391	0,912	-14,586	17,214	1,00	20,07	B	C
NGUYÊN TỬ	2332	CD2	HIS	391	0,636	-13,513	17,995	1,00	19,81	B	C
NGUYÊN TỬ	2333	ND1	HIS	391	1,615	-15,467	18,010	1,00	18,44	B	N
NGUYÊN TỬ	2334	CE1	HIS	391	1,761	-14,947	19,216	1,00	18,95	B	C
NGUYÊN TỬ	2335	NE2	HIS	391	1,177	-13,762	19,234	1,00	18,77	B	N
NGUYÊN TỬ	2336	C	HIS	391	-1,241	-15,527	14,234	1,00	16,67	B	C
NGUYÊN TỬ	2337	O	HIS	391	-2,274	-14,852	14,222	1,00	15,39	B	O
NGUYÊN TỬ	2338	N	VAL	392	-0,688	-16,027	13,136	1,00	15,23	B	N
NGUYÊN TỬ	2339	CA	VAL	392	-1,146	-15,632	11,815	1,00	14,91	B	C
NGUYÊN TỬ	2340	CB	VAL	392	0,007	-15,768	10,783	1,00	14,04	B	C
NGUYÊN TỬ	2341	CG1	VAL	392	-0,475	-15,429	9,382	1,00	12,46	B	C
NGUYÊN TỬ	2342	CG2	VAL	392	1,143	-14,838	11,169	1,00	12,88	B	C
NGUYÊN TỬ	2343	C	VAL	392	-2,369	-16,446	11,385	1,00	15,09	B	C
NGUYÊN TỬ	2344	O	VAL	392	-3,269	-15,929	10,722	1,00	14,21	B	O
NGUYÊN TỬ	2345	N	ALA	393	-2,421	-17,708	11,789	1,00	15,37	B	N
NGUYÊN TỬ	2346	CA	ALA	393	-3,658	-18,467	11,655	1,00	17,74	B	C
NGUYÊN TỬ	2347	CB	ALA	393	-3,453	-19,888	12,163	1,00	18,52	B	C
NGUYÊN TỬ	2348	C	ALA	393	-4,791	-17,776	12,434	1,00	17,78	B	C
NGUYÊN TỬ	2349	O	ALA	393	-5,936	-17,716	11,980	1,00	16,51	B	O
NGUYÊN TỬ	2350	N	GLY	394	-4,453	-17,248	13,606	1,00	18,67	B	N
NGUYÊN TỬ	2351	CA	GLY	394	-5,397	-16,444	14,359	1,00	19,56	B	C
NGUYÊN TỬ	2352	C	GLY	394	-5,878	-15,212	13,613	1,00	20,36	B	C
NGUYÊN TỬ	2353	O	GLY	394	-7,082	-14,986	13,501	1,00	21,22	B	O
NGUYÊN TỬ	2354	N	ILE	395	-4,950	-14,414	13,096	1,00	20,24	B	N

NGUYÊN TỬ	2355	CA	ILE	395	-5,312	-13,195	12,384	1,00	20,11	B	C
NGUYÊN TỬ	2356	CB	ILE	395	-4,060	-12,375	12,034	1,00	20,04	B	C
NGUYÊN TỬ	2357	CG2	ILE	395	-4,449	-11,094	11,302	1,00	19,78	B	C
NGUYÊN TỬ	2358	CG1	ILE	395	-3,301	-12,049	13,316	1,00	20,30	B	C
NGUYÊN TỬ	2359	CD1	ILE	395	-2,049	-11,279	13,095	1,00	19,69	B	C
NGUYÊN TỬ	2360	C	ILE	395	-6,077	-13,519	11,104	1,00	21,08	B	C
NGUYÊN TỬ	2361	O	ILE	395	-6,974	-12,776	10,691	1,00	21,99	B	O
NGUYÊN TỬ	2362	N	ALA	396	-5,732	-14,634	10,473	1,00	20,99	B	N
NGUYÊN TỬ	2363	CA	ALA	396	-6,436	-15,039	9,267	1,00	20,56	B	C
NGUYÊN TỬ	2364	CB	ALA	396	-5,770	-16,267	8,659	1,00	20,18	B	C
NGUYÊN TỬ	2365	C	ALA	396	-7,885	-15,338	9,631	1,00	19,85	B	C
NGUYÊN TỬ	2366	O	ALA	396	-8,809	-14,845	8,995	1,00	17,95	B	O
NGUYÊN TỬ	2367	N	ALA	397	-8,071	-16,136	10,677	1,00	21,02	B	N
NGUYÊN TỬ	2368	CA	ALA	397	-9,402	-16,485	11,154	1,00	21,16	B	C
NGUYÊN TỬ	2369	CB	ALA	397	-9,305	-17,247	12,464	1,00	17,93	B	C
NGUYÊN TỬ	2370	C	ALA	397	-10,244	-15,233	11,342	1,00	22,61	B	C
NGUYÊN TỬ	2371	O	ALA	397	-11,378	-15,168	10,875	1,00	25,02	B	O
NGUYÊN TỬ	2372	N	MET	398	-9,686	-14,231	12,014	1,00	23,67	B	N
NGUYÊN TỬ	2373	CA	MET	398	-10,426	-13,008	12,282	1,00	23,20	B	C
NGUYÊN TỬ	2374	CB	MET	398	-9,601	-12,084	13,167	1,00	24,40	B	C
NGUYÊN TỬ	2375	CG	MET	398	-9,150	-12,733	14,457	1,00	29,13	B	C
NGUYÊN TỬ	2376	SD	MET	398	-10,147	-12,270	15,879	1,00	35,63	B	S
NGUYÊN TỬ	2377	CE	MET	398	-9,367	-10,694	16,357	1,00	31,39	B	C
NGUYÊN TỬ	2378	C	MET	398	-10,784	-12,298	10,980	1,00	23,27	B	C
NGUYÊN TỬ	2379	O	MET	398	-11,925	-11,889	10,782	1,00	22,16	B	O
NGUYÊN TỬ	2380	N	MET	399	-9,815	-12,165	10,083	1,00	22,78	B	N
NGUYÊN TỬ	2381	CA	MET	399	-10,059	-11,448	8,843	1,00	22,76	B	C
NGUYÊN TỬ	2382	CB	MET	399	-8,741	-11,202	8,118	1,00	24,23	B	C
NGUYÊN TỬ	2383	CG	MET	399	-7,755	-10,386	8,928	1,00	27,83	B	C
NGUYÊN TỬ	2384	SD	MET	399	-6,151	-10,150	8,115	1,00	32,96	B	S
NGUYÊN TỬ	2385	CE	MET	399	-6,680	-9,723	6,497	1,00	29,89	B	C
NGUYÊN TỬ	2386	C	MET	399	-11,032	-12,195	7,930	1,00	22,15	B	C
NGUYÊN TỬ	2387	O	MET	399	-11,828	-11,580	7,218	1,00	21,59	B	O
NGUYÊN TỬ	2388	N	LEU	400	-10,975	-13,522	7,957	1,00	21,52	B	N
NGUYÊN TỬ	2389	CA	LEU	400	-11,878	-14,320	7,140	1,00	20,75	B	C
NGUYÊN TỬ	2390	CB	LEU	400	-11,349	-15,745	6,962	1,00	18,56	B	C
NGUYÊN TỬ	2391	CG	LEU	400	-10,109	-15,930	6,085	1,00	16,86	B	C
NGUYÊN TỬ	2392	CD1	LEU	400	-9,897	-17,411	5,826	1,00	13,64	B	C
NGUYÊN TỬ	2393	CD2	LEU	400	-10,273	-15,166	4,770	1,00	15,30	B	C
NGUYÊN TỬ	2394	C	LEU	400	-13,248	-14,379	7,782	1,00	22,24	B	C
NGUYÊN TỬ	2395	O	LEU	400	-14,267	-14,449	7,092	1,00	23,47	B	O
NGUYÊN TỬ	2396	N	SER	401	-13,284	-14,352	9,108	1,00	22,69	B	N
NGUYÊN TỬ	2397	CA	SER	401	-14,566	-14,401	9,786	1,00	23,81	B	C
NGUYÊN TỬ	2398	CB	SER	401	-14,375	-14,687	11,269	1,00	25,01	B	C
NGUYÊN TỬ	2399	OG	SER	401	-15,532	-15,304	11,804	1,00	25,44	B	O
NGUYÊN TỬ	2400	C	SER	401	-15,288	-13,080	9,596	1,00	23,85	B	C
NGUYÊN TỬ	2401	O	SER	401	-16,508	-13,006	9,696	1,00	23,69	B	O
NGUYÊN TỬ	2402	N	ALA	402	-14,523	-12,035	9,310	1,00	25,13	B	N
NGUYÊN TỬ	2403	CA	ALA	402	-15,106	-10,745	9,016	1,00	25,64	B	C
NGUYÊN TỬ	2404	CB	ALA	402	-14,124	-9,663	9,291	1,00	23,94	B	C
NGUYÊN TỬ	2405	C	ALA	402	-15,531	-10,718	7,560	1,00	28,07	B	C
NGUYÊN TỬ	2406	O	ALA	402	-16,724	-10,730	7,279	1,00	31,96	B	O
NGUYÊN TỬ	2407	N	GLU	403	-14,576	-10,696	6,631	1,00	28,94	B	N
NGUYÊN TỬ	2408	CA	GLU	403	-14,920	-10,756	5,204	1,00	29,12	B	C
NGUYÊN TỬ	2409	CB	GLU	403	-14,104	-9,769	4,382	1,00	29,99	B	C
NGUYÊN TỬ	2410	CG	GLU	403	-13,762	-8,509	5,092	1,00	33,22	B	C
NGUYÊN TỬ	2411	CD	GLU	403	-12,300	-8,220	4,979	1,00	36,14	B	C
NGUYÊN TỬ	2412	OE1	GLU	403	-11,906	-7,640	3,941	1,00	37,63	B	O
NGUYÊN TỬ	2413	OE2	GLU	403	-11,547	-8,584	5,918	1,00	38,88	B	O
NGUYÊN TỬ	2414	C	GLU	403	-14,652	-12,140	4,657	1,00	27,95	B	C
NGUYÊN TỬ	2415	O	GLU	403	-13,554	-12,428	4,180	1,00	26,83	B	O
NGUYÊN TỬ	2416	N	PRO	404	-15,661	-13,015	4,719	1,00	26,86	B	N
NGUYÊN TỬ	2417	CD	PRO	404	-16,921	-12,782	5,442	1,00	25,89	B	C
NGUYÊN TỬ	2418	CA	PRO	404	-15,499	-14,423	4,362	1,00	25,99	B	C
NGUYÊN TỬ	2419	CB	PRO	404	-16,769	-15,073	4,911	1,00	25,93	B	C
NGUYÊN TỬ	2420	CG	PRO	404	-17,237	-14,135	5,983	1,00	25,26	B	C
NGUYÊN TỬ	2421	C	PRO	404	-15,296	-14,682	2,868	1,00	25,55	B	C
NGUYÊN TỬ	2422	O	PRO	404	-14,748	-15,718	2,479	1,00	26,48	B	O
NGUYÊN TỬ	2423	N	GLU	405	-15,727	-13,747	2,029	1,00	25,09	B	N
NGUYÊN TỬ	2424	CA	GLU	405	-15,601	-13,931	0,588	1,00	25,06	B	C
NGUYÊN TỬ	2425	CB	GLU	405	-16,583	-13,020	-0,153	1,00	27,09	B	C
NGUYÊN TỬ	2426	CG	GLU	405	-18,044	-13,438	-0,031	1,00	29,66	B	C
NGUYÊN TỬ	2427	CD	GLU	405	-19,001	-12,496	-0,752	1,00	30,19	B	C
NGUYÊN TỬ	2428	OE1	GLU	405	-20,212	-12,786	-0,767	1,00	31,61	B	O
NGUYÊN TỬ	2429	OE2	GLU	405	-18,553	-11,471	-1,303	1,00	30,56	B	O
NGUYÊN TỬ	2430	C	GLU	405	-14,188	-13,693	0,056	1,00	24,86	B	C

NGUYÊN TỬ	2431	O	GLU	405	-13,948	-13,872	-1,132	1,00	24,99	B	O
NGUYÊN TỬ	2432	N	LEU	406	-13,256	-13,295	0,922	1,00	24,30	B	N
NGUYÊN TỬ	2433	CA	LEU	406	-11,870	-13,043	0,505	1,00	23,76	B	C
NGUYÊN TỬ	2434	CB	LEU	406	-11,000	-12,639	1,701	1,00	21,49	B	C
NGUYÊN TỬ	2435	CG	LEU	406	-11,111	-11,210	2,222	1,00	20,80	B	C
NGUYÊN TỬ	2436	CD1	LEU	406	-10,269	-11,069	3,464	1,00	18,92	B	C
NGUYÊN TỬ	2437	CD2	LEU	406	-10,664	-10,233	1,156	1,00	18,73	B	C
NGUYÊN TỬ	2438	C	LEU	406	-11,234	-14,263	-0,146	1,00	23,84	B	C
NGUYÊN TỬ	2439	O	LEU	406	-11,275	-15,358	0,411	1,00	25,23	B	O
NGUYÊN TỬ	2440	N	THR	407	-10,633	-14,067	-1,315	1,00	23,77	B	N
NGUYÊN TỬ	2441	CA	THR	407	-9,781	-15,087	-1,918	1,00	23,47	B	C
NGUYÊN TỬ	2442	CB	THR	407	-9,533	-14,794	-3,395	1,00	21,81	B	C
NGUYÊN TỬ	2443	OG1	THR	407	-8,682	-13,647	-3,517	1,00	23,22	B	O
NGUYÊN TỬ	2444	CG2	THR	407	-10,827	-14,507	-4,089	1,00	19,79	B	C
NGUYÊN TỬ	2445	C	THR	407	-8,419	-15,138	-1,213	1,00	24,96	B	C
NGUYÊN TỬ	2446	O	THR	407	-8,081	-14,268	-0,399	1,00	26,81	B	O
NGUYÊN TỬ	2447	N	LEU	408	-7,630	-16,154	-1,535	1,00	24,30	B	N
NGUYÊN TỬ	2448	CA	LEU	408	-6,312	-16,292	-0,929	1,00	22,60	B	C
NGUYÊN TỬ	2449	CB	LEU	408	-5,678	-17,616	-1,355	1,00	22,93	B	C
NGUYÊN TỬ	2450	CG	LEU	408	-4,472	-18,043	-0,525	1,00	24,47	B	C
NGUYÊN TỬ	2451	CD1	LEU	408	-4,734	-17,740	0,940	1,00	23,99	B	C
NGUYÊN TỬ	2452	CD2	LEU	408	-4,211	-19,529	-0,732	1,00	25,90	B	C
NGUYÊN TỬ	2453	C	LEU	408	-5,421	-15,131	-1,344	1,00	20,03	B	C
NGUYÊN TỬ	2454	O	LEU	408	-4,552	-14,697	-0,592	1,00	16,95	B	O
NGUYÊN TỬ	2455	N	ALA	409	-5,651	-14,636	-2,553	1,00	19,32	B	N
NGUYÊN TỬ	2456	CA	ALA	409	-4,906	-13,506	-3,065	1,00	19,43	B	C
NGUYÊN TỬ	2457	CB	ALA	409	-5,280	-13,249	-4,499	1,00	20,13	B	C
NGUYÊN TỬ	2458	C	ALA	409	-5,248	-12,301	-2,220	1,00	20,61	B	C
NGUYÊN TỬ	2459	O	ALA	409	-4,368	-11,579	-1,750	1,00	20,75	B	O
NGUYÊN TỬ	2460	N	GLU	410	-6,540	-12,092	-2,012	1,00	21,62	B	N
NGUYÊN TỬ	2461	CA	GLU	410	-6,976	-10,967	-1,212	1,00	22,93	B	C
NGUYÊN TỬ	2462	CB	GLU	410	-8,480	-10,800	-1,324	1,00	25,38	B	C
NGUYÊN TỬ	2463	CG	GLU	410	-8,903	-10,285	-2,661	1,00	30,96	B	C
NGUYÊN TỬ	2464	CD	GLU	410	-10,208	-10,888	-3,125	1,00	34,21	B	C
NGUYÊN TỬ	2465	OE1	GLU	410	-10,441	-10,877	-4,355	1,00	37,17	B	O
NGUYÊN TỬ	2466	OE2	GLU	410	-10,993	-11,371	-2,269	1,00	35,26	B	O
NGUYÊN TỬ	2467	C	GLU	410	-6,583	-11,119	0,247	1,00	22,94	B	C
NGUYÊN TỬ	2468	O	GLU	410	-6,332	-10,128	0,925	1,00	23,23	B	O
NGUYÊN TỬ	2469	N	LEU	411	-6,532	-12,352	0,738	1,00	22,70	B	N
NGUYÊN TỬ	2470	CA	LEU	411	-6,175	-12,552	2,129	1,00	22,90	B	C
NGUYÊN TỬ	2471	CB	LEU	411	-6,387	-13,998	2,542	1,00	20,63	B	C
NGUYÊN TỬ	2472	CG	LEU	411	-5,995	-14,204	4,009	1,00	20,39	B	C
NGUYÊN TỬ	2473	CD1	LEU	411	-6,881	-13,338	4,906	1,00	17,47	B	C
NGUYÊN TỬ	2474	CD2	LEU	411	-6,123	-15,670	4,375	1,00	18,76	B	C
NGUYÊN TỬ	2475	C	LEU	411	-4,722	-12,174	2,373	1,00	24,89	B	C
NGUYÊN TỬ	2476	O	LEU	411	-4,369	-11,657	3,438	1,00	24,07	B	O
NGUYÊN TỬ	2477	N	ARG	412	-3,877	-12,438	1,383	1,00	27,02	B	N
NGUYÊN TỬ	2478	CA	ARG	412	-2,471	-12,099	1,496	1,00	29,77	B	C
NGUYÊN TỬ	2479	CB	ARG	412	-1,683	-12,716	0,354	1,00	30,56	B	C
NGUYÊN TỬ	2480	CG	ARG	412	-1,384	-14,172	0,527	1,00	32,41	B	C
NGUYÊN TỬ	2481	CD	ARG	412	-0,517	-14,632	-0,620	1,00	36,01	B	C
NGUYÊN TỬ	2482	NE	ARG	412	0,598	-15,444	-0,152	1,00	38,01	B	N
NGUYÊN TỬ	2483	CZ	ARG	412	0,587	-16,768	-0,136	1,00	38,92	B	C
NGUYÊN TỬ	2484	NH1	ARG	412	1,643	-17,437	0,308	1,00	38,83	B	N
NGUYÊN TỬ	2485	NH2	ARG	412	-0,485	-17,418	-0,569	1,00	38,86	B	N
NGUYÊN TỬ	2486	C	ARG	412	-2,327	-10,599	1,436	1,00	30,73	B	C
NGUYÊN TỬ	2487	O	ARG	412	-1,628	-9,994	2,248	1,00	30,38	B	O
NGUYÊN TỬ	2488	N	GLN	413	-3,004	-10,005	0,461	1,00	33,11	B	N
NGUYÊN TỬ	2489	CA	GLN	413	-2,895	-8,581	0,221	1,00	35,39	B	C
NGUYÊN TỬ	2490	CB	GLN	413	-3,779	-8,176	-0,948	1,00	38,60	B	C
NGUYÊN TỬ	2491	CG	GLN	413	-3,344	-6,875	-1,596	1,00	45,86	B	C
NGUYÊN TỬ	2492	CD	GLN	413	-1,860	-6,872	-1,965	1,00	49,77	B	C
NGUYÊN TỬ	2493	OE1	GLN	413	-1,485	-7,150	-3,115	1,00	52,54	B	O
NGUYÊN TỬ	2494	NE2	GLN	413	-1,008	-6,552	-0,989	1,00	49,77	B	N
NGUYÊN TỬ	2495	C	GLN	413	-3,301	-7,805	1,456	1,00	35,24	B	C
NGUYÊN TỬ	2496	O	GLN	413	-2,824	-6,696	1,682	1,00	36,49	B	O
NGUYÊN TỬ	2497	N	ARG	414	-4,175	-8,405	2,256	1,00	35,12	B	N
NGUYÊN TỬ	2498	CA	ARG	414	-4,643	-7,806	3,500	1,00	34,96	B	C
NGUYÊN TỬ	2499	CB	ARG	414	-5,975	-8,422	3,901	1,00	36,59	B	C
NGUYÊN TỬ	2500	CG	ARG	414	-7,128	-7,989	3,043	1,00	39,95	B	C
NGUYÊN TỬ	2501	CD	ARG	414	-8,229	-7,397	3,892	1,00	42,16	B	C
NGUYÊN TỬ	2502	NE	ARG	414	-9,264	-6,704	3,125	1,00	44,38	B	N
NGUYÊN TỬ	2503	CZ	ARG	414	-9,560	-6,929	1,846	1,00	46,36	B	C
NGUYÊN TỬ	2504	NH1	ARG	414	-8,904	-7,835	1,136	1,00	48,71	B	N
NGUYÊN TỬ	2505	NH2	ARG	414	-10,541	-6,251	1,274	1,00	47,81	B	N
NGUYÊN TỬ	2506	C	ARG	414	-3,657	-7,972	4,646	1,00	34,00	B	C

NGUYÊN TỬ	2507	O	ARG	414	-3,252	-6,992	5,270	1,00	34,78	B	O
NGUYÊN TỬ	2508	N	LEU	415	-3,278	-9,211	4,931	1,00	32,40	B	N
NGUYÊN TỬ	2509	CA	LEU	415	-2,233	-9,466	5,912	1,00	31,47	B	C
NGUYÊN TỬ	2510	CB	LEU	415	-1,689	-10,873	5,748	1,00	31,21	B	C
NGUYÊN TỬ	2511	CG	LEU	415	-2,574	-11,951	6,346	1,00	31,92	B	C
NGUYÊN TỬ	2512	CD1	LEU	415	-2,230	-13,274	5,697	1,00	33,02	B	C
NGUYÊN TỬ	2513	CD2	LEU	415	-2,395	-11,990	7,862	1,00	30,21	B	C
NGUYÊN TỬ	2514	C	LEU	415	-1,091	-8,479	5,750	1,00	31,04	B	C
NGUYÊN TỬ	2515	O	LEU	415	-0,679	-7,823	6,711	1,00	31,86	B	O
NGUYÊN TỬ	2516	N	ILE	416	-0,580	-8,380	4,530	1,00	29,96	B	N
NGUYÊN TỬ	2517	CA	ILE	416	0,423	-7,378	4,230	1,00	30,82	B	C
NGUYÊN TỬ	2518	CB	ILE	416	0,655	-7,241	2,716	1,00	30,83	B	C
NGUYÊN TỬ	2519	CG2	ILE	416	1,444	-5,977	2,434	1,00	29,81	B	C
NGUYÊN TỬ	2520	CG1	ILE	416	1,374	-8,480	2,178	1,00	29,19	B	C
NGUYÊN TỬ	2521	CD1	ILE	416	1,488	-8,503	0,678	1,00	25,78	B	C
NGUYÊN TỬ	2522	C	ILE	416	-0,046	-6,031	4,743	1,00	30,89	B	C
NGUYÊN TỬ	2523	O	ILE	416	0,545	-5,459	5,663	1,00	31,33	B	O
NGUYÊN TỬ	2524	N	HIS	417	-1,130	-5,548	4,145	1,00	31,24	B	N
NGUYÊN TỬ	2525	CA	HIS	417	-1,556	-4,166	4,300	1,00	30,14	B	C
NGUYÊN TỬ	2526	CB	HIS	417	-2,812	-3,907	3,469	1,00	30,66	B	C
NGUYÊN TỬ	2527	CG	HIS	417	-3,393	-2,548	3,679	1,00	32,44	B	C
NGUYÊN TỬ	2528	CD2	HIS	417	-2,908	-1,318	3,388	1,00	33,19	B	C
NGUYÊN TỬ	2529	ND1	HIS	417	-4,597	-2,345	4,319	1,00	31,59	B	N
NGUYÊN TỬ	2530	CE1	HIS	417	-4,828	-1,048	4,417	1,00	32,26	B	C
NGUYÊN TỬ	2531	NE2	HIS	417	-3,818	-0,403	3,860	1,00	33,69	B	N
NGUYÊN TỬ	2532	C	HIS	417	-1,811	-3,789	5,750	1,00	29,15	B	C
NGUYÊN TỬ	2533	O	HIS	417	-1,646	-2,629	6,122	1,00	29,16	B	O
NGUYÊN TỬ	2534	N	PHE	418	-2,210	-4,761	6,568	1,00	27,70	B	N
NGUYÊN TỬ	2535	CA	PHE	418	-2,394	-4,512	7,992	1,00	27,83	B	C
NGUYÊN TỬ	2536	CB	PHE	418	-3,595	-5,285	8,534	1,00	28,70	B	C
NGUYÊN TỬ	2537	CG	PHE	418	-4,895	-4,754	8,058	1,00	29,85	B	C
NGUYÊN TỬ	2538	CD1	PHE	418	-5,677	-5,485	7,185	1,00	29,88	B	C
NGUYÊN TỬ	2539	CD2	PHE	418	-5,285	-3,473	8,393	1,00	30,40	B	C
NGUYÊN TỬ	2540	CE1	PHE	418	-6,822	-4,945	6,651	1,00	29,59	B	C
NGUYÊN TỬ	2541	CE2	PHE	418	-6,426	-2,929	7,863	1,00	31,18	B	C
NGUYÊN TỬ	2542	CZ	PHE	418	-7,195	-3,661	6,986	1,00	30,31	B	C
NGUYÊN TỬ	2543	C	PHE	418	-1,164	-4,884	8,777	1,00	27,12	B	C
NGUYÊN TỬ	2544	O	PHE	418	-1,177	-4,895	10,005	1,00	26,90	B	O
NGUYÊN TỬ	2545	N	SER	419	-0,094	-5,201	8,070	1,00	26,74	B	N
NGUYÊN TỬ	2546	CA	SER	419	1,154	-5,463	8,748	1,00	26,69	B	C
NGUYÊN TỬ	2547	CB	SER	419	2,006	-6,431	7,933	1,00	25,86	B	C
NGUYÊN TỬ	2548	OG	SER	419	1,593	-7,759	8,188	1,00	25,35	B	O
NGUYÊN TỬ	2549	C	SER	419	1,905	-4,165	8,983	1,00	26,68	B	C
NGUYÊN TỬ	2550	O	SER	419	1,879	-3,262	8,144	1,00	26,77	B	O
NGUYÊN TỬ	2551	N	ALA	420	2,544	-4,079	10,147	1,00	25,25	B	N
NGUYÊN TỬ	2552	CA	ALA	420	3,554	-3,072	10,412	1,00	24,13	B	C
NGUYÊN TỬ	2553	CB	ALA	420	4,069	-3,215	11,816	1,00	24,79	B	C
NGUYÊN TỬ	2554	C	ALA	420	4,675	-3,321	9,439	1,00	24,87	B	C
NGUYÊN TỬ	2555	O	ALA	420	5,089	-4,466	9,238	1,00	26,34	B	O
NGUYÊN TỬ	2556	N	LYS	421	5,172	-2,252	8,838	1,00	24,32	B	N
NGUYÊN TỬ	2557	CA	LYS	421	6,132	-2,383	7,760	1,00	25,67	B	C
NGUYÊN TỬ	2558	CB	LYS	421	5,557	-1,747	6,497	1,00	23,67	B	C
NGUYÊN TỬ	2559	CG	LYS	421	4,124	-2,161	6,249	1,00	23,87	B	C
NGUYÊN TỬ	2560	CD	LYS	421	3,716	-2,007	4,797	1,00	23,84	B	C
NGUYÊN TỬ	2561	CE	LYS	421	2,331	-2,614	4,550	1,00	23,52	B	C
NGUYÊN TỬ	2562	NZ	LYS	421	1,363	-2,280	5,638	1,00	22,85	B	N
NGUYÊN TỬ	2563	C	LYS	421	7,468	-1,743	8,125	1,00	27,41	B	C
NGUYÊN TỬ	2564	O	LYS	421	7,510	-0,712	8,798	1,00	28,11	B	O
NGUYÊN TỬ	2565	N	ASP	422	8,562	-2,361	7,691	1,00	28,06	B	N
NGUYÊN TỬ	2566	CA	ASP	422	9,873	-1,745	7,844	1,00	27,60	B	C
NGUYÊN TỬ	2567	CB	ASP	422	9,974	-0,503	6,955	1,00	26,92	B	C
NGUYÊN TỬ	2568	CG	ASP	422	10,080	-0,856	5,489	1,00	28,56	B	C
NGUYÊN TỬ	2569	OD1	ASP	422	10,866	-1,768	5,161	1,00	28,83	B	O
NGUYÊN TỬ	2570	OD2	ASP	422	9,381	-0,234	4,663	1,00	29,17	B	O
NGUYÊN TỬ	2571	C	ASP	422	10,124	-1,368	9,296	1,00	26,84	B	C
NGUYÊN TỬ	2572	O	ASP	422	10,463	-0,227	9,607	1,00	26,44	B	O
NGUYÊN TỬ	2573	N	VAL	423	9,944	-2,335	10,182	1,00	25,89	B	N
NGUYÊN TỬ	2574	CA	VAL	423	10,146	-2,100	11,599	1,00	26,20	B	C
NGUYÊN TỬ	2575	CB	VAL	423	8,831	-2,292	12,396	1,00	27,67	B	C
NGUYÊN TỬ	2576	CG1	VAL	423	7,775	-1,320	11,900	1,00	27,74	B	C
NGUYÊN TỬ	2577	CG2	VAL	423	8,331	-3,723	12,240	1,00	28,31	B	C
NGUYÊN TỬ	2578	C	VAL	423	11,158	-3,110	12,075	1,00	25,50	B	C
NGUYÊN TỬ	2579	O	VAL	423	11,697	-3,006	13,168	1,00	25,97	B	O
NGUYÊN TỬ	2580	N	ILE	424	11,415	-4,101	11,239	1,00	25,87	B	N
NGUYÊN TỬ	2581	CA	ILE	424	12,307	-5,171	11,630	1,00	26,65	B	C
NGUYÊN TỬ	2582	CB	ILE	424	11,960	-6,471	10,893	1,00	26,26	B	C

NGUYÊN TỬ	2583	CG2	ILE	424	12,495	-7,652	11,674	1,00	27,62	B	C
NGUYÊN TỬ	2584	CG1	ILE	424	10,446	-6,635	10,784	1,00	27,06	B	C
NGUYÊN TỬ	2585	CD1	ILE	424	10,016	-7,957	10,169	1,00	26,12	B	C
NGUYÊN TỬ	2586	C	ILE	424	13,759	-4,800	11,329	1,00	27,01	B	C
NGUYÊN TỬ	2587	O	ILE	424	14,072	-4,233	10,274	1,00	26,17	B	O
NGUYÊN TỬ	2588	N	ASN	425	14,642	-5,128	12,268	1,00	28,05	B	N
NGUYÊN TỬ	2589	CA	ASN	425	16,065	-4,869	12,107	1,00	29,38	B	C
NGUYÊN TỬ	2590	CB	ASN	425	16,741	-4,831	13,475	1,00	31,69	B	C
NGUYÊN TỬ	2591	CG	ASN	425	18,215	-4,485	13,385	1,00	34,14	B	C
NGUYÊN TỬ	2592	OD1	ASN	425	18,782	-4,397	12,292	1,00	35,11	B	O
NGUYÊN TỬ	2593	ND2	ASN	425	18,846	-4,287	14,538	1,00	34,72	B	N
NGUYÊN TỬ	2594	C	ASN	425	16,729	-5,933	11,241	1,00	28,62	B	C
NGUYÊN TỬ	2595	O	ASN	425	16,973	-7,045	11,697	1,00	29,23	B	O
NGUYÊN TỬ	2596	N	GLU	426	17,038	-5,576	10,001	1,00	28,49	B	N
NGUYÊN TỬ	2597	CA	GLU	426	17,513	-6,536	9,015	1,00	29,63	B	C
NGUYÊN TỬ	2598	CB	GLU	426	17,266	-5,985	7,624	1,00	31,63	B	C
NGUYÊN TỬ	2599	CG	GLU	426	15,815	-5,841	7,266	1,00	35,09	B	C
NGUYÊN TỬ	2600	CD	GLU	426	15,653	-5,209	5,905	1,00	38,74	B	C
NGUYÊN TỬ	2601	OE1	GLU	426	14,584	-5,376	5,271	1,00	41,88	B	O
NGUYÊN TỬ	2602	OE2	GLU	426	16,615	-4,541	5,466	1,00	40,95	B	O
NGUYÊN TỬ	2603	C	GLU	426	18,991	-6,913	9,148	1,00	29,25	B	C
NGUYÊN TỬ	2604	O	GLU	426	19,488	-7,779	8,432	1,00	28,10	B	O
NGUYÊN TỬ	2605	N	ALA	427	19,688	-6,258	10,065	1,00	30,10	B	N
NGUYÊN TỬ	2606	CA	ALA	427	21,111	-6,486	10,263	1,00	29,38	B	C
NGUYÊN TỬ	2607	CB	ALA	427	21,607	-5,637	11,417	1,00	28,99	B	C
NGUYÊN TỬ	2608	C	ALA	427	21,426	-7,947	10,525	1,00	29,94	B	C
NGUYÊN TỬ	2609	O	ALA	427	22,500	-8,422	10,165	1,00	29,35	B	O
NGUYÊN TỬ	2610	N	TRP	428	20,497	-8,661	11,153	1,00	31,00	B	N
NGUYÊN TỬ	2611	CA	TRP	428	20,745	-10,045	11,540	1,00	31,86	B	C
NGUYÊN TỬ	2612	CB	TRP	428	19,724	-10,484	12,597	1,00	34,20	B	C
NGUYÊN TỬ	2613	CG	TRP	428	20,016	-11,842	13,223	1,00	37,61	B	C
NGUYÊN TỬ	2614	CD2	TRP	428	19,340	-13,084	12,952	1,00	39,01	B	C
NGUYÊN TỬ	2615	CE2	TRP	428	19,939	-14,073	13,767	1,00	40,16	B	C
NGUYÊN TỬ	2616	CE3	TRP	428	18,287	-13,452	12,106	1,00	38,02	B	C
NGUYÊN TỬ	2617	CD1	TRP	428	20,973	-12,129	14,161	1,00	38,36	B	C
NGUYÊN TỬ	2618	NE1	TRP	428	20,932	-13,467	14,491	1,00	38,65	B	N
NGUYÊN TỬ	2619	CZ2	TRP	428	19,521	-15,409	13,750	1,00	40,19	B	C
NGUYÊN TỬ	2620	CZ3	TRP	428	17,875	-14,776	12,092	1,00	38,79	B	C
NGUYÊN TỬ	2621	CH2	TRP	428	18,487	-15,737	12,911	1,00	39,60	B	C
NGUYÊN TỬ	2622	C	TRP	428	20,731	-11,020	10,353	1,00	31,48	B	C
NGUYÊN TỬ	2623	O	TRP	428	21,473	-12,003	10,346	1,00	31,38	B	O
NGUYÊN TỬ	2624	N	PHE	429	19,898	-10,763	9,348	1,00	31,09	B	N
NGUYÊN TỬ	2625	CA	PHE	429	19,884	-11,621	8,167	1,00	31,73	B	C
NGUYÊN TỬ	2626	CB	PHE	429	18,752	-11,254	7,220	1,00	31,93	B	C
NGUYÊN TỬ	2627	CG	PHE	429	17,416	-11,186	7,876	1,00	33,61	B	C
NGUYÊN TỬ	2628	CD1	PHE	429	16,565	-10,120	7,621	1,00	32,81	B	C
NGUYÊN TỬ	2629	CD2	PHE	429	17,011	-12,182	8,753	1,00	31,99	B	C
NGUYÊN TỬ	2630	CE1	PHE	429	15,341	-10,047	8,233	1,00	33,79	B	C
NGUYÊN TỬ	2631	CE2	PHE	429	15,789	-12,116	9,367	1,00	32,86	B	C
NGUYÊN TỬ	2632	CZ	PHE	429	14,946	-11,046	9,108	1,00	33,20	B	C
NGUYÊN TỬ	2633	C	PHE	429	21,179	-11,428	7,421	1,00	33,05	B	C
NGUYÊN TỬ	2634	O	PHE	429	21,792	-10,366	7,504	1,00	34,48	B	O
NGUYÊN TỬ	2635	N	PRO	430	21,610	-12,444	6,662	1,00	33,68	B	N
NGUYÊN TỬ	2636	CD	PRO	430	21,130	-13,829	6,543	1,00	34,28	B	C
NGUYÊN TỬ	2637	CA	PRO	430	22,700	-12,155	5,736	1,00	34,21	B	C
NGUYÊN TỬ	2638	CB	PRO	430	22,977	-13,501	5,066	1,00	33,97	B	C
NGUYÊN TỬ	2639	CG	PRO	430	21,737	-14,282	5,249	1,00	34,13	B	C
NGUYÊN TỬ	2640	C	PRO	430	22,294	-11,058	4,750	1,00	35,03	B	C
NGUYÊN TỬ	2641	O	PRO	430	21,112	-10,832	4,497	1,00	35,24	B	O
NGUYÊN TỬ	2642	N	GLU	431	23,293	-10,368	4,214	1,00	36,46	B	N
NGUYÊN TỬ	2643	CA	GLU	431	23,079	-9,141	3,475	1,00	36,94	B	C
NGUYÊN TỬ	2644	CB	GLU	431	24,409	-8,645	2,928	1,00	38,04	B	C
NGUYÊN TỬ	2645	CG	GLU	431	25,515	-8,637	3,950	1,00	39,87	B	C
NGUYÊN TỬ	2646	CD	GLU	431	26,828	-8,187	3,358	1,00	42,43	B	C
NGUYÊN TỬ	2647	OE1	GLU	431	26,842	-7,845	2,152	1,00	42,43	B	O
NGUYÊN TỬ	2648	OE2	GLU	431	27,842	-8,171	4,098	1,00	43,52	B	O
NGUYÊN TỬ	2649	C	GLU	431	22,125	-9,374	2,328	1,00	37,62	B	C
NGUYÊN TỬ	2650	O	GLU	431	21,094	-8,710	2,205	1,00	38,50	B	O
NGUYÊN TỬ	2651	N	ASP	432	22,478	-10,327	1,482	1,00	37,53	B	N
NGUYÊN TỬ	2652	CA	ASP	432	21,711	-10,562	0,280	1,00	37,71	B	C
NGUYÊN TỬ	2653	CB	ASP	432	22,396	-11,627	-0,560	1,00	41,08	B	C
NGUYÊN TỬ	2654	CG	ASP	432	23,813	-11,258	-0,898	1,00	43,17	B	C
NGUYÊN TỬ	2655	OD1	ASP	432	24,061	-10,058	-1,146	1,00	45,66	B	O
NGUYÊN TỬ	2656	OD2	ASP	432	24,675	-12,159	-0,909	1,00	44,70	B	O
NGUYÊN TỬ	2657	C	ASP	432	20,290	-10,982	0,598	1,00	35,78	B	C
NGUYÊN TỬ	2658	O	ASP	432	19,410	-10,932	-0,264	1,00	37,15	B	O

NGUYÊN TỬ	2659	N	GLN	433	20,060	-11,395	1,835	1,00	32,85	B	N
NGUYÊN TỬ	2660	CA	GLN	433	18,749	-11,887	2,205	1,00	31,54	B	C
NGUYÊN TỬ	2661	CB	GLN	433	18,879	-12,932	3,305	1,00	29,75	B	C
NGUYÊN TỬ	2662	CG	GLN	433	19,423	-14,245	2,794	1,00	28,29	B	C
NGUYÊN TỬ	2663	CD	GLN	433	18,459	-14,955	1,850	1,00	26,47	B	C
NGUYÊN TỬ	2664	OE1	GLN	433	18,828	-15,919	1,184	1,00	24,27	B	O
NGUYÊN TỬ	2665	NE2	GLN	433	17,221	-14,481	1,794	1,00	26,30	B	N
NGUYÊN TỬ	2666	C	GLN	433	17,823	-10,769	2,645	1,00	31,04	B	C
NGUYÊN TỬ	2667	O	GLN	433	16,623	-10,974	2,805	1,00	32,65	B	O
NGUYÊN TỬ	2668	N	ARG	434	18,373	-9,576	2,819	1,00	30,10	B	N
NGUYÊN TỬ	2669	CA	ARG	434	17,588	-8,474	3,343	1,00	28,71	B	C
NGUYÊN TỬ	2670	CB	ARG	434	18,518	-7,369	3,845	1,00	29,04	B	C
NGUYÊN TỬ	2671	CG	ARG	434	19,390	-7,826	5,012	1,00	28,41	B	C
NGUYÊN TỬ	2672	CD	ARG	434	20,174	-6,695	5,646	1,00	26,84	B	C
NGUYÊN TỬ	2673	NE	ARG	434	21,266	-7,222	6,459	1,00	27,43	B	N
NGUYÊN TỬ	2674	CZ	ARG	434	22,538	-6,869	6,315	1,00	25,70	B	C
NGUYÊN TỬ	2675	NH1	ARG	434	23,473	-7,399	7,088	1,00	23,11	B	N
NGUYÊN TỬ	2676	NH2	ARG	434	22,869	-5,978	5,398	1,00	25,28	B	N
NGUYÊN TỬ	2677	C	ARG	434	16,569	-7,912	2,361	1,00	27,60	B	C
NGUYÊN TỬ	2678	O	ARG	434	15,431	-7,664	2,747	1,00	27,25	B	O
NGUYÊN TỬ	2679	N	VAL	435	16,951	-7,711	1,101	1,00	27,74	B	N
NGUYÊN TỬ	2680	CA	VAL	435	15,975	-7,213	0,128	1,00	27,86	B	C
NGUYÊN TỬ	2681	CB	VAL	435	16,599	-6,710	-1,199	1,00	26,45	B	C
NGUYÊN TỬ	2682	CG1	VAL	435	17,515	-5,547	-0,943	1,00	27,10	B	C
NGUYÊN TỬ	2683	CG2	VAL	435	17,315	-7,832	-1,890	1,00	27,00	B	C
NGUYÊN TỬ	2684	C	VAL	435	14,992	-8,302	-0,237	1,00	28,30	B	C
NGUYÊN TỬ	2685	O	VAL	435	13,890	-8,011	-0,709	1,00	30,16	B	O
NGUYÊN TỬ	2686	N	LEU	436	15,389	-9,554	-0,022	1,00	27,85	B	N
NGUYÊN TỬ	2687	CA	LEU	436	14,511	-10,686	-0,307	1,00	27,26	B	C
NGUYÊN TỬ	2688	CB	LEU	436	15,312	-11,975	-0,467	1,00	27,16	B	C
NGUYÊN TỬ	2689	CG	LEU	436	16,446	-12,004	-1,478	1,00	25,55	B	C
NGUYÊN TỬ	2690	CD1	LEU	436	16,995	-13,421	-1,511	1,00	24,68	B	C
NGUYÊN TỬ	2691	CD2	LEU	436	15,952	-11,565	-2,849	1,00	22,51	B	C
NGUYÊN TỬ	2692	C	LEU	436	13,500	-10,894	0,808	1,00	27,27	B	C
NGUYÊN TỬ	2693	O	LEU	436	12,351	-11,262	0,551	1,00	28,79	B	O
NGUYÊN TỬ	2694	N	THR	437	13,936	-10,675	2,046	1,00	25,82	B	N
NGUYÊN TỬ	2695	CA	THR	437	13,075	-10,904	3,199	1,00	23,86	B	C
NGUYÊN TỬ	2696	CB	THR	437	13,887	-11,073	4,494	1,00	23,41	B	C
NGUYÊN TỬ	2697	OG1	THR	437	14,782	-12,185	4,362	1,00	23,12	B	O
NGUYÊN TỬ	2698	CG2	THR	437	12,949	-11,313	5,668	1,00	22,10	B	C
NGUYÊN TỬ	2699	C	THR	437	12,090	-9,759	3,397	1,00	22,78	B	C
NGUYÊN TỬ	2700	O	THR	437	12,464	-8,589	3,392	1,00	22,51	B	O
NGUYÊN TỬ	2701	N	PRO	438	10,807	-10,095	3,566	1,00	23,25	B	N
NGUYÊN TỬ	2702	CD	PRO	438	10,282	-11,469	3,511	1,00	24,11	B	C
NGUYÊN TỬ	2703	CA	PRO	438	9,731	-9,118	3,742	1,00	22,75	B	C
NGUYÊN TỬ	2704	CB	PRO	438	8,453	-9,957	3,639	1,00	23,28	B	C
NGUYÊN TỬ	2705	CG	PRO	438	8,880	-11,258	3,049	1,00	23,27	B	C
NGUYÊN TỬ	2706	C	PRO	438	9,847	-8,448	5,099	1,00	21,97	B	C
NGUYÊN TỬ	2707	O	PRO	438	9,940	-9,124	6,125	1,00	19,45	B	O
NGUYÊN TỬ	2708	N	ASN	439	9,837	-7,121	5,103	1,00	22,81	B	N
NGUYÊN TỬ	2709	CA	ASN	439	9,866	-6,388	6,353	1,00	23,40	B	C
NGUYÊN TỬ	2710	CB	ASN	439	10,627	-5,085	6,168	1,00	23,33	B	C
NGUYÊN TỬ	2711	CG	ASN	439	11,355	-4,657	7,424	1,00	25,22	B	C
NGUYÊN TỬ	2712	OD1	ASN	439	10,869	-4,854	8,538	1,00	26,16	B	O
NGUYÊN TỬ	2713	ND2	ASN	439	12,533	-4,066	7,252	1,00	24,91	B	N
NGUYÊN TỬ	2714	C	ASN	439	8,434	-6,118	6,820	1,00	24,31	B	C
NGUYÊN TỬ	2715	O	ASN	439	7,949	-4,983	6,781	1,00	25,14	B	O
NGUYÊN TỬ	2716	N	LEU	440	7,771	-7,186	7,256	1,00	24,30	B	N
NGUYÊN TỬ	2717	CA	LEU	440	6,378	-7,145	7,690	1,00	25,09	B	C
NGUYÊN TỬ	2718	CB	LEU	440	5,470	-7,703	6,589	1,00	23,69	B	C
NGUYÊN TỬ	2719	CG	LEU	440	5,503	-6,977	5,247	1,00	24,08	B	C
NGUYÊN TỬ	2720	CD1	LEU	440	4,757	-7,796	4,220	1,00	21,26	B	C
NGUYÊN TỬ	2721	CD2	LEU	440	4,883	-5,584	5,401	1,00	23,50	B	C
NGUYÊN TỬ	2722	C	LEU	440	6,163	-7,965	8,966	1,00	25,32	B	C
NGUYÊN TỬ	2723	O	LEU	440	6,447	-9,164	9,007	1,00	24,66	B	O
NGUYÊN TỬ	2724	N	VAL	441	5,647	-7,323	10,006	1,00	25,82	B	N
NGUYÊN TỬ	2725	CA	VAL	441	5,096	-8,067	11,128	1,00	25,14	B	C
NGUYÊN TỬ	2726	CB	VAL	441	5,633	-7,548	12,479	1,00	23,66	B	C
NGUYÊN TỬ	2727	CG1	VAL	441	5,249	-8,500	13,580	1,00	21,33	B	C
NGUYÊN TỬ	2728	CG2	VAL	441	7,139	-7,385	12,421	1,00	23,17	B	C
NGUYÊN TỬ	2729	C	VAL	441	3,581	-7,889	11,083	1,00	26,87	B	C
NGUYÊN TỬ	2730	O	VAL	441	3,078	-6,806	10,773	1,00	28,65	B	O
NGUYÊN TỬ	2731	N	ALA	442	2,851	-8,953	11,384	1,00	26,88	B	N
NGUYÊN TỬ	2732	CA	ALA	442	1,415	-8,952	11,179	1,00	27,49	B	C
NGUYÊN TỬ	2733	CB	ALA	442	0,938	-10,369	10,972	1,00	27,84	B	C
NGUYÊN TỬ	2734	C	ALA	442	0,648	-8,313	12,329	1,00	28,01	B	C

NGUYÊN TỬ	2735	O	ALA	442	0,863	-8,649	13,490	1,00	27,44	B	O
NGUYÊN TỬ	2736	N	ALA	443	-0,260	-7,399	11,996	1,00	29,53	B	N
NGUYÊN TỬ	2737	CA	ALA	443	-1,259	-6,929	12,950	1,00	29,76	B	C
NGUYÊN TỬ	2738	CB	ALA	443	-1,135	-5,433	13,149	1,00	28,70	B	C
NGUYÊN TỬ	2739	C	ALA	443	-2,662	-7,265	12,467	1,00	30,98	B	C
NGUYÊN TỬ	2740	O	ALA	443	-2,873	-7,532	11,282	1,00	30,38	B	O
NGUYÊN TỬ	2741	N	LEU	444	-3,610	-7,253	13,402	1,00	32,91	B	N
NGUYÊN TỬ	2742	CA	LEU	444	-5,037	-7,307	13,095	1,00	33,56	B	C
NGUYÊN TỬ	2743	CB	LEU	444	-5,841	-7,636	14,348	1,00	29,03	B	C
NGUYÊN TỬ	2744	CG	LEU	444	-5,624	-8,983	15,021	1,00	26,74	B	C
NGUYÊN TỬ	2745	CD1	LEU	444	-6,078	-8,902	16,462	1,00	24,31	B	C
NGUYÊN TỬ	2746	CD2	LEU	444	-6,383	-10,061	14,269	1,00	25,72	B	C
NGUYÊN TỬ	2747	C	LEU	444	-5,503	-5,958	12,565	1,00	37,13	B	C
NGUYÊN TỬ	2748	O	LEU	444	-4,915	-4,914	12,869	1,00	36,31	B	O
NGUYÊN TỬ	2749	N	PRO	445	-6,578	-5,967	11,766	1,00	40,64	B	N
NGUYÊN TỬ	2750	CD	PRO	445	-7,291	-7,151	11,267	1,00	40,97	B	C
NGUYÊN TỬ	2751	CA	PRO	445	-7,138	-4,733	11,216	1,00	43,51	B	C
NGUYÊN TỬ	2752	CB	PRO	445	-8,215	-5,217	10,252	1,00	41,99	B	C
NGUYÊN TỬ	2753	CG	PRO	445	-7,890	-6,645	9,998	1,00	41,69	B	C
NGUYÊN TỬ	2754	C	PRO	445	-7,727	-3,918	12,343	1,00	47,02	B	C
NGUYÊN TỬ	2755	O	PRO	445	-8,502	-4,429	13,149	1,00	47,30	B	O
NGUYÊN TỬ	2756	N	PRO	446	-7,357	-2,637	12,422	1,00	50,39	B	N
NGUYÊN TỬ	2757	CD	PRO	446	-6,431	-1,908	11,538	1,00	52,20	B	C
NGUYÊN TỬ	2758	CA	PRO	446	-7,984	-1,768	13,418	1,00	52,13	B	C
NGUYÊN TỬ	2759	CB	PRO	446	-7,269	-0,429	13,234	1,00	52,77	B	C
NGUYÊN TỬ	2760	CG	PRO	446	-6,736	-0,467	11,833	1,00	53,26	B	C
NGUYÊN TỬ	2761	C	PRO	446	-9,471	-1,691	13,117	1,00	52,85	B	C
NGUYÊN TỬ	2762	O	PRO	446	-10,279	-1,732	14,075	1,00	53,37	B	O
NGUYÊN TỬ	2763	OXT	PRO	446	-9,793	-1,603	11,911	1,00	53,26	B	O
TER	2764		PRO	446						B	
NGUYÊN TỬ	2765	CB	THR	294	-8,672	-12,634	38,449	1,00	44,50	EGFA	C
NGUYÊN TỬ	2766	OG1	THR	294	-8,921	-13,914	39,043	1,00	46,09	EGFA	O
NGUYÊN TỬ	2767	CG2	THR	294	-9,367	-12,555	37,098	1,00	44,95	EGFA	C
NGUYÊN TỬ	2768	C	THR	294	-6,483	-13,598	37,580	1,00	42,73	EGFA	C
NGUYÊN TỬ	2769	O	THR	294	-6,465	-14,703	38,105	1,00	42,87	EGFA	O
NGUYÊN TỬ	2770	N	THR	294	-6,854	-11,126	37,620	1,00	43,75	EGFA	N
NGUYÊN TỬ	2771	CA	THR	294	-7,135	-12,410	38,303	1,00	43,33	EGFA	C
NGUYÊN TỬ	2772	N	ASN	295	-5,945	-13,381	36,380	1,00	40,79	EGFA	N
NGUYÊN TỬ	2773	CA	ASN	295	-5,062	-14,384	35,774	1,00	38,54	EGFA	C
NGUYÊN TỬ	2774	CB	ASN	295	-5,516	-14,783	34,369	1,00	38,56	EGFA	C
NGUYÊN TỬ	2775	CG	ASN	295	-4,655	-15,897	33,767	1,00	38,98	EGFA	C
NGUYÊN TỬ	2776	OD1	ASN	295	-3,455	-15,979	34,023	1,00	39,16	EGFA	O
NGUYÊN TỬ	2777	ND2	ASN	295	-5,271	-16,757	32,961	1,00	39,03	EGFA	N
NGUYÊN TỬ	2778	C	ASN	295	-3,656	-13,823	35,711	1,00	37,61	EGFA	C
NGUYÊN TỬ	2779	O	ASN	295	-3,211	-13,284	34,693	1,00	35,61	EGFA	O
NGUYÊN TỬ	2780	N	GLU	296	-2,965	-13,993	36,828	1,00	36,47	EGFA	N
NGUYÊN TỬ	2781	CA	GLU	296	-1,734	-13,293	37,119	1,00	36,71	EGFA	C
NGUYÊN TỬ	2782	CB	GLU	296	-1,337	-13,587	38,574	1,00	35,44	EGFA	C
NGUYÊN TỬ	2783	CG	GLU	296	-2,292	-12,988	39,619	1,00	33,45	EGFA	C
NGUYÊN TỬ	2784	CD	GLU	296	-3,482	-13,882	39,915	1,00	35,35	EGFA	C
NGUYÊN TỬ	2785	OE1	GLU	296	-3,596	-14,933	39,248	1,00	35,30	EGFA	O
NGUYÊN TỬ	2786	OE2	GLU	296	-4,300	-13,540	40,804	1,00	33,34	EGFA	O
NGUYÊN TỬ	2787	C	GLU	296	-0,588	-13,628	36,151	1,00	36,70	EGFA	C
NGUYÊN TỬ	2788	O	GLU	296	0,499	-13,060	36,244	1,00	36,33	EGFA	O
NGUYÊN TỬ	2789	N	CYS	297	-0,838	-14,530	35,207	1,00	36,97	EGFA	N
NGUYÊN TỬ	2790	CA	CYS	297	0,228	-15,025	34,351	1,00	37,51	EGFA	C
NGUYÊN TỬ	2791	C	CYS	297	0,233	-14,447	32,972	1,00	37,46	EGFA	C
NGUYÊN TỬ	2792	O	CYS	297	1,110	-14,750	32,177	1,00	36,37	EGFA	O
NGUYÊN TỬ	2793	CB	CYS	297	0,151	-16,521	34,243	1,00	38,66	EGFA	C
NGUYÊN TỬ	2794	SG	CYS	297	0,339	-17,282	35,863	1,00	41,23	EGFA	S
NGUYÊN TỬ	2795	N	LEU	298	-0,759	-13,620	32,688	1,00	38,90	EGFA	N
NGUYÊN TỬ	2796	CA	LEU	298	-0,761	-12,827	31,478	1,00	38,94	EGFA	C
NGUYÊN TỬ	2797	CB	LEU	298	-2,174	-12,332	31,205	1,00	38,48	EGFA	C
NGUYÊN TỬ	2798	CG	LEU	298	-3,084	-13,516	30,877	1,00	39,20	EGFA	C
NGUYÊN TỬ	2799	CD1	LEU	298	-4,519	-13,178	31,222	1,00	38,76	EGFA	C
NGUYÊN TỬ	2800	CD2	LEU	298	-2,920	-13,890	29,400	1,00	37,53	EGFA	C
NGUYÊN TỬ	2801	C	LEU	298	0,202	-11,667	31,660	1,00	40,24	EGFA	C
NGUYÊN TỬ	2802	O	LEU	298	0,430	-10,878	30,742	1,00	40,91	EGFA	O
NGUYÊN TỬ	2803	N	ASP	299	0,781	-11,567	32,851	1,00	40,63	EGFA	N
NGUYÊN TỬ	2804	CA	ASP	299	1,885	-10,648	33,038	1,00	41,29	EGFA	C
NGUYÊN TỬ	2805	CB	ASP	299	1,615	-9,716	34,207	1,00	45,11	EGFA	C
NGUYÊN TỬ	2806	CG	ASP	299	2,450	-8,461	34,133	1,00	48,48	EGFA	C
NGUYÊN TỬ	2807	OD1	ASP	299	2,944	-8,005	35,182	1,00	51,40	EGFA	O
NGUYÊN TỬ	2808	OD2	ASP	299	2,613	-7,931	33,013	1,00	50,27	EGFA	O
NGUYÊN TỬ	2809	C	ASP	299	3,199	-11,374	33,265	1,00	40,06	EGFA	C
NGUYÊN TỬ	2810	O	ASP	299	3,518	-11,759	34,383	1,00	39,62	EGFA	O

NGUYÊN TỬ	2811	N	ASN	300	3,952	-11,557	32,187	1,00	38,77	EGFA N
NGUYÊN TỬ	2812	CA	ASN	300	5,278	-12,140	32,257	1,00	38,83	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2813	CB	ASN	300	6,187	-11,246	33,093	1,00	40,88	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2814	CG	ASN	300	7,613	-11,245	32,593	1,00	43,06	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2815	OD1	ASN	300	8,562	-11,252	33,378	1,00	43,69	EGFA O
NGUYÊN TỬ	2816	ND2	ASN	300	7,775	-11,234	31,273	1,00	44,81	EGFA N
NGUYÊN TỬ	2817	C	ASN	300	5,256	-13,547	32,843	1,00	38,88	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2818	O	ASN	300	6,235	-13,997	33,448	1,00	38,75	EGFA O
NGUYÊN TỬ	2819	N	ASN	301	4,136	-14,238	32,661	1,00	38,27	EGFA N
NGUYÊN TỬ	2820	CA	ASN	301	3,977	-15,602	33,153	1,00	38,98	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2821	CB	ASN	301	5,029	-16,514	32,524	1,00	38,60	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2822	CG	ASN	301	4,603	-17,965	32,508	1,00	39,84	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2823	OD1	ASN	301	3,431	-18,277	32,280	1,00	39,37	EGFA O
NGUYÊN TỬ	2824	ND2	ASN	301	5,554	-18,866	32,748	1,00	39,66	EGFA N
NGUYÊN TỬ	2825	C	ASN	301	4,091	-15,648	34,676	1,00	39,19	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2826	O	ASN	301	4,368	-16,697	35,265	1,00	38,65	EGFA O
NGUYÊN TỬ	2827	N	GLY	302	3,874	-14,496	35,305	1,00	38,94	EGFA N
NGUYÊN TỬ	2828	CA	GLY	302	3,929	-14,420	36,752	1,00	39,47	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2829	C	GLY	302	5,356	-14,384	37,255	1,00	39,98	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2830	O	GLY	302	5,620	-14,710	38,408	1,00	40,36	EGFA O
NGUYÊN TỬ	2831	N	GLY	303	6,277	-13,993	36,381	1,00	40,10	EGFA N
NGUYÊN TỬ	2832	CA	GLY	303	7,674	-13,946	36,756	1,00	41,13	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2833	C	GLY	303	8,255	-15,337	36,912	1,00	41,77	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2834	O	GLY	303	9,411	-15,490	37,318	1,00	43,49	EGFA O
NGUYÊN TỬ	2835	N	CYS	304	7,448	-16,347	36,582	1,00	41,53	EGFA N
NGUYÊN TỬ	2836	CA	CYS	304	7,819	-17,757	36,718	1,00	39,56	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2837	C	CYS	304	8,848	-18,175	35,670	1,00	38,81	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2838	O	CYS	304	8,667	-17,908	34,483	1,00	39,26	EGFA O
NGUYÊN TỬ	2839	CB	CYS	304	6,579	-18,636	36,564	1,00	38,73	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2840	SG	CYS	304	5,347	-18,462	37,890	1,00	37,07	EGFA S
NGUYÊN TỬ	2841	N	SER	305	9,917	-18,843	36,093	1,00	37,94	EGFA N
NGUYÊN TỬ	2842	CA	SER	305	10,966	-19,202	35,149	1,00	36,26	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2843	CB	SER	305	12,152	-19,862	35,870	1,00	34,90	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2844	OG	SER	305	11,790	-21,060	36,529	1,00	33,63	EGFA O
NGUYÊN TỬ	2845	C	SER	305	10,398	-20,142	34,094	1,00	36,04	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2846	O	SER	305	10,667	-19,985	32,904	1,00	35,42	EGFA O
NGUYÊN TỬ	2847	N	HIS	306	9,598	-21,105	34,547	1,00	36,85	EGFA N
NGUYÊN TỬ	2848	CA	HIS	306	9,060	-22,156	33,689	1,00	36,68	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2849	CB	HIS	306	9,468	-23,524	34,237	1,00	37,58	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2850	CG	HIS	306	10,931	-23,805	34,109	1,00	38,79	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2851	CD2	HIS	306	12,012	-23,054	34,423	1,00	38,86	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2852	ND1	HIS	306	11,420	-24,974	33,567	1,00	39,47	EGFA N
NGUYÊN TỬ	2853	CE1	HIS	306	12,739	-24,929	33,550	1,00	39,63	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2854	NE2	HIS	306	13,124	-23,774	34,064	1,00	39,05	EGFA N
NGUYÊN TỬ	2855	C	HIS	306	7,541	-22,080	33,566	1,00	36,61	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2856	O	HIS	306	7,014	-21,231	32,842	1,00	36,74	EGFA O
NGUYÊN TỬ	2857	N	VAL	307	6,839	-22,967	34,271	1,00	36,53	EGFA N
NGUYÊN TỬ	2858	CA	VAL	307	5,381	-22,965	34,252	1,00	36,68	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2859	CB	VAL	307	4,793	-24,385	34,359	1,00	36,53	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2860	CG1	VAL	307	3,271	-24,316	34,440	1,00	33,02	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2861	CG2	VAL	307	5,210	-25,204	33,153	1,00	36,84	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2862	C	VAL	307	4,785	-22,135	35,370	1,00	37,94	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2863	O	VAL	307	5,269	-22,143	36,505	1,00	36,79	EGFA O
NGUYÊN TỬ	2864	N	CYS	308	3,726	-21,413	35,019	1,00	40,08	EGFA N
NGUYÊN TỬ	2865	CA	CYS	308	2,902	-20,690	35,978	1,00	41,42	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2866	C	CYS	308	1,562	-21,425	36,159	1,00	41,00	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2867	O	CYS	308	1,026	-22,009	35,211	1,00	40,92	EGFA O
NGUYÊN TỬ	2868	CB	CYS	308	2,585	-19,294	35,465	1,00	42,46	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2869	SG	CYS	308	0,778	-19,184	35,372	1,00	49,21	EGFA S
NGUYÊN TỬ	2870	N	ASN	309	1,016	-21,369	37,371	1,00	40,41	EGFA N
NGUYÊN TỬ	2871	CA	ASN	309	-0,305	-21,909	37,647	1,00	39,28	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2872	CB	ASN	309	-0,193	-23,037	38,661	1,00	37,87	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2873	CG	ASN	309	-1,511	-23,706	38,923	1,00	37,08	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2874	OD1	ASN	309	-2,383	-23,738	38,061	1,00	37,19	EGFA O
NGUYÊN TỬ	2875	ND2	ASN	309	-1,667	-24,249	40,116	1,00	38,27	EGFA N
NGUYÊN TỬ	2876	C	ASN	309	-1,244	-20,825	38,181	1,00	40,43	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2877	O	ASN	309	-1,025	-20,272	39,260	1,00	41,33	EGFA O
NGUYÊN TỬ	2878	N	ASP	310	-2,291	-20,529	37,417	1,00	41,20	EGFA N
NGUYÊN TỬ	2879	CA	ASP	310	-3,285	-19,531	37,801	1,00	40,90	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2880	CB	ASP	310	-4,013	-19,017	36,553	1,00	42,26	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2881	CG	ASP	310	-4,927	-17,844	36,842	1,00	42,34	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2882	OD1	ASP	310	-4,822	-17,258	37,937	1,00	44,79	EGFA O
NGUYÊN TỬ	2883	OD2	ASP	310	-5,749	-17,507	35,968	1,00	41,66	EGFA O
NGUYÊN TỬ	2884	C	ASP	310	-4,297	-20,145	38,755	1,00	41,32	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2885	O	ASP	310	-5,140	-20,944	38,337	1,00	41,03	EGFA O
NGUYÊN TỬ	2886	N	LEU	311	-4,206	-19,767	40,031	1,00	41,42	EGFA N

NGUYÊN TỬ	2887	CA	LEU	311	-5,173	-20,183	41,044	1,00	41,31	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2888	CB	LEU	311	-4,563	-20,085	42,431	1,00	38,52	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2889	CG	LEU	311	-3,108	-20,509	42,498	1,00	36,88	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2890	CD1	LEU	311	-2,561	-20,187	43,872	1,00	37,89	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2891	CD2	LEU	311	-2,991	-21,987	42,182	1,00	34,94	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2892	C	LEU	311	-6,398	-19,289	40,995	1,00	42,14	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2893	O	LEU	311	-6,479	-18,376	40,185	1,00	41,25	EGFA O
NGUYÊN TỬ	2894	N	LYS	312	-7,360	-19,563	41,862	1,00	43,27	EGFA N
NGUYÊN TỬ	2895	CA	LYS	312	-8,478	-18,658	42,005	1,00	45,45	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2896	CB	LYS	312	-9,624	-19,345	42,749	1,00	48,60	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2897	CG	LYS	312	-10,251	-20,511	41,979	1,00	53,73	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2898	CD	LYS	312	-11,599	-20,945	42,575	1,00	56,82	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2899	CE	LYS	312	-12,280	-22,005	41,700	1,00	57,14	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2900	NZ	LYS	312	-13,550	-22,527	42,291	1,00	57,94	EGFA N
NGUYÊN TỬ	2901	C	LYS	312	-7,973	-17,464	42,793	1,00	44,13	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2902	O	LYS	312	-8,229	-16,315	42,434	1,00	44,64	EGFA O
NGUYÊN TỬ	2903	N	ILE	313	-7,234	-17,754	43,860	1,00	43,02	EGFA N
NGUYÊN TỬ	2904	CA	ILE	313	-6,706	-16,727	44,744	1,00	41,44	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2905	CB	ILE	313	-6,987	-17,073	46,217	1,00	42,03	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2906	CG2	ILE	313	-7,416	-15,833	46,978	1,00	40,16	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2907	CG1	ILE	313	-8,083	-18,140	46,283	1,00	43,15	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2908	CD1	ILE	313	-9,026	-17,992	47,445	1,00	43,53	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2909	C	ILE	313	-5,207	-16,672	44,521	1,00	40,70	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2910	O	ILE	313	-4,445	-17,408	45,151	1,00	42,01	EGFA O
NGUYÊN TỬ	2911	N	GLY	314	-4,797	-15,805	43,605	1,00	39,34	EGFA N
NGUYÊN TỬ	2912	CA	GLY	314	-3,396	-15,694	43,255	1,00	38,80	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2913	C	GLY	314	-2,928	-16,707	42,230	1,00	38,26	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2914	O	GLY	314	-3,707	-17,249	41,456	1,00	37,64	EGFA O
NGUYÊN TỬ	2915	N	TYR	315	-1,625	-16,948	42,226	1,00	38,97	EGFA N
NGUYÊN TỬ	2916	CA	TYR	315	-1,028	-17,987	41,405	1,00	38,95	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2917	CB	TYR	315	-0,553	-17,405	40,076	1,00	37,90	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2918	CG	TYR	315	0,616	-16,457	40,208	1,00	38,39	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2919	CD1	TYR	315	1,874	-16,788	39,706	1,00	38,94	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2920	CE1	TYR	315	2,942	-15,906	39,803	1,00	38,15	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2921	CD2	TYR	315	0,459	-15,216	40,807	1,00	38,29	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2922	CE2	TYR	315	1,517	-14,333	40,910	1,00	38,40	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2923	CZ	TYR	315	2,756	-14,675	40,405	1,00	38,57	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2924	OH	TYR	315	3,805	-13,783	40,526	1,00	37,81	EGFA O
NGUYÊN TỬ	2925	C	TYR	315	0,153	-18,612	42,123	1,00	39,94	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2926	O	TYR	315	0,364	-18,401	43,323	1,00	40,28	EGFA O
NGUYÊN TỬ	2927	N	GLU	316	0,933	-19,369	41,364	1,00	41,83	EGFA N
NGUYÊN TỬ	2928	CA	GLU	316	2,158	-19,964	41,871	1,00	43,58	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2929	CB	GLU	316	1,819	-21,179	42,721	1,00	44,75	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2930	CG	GLU	316	1,030	-22,213	41,959	1,00	48,82	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2931	CD	GLU	316	0,823	-23,461	42,761	1,00	52,94	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2932	OE1	GLU	316	1,123	-23,438	43,971	1,00	57,20	EGFA O
NGUYÊN TỬ	2933	OE2	GLU	316	0,381	-24,475	42,184	1,00	54,04	EGFA O
NGUYÊN TỬ	2934	C	GLU	316	3,041	-20,383	40,701	1,00	42,80	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2935	O	GLU	316	2,568	-20,500	39,575	1,00	44,00	EGFA O
NGUYÊN TỬ	2936	N	CYS	317	4,326	-20,592	40,957	1,00	42,14	EGFA N
NGUYÊN TỬ	2937	CA	CYS	317	5,195	-21,137	39,927	1,00	41,35	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2938	C	CYS	317	5,412	-22,630	40,169	1,00	42,56	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2939	O	CYS	317	5,470	-23,079	41,316	1,00	42,57	EGFA O
NGUYÊN TỬ	2940	CB	CYS	317	6,538	-20,413	39,925	1,00	38,97	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2941	SG	CYS	317	6,442	-18,628	39,586	1,00	35,62	EGFA S
NGUYÊN TỬ	2942	N	LEU	318	5,547	-23,397	39,089	1,00	43,52	EGFA N
NGUYÊN TỬ	2943	CA	LEU	318	5,832	-24,820	39,210	1,00	43,40	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2944	CB	LEU	318	4,653	-25,640	38,689	1,00	41,86	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2945	CG	LEU	318	3,328	-25,268	39,355	1,00	41,42	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2946	CD1	LEU	318	2,255	-26,234	38,937	1,00	42,17	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2947	CD2	LEU	318	3,481	-25,286	40,855	1,00	41,53	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2948	C	LEU	318	7,098	-25,185	38,453	1,00	44,60	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2949	O	LEU	318	7,489	-24,493	37,510	1,00	44,39	EGFA O
NGUYÊN TỬ	2950	N	CYS	319	7,738	-26,273	38,875	1,00	46,62	EGFA N
NGUYÊN TỬ	2951	CA	CYS	319	9,002	-26,685	38,276	1,00	48,75	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2952	C	CYS	319	8,993	-28,073	37,639	1,00	48,42	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2953	O	CYS	319	8,274	-28,970	38,077	1,00	47,58	EGFA O
NGUYÊN TỬ	2954	CB	CYS	319	10,123	-26,615	39,317	1,00	49,62	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2955	SG	CYS	319	10,467	-24,933	39,923	1,00	50,75	EGFA S
NGUYÊN TỬ	2956	N	PRO	320	9,812	-28,263	36,593	1,00	49,01	EGFA N
NGUYÊN TỬ	2957	CD	PRO	320	10,541	-27,229	35,842	1,00	48,55	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2958	CA	PRO	320	10,067	-29,605	36,060	1,00	49,42	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2959	CB	PRO	320	11,111	-29,369	34,972	1,00	48,61	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2960	CG	PRO	320	10,927	-27,948	34,582	1,00	48,27	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2961	C	PRO	320	10,600	-30,500	37,165	1,00	50,82	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2962	O	PRO	320	11,453	-30,086	37,952	1,00	50,19	EGFA O

NGUYÊN TỬ	2963	N	ASP	321	10,096	-31,724	37,234	1,00	52,17	EGFA N
NGUYÊN TỬ	2964	CA	ASP	321	10,479	-32,600	38,325	1,00	52,72	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2965	CB	ASP	321	9,810	-33,970	38,187	1,00	57,23	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2966	CG	ASP	321	9,182	-34,447	39,499	1,00	61,91	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2967	OD1	ASP	321	8,807	-33,586	40,332	1,00	63,09	EGFA O
NGUYÊN TỬ	2968	OD2	ASP	321	9,064	-35,680	39,701	1,00	64,11	EGFA O
NGUYÊN TỬ	2969	C	ASP	321	11,987	-32,742	38,310	1,00	51,06	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2970	O	ASP	321	12,599	-32,869	37,246	1,00	49,86	EGFA O
NGUYÊN TỬ	2971	N	GLY	322	12,577	-32,695	39,499	1,00	49,84	EGFA N
NGUYÊN TỬ	2972	CA	GLY	322	14,023	-32,681	39,614	1,00	48,51	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2973	C	GLY	322	14,592	-31,285	39,793	1,00	47,34	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2974	O	GLY	322	15,729	-31,131	40,239	1,00	47,93	EGFA O
NGUYÊN TỬ	2975	N	PHE	323	13,807	-30,266	39,445	1,00	45,29	EGFA N
NGUYÊN TỬ	2976	CA	PHE	323	14,247	-28,880	39,583	1,00	42,20	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2977	CB	PHE	323	13,607	-27,999	38,517	1,00	40,51	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2978	CG	PHE	323	14,157	-28,215	37,141	1,00	38,07	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2979	CD1	PHE	323	14,250	-29,489	36,610	1,00	36,97	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2980	CD2	PHE	323	14,550	-27,135	36,364	1,00	37,05	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2981	CE1	PHE	323	14,723	-29,681	35,330	1,00	37,63	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2982	CE2	PHE	323	15,024	-27,317	35,082	1,00	36,22	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2983	CZ	PHE	323	15,110	-28,590	34,561	1,00	37,83	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2984	C	PHE	323	13,890	-28,332	40,947	1,00	41,10	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2985	O	PHE	323	13,022	-28,857	41,631	1,00	40,98	EGFA O
NGUYÊN TỬ	2986	N	GLN	324	14,567	-27,266	41,339	1,00	41,32	EGFA N
NGUYÊN TỬ	2987	CA	GLN	324	14,326	-26,657	42,637	1,00	42,35	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2988	CB	GLN	324	15,645	-26,527	43,393	1,00	45,11	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2989	CG	GLN	324	15,543	-26,714	44,897	1,00	48,90	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2990	CD	GLN	324	16,897	-26,588	45,584	1,00	50,71	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2991	OE1	GLN	324	16,978	-26,425	46,808	1,00	51,49	EGFA O
NGUYÊN TỬ	2992	NE2	GLN	324	17,972	-26,660	44,793	1,00	50,40	EGFA N
NGUYÊN TỬ	2993	C	GLN	324	13,729	-25,281	42,408	1,00	41,37	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2994	O	GLN	324	14,076	-24,607	41,439	1,00	41,39	EGFA O
NGUYÊN TỬ	2995	N	LEU	325	12,831	-24,856	43,287	1,00	40,78	EGFA N
NGUYÊN TỬ	2996	CA	LEU	325	12,250	-23,527	43,147	1,00	40,37	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2997	CB	LEU	325	10,740	-23,570	43,373	1,00	38,89	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2998	CG	LEU	325	10,036	-22,248	43,063	1,00	37,99	EGFA C
NGUYÊN TỬ	2999	CD1	LEU	325	10,139	-21,941	41,584	1,00	35,18	EGFA C
NGUYÊN TỬ	3000	CD2	LEU	325	8,592	-22,331	43,485	1,00	37,81	EGFA C
NGUYÊN TỬ	3001	C	LEU	325	12,880	-22,553	44,131	1,00	40,79	EGFA C
NGUYÊN TỬ	3002	O	LEU	325	12,896	-22,806	45,337	1,00	40,04	EGFA O
NGUYÊN TỬ	3003	N	VAL	326	13,402	-21,442	43,618	1,00	41,36	EGFA N
NGUYÊN TỬ	3004	CA	VAL	326	14,077	-20,477	44,476	1,00	42,53	EGFA C
NGUYÊN TỬ	3005	CB	VAL	326	15,592	-20,351	44,122	1,00	41,99	EGFA C
NGUYÊN TỬ	3006	CG1	VAL	326	16,010	-21,475	43,201	1,00	41,24	EGFA C
NGUYÊN TỬ	3007	CG2	VAL	326	15,883	-19,007	43,506	1,00	41,93	EGFA C
NGUYÊN TỬ	3008	C	VAL	326	13,418	-19,109	44,385	1,00	43,44	EGFA C
NGUYÊN TỬ	3009	O	VAL	326	12,929	-18,716	43,332	1,00	43,12	EGFA O
NGUYÊN TỬ	3010	N	ALA	327	13,394	-18,390	45,501	1,00	45,25	EGFA N
NGUYÊN TỬ	3011	CA	ALA	327	12,751	-17,084	45,539	1,00	47,09	EGFA C
NGUYÊN TỬ	3012	CB	ALA	327	13,443	-16,139	44,577	1,00	46,26	EGFA C
NGUYÊN TỬ	3013	C	ALA	327	11,270	-17,201	45,185	1,00	48,01	EGFA C
NGUYÊN TỬ	3014	O	ALA	327	10,567	-16,197	45,078	1,00	48,60	EGFA O
NGUYÊN TỬ	3015	N	GLN	328	10,813	-18,435	44,997	1,00	49,94	EGFA N
NGUYÊN TỬ	3016	CA	GLN	328	9,413	-18,717	44,692	1,00	51,60	EGFA C
NGUYÊN TỬ	3017	CB	GLN	328	8,492	-17,860	45,563	1,00	51,40	EGFA C
NGUYÊN TỬ	3018	CG	GLN	328	7,372	-18,643	46,191	1,00	53,05	EGFA C
NGUYÊN TỬ	3019	CD	GLN	328	7,288	-18,392	47,666	1,00	56,41	EGFA C
NGUYÊN TỬ	3020	OE1	GLN	328	7,462	-19,307	48,477	1,00	58,59	EGFA O
NGUYÊN TỬ	3021	NE2	GLN	328	7,022	-17,136	48,036	1,00	57,77	EGFA N
NGUYÊN TỬ	3022	C	GLN	328	9,050	-18,516	43,224	1,00	51,40	EGFA C
NGUYÊN TỬ	3023	O	GLN	328	7,872	-18,574	42,863	1,00	52,05	EGFA O
NGUYÊN TỬ	3024	N	ARG	329	10,045	-18,278	42,376	1,00	52,02	EGFA N
NGUYÊN TỬ	3025	CA	ARG	329	9,759	-18,102	40,962	1,00	53,90	EGFA C
NGUYÊN TỬ	3026	CB	ARG	329	9,202	-16,710	40,719	1,00	54,36	EGFA C
NGUYÊN TỬ	3027	CG	ARG	329	10,176	-15,594	40,973	1,00	55,41	EGFA C
NGUYÊN TỬ	3028	CD	ARG	329	9,425	-14,289	40,909	1,00	56,46	EGFA C
NGUYÊN TỬ	3029	NE	ARG	329	8,174	-14,397	41,644	1,00	57,62	EGFA N
NGUYÊN TỬ	3030	CZ	ARG	329	7,271	-13,427	41,681	1,00	58,17	EGFA C
NGUYÊN TỬ	3031	NH1	ARG	329	7,499	-12,294	41,018	1,00	57,94	EGFA N
NGUYÊN TỬ	3032	NH2	ARG	329	6,159	-13,570	42,390	1,00	58,09	EGFA N
NGUYÊN TỬ	3033	C	ARG	329	10,921	-18,337	40,015	1,00	54,26	EGFA C
NGUYÊN TỬ	3034	O	ARG	329	10,899	-17,869	38,881	1,00	54,09	EGFA O
NGUYÊN TỬ	3035	N	ARG	330	11,925	-19,079	40,459	1,00	55,91	EGFA N
NGUYÊN TỬ	3036	CA	ARG	330	12,957	-19,541	39,545	1,00	56,83	EGFA C
NGUYÊN TỬ	3037	CB	ARG	330	14,202	-18,663	39,676	1,00	59,07	EGFA C
NGUYÊN TỬ	3038	CG	ARG	330	15,156	-18,777	38,494	1,00	63,56	EGFA C

```
NGUYÊN TỬ   3039  CD  ARG   330      16,009 -17,526  38,337  1,00 67,44      EGFA C
NGUYÊN TỬ   3040  NE  ARG   330      17,205 -17,544  39,183  1,00 71,71      EGFA N
NGUYÊN TỬ   3041  CZ  ARG   330      18,101 -16,560  39,232  1,00 73,25      EGFA C
NGUYÊN TỬ   3042  NH1 ARG   330      17,931 -15,476  38,483  1,00 74,17      EGFA N
NGUYÊN TỬ   3043  NH2 ARG   330      19,165 -16,658  40,026  1,00 73,57      EGFA N
NGUYÊN TỬ   3044  C   ARG   330      13,307 -21,007  39,805  1,00 56,14      EGFA C
NGUYÊN TỬ   3045  O   ARG   330      13,624 -21,398  40,931  1,00 55,45      EGFA O
NGUYÊN TỬ   3046  N   CYS   331      13,237 -21,821  38,757  1,00 55,78      EGFA N
NGUYÊN TỬ   3047  CA  CYS   331      13,615 -23,219  38,876  1,00 55,78      EGFA C
NGUYÊN TỬ   3048  C   CYS   331      15,046 -23,384  38,407  1,00 56,71      EGFA C
NGUYÊN TỬ   3049  O   CYS   331      15,424 -22,886  37,344  1,00 54,16      EGFA O
NGUYÊN TỬ   3050  CB  CYS   331      12,707 -24,105  38,024  1,00 54,71      EGFA C
NGUYÊN TỬ   3051  SG  CYS   331      10,917 -23,862  38,247  1,00 52,34      EGFA S
NGUYÊN TỬ   3052  N   GLU   332      15,843 -24,075  39,210  1,00 59,67      EGFA N
NGUYÊN TỬ   3053  CA  GLU   332      17,181 -24,445  38,793  1,00 63,04      EGFA C
NGUYÊN TỬ   3054  CB  GLU   332      18,234 -23,765  39,677  1,00 63,37      EGFA C
NGUYÊN TỬ   3055  CG  GLU   332      17,872 -23,624  41,151  1,00 64,27      EGFA C
NGUYÊN TỬ   3056  CD  GLU   332      18,797 -22,655  41,891  1,00 64,91      EGFA C
NGUYÊN TỬ   3057  OE1 GLU   332      19,367 -23,051  42,935  1,00 64,31      EGFA O
NGUYÊN TỬ   3058  OE2 GLU   332      18,951 -21,499  41,428  1,00 64,07      EGFA O
NGUYÊN TỬ   3059  C   GLU   332      17,350 -25,953  38,811  1,00 65,33      EGFA C
NGUYÊN TỬ   3060  O   GLU   332      17,082 -26,620  39,816  1,00 64,39      EGFA O
NGUYÊN TỬ   3061  N   ASP   333      17,780 -26,476  37,667  1,00 68,69      EGFA N
NGUYÊN TỬ   3062  CA  ASP   333      17,880 -27,910  37,433  1,00 72,25      EGFA C
NGUYÊN TỬ   3063  CB  ASP   333      18,483 -28,168  36,056  1,00 74,16      EGFA C
NGUYÊN TỬ   3064  CG  ASP   333      19,649 -27,250  35,762  1,00 76,50      EGFA C
NGUYÊN TỬ   3065  OD1 ASP   333      19,458 -26,013  35,827  1,00 77,91      EGFA O
NGUYÊN TỬ   3066  OD2 ASP   333      20,754 -27,757  35,476  1,00 77,38      EGFA O
NGUYÊN TỬ   3067  C   ASP   333      18,756 -28,536  38,488  1,00 73,49      EGFA C
NGUYÊN TỬ   3068  O   ASP   333      18,526 -29,673  38,894  1,00 73,58      EGFA O
NGUYÊN TỬ   3069  N   ILE   334      19,769 -27,780  38,903  1,00 75,52      EGFA N
NGUYÊN TỬ   3070  CA  ILE   334      20,587 -28,098  40,069  1,00 77,98      EGFA C
NGUYÊN TỬ   3071  CB  ILE   334      20,070 -27,299  41,320  1,00 78,68      EGFA C
NGUYÊN TỬ   3072  CG2 ILE   334      19,986 -28,191  42,551  1,00 78,54      EGFA C
NGUYÊN TỬ   3073  CG1 ILE   334      20,989 -26,098  41,585  1,00 78,89      EGFA C
NGUYÊN TỬ   3074  CD1 ILE   334      21,191 -25,170  40,391  1,00 77,96      EGFA C
NGUYÊN TỬ   3075  C   ILE   334      20,666 -29,597  40,363  1,00 79,11      EGFA C
NGUYÊN TỬ   3076  O   ILE   334      21,755 -30,162  40,118  1,00 79,71      EGFA O
NGUYÊN TỬ   3077  OXT ILE   334      19,656 -30,196  40,802  1,00 79,97      EGFA O
TER    3078      ILE   334                                              EGFA
NGUYÊN TỬ   3079  CA  CA      1      -5,688 -15,911  40,122  1,00 56,81      ION  C
TER    3080      CA      1                                              ION
END
```

TABLE 35,3

NGUYÊN TỬ	1	CB	THR	61	7,625	-20,113	2,894	1,00	120,20	A C
NGUYÊN TỬ	2	OG1	THR	61	7,048	-19,215	1,936	1,00	120,97	A O
NGUYÊN TỬ	3	CG2	THR	61	7,446	-19,537	4,289	1,00	121,74	A C
NGUYÊN TỬ	4	C	THR	61	9,869	-19,003	2,758	1,00	115,49	A C
NGUYÊN TỬ	5	O	THR	61	10,710	-18,870	3,648	1,00	115,58	A O
NGUYÊN TỬ	6	N	THR	61	9,741	-21,360	3,461	1,00	119,24	A N
NGUYÊN TỬ	7	CA	THR	61	9,132	-20,323	2,577	1,00	118,55	A C
NGUYÊN TỬ	8	N	ALA	62	9,546	-18,032	1,907	1,00	111,50	A N
NGUYÊN TỬ	9	CA	ALA	62	10,296	-16,784	1,830	1,00	106,53	A C
NGUYÊN TỬ	10	CB	ALA	62	10,124	-16,161	0,455	1,00	108,21	A C
NGUYÊN TỬ	11	C	ALA	62	9,882	-15,789	2,902	1,00	102,91	A C
NGUYÊN TỬ	12	O	ALA	62	8,701	-15,600	3,174	1,00	101,98	A O
NGUYÊN TỬ	13	N	THR	63	10,870	-15,145	3,501	1,00	98,29	A N
NGUYÊN TỬ	14	CA	THR	63	10,624	-14,157	4,534	1,00	93,32	A C
NGUYÊN TỬ	15	CB	THR	63	11,644	-14,326	5,679	1,00	92,70	A C
NGUYÊN TỬ	16	OG1	THR	63	12,973	-14,322	5,147	1,00	92,34	A O
NGUYÊN TỬ	17	CG2	THR	63	11,422	-15,647	6,398	1,00	92,08	A C
NGUYÊN TỬ	18	C	THR	63	10,716	-12,747	3,944	1,00	89,66	A C
NGUYÊN TỬ	19	O	THR	63	11,156	-12,571	2,810	1,00	90,88	A O
NGUYÊN TỬ	20	N	PHE	64	10,280	-11,747	4,705	1,00	83,77	A N
NGUYÊN TỬ	21	CA	PHE	64	10,405	-10,353	4,278	1,00	77,76	A C
NGUYÊN TỬ	22	CB	PHE	64	9,065	-9,825	3,799	1,00	72,88	A C
NGUYÊN TỬ	23	CG	PHE	64	9,028	-8,343	3,648	1,00	67,65	A C
NGUYÊN TỬ	24	CD1	PHE	64	9,305	-7,752	2,429	1,00	66,67	A C
NGUYÊN TỬ	25	CD2	PHE	64	8,697	-7,530	4,726	1,00	66,49	A C
NGUYÊN TỬ	26	CE1	PHE	64	9,251	-6,370	2,285	1,00	66,42	A C
NGUYÊN TỬ	27	CE2	PHE	64	8,640	-6,150	4,594	1,00	64,45	A C
NGUYÊN TỬ	28	CZ	PHE	64	8,917	-5,567	3,374	1,00	64,76	A C
NGUYÊN TỬ	29	C	PHE	64	10,936	-9,426	5,370	1,00	76,67	A C
NGUYÊN TỬ	30	O	PHE	64	10,563	-9,557	6,540	1,00	76,03	A O
NGUYÊN TỬ	31	N	HIS	65	11,787	-8,477	4,975	1,00	75,50	A N
NGUYÊN TỬ	32	CA	HIS	65	12,561	-7,686	5,928	1,00	74,60	A C
NGUYÊN TỬ	33	CB	HIS	65	14,003	-8,192	5,961	1,00	74,07	A C
NGUYÊN TỬ	34	CG	HIS	65	14,117	-9,659	6,235	1,00	74,70	A C
NGUYÊN TỬ	35	CD2	HIS	65	13,881	-10,735	5,448	1,00	74,67	A C
NGUYÊN TỬ	36	ND1	HIS	65	14,517	-10,161	7,456	1,00	75,55	A N
NGUYÊN TỬ	37	CE1	HIS	65	14,523	-11,481	7,409	1,00	74,80	A C
NGUYÊN TỬ	38	NE2	HIS	65	14,141	-11,855	6,201	1,00	74,59	A N
NGUYÊN TỬ	39	C	HIS	65	12,556	-6,187	5,642	1,00	73,68	A C
NGUYÊN TỬ	40	O	HIS	65	12,678	-5,755	4,498	1,00	73,21	A O
NGUYÊN TỬ	41	N	ARG	66	12,425	-5,397	6,700	1,00	73,29	A N
NGUYÊN TỬ	42	CA	ARG	66	12,508	-3,952	6,586	1,00	73,63	A C
NGUYÊN TỬ	43	CB	ARG	66	11,131	-3,320	6,801	1,00	80,94	A C
NGUYÊN TỬ	44	CG	ARG	66	10,664	-3,376	8,239	1,00	91,57	A C
NGUYÊN TỬ	45	CD	ARG	66	9,465	-2,490	8,486	1,00	102,14	A C
NGUYÊN TỬ	46	NE	ARG	66	9,120	-2,462	9,905	1,00	113,95	A N
NGUYÊN TỬ	47	CZ	ARG	66	9,564	-1,551	10,763	1,00	120,16	A C
NGUYÊN TỬ	48	NH1	ARG	66	9,200	-1,602	12,037	1,00	124,56	A N
NGUYÊN TỬ	49	NH2	ARG	66	10,368	-0,586	10,342	1,00	124,67	A N
NGUYÊN TỬ	50	C	ARG	66	13,482	-3,420	7,630	1,00	68,82	A C
NGUYÊN TỬ	51	O	ARG	66	13,789	-4,088	8,605	1,00	69,03	A O
NGUYÊN TỬ	52	N	CYS	67	13,974	-2,210	7,425	1,00	64,02	A N
NGUYÊN TỬ	53	CA	CYS	67	14,838	-1,590	8,414	1,00	57,74	A C
NGUYÊN TỬ	54	CB	CYS	67	15,397	-0,279	7,865	1,00	55,67	A C
NGUYÊN TỬ	55	SG	CYS	67	16,287	0,702	9,068	1,00	43,75	A S
NGUYÊN TỬ	56	C	CYS	67	14,043	-1,320	9,685	1,00	55,30	A C
NGUYÊN TỬ	57	O	CYS	67	12,919	-0,825	9,630	1,00	53,23	A O
NGUYÊN TỬ	58	N	ALA	68	14,630	-1,644	10,828	1,00	52,57	A N
NGUYÊN TỬ	59	CA	ALA	68	13,953	-1,434	12,097	1,00	51,78	A C
NGUYÊN TỬ	60	CB	ALA	68	14,818	-1,940	13,236	1,00	48,43	A C
NGUYÊN TỬ	61	C	ALA	68	13,624	0,043	12,306	1,00	53,12	A C
NGUYÊN TỬ	62	O	ALA	68	12,511	0,389	12,700	1,00	53,69	A O
NGUYÊN TỬ	63	N	LYS	69	14,596	0,914	12,042	1,00	53,95	A N
NGUYÊN TỬ	64	CA	LYS	69	14,435	2,342	12,306	1,00	53,04	A C
NGUYÊN TỬ	65	CB	LYS	69	15,814	3,015	12,422	1,00	55,99	A C
NGUYÊN TỬ	66	CG	LYS	69	16,931	2,058	12,899	1,00	57,69	A C
NGUYÊN TỬ	67	CD	LYS	69	17,593	2,502	14,208	1,00	57,50	A C
NGUYÊN TỬ	68	CE	LYS	69	17,940	1,307	15,091	1,00	57,22	A C
NGUYÊN TỬ	69	NZ	LYS	69	18,773	1,709	16,260	1,00	57,57	A N
NGUYÊN TỬ	70	C	LYS	69	13,620	2,975	11,188	1,00	51,24	A C
NGUYÊN TỬ	71	O	LYS	69	14,050	3,061	10,049	1,00	49,56	A O
NGUYÊN TỬ	72	N	ASP	70	12,429	3,424	11,537	1,00	51,12	A N
NGUYÊN TỬ	73	CA	ASP	70	11,407	3,714	10,555	1,00	49,83	A C
NGUYÊN TỬ	74	CB	ASP	70	10,109	4,015	11,279	1,00	54,30	A C

NGUYÊN TỬ	75	CG	ASP	70	8,902	3,574	10,492	1,00	60,23	A	C
NGUYÊN TỬ	76	OD1	ASP	70	8,761	2,334	10,283	1,00	59,99	A	O
NGUYÊN TỬ	77	OD2	ASP	70	8,109	4,472	10,087	1,00	61,75	A	O
NGUYÊN TỬ	78	C	ASP	70	11,715	4,837	9,567	1,00	45,91	A	C
NGUYÊN TỬ	79	O	ASP	70	11,398	4,736	8,386	1,00	43,79	A	O
NGUYÊN TỬ	80	N	PRO	71	12,322	5,931	10,040	1,00	43,28	A	N
NGUYÊN TỬ	81	CD	PRO	71	12,626	6,241	11,448	1,00	40,22	A	C
NGUYÊN TỬ	82	CA	PRO	71	12,627	7,057	9,148	1,00	41,43	A	C
NGUYÊN TỬ	83	CB	PRO	71	12,989	8,182	10,108	1,00	39,87	A	C
NGUYÊN TỬ	84	CG	PRO	71	13,420	7,490	11,346	1,00	39,36	A	C
NGUYÊN TỬ	85	C	PRO	71	13,734	6,767	8,125	1,00	40,85	A	C
NGUYÊN TỬ	86	O	PRO	71	13,979	7,562	7,204	1,00	41,69	A	O
NGUYÊN TỬ	87	N	TRP	72	14,380	5,614	8,279	1,00	39,17	A	N
NGUYÊN TỬ	88	CA	TRP	72	15,426	5,175	7,362	1,00	37,15	A	C
NGUYÊN TỬ	89	CB	TRP	72	16,523	4,486	8,133	1,00	33,24	A	C
NGUYÊN TỬ	90	CG	TRP	72	17,216	5,367	9,057	1,00	30,60	A	C
NGUYÊN TỬ	91	CD2	TRP	72	18,253	4,995	9,959	1,00	28,45	A	C
NGUYÊN TỬ	92	CE2	TRP	72	18,678	6,174	10,615	1,00	29,35	A	C
NGUYÊN TỬ	93	CE3	TRP	72	18,863	3,785	10,273	1,00	24,28	A	C
NGUYÊN TỬ	94	CD1	TRP	72	17,045	6,712	9,194	1,00	32,13	A	C
NGUYÊN TỬ	95	NE1	TRP	72	17,923	7,207	10,132	1,00	31,43	A	N
NGUYÊN TỬ	96	CZ2	TRP	72	19,684	6,177	11,563	1,00	28,45	A	C
NGUYÊN TỬ	97	CZ3	TRP	72	19,860	3,779	11,210	1,00	29,40	A	C
NGUYÊN TỬ	98	CH2	TRP	72	20,268	4,971	11,852	1,00	31,73	A	C
NGUYÊN TỬ	99	C	TRP	72	14,944	4,217	6,286	1,00	39,33	A	C
NGUYÊN TỬ	100	O	TRP	72	15,744	3,741	5,476	1,00	39,93	A	O
NGUYÊN TỬ	101	N	ARG	73	13,648	3,916	6,296	1,00	41,01	A	N
NGUYÊN TỬ	102	CA	ARG	73	13,065	2,968	5,354	1,00	41,83	A	C
NGUYÊN TỬ	103	CB	ARG	73	11,741	2,443	5,903	1,00	43,30	A	C
NGUYÊN TỬ	104	CG	ARG	73	11,891	1,798	7,263	1,00	47,92	A	C
NGUYÊN TỬ	105	CD	ARG	73	10,582	1,222	7,765	1,00	52,48	A	C
NGUYÊN TỬ	106	NE	ARG	73	10,042	0,197	6,879	1,00	56,62	A	N
NGUYÊN TỬ	107	CZ	ARG	73	8,761	0,126	6,541	1,00	58,69	A	C
NGUYÊN TỬ	108	NH1	ARG	73	7,911	1,025	7,021	1,00	60,74	A	N
NGUYÊN TỬ	109	NH2	ARG	73	8,332	-0,841	5,741	1,00	57,82	A	N
NGUYÊN TỬ	110	C	ARG	73	12,840	3,653	4,024	1,00	40,96	A	C
NGUYÊN TỬ	111	O	ARG	73	12,572	4,841	3,988	1,00	40,86	A	O
NGUYÊN TỬ	112	N	LEU	74	12,966	2,913	2,932	1,00	41,26	A	N
NGUYÊN TỬ	113	CA	LEU	74	12,781	3,500	1,606	1,00	43,15	A	C
NGUYÊN TỬ	114	CB	LEU	74	14,137	3,683	0,914	1,00	42,05	A	C
NGUYÊN TỬ	115	CG	LEU	74	15,200	4,372	1,776	1,00	41,09	A	C
NGUYÊN TỬ	116	CD1	LEU	74	16,600	4,020	1,259	1,00	40,47	A	C
NGUYÊN TỬ	117	CD2	LEU	74	14,945	5,868	1,781	1,00	36,19	A	C
NGUYÊN TỬ	118	C	LEU	74	11,885	2,601	0,767	1,00	43,59	A	C
NGUYÊN TỬ	119	O	LEU	74	12,341	1,943	-0,180	1,00	45,64	A	O
NGUYÊN TỬ	120	N	PRO	75	10,595	2,547	1,122	1,00	42,35	A	N
NGUYÊN TỬ	121	CD	PRO	75	10,053	3,206	2,322	1,00	40,81	A	C
NGUYÊN TỬ	122	CA	PRO	75	9,605	1,691	0,465	1,00	41,19	A	C
NGUYÊN TỬ	123	CB	PRO	75	8,377	1,796	1,370	1,00	40,54	A	C
NGUYÊN TỬ	124	CG	PRO	75	8,581	3,023	2,174	1,00	39,32	A	C
NGUYÊN TỬ	125	C	PRO	75	9,306	2,079	-0,981	1,00	40,71	A	C
NGUYÊN TỬ	126	O	PRO	75	9,277	3,258	-1,329	1,00	39,79	A	O
NGUYÊN TỬ	127	N	GLY	76	9,090	1,064	-1,817	1,00	40,71	A	N
NGUYÊN TỬ	128	CA	GLY	76	8,969	1,277	-3,250	1,00	38,99	A	C
NGUYÊN TỬ	129	C	GLY	76	10,105	0,572	-3,974	1,00	36,52	A	C
NGUYÊN TỬ	130	O	GLY	76	10,163	0,540	-5,205	1,00	35,56	A	O
NGUYÊN TỬ	131	N	THR	77	11,017	-0,005	-3,206	1,00	34,53	A	N
NGUYÊN TỬ	132	CA	THR	77	12,237	-0,530	-3,795	1,00	35,21	A	C
NGUYÊN TỬ	133	CB	THR	77	13,366	0,542	-3,812	1,00	34,11	A	C
NGUYÊN TỬ	134	OG1	THR	77	12,900	1,742	-4,462	1,00	34,86	A	O
NGUYÊN TỬ	135	CG2	THR	77	14,572	0,009	-4,557	1,00	31,17	A	C
NGUYÊN TỬ	136	C	THR	77	12,713	-1,726	-2,996	1,00	34,73	A	C
NGUYÊN TỬ	137	O	THR	77	12,969	-1,625	-1,790	1,00	34,99	A	O
NGUYÊN TỬ	138	N	TYR	78	12,825	-2,869	-3,655	1,00	33,72	A	N
NGUYÊN TỬ	139	CA	TYR	78	13,063	-4,087	-2,911	1,00	34,19	A	C
NGUYÊN TỬ	140	CB	TYR	78	11,755	-4,904	-2,837	1,00	32,06	A	C
NGUYÊN TỬ	141	CG	TYR	78	10,565	-4,090	-2,321	1,00	29,68	A	C
NGUYÊN TỬ	142	CD1	TYR	78	9,907	-3,183	-3,152	1,00	29,12	A	C
NGUYÊN TỬ	143	CE1	TYR	78	8,916	-2,317	-2,648	1,00	28,24	A	C
NGUYÊN TỬ	144	CD2	TYR	78	10,183	-4,134	-0,967	1,00	28,00	A	C
NGUYÊN TỬ	145	CE2	TYR	78	9,199	-3,289	-0,463	1,00	24,98	A	C
NGUYÊN TỬ	146	CZ	TYR	78	8,577	-2,374	-1,307	1,00	28,24	A	C
NGUYÊN TỬ	147	OH	TYR	78	7,659	-1,470	-0,810	1,00	31,65	A	O
NGUYÊN TỬ	148	C	TYR	78	14,193	-4,873	-3,557	1,00	35,43	A	C
NGUYÊN TỬ	149	O	TYR	78	14,278	-4,993	-4,780	1,00	37,75	A	O
NGUYÊN TỬ	150	N	VAL	79	15,094	-5,377	-2,731	1,00	36,65	A	N

NGUYÊN TỬ	151	CA	VAL	79	16,068	-6,347	-3,204	1,00	36,46	A	C
NGUYÊN TỬ	152	CB	VAL	79	17,358	-6,304	-2,395	1,00	37,20	A	C
NGUYÊN TỬ	153	CG1	VAL	79	18,349	-7,295	-2,972	1,00	37,26	A	C
NGUYÊN TỬ	154	CG2	VAL	79	17,924	-4,895	-2,383	1,00	38,46	A	C
NGUYÊN TỬ	155	C	VAL	79	15,469	-7,719	-3,001	1,00	38,67	A	C
NGUYÊN TỬ	156	O	VAL	79	15,494	-8,246	-1,884	1,00	35,22	A	O
NGUYÊN TỬ	157	N	VAL	80	14,915	-8,297	-4,063	1,00	41,04	A	N
NGUYÊN TỬ	158	CA	VAL	80	14,581	-9,717	-4,028	1,00	43,11	A	C
NGUYÊN TỬ	159	CB	VAL	80	13,775	-10,146	-5,256	1,00	44,56	A	C
NGUYÊN TỬ	160	CG1	VAL	80	13,627	-11,649	-5,251	1,00	47,28	A	C
NGUYÊN TỬ	161	CG2	VAL	80	12,413	-9,483	-5,257	1,00	47,02	A	C
NGUYÊN TỬ	162	C	VAL	80	15,878	-10,520	-4,016	1,00	46,29	A	C
NGUYÊN TỬ	163	O	VAL	80	16,741	-10,342	-4,873	1,00	47,03	A	O
NGUYÊN TỬ	164	N	VAL	81	16,025	-11,391	-3,034	1,00	49,18	A	N
NGUYÊN TỬ	165	CA	VAL	81	17,173	-12,267	-2,967	1,00	52,16	A	C
NGUYÊN TỬ	166	CB	VAL	81	17,789	-12,222	-1,565	1,00	51,26	A	C
NGUYÊN TỬ	167	CG1	VAL	81	19,027	-13,107	-1,501	1,00	50,81	A	C
NGUYÊN TỬ	168	CG2	VAL	81	18,108	-10,791	-1,202	1,00	52,80	A	C
NGUYÊN TỬ	169	C	VAL	81	16,687	-13,676	-3,260	1,00	58,30	A	C
NGUYÊN TỬ	170	O	VAL	81	15,652	-14,112	-2,732	1,00	58,40	A	O
NGUYÊN TỬ	171	N	LEU	82	17,419	-14,393	-4,105	1,00	62,94	A	N
NGUYÊN TỬ	172	CA	LEU	82	16,997	-15,734	-4,454	1,00	67,59	A	C
NGUYÊN TỬ	173	CB	LEU	82	17,176	-15,949	-5,944	1,00	64,19	A	C
NGUYÊN TỬ	174	CG	LEU	82	16,407	-14,837	-6,666	1,00	61,66	A	C
NGUYÊN TỬ	175	CD1	LEU	82	16,570	-14,951	-8,164	1,00	60,74	A	C
NGUYÊN TỬ	176	CD2	LEU	82	14,938	-14,911	-6,290	1,00	62,60	A	C
NGUYÊN TỬ	177	C	LEU	82	17,778	-16,752	-3,648	1,00	73,85	A	C
NGUYÊN TỬ	178	O	LEU	82	18,800	-16,419	-3,042	1,00	72,57	A	O
NGUYÊN TỬ	179	N	LYS	83	17,268	-17,977	-3,596	1,00	82,70	A	N
NGUYÊN TỬ	180	CA	LYS	83	17,995	-19,055	-2,955	1,00	91,24	A	C
NGUYÊN TỬ	181	CB	LYS	83	17,184	-20,350	-3,050	1,00	92,11	A	C
NGUYÊN TỬ	182	CG	LYS	83	17,946	-21,613	-2,649	1,00	95,32	A	C
NGUYÊN TỬ	183	CD	LYS	83	18,130	-21,757	-1,140	1,00	96,21	A	C
NGUYÊN TỬ	184	CE	LYS	83	18,758	-23,120	-0,816	1,00	96,12	A	C
NGUYÊN TỬ	185	NZ	LYS	83	18,707	-23,483	0,629	1,00	99,11	A	N
NGUYÊN TỬ	186	C	LYS	83	19,320	-19,163	-3,694	1,00	95,80	A	C
NGUYÊN TỬ	187	O	LYS	83	19,366	-19,052	-4,919	1,00	98,45	A	O
NGUYÊN TỬ	188	N	GLU	84	20,399	-19,348	-2,945	1,00	100,77	A	N
NGUYÊN TỬ	189	CA	GLU	84	21,731	-19,311	-3,532	1,00	106,04	A	C
NGUYÊN TỬ	190	CB	GLU	84	22,793	-19,394	-2,441	1,00	108,26	A	C
NGUYÊN TỬ	191	CG	GLU	84	23,164	-20,797	-2,048	1,00	112,62	A	C
NGUYÊN TỬ	192	CD	GLU	84	24,181	-20,801	-0,937	1,00	116,07	A	C
NGUYÊN TỬ	193	OE1	GLU	84	25,398	-20,803	-1,237	1,00	119,19	A	O
NGUYÊN TỬ	194	OE2	GLU	84	23,763	-20,784	0,241	1,00	118,28	A	O
NGUYÊN TỬ	195	C	GLU	84	21,899	-20,459	-4,512	1,00	109,04	A	C
NGUYÊN TỬ	196	O	GLU	84	21,010	-21,299	-4,639	1,00	108,23	A	O
NGUYÊN TỬ	197	N	GLU	85	23,031	-20,490	-5,208	1,00	113,81	A	N
NGUYÊN TỬ	198	CA	GLU	85	23,242	-21,474	-6,261	1,00	118,74	A	C
NGUYÊN TỬ	199	CB	GLU	85	23,060	-22,890	-5,704	1,00	119,63	A	C
NGUYÊN TỬ	200	CG	GLU	85	24,229	-23,390	-4,870	1,00	122,20	A	C
NGUYÊN TỬ	201	CD	GLU	85	24,788	-24,704	-5,390	1,00	123,94	A	C
NGUYÊN TỬ	202	OE1	GLU	85	26,009	-24,936	-5,246	1,00	124,52	A	O
NGUYÊN TỬ	203	OE2	GLU	85	24,011	-25,512	-5,947	1,00	125,46	A	O
NGUYÊN TỬ	204	C	GLU	85	22,292	-21,252	-7,441	1,00	120,43	A	C
NGUYÊN TỬ	205	O	GLU	85	22,400	-21,919	-8,470	1,00	122,77	A	O
NGUYÊN TỬ	206	N	THR	86	21,364	-20,316	-7,290	1,00	120,31	A	N
NGUYÊN TỬ	207	CA	THR	86	20,463	-19,968	-8,373	1,00	119,91	A	C
NGUYÊN TỬ	208	CB	THR	86	19,357	-19,023	-7,869	1,00	117,92	A	C
NGUYÊN TỬ	209	OG1	THR	86	18,543	-19,715	-6,917	1,00	115,24	A	O
NGUYÊN TỬ	210	CG2	THR	86	18,483	-18,543	-9,021	1,00	115,66	A	C
NGUYÊN TỬ	211	C	THR	86	21,208	-19,325	-9,541	1,00	121,48	A	C
NGUYÊN TỬ	212	O	THR	86	22,160	-18,573	-9,353	1,00	122,30	A	O
NGUYÊN TỬ	213	N	HIS	87	20,764	-19,646	-10,752	1,00	123,45	A	N
NGUYÊN TỬ	214	CA	HIS	87	21,418	-19,198	-11,980	1,00	124,91	A	C
NGUYÊN TỬ	215	CB	HIS	87	21,213	-20,227	-13,090	1,00	127,94	A	C
NGUYÊN TỬ	216	CG	HIS	87	22,040	-21,453	-12,904	1,00	131,80	A	C
NGUYÊN TỬ	217	CD2	HIS	87	22,930	-21,773	-11,937	1,00	133,11	A	C
NGUYÊN TỬ	218	ND1	HIS	87	22,017	-22,507	-13,783	1,00	133,19	A	N
NGUYÊN TỬ	219	CE1	HIS	87	22,867	-23,433	-13,366	1,00	134,19	A	C
NGUYÊN TỬ	220	NE2	HIS	87	23,431	-23,012	-12,252	1,00	134,17	A	N
NGUYÊN TỬ	221	C	HIS	87	20,986	-17,836	-12,473	1,00	123,89	A	C
NGUYÊN TỬ	222	O	HIS	87	19,822	-17,466	-12,361	1,00	123,47	A	O
NGUYÊN TỬ	223	N	LEU	88	21,939	-17,106	-13,045	1,00	123,03	A	N
NGUYÊN TỬ	224	CA	LEU	88	21,688	-15,773	-13,574	1,00	122,10	A	C
NGUYÊN TỬ	225	CB	LEU	88	22,979	-15,195	-14,162	1,00	124,68	A	C
NGUYÊN TỬ	226	CG	LEU	88	24,215	-15,377	-13,273	1,00	126,86	A	C

NGUYÊN TỬ	227	CD1	LEU	88	25,432	-14,711	-13,909	1,00127,21	A	C
NGUYÊN TỬ	228	CD2	LEU	88	23,935	-14,794	-11,890	1,00128,06	A	C
NGUYÊN TỬ	229	C	LEU	88	20,603	-15,835	-14,641	1,00119,59	A	C
NGUYÊN TỬ	230	O	LEU	88	19,887	-14,861	-14,882	1,00118,95	A	O
NGUYÊN TỬ	231	N	SER	89	20,495	-16,992	-15,282	1,00117,17	A	N
NGUYÊN TỬ	232	CA	SER	89	19,381	-17,268	-16,174	1,00114,74	A	C
NGUYÊN TỬ	233	CB	SER	89	19,550	-18,648	-16,814	1,00115,37	A	C
NGUYÊN TỬ	234	OG	SER	89	19,719	-19,653	-15,825	1,00116,88	A	O
NGUYÊN TỬ	235	C	SER	89	18,111	-17,236	-15,341	1,00112,77	A	C
NGUYÊN TỬ	236	O	SER	89	17,099	-16,668	-15,752	1,00111,49	A	O
NGUYÊN TỬ	237	N	GLN	90	18,185	-17,840	-14,158	1,00110,68	A	N
NGUYÊN TỬ	238	CA	GLN	90	17,033	-17,967	-13,279	1,00108,49	A	C
NGUYÊN TỬ	239	CB	GLN	90	17,300	-19,042	-12,223	1,00108,59	A	C
NGUYÊN TỬ	240	CG	GLN	90	17,416	-20,449	-12,811	1,00109,07	A	C
NGUYÊN TỬ	241	CD	GLN	90	17,691	-21,518	-11,764	1,00109,15	A	C
NGUYÊN TỬ	242	OE1	GLN	90	18,790	-21,596	-11,212	1,00109,15	A	O
NGUYÊN TỬ	243	NE2	GLN	90	16,693	-22,353	-11,491	1,00108,63	A	N
NGUYÊN TỬ	244	C	GLN	90	16,680	-16,642	-12,611	1,00107,20	A	C
NGUYÊN TỬ	245	O	GLN	90	15,513	-16,250	-12,589	1,00106,82	A	O
NGUYÊN TỬ	246	N	SER	91	17,683	-15,949	-12,078	1,00105,29	A	N
NGUYÊN TỬ	247	CA	SER	91	17,472	-14,595	-11,569	1,00103,51	A	C
NGUYÊN TỬ	248	CB	SER	91	18,816	-13,871	-11,370	1,00102,29	A	C
NGUYÊN TỬ	249	OG	SER	91	19,158	-13,724	-10,000	1,00 98,21	A	O
NGUYÊN TỬ	250	C	SER	91	16,630	-13,833	-12,588	1,00103,23	A	C
NGUYÊN TỬ	251	O	SER	91	15,618	-13,227	-12,248	1,00102,98	A	O
NGUYÊN TỬ	252	N	GLU	92	17,045	-13,889	-13,847	1,00103,82	A	N
NGUYÊN TỬ	253	CA	GLU	92	16,451	-13,064	-14,884	1,00104,85	A	C
NGUYÊN TỬ	254	CB	GLU	92	17,181	-13,299	-16,211	1,00106,74	A	C
NGUYÊN TỬ	255	CG	GLU	92	16,427	-12,816	-17,447	1,00111,04	A	C
NGUYÊN TỬ	256	CD	GLU	92	15,480	-13,870	-18,016	1,00112,76	A	C
NGUYÊN TỬ	257	OE1	GLU	92	14,269	-13,583	-18,143	1,00114,41	A	O
NGUYÊN TỬ	258	OE2	GLU	92	15,948	-14,985	-18,336	1,00114,56	A	O
NGUYÊN TỬ	259	C	GLU	92	14,953	-13,302	-15,055	1,00104,14	A	C
NGUYÊN TỬ	260	O	GLU	92	14,180	-12,350	-15,106	1,00104,75	A	O
NGUYÊN TỬ	261	N	ARG	93	14,540	-14,566	-15,137	1,00103,50	A	N
NGUYÊN TỬ	262	CA	ARG	93	13,145	-14,899	-15,445	1,00101,47	A	C
NGUYÊN TỬ	263	CB	ARG	93	13,025	-16,375	-15,844	1,00106,48	A	C
NGUYÊN TỬ	264	CG	ARG	93	13,405	-16,665	-17,298	1,00113,16	A	C
NGUYÊN TỬ	265	CD	ARG	93	13,327	-18,161	-17,623	1,00120,42	A	C
NGUYÊN TỬ	266	NE	ARG	93	14,627	-18,826	-17,516	1,00128,11	A	N
NGUYÊN TỬ	267	CZ	ARG	93	14,826	-19,991	-16,906	1,00131,80	A	C
NGUYÊN TỬ	268	NH1	ARG	93	16,044	-20,518	-16,858	1,00134,30	A	N
NGUYÊN TỬ	269	NH2	ARG	93	13,807	-20,629	-16,345	1,00134,64	A	N
NGUYÊN TỬ	270	C	ARG	93	12,196	-14,600	-14,286	1,00 96,81	A	C
NGUYÊN TỬ	271	O	ARG	93	11,139	-13,990	-14,472	1,00 95,99	A	O
NGUYÊN TỬ	272	N	THR	94	12,577	-15,028	-13,089	1,00 91,16	A	N
NGUYÊN TỬ	273	CA	THR	94	11,852	-14,643	-11,890	1,00 86,23	A	C
NGUYÊN TỬ	274	CB	THR	94	12,723	-14,824	-10,640	1,00 83,21	A	C
NGUYÊN TỬ	275	OG1	THR	94	13,153	-16,185	-10,554	1,00 80,97	A	O
NGUYÊN TỬ	276	CG2	THR	94	11,949	-14,461	-9,388	1,00 80,14	A	C
NGUYÊN TỬ	277	C	THR	94	11,478	-13,171	-12,016	1,00 85,96	A	C
NGUYÊN TỬ	278	O	THR	94	10,414	-12,742	-11,577	1,00 85,37	A	O
NGUYÊN TỬ	279	N	ALA	95	12,361	-12,404	-12,641	1,00 85,71	A	N
NGUYÊN TỬ	280	CA	ALA	95	12,224	-10,960	-12,685	1,00 87,24	A	C
NGUYÊN TỬ	281	CB	ALA	95	13,581	-10,329	-12,931	1,00 85,86	A	C
NGUYÊN TỬ	282	C	ALA	95	11,239	-10,515	-13,758	1,00 88,89	A	C
NGUYÊN TỬ	283	O	ALA	95	10,460	-9,577	-13,554	1,00 88,87	A	O
NGUYÊN TỬ	284	N	ARG	96	11,282	-11,178	-14,909	1,00 91,47	A	N
NGUYÊN TỬ	285	CA	ARG	96	10,322	-10,896	-15,967	1,00 93,56	A	C
NGUYÊN TỬ	286	CB	ARG	96	10,772	-11,535	-17,286	1,00 97,53	A	C
NGUYÊN TỬ	287	CG	ARG	96	12,113	-11,029	-17,803	1,00102,81	A	C
NGUYÊN TỬ	288	CD	ARG	96	12,042	-9,567	-18,230	1,00108,59	A	C
NGUYÊN TỬ	289	NE	ARG	96	13,359	-9,039	-18,581	1,00114,78	A	N
NGUYÊN TỬ	290	CZ	ARG	96	13,603	-7,767	-18,876	1,00118,68	A	C
NGUYÊN TỬ	291	NH1	ARG	96	14,833	-7,380	-19,182	1,00121,30	A	N
NGUYÊN TỬ	292	NH2	ARG	96	12,617	-6,880	-18,864	1,00121,58	A	N
NGUYÊN TỬ	293	C	ARG	96	8,985	-11,477	-15,528	1,00 92,22	A	C
NGUYÊN TỬ	294	O	ARG	96	7,922	-10,918	-15,818	1,00 91,98	A	O
NGUYÊN TỬ	295	N	ARG	97	9,058	-12,595	-14,807	1,00 89,71	A	N
NGUYÊN TỬ	296	CA	ARG	97	7,876	-13,237	-14,245	1,00 87,42	A	C
NGUYÊN TỬ	297	CB	ARG	97	8,281	-14,483	-13,453	1,00 90,04	A	C
NGUYÊN TỬ	298	CG	ARG	97	7,103	-15,307	-12,940	1,00 94,32	A	C
NGUYÊN TỬ	299	CD	ARG	97	7,554	-16,678	-12,440	1,00 98,95	A	C
NGUYÊN TỬ	300	NE	ARG	97	6,539	-17,704	-12,666	1,00104,16	A	N
NGUYÊN TỬ	301	CZ	ARG	97	6,496	-18,489	-13,739	1,00107,61	A	C
NGUYÊN TỬ	302	NH1	ARG	97	5,533	-19,394	-13,860	1,00110,25	A	N

NGUYÊN TỬ	303	NH2	ARG	97	7,415	-18,372	-14,690	1,00	109,39	A	N
NGUYÊN TỬ	304	C	ARG	97	7,128	-12,271	-13,334	1,00	83,61	A	C
NGUYÊN TỬ	305	O	ARG	97	5,972	-11,936	-13,582	1,00	83,78	A	O
NGUYÊN TỬ	306	N	LEU	98	7,799	-11,822	-12,279	1,00	78,62	A	N
NGUYÊN TỬ	307	CA	LEU	98	7,213	-10,848	-11,378	1,00	73,43	A	C
NGUYÊN TỬ	308	CB	LEU	98	8,281	-10,279	-10,446	1,00	72,56	A	C
NGUYÊN TỬ	309	CG	LEU	98	8,084	-8,825	-10,006	1,00	71,98	A	C
NGUYÊN TỬ	310	CD1	LEU	98	6,792	-8,673	-9,218	1,00	70,37	A	C
NGUYÊN TỬ	311	CD2	LEU	98	9,282	-8,400	-9,171	1,00	71,13	A	C
NGUYÊN TỬ	312	C	LEU	98	6,592	-9,729	-12,184	1,00	70,64	A	C
NGUYÊN TỬ	313	O	LEU	98	5,426	-9,397	-12,011	1,00	69,36	A	O
NGUYÊN TỬ	314	N	GLN	99	7,376	-9,152	-13,080	1,00	69,00	A	N
NGUYÊN TỬ	315	CA	GLN	99	6,895	-8,026	-13,861	1,00	67,29	A	C
NGUYÊN TỬ	316	CB	GLN	99	7,986	-7,537	-14,808	1,00	67,31	A	C
NGUYÊN TỬ	317	CG	GLN	99	7,697	-6,182	-15,420	1,00	66,57	A	C
NGUYÊN TỬ	318	CD	GLN	99	8,960	-5,387	-15,623	1,00	66,92	A	C
NGUYÊN TỬ	319	OE1	GLN	99	8,930	-4,238	-16,068	1,00	67,28	A	O
NGUYÊN TỬ	320	NE2	GLN	99	10,092	-6,001	-15,294	1,00	66,83	A	N
NGUYÊN TỬ	321	C	GLN	99	5,671	-8,450	-14,660	1,00	65,61	A	C
NGUYÊN TỬ	322	O	GLN	99	4,781	-7,641	-14,931	1,00	64,48	A	O
NGUYÊN TỬ	323	N	ALA	100	5,645	-9,732	-15,024	1,00	64,28	A	N
NGUYÊN TỬ	324	CA	ALA	100	4,546	-10,316	-15,793	1,00	62,89	A	C
NGUYÊN TỬ	325	CB	ALA	100	4,904	-11,749	-16,201	1,00	61,93	A	C
NGUYÊN TỬ	326	C	ALA	100	3,248	-10,309	-14,980	1,00	62,26	A	C
NGUYÊN TỬ	327	O	ALA	100	2,250	-9,671	-15,364	1,00	60,92	A	O
NGUYÊN TỬ	328	N	GLN	101	3,271	-11,017	-13,856	1,00	59,83	A	N
NGUYÊN TỬ	329	CA	GLN	101	2,189	-10,931	-12,897	1,00	58,75	A	C
NGUYÊN TỬ	330	CB	GLN	101	2,619	-11,603	-11,610	1,00	56,30	A	C
NGUYÊN TỬ	331	CG	GLN	101	3,498	-12,803	-11,852	1,00	55,38	A	C
NGUYÊN TỬ	332	CD	GLN	101	3,346	-13,837	-10,770	1,00	55,44	A	C
NGUYÊN TỬ	333	OE1	GLN	101	2,402	-13,785	-9,989	1,00	57,12	A	O
NGUYÊN TỬ	334	NE2	GLN	101	4,275	-14,787	-10,712	1,00	55,95	A	N
NGUYÊN TỬ	335	C	GLN	101	1,888	-9,457	-12,638	1,00	59,50	A	C
NGUYÊN TỬ	336	O	GLN	101	0,918	-8,904	-13,158	1,00	60,05	A	O
NGUYÊN TỬ	337	N	ALA	102	2,745	-8,826	-11,843	1,00	59,21	A	N
NGUYÊN TỬ	338	CA	ALA	102	2,649	-7,403	-11,557	1,00	59,10	A	C
NGUYÊN TỬ	339	CB	ALA	102	4,030	-6,840	-11,318	1,00	56,43	A	C
NGUYÊN TỬ	340	C	ALA	102	1,974	-6,634	-12,681	1,00	60,79	A	C
NGUYÊN TỬ	341	O	ALA	102	1,054	-5,848	-12,447	1,00	60,89	A	O
NGUYÊN TỬ	342	N	ALA	103	2,440	-6,857	-13,904	1,00	63,30	A	N
NGUYÊN TỬ	343	CA	ALA	103	1,897	-6,143	-15,052	1,00	64,47	A	C
NGUYÊN TỬ	344	CB	ALA	103	2,489	-6,684	-16,347	1,00	65,31	A	C
NGUYÊN TỬ	345	C	ALA	103	0,392	-6,315	-15,061	1,00	64,88	A	C
NGUYÊN TỬ	346	O	ALA	103	-0,346	-5,346	-15,236	1,00	64,54	A	O
NGUYÊN TỬ	347	N	ARG	104	-0,052	-7,554	-14,848	1,00	65,14	A	N
NGUYÊN TỬ	348	CA	ARG	104	-1,458	-7,918	-15,003	1,00	65,17	A	C
NGUYÊN TỬ	349	CB	ARG	104	-1,598	-9,440	-15,097	1,00	63,37	A	C
NGUYÊN TỬ	350	CG	ARG	104	-1,198	-9,991	-16,454	1,00	62,23	A	C
NGUYÊN TỬ	351	CD	ARG	104	-1,540	-11,459	-16,593	1,00	61,80	A	C
NGUYÊN TỬ	352	NE	ARG	104	-0,642	-12,339	-15,846	1,00	61,29	A	N
NGUYÊN TỬ	353	CZ	ARG	104	0,397	-12,968	-16,387	1,00	61,76	A	C
NGUYÊN TỬ	354	NH1	ARG	104	1,164	-13,761	-15,644	1,00	61,55	A	N
NGUYÊN TỬ	355	NH2	ARG	104	0,675	-12,794	-17,674	1,00	61,90	A	N
NGUYÊN TỬ	356	C	ARG	104	-2,373	-7,381	-13,904	1,00	66,10	A	C
NGUYÊN TỬ	357	O	ARG	104	-3,469	-6,886	-14,195	1,00	65,62	A	O
NGUYÊN TỬ	358	N	ARG	105	-1,935	-7,473	-12,650	1,00	66,65	A	N
NGUYÊN TỬ	359	CA	ARG	105	-2,724	-6,935	-11,546	1,00	66,20	A	C
NGUYÊN TỬ	360	CB	ARG	105	-2,048	-7,221	-10,211	1,00	64,90	A	C
NGUYÊN TỬ	361	CG	ARG	105	-2,350	-8,581	-9,638	1,00	65,02	A	C
NGUYÊN TỬ	362	CD	ARG	105	-1,519	-9,681	-10,267	1,00	66,10	A	C
NGUYÊN TỬ	363	NE	ARG	105	-1,460	-10,832	-9,365	1,00	70,31	A	N
NGUYÊN TỬ	364	CZ	ARG	105	-1,306	-12,102	-9,742	1,00	72,23	A	C
NGUYÊN TỬ	365	NH1	ARG	105	-1,267	-13,060	-8,821	1,00	73,45	A	N
NGUYÊN TỬ	366	NH2	ARG	105	-1,191	-12,421	-11,028	1,00	73,04	A	N
NGUYÊN TỬ	367	C	ARG	105	-2,925	-5,437	-11,703	1,00	66,79	A	C
NGUYÊN TỬ	368	O	ARG	105	-3,706	-4,833	-10,979	1,00	67,02	A	O
NGUYÊN TỬ	369	N	GLY	106	-2,212	-4,836	-12,650	1,00	69,01	A	N
NGUYÊN TỬ	370	CA	GLY	106	-2,379	-3,415	-12,913	1,00	72,19	A	C
NGUYÊN TỬ	371	C	GLY	106	-1,244	-2,580	-12,353	1,00	73,50	A	C
NGUYÊN TỬ	372	O	GLY	106	-1,375	-1,367	-12,157	1,00	73,14	A	O
NGUYÊN TỬ	373	N	TYR	107	-0,126	-3,245	-12,086	1,00	75,51	A	N
NGUYÊN TỬ	374	CA	TYR	107	1,040	-2,590	-11,525	1,00	78,05	A	C
NGUYÊN TỬ	375	CB	TYR	107	1,454	-3,285	-10,235	1,00	77,61	A	C
NGUYÊN TỬ	376	CG	TYR	107	0,475	-3,021	-9,137	1,00	77,39	A	C
NGUYÊN TỬ	377	CD1	TYR	107	0,173	-1,725	-8,766	1,00	77,40	A	C
NGUYÊN TỬ	378	CE1	TYR	107	-0,771	-1,464	-7,808	1,00	78,07	A	C

NGUYÊN TỬ	379	CD2	TYR	107	-0,195	-4,058	-8,512	1,00	78,22	A	C
NGUYÊN TỬ	380	CE2	TYR	107	-1,147	-3,812	-7,550	1,00	77,52	A	C
NGUYÊN TỬ	381	CZ	TYR	107	-1,432	-2,512	-7,203	1,00	78,47	A	C
NGUYÊN TỬ	382	OH	TYR	107	-2,392	-2,253	-6,255	1,00	78,73	A	O
NGUYÊN TỬ	383	C	TYR	107	2,214	-2,548	-12,485	1,00	80,62	A	C
NGUYÊN TỬ	384	O	TYR	107	2,787	-3,583	-12,849	1,00	79,63	A	O
NGUYÊN TỬ	385	N	LEU	108	2,565	-1,332	-12,889	1,00	83,48	A	N
NGUYÊN TỬ	386	CA	LEU	108	3,802	-1,095	-13,610	1,00	84,85	A	C
NGUYÊN TỬ	387	CB	LEU	108	3,848	0,358	-14,084	1,00	86,63	A	C
NGUYÊN TỬ	388	CG	LEU	108	4,652	0,694	-15,342	1,00	88,85	A	C
NGUYÊN TỬ	389	CD1	LEU	108	4,615	2,204	-15,564	1,00	89,67	A	C
NGUYÊN TỬ	390	CD2	LEU	108	6,082	0,210	-15,194	1,00	89,84	A	C
NGUYÊN TỬ	391	C	LEU	108	4,937	-1,370	-12,624	1,00	84,33	A	C
NGUYÊN TỬ	392	O	LEU	108	4,827	-1,060	-11,440	1,00	85,33	A	O
NGUYÊN TỬ	393	N	THR	109	6,018	-1,964	-13,103	1,00	82,38	A	N
NGUYÊN TỬ	394	CA	THR	109	7,155	-2,227	-12,245	1,00	82,68	A	C
NGUYÊN TỬ	395	CB	THR	109	7,104	-3,653	-11,700	1,00	84,37	A	C
NGUYÊN TỬ	396	OG1	THR	109	7,043	-4,581	-12,789	1,00	86,52	A	O
NGUYÊN TỬ	397	CG2	THR	109	5,897	-3,823	-10,830	1,00	85,93	A	C
NGUYÊN TỬ	398	C	THR	109	8,461	-2,033	-13,000	1,00	81,95	A	C
NGUYÊN TỬ	399	O	THR	109	8,508	-2,201	-14,222	1,00	79,46	A	O
NGUYÊN TỬ	400	N	LYS	110	9,521	-1,676	-12,275	1,00	81,51	A	N
NGUYÊN TỬ	401	CA	LYS	110	10,832	-1,569	-12,890	1,00	81,24	A	C
NGUYÊN TỬ	402	CB	LYS	110	11,340	-0,129	-12,852	1,00	83,45	A	C
NGUYÊN TỬ	403	CG	LYS	110	12,617	0,074	-13,662	1,00	88,37	A	C
NGUYÊN TỬ	404	CD	LYS	110	13,088	1,523	-13,651	1,00	92,43	A	C
NGUYÊN TỬ	405	CE	LYS	110	12,099	2,444	-14,332	1,00	95,98	A	C
NGUYÊN TỬ	406	NZ	LYS	110	12,518	3,867	-14,197	1,00	100,67	A	N
NGUYÊN TỬ	407	C	LYS	110	11,854	-2,475	-12,241	1,00	79,14	A	C
NGUYÊN TỬ	408	O	LYS	110	11,905	-2,610	-11,022	1,00	79,79	A	O
NGUYÊN TỬ	409	N	ILE	111	12,666	-3,107	-13,076	1,00	75,80	A	N
NGUYÊN TỬ	410	CA	ILE	111	13,853	-3,785	-12,600	1,00	72,25	A	C
NGUYÊN TỬ	411	CB	ILE	111	14,150	-5,029	-13,430	1,00	71,02	A	C
NGUYÊN TỬ	412	CG2	ILE	111	15,397	-5,711	-12,898	1,00	69,49	A	C
NGUYÊN TỬ	413	CG1	ILE	111	12,952	-5,978	-13,391	1,00	69,43	A	C
NGUYÊN TỬ	414	CD1	ILE	111	12,768	-6,686	-12,071	1,00	67,40	A	C
NGUYÊN TỬ	415	C	ILE	111	15,024	-2,818	-12,738	1,00	71,50	A	C
NGUYÊN TỬ	416	O	ILE	111	15,347	-2,371	-13,841	1,00	71,60	A	O
NGUYÊN TỬ	417	N	LEU	112	15,655	-2,494	-11,615	1,00	69,75	A	N
NGUYÊN TỬ	418	CA	LEU	112	16,715	-1,496	-11,598	1,00	67,25	A	C
NGUYÊN TỬ	419	CB	LEU	112	16,689	-0,726	-10,279	1,00	65,97	A	C
NGUYÊN TỬ	420	CG	LEU	112	15,329	-0,103	-9,976	1,00	66,90	A	C
NGUYÊN TỬ	421	CD1	LEU	112	15,357	0,600	-8,627	1,00	67,88	A	C
NGUYÊN TỬ	422	CD2	LEU	112	14,962	0,850	-11,092	1,00	65,29	A	C
NGUYÊN TỬ	423	C	LEU	112	18,069	-2,166	-11,778	1,00	66,52	A	C
NGUYÊN TỬ	424	O	LEU	112	18,996	-1,589	-12,355	1,00	65,11	A	O
NGUYÊN TỬ	425	N	HIS	113	18,184	-3,387	-11,278	1,00	65,05	A	N
NGUYÊN TỬ	426	CA	HIS	113	19,458	-4,064	-11,327	1,00	66,25	A	C
NGUYÊN TỬ	427	CB	HIS	113	20,428	-3,433	-10,330	1,00	65,11	A	C
NGUYÊN TỬ	428	CG	HIS	113	21,807	-4,010	-10,387	1,00	63,95	A	C
NGUYÊN TỬ	429	CD2	HIS	113	22,500	-4,757	-9,495	1,00	63,35	A	C
NGUYÊN TỬ	430	ND1	HIS	113	22,638	-3,841	-11,473	1,00	63,07	A	N
NGUYÊN TỬ	431	CE1	HIS	113	23,783	-4,459	-11,248	1,00	63,01	A	C
NGUYÊN TỬ	432	NE2	HIS	113	23,725	-5,023	-10,056	1,00	63,38	A	N
NGUYÊN TỬ	433	C	HIS	113	19,321	-5,543	-11,035	1,00	67,36	A	C
NGUYÊN TỬ	434	O	HIS	113	18,547	-5,953	-10,176	1,00	67,90	A	O
NGUYÊN TỬ	435	N	VAL	114	20,087	-6,341	-11,760	1,00	68,11	A	N
NGUYÊN TỬ	436	CA	VAL	114	20,031	-7,774	-11,611	1,00	69,21	A	C
NGUYÊN TỬ	437	CB	VAL	114	19,688	-8,443	-12,955	1,00	68,54	A	C
NGUYÊN TỬ	438	CG1	VAL	114	19,579	-9,949	-12,775	1,00	67,55	A	C
NGUYÊN TỬ	439	CG2	VAL	114	18,388	-7,861	-13,507	1,00	64,17	A	C
NGUYÊN TỬ	440	C	VAL	114	21,387	-8,244	-11,129	1,00	71,04	A	C
NGUYÊN TỬ	441	O	VAL	114	22,392	-8,048	-11,804	1,00	71,37	A	O
NGUYÊN TỬ	442	N	PHE	115	21,415	-8,852	-9,953	1,00	73,34	A	N
NGUYÊN TỬ	443	CA	PHE	115	22,674	-9,255	-9,353	1,00	76,69	A	C
NGUYÊN TỬ	444	CB	PHE	115	22,500	-9,484	-7,856	1,00	77,67	A	C
NGUYÊN TỬ	445	CG	PHE	115	22,268	-8,233	-7,087	1,00	79,20	A	C
NGUYÊN TỬ	446	CD1	PHE	115	20,986	-7,852	-6,737	1,00	79,95	A	C
NGUYÊN TỬ	447	CD2	PHE	115	23,330	-7,423	-6,734	1,00	79,39	A	C
NGUYÊN TỬ	448	CE1	PHE	115	20,766	-6,686	-6,052	1,00	81,16	A	C
NGUYÊN TỬ	449	CE2	PHE	115	23,120	-6,250	-6,046	1,00	80,76	A	C
NGUYÊN TỬ	450	CZ	PHE	115	21,838	-5,880	-5,704	1,00	82,11	A	C
NGUYÊN TỬ	451	C	PHE	115	23,217	-10,518	-9,981	1,00	78,95	A	C
NGUYÊN TỬ	452	O	PHE	115	22,708	-11,618	-9,739	1,00	79,39	A	O
NGUYÊN TỬ	453	N	HIS	116	24,257	-10,364	-10,791	1,00	81,04	A	N
NGUYÊN TỬ	454	CA	HIS	116	25,087	-11,504	-11,131	1,00	82,56	A	C

NGUYÊN TỬ	455	CB	HIS	116	25,073	-11,768	-12,647	1,00	86,34	A	C
NGUYÊN TỬ	456	CG	HIS	116	25,224	-10,544	-13,498	1,00	89,89	A	C
NGUYÊN TỬ	457	CD2	HIS	116	26,095	-10,260	-14,496	1,00	91,04	A	C
NGUYÊN TỬ	458	ND1	HIS	116	24,360	-9,472	-13,428	1,00	91,27	A	N
NGUYÊN TỬ	459	CE1	HIS	116	24,689	-8,583	-14,349	1,00	92,06	A	C
NGUYÊN TỬ	460	NE2	HIS	116	25,737	-9,038	-15,011	1,00	91,87	A	N
NGUYÊN TỬ	461	C	HIS	116	26,510	-11,314	-10,621	1,00	80,27	A	C
NGUYÊN TỬ	462	O	HIS	116	27,413	-10,946	-11,370	1,00	80,70	A	O
NGUYÊN TỬ	463	N	GLY	117	26,696	-11,572	-9,330	1,00	76,62	A	N
NGUYÊN TỬ	464	CA	GLY	117	27,997	-11,369	-8,729	1,00	72,53	A	C
NGUYÊN TỬ	465	C	GLY	117	28,215	-12,075	-7,406	1,00	69,71	A	C
NGUYÊN TỬ	466	O	GLY	117	28,740	-13,186	-7,363	1,00	68,94	A	O
NGUYÊN TỬ	467	N	LEU	118	27,834	-11,437	-6,310	1,00	67,10	A	N
NGUYÊN TỬ	468	CA	LEU	118	28,133	-12,025	-5,019	1,00	65,67	A	C
NGUYÊN TỬ	469	CB	LEU	118	28,931	-11,040	-4,154	1,00	64,83	A	C
NGUYÊN TỬ	470	CG	LEU	118	28,219	-9,904	-3,427	1,00	62,63	A	C
NGUYÊN TỬ	471	CD1	LEU	118	29,171	-9,337	-2,418	1,00	61,32	A	C
NGUYÊN TỬ	472	CD2	LEU	118	27,746	-8,834	-4,398	1,00	62,31	A	C
NGUYÊN TỬ	473	C	LEU	118	26,845	-12,441	-4,333	1,00	64,76	A	C
NGUYÊN TỬ	474	O	LEU	118	26,839	-12,867	-3,180	1,00	65,29	A	O
NGUYÊN TỬ	475	N	LEU	119	25,749	-12,334	-5,071	1,00	63,71	A	N
NGUYÊN TỬ	476	CA	LEU	119	24,451	-12,710	-4,548	1,00	62,88	A	C
NGUYÊN TỬ	477	CB	LEU	119	23,998	-11,653	-3,549	1,00	65,56	A	C
NGUYÊN TỬ	478	CG	LEU	119	22,666	-11,858	-2,840	1,00	66,68	A	C
NGUYÊN TỬ	479	CD1	LEU	119	22,840	-12,943	-1,799	1,00	68,24	A	C
NGUYÊN TỬ	480	CD2	LEU	119	22,226	-10,553	-2,188	1,00	67,19	A	C
NGUYÊN TỬ	481	C	LEU	119	23,424	-12,846	-5,682	1,00	61,76	A	C
NGUYÊN TỬ	482	O	LEU	119	23,265	-11,942	-6,505	1,00	61,17	A	O
NGUYÊN TỬ	483	N	PRO	120	22,717	-13,988	-5,739	1,00	60,22	A	N
NGUYÊN TỬ	484	CD	PRO	120	22,785	-15,117	-4,795	1,00	59,04	A	C
NGUYÊN TỬ	485	CA	PRO	120	21,706	-14,209	-6,774	1,00	58,33	A	C
NGUYÊN TỬ	486	CB	PRO	120	21,360	-15,677	-6,621	1,00	57,41	A	C
NGUYÊN TỬ	487	CG	PRO	120	21,598	-15,948	-5,181	1,00	58,24	A	C
NGUYÊN TỬ	488	C	PRO	120	20,513	-13,336	-6,472	1,00	58,32	A	C
NGUYÊN TỬ	489	O	PRO	120	20,147	-13,197	-5,301	1,00	60,08	A	O
NGUYÊN TỬ	490	N	GLY	121	19,906	-12,754	-7,507	1,00	55,72	A	N
NGUYÊN TỬ	491	CA	GLY	121	18,684	-11,998	-7,301	1,00	51,86	A	C
NGUYÊN TỬ	492	C	GLY	121	18,687	-10,663	-8,012	1,00	51,21	A	C
NGUYÊN TỬ	493	O	GLY	121	19,580	-10,378	-8,803	1,00	51,96	A	O
NGUYÊN TỬ	494	N	PHE	122	17,689	-9,833	-7,737	1,00	49,58	A	N
NGUYÊN TỬ	495	CA	PHE	122	17,612	-8,536	-8,383	1,00	47,46	A	C
NGUYÊN TỬ	496	CB	PHE	122	16,813	-8,664	-9,676	1,00	45,66	A	C
NGUYÊN TỬ	497	CG	PHE	122	15,418	-9,178	-9,473	1,00	44,33	A	C
NGUYÊN TỬ	498	CD1	PHE	122	14,341	-8,307	-9,473	1,00	42,51	A	C
NGUYÊN TỬ	499	CD2	PHE	122	15,182	-10,536	-9,268	1,00	41,45	A	C
NGUYÊN TỬ	500	CE1	PHE	122	13,056	-8,787	-9,273	1,00	42,67	A	C
NGUYÊN TỬ	501	CE2	PHE	122	13,906	-11,013	-9,070	1,00	37,88	A	C
NGUYÊN TỬ	502	CZ	PHE	122	12,843	-10,143	-9,071	1,00	38,44	A	C
NGUYÊN TỬ	503	C	PHE	122	16,990	-7,463	-7,486	1,00	47,82	A	C
NGUYÊN TỬ	504	O	PHE	122	16,384	-7,773	-6,455	1,00	46,93	A	O
NGUYÊN TỬ	505	N	LEU	123	17,160	-6,201	-7,882	1,00	48,30	A	N
NGUYÊN TỬ	506	CA	LEU	123	16,489	-5,073	-7,229	1,00	49,55	A	C
NGUYÊN TỬ	507	CB	LEU	123	17,468	-3,902	-6,993	1,00	50,43	A	C
NGUYÊN TỬ	508	CG	LEU	123	16,892	-2,637	-6,317	1,00	50,76	A	C
NGUYÊN TỬ	509	CD1	LEU	123	16,958	-2,807	-4,803	1,00	50,11	A	C
NGUYÊN TỬ	510	CD2	LEU	123	17,666	-1,383	-6,744	1,00	47,52	A	C
NGUYÊN TỬ	511	C	LEU	123	15,342	-4,592	-8,109	1,00	49,64	A	C
NGUYÊN TỬ	512	O	LEU	123	15,496	-4,450	-9,326	1,00	49,87	A	O
NGUYÊN TỬ	513	N	VAL	124	14,199	-4,331	-7,483	1,00	50,02	A	N
NGUYÊN TỬ	514	CA	VAL	124	12,982	-3,987	-8,203	1,00	49,18	A	C
NGUYÊN TỬ	515	CB	VAL	124	11,981	-5,159	-8,182	1,00	47,70	A	C
NGUYÊN TỬ	516	CG1	VAL	124	11,675	-5,567	-6,728	1,00	43,41	A	C
NGUYÊN TỬ	517	CG2	VAL	124	10,692	-4,746	-8,896	1,00	46,32	A	C
NGUYÊN TỬ	518	C	VAL	124	12,298	-2,774	-7,587	1,00	50,07	A	C
NGUYÊN TỬ	519	O	VAL	124	12,255	-2,628	-6,362	1,00	49,64	A	O
NGUYÊN TỬ	520	N	LYS	125	11,751	-1,921	-8,447	1,00	50,54	A	N
NGUYÊN TỬ	521	CA	LYS	125	10,944	-0,785	-8,021	1,00	51,53	A	C
NGUYÊN TỬ	522	CB	LYS	125	11,382	0,467	-8,796	1,00	53,26	A	C
NGUYÊN TỬ	523	CG	LYS	125	10,786	1,778	-8,315	1,00	55,05	A	C
NGUYÊN TỬ	524	CD	LYS	125	11,670	2,951	-8,741	1,00	58,38	A	C
NGUYÊN TỬ	525	CE	LYS	125	11,108	4,289	-8,255	1,00	60,15	A	C
NGUYÊN TỬ	526	NZ	LYS	125	11,497	5,417	-9,155	1,00	61,63	A	N
NGUYÊN TỬ	527	C	LYS	125	9,462	-1,088	-8,284	1,00	51,78	A	C
NGUYÊN TỬ	528	O	LYS	125	8,991	-1,027	-9,426	1,00	52,65	A	O
NGUYÊN TỬ	529	N	MET	126	8,733	-1,431	-7,225	1,00	51,29	A	N
NGUYÊN TỬ	530	CA	MET	126	7,319	-1,765	-7,342	1,00	49,75	A	C

NGUYÊN TỬ	531	CB	MET	126	7,119	-3,285	-7,354	1,00	49,94	A	C
NGUYÊN TỬ	532	CG	MET	126	7,627	-4,011	-6,116	1,00	51,30	A	C
NGUYÊN TỬ	533	SD	MET	126	7,626	-5,837	-6,339	1,00	56,10	A	S
NGUYÊN TỬ	534	CE	MET	126	7,973	-6,399	-4,675	1,00	54,16	A	C
NGUYÊN TỬ	535	C	MET	126	6,565	-1,169	-6,172	1,00	49,16	A	C
NGUYÊN TỬ	536	O	MET	126	7,180	-0,762	-5,185	1,00	47,47	A	O
NGUYÊN TỬ	537	N	SER	127	5,236	-1,117	-6,287	1,00	48,54	A	N
NGUYÊN TỬ	538	CA	SER	127	4,383	-0,842	-5,137	1,00	46,28	A	C
NGUYÊN TỬ	539	CB	SER	127	2,917	-0,775	-5,537	1,00	47,48	A	C
NGUYÊN TỬ	540	OG	SER	127	2,103	-0,803	-4,375	1,00	47,10	A	O
NGUYÊN TỬ	541	C	SER	127	4,540	-1,934	-4,096	1,00	44,81	A	C
NGUYÊN TỬ	542	O	SER	127	4,769	-3,094	-4,436	1,00	44,11	A	O
NGUYÊN TỬ	543	N	GLY	128	4,416	-1,548	-2,828	1,00	42,54	A	N
NGUYÊN TỬ	544	CA	GLY	128	4,503	-2,504	-1,748	1,00	39,84	A	C
NGUYÊN TỬ	545	C	GLY	128	3,353	-3,484	-1,829	1,00	40,64	A	C
NGUYÊN TỬ	546	O	GLY	128	3,475	-4,625	-1,378	1,00	40,33	A	O
NGUYÊN TỬ	547	N	ASP	129	2,241	-3,050	-2,417	1,00	40,43	A	N
NGUYÊN TỬ	548	CA	ASP	129	1,109	-3,932	-2,637	1,00	41,66	A	C
NGUYÊN TỬ	549	CB	ASP	129	0,170	-3,337	-3,683	1,00	41,97	A	C
NGUYÊN TỬ	550	CG	ASP	129	-0,675	-2,192	-3,133	1,00	45,41	A	C
NGUYÊN TỬ	551	OD1	ASP	129	-0,446	-1,771	-1,978	1,00	48,87	A	O
NGUYÊN TỬ	552	OD2	ASP	129	-1,577	-1,708	-3,853	1,00	45,68	A	O
NGUYÊN TỬ	553	C	ASP	129	1,570	-5,311	-3,093	1,00	43,90	A	C
NGUYÊN TỬ	554	O	ASP	129	0,985	-6,325	-2,704	1,00	46,09	A	O
NGUYÊN TỬ	555	N	LEU	130	2,627	-5,360	-3,898	1,00	43,76	A	N
NGUYÊN TỬ	556	CA	LEU	130	3,029	-6,610	-4,533	1,00	45,35	A	C
NGUYÊN TỬ	557	CB	LEU	130	3,659	-6,327	-5,905	1,00	43,26	A	C
NGUYÊN TỬ	558	CG	LEU	130	2,677	-5,821	-6,978	1,00	43,78	A	C
NGUYÊN TỬ	559	CD1	LEU	130	3,369	-4,889	-7,958	1,00	42,09	A	C
NGUYÊN TỬ	560	CD2	LEU	130	2,057	-7,012	-7,700	1,00	40,85	A	C
NGUYÊN TỬ	561	C	LEU	130	3,985	-7,428	-3,676	1,00	48,24	A	C
NGUYÊN TỬ	562	O	LEU	130	4,656	-8,344	-4,167	1,00	47,63	A	O
NGUYÊN TỬ	563	N	LEU	131	4,054	-7,116	-2,390	1,00	52,01	A	N
NGUYÊN TỬ	564	CA	LEU	131	4,981	-7,844	-1,541	1,00	56,99	A	C
NGUYÊN TỬ	565	CB	LEU	131	5,274	-7,056	-0,269	1,00	55,21	A	C
NGUYÊN TỬ	566	CG	LEU	131	6,139	-5,830	-0,544	1,00	53,21	A	C
NGUYÊN TỬ	567	CD1	LEU	131	5,883	-4,777	0,502	1,00	51,08	A	C
NGUYÊN TỬ	568	CD2	LEU	131	7,591	-6,244	-0,589	1,00	51,08	A	C
NGUYÊN TỬ	569	C	LEU	131	4,442	-9,217	-1,199	1,00	61,74	A	C
NGUYÊN TỬ	570	O	LEU	131	5,199	-10,188	-1,150	1,00	62,05	A	O
NGUYÊN TỬ	571	N	GLU	132	3,133	-9,303	-0,969	1,00	67,01	A	N
NGUYÊN TỬ	572	CA	GLU	132	2,494	-10,600	-0,757	1,00	70,97	A	C
NGUYÊN TỬ	573	CB	GLU	132	0,973	-10,437	-0,698	1,00	76,59	A	C
NGUYÊN TỬ	574	CG	GLU	132	0,198	-11,744	-0,504	1,00	85,24	A	C
NGUYÊN TỬ	575	CD	GLU	132	-1,324	-11,542	-0,472	1,00	90,08	A	C
NGUYÊN TỬ	576	OE1	GLU	132	-2,060	-12,555	-0,564	1,00	93,16	A	O
NGUYÊN TỬ	577	OE2	GLU	132	-1,782	-10,376	-0,354	1,00	91,94	A	O
NGUYÊN TỬ	578	C	GLU	132	2,870	-11,473	-1,946	1,00	71,12	A	C
NGUYÊN TỬ	579	O	GLU	132	3,437	-12,563	-1,797	1,00	70,53	A	O
NGUYÊN TỬ	580	N	LEU	133	2,574	-10,948	-3,133	1,00	70,73	A	N
NGUYÊN TỬ	581	CA	LEU	133	2,831	-11,636	-4,390	1,00	70,60	A	C
NGUYÊN TỬ	582	CB	LEU	133	2,546	-10,687	-5,554	1,00	67,75	A	C
NGUYÊN TỬ	583	CG	LEU	133	1,958	-11,328	-6,807	1,00	66,81	A	C
NGUYÊN TỬ	584	CD1	LEU	133	1,959	-10,320	-7,933	1,00	65,64	A	C
NGUYÊN TỬ	585	CD2	LEU	133	2,765	-12,559	-7,190	1,00	66,81	A	C
NGUYÊN TỬ	586	C	LEU	133	4,264	-12,162	-4,494	1,00	72,24	A	C
NGUYÊN TỬ	587	O	LEU	133	4,491	-13,370	-4,554	1,00	73,30	A	O
NGUYÊN TỬ	588	N	ALA	134	5,230	-11,248	-4,504	1,00	73,74	A	N
NGUYÊN TỬ	589	CA	ALA	134	6,602	-11,575	-4,885	1,00	74,48	A	C
NGUYÊN TỬ	590	CB	ALA	134	7,446	-10,314	-4,889	1,00	75,03	A	C
NGUYÊN TỬ	591	C	ALA	134	7,255	-12,628	-4,001	1,00	75,73	A	C
NGUYÊN TỬ	592	O	ALA	134	8,214	-13,278	-4,411	1,00	73,90	A	O
NGUYÊN TỬ	593	N	LEU	135	6,743	-12,791	-2,786	1,00	78,60	A	N
NGUYÊN TỬ	594	CA	LEU	135	7,309	-13,761	-1,860	1,00	81,85	A	C
NGUYÊN TỬ	595	CB	LEU	135	6,842	-13,463	-0,439	1,00	78,00	A	C
NGUYÊN TỬ	596	CG	LEU	135	7,491	-12,298	0,306	1,00	74,37	A	C
NGUYÊN TỬ	597	CD1	LEU	135	6,520	-11,772	1,326	1,00	71,67	A	C
NGUYÊN TỬ	598	CD2	LEU	135	8,775	-12,745	0,971	1,00	72,66	A	C
NGUYÊN TỬ	599	C	LEU	135	6,876	-15,164	-2,258	1,00	86,28	A	C
NGUYÊN TỬ	600	O	LEU	135	7,490	-16,155	-1,857	1,00	86,58	A	O
NGUYÊN TỬ	601	N	LYS	136	5,807	-15,237	-3,047	1,00	92,64	A	N
NGUYÊN TỬ	602	CA	LYS	136	5,318	-16,511	-3,560	1,00	99,95	A	C
NGUYÊN TỬ	603	CB	LYS	136	3,922	-16,342	-4,172	1,00	101,68	A	C
NGUYÊN TỬ	604	CG	LYS	136	2,818	-16,042	-3,164	1,00	104,97	A	C
NGUYÊN TỬ	605	CD	LYS	136	1,451	-16,030	-3,834	1,00	108,72	A	C
NGUYÊN TỬ	606	CE	LYS	136	0,374	-15,490	-2,906	1,00	112,39	A	C

NGUYÊN TỬ	607	NZ	LYS	136	0,413	-16,148	-1,572	1,00	114,91	A	N
NGUYÊN TỬ	608	C	LYS	136	6,276	-17,056	-4,613	1,00	104,36	A	C
NGUYÊN TỬ	609	O	LYS	136	6,599	-18,246	-4,616	1,00	104,13	A	O
NGUYÊN TỬ	610	N	LEU	137	6,735	-16,173	-5,495	1,00	109,27	A	N
NGUYÊN TỬ	611	CA	LEU	137	7,615	-16,559	-6,589	1,00	112,82	A	C
NGUYÊN TỬ	612	CB	LEU	137	8,316	-15,325	-7,149	1,00	113,33	A	C
NGUYÊN TỬ	613	CG	LEU	137	7,332	-14,245	-7,588	1,00	114,59	A	C
NGUYÊN TỬ	614	CD1	LEU	137	8,040	-13,223	-8,463	1,00	113,74	A	C
NGUYÊN TỬ	615	CD2	LEU	137	6,183	-14,900	-8,343	1,00	113,79	A	C
NGUYÊN TỬ	616	C	LEU	137	8,647	-17,590	-6,163	1,00	113,26	A	C
NGUYÊN TỬ	617	O	LEU	137	9,098	-17,601	-5,017	1,00	116,86	A	O
NGUYÊN TỬ	618	N	PRO	138	9,021	-18,482	-7,090	1,00	111,23	A	N
NGUYÊN TỬ	619	CD	PRO	138	8,460	-18,468	-8,452	1,00	111,87	A	C
NGUYÊN TỬ	620	CA	PRO	138	9,942	-19,607	-6,891	1,00	109,31	A	C
NGUYÊN TỬ	621	CB	PRO	138	9,671	-20,501	-8,091	1,00	110,49	A	C
NGUYÊN TỬ	622	CG	PRO	138	9,241	-19,542	-9,157	1,00	111,00	A	C
NGUYÊN TỬ	623	C	PRO	138	11,411	-19,196	-6,815	1,00	106,05	A	C
NGUYÊN TỬ	624	O	PRO	138	11,811	-18,178	-7,378	1,00	104,55	A	O
NGUYÊN TỬ	625	N	HIS	139	12,203	-20,014	-6,124	1,00	103,94	A	N
NGUYÊN TỬ	626	CA	HIS	139	13,634	-19,771	-5,942	1,00	101,12	A	C
NGUYÊN TỬ	627	CB	HIS	139	14,288	-19,368	-7,275	1,00	106,04	A	C
NGUYÊN TỬ	628	CG	HIS	139	14,255	-20,439	-8,326	1,00	110,34	A	C
NGUYÊN TỬ	629	CD2	HIS	139	13,765	-20,433	-9,589	1,00	112,17	A	C
NGUYÊN TỬ	630	ND1	HIS	139	14,799	-21,690	-8,133	1,00	112,32	A	N
NGUYÊN TỬ	631	CE1	HIS	139	14,647	-22,409	-9,232	1,00	113,63	A	C
NGUYÊN TỬ	632	NE2	HIS	139	14,023	-21,669	-10,130	1,00	113,61	A	N
NGUYÊN TỬ	633	C	HIS	139	13,894	-18,687	-4,885	1,00	95,84	A	C
NGUYÊN TỬ	634	O	HIS	139	14,899	-18,738	-4,166	1,00	95,18	A	O
NGUYÊN TỬ	635	N	VAL	140	12,977	-17,722	-4,794	1,00	87,12	A	N
NGUYÊN TỬ	636	CA	VAL	140	13,104	-16,590	-3,881	1,00	78,27	A	C
NGUYÊN TỬ	637	CB	VAL	140	11,864	-15,710	-3,945	1,00	76,69	A	C
NGUYÊN TỬ	638	CG1	VAL	140	11,989	-14,581	-2,963	1,00	76,29	A	C
NGUYÊN TỬ	639	CG2	VAL	140	11,684	-15,182	-5,340	1,00	76,45	A	C
NGUYÊN TỬ	640	C	VAL	140	13,314	-16,999	-2,425	1,00	73,68	A	C
NGUYÊN TỬ	641	O	VAL	140	12,556	-17,800	-1,886	1,00	74,17	A	O
NGUYÊN TỬ	642	N	ASP	141	14,334	-16,425	-1,790	1,00	67,84	A	N
NGUYÊN TỬ	643	CA	ASP	141	14,716	-16,781	-0,421	1,00	61,64	A	C
NGUYÊN TỬ	644	CB	ASP	141	16,243	-16,806	-0,307	1,00	60,92	A	C
NGUYÊN TỬ	645	CG	ASP	141	16,726	-17,205	1,077	1,00	60,19	A	C
NGUYÊN TỬ	646	OD1	ASP	141	15,931	-17,128	2,038	1,00	62,25	A	O
NGUYÊN TỬ	647	OD2	ASP	141	17,908	-17,594	1,204	1,00	57,97	A	O
NGUYÊN TỬ	648	C	ASP	141	14,141	-15,800	0,605	1,00	58,24	A	C
NGUYÊN TỬ	649	O	ASP	141	13,682	-16,199	1,677	1,00	56,40	A	O
NGUYÊN TỬ	650	N	TYR	142	14,192	-14,514	0,269	1,00	54,75	A	N
NGUYÊN TỬ	651	CA	TYR	142	13,602	-13,460	1,087	1,00	50,27	A	C
NGUYÊN TỬ	652	CB	TYR	142	14,327	-13,346	2,429	1,00	49,53	A	C
NGUYÊN TỬ	653	CG	TYR	142	15,789	-12,950	2,337	1,00	50,08	A	C
NGUYÊN TỬ	654	CD1	TYR	142	16,173	-11,607	2,243	1,00	49,37	A	C
NGUYÊN TỬ	655	CE1	TYR	142	17,505	-11,247	2,179	1,00	45,77	A	C
NGUYÊN TỬ	656	CD2	TYR	142	16,787	-13,910	2,364	1,00	48,54	A	C
NGUYÊN TỬ	657	CE2	TYR	142	18,119	-13,552	2,300	1,00	48,20	A	C
NGUYÊN TỬ	658	CZ	TYR	142	18,470	-12,223	2,209	1,00	47,16	A	C
NGUYÊN TỬ	659	OH	TYR	142	19,804	-11,890	2,162	1,00	47,82	A	O
NGUYÊN TỬ	660	C	TYR	142	13,717	-12,153	0,335	1,00	48,09	A	C
NGUYÊN TỬ	661	O	TYR	142	14,582	-12,011	-0,520	1,00	48,03	A	O
NGUYÊN TỬ	662	N	ILE	143	12,847	-11,201	0,650	1,00	46,96	A	N
NGUYÊN TỬ	663	CA	ILE	143	12,880	-9,894	0,002	1,00	45,43	A	C
NGUYÊN TỬ	664	CB	ILE	143	11,558	-9,602	-0,718	1,00	43,93	A	C
NGUYÊN TỬ	665	CG2	ILE	143	11,539	-8,159	-1,213	1,00	42,29	A	C
NGUYÊN TỬ	666	CG1	ILE	143	11,377	-10,588	-1,877	1,00	44,21	A	C
NGUYÊN TỬ	667	CD1	ILE	143	10,176	-10,287	-2,765	1,00	43,87	A	C
NGUYÊN TỬ	668	C	ILE	143	13,122	-8,783	1,010	1,00	45,82	A	C
NGUYÊN TỬ	669	O	ILE	143	12,432	-8,701	2,024	1,00	47,06	A	O
NGUYÊN TỬ	670	N	GLU	144	14,090	-7,913	0,740	1,00	45,93	A	N
NGUYÊN TỬ	671	CA	GLU	144	14,306	-6,784	1,634	1,00	45,04	A	C
NGUYÊN TỬ	672	CB	GLU	144	15,774	-6,671	2,033	1,00	44,77	A	C
NGUYÊN TỬ	673	CG	GLU	144	15,934	-6,424	3,525	1,00	46,74	A	C
NGUYÊN TỬ	674	CD	GLU	144	17,360	-6,169	3,944	1,00	49,18	A	C
NGUYÊN TỬ	675	OE1	GLU	144	18,061	-7,157	4,293	1,00	49,24	A	O
NGUYÊN TỬ	676	OE2	GLU	144	17,774	-4,981	3,927	1,00	48,88	A	O
NGUYÊN TỬ	677	C	GLU	144	13,832	-5,456	1,075	1,00	44,39	A	C
NGUYÊN TỬ	678	O	GLU	144	13,848	-5,222	-0,133	1,00	45,65	A	O
NGUYÊN TỬ	679	N	GLU	145	13,399	-4,581	1,970	1,00	43,72	A	N
NGUYÊN TỬ	680	CA	GLU	145	12,995	-3,247	1,568	1,00	42,02	A	C
NGUYÊN TỬ	681	CB	GLU	145	11,828	-2,797	2,427	1,00	43,89	A	C
NGUYÊN TỬ	682	CG	GLU	145	11,463	-1,345	2,287	1,00	46,61	A	C

NGUYÊN TỬ	683	CD	GLU	145	10,678	-0,873	3,478	1,00	47,51	A	C
NGUYÊN TỬ	684	OE1	GLU	145	11,226	-0,933	4,601	1,00	48,29	A	O
NGUYÊN TỬ	685	OE2	GLU	145	9,518	-0,455	3,294	1,00	49,39	A	O
NGUYÊN TỬ	686	C	GLU	145	14,168	-2,289	1,730	1,00	40,96	A	C
NGUYÊN TỬ	687	O	GLU	145	14,794	-2,218	2,795	1,00	38,91	A	O
NGUYÊN TỬ	688	N	ASP	146	14,459	-1,554	0,661	1,00	40,13	A	N
NGUYÊN TỬ	689	CA	ASP	146	15,592	-0,625	0,625	1,00	38,49	A	C
NGUYÊN TỬ	690	CB	ASP	146	15,517	0,226	-0,651	1,00	39,89	A	C
NGUYÊN TỬ	691	CG	ASP	146	16,890	0,626	-1,178	1,00	40,94	A	C
NGUYÊN TỬ	692	OD1	ASP	146	17,912	0,084	-0,697	1,00	41,19	A	O
NGUYÊN TỬ	693	OD2	ASP	146	16,936	1,486	-2,085	1,00	41,04	A	O
NGUYÊN TỬ	694	C	ASP	146	15,607	0,287	1,853	1,00	36,42	A	C
NGUYÊN TỬ	695	O	ASP	146	14,557	0,627	2,406	1,00	37,06	A	O
NGUYÊN TỬ	696	N	SER	147	16,801	0,690	2,262	1,00	33,43	A	N
NGUYÊN TỬ	697	CA	SER	147	16,970	1,466	3,480	1,00	33,76	A	C
NGUYÊN TỬ	698	CB	SER	147	17,033	0,516	4,675	1,00	30,49	A	C
NGUYÊN TỬ	699	OG	SER	147	17,929	1,016	5,653	1,00	34,97	A	O
NGUYÊN TỬ	700	C	SER	147	18,232	2,367	3,436	1,00	34,29	A	C
NGUYÊN TỬ	701	O	SER	147	19,248	2,018	2,835	1,00	32,95	A	O
NGUYÊN TỬ	702	N	SER	148	18,165	3,525	4,084	1,00	33,24	A	N
NGUYÊN TỬ	703	CA	SER	148	19,235	4,508	3,973	1,00	30,80	A	C
NGUYÊN TỬ	704	CB	SER	148	18,746	5,872	4,486	1,00	30,12	A	C
NGUYÊN TỬ	705	OG	SER	148	17,859	6,474	3,555	1,00	30,98	A	O
NGUYÊN TỬ	706	C	SER	148	20,513	4,110	4,704	1,00	29,06	A	C
NGUYÊN TỬ	707	O	SER	148	20,469	3,465	5,749	1,00	28,62	A	O
NGUYÊN TỬ	708	N	VAL	149	21,653	4,493	4,141	1,00	26,45	A	N
NGUYÊN TỬ	709	CA	VAL	149	22,893	4,467	4,882	1,00	26,25	A	C
NGUYÊN TỬ	710	CB	VAL	149	23,937	3,507	4,236	1,00	28,16	A	C
NGUYÊN TỬ	711	CG1	VAL	149	23,389	2,082	4,231	1,00	27,27	A	C
NGUYÊN TỬ	712	CG2	VAL	149	24,289	3,964	2,826	1,00	26,42	A	C
NGUYÊN TỬ	713	C	VAL	149	23,479	5,875	4,976	1,00	26,13	A	C
NGUYÊN TỬ	714	O	VAL	149	23,208	6,743	4,132	1,00	23,35	A	O
NGUYÊN TỬ	715	N	PHE	150	24,277	6,083	6,024	1,00	27,27	A	N
NGUYÊN TỬ	716	CA	PHE	150	24,789	7,399	6,408	1,00	26,72	A	C
NGUYÊN TỬ	717	CB	PHE	150	24,070	7,889	7,654	1,00	23,59	A	C
NGUYÊN TỬ	718	CG	PHE	150	22,611	7,992	7,489	1,00	23,95	A	C
NGUYÊN TỬ	719	CD1	PHE	150	21,804	6,893	7,709	1,00	24,72	A	C
NGUYÊN TỬ	720	CD2	PHE	150	22,034	9,191	7,112	1,00	25,04	A	C
NGUYÊN TỬ	721	CE1	PHE	150	20,433	6,983	7,557	1,00	26,92	A	C
NGUYÊN TỬ	722	CE2	PHE	150	20,676	9,295	6,957	1,00	27,24	A	C
NGUYÊN TỬ	723	CZ	PHE	150	19,867	8,182	7,181	1,00	27,37	A	C
NGUYÊN TỬ	724	C	PHE	150	26,287	7,388	6,714	1,00	27,96	A	C
NGUYÊN TỬ	725	O	PHE	150	26,819	6,463	7,379	1,00	26,24	A	O
NGUYÊN TỬ	726	N	ALA	151	26,952	8,438	6,256	1,00	27,06	A	N
NGUYÊN TỬ	727	CA	ALA	151	28,330	8,673	6,627	1,00	29,75	A	C
NGUYÊN TỬ	728	CB	ALA	151	28,763	10,047	6,132	1,00	29,52	A	C
NGUYÊN TỬ	729	C	ALA	151	28,460	8,592	8,149	1,00	32,40	A	C
NGUYÊN TỬ	730	O	ALA	151	27,541	8,990	8,876	1,00	34,17	A	O
NGUYÊN TỬ	731	N	GLN	152	29,593	8,075	8,634	1,00	33,63	A	N
NGUYÊN TỬ	732	CA	GLN	152	29,904	8,146	10,060	1,00	34,27	A	C
NGUYÊN TỬ	733	CB	GLN	152	30,119	6,748	10,632	1,00	32,18	A	C
NGUYÊN TỬ	734	CG	GLN	152	28,947	5,804	10,408	1,00	32,72	A	C
NGUYÊN TỬ	735	CD	GLN	152	27,627	6,331	10,972	1,00	28,64	A	C
NGUYÊN TỬ	736	OE1	GLN	152	27,453	6,448	12,193	1,00	21,85	A	O
NGUYÊN TỬ	737	NE2	GLN	152	26,690	6,651	10,075	1,00	27,12	A	N
NGUYÊN TỬ	738	C	GLN	152	31,141	9,000	10,346	1,00	37,30	A	C
NGUYÊN TỬ	739	O	GLN	152	31,946	8,571	11,216	1,00	38,53	A	O
NGUYÊN TỬ	740	OXT	GLN	152	31,277	10,088	9,725	1,00	38,27	A	O
TER	741		GLN	152						A	
NGUYÊN TỬ	742	CB	SER	153	56,497	17,251	14,876	1,00	115,65	B	C
NGUYÊN TỬ	743	OG	SER	153	57,007	16,956	13,585	1,00	117,41	B	O
NGUYÊN TỬ	744	C	SER	153	54,149	16,488	14,361	1,00	110,66	B	C
NGUYÊN TỬ	745	O	SER	153	53,706	16,469	13,214	1,00	110,93	B	O
NGUYÊN TỬ	746	N	SER	153	54,578	18,106	16,192	1,00	114,12	B	N
NGUYÊN TỬ	747	CA	SER	153	55,014	17,658	14,839	1,00	113,11	B	C
NGUYÊN TỬ	748	N	ILE	154	53,900	15,523	15,245	1,00	107,72	B	N
NGUYÊN TỬ	749	CA	ILE	154	53,158	14,315	14,877	1,00	104,32	B	C
NGUYÊN TỬ	750	CB	ILE	154	53,840	13,049	15,430	1,00	107,91	B	C
NGUYÊN TỬ	751	CG2	ILE	154	53,052	11,818	15,029	1,00	109,50	B	C
NGUYÊN TỬ	752	CG1	ILE	154	55,262	12,947	14,887	1,00	111,40	B	C
NGUYÊN TỬ	753	CD1	ILE	154	55,319	12,871	13,381	1,00	116,02	B	C
NGUYÊN TỬ	754	C	ILE	154	51,719	14,330	15,383	1,00	100,10	B	C
NGUYÊN TỬ	755	O	ILE	154	51,448	14,755	16,506	1,00	97,82	B	O
NGUYÊN TỬ	756	N	PRO	155	50,775	13,860	14,553	1,00	96,93	B	N
NGUYÊN TỬ	757	CD	PRO	155	50,980	13,534	13,131	1,00	95,03	B	C
NGUYÊN TỬ	758	CA	PRO	155	49,363	13,744	14,940	1,00	91,06	B	C

NGUYÊN TỬ	759	CB	PRO	155	48,678	13,254	13,666	1,00	92,51	B	C
NGUYÊN TỬ	760	CG	PRO	155	49,602	13,653	12,564	1,00	94,48	B	C
NGUYÊN TỬ	761	C	PRO	155	49,187	12,758	16,085	1,00	85,90	B	C
NGUYÊN TỬ	762	O	PRO	155	49,609	11,611	15,983	1,00	86,91	B	O
NGUYÊN TỬ	763	N	TRP	156	48,553	13,199	17,166	1,00	78,41	B	N
NGUYÊN TỬ	764	CA	TRP	156	48,441	12,380	18,366	1,00	71,33	B	C
NGUYÊN TỬ	765	CB	TRP	156	47,418	12,984	19,335	1,00	67,02	B	C
NGUYÊN TỬ	766	CG	TRP	156	45,987	12,685	18,982	1,00	64,20	B	C
NGUYÊN TỬ	767	CD2	TRP	156	45,260	11,474	19,254	1,00	62,56	B	C
NGUYÊN TỬ	768	CE2	TRP	156	43,956	11,652	18,760	1,00	61,45	B	C
NGUYÊN TỬ	769	CE3	TRP	156	45,588	10,258	19,865	1,00	61,09	B	C
NGUYÊN TỬ	770	CD1	TRP	156	45,113	13,516	18,351	1,00	63,97	B	C
NGUYÊN TỬ	771	NE1	TRP	156	43,892	12,906	18,214	1,00	62,71	B	N
NGUYÊN TỬ	772	CZ2	TRP	156	42,980	10,667	18,861	1,00	59,75	B	C
NGUYÊN TỬ	773	CZ3	TRP	156	44,620	9,283	19,962	1,00	59,49	B	C
NGUYÊN TỬ	774	CH2	TRP	156	43,331	9,493	19,463	1,00	60,30	B	C
NGUYÊN TỬ	775	C	TRP	156	48,043	10,945	18,036	1,00	69,39	B	C
NGUYÊN TỬ	776	O	TRP	156	48,377	10,011	18,766	1,00	69,00	B	O
NGUYÊN TỬ	777	N	ASN	157	47,329	10,777	16,930	1,00	68,55	B	N
NGUYÊN TỬ	778	CA	ASN	157	46,667	9,521	16,621	1,00	67,01	B	C
NGUYÊN TỬ	779	CB	ASN	157	45,359	9,807	15,890	1,00	65,67	B	C
NGUYÊN TỬ	780	CG	ASN	157	45,544	10,738	14,714	1,00	64,99	B	C
NGUYÊN TỬ	781	OD1	ASN	157	45,730	10,295	13,578	1,00	64,19	B	O
NGUYÊN TỬ	782	ND2	ASN	157	45,491	12,041	14,978	1,00	63,63	B	N
NGUYÊN TỬ	783	C	ASN	157	47,526	8,577	15,786	1,00	66,89	B	C
NGUYÊN TỬ	784	O	ASN	157	47,284	7,373	15,748	1,00	66,52	B	O
NGUYÊN TỬ	785	N	LEU	158	48,523	9,122	15,104	1,00	67,36	B	N
NGUYÊN TỬ	786	CA	LEU	158	49,500	8,291	14,416	1,00	69,81	B	C
NGUYÊN TỬ	787	CB	LEU	158	50,192	9,099	13,314	1,00	67,04	B	C
NGUYÊN TỬ	788	CG	LEU	158	49,313	9,536	12,140	1,00	64,16	B	C
NGUYÊN TỬ	789	CD1	LEU	158	50,117	10,432	11,209	1,00	61,97	B	C
NGUYÊN TỬ	790	CD2	LEU	158	48,795	8,316	11,395	1,00	61,15	B	C
NGUYÊN TỬ	791	C	LEU	158	50,523	7,796	15,442	1,00	72,86	B	C
NGUYÊN TỬ	792	O	LEU	158	51,132	6,734	15,287	1,00	73,28	B	O
NGUYÊN TỬ	793	N	GLU	159	50,692	8,580	16,500	1,00	76,18	B	N
NGUYÊN TỬ	794	CA	GLU	159	51,581	8,234	17,597	1,00	78,78	B	C
NGUYÊN TỬ	795	CB	GLU	159	51,771	9,459	18,499	1,00	80,32	B	C
NGUYÊN TỬ	796	CG	GLU	159	52,326	9,149	19,870	1,00	87,64	B	C
NGUYÊN TỬ	797	CD	GLU	159	53,837	9,022	19,872	1,00	92,62	B	C
NGUYÊN TỬ	798	OE1	GLU	159	54,432	9,032	20,971	1,00	96,21	B	O
NGUYÊN TỬ	799	OE2	GLU	159	54,436	8,913	18,778	1,00	97,33	B	O
NGUYÊN TỬ	800	C	GLU	159	51,013	7,064	18,399	1,00	78,60	B	C
NGUYÊN TỬ	801	O	GLU	159	51,761	6,270	18,967	1,00	78,52	B	O
NGUYÊN TỬ	802	N	ARG	160	49,688	6,957	18,428	1,00	78,98	B	N
NGUYÊN TỬ	803	CA	ARG	160	49,012	5,959	19,253	1,00	80,10	B	C
NGUYÊN TỬ	804	CB	ARG	160	47,604	6,426	19,609	1,00	77,90	B	C
NGUYÊN TỬ	805	CG	ARG	160	46,908	5,513	20,602	1,00	74,99	B	C
NGUYÊN TỬ	806	CD	ARG	160	47,510	5,691	21,973	1,00	72,60	B	C
NGUYÊN TỬ	807	NE	ARG	160	47,759	7,107	22,225	1,00	72,12	B	N
NGUYÊN TỬ	808	CZ	ARG	160	46,859	7,951	22,734	1,00	70,97	B	C
NGUYÊN TỬ	809	NH1	ARG	160	47,178	9,229	22,921	1,00	69,95	B	N
NGUYÊN TỬ	810	NH2	ARG	160	45,644	7,523	23,068	1,00	67,47	B	N
NGUYÊN TỬ	811	C	ARG	160	48,921	4,584	18,602	1,00	82,37	B	C
NGUYÊN TỬ	812	O	ARG	160	48,769	3,576	19,288	1,00	81,03	B	O
NGUYÊN TỬ	813	N	ILE	161	48,996	4,537	17,280	1,00	87,22	B	N
NGUYÊN TỬ	814	CA	ILE	161	49,033	3,255	16,598	1,00	93,06	B	C
NGUYÊN TỬ	815	CB	ILE	161	48,143	3,260	15,341	1,00	91,27	B	C
NGUYÊN TỬ	816	CG2	ILE	161	46,691	3,417	15,742	1,00	91,17	B	C
NGUYÊN TỬ	817	CG1	ILE	161	48,548	4,396	14,408	1,00	90,97	B	C
NGUYÊN TỬ	818	CD1	ILE	161	47,707	4,457	13,157	1,00	89,92	B	C
NGUYÊN TỬ	819	C	ILE	161	50,464	2,896	16,221	1,00	98,36	B	C
NGUYÊN TỬ	820	O	ILE	161	50,711	1,922	15,512	1,00	98,21	B	O
NGUYÊN TỬ	821	N	THR	162	51,406	3,693	16,714	1,00	104,69	B	N
NGUYÊN TỬ	822	CA	THR	162	52,823	3,383	16,580	1,00	111,43	B	C
NGUYÊN TỬ	823	CB	THR	162	53,593	4,576	16,012	1,00	112,56	B	C
NGUYÊN TỬ	824	OG1	THR	162	53,175	4,817	14,663	1,00	112,68	B	O
NGUYÊN TỬ	825	CG2	THR	162	55,085	4,300	16,043	1,00	113,86	B	C
NGUYÊN TỬ	826	C	THR	162	53,457	2,986	17,913	1,00	117,00	B	C
NGUYÊN TỬ	827	O	THR	162	53,682	3,827	18,787	1,00	115,50	B	O
NGUYÊN TỬ	828	N	PRO	163	53,769	1,690	18,070	1,00	123,18	B	N
NGUYÊN TỬ	829	CD	PRO	163	53,698	0,725	16,959	1,00	126,42	B	C
NGUYÊN TỬ	830	CA	PRO	163	54,269	1,069	19,302	1,00	128,43	B	C
NGUYÊN TỬ	831	CB	PRO	163	54,318	-0,418	18,957	1,00	129,86	B	C
NGUYÊN TỬ	832	CG	PRO	163	54,471	-0,449	17,477	1,00	129,27	B	C
NGUYÊN TỬ	833	C	PRO	163	55,634	1,598	19,745	1,00	133,09	B	C
NGUYÊN TỬ	834	O	PRO	163	56,310	2,300	18,995	1,00	133,34	B	O

NGUYÊN TỬ	835	N	PRO	164	56,049	1,263	20,981	1,00	136,38	B	N
NGUYÊN TỬ	836	CD	PRO	164	55,196	0,623	21,997	1,00	137,29	B	C
NGUYÊN TỬ	837	CA	PRO	164	57,361	1,628	21,533	1,00	138,48	B	C
NGUYÊN TỬ	838	CB	PRO	164	57,315	1,092	22,964	1,00	138,17	B	C
NGUYÊN TỬ	839	CG	PRO	164	55,866	1,003	23,285	1,00	137,88	B	C
NGUYÊN TỬ	840	C	PRO	164	58,523	1,033	20,747	1,00	140,28	B	C
NGUYÊN TỬ	841	O	PRO	164	59,685	1,303	21,046	1,00	142,21	B	O
NGUYÊN TỬ	842	N	LEU	179	50,723	-2,852	-3,782	1,00	82,64	B	N
NGUYÊN TỬ	843	CA	LEU	179	50,541	-4,298	-3,720	1,00	82,37	B	C
NGUYÊN TỬ	844	CB	LEU	179	51,617	-4,927	-2,836	1,00	84,42	B	C
NGUYÊN TỬ	845	CG	LEU	179	51,895	-6,429	-2,990	1,00	86,63	B	C
NGUYÊN TỬ	846	CD1	LEU	179	52,687	-6,898	-1,772	1,00	87,95	B	C
NGUYÊN TỬ	847	CD2	LEU	179	50,605	-7,234	-3,119	1,00	85,71	B	C
NGUYÊN TỬ	848	C	LEU	179	49,167	-4,612	-3,135	1,00	80,73	B	C
NGUYÊN TỬ	849	O	LEU	179	48,333	-5,267	-3,773	1,00	81,56	B	O
NGUYÊN TỬ	850	N	VAL	180	48,940	-4,150	-1,908	1,00	76,81	B	N
NGUYÊN TỬ	851	CA	VAL	180	47,650	-4,322	-1,251	1,00	72,33	B	C
NGUYÊN TỬ	852	CB	VAL	180	47,816	-4,340	0,282	1,00	74,74	B	C
NGUYÊN TỬ	853	CG1	VAL	180	48,717	-3,206	0,709	1,00	77,30	B	C
NGUYÊN TỬ	854	CG2	VAL	180	46,467	-4,213	0,956	1,00	77,06	B	C
NGUYÊN TỬ	855	C	VAL	180	46,706	-3,194	-1,653	1,00	68,18	B	C
NGUYÊN TỬ	856	O	VAL	180	47,070	-2,013	-1,620	1,00	66,03	B	O
NGUYÊN TỬ	857	N	GLU	181	45,494	-3,574	-2,042	1,00	64,37	B	N
NGUYÊN TỬ	858	CA	GLU	181	44,511	-2,642	-2,592	1,00	59,68	B	C
NGUYÊN TỬ	859	CB	GLU	181	43,767	-3,316	-3,750	1,00	62,45	B	C
NGUYÊN TỬ	860	CG	GLU	181	43,358	-2,389	-4,874	1,00	68,37	B	C
NGUYÊN TỬ	861	CD	GLU	181	44,526	-1,982	-5,766	1,00	72,14	B	C
NGUYÊN TỬ	862	OE1	GLU	181	44,296	-1,238	-6,755	1,00	73,58	B	O
NGUYÊN TỬ	863	OE2	GLU	181	45,672	-2,404	-5,475	1,00	73,22	B	O
NGUYÊN TỬ	864	C	GLU	181	43,522	-2,258	-1,495	1,00	54,39	B	C
NGUYÊN TỬ	865	O	GLU	181	43,151	-3,092	-0,668	1,00	52,76	B	O
NGUYÊN TỬ	866	N	VAL	182	43,108	-0,997	-1,475	1,00	48,00	B	N
NGUYÊN TỬ	867	CA	VAL	182	42,099	-0,558	-0,514	1,00	41,39	B	C
NGUYÊN TỬ	868	CB	VAL	182	42,700	0,379	0,559	1,00	39,28	B	C
NGUYÊN TỬ	869	CG1	VAL	182	41,694	0,587	1,647	1,00	36,23	B	C
NGUYÊN TỬ	870	CG2	VAL	182	44,007	-0,198	1,122	1,00	35,21	B	C
NGUYÊN TỬ	871	C	VAL	182	40,956	0,178	-1,212	1,00	39,09	B	C
NGUYÊN TỬ	872	O	VAL	182	41,119	1,307	-1,673	1,00	37,28	B	O
NGUYÊN TỬ	873	N	TYR	183	39,804	-0,477	-1,305	1,00	37,90	B	N
NGUYÊN TỬ	874	CA	TYR	183	38,612	0,145	-1,863	1,00	36,33	B	C
NGUYÊN TỬ	875	CB	TYR	183	37,627	-0,918	-2,321	1,00	35,00	B	C
NGUYÊN TỬ	876	CG	TYR	183	38,035	-1,581	-3,609	1,00	36,79	B	C
NGUYÊN TỬ	877	CD1	TYR	183	39,028	-2,548	-3,636	1,00	36,52	B	C
NGUYÊN TỬ	878	CE1	TYR	183	39,395	-3,162	-4,818	1,00	37,26	B	C
NGUYÊN TỬ	879	CD2	TYR	183	37,421	-1,245	-4,804	1,00	38,38	B	C
NGUYÊN TỬ	880	CE2	TYR	183	37,782	-1,855	-5,994	1,00	39,27	B	C
NGUYÊN TỬ	881	CZ	TYR	183	38,767	-2,813	-5,997	1,00	38,74	B	C
NGUYÊN TỬ	882	OH	TYR	183	39,106	-3,424	-7,185	1,00	39,99	B	O
NGUYÊN TỬ	883	C	TYR	183	37,966	1,015	-0,807	1,00	36,03	B	C
NGUYÊN TỬ	884	O	TYR	183	37,905	0,641	0,355	1,00	37,83	B	O
NGUYÊN TỬ	885	N	LEU	184	37,493	2,187	-1,201	1,00	35,68	B	N
NGUYÊN TỬ	886	CA	LEU	184	36,837	3,073	-0,255	1,00	34,48	B	C
NGUYÊN TỬ	887	CB	LEU	184	37,638	4,370	-0,100	1,00	35,48	B	C
NGUYÊN TỬ	888	CG	LEU	184	36,889	5,451	0,685	1,00	37,28	B	C
NGUYÊN TỬ	889	CD1	LEU	184	36,613	4,911	2,098	1,00	37,59	B	C
NGUYÊN TỬ	890	CD2	LEU	184	37,680	6,775	0,708	1,00	35,89	B	C
NGUYÊN TỬ	891	C	LEU	184	35,437	3,376	-0,772	1,00	33,43	B	C
NGUYÊN TỬ	892	O	LEU	184	35,282	3,925	-1,864	1,00	31,65	B	O
NGUYÊN TỬ	893	N	LEU	185	34,419	3,003	0,000	1,00	33,22	B	N
NGUYÊN TỬ	894	CA	LEU	185	33,041	3,311	-0,380	1,00	33,87	B	C
NGUYÊN TỬ	895	CB	LEU	185	32,148	2,081	-0,216	1,00	31,98	B	C
NGUYÊN TỬ	896	CG	LEU	185	32,315	1,032	-1,314	1,00	30,98	B	C
NGUYÊN TỬ	897	CD1	LEU	185	33,624	0,314	-1,105	1,00	30,09	B	C
NGUYÊN TỬ	898	CD2	LEU	185	31,151	0,062	-1,291	1,00	31,06	B	C
NGUYÊN TỬ	899	C	LEU	185	32,480	4,470	0,430	1,00	34,21	B	C
NGUYÊN TỬ	900	O	LEU	185	32,153	4,308	1,608	1,00	33,81	B	O
NGUYÊN TỬ	901	N	ASP	186	32,358	5,628	-0,219	1,00	34,50	B	N
NGUYÊN TỬ	902	CA	ASP	186	32,154	6,889	0,486	1,00	34,92	B	C
NGUYÊN TỬ	903	CB	ASP	186	33,502	7,377	1,027	1,00	39,32	B	C
NGUYÊN TỬ	904	CG	ASP	186	33,365	8,366	2,196	1,00	45,74	B	C
NGUYÊN TỬ	905	OD1	ASP	186	33,661	7,946	3,344	1,00	50,09	B	O
NGUYÊN TỬ	906	OD2	ASP	186	32,990	9,553	1,985	1,00	46,44	B	O
NGUYÊN TỬ	907	C	ASP	186	31,553	7,968	-0,428	1,00	33,07	B	C
NGUYÊN TỬ	908	O	ASP	186	30,912	7,685	-1,451	1,00	31,20	B	O
NGUYÊN TỬ	909	N	THR	187	31,780	9,214	-0,033	1,00	29,79	B	N
NGUYÊN TỬ	910	CA	THR	187	31,400	10,368	-0,808	1,00	28,62	B	C

NGUYÊN TỬ	911	CB	THR	187	31,427	11,636	0,071	1,00	28,27	B	C
NGUYÊN TỬ	912	OG1	THR	187	32,779	11,985	0,392	1,00	31,09	B	O
NGUYÊN TỬ	913	CG2	THR	187	30,692	11,386	1,376	1,00	29,63	B	C
NGUYÊN TỬ	914	C	THR	187	32,376	10,512	-1,964	1,00	28,24	B	C
NGUYÊN TỬ	915	O	THR	187	33,222	9,657	-2,167	1,00	27,28	B	O
NGUYÊN TỬ	916	N	SER	188	32,247	11,577	-2,734	1,00	29,91	B	N
NGUYÊN TỬ	917	CA	SER	188	33,194	11,839	-3,786	1,00	35,55	B	C
NGUYÊN TỬ	918	CB	SER	188	32,696	12,975	-4,687	1,00	36,16	B	C
NGUYÊN TỬ	919	OG	SER	188	31,476	13,520	-4,223	1,00	37,67	B	O
NGUYÊN TỬ	920	C	SER	188	34,544	12,215	-3,185	1,00	39,38	B	C
NGUYÊN TỬ	921	O	SER	188	34,634	12,600	-2,014	1,00	39,88	B	O
NGUYÊN TỬ	922	N	ILE	189	35,592	12,096	-3,994	1,00	42,96	B	N
NGUYÊN TỬ	923	CA	ILE	189	36,948	12,355	-3,530	1,00	45,75	B	C
NGUYÊN TỬ	924	CB	ILE	189	37,794	11,082	-3,594	1,00	46,16	B	C
NGUYÊN TỬ	925	CG2	ILE	189	39,070	11,281	-2,810	1,00	45,77	B	C
NGUYÊN TỬ	926	CG1	ILE	189	37,018	9,901	-3,020	1,00	44,55	B	C
NGUYÊN TỬ	927	CD1	ILE	189	37,195	9,736	-1,550	1,00	46,37	B	C
NGUYÊN TỬ	928	C	ILE	189	37,643	13,408	-4,392	1,00	48,83	B	C
NGUYÊN TỬ	929	O	ILE	189	37,635	13,327	-5,626	1,00	48,75	B	O
NGUYÊN TỬ	930	N	GLN	190	38,254	14,390	-3,735	1,00	52,85	B	N
NGUYÊN TỬ	931	CA	GLN	190	39,228	15,268	-4,382	1,00	55,02	B	C
NGUYÊN TỬ	932	CB	GLN	190	39,485	16,498	-3,516	1,00	57,93	B	C
NGUYÊN TỬ	933	CG	GLN	190	40,325	17,544	-4,212	1,00	64,58	B	C
NGUYÊN TỬ	934	CD	GLN	190	40,435	18,828	-3,438	1,00	67,20	B	C
NGUYÊN TỬ	935	OE1	GLN	190	41,333	19,625	-3,678	1,00	70,49	B	O
NGUYÊN TỬ	936	NE2	GLN	190	39,519	19,041	-2,506	1,00	70,62	B	N
NGUYÊN TỬ	937	C	GLN	190	40,529	14,492	-4,551	1,00	54,50	B	C
NGUYÊN TỬ	938	O	GLN	190	41,373	14,483	-3,673	1,00	54,01	B	O
NGUYÊN TỬ	939	N	SER	191	40,694	13,827	-5,678	1,00	54,52	B	N
NGUYÊN TỬ	940	CA	SER	191	41,750	12,835	-5,761	1,00	54,55	B	C
NGUYÊN TỬ	941	CB	SER	191	41,455	11,842	-6,895	1,00	51,67	B	C
NGUYÊN TỬ	942	OG	SER	191	41,141	12,506	-8,102	1,00	44,78	B	O
NGUYÊN TỬ	943	C	SER	191	43,127	13,451	-5,936	1,00	55,93	B	C
NGUYÊN TỬ	944	O	SER	191	44,137	12,780	-5,770	1,00	54,97	B	O
NGUYÊN TỬ	945	N	ASP	192	43,175	14,731	-6,272	1,00	58,49	B	N
NGUYÊN TỬ	946	CA	ASP	192	44,462	15,349	-6,511	1,00	61,41	B	C
NGUYÊN TỬ	947	CB	ASP	192	44,475	16,033	-7,881	1,00	56,12	B	C
NGUYÊN TỬ	948	CG	ASP	192	43,554	17,212	-7,957	1,00	51,17	B	C
NGUYÊN TỬ	949	OD1	ASP	192	42,863	17,489	-6,959	1,00	50,15	B	O
NGUYÊN TỬ	950	OD2	ASP	192	43,521	17,862	-9,023	1,00	44,73	B	O
NGUYÊN TỬ	951	C	ASP	192	44,964	16,303	-5,424	1,00	66,24	B	C
NGUYÊN TỬ	952	O	ASP	192	45,887	17,063	-5,663	1,00	65,77	B	O
NGUYÊN TỬ	953	N	HIS	193	44,371	16,244	-4,234	1,00	73,45	B	N
NGUYÊN TỬ	954	CA	HIS	193	44,968	16,813	-3,023	1,00	81,62	B	C
NGUYÊN TỬ	955	CB	HIS	193	44,239	16,265	-1,793	1,00	82,94	B	C
NGUYÊN TỬ	956	CG	HIS	193	44,367	17,120	-0,574	1,00	84,93	B	C
NGUYÊN TỬ	957	CD2	HIS	193	43,639	18,178	-0,155	1,00	86,25	B	C
NGUYÊN TỬ	958	ND1	HIS	193	45,324	16,906	0,392	1,00	85,89	B	N
NGUYÊN TỬ	959	CE1	HIS	193	45,180	17,796	1,356	1,00	87,01	B	C
NGUYÊN TỬ	960	NE2	HIS	193	44,164	18,579	1,048	1,00	87,56	B	N
NGUYÊN TỬ	961	C	HIS	193	46,434	16,390	-2,985	1,00	86,32	B	C
NGUYÊN TỬ	962	O	HIS	193	46,780	15,335	-3,506	1,00	89,16	B	O
NGUYÊN TỬ	963	N	ARG	194	47,305	17,187	-2,377	1,00	90,27	B	N
NGUYÊN TỬ	964	CA	ARG	194	48,720	16,832	-2,396	1,00	94,87	B	C
NGUYÊN TỬ	965	CB	ARG	194	49,606	18,023	-2,003	1,00	103,52	B	C
NGUYÊN TỬ	966	CG	ARG	194	49,614	18,358	-0,519	1,00	114,19	B	C
NGUYÊN TỬ	967	CD	ARG	194	51,028	18,385	0,039	1,00	122,81	B	C
NGUYÊN TỬ	968	NE	ARG	194	51,653	19,700	-0,052	1,00	129,82	B	N
NGUYÊN TỬ	969	CZ	ARG	194	51,872	20,489	0,992	1,00	133,99	B	C
NGUYÊN TỬ	970	NH1	ARG	194	52,447	21,666	0,822	1,00	136,60	B	N
NGUYÊN TỬ	971	NH2	ARG	194	51,515	20,099	2,206	1,00	136,97	B	N
NGUYÊN TỬ	972	C	ARG	194	48,973	15,676	-1,450	1,00	92,97	B	C
NGUYÊN TỬ	973	O	ARG	194	49,986	14,993	-1,547	1,00	93,22	B	O
NGUYÊN TỬ	974	N	GLU	195	48,038	15,454	-0,539	1,00	90,26	B	N
NGUYÊN TỬ	975	CA	GLU	195	48,202	14,438	0,483	1,00	87,06	B	C
NGUYÊN TỬ	976	CB	GLU	195	47,253	14,733	1,644	1,00	87,51	B	C
NGUYÊN TỬ	977	CG	GLU	195	47,374	13,788	2,814	1,00	89,28	B	C
NGUYÊN TỬ	978	CD	GLU	195	48,483	14,157	3,778	1,00	88,92	B	C
NGUYÊN TỬ	979	OE1	GLU	195	49,400	14,915	3,402	1,00	88,50	B	O
NGUYÊN TỬ	980	OE2	GLU	195	48,434	13,679	4,927	1,00	90,60	B	O
NGUYÊN TỬ	981	C	GLU	195	47,955	13,040	-0,074	1,00	84,15	B	C
NGUYÊN TỬ	982	O	GLU	195	48,557	12,069	0,377	1,00	84,55	B	O
NGUYÊN TỬ	983	N	ILE	196	47,080	12,937	-1,065	1,00	79,94	B	N
NGUYÊN TỬ	984	CA	ILE	196	46,715	11,640	-1,609	1,00	77,04	B	C
NGUYÊN TỬ	985	CB	ILE	196	45,258	11,283	-1,261	1,00	76,26	B	C
NGUYÊN TỬ	986	CG2	ILE	196	45,079	11,203	0,241	1,00	73,41	B	C

NGUYÊN TỬ	987	CG1	ILE	196	44,319	12,332	-1,844	1,00	74,97	B	C
NGUYÊN TỬ	988	CD1	ILE	196	42,868	11,946	-1,783	1,00	75,89	B	C
NGUYÊN TỬ	989	C	ILE	196	46,881	11,561	-3,125	1,00	76,54	B	C
NGUYÊN TỬ	990	O	ILE	196	46,491	10,571	-3,743	1,00	74,38	B	O
NGUYÊN TỬ	991	N	GLU	197	47,456	12,597	-3,729	1,00	77,49	B	N
NGUYÊN TỬ	992	CA	GLU	197	47,596	12,625	-5,181	1,00	78,27	B	C
NGUYÊN TỬ	993	CB	GLU	197	48,293	13,911	-5,637	1,00	79,61	B	C
NGUYÊN TỬ	994	CG	GLU	197	49,760	14,018	-5,283	1,00	85,72	B	C
NGUYÊN TỬ	995	CD	GLU	197	50,448	15,218	-5,934	1,00	88,78	B	C
NGUYÊN TỬ	996	OE1	GLU	197	51,690	15,174	-6,079	1,00	89,81	B	O
NGUYÊN TỬ	997	OE2	GLU	197	49,752	16,200	-6,299	1,00	90,86	B	O
NGUYÊN TỬ	998	C	GLU	197	48,356	11,405	-5,701	1,00	76,80	B	C
NGUYÊN TỬ	999	O	GLU	197	49,454	11,099	-5,248	1,00	76,81	B	O
NGUYÊN TỬ	1000	N	GLY	198	47,749	10,707	-6,653	1,00	75,14	B	N
NGUYÊN TỬ	1001	CA	GLY	198	48,355	9,511	-7,202	1,00	72,34	B	C
NGUYÊN TỬ	1002	C	GLY	198	47,946	8,230	-6,493	1,00	70,89	B	C
NGUYÊN TỬ	1003	O	GLY	198	48,153	7,143	-7,013	1,00	69,29	B	O
NGUYÊN TỬ	1004	N	ARG	199	47,352	8,357	-5,312	1,00	71,26	B	N
NGUYÊN TỬ	1005	CA	ARG	199	47,126	7,214	-4,436	1,00	70,32	B	C
NGUYÊN TỬ	1006	CB	ARG	199	47,618	7,544	-3,031	1,00	74,10	B	C
NGUYÊN TỬ	1007	CG	ARG	199	49,106	7,797	-3,006	1,00	83,59	B	C
NGUYÊN TỬ	1008	CD	ARG	199	49,602	8,217	-1,650	1,00	91,99	B	C
NGUYÊN TỬ	1009	NE	ARG	199	51,056	8,139	-1,592	1,00	100,21	B	N
NGUYÊN TỬ	1010	CZ	ARG	199	51,760	8,332	-0,487	1,00	104,98	B	C
NGUYÊN TỬ	1011	NH1	ARG	199	53,079	8,243	-0,516	1,00	108,28	B	N
NGUYÊN TỬ	1012	NH2	ARG	199	51,138	8,617	0,646	1,00	109,18	B	N
NGUYÊN TỬ	1013	C	ARG	199	45,680	6,750	-4,378	1,00	67,21	B	C
NGUYÊN TỬ	1014	O	ARG	199	45,382	5,730	-3,777	1,00	67,23	B	O
NGUYÊN TỬ	1015	N	VAL	200	44,786	7,507	-5,001	1,00	63,27	B	N
NGUYÊN TỬ	1016	CA	VAL	200	43,364	7,183	-5,016	1,00	58,38	B	C
NGUYÊN TỬ	1017	CB	VAL	200	42,529	8,240	-4,274	1,00	57,40	B	C
NGUYÊN TỬ	1018	CG1	VAL	200	41,049	7,967	-4,484	1,00	55,82	B	C
NGUYÊN TỬ	1019	CG2	VAL	200	42,861	8,226	-2,799	1,00	55,70	B	C
NGUYÊN TỬ	1020	C	VAL	200	42,859	7,126	-6,442	1,00	56,33	B	C
NGUYÊN TỬ	1021	O	VAL	200	42,698	8,153	-7,095	1,00	56,53	B	O
NGUYÊN TỬ	1022	N	MET	201	42,601	5,921	-6,924	1,00	55,20	B	N
NGUYÊN TỬ	1023	CA	MET	201	42,062	5,744	-8,260	1,00	55,32	B	C
NGUYÊN TỬ	1024	CB	MET	201	42,500	4,398	-8,830	1,00	55,79	B	C
NGUYÊN TỬ	1025	CG	MET	201	42,155	4,221	-10,283	1,00	58,69	B	C
NGUYÊN TỬ	1026	SD	MET	201	40,673	3,243	-10,522	1,00	64,01	B	S
NGUYÊN TỬ	1027	CE	MET	201	40,321	3,598	-12,296	1,00	63,64	B	C
NGUYÊN TỬ	1028	C	MET	201	40,554	5,794	-8,163	1,00	53,91	B	C
NGUYÊN TỬ	1029	O	MET	201	39,950	5,013	-7,440	1,00	55,03	B	O
NGUYÊN TỬ	1030	N	VAL	202	39,940	6,723	-8,875	1,00	53,21	B	N
NGUYÊN TỬ	1031	CA	VAL	202	38,504	6,899	-8,744	1,00	52,50	B	C
NGUYÊN TỬ	1032	CB	VAL	202	38,121	8,387	-8,828	1,00	47,24	B	C
NGUYÊN TỬ	1033	CG1	VAL	202	36,670	8,529	-9,158	1,00	41,41	B	C
NGUYÊN TỬ	1034	CG2	VAL	202	38,421	9,053	-7,509	1,00	41,18	B	C
NGUYÊN TỬ	1035	C	VAL	202	37,768	6,120	-9,813	1,00	54,26	B	C
NGUYÊN TỬ	1036	O	VAL	202	37,839	6,465	-10,992	1,00	54,98	B	O
NGUYÊN TỬ	1037	N	THR	203	37,069	5,064	-9,394	1,00	55,90	B	N
NGUYÊN TỬ	1038	CA	THR	203	36,356	4,210	-10,336	1,00	59,12	B	C
NGUYÊN TỬ	1039	CB	THR	203	35,896	2,875	-9,690	1,00	57,76	B	C
NGUYÊN TỬ	1040	OG1	THR	203	34,699	3,080	-8,924	1,00	55,18	B	O
NGUYÊN TỬ	1041	CG2	THR	203	36,987	2,336	-8,768	1,00	55,56	B	C
NGUYÊN TỬ	1042	C	THR	203	35,139	4,953	-10,855	1,00	61,90	B	C
NGUYÊN TỬ	1043	O	THR	203	34,806	6,041	-10,382	1,00	63,12	B	O
NGUYÊN TỬ	1044	N	ASP	204	34,477	4,374	-11,839	1,00	64,10	B	N
NGUYÊN TỬ	1045	CA	ASP	204	33,344	5,038	-12,446	1,00	66,16	B	C
NGUYÊN TỬ	1046	CB	ASP	204	33,337	4,745	-13,941	1,00	70,85	B	C
NGUYÊN TỬ	1047	CG	ASP	204	34,107	3,476	-14,280	1,00	77,17	B	C
NGUYÊN TỬ	1048	OD1	ASP	204	33,557	2,369	-14,052	1,00	77,27	B	O
NGUYÊN TỬ	1049	OD2	ASP	204	35,265	3,588	-14,764	1,00	80,38	B	O
NGUYÊN TỬ	1050	C	ASP	204	32,043	4,578	-11,797	1,00	64,17	B	C
NGUYÊN TỬ	1051	O	ASP	204	30,981	4,625	-12,413	1,00	66,46	B	O
NGUYÊN TỬ	1052	N	PHE	205	32,124	4,136	-10,547	1,00	60,33	B	N
NGUYÊN TỬ	1053	CA	PHE	205	30,941	3,653	-9,848	1,00	57,09	B	C
NGUYÊN TỬ	1054	CB	PHE	205	31,305	2,508	-8,904	1,00	58,44	B	C
NGUYÊN TỬ	1055	CG	PHE	205	30,137	1,993	-8,137	1,00	58,36	B	C
NGUYÊN TỬ	1056	CD1	PHE	205	29,870	2,465	-6,867	1,00	59,33	B	C
NGUYÊN TỬ	1057	CD2	PHE	205	29,246	1,106	-8,722	1,00	60,27	B	C
NGUYÊN TỬ	1058	CE1	PHE	205	28,727	2,071	-6,192	1,00	60,30	B	C
NGUYÊN TỬ	1059	CE2	PHE	205	28,100	0,704	-8,054	1,00	61,35	B	C
NGUYÊN TỬ	1060	CZ	PHE	205	27,839	1,190	-6,787	1,00	61,17	B	C
NGUYÊN TỬ	1061	C	PHE	205	30,202	4,738	-9,055	1,00	54,53	B	C
NGUYÊN TỬ	1062	O	PHE	205	30,717	5,279	-8,077	1,00	52,72	B	O

NGUYÊN TỬ	1063	N	GLU	206	28,981	5,040	-9,478	1,00	52,93	B	N
NGUYÊN TỬ	1064	CA	GLU	206	28,152	6,010	-8,774	1,00	51,13	B	C
NGUYÊN TỬ	1065	CB	GLU	206	28,037	7,300	-9,595	1,00	53,70	B	C
NGUYÊN TỬ	1066	CG	GLU	206	27,201	8,385	-8,934	1,00	57,85	B	C
NGUYÊN TỬ	1067	CD	GLU	206	27,691	9,796	-9,245	1,00	59,92	B	C
NGUYÊN TỬ	1068	OE1	GLU	206	27,017	10,770	-8,839	1,00	61,92	B	O
NGUYÊN TỬ	1069	OE2	GLU	206	28,748	9,936	-9,893	1,00	60,90	B	O
NGUYÊN TỬ	1070	C	GLU	206	26,763	5,440	-8,513	1,00	47,24	B	C
NGUYÊN TỬ	1071	O	GLU	206	25,986	5,234	-9,429	1,00	47,31	B	O
NGUYÊN TỬ	1072	N	ASN	207	26,459	5,175	-7,254	1,00	43,16	B	N
NGUYÊN TỬ	1073	CA	ASN	207	25,086	4,929	-6,854	1,00	37,74	B	C
NGUYÊN TỬ	1074	CB	ASN	207	24,857	3,447	-6,593	1,00	39,88	B	C
NGUYÊN TỬ	1075	CG	ASN	207	23,494	2,998	-7,059	1,00	41,36	B	C
NGUYÊN TỬ	1076	OD1	ASN	207	23,376	2,105	-7,914	1,00	40,04	B	O
NGUYÊN TỬ	1077	ND2	ASN	207	22,446	3,634	-6,523	1,00	39,17	B	N
NGUYÊN TỬ	1078	C	ASN	207	24,736	5,714	-5,606	1,00	34,09	B	C
NGUYÊN TỬ	1079	O	ASN	207	25,011	5,278	-4,484	1,00	32,93	B	O
NGUYÊN TỬ	1080	N	VAL	208	24,131	6,877	-5,814	1,00	31,06	B	N
NGUYÊN TỬ	1081	CA	VAL	208	23,780	7,766	-4,719	1,00	28,94	B	C
NGUYÊN TỬ	1082	CB	VAL	208	24,660	9,046	-4,728	1,00	29,67	B	C
NGUYÊN TỬ	1083	CG1	VAL	208	26,124	8,677	-4,589	1,00	30,43	B	C
NGUYÊN TỬ	1084	CG2	VAL	208	24,436	9,825	-6,006	1,00	24,70	B	C
NGUYÊN TỬ	1085	C	VAL	208	22,327	8,181	-4,864	1,00	29,88	B	C
NGUYÊN TỬ	1086	O	VAL	208	21,841	8,390	-5,973	1,00	31,23	B	O
NGUYÊN TỬ	1087	N	PRO	209	21,599	8,298	-3,747	1,00	31,45	B	N
NGUYÊN TỬ	1088	CD	PRO	209	21,915	7,782	-2,406	1,00	31,28	B	C
NGUYÊN TỬ	1089	CA	PRO	209	20,289	8,958	-3,785	1,00	28,45	B	C
NGUYÊN TỬ	1090	CB	PRO	209	19,697	8,638	-2,426	1,00	28,25	B	C
NGUYÊN TỬ	1091	CG	PRO	209	20,892	8,463	-1,549	1,00	30,42	B	C
NGUYÊN TỬ	1092	C	PRO	209	20,387	10,467	-4,020	1,00	29,17	B	C
NGUYÊN TỬ	1093	O	PRO	209	21,474	11,040	-4,003	1,00	27,51	B	O
NGUYÊN TỬ	1094	N	GLU	210	19,235	11,102	-4,220	1,00	32,85	B	N
NGUYÊN TỬ	1095	CA	GLU	210	19,148	12,539	-4,455	1,00	33,71	B	C
NGUYÊN TỬ	1096	CB	GLU	210	17,762	12,914	-4,962	1,00	39,61	B	C
NGUYÊN TỬ	1097	CG	GLU	210	17,373	12,334	-6,302	1,00	51,73	B	C
NGUYÊN TỬ	1098	CD	GLU	210	16,081	12,973	-6,857	1,00	61,74	B	C
NGUYÊN TỬ	1099	OE1	GLU	210	15,148	13,298	-6,064	1,00	64,35	B	O
NGUYÊN TỬ	1100	OE2	GLU	210	16,003	13,157	-8,097	1,00	67,46	B	O
NGUYÊN TỬ	1101	C	GLU	210	19,427	13,355	-3,202	1,00	31,17	B	C
NGUYÊN TỬ	1102	O	GLU	210	19,150	12,909	-2,089	1,00	28,89	B	O
NGUYÊN TỬ	1103	N	GLU	211	19,979	14,553	-3,398	1,00	29,36	B	N
NGUYÊN TỬ	1104	CA	GLU	211	20,047	15,546	-2,333	1,00	30,97	B	C
NGUYÊN TỬ	1105	CB	GLU	211	20,886	16,759	-2,766	1,00	31,25	B	C
NGUYÊN TỬ	1106	CG	GLU	211	22,143	16,448	-3,591	1,00	33,76	B	C
NGUYÊN TỬ	1107	CD	GLU	211	23,166	15,622	-2,829	1,00	36,82	B	C
NGUYÊN TỬ	1108	OE1	GLU	211	23,159	15,657	-1,576	1,00	37,51	B	O
NGUYÊN TỬ	1109	OE2	GLU	211	23,980	14,928	-3,485	1,00	39,74	B	O
NGUYÊN TỬ	1110	C	GLU	211	18,619	16,009	-2,014	1,00	32,21	B	C
NGUYÊN TỬ	1111	O	GLU	211	17,769	16,094	-2,900	1,00	32,92	B	O
NGUYÊN TỬ	1112	N	ASP	212	18,356	16,296	-0,746	1,00	33,11	B	N
NGUYÊN TỬ	1113	CA	ASP	212	17,104	16,919	-0,326	1,00	31,22	B	C
NGUYÊN TỬ	1114	CB	ASP	212	17,006	16,843	1,207	1,00	33,18	B	C
NGUYÊN TỬ	1115	CG	ASP	212	15,875	17,694	1,788	1,00	37,82	B	C
NGUYÊN TỬ	1116	OD1	ASP	212	15,010	18,208	1,032	1,00	38,10	B	O
NGUYÊN TỬ	1117	OD2	ASP	212	15,861	17,846	3,030	1,00	39,62	B	O
NGUYÊN TỬ	1118	C	ASP	212	17,094	18,372	-0,805	1,00	29,26	B	C
NGUYÊN TỬ	1119	O	ASP	212	17,763	19,234	-0,228	1,00	27,81	B	O
NGUYÊN TỬ	1120	N	GLY	213	16,330	18,626	-1,863	1,00	27,67	B	N
NGUYÊN TỬ	1121	CA	GLY	213	16,248	19,952	-2,463	1,00	26,36	B	C
NGUYÊN TỬ	1122	C	GLY	213	15,807	21,106	-1,576	1,00	26,31	B	C
NGUYÊN TỬ	1123	O	GLY	213	16,199	22,252	-1,805	1,00	23,54	B	O
NGUYÊN TỬ	1124	N	THR	214	14,996	20,820	-0,561	1,00	29,38	B	N
NGUYÊN TỬ	1125	CA	THR	214	14,552	21,854	0,380	1,00	32,08	B	C
NGUYÊN TỬ	1126	CB	THR	214	13,732	21,268	1,535	1,00	32,59	B	C
NGUYÊN TỬ	1127	OG1	THR	214	14,618	20,560	2,414	1,00	33,19	B	O
NGUYÊN TỬ	1128	CG2	THR	214	12,684	20,311	1,027	1,00	32,64	B	C
NGUYÊN TỬ	1129	C	THR	214	15,788	22,468	1,033	1,00	33,20	B	C
NGUYÊN TỬ	1130	O	THR	214	15,720	23,556	1,613	1,00	34,45	B	O
NGUYÊN TỬ	1131	N	ARG	215	16,908	21,750	0,965	1,00	32,69	B	N
NGUYÊN TỬ	1132	CA	ARG	215	17,994	21,986	1,903	1,00	32,87	B	C
NGUYÊN TỬ	1133	CB	ARG	215	17,946	20,917	2,987	1,00	31,54	B	C
NGUYÊN TỬ	1134	CG	ARG	215	18,150	21,465	4,372	1,00	31,05	B	C
NGUYÊN TỬ	1135	CD	ARG	215	17,327	20,692	5,370	1,00	31,52	B	C
NGUYÊN TỬ	1136	NE	ARG	215	17,244	19,263	5,060	1,00	30,75	B	N
NGUYÊN TỬ	1137	CZ	ARG	215	17,219	18,325	6,004	1,00	31,15	B	C
NGUYÊN TỬ	1138	NH1	ARG	215	17,135	17,031	5,704	1,00	24,64	B	N

NGUYÊN TỬ	1139	NH2	ARG	215	17,290	18,708	7,274	1,00	33,67	B	N
NGUYÊN TỬ	1140	C	ARG	215	19,395	22,043	1,285	1,00	33,56	B	C
NGUYÊN TỬ	1141	O	ARG	215	20,372	22,345	1,974	1,00	32,49	B	O
NGUYÊN TỬ	1142	N	PHE	216	19,488	21,768	-0,012	1,00	35,28	B	N
NGUYÊN TỬ	1143	CA	PHE	216	20,788	21,626	-0,657	1,00	38,92	B	C
NGUYÊN TỬ	1144	CB	PHE	216	20,867	20,293	-1,390	1,00	35,82	B	C
NGUYÊN TỬ	1145	CG	PHE	216	22,161	20,080	-2,116	1,00	30,16	B	C
NGUYÊN TỬ	1146	CD1	PHE	216	22,198	20,076	-3,499	1,00	25,91	B	C
NGUYÊN TỬ	1147	CD2	PHE	216	23,337	19,866	-1,411	1,00	30,02	B	C
NGUYÊN TỬ	1148	CE1	PHE	216	23,383	19,862	-4,179	1,00	25,89	B	C
NGUYÊN TỬ	1149	CE2	PHE	216	24,539	19,647	-2,083	1,00	30,04	B	C
NGUYÊN TỬ	1150	CZ	PHE	216	24,565	19,646	-3,471	1,00	26,63	B	C
NGUYÊN TỬ	1151	C	PHE	216	21,128	22,726	-1,640	1,00	42,83	B	C
NGUYÊN TỬ	1152	O	PHE	216	20,336	23,043	-2,528	1,00	43,81	B	O
NGUYÊN TỬ	1153	N	HIS	217	22,326	23,284	-1,498	1,00	47,52	B	N
NGUYÊN TỬ	1154	CA	HIS	217	22,812	24,292	-2,431	1,00	52,66	B	C
NGUYÊN TỬ	1155	CB	HIS	217	22,869	25,642	-1,731	1,00	50,71	B	C
NGUYÊN TỬ	1156	CG	HIS	217	21,531	26,130	-1,273	1,00	50,46	B	C
NGUYÊN TỬ	1157	CD2	HIS	217	21,019	26,293	-0,030	1,00	50,17	B	C
NGUYÊN TỬ	1158	ND1	HIS	217	20,531	26,491	-2,152	1,00	49,45	B	N
NGUYÊN TỬ	1159	CE1	HIS	217	19,461	26,854	-1,467	1,00	50,58	B	C
NGUYÊN TỬ	1160	NE2	HIS	217	19,729	26,743	-0,178	1,00	48,98	B	N
NGUYÊN TỬ	1161	C	HIS	217	24,180	23,930	-2,979	1,00	57,43	B	C
NGUYÊN TỬ	1162	O	HIS	217	25,180	24,121	-2,308	1,00	59,37	B	O
NGUYÊN TỬ	1163	N	ARG	218	24,216	23,419	-4,206	1,00	64,96	B	N
NGUYÊN TỬ	1164	CA	ARG	218	25,442	22,892	-4,802	1,00	72,47	B	C
NGUYÊN TỬ	1165	CB	ARG	218	25,220	22,646	-6,300	1,00	78,99	B	C
NGUYÊN TỬ	1166	CG	ARG	218	26,190	21,661	-6,954	1,00	90,87	B	C
NGUYÊN TỬ	1167	CD	ARG	218	25,535	20,276	-7,165	1,00	101,66	B	C
NGUYÊN TỬ	1168	NE	ARG	218	26,490	19,288	-7,654	1,00	114,14	B	N
NGUYÊN TỬ	1169	CZ	ARG	218	26,150	18,068	-8,073	1,00	121,60	B	C
NGUYÊN TỬ	1170	NH1	ARG	218	24,872	17,680	-8,065	1,00	127,19	B	N
NGUYÊN TỬ	1171	NH2	ARG	218	27,081	17,221	-8,505	1,00	127,03	B	N
NGUYÊN TỬ	1172	C	ARG	218	26,608	23,862	-4,603	1,00	73,27	B	C
NGUYÊN TỬ	1173	O	ARG	218	27,765	23,464	-4,575	1,00	74,75	B	O
NGUYÊN TỬ	1174	N	GLN	219	26,274	25,134	-4,441	1,00	73,30	B	N
NGUYÊN TỬ	1175	CA	GLN	219	27,223	26,237	-4,488	1,00	70,94	B	C
NGUYÊN TỬ	1176	CB	GLN	219	26,467	27,502	-4,879	1,00	75,90	B	C
NGUYÊN TỬ	1177	CG	GLN	219	25,114	27,586	-4,175	1,00	83,68	B	C
NGUYÊN TỬ	1178	CD	GLN	219	24,098	28,401	-4,942	1,00	89,19	B	C
NGUYÊN TỬ	1179	OE1	GLN	219	22,915	28,422	-4,599	1,00	94,35	B	O
NGUYÊN TỬ	1180	NE2	GLN	219	24,554	29,083	-5,991	1,00	93,47	B	N
NGUYÊN TỬ	1181	C	GLN	219	27,926	26,450	-3,151	1,00	66,77	B	C
NGUYÊN TỬ	1182	O	GLN	219	29,042	26,950	-3,105	1,00	65,68	B	O
NGUYÊN TỬ	1183	N	ALA	220	27,250	26,096	-2,065	1,00	62,72	B	N
NGUYÊN TỬ	1184	CA	ALA	220	27,798	26,247	-0,724	1,00	58,15	B	C
NGUYÊN TỬ	1185	CB	ALA	220	26,714	26,721	0,250	1,00	58,33	B	C
NGUYÊN TỬ	1186	C	ALA	220	28,304	24,897	-0,295	1,00	55,57	B	C
NGUYÊN TỬ	1187	O	ALA	220	29,020	24,768	0,694	1,00	54,79	B	O
NGUYÊN TỬ	1188	N	SER	221	27,901	23,882	-1,046	1,00	52,69	B	N
NGUYÊN TỬ	1189	CA	SER	221	28,148	22,512	-0,657	1,00	48,98	B	C
NGUYÊN TỬ	1190	CB	SER	221	27,234	21,572	-1,442	1,00	48,25	B	C
NGUYÊN TỬ	1191	OG	SER	221	27,591	20,221	-1,196	1,00	52,95	B	O
NGUYÊN TỬ	1192	C	SER	221	29,612	22,145	-0,876	1,00	45,54	B	C
NGUYÊN TỬ	1193	O	SER	221	30,244	22,604	-1,823	1,00	43,51	B	O
NGUYÊN TỬ	1194	N	LYS	222	30,140	21,329	0,029	1,00	43,16	B	N
NGUYÊN TỬ	1195	CA	LYS	222	31,494	20,805	-0,064	1,00	40,62	B	C
NGUYÊN TỬ	1196	CB	LYS	222	32,293	21,215	1,176	1,00	42,07	B	C
NGUYÊN TỬ	1197	CG	LYS	222	32,478	22,733	1,292	1,00	45,25	B	C
NGUYÊN TỬ	1198	CD	LYS	222	32,723	23,204	2,724	1,00	48,85	B	C
NGUYÊN TỬ	1199	CE	LYS	222	34,164	22,947	3,161	1,00	51,16	B	C
NGUYÊN TỬ	1200	NZ	LYS	222	34,554	23,815	4,315	1,00	55,09	B	N
NGUYÊN TỬ	1201	C	LYS	222	31,409	19,285	-0,183	1,00	38,00	B	C
NGUYÊN TỬ	1202	O	LYS	222	31,643	18,554	0,777	1,00	35,80	B	O
NGUYÊN TỬ	1203	N	CYS	223	31,073	18,833	-1,383	1,00	36,43	B	N
NGUYÊN TỬ	1204	CA	CYS	223	30,694	17,455	-1,618	1,00	37,63	B	C
NGUYÊN TỬ	1205	C	CYS	223	31,746	16,399	-1,325	1,00	36,41	B	C
NGUYÊN TỬ	1206	O	CYS	223	31,424	15,223	-1,246	1,00	36,97	B	O
NGUYÊN TỬ	1207	CB	CYS	223	30,228	17,288	-3,057	1,00	37,34	B	C
NGUYÊN TỬ	1208	SG	CYS	223	28,629	18,083	-3,444	1,00	45,36	B	S
NGUYÊN TỬ	1209	N	ASP	224	32,998	16,808	-1,173	1,00	35,94	B	N
NGUYÊN TỬ	1210	CA	ASP	224	34,088	15,846	-1,114	1,00	34,10	B	C
NGUYÊN TỬ	1211	CB	ASP	224	35,177	16,192	-2,129	1,00	33,40	B	C
NGUYÊN TỬ	1212	CG	ASP	224	34,719	16,017	-3,560	1,00	33,62	B	C
NGUYÊN TỬ	1213	OD1	ASP	224	33,643	15,412	-3,775	1,00	33,19	B	O
NGUYÊN TỬ	1214	OD2	ASP	224	35,445	16,478	-4,468	1,00	33,20	B	O

NGUYÊN TỬ	1215	C	ASP	224	34,712	15,808	0,258	1,00	34,14	B	C
NGUYÊN TỬ	1216	O	ASP	224	35,558	14,953	0,532	1,00	34,57	B	O
NGUYÊN TỬ	1217	N	SER	225	34,311	16,743	1,116	1,00	31,75	B	N
NGUYÊN TỬ	1218	CA	SER	225	34,855	16,810	2,468	1,00	31,41	B	C
NGUYÊN TỬ	1219	CB	SER	225	33,947	17,663	3,351	1,00	30,07	B	C
NGUYÊN TỬ	1220	OG	SER	225	33,806	17,048	4,627	1,00	34,20	B	O
NGUYÊN TỬ	1221	C	SER	225	35,119	15,458	3,184	1,00	30,28	B	C
NGUYÊN TỬ	1222	O	SER	225	36,241	15,195	3,603	1,00	30,27	B	O
NGUYÊN TỬ	1223	N	HIS	226	34,091	14,629	3,338	1,00	29,35	B	N
NGUYÊN TỬ	1224	CA	HIS	226	34,120	13,509	4,272	1,00	29,88	B	C
NGUYÊN TỬ	1225	CB	HIS	226	32,688	13,036	4,527	1,00	30,92	B	C
NGUYÊN TỬ	1226	CG	HIS	226	32,582	11,721	5,236	1,00	32,20	B	C
NGUYÊN TỬ	1227	CD2	HIS	226	32,413	11,423	6,548	1,00	32,53	B	C
NGUYÊN TỬ	1228	ND1	HIS	226	32,571	10,514	4,568	1,00	32,58	B	N
NGUYÊN TỬ	1229	CE1	HIS	226	32,397	9,531	5,436	1,00	31,14	B	C
NGUYÊN TỬ	1230	NE2	HIS	226	32,299	10,056	6,645	1,00	31,62	B	N
NGUYÊN TỬ	1231	C	HIS	226	34,969	12,355	3,748	1,00	32,22	B	C
NGUYÊN TỬ	1232	O	HIS	226	35,771	11,760	4,493	1,00	32,16	B	O
NGUYÊN TỬ	1233	N	GLY	227	34,801	12,043	2,465	1,00	32,20	B	N
NGUYÊN TỬ	1234	CA	GLY	227	35,568	10,969	1,869	1,00	31,70	B	C
NGUYÊN TỬ	1235	C	GLY	227	37,021	11,318	1,607	1,00	31,69	B	C
NGUYÊN TỬ	1236	O	GLY	227	37,911	10,485	1,821	1,00	34,79	B	O
NGUYÊN TỬ	1237	N	THR	228	37,282	12,536	1,145	1,00	29,42	B	N
NGUYÊN TỬ	1238	CA	THR	228	38,658	12,930	0,843	1,00	29,53	B	C
NGUYÊN TỬ	1239	CB	THR	228	38,732	14,352	0,270	1,00	27,13	B	C
NGUYÊN TỬ	1240	OG1	THR	228	37,899	14,454	-0,891	1,00	28,15	B	O
NGUYÊN TỬ	1241	CG2	THR	228	40,151	14,674	-0,146	1,00	25,42	B	C
NGUYÊN TỬ	1242	C	THR	228	39,526	12,868	2,105	1,00	29,67	B	C
NGUYÊN TỬ	1243	O	THR	228	40,704	12,486	2,059	1,00	30,29	B	O
NGUYÊN TỬ	1244	N	HIS	229	38,923	13,232	3,229	1,00	27,72	B	N
NGUYÊN TỬ	1245	CA	HIS	229	39,562	13,128	4,525	1,00	27,44	B	C
NGUYÊN TỬ	1246	CB	HIS	229	38,653	13,773	5,573	1,00	25,75	B	C
NGUYÊN TỬ	1247	CG	HIS	229	39,267	13,858	6,936	1,00	26,14	B	C
NGUYÊN TỬ	1248	CD2	HIS	229	39,884	14,883	7,572	1,00	23,57	B	C
NGUYÊN TỬ	1249	ND1	HIS	229	39,261	12,801	7,821	1,00	23,19	B	N
NGUYÊN TỬ	1250	CE1	HIS	229	39,846	13,174	8,945	1,00	25,43	B	C
NGUYÊN TỬ	1251	NE2	HIS	229	40,232	14,432	8,820	1,00	23,55	B	N
NGUYÊN TỬ	1252	C	HIS	229	39,841	11,661	4,895	1,00	29,45	B	C
NGUYÊN TỬ	1253	O	HIS	229	40,891	11,345	5,477	1,00	29,48	B	O
NGUYÊN TỬ	1254	N	LEU	230	38,914	10,765	4,553	1,00	29,61	B	N
NGUYÊN TỬ	1255	CA	LEU	230	39,074	9,354	4,877	1,00	30,30	B	C
NGUYÊN TỬ	1256	CB	LEU	230	37,769	8,605	4,682	1,00	31,34	B	C
NGUYÊN TỬ	1257	CG	LEU	230	36,876	8,864	5,886	1,00	32,18	B	C
NGUYÊN TỬ	1258	CD1	LEU	230	35,554	8,130	5,753	1,00	31,32	B	C
NGUYÊN TỬ	1259	CD2	LEU	230	37,653	8,438	7,135	1,00	30,90	B	C
NGUYÊN TỬ	1260	C	LEU	230	40,166	8,671	4,082	1,00	31,00	B	C
NGUYÊN TỬ	1261	O	LEU	230	40,971	7,934	4,664	1,00	30,12	B	O
NGUYÊN TỬ	1262	N	ALA	231	40,206	8,913	2,770	1,00	30,56	B	N
NGUYÊN TỬ	1263	CA	ALA	231	41,387	8,543	1,975	1,00	31,98	B	C
NGUYÊN TỬ	1264	CB	ALA	231	41,272	9,067	0,541	1,00	32,60	B	C
NGUYÊN TỬ	1265	C	ALA	231	42,629	9,133	2,633	1,00	31,45	B	C
NGUYÊN TỬ	1266	O	ALA	231	43,650	8,462	2,771	1,00	31,71	B	O
NGUYÊN TỬ	1267	N	GLY	232	42,520	10,389	3,042	1,00	30,90	B	N
NGUYÊN TỬ	1268	CA	GLY	232	43,612	11,045	3,717	1,00	33,63	B	C
NGUYÊN TỬ	1269	C	GLY	232	44,108	10,305	4,953	1,00	35,98	B	C
NGUYÊN TỬ	1270	O	GLY	232	45,328	10,284	5,231	1,00	35,65	B	O
NGUYÊN TỬ	1271	N	VAL	233	43,195	9,705	5,717	1,00	35,53	B	N
NGUYÊN TỬ	1272	CA	VAL	233	43,666	8,971	6,881	1,00	37,07	B	C
NGUYÊN TỬ	1273	CB	VAL	233	42,533	8,704	7,908	1,00	35,57	B	C
NGUYÊN TỬ	1274	CG1	VAL	233	43,009	7,758	8,968	1,00	32,92	B	C
NGUYÊN TỬ	1275	CG2	VAL	233	42,113	10,001	8,582	1,00	34,02	B	C
NGUYÊN TỬ	1276	C	VAL	233	44,294	7,647	6,440	1,00	37,64	B	C
NGUYÊN TỬ	1277	O	VAL	233	45,170	7,120	7,102	1,00	39,28	B	O
NGUYÊN TỬ	1278	N	VAL	234	43,875	7,103	5,313	1,00	38,29	B	N
NGUYÊN TỬ	1279	CA	VAL	234	44,338	5,766	5,008	1,00	39,89	B	C
NGUYÊN TỬ	1280	CB	VAL	234	43,514	5,068	3,886	1,00	36,19	B	C
NGUYÊN TỬ	1281	CG1	VAL	234	44,048	3,637	3,661	1,00	33,10	B	C
NGUYÊN TỬ	1282	CG2	VAL	234	42,055	5,024	4,258	1,00	34,67	B	C
NGUYÊN TỬ	1283	C	VAL	234	45,776	5,855	4,558	1,00	43,08	B	C
NGUYÊN TỬ	1284	O	VAL	234	46,623	5,070	4,997	1,00	43,79	B	O
NGUYÊN TỬ	1285	N	SER	235	46,053	6,814	3,682	1,00	44,77	B	N
NGUYÊN TỬ	1286	CA	SER	235	47,283	6,758	2,910	1,00	46,23	B	C
NGUYÊN TỬ	1287	CB	SER	235	47,056	5,964	1,620	1,00	44,76	B	C
NGUYÊN TỬ	1288	OG	SER	235	46,021	6,540	0,839	1,00	42,23	B	O
NGUYÊN TỬ	1289	C	SER	235	47,784	8,152	2,590	1,00	48,21	B	C
NGUYÊN TỬ	1290	O	SER	235	48,595	8,343	1,684	1,00	48,69	B	O

NGUYÊN TỬ	1291	N	GLY	236	47,304	9,130	3,345	1,00	49,94	B	N
NGUYÊN TỬ	1292	CA	GLY	236	47,832	10,469	3,192	1,00	52,58	B	C
NGUYÊN TỬ	1293	C	GLY	236	49,332	10,484	3,393	1,00	53,64	B	C
NGUYÊN TỬ	1294	O	GLY	236	49,845	9,799	4,279	1,00	53,07	B	O
NGUYÊN TỬ	1295	N	ARG	237	50,030	11,272	2,577	1,00	55,39	B	N
NGUYÊN TỬ	1296	CA	ARG	237	51,495	11,329	2,611	1,00	56,99	B	C
NGUYÊN TỬ	1297	CB	ARG	237	52,010	12,277	1,517	1,00	58,98	B	C
NGUYÊN TỬ	1298	CG	ARG	237	52,163	11,617	0,149	1,00	64,90	B	C
NGUYÊN TỬ	1299	CD	ARG	237	52,103	12,625	-0,988	1,00	70,94	B	C
NGUYÊN TỬ	1300	NE	ARG	237	52,670	12,109	-2,229	1,00	78,50	B	N
NGUYÊN TỬ	1301	CZ	ARG	237	51,961	11,550	-3,203	1,00	82,50	B	C
NGUYÊN TỬ	1302	NH1	ARG	237	52,563	11,111	-4,299	1,00	86,46	B	N
NGUYÊN TỬ	1303	NH2	ARG	237	50,653	11,425	-3,079	1,00	84,78	B	N
NGUYÊN TỬ	1304	C	ARG	237	52,083	11,730	3,967	1,00	55,17	B	C
NGUYÊN TỬ	1305	O	ARG	237	53,036	11,123	4,434	1,00	53,63	B	O
NGUYÊN TỬ	1306	N	ASP	238	51,499	12,742	4,599	1,00	55,50	B	N
NGUYÊN TỬ	1307	CA	ASP	238	52,045	13,309	5,831	1,00	53,79	B	C
NGUYÊN TỬ	1308	CB	ASP	238	52,199	14,832	5,692	1,00	57,66	B	C
NGUYÊN TỬ	1309	CG	ASP	238	53,374	15,241	4,779	1,00	61,12	B	C
NGUYÊN TỬ	1310	OD1	ASP	238	54,346	14,462	4,622	1,00	60,35	B	O
NGUYÊN TỬ	1311	OD2	ASP	238	53,323	16,362	4,219	1,00	63,48	B	O
NGUYÊN TỬ	1312	C	ASP	238	51,199	13,008	7,063	1,00	50,51	B	C
NGUYÊN TỬ	1313	O	ASP	238	51,606	13,315	8,178	1,00	50,36	B	O
NGUYÊN TỬ	1314	N	ALA	239	50,022	12,425	6,857	1,00	47,11	B	N
NGUYÊN TỬ	1315	CA	ALA	239	49,095	12,138	7,950	1,00	44,37	B	C
NGUYÊN TỬ	1316	CB	ALA	239	48,060	13,257	8,077	1,00	38,70	B	C
NGUYÊN TỬ	1317	C	ALA	239	48,394	10,798	7,734	1,00	44,34	B	C
NGUYÊN TỬ	1318	O	ALA	239	47,540	10,399	8,524	1,00	44,60	B	O
NGUYÊN TỬ	1319	N	GLY	240	48,751	10,109	6,656	1,00	44,64	B	N
NGUYÊN TỬ	1320	CA	GLY	240	48,206	8,784	6,427	1,00	46,73	B	C
NGUYÊN TỬ	1321	C	GLY	240	48,697	7,731	7,411	1,00	48,30	B	C
NGUYÊN TỬ	1322	O	GLY	240	49,718	7,914	8,086	1,00	49,76	B	O
NGUYÊN TỬ	1323	N	VAL	241	47,969	6,624	7,501	1,00	48,91	B	N
NGUYÊN TỬ	1324	CA	VAL	241	48,395	5,502	8,323	1,00	50,59	B	C
NGUYÊN TỬ	1325	CB	VAL	241	47,190	4,674	8,818	1,00	51,60	B	C
NGUYÊN TỬ	1326	CG1	VAL	241	47,677	3,372	9,448	1,00	51,09	B	C
NGUYÊN TỬ	1327	CG2	VAL	241	46,370	5,482	9,824	1,00	50,77	B	C
NGUYÊN TỬ	1328	C	VAL	241	49,293	4,602	7,490	1,00	51,82	B	C
NGUYÊN TỬ	1329	O	VAL	241	50,505	4,561	7,690	1,00	52,95	B	O
NGUYÊN TỬ	1330	N	ALA	242	48,685	3,885	6,552	1,00	52,19	B	N
NGUYÊN TỬ	1331	CA	ALA	242	49,427	3,079	5,596	1,00	53,00	B	C
NGUYÊN TỬ	1332	CB	ALA	242	48,617	1,854	5,210	1,00	50,35	B	C
NGUYÊN TỬ	1333	C	ALA	242	49,728	3,915	4,360	1,00	54,75	B	C
NGUYÊN TỬ	1334	O	ALA	242	49,099	3,743	3,311	1,00	55,41	B	O
NGUYÊN TỬ	1335	N	LYS	243	50,693	4,818	4,494	1,00	57,04	B	N
NGUYÊN TỬ	1336	CA	LYS	243	51,026	5,750	3,427	1,00	59,49	B	C
NGUYÊN TỬ	1337	CB	LYS	243	52,189	6,644	3,865	1,00	62,11	B	C
NGUYÊN TỬ	1338	CG	LYS	243	52,031	7,180	5,285	1,00	64,29	B	C
NGUYÊN TỬ	1339	CD	LYS	243	53,160	8,135	5,673	1,00	64,68	B	C
NGUYÊN TỬ	1340	CE	LYS	243	52,959	8,684	7,088	1,00	65,19	B	C
NGUYÊN TỬ	1341	NZ	LYS	243	54,113	9,505	7,542	1,00	65,01	B	N
NGUYÊN TỬ	1342	C	LYS	243	51,400	4,993	2,158	1,00	60,19	B	C
NGUYÊN TỬ	1343	O	LYS	243	52,058	3,951	2,211	1,00	60,85	B	O
NGUYÊN TỬ	1344	N	GLY	244	50,970	5,509	1,013	1,00	59,50	B	N
NGUYÊN TỬ	1345	CA	GLY	244	51,328	4,867	-0,238	1,00	58,54	B	C
NGUYÊN TỬ	1346	C	GLY	244	50,309	3,847	-0,704	1,00	58,79	B	C
NGUYÊN TỬ	1347	O	GLY	244	50,189	3,605	-1,908	1,00	59,80	B	O
NGUYÊN TỬ	1348	N	ALA	245	49,571	3,254	0,235	1,00	56,96	B	N
NGUYÊN TỬ	1349	CA	ALA	245	48,507	2,321	-0,116	1,00	53,85	B	C
NGUYÊN TỬ	1350	CB	ALA	245	47,545	2,160	1,038	1,00	53,74	B	C
NGUYÊN TỬ	1351	C	ALA	245	47,777	2,848	-1,340	1,00	51,91	B	C
NGUYÊN TỬ	1352	O	ALA	245	47,669	4,055	-1,544	1,00	50,88	B	O
NGUYÊN TỬ	1353	N	SER	246	47,292	1,929	-2,158	1,00	49,93	B	N
NGUYÊN TỬ	1354	CA	SER	246	46,958	2,244	-3,534	1,00	48,39	B	C
NGUYÊN TỬ	1355	CB	SER	246	47,694	1,276	-4,455	1,00	50,45	B	C
NGUYÊN TỬ	1356	OG	SER	246	47,393	1,537	-5,808	1,00	55,36	B	O
NGUYÊN TỬ	1357	C	SER	246	45,461	2,124	-3,737	1,00	46,93	B	C
NGUYÊN TỬ	1358	O	SER	246	44,965	1,082	-4,167	1,00	46,77	B	O
NGUYÊN TỬ	1359	N	MET	247	44,745	3,204	-3,444	1,00	46,10	B	N
NGUYÊN TỬ	1360	CA	MET	247	43,304	3,138	-3,195	1,00	42,61	B	C
NGUYÊN TỬ	1361	CB	MET	247	42,901	4,220	-2,210	1,00	41,03	B	C
NGUYÊN TỬ	1362	CG	MET	247	43,382	3,946	-0,814	1,00	41,28	B	C
NGUYÊN TỬ	1363	SD	MET	247	42,988	5,289	0,244	1,00	41,25	B	S
NGUYÊN TỬ	1364	CE	MET	247	41,356	5,749	-0,392	1,00	44,40	B	C
NGUYÊN TỬ	1365	C	MET	247	42,401	3,226	-4,401	1,00	40,94	B	C
NGUYÊN TỬ	1366	O	MET	247	42,695	3,891	-5,385	1,00	40,67	B	O

NGUYÊN TỬ	1367	N	ARG	248	41,279	2,540	-4,305	1,00	40,61	B	N
NGUYÊN TỬ	1368	CA	ARG	248	40,247	2,656	-5,312	1,00	42,13	B	C
NGUYÊN TỬ	1369	CB	ARG	248	40,098	1,304	-6,012	1,00	46,07	B	C
NGUYÊN TỬ	1370	CG	ARG	248	41,411	0,802	-6,591	1,00	52,02	B	C
NGUYÊN TỬ	1371	CD	ARG	248	41,305	-0,609	-7,134	1,00	60,10	B	C
NGUYÊN TỬ	1372	NE	ARG	248	41,744	-0,681	-8,524	1,00	68,77	B	N
NGUYÊN TỬ	1373	CZ	ARG	248	40,919	-0,813	-9,560	1,00	74,48	B	C
NGUYÊN TỬ	1374	NH1	ARG	248	41,407	-0,864	-10,795	1,00	78,20	B	N
NGUYÊN TỬ	1375	NH2	ARG	248	39,606	-0,908	-9,364	1,00	76,74	B	N
NGUYÊN TỬ	1376	C	ARG	248	38,950	3,083	-4,601	1,00	39,77	B	C
NGUYÊN TỬ	1377	O	ARG	248	38,554	2,480	-3,609	1,00	40,40	B	O
NGUYÊN TỬ	1378	N	SER	249	38,297	4,136	-5,073	1,00	35,62	B	N
NGUYÊN TỬ	1379	CA	SER	249	37,070	4,561	-4,404	1,00	31,39	B	C
NGUYÊN TỬ	1380	CB	SER	249	37,144	6,027	-3,983	1,00	28,56	B	C
NGUYÊN TỬ	1381	OG	SER	249	36,827	6,873	-5,066	1,00	27,85	B	O
NGUYÊN TỬ	1382	C	SER	249	35,844	4,362	-5,272	1,00	28,48	B	C
NGUYÊN TỬ	1383	O	SER	249	35,908	4,501	-6,498	1,00	27,14	B	O
NGUYÊN TỬ	1384	N	LEU	250	34,740	4,019	-4,612	1,00	25,37	B	N
NGUYÊN TỬ	1385	CA	LEU	250	33,421	3,919	-5,234	1,00	25,79	B	C
NGUYÊN TỬ	1386	CB	LEU	250	32,789	2,544	-4,928	1,00	26,82	B	C
NGUYÊN TỬ	1387	CG	LEU	250	33,376	1,311	-5,646	1,00	27,29	B	C
NGUYÊN TỬ	1388	CD1	LEU	250	34,903	1,214	-5,464	1,00	25,27	B	C
NGUYÊN TỬ	1389	CD2	LEU	250	32,710	0,065	-5,115	1,00	28,81	B	C
NGUYÊN TỬ	1390	C	LEU	250	32,597	5,013	-4,585	1,00	24,78	B	C
NGUYÊN TỬ	1391	O	LEU	250	32,872	5,387	-3,439	1,00	27,07	B	O
NGUYÊN TỬ	1392	N	ARG	251	31,599	5,539	-5,285	1,00	22,58	B	N
NGUYÊN TỬ	1393	CA	ARG	251	30,750	6,566	-4,664	1,00	20,82	B	C
NGUYÊN TỬ	1394	CB	ARG	251	30,669	7,787	-5,554	1,00	18,39	B	C
NGUYÊN TỬ	1395	CG	ARG	251	30,297	9,005	-4,774	1,00	20,45	B	C
NGUYÊN TỬ	1396	CD	ARG	251	29,335	9,883	-5,561	1,00	21,67	B	C
NGUYÊN TỬ	1397	NE	ARG	251	28,997	11,093	-4,839	1,00	19,94	B	N
NGUYÊN TỬ	1398	CZ	ARG	251	28,209	12,031	-5,331	1,00	22,92	B	C
NGUYÊN TỬ	1399	NH1	ARG	251	27,697	11,877	-6,542	1,00	22,45	B	N
NGUYÊN TỬ	1400	NH2	ARG	251	27,919	13,114	-4,610	1,00	28,30	B	N
NGUYÊN TỬ	1401	C	ARG	251	29,329	6,124	-4,295	1,00	20,66	B	C
NGUYÊN TỬ	1402	O	ARG	251	28,442	6,030	-5,156	1,00	16,50	B	O
NGUYÊN TỬ	1403	N	VAL	252	29,127	5,875	-3,000	1,00	21,54	B	N
NGUYÊN TỬ	1404	CA	VAL	252	27,852	5,381	-2,482	1,00	21,20	B	C
NGUYÊN TỬ	1405	CB	VAL	252	27,993	4,033	-1,688	1,00	19,63	B	C
NGUYÊN TỬ	1406	CG1	VAL	252	28,692	3,016	-2,525	1,00	17,44	B	C
NGUYÊN TỬ	1407	CG2	VAL	252	28,721	4,248	-0,374	1,00	18,14	B	C
NGUYÊN TỬ	1408	C	VAL	252	27,199	6,384	-1,552	1,00	21,35	B	C
NGUYÊN TỬ	1409	O	VAL	252	26,128	6,119	-1,029	1,00	24,50	B	O
NGUYÊN TỬ	1410	N	LEU	253	27,840	7,522	-1,333	1,00	20,92	B	N
NGUYÊN TỬ	1411	CA	LEU	253	27,232	8,594	-0,550	1,00	20,41	B	C
NGUYÊN TỬ	1412	CB	LEU	253	28,058	8,861	0,698	1,00	19,82	B	C
NGUYÊN TỬ	1413	CG	LEU	253	28,172	7,724	1,711	1,00	22,59	B	C
NGUYÊN TỬ	1414	CD1	LEU	253	28,840	8,270	2,980	1,00	21,86	B	C
NGUYÊN TỬ	1415	CD2	LEU	253	26,769	7,150	2,020	1,00	21,15	B	C
NGUYÊN TỬ	1416	C	LEU	253	27,099	9,896	-1,334	1,00	20,52	B	C
NGUYÊN TỬ	1417	O	LEU	253	28,061	10,350	-1,956	1,00	19,48	B	O
NGUYÊN TỬ	1418	N	ASN	254	25,924	10,516	-1,303	1,00	21,23	B	N
NGUYÊN TỬ	1419	CA	ASN	254	25,798	11,814	-1,964	1,00	23,98	B	C
NGUYÊN TỬ	1420	CB	ASN	254	24,346	12,110	-2,349	1,00	26,23	B	C
NGUYÊN TỬ	1421	CG	ASN	254	23,416	12,164	-1,157	1,00	25,36	B	C
NGUYÊN TỬ	1422	OD1	ASN	254	23,809	12,505	-0,039	1,00	23,00	B	O
NGUYÊN TỬ	1423	ND2	ASN	254	22,161	11,823	-1,398	1,00	28,55	B	N
NGUYÊN TỬ	1424	C	ASN	254	26,339	12,941	-1,102	1,00	25,22	B	C
NGUYÊN TỬ	1425	O	ASN	254	26,926	12,700	-0,028	1,00	24,34	B	O
NGUYÊN TỬ	1426	N	CYS	255	26,151	14,171	-1,571	1,00	25,88	B	N
NGUYÊN TỬ	1427	CA	CYS	255	26,802	15,302	-0,916	1,00	28,48	B	C
NGUYÊN TỬ	1428	C	CYS	255	26,204	15,465	0,466	1,00	29,01	B	C
NGUYÊN TỬ	1429	O	CYS	255	26,793	16,101	1,330	1,00	30,18	B	O
NGUYÊN TỬ	1430	CB	CYS	255	26,629	16,588	-1,724	1,00	28,76	B	C
NGUYÊN TỬ	1431	SG	CYS	255	27,276	16,517	-3,442	1,00	36,42	B	S
NGUYÊN TỬ	1432	N	GLN	256	25,033	14,879	0,685	1,00	28,37	B	N
NGUYÊN TỬ	1433	CA	GLN	256	24,396	15,027	1,973	1,00	28,98	B	C
NGUYÊN TỬ	1434	CB	GLN	256	22,874	15,122	1,820	1,00	28,59	B	C
NGUYÊN TỬ	1435	CG	GLN	256	22,359	16,549	2,025	1,00	27,47	B	C
NGUYÊN TỬ	1436	CD	GLN	256	21,063	16,820	1,300	1,00	25,99	B	C
NGUYÊN TỬ	1437	OE1	GLN	256	20,388	15,895	0,843	1,00	27,71	B	O
NGUYÊN TỬ	1438	NE2	GLN	256	20,710	18,088	1,182	1,00	21,77	B	N
NGUYÊN TỬ	1439	C	GLN	256	24,767	13,893	2,901	1,00	28,76	B	C
NGUYÊN TỬ	1440	O	GLN	256	24,233	13,796	4,005	1,00	28,16	B	O
NGUYÊN TỬ	1441	N	GLY	257	25,690	13,045	2,447	1,00	29,54	B	N
NGUYÊN TỬ	1442	CA	GLY	257	26,200	11,964	3,280	1,00	28,50	B	C

NGUYÊN TỬ	1443	C	GLY	257	25,263	10,774	3,347	1,00	29,00	B	C
NGUYÊN TỬ	1444	O	GLY	257	25,513	9,795	4,060	1,00	27,09	B	O
NGUYÊN TỬ	1445	N	LYS	258	24,169	10,872	2,600	1,00	30,82	B	N
NGUYÊN TỬ	1446	CA	LYS	258	23,143	9,844	2,595	1,00	31,63	B	C
NGUYÊN TỬ	1447	CB	LYS	258	21,757	10,497	2,455	1,00	32,83	B	C
NGUYÊN TỬ	1448	CG	LYS	258	20,572	9,539	2,594	1,00	35,03	B	C
NGUYÊN TỬ	1449	CD	LYS	258	19,575	10,016	3,632	1,00	33,55	B	C
NGUYÊN TỬ	1450	CE	LYS	258	18,826	11,265	3,169	1,00	38,29	B	C
NGUYÊN TỬ	1451	NZ	LYS	258	17,669	10,963	2,256	1,00	33,52	B	N
NGUYÊN TỬ	1452	C	LYS	258	23,420	8,904	1,433	1,00	30,72	B	C
NGUYÊN TỬ	1453	O	LYS	258	23,941	9,323	0,390	1,00	31,26	B	O
NGUYÊN TỬ	1454	N	GLY	259	23,089	7,633	1,627	1,00	28,86	B	N
NGUYÊN TỬ	1455	CA	GLY	259	23,292	6,635	0,586	1,00	28,66	B	C
NGUYÊN TỬ	1456	C	GLY	259	22,214	5,590	0,739	1,00	27,16	B	C
NGUYÊN TỬ	1457	O	GLY	259	21,327	5,774	1,556	1,00	29,64	B	O
NGUYÊN TỬ	1458	N	THR	260	22,263	4,499	-0,010	1,00	25,94	B	N
NGUYÊN TỬ	1459	CA	THR	260	21,243	3,470	0,174	1,00	24,06	B	C
NGUYÊN TỬ	1460	CB	THR	260	20,185	3,497	-0,956	1,00	23,07	B	C
NGUYÊN TỬ	1461	OG1	THR	260	20,716	2,860	-2,120	1,00	23,27	B	O
NGUYÊN TỬ	1462	CG2	THR	260	19,803	4,929	-1,294	1,00	23,82	B	C
NGUYÊN TỬ	1463	C	THR	260	21,803	2,059	0,254	1,00	23,68	B	C
NGUYÊN TỬ	1464	O	THR	260	22,853	1,774	-0,299	1,00	23,66	B	O
NGUYÊN TỬ	1465	N	VAL	261	21,083	1,174	0,938	1,00	24,37	B	N
NGUYÊN TỬ	1466	CA	VAL	261	21,509	-0,201	1,075	1,00	24,48	B	C
NGUYÊN TỬ	1467	CB	VAL	261	20,511	-1,049	1,868	1,00	24,12	B	C
NGUYÊN TỬ	1468	CG1	VAL	261	20,950	-2,486	1,814	1,00	22,98	B	C
NGUYÊN TỬ	1469	CG2	VAL	261	20,445	-0,589	3,307	1,00	26,24	B	C
NGUYÊN TỬ	1470	C	VAL	261	21,664	-0,856	-0,276	1,00	25,55	B	C
NGUYÊN TỬ	1471	O	VAL	261	22,598	-1,631	-0,476	1,00	25,67	B	O
NGUYÊN TỬ	1472	N	SER	262	20,754	-0,560	-1,202	1,00	25,26	B	N
NGUYÊN TỬ	1473	CA	SER	262	20,823	-1,198	-2,510	1,00	28,13	B	C
NGUYÊN TỬ	1474	CB	SER	262	19,559	-0,928	-3,301	1,00	26,07	B	C
NGUYÊN TỬ	1475	OG	SER	262	19,262	0,447	-3,272	1,00	30,83	B	O
NGUYÊN TỬ	1476	C	SER	262	22,038	-0,704	-3,293	1,00	30,74	B	C
NGUYÊN TỬ	1477	O	SER	262	22,734	-1,485	-3,974	1,00	30,74	B	O
NGUYÊN TỬ	1478	N	GLY	263	22,296	0,594	-3,172	1,00	32,08	B	N
NGUYÊN TỬ	1479	CA	GLY	263	23,413	1,196	-3,876	1,00	34,48	B	C
NGUYÊN TỬ	1480	C	GLY	263	24,735	0,711	-3,328	1,00	35,11	B	C
NGUYÊN TỬ	1481	O	GLY	263	25,684	0,517	-4,075	1,00	36,07	B	O
NGUYÊN TỬ	1482	N	THR	264	24,801	0,514	-2,019	1,00	34,36	B	N
NGUYÊN TỬ	1483	CA	THR	264	26,023	0,040	-1,409	1,00	34,13	B	C
NGUYÊN TỬ	1484	CB	THR	264	25,886	-0,023	0,126	1,00	32,04	B	C
NGUYÊN TỬ	1485	OG1	THR	264	25,904	1,301	0,657	1,00	29,99	B	O
NGUYÊN TỬ	1486	CG2	THR	264	27,019	-0,816	0,741	1,00	30,83	B	C
NGUYÊN TỬ	1487	C	THR	264	26,216	-1,361	-1,942	1,00	36,25	B	C
NGUYÊN TỬ	1488	O	THR	264	27,305	-1,749	-2,384	1,00	36,88	B	O
NGUYÊN TỬ	1489	N	LEU	265	25,122	-2,112	-1,900	1,00	36,49	B	N
NGUYÊN TỬ	1490	CA	LEU	265	25,119	-3,489	-2,338	1,00	36,94	B	C
NGUYÊN TỬ	1491	CB	LEU	265	23,682	-3,980	-2,408	1,00	38,26	B	C
NGUYÊN TỬ	1492	CG	LEU	265	23,306	-5,152	-1,522	1,00	36,02	B	C
NGUYÊN TỬ	1493	CD1	LEU	265	21,836	-5,460	-1,766	1,00	37,13	B	C
NGUYÊN TỬ	1494	CD2	LEU	265	24,178	-6,351	-1,857	1,00	36,13	B	C
NGUYÊN TỬ	1495	C	LEU	265	25,773	-3,583	-3,711	1,00	36,28	B	C
NGUYÊN TỬ	1496	O	LEU	265	26,781	-4,256	-3,885	1,00	36,69	B	O
NGUYÊN TỬ	1497	N	ILE	266	25,196	-2,891	-4,683	1,00	36,29	B	N
NGUYÊN TỬ	1498	CA	ILE	266	25,706	-2,929	-6,044	1,00	35,45	B	C
NGUYÊN TỬ	1499	CB	ILE	266	24,879	-1,982	-6,950	1,00	31,67	B	C
NGUYÊN TỬ	1500	CG2	ILE	266	25,385	-2,047	-8,363	1,00	29,36	B	C
NGUYÊN TỬ	1501	CG1	ILE	266	23,390	-2,379	-6,899	1,00	31,50	B	C
NGUYÊN TỬ	1502	CD1	ILE	266	22,469	-1,530	-7,756	1,00	25,14	B	C
NGUYÊN TỬ	1503	C	ILE	266	27,197	-2,546	-6,067	1,00	37,49	B	C
NGUYÊN TỬ	1504	O	ILE	266	27,964	-3,033	-6,904	1,00	37,39	B	O
NGUYÊN TỬ	1505	N	GLY	267	27,612	-1,694	-5,134	1,00	37,97	B	N
NGUYÊN TỬ	1506	CA	GLY	267	29,013	-1,332	-5,061	1,00	38,87	B	C
NGUYÊN TỬ	1507	C	GLY	267	29,894	-2,504	-4,644	1,00	41,23	B	C
NGUYÊN TỬ	1508	O	GLY	267	31,043	-2,618	-5,086	1,00	42,31	B	O
NGUYÊN TỬ	1509	N	LEU	268	29,367	-3,375	-3,787	1,00	41,65	B	N
NGUYÊN TỬ	1510	CA	LEU	268	30,122	-4,524	-3,298	1,00	42,08	B	C
NGUYÊN TỬ	1511	CB	LEU	268	29,424	-5,170	-2,095	1,00	42,22	B	C
NGUYÊN TỬ	1512	CG	LEU	268	29,354	-4,290	-0,844	1,00	43,99	B	C
NGUYÊN TỬ	1513	CD1	LEU	268	28,426	-4,921	0,173	1,00	43,26	B	C
NGUYÊN TỬ	1514	CD2	LEU	268	30,756	-4,085	-0,276	1,00	42,42	B	C
NGUYÊN TỬ	1515	C	LEU	268	30,204	-5,529	-4,416	1,00	43,00	B	C
NGUYÊN TỬ	1516	O	LEU	268	31,120	-6,352	-4,451	1,00	41,06	B	O
NGUYÊN TỬ	1517	N	GLU	269	29,238	-5,460	-5,331	1,00	43,87	B	N
NGUYÊN TỬ	1518	CA	GLU	269	29,213	-6,378	-6,459	1,00	46,33	B	C

NGUYÊN TỬ	1519	CB	GLU	269	27,818	-6,445	-7,064	1,00	43,85	B	C
NGUYÊN TỬ	1520	CG	GLU	269	27,622	-7,621	-7,999	1,00	42,78	B	C
NGUYÊN TỬ	1521	CD	GLU	269	26,619	-7,328	-9,103	1,00	43,42	B	C
NGUYÊN TỬ	1522	OE1	GLU	269	25,667	-6,554	-8,869	1,00	42,07	B	O
NGUYÊN TỬ	1523	OE2	GLU	269	26,788	-7,873	-10,214	1,00	45,39	B	O
NGUYÊN TỬ	1524	C	GLU	269	30,220	-5,929	-7,517	1,00	48,39	B	C
NGUYÊN TỬ	1525	O	GLU	269	30,919	-6,754	-8,110	1,00	49,72	B	O
NGUYÊN TỬ	1526	N	PHE	270	30,297	-4,619	-7,739	1,00	49,23	B	N
NGUYÊN TỬ	1527	CA	PHE	270	31,364	-4,030	-8,538	1,00	48,36	B	C
NGUYÊN TỬ	1528	CB	PHE	270	31,211	-2,505	-8,522	1,00	47,34	B	C
NGUYÊN TỬ	1529	CG	PHE	270	32,293	-1,761	-9,257	1,00	48,28	B	C
NGUYÊN TỬ	1530	CD1	PHE	270	32,085	-1,306	-10,552	1,00	48,57	B	C
NGUYÊN TỬ	1531	CD2	PHE	270	33,504	-1,475	-8,641	1,00	46,97	B	C
NGUYÊN TỬ	1532	CE1	PHE	270	33,059	-0,581	-11,217	1,00	46,26	B	C
NGUYÊN TỬ	1533	CE2	PHE	270	34,479	-0,752	-9,302	1,00	47,34	B	C
NGUYÊN TỬ	1534	CZ	PHE	270	34,254	-0,306	-10,591	1,00	47,47	B	C
NGUYÊN TỬ	1535	C	PHE	270	32,730	-4,454	-7,976	1,00	48,75	B	C
NGUYÊN TỬ	1536	O	PHE	270	33,635	-4,802	-8,727	1,00	48,85	B	O
NGUYÊN TỬ	1537	N	ILE	271	32,882	-4,442	-6,658	1,00	49,09	B	N
NGUYÊN TỬ	1538	CA	ILE	271	34,162	-4,801	-6,071	1,00	51,75	B	C
NGUYÊN TỬ	1539	CB	ILE	271	34,193	-4,501	-4,566	1,00	52,01	B	C
NGUYÊN TỬ	1540	CG2	ILE	271	35,275	-5,324	-3,886	1,00	49,86	B	C
NGUYÊN TỬ	1541	CG1	ILE	271	34,422	-3,005	-4,346	1,00	52,71	B	C
NGUYÊN TỬ	1542	CD1	ILE	271	34,765	-2,638	-2,916	1,00	54,18	B	C
NGUYÊN TỬ	1543	C	ILE	271	34,484	-6,272	-6,291	1,00	54,91	B	C
NGUYÊN TỬ	1544	O	ILE	271	35,629	-6,627	-6,577	1,00	54,18	B	O
NGUYÊN TỬ	1545	N	ARG	272	33,467	-7,121	-6,164	1,00	58,06	B	N
NGUYÊN TỬ	1546	CA	ARG	272	33,610	-8,557	-6,376	1,00	60,91	B	C
NGUYÊN TỬ	1547	CB	ARG	272	32,333	-9,274	-5,934	1,00	62,27	B	C
NGUYÊN TỬ	1548	CG	ARG	272	32,265	-10,749	-6,317	1,00	62,63	B	C
NGUYÊN TỬ	1549	CD	ARG	272	33,258	-11,598	-5,531	1,00	62,94	B	C
NGUYÊN TỬ	1550	NE	ARG	272	33,136	-13,000	-5,914	1,00	66,12	B	N
NGUYÊN TỬ	1551	CZ	ARG	272	34,131	-13,878	-5,876	1,00	67,67	B	C
NGUYÊN TỬ	1552	NH1	ARG	272	33,923	-15,132	-6,252	1,00	67,95	B	N
NGUYÊN TỬ	1553	NH2	ARG	272	35,329	-13,503	-5,456	1,00	69,21	B	N
NGUYÊN TỬ	1554	C	ARG	272	33,870	-8,846	-7,847	1,00	62,21	B	C
NGUYÊN TỬ	1555	O	ARG	272	34,764	-9,616	-8,196	1,00	63,03	B	O
NGUYÊN TỬ	1556	N	LYS	273	33,074	-8,221	-8,701	1,00	62,61	B	N
NGUYÊN TỬ	1557	CA	LYS	273	33,251	-8,323	-10,132	1,00	64,08	B	C
NGUYÊN TỬ	1558	CB	LYS	273	32,341	-7,313	-10,825	1,00	64,38	B	C
NGUYÊN TỬ	1559	CG	LYS	273	32,239	-7,493	-12,320	1,00	67,49	B	C
NGUYÊN TỬ	1560	CD	LYS	273	31,427	-8,739	-12,660	1,00	73,19	B	C
NGUYÊN TỬ	1561	CE	LYS	273	29,976	-8,594	-12,216	1,00	75,81	B	C
NGUYÊN TỬ	1562	NZ	LYS	273	29,238	-7,554	-13,000	1,00	81,17	B	N
NGUYÊN TỬ	1563	C	LYS	273	34,708	-8,048	-10,482	1,00	65,41	B	C
NGUYÊN TỬ	1564	O	LYS	273	35,328	-8,792	-11,229	1,00	66,02	B	O
NGUYÊN TỬ	1565	N	SER	274	35,253	-6,974	-9,925	1,00	68,14	B	N
NGUYÊN TỬ	1566	CA	SER	274	36,656	-6,628	-10,118	1,00	69,59	B	C
NGUYÊN TỬ	1567	CB	SER	274	37,015	-5,384	-9,310	1,00	67,55	B	C
NGUYÊN TỬ	1568	OG	SER	274	36,241	-4,284	-9,727	1,00	67,09	B	O
NGUYÊN TỬ	1569	C	SER	274	37,551	-7,764	-9,670	1,00	71,55	B	C
NGUYÊN TỬ	1570	O	SER	274	38,246	-8,373	-10,475	1,00	72,19	B	O
NGUYÊN TỬ	1571	N	GLN	275	37,525	-8,040	-8,372	1,00	74,22	B	N
NGUYÊN TỬ	1572	CA	GLN	275	38,417	-9,023	-7,777	1,00	77,85	B	C
NGUYÊN TỬ	1573	CB	GLN	275	37,936	-9,379	-6,369	1,00	76,85	B	C
NGUYÊN TỬ	1574	CG	GLN	275	38,908	-10,221	-5,574	1,00	76,18	B	C
NGUYÊN TỬ	1575	CD	GLN	275	38,196	-11,209	-4,675	1,00	76,76	B	C
NGUYÊN TỬ	1576	OE1	GLN	275	37,049	-11,572	-4,928	1,00	77,71	B	O
NGUYÊN TỬ	1577	NE2	GLN	275	38,870	-11,648	-3,619	1,00	76,78	B	N
NGUYÊN TỬ	1578	C	GLN	275	38,524	-10,289	-8,629	1,00	80,71	B	C
NGUYÊN TỬ	1579	O	GLN	275	39,545	-10,967	-8,606	1,00	80,41	B	O
NGUYÊN TỬ	1580	N	LEU	276	37,481	-10,602	-9,388	1,00	84,76	B	N
NGUYÊN TỬ	1581	CA	LEU	276	37,564	-11,713	-10,324	1,00	89,24	B	C
NGUYÊN TỬ	1582	CB	LEU	276	36,204	-11,978	-10,971	1,00	87,78	B	C
NGUYÊN TỬ	1583	CG	LEU	276	35,112	-12,504	-10,039	1,00	87,27	B	C
NGUYÊN TỬ	1584	CD1	LEU	276	33,844	-12,767	-10,833	1,00	85,86	B	C
NGUYÊN TỬ	1585	CD2	LEU	276	35,591	-13,768	-9,351	1,00	85,57	B	C
NGUYÊN TỬ	1586	C	LEU	276	38,598	-11,420	-11,405	1,00	92,06	B	C
NGUYÊN TỬ	1587	O	LEU	276	39,735	-11,884	-11,324	1,00	94,30	B	O
NGUYÊN TỬ	1588	N	VAL	277	38,206	-10,638	-12,406	1,00	94,47	B	N
NGUYÊN TỬ	1589	CA	VAL	277	39,058	-10,389	-13,567	1,00	96,12	B	C
NGUYÊN TỬ	1590	CB	VAL	277	38,306	-9,555	-14,652	1,00	95,15	B	C
NGUYÊN TỬ	1591	CG1	VAL	277	37,071	-10,292	-15,118	1,00	93,14	B	C
NGUYÊN TỬ	1592	CG2	VAL	277	37,928	-8,196	-14,109	1,00	93,32	B	C
NGUYÊN TỬ	1593	C	VAL	277	40,378	-9,686	-13,222	1,00	97,93	B	C
NGUYÊN TỬ	1594	O	VAL	277	41,159	-9,353	-14,107	1,00	97,39	B	O

NGUYÊN TỬ	1595	N	GLN	278	40,630	-9,467	-11,939	1,00	101,32	B	N
NGUYÊN TỬ	1596	CA	GLN	278	41,830	-8,754	-11,522	1,00	105,97	B	C
NGUYÊN TỬ	1597	CB	GLN	278	41,490	-7,782	-10,392	1,00	105,35	B	C
NGUYÊN TỬ	1598	CG	GLN	278	41,943	-6,352	-10,628	1,00	103,69	B	C
NGUYÊN TỬ	1599	CD	GLN	278	41,433	-5,404	-9,557	1,00	102,60	B	C
NGUYÊN TỬ	1600	OE1	GLN	278	41,461	-4,182	-9,726	1,00	101,28	B	O
NGUYÊN TỬ	1601	NE2	GLN	278	40,959	-5,965	-8,447	1,00	100,13	B	N
NGUYÊN TỬ	1602	C	GLN	278	42,909	-9,723	-11,057	1,00	108,32	B	C
NGUYÊN TỬ	1603	O	GLN	278	42,614	-10,809	-10,563	1,00	109,28	B	O
NGUYÊN TỬ	1604	N	PRO	279	44,181	-9,335	-11,206	1,00	109,09	B	N
NGUYÊN TỬ	1605	CD	PRO	279	44,637	-8,017	-11,676	1,00	107,47	B	C
NGUYÊN TỬ	1606	CA	PRO	279	45,300	-10,176	-10,768	1,00	110,86	B	C
NGUYÊN TỬ	1607	CB	PRO	279	46,530	-9,402	-11,226	1,00	107,87	B	C
NGUYÊN TỬ	1608	CG	PRO	279	46,078	-7,984	-11,247	1,00	106,50	B	C
NGUYÊN TỬ	1609	C	PRO	279	45,271	-10,355	-9,257	1,00	111,43	B	C
NGUYÊN TỬ	1610	O	PRO	279	44,978	-9,413	-8,520	1,00	113,76	B	O
NGUYÊN TỬ	1611	N	VAL	280	45,588	-11,564	-8,804	1,00	110,51	B	N
NGUYÊN TỬ	1612	CA	VAL	280	45,386	-11,947	-7,411	1,00	109,51	B	C
NGUYÊN TỬ	1613	CB	VAL	280	45,741	-13,435	-7,179	1,00	111,61	B	C
NGUYÊN TỬ	1614	CG1	VAL	280	44,843	-14,319	-8,025	1,00	112,81	B	C
NGUYÊN TỬ	1615	CG2	VAL	280	47,198	-13,688	-7,524	1,00	113,25	B	C
NGUYÊN TỬ	1616	C	VAL	280	46,188	-11,099	-6,434	1,00	106,06	B	C
NGUYÊN TỬ	1617	O	VAL	280	47,391	-10,925	-6,583	1,00	106,05	B	O
NGUYÊN TỬ	1618	N	GLY	281	45,502	-10,572	-5,429	1,00	102,30	B	N
NGUYÊN TỬ	1619	CA	GLY	281	46,161	-9,771	-4,420	1,00	96,08	B	C
NGUYÊN TỬ	1620	C	GLY	281	45,214	-9,508	-3,272	1,00	90,39	B	C
NGUYÊN TỬ	1621	O	GLY	281	44,008	-9,683	-3,415	1,00	91,92	B	O
NGUYÊN TỬ	1622	N	PRO	282	45,731	-9,088	-2,114	1,00	85,97	B	N
NGUYÊN TỬ	1623	CD	PRO	282	47,160	-8,858	-1,846	1,00	87,84	B	C
NGUYÊN TỬ	1624	CA	PRO	282	44,896	-8,825	-0,937	1,00	80,46	B	C
NGUYÊN TỬ	1625	CB	PRO	282	45,908	-8,715	0,199	1,00	84,08	B	C
NGUYÊN TỬ	1626	CG	PRO	282	47,160	-8,263	-0,471	1,00	87,49	B	C
NGUYÊN TỬ	1627	C	PRO	282	44,049	-7,556	-1,086	1,00	74,39	B	C
NGUYÊN TỬ	1628	O	PRO	282	44,553	-6,508	-1,516	1,00	72,54	B	O
NGUYÊN TỬ	1629	N	LEU	283	42,767	-7,655	-0,730	1,00	68,07	B	N
NGUYÊN TỬ	1630	CA	LEU	283	41,861	-6,508	-0,783	1,00	61,93	B	C
NGUYÊN TỬ	1631	CB	LEU	283	40,682	-6,782	-1,726	1,00	60,52	B	C
NGUYÊN TỬ	1632	CG	LEU	283	41,009	-7,186	-3,163	1,00	60,95	B	C
NGUYÊN TỬ	1633	CD1	LEU	283	39,834	-6,834	-4,064	1,00	60,01	B	C
NGUYÊN TỬ	1634	CD2	LEU	283	42,266	-6,475	-3,631	1,00	62,63	B	C
NGUYÊN TỬ	1635	C	LEU	283	41,315	-6,118	0,585	1,00	57,20	B	C
NGUYÊN TỬ	1636	O	LEU	283	40,773	-6,943	1,316	1,00	54,88	B	O
NGUYÊN TỬ	1637	N	VAL	284	41,472	-4,844	0,919	1,00	52,54	B	N
NGUYÊN TỬ	1638	CA	VAL	284	40,759	-4,245	2,037	1,00	47,36	B	C
NGUYÊN TỬ	1639	CB	VAL	284	41,674	-3,304	2,846	1,00	45,36	B	C
NGUYÊN TỬ	1640	CG1	VAL	284	40,929	-2,737	4,029	1,00	45,93	B	C
NGUYÊN TỬ	1641	CG2	VAL	284	42,887	-4,050	3,322	1,00	42,54	B	C
NGUYÊN TỬ	1642	C	VAL	284	39,591	-3,440	1,473	1,00	44,41	B	C
NGUYÊN TỬ	1643	O	VAL	284	39,694	-2,814	0,419	1,00	44,27	B	O
NGUYÊN TỬ	1644	N	VAL	285	38,465	-3,472	2,166	1,00	41,51	B	N
NGUYÊN TỬ	1645	CA	VAL	285	37,341	-2,636	1,769	1,00	38,92	B	C
NGUYÊN TỬ	1646	CB	VAL	285	36,171	-3,503	1,299	1,00	37,13	B	C
NGUYÊN TỬ	1647	CG1	VAL	285	35,051	-2,645	0,775	1,00	35,52	B	C
NGUYÊN TỬ	1648	CG2	VAL	285	36,660	-4,442	0,240	1,00	36,78	B	C
NGUYÊN TỬ	1649	C	VAL	285	36,935	-1,794	2,975	1,00	35,14	B	C
NGUYÊN TỬ	1650	O	VAL	285	36,583	-2,329	4,033	1,00	36,12	B	O
NGUYÊN TỬ	1651	N	LEU	286	37,024	-0,480	2,835	1,00	29,16	B	N
NGUYÊN TỬ	1652	CA	LEU	286	36,689	0,388	3,943	1,00	27,92	B	C
NGUYÊN TỬ	1653	CB	LEU	286	37,665	1,552	4,026	1,00	24,63	B	C
NGUYÊN TỬ	1654	CG	LEU	286	37,299	2,689	4,975	1,00	23,37	B	C
NGUYÊN TỬ	1655	CD1	LEU	286	37,193	2,208	6,431	1,00	21,39	B	C
NGUYÊN TỬ	1656	CD2	LEU	286	38,360	3,758	4,829	1,00	23,59	B	C
NGUYÊN TỬ	1657	C	LEU	286	35,278	0,908	3,742	1,00	28,41	B	C
NGUYÊN TỬ	1658	O	LEU	286	34,984	1,517	2,714	1,00	29,12	B	O
NGUYÊN TỬ	1659	N	LEU	287	34,414	0,663	4,726	1,00	28,37	B	N
NGUYÊN TỬ	1660	CA	LEU	287	32,998	1,003	4,635	1,00	28,51	B	C
NGUYÊN TỬ	1661	CB	LEU	287	32,175	-0,275	4,784	1,00	32,94	B	C
NGUYÊN TỬ	1662	CG	LEU	287	32,022	-1,197	3,572	1,00	36,53	B	C
NGUYÊN TỬ	1663	CD1	LEU	287	31,746	-2,615	4,052	1,00	37,57	B	C
NGUYÊN TỬ	1664	CD2	LEU	287	30,878	-0,692	2,667	1,00	37,50	B	C
NGUYÊN TỬ	1665	C	LEU	287	32,560	2,022	5,701	1,00	26,32	B	C
NGUYÊN TỬ	1666	O	LEU	287	31,825	1,682	6,636	1,00	25,55	B	O
NGUYÊN TỬ	1667	N	PRO	288	32,989	3,285	5,564	1,00	25,64	B	N
NGUYÊN TỬ	1668	CD	PRO	288	33,477	3,896	4,314	1,00	26,22	B	C
NGUYÊN TỬ	1669	CA	PRO	288	32,781	4,299	6,603	1,00	25,01	B	C
NGUYÊN TỬ	1670	CB	PRO	288	33,736	5,411	6,196	1,00	25,67	B	C

NGUYÊN TỬ	1671	CG	PRO	288	33,688	5,361	4,683	1,00	24,95	B	C
NGUYÊN TỬ	1672	C	PRO	288	31,336	4,799	6,659	1,00	24,78	B	C
NGUYÊN TỬ	1673	O	PRO	288	31,099	6,009	6,677	1,00	24,06	B	O
NGUYÊN TỬ	1674	N	LEU	289	30,381	3,871	6,682	1,00	24,21	B	N
NGUYÊN TỬ	1675	CA	LEU	289	28,961	4,213	6,708	1,00	24,93	B	C
NGUYÊN TỬ	1676	CB	LEU	289	28,414	4,234	5,277	1,00	21,80	B	C
NGUYÊN TỬ	1677	CG	LEU	289	28,726	2,999	4,424	1,00	21,73	B	C
NGUYÊN TỬ	1678	CD1	LEU	289	27,882	1,824	4,854	1,00	22,83	B	C
NGUYÊN TỬ	1679	CD2	LEU	289	28,461	3,318	2,970	1,00	21,63	B	C
NGUYÊN TỬ	1680	C	LEU	289	28,165	3,210	7,557	1,00	25,83	B	C
NGUYÊN TỬ	1681	O	LEU	289	28,615	2,087	7,787	1,00	26,10	B	O
NGUYÊN TỬ	1682	N	ALA	290	26,987	3,613	8,022	1,00	26,31	B	N
NGUYÊN TỬ	1683	CA	ALA	290	26,088	2,683	8,709	1,00	25,80	B	C
NGUYÊN TỬ	1684	CB	ALA	290	26,142	2,912	10,220	1,00	22,49	B	C
NGUYÊN TỬ	1685	C	ALA	290	24,658	2,860	8,220	1,00	27,47	B	C
NGUYÊN TỬ	1686	O	ALA	290	24,266	3,938	7,756	1,00	26,91	B	O
NGUYÊN TỬ	1687	N	GLY	291	23,881	1,789	8,327	1,00	29,54	B	N
NGUYÊN TỬ	1688	CA	GLY	291	22,435	1,910	8,311	1,00	30,47	B	C
NGUYÊN TỬ	1689	C	GLY	291	21,837	1,040	9,397	1,00	31,26	B	C
NGUYÊN TỬ	1690	O	GLY	291	22,557	0,577	10,275	1,00	31,62	B	O
NGUYÊN TỬ	1691	N	GLY	292	20,530	0,801	9,340	1,00	33,20	B	N
NGUYÊN TỬ	1692	CA	GLY	292	19,939	-0,177	10,239	1,00	31,71	B	C
NGUYÊN TỬ	1693	C	GLY	292	20,446	-1,550	9,851	1,00	32,14	B	C
NGUYÊN TỬ	1694	O	GLY	292	20,856	-1,719	8,707	1,00	31,02	B	O
NGUYÊN TỬ	1695	N	TYR	293	20,437	-2,508	10,784	1,00	33,24	B	N
NGUYÊN TỬ	1696	CA	TYR	293	20,782	-3,900	10,476	1,00	33,89	B	C
NGUYÊN TỬ	1697	CB	TYR	293	20,391	-4,856	11,627	1,00	36,33	B	C
NGUYÊN TỬ	1698	CG	TYR	293	20,208	-6,306	11,192	1,00	37,79	B	C
NGUYÊN TỬ	1699	CD1	TYR	293	21,258	-7,219	11,258	1,00	38,75	B	C
NGUYÊN TỬ	1700	CE1	TYR	293	21,117	-8,501	10,764	1,00	38,29	B	C
NGUYÊN TỬ	1701	CD2	TYR	293	19,008	-6,730	10,631	1,00	38,47	B	C
NGUYÊN TỬ	1702	CE2	TYR	293	18,853	-7,998	10,139	1,00	37,87	B	C
NGUYÊN TỬ	1703	CZ	TYR	293	19,905	-8,884	10,200	1,00	40,01	B	C
NGUYÊN TỬ	1704	OH	TYR	293	19,731	-10,145	9,667	1,00	40,12	B	O
NGUYÊN TỬ	1705	C	TYR	293	20,064	-4,318	9,208	1,00	34,23	B	C
NGUYÊN TỬ	1706	O	TYR	293	18,855	-4,168	9,090	1,00	32,68	B	O
NGUYÊN TỬ	1707	N	SER	294	20,831	-4,825	8,252	1,00	36,49	B	N
NGUYÊN TỬ	1708	CA	SER	294	20,296	-5,257	6,971	1,00	37,92	B	C
NGUYÊN TỬ	1709	CB	SER	294	20,802	-4,365	5,842	1,00	37,02	B	C
NGUYÊN TỬ	1710	OG	SER	294	20,222	-4,748	4,601	1,00	36,27	B	O
NGUYÊN TỬ	1711	C	SER	294	20,785	-6,666	6,730	1,00	40,68	B	C
NGUYÊN TỬ	1712	O	SER	294	21,995	-6,919	6,637	1,00	39,86	B	O
NGUYÊN TỬ	1713	N	ARG	295	19,848	-7,593	6,621	1,00	43,03	B	N
NGUYÊN TỬ	1714	CA	ARG	295	20,250	-8,969	6,436	1,00	44,95	B	C
NGUYÊN TỬ	1715	CB	ARG	295	19,035	-9,900	6,559	1,00	46,57	B	C
NGUYÊN TỬ	1716	CG	ARG	295	18,604	-10,555	5,276	1,00	49,25	B	C
NGUYÊN TỬ	1717	CD	ARG	295	18,893	-12,030	5,331	1,00	51,43	B	C
NGUYÊN TỬ	1718	NE	ARG	295	17,661	-12,797	5,434	1,00	54,06	B	N
NGUYÊN TỬ	1719	CZ	ARG	295	17,620	-14,104	5,653	1,00	54,98	B	C
NGUYÊN TỬ	1720	NH1	ARG	295	18,751	-14,786	5,790	1,00	56,63	B	N
NGUYÊN TỬ	1721	NH2	ARG	295	16,449	-14,722	5,733	1,00	55,08	B	N
NGUYÊN TỬ	1722	C	ARG	295	20,925	-9,084	5,069	1,00	43,35	B	C
NGUYÊN TỬ	1723	O	ARG	295	21,975	-9,718	4,948	1,00	44,39	B	O
NGUYÊN TỬ	1724	N	VAL	296	20,353	-8,446	4,053	1,00	40,22	B	N
NGUYÊN TỬ	1725	CA	VAL	296	20,917	-8,555	2,715	1,00	41,05	B	C
NGUYÊN TỬ	1726	CB	VAL	296	20,026	-7,833	1,653	1,00	41,81	B	C
NGUYÊN TỬ	1727	CG1	VAL	296	19,931	-6,339	1,964	1,00	43,65	B	C
NGUYÊN TỬ	1728	CG2	VAL	296	20,590	-8,056	0,251	1,00	41,55	B	C
NGUYÊN TỬ	1729	C	VAL	296	22,342	-7,981	2,665	1,00	41,93	B	C
NGUYÊN TỬ	1730	O	VAL	296	23,240	-8,588	2,058	1,00	40,42	B	O
NGUYÊN TỬ	1731	N	LEU	297	22,555	-6,833	3,317	1,00	40,51	B	N
NGUYÊN TỬ	1732	CA	LEU	297	23,873	-6,198	3,334	1,00	39,85	B	C
NGUYÊN TỬ	1733	CB	LEU	297	23,808	-4,809	3,992	1,00	36,62	B	C
NGUYÊN TỬ	1734	CG	LEU	297	25,093	-3,965	4,013	1,00	33,08	B	C
NGUYÊN TỬ	1735	CD1	LEU	297	25,497	-3,593	2,611	1,00	32,37	B	C
NGUYÊN TỬ	1736	CD2	LEU	297	24,875	-2,712	4,827	1,00	32,91	B	C
NGUYÊN TỬ	1737	C	LEU	297	24,850	-7,073	4,100	1,00	41,61	B	C
NGUYÊN TỬ	1738	O	LEU	297	26,014	-7,193	3,724	1,00	42,84	B	O
NGUYÊN TỬ	1739	N	ASN	298	24,381	-7,699	5,173	1,00	43,04	B	N
NGUYÊN TỬ	1740	CA	ASN	298	25,259	-8,577	5,935	1,00	44,53	B	C
NGUYÊN TỬ	1741	CB	ASN	298	24,556	-9,083	7,192	1,00	43,88	B	C
NGUYÊN TỬ	1742	CG	ASN	298	24,704	-8,136	8,358	1,00	43,04	B	C
NGUYÊN TỬ	1743	OD1	ASN	298	24,706	-6,919	8,186	1,00	43,95	B	O
NGUYÊN TỬ	1744	ND2	ASN	298	24,837	-8,689	9,554	1,00	42,99	B	N
NGUYÊN TỬ	1745	C	ASN	298	25,710	-9,756	5,083	1,00	45,13	B	C
NGUYÊN TỬ	1746	O	ASN	298	26,889	-10,114	5,074	1,00	47,16	B	O

NGUYÊN TỬ	1747	N	ALA	299	24,763	-10,345	4,363	1,00	44,07	B	N
NGUYÊN TỬ	1748	CA	ALA	299	25,055	-11,440	3,456	1,00	43,47	B	C
NGUYÊN TỬ	1749	CB	ALA	299	23,842	-11,721	2,605	1,00	42,59	B	C
NGUYÊN TỬ	1750	C	ALA	299	26,245	-11,098	2,562	1,00	43,77	B	C
NGUYÊN TỬ	1751	O	ALA	299	27,290	-11,760	2,616	1,00	43,07	B	O
NGUYÊN TỬ	1752	N	ALA	300	26,071	-10,056	1,747	1,00	42,89	B	N
NGUYÊN TỬ	1753	CA	ALA	300	27,083	-9,631	0,782	1,00	41,86	B	C
NGUYÊN TỬ	1754	CB	ALA	300	26,675	-8,321	0,123	1,00	37,77	B	C
NGUYÊN TỬ	1755	C	ALA	300	28,419	-9,459	1,474	1,00	42,97	B	C
NGUYÊN TỬ	1756	O	ALA	300	29,466	-9,787	0,917	1,00	44,18	B	O
NGUYÊN TỬ	1757	N	CYS	301	28,398	-8,947	2,694	1,00	44,23	B	N
NGUYÊN TỬ	1758	CA	CYS	301	29,648	-8,840	3,414	1,00	45,71	B	C
NGUYÊN TỬ	1759	CB	CYS	301	29,430	-8,131	4,738	1,00	45,13	B	C
NGUYÊN TỬ	1760	SG	CYS	301	29,438	-6,352	4,500	1,00	43,18	B	S
NGUYÊN TỬ	1761	C	CYS	301	30,228	-10,224	3,612	1,00	47,63	B	C
NGUYÊN TỬ	1762	O	CYS	301	31,383	-10,466	3,287	1,00	47,12	B	O
NGUYÊN TỬ	1763	N	GLN	302	29,402	-11,137	4,111	1,00	51,11	B	N
NGUYÊN TỬ	1764	CA	GLN	302	29,784	-12,532	4,238	1,00	54,23	B	C
NGUYÊN TỬ	1765	CB	GLN	302	28,601	-13,345	4,729	1,00	55,02	B	C
NGUYÊN TỬ	1766	CG	GLN	302	28,766	-14,830	4,489	1,00	57,93	B	C
NGUYÊN TỬ	1767	CD	GLN	302	27,821	-15,644	5,325	1,00	59,06	B	C
NGUYÊN TỬ	1768	OE1	GLN	302	26,660	-15,823	4,964	1,00	60,77	B	O
NGUYÊN TỬ	1769	NE2	GLN	302	28,307	-16,140	6,460	1,00	61,10	B	N
NGUYÊN TỬ	1770	C	GLN	302	30,290	-13,132	2,929	1,00	56,72	B	C
NGUYÊN TỬ	1771	O	GLN	302	31,296	-13,840	2,913	1,00	56,31	B	O
NGUYÊN TỬ	1772	N	ARG	303	29,596	-12,862	1,830	1,00	59,07	B	N
NGUYÊN TỬ	1773	CA	ARG	303	30,067	-13,342	0,542	1,00	62,00	B	C
NGUYÊN TỬ	1774	CB	ARG	303	29,103	-12,924	-0,564	1,00	65,78	B	C
NGUYÊN TỬ	1775	CG	ARG	303	29,606	-13,207	-1,966	1,00	73,70	B	C
NGUYÊN TỬ	1776	CD	ARG	303	30,386	-14,512	-2,031	1,00	81,75	B	C
NGUYÊN TỬ	1777	NE	ARG	303	30,633	-14,969	-3,399	1,00	89,51	B	N
NGUYÊN TỬ	1778	CZ	ARG	303	31,436	-15,984	-3,699	1,00	94,37	B	C
NGUYÊN TỬ	1779	NH1	ARG	303	31,611	-16,348	-4,963	1,00	98,35	B	N
NGUYÊN TỬ	1780	NH2	ARG	303	32,070	-16,631	-2,727	1,00	97,91	B	N
NGUYÊN TỬ	1781	C	ARG	303	31,477	-12,811	0,255	1,00	61,71	B	C
NGUYÊN TỬ	1782	O	ARG	303	32,407	-13,602	0,077	1,00	62,96	B	O
NGUYÊN TỬ	1783	N	LEU	304	31,647	-11,488	0,227	1,00	59,43	B	N
NGUYÊN TỬ	1784	CA	LEU	304	32,971	-10,898	0,007	1,00	57,53	B	C
NGUYÊN TỬ	1785	CB	LEU	304	32,891	-9,371	-0,032	1,00	54,34	B	C
NGUYÊN TỬ	1786	CG	LEU	304	32,255	-8,734	-1,268	1,00	52,05	B	C
NGUYÊN TỬ	1787	CD1	LEU	304	32,077	-7,257	-1,037	1,00	52,38	B	C
NGUYÊN TỬ	1788	CD2	LEU	304	33,112	-8,967	-2,490	1,00	50,60	B	C
NGUYÊN TỬ	1789	C	LEU	304	33,997	-11,309	1,066	1,00	57,95	B	C
NGUYÊN TỬ	1790	O	LEU	304	35,203	-11,297	0,809	1,00	57,93	B	O
NGUYÊN TỬ	1791	N	ALA	305	33,531	-11,666	2,257	1,00	58,05	B	N
NGUYÊN TỬ	1792	CA	ALA	305	34,442	-12,134	3,287	1,00	59,23	B	C
NGUYÊN TỬ	1793	CB	ALA	305	33,734	-12,190	4,635	1,00	56,74	B	C
NGUYÊN TỬ	1794	C	ALA	305	34,965	-13,515	2,905	1,00	61,55	B	C
NGUYÊN TỬ	1795	O	ALA	305	36,163	-13,785	3,025	1,00	60,10	B	O
NGUYÊN TỬ	1796	N	ARG	306	34,061	-14,374	2,428	1,00	65,01	B	N
NGUYÊN TỬ	1797	CA	ARG	306	34,389	-15,766	2,098	1,00	67,69	B	C
NGUYÊN TỬ	1798	CB	ARG	306	33,117	-16,562	1,772	1,00	70,93	B	C
NGUYÊN TỬ	1799	CG	ARG	306	32,222	-16,781	2,978	1,00	76,23	B	C
NGUYÊN TỬ	1800	CD	ARG	306	31,075	-17,736	2,703	1,00	81,71	B	C
NGUYÊN TỬ	1801	NE	ARG	306	30,394	-18,093	3,948	1,00	88,37	B	N
NGUYÊN TỬ	1802	CZ	ARG	306	29,232	-18,738	4,016	1,00	91,88	B	C
NGUYÊN TỬ	1803	NH1	ARG	306	28,693	-19,016	5,202	1,00	93,39	B	N
NGUYÊN TỬ	1804	NH2	ARG	306	28,609	-19,102	2,899	1,00	94,36	B	N
NGUYÊN TỬ	1805	C	ARG	306	35,348	-15,843	0,921	1,00	66,50	B	C
NGUYÊN TỬ	1806	O	ARG	306	36,274	-16,655	0,911	1,00	67,91	B	O
NGUYÊN TỬ	1807	N	ALA	307	35,119	-14,989	-0,068	1,00	63,54	B	N
NGUYÊN TỬ	1808	CA	ALA	307	36,020	-14,861	-1,205	1,00	59,80	B	C
NGUYÊN TỬ	1809	CB	ALA	307	35,355	-14,024	-2,301	1,00	57,91	B	C
NGUYÊN TỬ	1810	C	ALA	307	37,357	-14,232	-0,804	1,00	57,82	B	C
NGUYÊN TỬ	1811	O	ALA	307	38,131	-13,823	-1,660	1,00	59,09	B	O
NGUYÊN TỬ	1812	N	GLY	308	37,626	-14,134	0,492	1,00	54,92	B	N
NGUYÊN TỬ	1813	CA	GLY	308	38,963	-13,757	0,909	1,00	51,44	B	C
NGUYÊN TỬ	1814	C	GLY	308	39,210	-12,286	1,178	1,00	49,16	B	C
NGUYÊN TỬ	1815	O	GLY	308	40,329	-11,899	1,516	1,00	48,32	B	O
NGUYÊN TỬ	1816	N	VAL	309	38,180	-11,456	1,047	1,00	48,13	B	N
NGUYÊN TỬ	1817	CA	VAL	309	38,370	-10,021	1,235	1,00	46,11	B	C
NGUYÊN TỬ	1818	CB	VAL	309	37,356	-9,209	0,421	1,00	44,93	B	C
NGUYÊN TỬ	1819	CG1	VAL	309	37,720	-7,748	0,489	1,00	44,68	B	C
NGUYÊN TỬ	1820	CG2	VAL	309	37,329	-9,689	-1,027	1,00	42,19	B	C
NGUYÊN TỬ	1821	C	VAL	309	38,264	-9,607	2,704	1,00	46,55	B	C
NGUYÊN TỬ	1822	O	VAL	309	37,516	-10,209	3,472	1,00	49,09	B	O

NGUYÊN TỬ	1823	N	VAL	310	39,030	-8,587	3,091	1,00	45,59	B	N
NGUYÊN TỬ	1824	CA	VAL	310	38,948	-8,015	4,437	1,00	44,13	B	C
NGUYÊN TỬ	1825	CB	VAL	310	40,353	-7,668	4,994	1,00	45,86	B	C
NGUYÊN TỬ	1826	CG1	VAL	310	40,219	-6,873	6,295	1,00	46,71	B	C
NGUYÊN TỬ	1827	CG2	VAL	310	41,164	-8,939	5,221	1,00	46,65	B	C
NGUYÊN TỬ	1828	C	VAL	310	38,125	-6,726	4,433	1,00	42,98	B	C
NGUYÊN TỬ	1829	O	VAL	310	38,601	-5,679	3,982	1,00	43,01	B	O
NGUYÊN TỬ	1830	N	LEU	311	36,898	-6,799	4,942	1,00	41,73	B	N
NGUYÊN TỬ	1831	CA	LEU	311	36,047	-5,612	5,081	1,00	38,57	B	C
NGUYÊN TỬ	1832	CB	LEU	311	34,578	-5,978	4,883	1,00	38,91	B	C
NGUYÊN TỬ	1833	CG	LEU	311	34,197	-6,356	3,455	1,00	41,16	B	C
NGUYÊN TỬ	1834	CD1	LEU	311	35,473	-6,615	2,644	1,00	43,08	B	C
NGUYÊN TỬ	1835	CD2	LEU	311	33,280	-7,585	3,481	1,00	40,54	B	C
NGUYÊN TỬ	1836	C	LEU	311	36,210	-4,974	6,448	1,00	36,32	B	C
NGUYÊN TỬ	1837	O	LEU	311	35,990	-5,630	7,471	1,00	33,22	B	O
NGUYÊN TỬ	1838	N	VAL	312	36,598	-3,696	6,454	1,00	36,10	B	N
NGUYÊN TỬ	1839	CA	VAL	312	36,634	-2,901	7,682	1,00	36,13	B	C
NGUYÊN TỬ	1840	CB	VAL	312	37,971	-2,156	7,835	1,00	33,57	B	C
NGUYÊN TỬ	1841	CG1	VAL	312	37,949	-1,274	9,061	1,00	30,27	B	C
NGUYÊN TỬ	1842	CG2	VAL	312	39,094	-3,163	7,964	1,00	34,18	B	C
NGUYÊN TỬ	1843	C	VAL	312	35,507	-1,893	7,646	1,00	37,18	B	C
NGUYÊN TỬ	1844	O	VAL	312	35,316	-1,213	6,643	1,00	39,23	B	O
NGUYÊN TỬ	1845	N	THR	313	34,740	-1,803	8,728	1,00	37,86	B	N
NGUYÊN TỬ	1846	CA	THR	313	33,611	-0,882	8,744	1,00	37,25	B	C
NGUYÊN TỬ	1847	CB	THR	313	32,291	-1,645	8,538	1,00	36,13	B	C
NGUYÊN TỬ	1848	OG1	THR	313	31,263	-0,721	8,168	1,00	37,57	B	O
NGUYÊN TỬ	1849	CG2	THR	313	31,887	-2,358	9,814	1,00	33,52	B	C
NGUYÊN TỬ	1850	C	THR	313	33,531	-0,102	10,053	1,00	36,40	B	C
NGUYÊN TỬ	1851	O	THR	313	34,036	-0,561	11,079	1,00	36,86	B	O
NGUYÊN TỬ	1852	N	ALA	314	32,894	1,071	10,008	1,00	34,34	B	N
NGUYÊN TỬ	1853	CA	ALA	314	32,627	1,873	11,205	1,00	31,94	B	C
NGUYÊN TỬ	1854	CB	ALA	314	32,299	3,285	10,802	1,00	32,67	B	C
NGUYÊN TỬ	1855	C	ALA	314	31,488	1,308	12,050	1,00	31,52	B	C
NGUYÊN TỬ	1856	O	ALA	314	30,443	0,911	11,521	1,00	31,50	B	O
NGUYÊN TỬ	1857	N	ALA	315	31,682	1,295	13,364	1,00	31,10	B	N
NGUYÊN TỬ	1858	CA	ALA	315	30,728	0,667	14,277	1,00	32,53	B	C
NGUYÊN TỬ	1859	CB	ALA	315	31,354	0,496	15,654	1,00	30,26	B	C
NGUYÊN TỬ	1860	C	ALA	315	29,437	1,468	14,400	1,00	35,34	B	C
NGUYÊN TỬ	1861	O	ALA	315	28,383	0,913	14,708	1,00	36,03	B	O
NGUYÊN TỬ	1862	N	GLY	316	29,520	2,774	14,165	1,00	36,52	B	N
NGUYÊN TỬ	1863	CA	GLY	316	28,340	3,606	14,262	1,00	37,34	B	C
NGUYÊN TỬ	1864	C	GLY	316	28,494	4,613	15,378	1,00	38,62	B	C
NGUYÊN TỬ	1865	O	GLY	316	29,157	4,317	16,376	1,00	41,26	B	O
NGUYÊN TỬ	1866	N	ASN	317	27,870	5,782	15,216	1,00	38,59	B	N
NGUYÊN TỬ	1867	CA	ASN	317	28,134	6,964	16,041	1,00	38,47	B	C
NGUYÊN TỬ	1868	CB	ASN	317	28,289	8,205	15,168	1,00	38,39	B	C
NGUYÊN TỬ	1869	CG	ASN	317	29,539	8,187	14,381	1,00	39,27	B	C
NGUYÊN TỬ	1870	OD1	ASN	317	30,506	7,535	14,764	1,00	40,16	B	O
NGUYÊN TỬ	1871	ND2	ASN	317	29,548	8,902	13,268	1,00	40,64	B	N
NGUYÊN TỬ	1872	C	ASN	317	27,033	7,264	17,029	1,00	38,47	B	C
NGUYÊN TỬ	1873	O	ASN	317	26,906	8,408	17,488	1,00	37,31	B	O
NGUYÊN TỬ	1874	N	PHE	318	26,217	6,272	17,343	1,00	38,66	B	N
NGUYÊN TỬ	1875	CA	PHE	318	24,974	6,581	18,027	1,00	39,58	B	C
NGUYÊN TỬ	1876	CB	PHE	318	23,816	5,899	17,304	1,00	38,09	B	C
NGUYÊN TỬ	1877	CG	PHE	318	23,744	6,244	15,839	1,00	35,73	B	C
NGUYÊN TỬ	1878	CD1	PHE	318	23,340	7,502	15,430	1,00	33,00	B	C
NGUYÊN TỬ	1879	CD2	PHE	318	24,089	5,313	14,869	1,00	34,65	B	C
NGUYÊN TỬ	1880	CE1	PHE	318	23,280	7,821	14,083	1,00	30,08	B	C
NGUYÊN TỬ	1881	CE2	PHE	318	24,026	5,640	13,516	1,00	32,23	B	C
NGUYÊN TỬ	1882	CZ	PHE	318	23,620	6,893	13,132	1,00	28,85	B	C
NGUYÊN TỬ	1883	C	PHE	318	24,987	6,218	19,499	1,00	39,58	B	C
NGUYÊN TỬ	1884	O	PHE	318	23,973	6,342	20,172	1,00	39,71	B	O
NGUYÊN TỬ	1885	N	ARG	319	26,150	5,800	19,996	1,00	41,36	B	N
NGUYÊN TỬ	1886	CA	ARG	319	26,316	5,383	21,392	1,00	43,43	B	C
NGUYÊN TỬ	1887	CB	ARG	319	26,128	6,579	22,341	1,00	44,77	B	C
NGUYÊN TỬ	1888	CG	ARG	319	26,990	6,509	23,603	1,00	48,54	B	C
NGUYÊN TỬ	1889	CD	ARG	319	26,728	7,651	24,620	1,00	51,31	B	C
NGUYÊN TỬ	1890	NE	ARG	319	27,431	7,397	25,884	1,00	55,25	B	N
NGUYÊN TỬ	1891	CZ	ARG	319	28,457	8,111	26,349	1,00	58,43	B	C
NGUYÊN TỬ	1892	NH1	ARG	319	28,914	9,152	25,661	1,00	59,31	B	N
NGUYÊN TỬ	1893	NH2	ARG	319	29,051	7,763	27,490	1,00	57,79	B	N
NGUYÊN TỬ	1894	C	ARG	319	25,308	4,271	21,720	1,00	43,91	B	C
NGUYÊN TỬ	1895	O	ARG	319	24,741	4,212	22,820	1,00	44,45	B	O
NGUYÊN TỬ	1896	N	ASP	320	25,101	3,396	20,743	1,00	43,13	B	N
NGUYÊN TỬ	1897	CA	ASP	320	24,102	2,348	20,809	1,00	43,73	B	C
NGUYÊN TỬ	1898	CB	ASP	320	23,065	2,577	19,715	1,00	42,02	B	C

NGUYÊN TỬ	1899	CG	ASP	320	21,795	1,807	19,954	1,00	45,94	B	C
NGUYÊN TỬ	1900	OD1	ASP	320	21,657	1,219	21,049	1,00	48,90	B	O
NGUYÊN TỬ	1901	OD2	ASP	320	20,926	1,785	19,048	1,00	48,43	B	O
NGUYÊN TỬ	1902	C	ASP	320	24,826	1,020	20,580	1,00	45,02	B	C
NGUYÊN TỬ	1903	O	ASP	320	26,034	1,010	20,291	1,00	45,17	B	O
NGUYÊN TỬ	1904	N	ASP	321	24,111	-0,095	20,714	1,00	45,07	B	N
NGUYÊN TỬ	1905	CA	ASP	321	24,692	-1,392	20,387	1,00	46,17	B	C
NGUYÊN TỬ	1906	CB	ASP	321	23,789	-2,522	20,884	1,00	47,34	B	C
NGUYÊN TỬ	1907	CG	ASP	321	24,383	-3,898	20,619	1,00	51,14	B	C
NGUYÊN TỬ	1908	OD1	ASP	321	25,355	-3,996	19,828	1,00	51,98	B	O
NGUYÊN TỬ	1909	OD2	ASP	321	23,888	-4,892	21,202	1,00	53,20	B	O
NGUYÊN TỬ	1910	C	ASP	321	24,899	-1,522	18,871	1,00	46,01	B	C
NGUYÊN TỬ	1911	O	ASP	321	23,972	-1,311	18,081	1,00	46,19	B	O
NGUYÊN TỬ	1912	N	ALA	322	26,118	-1,879	18,473	1,00	45,06	B	N
NGUYÊN TỬ	1913	CA	ALA	322	26,484	-1,976	17,059	1,00	44,18	B	C
NGUYÊN TỬ	1914	CB	ALA	322	27,964	-2,302	16,936	1,00	42,98	B	C
NGUYÊN TỬ	1915	C	ALA	322	25,666	-3,011	16,292	1,00	44,26	B	C
NGUYÊN TỬ	1916	O	ALA	322	25,483	-2,898	15,082	1,00	42,38	B	O
NGUYÊN TỬ	1917	N	CYS	323	25,170	-4,020	16,996	1,00	46,17	B	N
NGUYÊN TỬ	1918	CA	CYS	323	24,540	-5,154	16,335	1,00	47,75	B	C
NGUYÊN TỬ	1919	C	CYS	323	23,225	-4,782	15,655	1,00	47,19	B	C
NGUYÊN TỬ	1920	O	CYS	323	22,621	-5,596	14,947	1,00	49,21	B	O
NGUYÊN TỬ	1921	CB	CYS	323	24,302	-6,277	17,337	1,00	47,92	B	C
NGUYÊN TỬ	1922	SG	CYS	323	25,755	-6,815	18,317	1,00	57,92	B	S
NGUYÊN TỬ	1923	N	LEU	324	22,786	-3,547	15,859	1,00	44,42	B	N
NGUYÊN TỬ	1924	CA	LEU	324	21,537	-3,106	15,275	1,00	41,95	B	C
NGUYÊN TỬ	1925	CB	LEU	324	20,781	-2,256	16,288	1,00	42,78	B	C
NGUYÊN TỬ	1926	CG	LEU	324	19,899	-3,109	17,215	1,00	42,58	B	C
NGUYÊN TỬ	1927	CD1	LEU	324	20,409	-4,537	17,241	1,00	41,91	B	C
NGUYÊN TỬ	1928	CD2	LEU	324	19,893	-2,514	18,621	1,00	41,27	B	C
NGUYÊN TỬ	1929	C	LEU	324	21,746	-2,348	13,969	1,00	41,25	B	C
NGUYÊN TỬ	1930	O	LEU	324	20,801	-1,845	13,367	1,00	38,50	B	O
NGUYÊN TỬ	1931	N	TYR	325	22,992	-2,299	13,519	1,00	40,98	B	N
NGUYÊN TỬ	1932	CA	TYR	325	23,347	-1,560	12,315	1,00	39,73	B	C
NGUYÊN TỬ	1933	CB	TYR	325	24,155	-0,328	12,696	1,00	37,77	B	C
NGUYÊN TỬ	1934	CG	TYR	325	23,499	0,517	13,742	1,00	33,29	B	C
NGUYÊN TỬ	1935	CD1	TYR	325	22,650	1,557	13,377	1,00	34,00	B	C
NGUYÊN TỬ	1936	CE1	TYR	325	22,022	2,334	14,321	1,00	33,26	B	C
NGUYÊN TỬ	1937	CD2	TYR	325	23,709	0,271	15,086	1,00	30,61	B	C
NGUYÊN TỬ	1938	CE2	TYR	325	23,087	1,038	16,039	1,00	33,72	B	C
NGUYÊN TỬ	1939	CZ	TYR	325	22,239	2,074	15,649	1,00	33,01	B	C
NGUYÊN TỬ	1940	OH	TYR	325	21,597	2,844	16,588	1,00	32,19	B	O
NGUYÊN TỬ	1941	C	TYR	325	24,188	-2,407	11,377	1,00	40,49	B	C
NGUYÊN TỬ	1942	O	TYR	325	25,078	-3,134	11,823	1,00	41,28	B	O
NGUYÊN TỬ	1943	N	SER	326	23,936	-2,294	10,080	1,00	40,51	B	N
NGUYÊN TỬ	1944	CA	SER	326	24,848	-2,889	9,106	1,00	41,58	B	C
NGUYÊN TỬ	1945	CB	SER	326	24,062	-3,730	8,093	1,00	42,97	B	C
NGUYÊN TỬ	1946	OG	SER	326	23,315	-4,736	8,753	1,00	42,86	B	O
NGUYÊN TỬ	1947	C	SER	326	25,653	-1,791	8,393	1,00	41,09	B	C
NGUYÊN TỬ	1948	O	SER	326	25,202	-0,655	8,270	1,00	42,79	B	O
NGUYÊN TỬ	1949	N	PRO	327	26,860	-2,123	7,924	1,00	40,03	B	N
NGUYÊN TỬ	1950	CD	PRO	327	27,684	-1,256	7,062	1,00	39,65	B	C
NGUYÊN TỬ	1951	CA	PRO	327	27,418	-3,473	8,060	1,00	38,97	B	C
NGUYÊN TỬ	1952	CB	PRO	327	28,303	-3,620	6,821	1,00	38,89	B	C
NGUYÊN TỬ	1953	CG	PRO	327	28,693	-2,200	6,454	1,00	38,79	B	C
NGUYÊN TỬ	1954	C	PRO	327	28,168	-3,781	9,358	1,00	37,64	B	C
NGUYÊN TỬ	1955	O	PRO	327	28,985	-4,697	9,392	1,00	38,69	B	O
NGUYÊN TỬ	1956	N	ALA	328	27,890	-3,037	10,424	1,00	35,56	B	N
NGUYÊN TỬ	1957	CA	ALA	328	28,624	-3,219	11,672	1,00	34,25	B	C
NGUYÊN TỬ	1958	CB	ALA	328	28,270	-2,119	12,651	1,00	31,78	B	C
NGUYÊN TỬ	1959	C	ALA	328	28,316	-4,571	12,287	1,00	34,71	B	C
NGUYÊN TỬ	1960	O	ALA	328	29,181	-5,236	12,848	1,00	32,22	B	O
NGUYÊN TỬ	1961	N	SER	329	27,064	-4,972	12,185	1,00	37,03	B	N
NGUYÊN TỬ	1962	CA	SER	329	26,602	-6,104	12,955	1,00	39,06	B	C
NGUYÊN TỬ	1963	CB	SER	329	25,068	-6,120	13,024	1,00	39,81	B	C
NGUYÊN TỬ	1964	OG	SER	329	24,482	-6,166	11,734	1,00	39,62	B	O
NGUYÊN TỬ	1965	C	SER	329	27,123	-7,343	12,282	1,00	39,36	B	C
NGUYÊN TỬ	1966	O	SER	329	27,029	-8,439	12,827	1,00	41,11	B	O
NGUYÊN TỬ	1967	N	ALA	330	27,691	-7,163	11,096	1,00	38,72	B	N
NGUYÊN TỬ	1968	CA	ALA	330	28,173	-8,304	10,324	1,00	39,45	B	C
NGUYÊN TỬ	1969	CB	ALA	330	28,489	-7,871	8,901	1,00	36,46	B	C
NGUYÊN TỬ	1970	C	ALA	330	29,391	-8,988	10,962	1,00	40,24	B	C
NGUYÊN TỬ	1971	O	ALA	330	30,410	-8,355	11,276	1,00	39,63	B	O
NGUYÊN TỬ	1972	N	PRO	331	29,287	-10,308	11,159	1,00	41,42	B	N
NGUYÊN TỬ	1973	CD	PRO	331	28,083	-11,075	10,788	1,00	42,18	B	C
NGUYÊN TỬ	1974	CA	PRO	331	30,275	-11,147	11,842	1,00	42,22	B	C

NGUYÊN TỬ	1975	CB	PRO	331	29,609	-12,530	11,881	1,00	42,39	B	C
NGUYÊN TỬ	1976	CG	PRO	331	28,163	-12,270	11,698	1,00	42,38	B	C
NGUYÊN TỬ	1977	C	PRO	331	31,613	-11,193	11,112	1,00	42,21	B	C
NGUYÊN TỬ	1978	O	PRO	331	32,677	-11,112	11,727	1,00	41,29	B	O
NGUYÊN TỬ	1979	N	GLU	332	31,552	-11,340	9,797	1,00	42,77	B	N
NGUYÊN TỬ	1980	CA	GLU	332	32,755	-11,545	9,014	1,00	45,40	B	C
NGUYÊN TỬ	1981	CB	GLU	332	32,432	-12,446	7,825	1,00	46,55	B	C
NGUYÊN TỬ	1982	CG	GLU	332	31,067	-12,180	7,218	1,00	50,46	B	C
NGUYÊN TỬ	1983	CD	GLU	332	30,035	-13,245	7,573	1,00	52,20	B	C
NGUYÊN TỬ	1984	OE1	GLU	332	30,196	-14,405	7,128	1,00	50,77	B	O
NGUYÊN TỬ	1985	OE2	GLU	332	29,058	-12,916	8,292	1,00	52,83	B	O
NGUYÊN TỬ	1986	C	GLU	332	33,344	-10,209	8,551	1,00	45,69	B	C
NGUYÊN TỬ	1987	O	GLU	332	34,237	-10,159	7,698	1,00	47,38	B	O
NGUYÊN TỬ	1988	N	VAL	333	32,832	-9,127	9,129	1,00	45,52	B	N
NGUYÊN TỬ	1989	CA	VAL	333	33,361	-7,777	8,926	1,00	44,61	B	C
NGUYÊN TỬ	1990	CB	VAL	333	32,211	-6,768	8,689	1,00	43,61	B	C
NGUYÊN TỬ	1991	CG1	VAL	333	32,749	-5,345	8,738	1,00	43,34	B	C
NGUYÊN TỬ	1992	CG2	VAL	333	31,545	-7,051	7,350	1,00	42,09	B	C
NGUYÊN TỬ	1993	C	VAL	333	34,169	-7,311	10,148	1,00	44,86	B	C
NGUYÊN TỬ	1994	O	VAL	333	33,864	-7,694	11,283	1,00	44,91	B	O
NGUYÊN TỬ	1995	N	ILE	334	35,193	-6,488	9,915	1,00	43,56	B	N
NGUYÊN TỬ	1996	CA	ILE	334	35,937	-5,873	11,009	1,00	42,14	B	C
NGUYÊN TỬ	1997	CB	ILE	334	37,403	-5,597	10,618	1,00	41,32	B	C
NGUYÊN TỬ	1998	CG2	ILE	334	38,148	-4,925	11,771	1,00	39,45	B	C
NGUYÊN TỬ	1999	CG1	ILE	334	38,108	-6,917	10,323	1,00	42,05	B	C
NGUYÊN TỬ	2000	CD1	ILE	334	38,789	-7,525	11,528	1,00	41,74	B	C
NGUYÊN TỬ	2001	C	ILE	334	35,276	-4,564	11,391	1,00	42,30	B	C
NGUYÊN TỬ	2002	O	ILE	334	35,264	-3,604	10,617	1,00	44,99	B	O
NGUYÊN TỬ	2003	N	THR	335	34,724	-4,528	12,593	1,00	40,57	B	N
NGUYÊN TỬ	2004	CA	THR	335	33,899	-3,411	13,012	1,00	39,86	B	C
NGUYÊN TỬ	2005	CB	THR	335	32,565	-3,934	13,560	1,00	38,34	B	C
NGUYÊN TỬ	2006	OG1	THR	335	31,900	-4,682	12,527	1,00	35,93	B	O
NGUYÊN TỬ	2007	CG2	THR	335	31,676	-2,783	14,016	1,00	37,95	B	C
NGUYÊN TỬ	2008	C	THR	335	34,653	-2,615	14,064	1,00	39,84	B	C
NGUYÊN TỬ	2009	O	THR	335	35,212	-3,185	14,999	1,00	40,88	B	O
NGUYÊN TỬ	2010	N	VAL	336	34,695	-1,297	13,903	1,00	39,68	B	N
NGUYÊN TỬ	2011	CA	VAL	336	35,676	-0,501	14,628	1,00	38,86	B	C
NGUYÊN TỬ	2012	CB	VAL	336	36,670	0,190	13,674	1,00	36,14	B	C
NGUYÊN TỬ	2013	CG1	VAL	336	37,660	1,015	14,475	1,00	34,81	B	C
NGUYÊN TỬ	2014	CG2	VAL	336	37,398	-0,843	12,830	1,00	34,08	B	C
NGUYÊN TỬ	2015	C	VAL	336	35,029	0,576	15,455	1,00	39,97	B	C
NGUYÊN TỬ	2016	O	VAL	336	34,361	1,463	14,923	1,00	41,64	B	O
NGUYÊN TỬ	2017	N	GLY	337	35,239	0,518	16,763	1,00	40,20	B	N
NGUYÊN TỬ	2018	CA	GLY	337	34,802	1,610	17,606	1,00	39,73	B	C
NGUYÊN TỬ	2019	C	GLY	337	35,746	2,787	17,486	1,00	39,43	B	C
NGUYÊN TỬ	2020	O	GLY	337	36,780	2,690	16,820	1,00	39,46	B	O
NGUYÊN TỬ	2021	N	ALA	338	35,391	3,901	18,126	1,00	39,12	B	N
NGUYÊN TỬ	2022	CA	ALA	338	36,217	5,106	18,096	1,00	38,05	B	C
NGUYÊN TỬ	2023	CB	ALA	338	35,435	6,256	17,479	1,00	34,55	B	C
NGUYÊN TỬ	2024	C	ALA	338	36,667	5,466	19,509	1,00	38,46	B	C
NGUYÊN TỬ	2025	O	ALA	338	35,876	5,430	20,451	1,00	39,47	B	O
NGUYÊN TỬ	2026	N	THR	339	37,944	5,795	19,651	1,00	39,40	B	N
NGUYÊN TỬ	2027	CA	THR	339	38,479	6,249	20,922	1,00	42,52	B	C
NGUYÊN TỬ	2028	CB	THR	339	39,537	5,277	21,517	1,00	44,20	B	C
NGUYÊN TỬ	2029	OG1	THR	339	40,599	5,071	20,576	1,00	46,75	B	O
NGUYÊN TỬ	2030	CG2	THR	339	38,907	3,935	21,861	1,00	45,49	B	C
NGUYÊN TỬ	2031	C	THR	339	39,154	7,569	20,684	1,00	44,11	B	C
NGUYÊN TỬ	2032	O	THR	339	39,425	7,931	19,542	1,00	43,96	B	O
NGUYÊN TỬ	2033	N	ASN	340	39,422	8,284	21,767	1,00	46,79	B	N
NGUYÊN TỬ	2034	CA	ASN	340	40,081	9,577	21,685	1,00	48,44	B	C
NGUYÊN TỬ	2035	CB	ASN	340	39,285	10,626	22,465	1,00	46,64	B	C
NGUYÊN TỬ	2036	CG	ASN	340	39,236	10,334	23,943	1,00	45,72	B	C
NGUYÊN TỬ	2037	OD1	ASN	340	39,719	9,294	24,401	1,00	43,67	B	O
NGUYÊN TỬ	2038	ND2	ASN	340	38,651	11,254	24,706	1,00	45,68	B	N
NGUYÊN TỬ	2039	C	ASN	340	41,515	9,510	22,210	1,00	47,97	B	C
NGUYÊN TỬ	2040	O	ASN	340	42,037	8,434	22,482	1,00	46,71	B	O
NGUYÊN TỬ	2041	N	ALA	341	42,134	10,676	22,337	1,00	49,51	B	N
NGUYÊN TỬ	2042	CA	ALA	341	43,538	10,786	22,688	1,00	51,79	B	C
NGUYÊN TỬ	2043	CB	ALA	341	43,997	12,243	22,534	1,00	49,71	B	C
NGUYÊN TỬ	2044	C	ALA	341	43,801	10,296	24,110	1,00	54,25	B	C
NGUYÊN TỬ	2045	O	ALA	341	44,954	10,227	24,547	1,00	54,89	B	O
NGUYÊN TỬ	2046	N	GLN	342	42,730	9,964	24,829	1,00	56,61	B	N
NGUYÊN TỬ	2047	CA	GLN	342	42,838	9,357	26,158	1,00	58,83	B	C
NGUYÊN TỬ	2048	CB	GLN	342	41,779	9,946	27,084	1,00	60,38	B	C
NGUYÊN TỬ	2049	CG	GLN	342	41,374	11,352	26,715	1,00	63,15	B	C
NGUYÊN TỬ	2050	CD	GLN	342	42,561	12,272	26,637	1,00	65,06	B	C

NGUYÊN TỬ	2051	OE1	GLN	342	42,539	13,276	25,918	1,00	66,99	B	O
NGUYÊN TỬ	2052	NE2	GLN	342	43,616	11,939	27,381	1,00	66,05	B	N
NGUYÊN TỬ	2053	C	GLN	342	42,660	7,832	26,105	1,00	59,71	B	C
NGUYÊN TỬ	2054	O	GLN	342	42,625	7,165	27,143	1,00	59,74	B	O
NGUYÊN TỬ	2055	N	ASP	343	42,547	7,289	24,895	1,00	59,69	B	N
NGUYÊN TỬ	2056	CA	ASP	343	42,193	5,888	24,706	1,00	59,97	B	C
NGUYÊN TỬ	2057	CB	ASP	343	43,276	4,988	25,315	1,00	60,43	B	C
NGUYÊN TỬ	2058	CG	ASP	343	44,410	4,685	24,328	1,00	62,18	B	C
NGUYÊN TỬ	2059	OD1	ASP	343	44,125	4,483	23,130	1,00	61,55	B	O
NGUYÊN TỬ	2060	OD2	ASP	343	45,591	4,644	24,739	1,00	64,06	B	O
NGUYÊN TỬ	2061	C	ASP	343	40,804	5,552	25,281	1,00	59,58	B	C
NGUYÊN TỬ	2062	O	ASP	343	40,562	4,440	25,756	1,00	58,20	B	O
NGUYÊN TỬ	2063	N	GLN	344	39,896	6,527	25,218	1,00	58,40	B	N
NGUYÊN TỬ	2064	CA	GLN	344	38,531	6,362	25,712	1,00	56,68	B	C
NGUYÊN TỬ	2065	CB	GLN	344	38,226	7,428	26,768	1,00	57,01	B	C
NGUYÊN TỬ	2066	CG	GLN	344	38,911	7,171	28,100	1,00	59,32	B	C
NGUYÊN TỬ	2067	CD	GLN	344	38,507	5,837	28,714	1,00	61,30	B	C
NGUYÊN TỬ	2068	OE1	GLN	344	37,395	5,687	29,225	1,00	61,08	B	O
NGUYÊN TỬ	2069	NE2	GLN	344	39,410	4,858	28,660	1,00	61,88	B	N
NGUYÊN TỬ	2070	C	GLN	344	37,473	6,420	24,607	1,00	54,73	B	C
NGUYÊN TỬ	2071	O	GLN	344	37,713	6,939	23,520	1,00	55,32	B	O
NGUYÊN TỬ	2072	N	PRO	345	36,276	5,887	24,884	1,00	52,34	B	N
NGUYÊN TỬ	2073	CD	PRO	345	35,864	5,218	26,130	1,00	52,86	B	C
NGUYÊN TỬ	2074	CA	PRO	345	35,208	5,872	23,881	1,00	51,32	B	C
NGUYÊN TỬ	2075	CB	PRO	345	34,080	5,115	24,572	1,00	52,46	B	C
NGUYÊN TỬ	2076	CG	PRO	345	34,752	4,348	25,676	1,00	53,13	B	C
NGUYÊN TỬ	2077	C	PRO	345	34,782	7,278	23,486	1,00	48,74	B	C
NGUYÊN TỬ	2078	O	PRO	345	34,501	8,114	24,345	1,00	47,73	B	O
NGUYÊN TỬ	2079	N	VAL	346	34,732	7,535	22,185	1,00	46,48	B	N
NGUYÊN TỬ	2080	CA	VAL	346	34,432	8,875	21,700	1,00	45,16	B	C
NGUYÊN TỬ	2081	CB	VAL	346	34,719	8,994	20,195	1,00	44,09	B	C
NGUYÊN TỬ	2082	CG1	VAL	346	33,991	10,203	19,640	1,00	45,77	B	C
NGUYÊN TỬ	2083	CG2	VAL	346	36,215	9,134	19,961	1,00	43,38	B	C
NGUYÊN TỬ	2084	C	VAL	346	32,989	9,327	21,953	1,00	43,26	B	C
NGUYÊN TỬ	2085	O	VAL	346	32,032	8,604	21,695	1,00	43,80	B	O
NGUYÊN TỬ	2086	N	THR	347	32,833	10,535	22,466	1,00	40,93	B	N
NGUYÊN TỬ	2087	CA	THR	347	31,529	11,168	22,437	1,00	38,99	B	C
NGUYÊN TỬ	2088	CB	THR	347	31,267	11,969	23,727	1,00	38,98	B	C
NGUYÊN TỬ	2089	OG1	THR	347	32,410	12,783	24,025	1,00	39,16	B	O
NGUYÊN TỬ	2090	CG2	THR	347	31,000	11,024	24,877	1,00	37,77	B	C
NGUYÊN TỬ	2091	C	THR	347	31,437	12,095	21,225	1,00	36,77	B	C
NGUYÊN TỬ	2092	O	THR	347	32,324	12,917	20,981	1,00	35,24	B	O
NGUYÊN TỬ	2093	N	LEU	348	30,359	11,933	20,463	1,00	34,41	B	N
NGUYÊN TỬ	2094	CA	LEU	348	30,085	12,764	19,300	1,00	32,42	B	C
NGUYÊN TỬ	2095	CB	LEU	348	29,981	11,869	18,057	1,00	30,11	B	C
NGUYÊN TỬ	2096	CG	LEU	348	31,248	11,023	17,803	1,00	29,43	B	C
NGUYÊN TỬ	2097	CD1	LEU	348	30,916	9,801	16,981	1,00	26,50	B	C
NGUYÊN TỬ	2098	CD2	LEU	348	32,315	11,869	17,112	1,00	25,20	B	C
NGUYÊN TỬ	2099	C	LEU	348	28,760	13,441	19,609	1,00	31,86	B	C
NGUYÊN TỬ	2100	O	LEU	348	27,766	12,762	19,801	1,00	33,15	B	O
NGUYÊN TỬ	2101	N	GLY	349	28,735	14,764	19,702	1,00	31,16	B	N
NGUYÊN TỬ	2102	CA	GLY	349	27,519	15,402	20,194	1,00	32,64	B	C
NGUYÊN TỬ	2103	C	GLY	349	27,086	14,817	21,534	1,00	32,03	B	C
NGUYÊN TỬ	2104	O	GLY	349	27,831	14,868	22,484	1,00	34,71	B	O
NGUYÊN TỬ	2105	N	THR	350	25,895	14,251	21,642	1,00	33,25	B	N
NGUYÊN TỬ	2106	CA	THR	350	25,549	13,563	22,890	1,00	32,37	B	C
NGUYÊN TỬ	2107	CB	THR	350	24,172	14,014	23,433	1,00	31,72	B	C
NGUYÊN TỬ	2108	OG1	THR	350	23,142	13,664	22,502	1,00	33,43	B	O
NGUYÊN TỬ	2109	CG2	THR	350	24,156	15,502	23,644	1,00	32,71	B	C
NGUYÊN TỬ	2110	C	THR	350	25,553	12,039	22,721	1,00	31,43	B	C
NGUYÊN TỬ	2111	O	THR	350	25,330	11,292	23,679	1,00	30,78	B	O
NGUYÊN TỬ	2112	N	LEU	351	25,808	11,586	21,497	1,00	29,11	B	N
NGUYÊN TỬ	2113	CA	LEU	351	26,001	10,177	21,238	1,00	27,69	B	C
NGUYÊN TỬ	2114	CB	LEU	351	25,421	9,831	19,878	1,00	27,14	B	C
NGUYÊN TỬ	2115	CG	LEU	351	23,939	10,206	19,774	1,00	28,37	B	C
NGUYÊN TỬ	2116	CD1	LEU	351	23,314	9,489	18,590	1,00	29,77	B	C
NGUYÊN TỬ	2117	CD2	LEU	351	23,218	9,806	21,054	1,00	27,08	B	C
NGUYÊN TỬ	2118	C	LEU	351	27,482	9,824	21,298	1,00	29,91	B	C
NGUYÊN TỬ	2119	O	LEU	351	28,173	10,139	22,277	1,00	31,43	B	O
NGUYÊN TỬ	2120	N	GLY	352	27,981	9,178	20,248	1,00	30,92	B	N
NGUYÊN TỬ	2121	CA	GLY	352	29,376	8,774	20,232	1,00	30,77	B	C
NGUYÊN TỬ	2122	C	GLY	352	29,534	7,340	19,770	1,00	30,80	B	C
NGUYÊN TỬ	2123	O	GLY	352	28,656	6,788	19,104	1,00	31,81	B	O
NGUYÊN TỬ	2124	N	THR	353	30,647	6,715	20,121	1,00	30,12	B	N
NGUYÊN TỬ	2125	CA	THR	353	30,980	5,456	19,488	1,00	30,91	B	C
NGUYÊN TỬ	2126	CB	THR	353	32,410	5,035	19,835	1,00	29,91	B	C

NGUYÊN TỬ	2127	OG1	THR	353	32,743	3,818	19,152	1,00	26,96	B	O
NGUYÊN TỬ	2128	CG2	THR	353	32,539	4,829	21,332	1,00	31,40	B	C
NGUYÊN TỬ	2129	C	THR	353	30,020	4,381	19,955	1,00	32,86	B	C
NGUYÊN TỬ	2130	O	THR	353	29,869	4,171	21,162	1,00	32,88	B	O
NGUYÊN TỬ	2131	N	ASN	354	29,371	3,710	19,002	1,00	32,48	B	N
NGUYÊN TỬ	2132	CA	ASN	354	28,714	2,430	19,277	1,00	34,53	B	C
NGUYÊN TỬ	2133	CB	ASN	354	28,125	1,825	17,994	1,00	32,64	B	C
NGUYÊN TỬ	2134	CG	ASN	354	26,811	2,451	17,611	1,00	32,64	B	C
NGUYÊN TỬ	2135	OD1	ASN	354	26,421	3,484	18,158	1,00	34,86	B	O
NGUYÊN TỬ	2136	ND2	ASN	354	26,116	1,838	16,669	1,00	30,53	B	N
NGUYÊN TỬ	2137	C	ASN	354	29,656	1,399	19,910	1,00	34,76	B	C
NGUYÊN TỬ	2138	O	ASN	354	30,882	1,558	19,919	1,00	32,98	B	O
NGUYÊN TỬ	2139	N	PHE	355	29,059	0,326	20,413	1,00	36,79	B	N
NGUYÊN TỬ	2140	CA	PHE	355	29,770	-0,671	21,207	1,00	39,22	B	C
NGUYÊN TỬ	2141	CB	PHE	355	29,805	-0,217	22,661	1,00	39,08	B	C
NGUYÊN TỬ	2142	CG	PHE	355	28,478	0,292	23,150	1,00	39,28	B	C
NGUYÊN TỬ	2143	CD1	PHE	355	28,297	1,635	23,433	1,00	37,87	B	C
NGUYÊN TỬ	2144	CD2	PHE	355	27,399	-0,570	23,280	1,00	39,36	B	C
NGUYÊN TỬ	2145	CE1	PHE	355	27,073	2,107	23,831	1,00	38,35	B	C
NGUYÊN TỬ	2146	CE2	PHE	355	26,166	-0,100	23,681	1,00	39,17	B	C
NGUYÊN TỬ	2147	CZ	PHE	355	26,004	1,241	23,955	1,00	38,97	B	C
NGUYÊN TỬ	2148	C	PHE	355	29,058	-2,022	21,128	1,00	41,42	B	C
NGUYÊN TỬ	2149	O	PHE	355	28,135	-2,222	20,327	1,00	42,06	B	O
NGUYÊN TỬ	2150	N	GLY	356	29,472	-2,945	21,985	1,00	43,05	B	N
NGUYÊN TỬ	2151	CA	GLY	356	28,791	-4,217	22,030	1,00	46,32	B	C
NGUYÊN TỬ	2152	C	GLY	356	29,615	-5,316	21,418	1,00	49,86	B	C
NGUYÊN TỬ	2153	O	GLY	356	30,734	-5,080	20,960	1,00	49,34	B	O
NGUYÊN TỬ	2154	N	ARG	357	29,067	-6,525	21,415	1,00	52,59	B	N
NGUYÊN TỬ	2155	CA	ARG	357	29,853	-7,687	21,050	1,00	55,32	B	C
NGUYÊN TỬ	2156	CB	ARG	357	29,054	-8,957	21,316	1,00	56,96	B	C
NGUYÊN TỬ	2157	CG	ARG	357	27,733	-9,016	20,601	1,00	57,12	B	C
NGUYÊN TỬ	2158	CD	ARG	357	26,958	-10,270	20,970	1,00	60,05	B	C
NGUYÊN TỬ	2159	NE	ARG	357	25,646	-10,272	20,324	1,00	66,70	B	N
NGUYÊN TỬ	2160	CZ	ARG	357	25,436	-10,567	19,041	1,00	69,70	B	C
NGUYÊN TỬ	2161	NH1	ARG	357	24,202	-10,535	18,550	1,00	71,70	B	N
NGUYÊN TỬ	2162	NH2	ARG	357	26,455	-10,900	18,249	1,00	70,96	B	N
NGUYÊN TỬ	2163	C	ARG	357	30,282	-7,628	19,584	1,00	55,87	B	C
NGUYÊN TỬ	2164	O	ARG	357	31,312	-8,195	19,208	1,00	58,14	B	O
NGUYÊN TỬ	2165	N	CYS	358	29,493	-6,925	18,770	1,00	53,84	B	N
NGUYÊN TỬ	2166	CA	CYS	358	29,711	-6,841	17,328	1,00	50,17	B	C
NGUYÊN TỬ	2167	C	CYS	358	30,828	-5,854	16,927	1,00	48,24	B	C
NGUYÊN TỬ	2168	O	CYS	358	31,055	-5,601	15,744	1,00	46,71	B	O
NGUYÊN TỬ	2169	CB	CYS	358	28,381	-6,484	16,648	1,00	50,59	B	C
NGUYÊN TỬ	2170	SG	CYS	358	27,087	-7,713	17,021	1,00	53,47	B	S
NGUYÊN TỬ	2171	N	VAL	359	31,531	-5,306	17,912	1,00	46,32	B	N
NGUYÊN TỬ	2172	CA	VAL	359	32,716	-4,503	17,630	1,00	45,82	B	C
NGUYÊN TỬ	2173	CB	VAL	359	32,806	-3,282	18,567	1,00	44,83	B	C
NGUYÊN TỬ	2174	CG1	VAL	359	34,050	-2,469	18,240	1,00	42,10	B	C
NGUYÊN TỬ	2175	CG2	VAL	359	31,541	-2,426	18,436	1,00	44,41	B	C
NGUYÊN TỬ	2176	C	VAL	359	33,968	-5,344	17,829	1,00	46,74	B	C
NGUYÊN TỬ	2177	O	VAL	359	34,087	-6,061	18,821	1,00	48,03	B	O
NGUYÊN TỬ	2178	N	ASP	360	34,908	-5,262	16,893	1,00	46,35	B	N
NGUYÊN TỬ	2179	CA	ASP	360	36,122	-6,067	16,991	1,00	44,78	B	C
NGUYÊN TỬ	2180	CB	ASP	360	36,624	-6,448	15,597	1,00	44,72	B	C
NGUYÊN TỬ	2181	CG	ASP	360	35,649	-7,354	14,859	1,00	46,97	B	C
NGUYÊN TỬ	2182	OD1	ASP	360	35,617	-8,576	15,133	1,00	48,10	B	O
NGUYÊN TỬ	2183	OD2	ASP	360	34,902	-6,842	14,005	1,00	49,17	B	O
NGUYÊN TỬ	2184	C	ASP	360	37,197	-5,326	17,756	1,00	43,17	B	C
NGUYÊN TỬ	2185	O	ASP	360	38,004	-5,931	18,438	1,00	44,20	B	O
NGUYÊN TỬ	2186	N	LEU	361	37,192	-4,008	17,653	1,00	42,15	B	N
NGUYÊN TỬ	2187	CA	LEU	361	38,119	-3,190	18,417	1,00	42,07	B	C
NGUYÊN TỬ	2188	CB	LEU	361	39,577	-3,571	18,098	1,00	42,02	B	C
NGUYÊN TỬ	2189	CG	LEU	361	40,202	-3,182	16,739	1,00	43,57	B	C
NGUYÊN TỬ	2190	CD1	LEU	361	41,713	-3,002	16,874	1,00	42,62	B	C
NGUYÊN TỬ	2191	CD2	LEU	361	39,894	-4,237	15,704	1,00	41,99	B	C
NGUYÊN TỬ	2192	C	LEU	361	37,879	-1,715	18,092	1,00	42,18	B	C
NGUYÊN TỬ	2193	O	LEU	361	36,995	-1,375	17,297	1,00	40,87	B	O
NGUYÊN TỬ	2194	N	PHE	362	38,669	-0,850	18,717	1,00	42,23	B	N
NGUYÊN TỬ	2195	CA	PHE	362	38,589	0,587	18,498	1,00	43,61	B	C
NGUYÊN TỬ	2196	CB	PHE	362	38,373	1,307	19,834	1,00	42,71	B	C
NGUYÊN TỬ	2197	CG	PHE	362	37,078	0,961	20,497	1,00	43,77	B	C
NGUYÊN TỬ	2198	CD1	PHE	362	36,206	1,953	20,907	1,00	44,12	B	C
NGUYÊN TỬ	2199	CD2	PHE	362	36,716	-0,361	20,688	1,00	43,83	B	C
NGUYÊN TỬ	2200	CE1	PHE	362	34,987	1,627	21,494	1,00	44,59	B	C
NGUYÊN TỬ	2201	CE2	PHE	362	35,505	-0,693	21,272	1,00	44,45	B	C
NGUYÊN TỬ	2202	CZ	PHE	362	34,640	0,300	21,677	1,00	43,51	B	C

NGUYÊN TỬ	2203	C	PHE	362	39,873	1,091	17,844	1,00	43,97	B	C
NGUYÊN TỬ	2204	O	PHE	362	40,813	0,327	17,648	1,00	44,43	B	O
NGUYÊN TỬ	2205	N	ALA	363	39,896	2,374	17,498	1,00	44,29	B	N
NGUYÊN TỬ	2206	CA	ALA	363	41,108	3,047	17,043	1,00	42,94	B	C
NGUYÊN TỬ	2207	CB	ALA	363	41,400	2,678	15,606	1,00	41,34	B	C
NGUYÊN TỬ	2208	C	ALA	363	40,849	4,544	17,170	1,00	42,78	B	C
NGUYÊN TỬ	2209	O	ALA	363	39,703	4,971	17,259	1,00	40,55	B	O
NGUYÊN TỬ	2210	N	PRO	364	41,909	5,362	17,184	1,00	44,63	B	N
NGUYÊN TỬ	2211	CD	PRO	364	43,317	5,026	16,940	1,00	45,92	B	C
NGUYÊN TỬ	2212	CA	PRO	364	41,721	6,807	17,314	1,00	45,95	B	C
NGUYÊN TỬ	2213	CB	PRO	364	43,094	7,378	16,984	1,00	45,73	B	C
NGUYÊN TỬ	2214	CG	PRO	364	44,027	6,299	17,301	1,00	45,76	B	C
NGUYÊN TỬ	2215	C	PRO	364	40,669	7,297	16,329	1,00	47,71	B	C
NGUYÊN TỬ	2216	O	PRO	364	40,728	6,973	15,138	1,00	46,96	B	O
NGUYÊN TỬ	2217	N	GLY	365	39,716	8,076	16,839	1,00	48,81	B	N
NGUYÊN TỬ	2218	CA	GLY	365	38,632	8,575	16,016	1,00	50,95	B	C
NGUYÊN TỬ	2219	C	GLY	365	38,112	9,945	16,425	1,00	52,82	B	C
NGUYÊN TỬ	2220	O	GLY	365	37,095	10,417	15,896	1,00	54,20	B	O
NGUYÊN TỬ	2221	N	GLU	366	38,798	10,585	17,367	1,00	53,12	B	N
NGUYÊN TỬ	2222	CA	GLU	366	38,454	11,940	17,772	1,00	53,18	B	C
NGUYÊN TỬ	2223	CB	GLU	366	38,184	11,985	19,284	1,00	55,16	B	C
NGUYÊN TỬ	2224	CG	GLU	366	37,350	13,188	19,757	1,00	57,81	B	C
NGUYÊN TỬ	2225	CD	GLU	366	37,236	13,294	21,288	1,00	59,11	B	C
NGUYÊN TỬ	2226	OE1	GLU	366	36,271	12,740	21,874	1,00	59,52	B	O
NGUYÊN TỬ	2227	OE2	GLU	366	38,120	13,938	21,902	1,00	58,89	B	O
NGUYÊN TỬ	2228	C	GLU	366	39,627	12,840	17,416	1,00	51,60	B	C
NGUYÊN TỬ	2229	O	GLU	366	40,750	12,567	17,799	1,00	53,06	B	O
NGUYÊN TỬ	2230	N	ASP	367	39,375	13,900	16,663	1,00	50,68	B	N
NGUYÊN TỬ	2231	CA	ASP	367	40,416	14,884	16,377	1,00	48,72	B	C
NGUYÊN TỬ	2232	CB	ASP	367	41,114	15,288	17,680	1,00	51,98	B	C
NGUYÊN TỬ	2233	CG	ASP	367	42,050	16,475	17,506	1,00	55,60	B	C
NGUYÊN TỬ	2234	OD1	ASP	367	41,637	17,490	16,888	1,00	57,07	B	O
NGUYÊN TỬ	2235	OD2	ASP	367	43,200	16,388	17,998	1,00	57,74	B	O
NGUYÊN TỬ	2236	C	ASP	367	41,442	14,320	15,403	1,00	45,06	B	C
NGUYÊN TỬ	2237	O	ASP	367	42,648	14,432	15,614	1,00	44,79	B	O
NGUYÊN TỬ	2238	N	ILE	368	40,977	13,694	14,337	1,00	40,15	B	N
NGUYÊN TỬ	2239	CA	ILE	368	41,924	13,092	13,417	1,00	35,41	B	C
NGUYÊN TỬ	2240	CB	ILE	368	41,340	11,830	12,776	1,00	32,03	B	C
NGUYÊN TỬ	2241	CG2	ILE	368	42,346	11,236	11,818	1,00	30,65	B	C
NGUYÊN TỬ	2242	CG1	ILE	368	40,900	10,843	13,860	1,00	28,33	B	C
NGUYÊN TỬ	2243	CD1	ILE	368	41,884	10,653	14,993	1,00	22,93	B	C
NGUYÊN TỬ	2244	C	ILE	368	42,275	14,099	12,318	1,00	35,65	B	C
NGUYÊN TỬ	2245	O	ILE	368	41,392	14,566	11,584	1,00	34,20	B	O
NGUYÊN TỬ	2246	N	ILE	369	43,558	14,444	12,209	1,00	33,12	B	N
NGUYÊN TỬ	2247	CA	ILE	369	43,975	15,381	11,180	1,00	31,13	B	C
NGUYÊN TỬ	2248	CB	ILE	369	45,308	16,061	11,529	1,00	31,54	B	C
NGUYÊN TỬ	2249	CG2	ILE	369	46,469	15,233	11,000	1,00	29,64	B	C
NGUYÊN TỬ	2250	CG1	ILE	369	45,366	17,448	10,875	1,00	31,98	B	C
NGUYÊN TỬ	2251	CD1	ILE	369	46,541	18,283	11,339	1,00	32,59	B	C
NGUYÊN TỬ	2252	C	ILE	369	44,140	14,625	9,867	1,00	30,83	B	C
NGUYÊN TỬ	2253	O	ILE	369	44,605	13,483	9,850	1,00	31,37	B	O
NGUYÊN TỬ	2254	N	GLY	370	43,747	15,264	8,773	1,00	30,51	B	N
NGUYÊN TỬ	2255	CA	GLY	370	43,750	14,606	7,482	1,00	32,26	B	C
NGUYÊN TỬ	2256	C	GLY	370	43,444	15,582	6,365	1,00	32,89	B	C
NGUYÊN TỬ	2257	O	GLY	370	43,140	16,755	6,619	1,00	33,94	B	O
NGUYÊN TỬ	2258	N	ALA	371	43,524	15,102	5,126	1,00	32,44	B	N
NGUYÊN TỬ	2259	CA	ALA	371	43,276	15,930	3,937	1,00	31,69	B	C
NGUYÊN TỬ	2260	CB	ALA	371	43,233	15,044	2,699	1,00	28,10	B	C
NGUYÊN TỬ	2261	C	ALA	371	41,974	16,729	4,029	1,00	32,16	B	C
NGUYÊN TỬ	2262	O	ALA	371	40,945	16,180	4,402	1,00	34,89	B	O
NGUYÊN TỬ	2263	N	SER	372	42,009	18,015	3,684	1,00	31,83	B	N
NGUYÊN TỬ	2264	CA	SER	372	40,774	18,781	3,552	1,00	31,63	B	C
NGUYÊN TỬ	2265	CB	SER	372	40,803	20,030	4,414	1,00	29,79	B	C
NGUYÊN TỬ	2266	OG	SER	372	39,646	20,803	4,140	1,00	27,55	B	O
NGUYÊN TỬ	2267	C	SER	372	40,489	19,198	2,121	1,00	31,94	B	C
NGUYÊN TỬ	2268	O	SER	372	41,357	19,687	1,428	1,00	33,59	B	O
NGUYÊN TỬ	2269	N	SER	373	39,256	19,019	1,681	1,00	33,37	B	N
NGUYÊN TỬ	2270	CA	SER	373	38,922	19,262	0,285	1,00	32,32	B	C
NGUYÊN TỬ	2271	CB	SER	373	37,592	18,575	-0,069	1,00	29,34	B	C
NGUYÊN TỬ	2272	OG	SER	373	36,498	19,166	0,624	1,00	29,96	B	O
NGUYÊN TỬ	2273	C	SER	373	38,846	20,767	0,034	1,00	32,38	B	C
NGUYÊN TỬ	2274	O	SER	373	38,728	21,215	-1,111	1,00	28,01	B	O
NGUYÊN TỬ	2275	N	ASP	374	38,922	21,537	1,120	1,00	35,17	B	N
NGUYÊN TỬ	2276	CA	ASP	374	38,882	23,005	1,040	1,00	38,35	B	C
NGUYÊN TỬ	2277	CB	ASP	374	39,132	23,641	2,416	1,00	39,54	B	C
NGUYÊN TỬ	2278	CG	ASP	374	37,900	23,614	3,316	1,00	42,83	B	C

NGUYÊN TỬ	2279	OD1	ASP	374	36,992	22,785	3,091	1,00	44,31	B	O
NGUYÊN TỬ	2280	OD2	ASP	374	37,837	24,429	4,261	1,00	46,41	B	O
NGUYÊN TỬ	2281	C	ASP	374	39,910	23,533	0,047	1,00	39,30	B	C
NGUYÊN TỬ	2282	O	ASP	374	39,578	24,303	-0,846	1,00	40,00	B	O
NGUYÊN TỬ	2283	N	CYS	375	41,159	23,116	0,189	1,00	39,54	B	N
NGUYÊN TỬ	2284	CA	CYS	375	42,150	23,476	-0,807	1,00	41,25	B	C
NGUYÊN TỬ	2285	C	CYS	375	43,162	22,362	-0,892	1,00	42,24	B	C
NGUYÊN TỬ	2286	O	CYS	375	43,130	21,444	-0,071	1,00	44,57	B	O
NGUYÊN TỬ	2287	CB	CYS	375	42,836	24,787	-0,423	1,00	42,60	B	C
NGUYÊN TỬ	2288	SG	CYS	375	44,265	24,654	0,698	1,00	43,30	B	S
NGUYÊN TỬ	2289	N	SER	376	44,059	22,445	-1,872	1,00	40,33	B	N
NGUYÊN TỬ	2290	CA	SER	376	44,898	21,307	-2,254	1,00	37,25	B	C
NGUYÊN TỬ	2291	CB	SER	376	45,615	21,602	-3,573	1,00	39,26	B	C
NGUYÊN TỬ	2292	OG	SER	376	46,458	22,749	-3,441	1,00	40,65	B	O
NGUYÊN TỬ	2293	C	SER	376	45,947	20,922	-1,222	1,00	35,77	B	C
NGUYÊN TỬ	2294	O	SER	376	46,542	19,855	-1,319	1,00	34,73	B	O
NGUYÊN TỬ	2295	N	THR	377	46,216	21,798	-0,259	1,00	34,14	B	N
NGUYÊN TỬ	2296	CA	THR	377	47,278	21,526	0,710	1,00	32,96	B	C
NGUYÊN TỬ	2297	CB	THR	377	48,426	22,559	0,603	1,00	29,40	B	C
NGUYÊN TỬ	2298	OG1	THR	377	47,982	23,838	1,082	1,00	29,82	B	O
NGUYÊN TỬ	2299	CG2	THR	377	48,869	22,695	-0,842	1,00	24,15	B	C
NGUYÊN TỬ	2300	C	THR	377	46,685	21,582	2,103	1,00	34,62	B	C
NGUYÊN TỬ	2301	O	THR	377	47,349	21,282	3,099	1,00	34,86	B	O
NGUYÊN TỬ	2302	N	CYS	378	45,416	21,961	2,138	1,00	35,87	B	N
NGUYÊN TỬ	2303	CA	CYS	378	44,663	22,146	3,364	1,00	39,20	B	C
NGUYÊN TỬ	2304	C	CYS	378	44,469	20,854	4,157	1,00	38,82	B	C
NGUYÊN TỬ	2305	O	CYS	378	44,251	19,800	3,583	1,00	38,85	B	O
NGUYÊN TỬ	2306	CB	CYS	378	43,310	22,784	3,006	1,00	41,18	B	C
NGUYÊN TỬ	2307	SG	CYS	378	43,483	24,562	2,585	1,00	47,55	B	S
NGUYÊN TỬ	2308	N	PHE	379	44,573	20,955	5,481	1,00	40,10	B	N
NGUYÊN TỬ	2309	CA	PHE	379	44,255	19,858	6,404	1,00	40,73	B	C
NGUYÊN TỬ	2310	CB	PHE	379	45,438	19,563	7,336	1,00	42,07	B	C
NGUYÊN TỬ	2311	CG	PHE	379	46,518	18,732	6,711	1,00	44,32	B	C
NGUYÊN TỬ	2312	CD1	PHE	379	47,646	19,330	6,174	1,00	45,53	B	C
NGUYÊN TỬ	2313	CD2	PHE	379	46,411	17,349	6,667	1,00	44,45	B	C
NGUYÊN TỬ	2314	CE1	PHE	379	48,652	18,557	5,601	1,00	48,10	B	C
NGUYÊN TỬ	2315	CE2	PHE	379	47,405	16,579	6,100	1,00	45,09	B	C
NGUYÊN TỬ	2316	CZ	PHE	379	48,529	17,180	5,567	1,00	46,79	B	C
NGUYÊN TỬ	2317	C	PHE	379	43,062	20,238	7,268	1,00	40,73	B	C
NGUYÊN TỬ	2318	O	PHE	379	42,756	21,421	7,438	1,00	39,27	B	O
NGUYÊN TỬ	2319	N	VAL	380	42,391	19,236	7,827	1,00	41,60	B	N
NGUYÊN TỬ	2320	CA	VAL	380	41,339	19,503	8,814	1,00	41,83	B	C
NGUYÊN TỬ	2321	CB	VAL	380	39,963	19,731	8,147	1,00	39,80	B	C
NGUYÊN TỬ	2322	CG1	VAL	380	39,411	18,415	7,625	1,00	37,70	B	C
NGUYÊN TỬ	2323	CG2	VAL	380	39,017	20,360	9,128	1,00	38,24	B	C
NGUYÊN TỬ	2324	C	VAL	380	41,200	18,347	9,787	1,00	42,06	B	C
NGUYÊN TỬ	2325	O	VAL	380	41,609	17,223	9,496	1,00	40,84	B	O
NGUYÊN TỬ	2326	N	SER	381	40,620	18,634	10,944	1,00	43,79	B	N
NGUYÊN TỬ	2327	CA	SER	381	40,349	17,600	11,936	1,00	45,78	B	C
NGUYÊN TỬ	2328	CB	SER	381	40,716	18,123	13,330	1,00	46,59	B	C
NGUYÊN TỬ	2329	OG	SER	381	40,806	17,069	14,279	1,00	51,19	B	O
NGUYÊN TỬ	2330	C	SER	381	38,869	17,145	11,900	1,00	45,40	B	C
NGUYÊN TỬ	2331	O	SER	381	37,958	17,954	11,746	1,00	43,60	B	O
NGUYÊN TỬ	2332	N	GLN	382	38,645	15,841	12,035	1,00	46,71	B	N
NGUYÊN TỬ	2333	CA	GLN	382	37,298	15,291	12,031	1,00	47,56	B	C
NGUYÊN TỬ	2334	CB	GLN	382	36,971	14,768	10,648	1,00	47,78	B	C
NGUYÊN TỬ	2335	CG	GLN	382	37,028	15,855	9,630	1,00	53,25	B	C
NGUYÊN TỬ	2336	CD	GLN	382	36,169	15,571	8,438	1,00	56,07	B	C
NGUYÊN TỬ	2337	OE1	GLN	382	35,414	16,443	7,989	1,00	58,19	B	O
NGUYÊN TỬ	2338	NE2	GLN	382	36,269	14,345	7,905	1,00	57,86	B	N
NGUYÊN TỬ	2339	C	GLN	382	37,155	14,172	13,041	1,00	47,35	B	C
NGUYÊN TỬ	2340	O	GLN	382	38,134	13,492	13,362	1,00	49,75	B	O
NGUYÊN TỬ	2341	N	SER	383	35,936	13,978	13,538	1,00	44,94	B	N
NGUYÊN TỬ	2342	CA	SER	383	35,651	12,855	14,426	1,00	42,17	B	C
NGUYÊN TỬ	2343	CB	SER	383	35,265	13,366	15,810	1,00	40,00	B	C
NGUYÊN TỬ	2344	OG	SER	383	36,295	14,160	16,353	1,00	35,61	B	O
NGUYÊN TỬ	2345	C	SER	383	34,550	11,933	13,903	1,00	41,99	B	C
NGUYÊN TỬ	2346	O	SER	383	33,657	12,354	13,174	1,00	40,39	B	O
NGUYÊN TỬ	2347	N	GLY	384	34,626	10,667	14,295	1,00	42,52	B	N
NGUYÊN TỬ	2348	CA	GLY	384	33,608	9,706	13,907	1,00	42,23	B	C
NGUYÊN TỬ	2349	C	GLY	384	34,158	8,293	13,905	1,00	41,28	B	C
NGUYÊN TỬ	2350	O	GLY	384	35,375	8,104	13,941	1,00	39,89	B	O
NGUYÊN TỬ	2351	N	THR	385	33,285	7,294	13,862	1,00	40,09	B	N
NGUYÊN TỬ	2352	CA	THR	385	33,784	5,945	13,746	1,00	41,46	B	C
NGUYÊN TỬ	2353	CB	THR	385	32,691	4,873	13,979	1,00	40,99	B	C
NGUYÊN TỬ	2354	OG1	THR	385	31,490	5,217	13,268	1,00	41,65	B	O

NGUYÊN TỬ	2355	CG2	THR	385	32,414	4,731	15,454	1,00	41,03	B	C
NGUYÊN TỬ	2356	C	THR	385	34,405	5,741	12,375	1,00	43,11	B	C
NGUYÊN TỬ	2357	O	THR	385	35,218	4,836	12,187	1,00	45,39	B	O
NGUYÊN TỬ	2358	N	SER	386	34,043	6,579	11,414	1,00	42,03	B	N
NGUYÊN TỬ	2359	CA	SER	386	34,672	6,478	10,112	1,00	40,89	B	C
NGUYÊN TỬ	2360	CB	SER	386	34,002	7,424	9,132	1,00	42,12	B	C
NGUYÊN TỬ	2361	OG	SER	386	32,735	6,907	8,763	1,00	45,70	B	O
NGUYÊN TỬ	2362	C	SER	386	36,167	6,760	10,182	1,00	39,87	B	C
NGUYÊN TỬ	2363	O	SER	386	36,960	6,079	9,529	1,00	38,99	B	O
NGUYÊN TỬ	2364	N	GLN	387	36,563	7,747	10,979	1,00	38,57	B	N
NGUYÊN TỬ	2365	CA	GLN	387	37,986	8,019	11,164	1,00	38,45	B	C
NGUYÊN TỬ	2366	CB	GLN	387	38,179	9,266	12,025	1,00	38,28	B	C
NGUYÊN TỬ	2367	CG	GLN	387	37,233	10,404	11,670	1,00	37,87	B	C
NGUYÊN TỬ	2368	CD	GLN	387	37,271	10,745	10,198	1,00	37,13	B	C
NGUYÊN TỬ	2369	OE1	GLN	387	38,334	10,910	9,629	1,00	41,19	B	O
NGUYÊN TỬ	2370	NE2	GLN	387	36,107	10,849	9,575	1,00	38,64	B	N
NGUYÊN TỬ	2371	C	GLN	387	38,641	6,810	11,846	1,00	38,88	B	C
NGUYÊN TỬ	2372	O	GLN	387	39,767	6,427	11,518	1,00	39,69	B	O
NGUYÊN TỬ	2373	N	ALA	388	37,922	6,199	12,786	1,00	37,00	B	N
NGUYÊN TỬ	2374	CA	ALA	388	38,434	5,042	13,507	1,00	34,63	B	C
NGUYÊN TỬ	2375	CB	ALA	388	37,467	4,654	14,623	1,00	31,74	B	C
NGUYÊN TỬ	2376	C	ALA	388	38,647	3,865	12,556	1,00	34,56	B	C
NGUYÊN TỬ	2377	O	ALA	388	39,647	3,155	12,640	1,00	35,06	B	O
NGUYÊN TỬ	2378	N	ALA	389	37,702	3,657	11,648	1,00	34,57	B	N
NGUYÊN TỬ	2379	CA	ALA	389	37,788	2,550	10,703	1,00	33,13	B	C
NGUYÊN TỬ	2380	CB	ALA	389	36,454	2,356	9,991	1,00	32,48	B	C
NGUYÊN TỬ	2381	C	ALA	389	38,883	2,795	9,680	1,00	33,71	B	C
NGUYÊN TỬ	2382	O	ALA	389	39,514	1,855	9,214	1,00	34,66	B	O
NGUYÊN TỬ	2383	N	ALA	390	39,109	4,056	9,319	1,00	34,06	B	N
NGUYÊN TỬ	2384	CA	ALA	390	40,198	4,367	8,407	1,00	35,02	B	C
NGUYÊN TỬ	2385	CB	ALA	390	40,296	5,872	8,210	1,00	32,15	B	C
NGUYÊN TỬ	2386	C	ALA	390	41,523	3,795	8,973	1,00	35,11	B	C
NGUYÊN TỬ	2387	O	ALA	390	42,236	3,071	8,279	1,00	33,97	B	O
NGUYÊN TỬ	2388	N	HIS	391	41,820	4,092	10,238	1,00	34,71	B	N
NGUYÊN TỬ	2389	CA	HIS	391	43,073	3,661	10,846	1,00	37,06	B	C
NGUYÊN TỬ	2390	CB	HIS	391	43,133	4,076	12,321	1,00	37,89	B	C
NGUYÊN TỬ	2391	CG	HIS	391	43,435	5,528	12,536	1,00	41,44	B	C
NGUYÊN TỬ	2392	CD2	HIS	391	44,268	6,146	13,407	1,00	42,12	B	C
NGUYÊN TỬ	2393	ND1	HIS	391	42,808	6,534	11,833	1,00	41,80	B	N
NGUYÊN TỬ	2394	CE1	HIS	391	43,237	7,707	12,263	1,00	42,62	B	C
NGUYÊN TỬ	2395	NE2	HIS	391	44,124	7,501	13,219	1,00	42,69	B	N
NGUYÊN TỬ	2396	C	HIS	391	43,230	2,152	10,749	1,00	37,12	B	C
NGUYÊN TỬ	2397	O	HIS	391	44,272	1,646	10,336	1,00	38,23	B	O
NGUYÊN TỬ	2398	N	VAL	392	42,191	1,429	11,142	1,00	36,22	B	N
NGUYÊN TỬ	2399	CA	VAL	392	42,251	-0,016	11,115	1,00	33,77	B	C
NGUYÊN TỬ	2400	CB	VAL	392	40,988	-0,626	11,701	1,00	31,11	B	C
NGUYÊN TỬ	2401	CG1	VAL	392	40,991	-2,135	11,491	1,00	27,16	B	C
NGUYÊN TỬ	2402	CG2	VAL	392	40,905	-0,282	13,170	1,00	28,41	B	C
NGUYÊN TỬ	2403	C	VAL	392	42,401	-0,488	9,681	1,00	34,43	B	C
NGUYÊN TỬ	2404	O	VAL	392	43,086	-1,479	9,415	1,00	35,64	B	O
NGUYÊN TỬ	2405	N	ALA	393	41,758	0,227	8,759	1,00	33,11	B	N
NGUYÊN TỬ	2406	CA	ALA	393	41,821	-0,130	7,354	1,00	33,65	B	C
NGUYÊN TỬ	2407	CB	ALA	393	40,934	0,809	6,525	1,00	31,34	B	C
NGUYÊN TỬ	2408	C	ALA	393	43,278	-0,025	6,911	1,00	34,97	B	C
NGUYÊN TỬ	2409	O	ALA	393	43,755	-0,830	6,105	1,00	33,98	B	O
NGUYÊN TỬ	2410	N	GLY	394	43,977	0,969	7,454	1,00	35,70	B	N
NGUYÊN TỬ	2411	CA	GLY	394	45,345	1,232	7,045	1,00	36,60	B	C
NGUYÊN TỬ	2412	C	GLY	394	46,253	0,163	7,604	1,00	38,29	B	C
NGUYÊN TỬ	2413	O	GLY	394	47,080	-0,405	6,887	1,00	37,89	B	O
NGUYÊN TỬ	2414	N	ILE	395	46,080	-0,123	8,890	1,00	39,54	B	N
NGUYÊN TỬ	2415	CA	ILE	395	46,869	-1,141	9,553	1,00	39,77	B	C
NGUYÊN TỬ	2416	CB	ILE	395	46,439	-1,312	11,010	1,00	39,22	B	C
NGUYÊN TỬ	2417	CG2	ILE	395	47,192	-2,480	11,636	1,00	36,68	B	C
NGUYÊN TỬ	2418	CG1	ILE	395	46,666	-0,005	11,780	1,00	37,42	B	C
NGUYÊN TỬ	2419	CD1	ILE	395	46,141	-0,037	13,210	1,00	34,61	B	C
NGUYÊN TỬ	2420	C	ILE	395	46,634	-2,441	8,824	1,00	41,71	B	C
NGUYÊN TỬ	2421	O	ILE	395	47,568	-3,143	8,476	1,00	43,58	B	O
NGUYÊN TỬ	2422	N	ALA	396	45,376	-2,756	8,578	1,00	43,04	B	N
NGUYÊN TỬ	2423	CA	ALA	396	45,054	-3,961	7,833	1,00	45,09	B	C
NGUYÊN TỬ	2424	CB	ALA	396	43,574	-3,968	7,464	1,00	43,55	B	C
NGUYÊN TỬ	2425	C	ALA	396	45,903	-4,019	6,573	1,00	46,33	B	C
NGUYÊN TỬ	2426	O	ALA	396	46,203	-5,099	6,062	1,00	47,54	B	O
NGUYÊN TỬ	2427	N	ALA	397	46,276	-2,844	6,073	1,00	48,10	B	N
NGUYÊN TỬ	2428	CA	ALA	397	46,967	-2,743	4,797	1,00	49,04	B	C
NGUYÊN TỬ	2429	CB	ALA	397	46,744	-1,374	4,195	1,00	47,71	B	C
NGUYÊN TỬ	2430	C	ALA	397	48,454	-3,004	4,968	1,00	50,53	B	C

NGUYÊN TỬ	2431	O	ALA	397	49,049	-3,730	4,174	1,00	51,84	B	O
NGUYÊN TỬ	2432	N	MET	398	49,045	-2,403	6,000	1,00	51,67	B	N
NGUYÊN TỬ	2433	CA	MET	398	50,423	-2,682	6,388	1,00	53,66	B	C
NGUYÊN TỬ	2434	CB	MET	398	50,750	-1,959	7,687	1,00	54,03	B	C
NGUYÊN TỬ	2435	CG	MET	398	50,318	-0,514	7,716	1,00	56,66	B	C
NGUYÊN TỬ	2436	SD	MET	398	51,552	0,591	7,036	1,00	60,87	B	S
NGUYÊN TỬ	2437	CE	MET	398	51,735	-0,099	5,342	1,00	61,35	B	C
NGUYÊN TỬ	2438	C	MET	398	50,607	-4,182	6,601	1,00	55,46	B	C
NGUYÊN TỬ	2439	O	MET	398	51,606	-4,775	6,183	1,00	56,38	B	O
NGUYÊN TỬ	2440	N	MET	399	49,624	-4,795	7,243	1,00	55,72	B	N
NGUYÊN TỬ	2441	CA	MET	399	49,743	-6,179	7,642	1,00	56,05	B	C
NGUYÊN TỬ	2442	CB	MET	399	48,808	-6,448	8,822	1,00	52,69	B	C
NGUYÊN TỬ	2443	CG	MET	399	49,220	-5,660	10,083	1,00	49,75	B	C
NGUYÊN TỬ	2444	SD	MET	399	48,186	-5,968	11,517	1,00	43,73	B	S
NGUYÊN TỬ	2445	CE	MET	399	47,122	-7,288	10,807	1,00	41,37	B	C
NGUYÊN TỬ	2446	C	MET	399	49,471	-7,141	6,496	1,00	58,09	B	C
NGUYÊN TỬ	2447	O	MET	399	50,184	-8,123	6,328	1,00	60,78	B	O
NGUYÊN TỬ	2448	N	LEU	400	48,444	-6,866	5,705	1,00	60,18	B	N
NGUYÊN TỬ	2449	CA	LEU	400	48,212	-7,651	4,503	1,00	61,96	B	C
NGUYÊN TỬ	2450	CB	LEU	400	46,845	-7,325	3,905	1,00	60,96	B	C
NGUYÊN TỬ	2451	CG	LEU	400	45,716	-8,301	4,218	1,00	59,67	B	C
NGUYÊN TỬ	2452	CD1	LEU	400	44,429	-7,814	3,591	1,00	59,61	B	C
NGUYÊN TỬ	2453	CD2	LEU	400	46,061	-9,670	3,677	1,00	59,08	B	C
NGUYÊN TỬ	2454	C	LEU	400	49,304	-7,349	3,483	1,00	65,48	B	C
NGUYÊN TỬ	2455	O	LEU	400	49,422	-8,034	2,473	1,00	65,74	B	O
NGUYÊN TỬ	2456	N	SER	401	50,103	-6,320	3,743	1,00	69,84	B	N
NGUYÊN TỬ	2457	CA	SER	401	51,162	-5,956	2,811	1,00	75,12	B	C
NGUYÊN TỬ	2458	CB	SER	401	51,500	-4,468	2,937	1,00	76,14	B	C
NGUYÊN TỬ	2459	OG	SER	401	52,416	-4,065	1,931	1,00	82,39	B	O
NGUYÊN TỬ	2460	C	SER	401	52,398	-6,791	3,112	1,00	77,81	B	C
NGUYÊN TỬ	2461	O	SER	401	53,097	-7,239	2,197	1,00	77,60	B	O
NGUYÊN TỬ	2462	N	ALA	402	52,659	-6,987	4,405	1,00	80,22	B	N
NGUYÊN TỬ	2463	CA	ALA	402	53,724	-7,872	4,858	1,00	81,56	B	C
NGUYÊN TỬ	2464	CB	ALA	402	53,906	-7,733	6,365	1,00	81,70	B	C
NGUYÊN TỬ	2465	C	ALA	402	53,383	-9,318	4,492	1,00	83,56	B	C
NGUYÊN TỬ	2466	O	ALA	402	54,068	-9,938	3,687	1,00	83,97	B	O
NGUYÊN TỬ	2467	N	GLU	403	52,312	-9,846	5,071	1,00	86,39	B	N
NGUYÊN TỬ	2468	CA	GLU	403	51,893	-11,207	4,781	1,00	90,62	B	C
NGUYÊN TỬ	2469	CB	GLU	403	51,516	-11,935	6,072	1,00	94,08	B	C
NGUYÊN TỬ	2470	CG	GLU	403	52,532	-11,811	7,195	1,00	101,30	B	C
NGUYÊN TỬ	2471	CD	GLU	403	52,184	-10,705	8,179	1,00	105,07	B	C
NGUYÊN TỬ	2472	OE1	GLU	403	51,312	-10,929	9,047	1,00	107,17	B	O
NGUYÊN TỬ	2473	OE2	GLU	403	52,782	-9,610	8,087	1,00	107,51	B	O
NGUYÊN TỬ	2474	C	GLU	403	50,694	-11,212	3,849	1,00	89,62	B	C
NGUYÊN TỬ	2475	O	GLU	403	49,560	-11,324	4,298	1,00	89,74	B	O
NGUYÊN TỬ	2476	N	PRO	404	50,930	-11,117	2,535	1,00	87,70	B	N
NGUYÊN TỬ	2477	CD	PRO	404	52,238	-11,106	1,863	1,00	82,55	B	C
NGUYÊN TỬ	2478	CA	PRO	404	49,823	-11,086	1,574	1,00	86,92	B	C
NGUYÊN TỬ	2479	CB	PRO	404	50,514	-11,236	0,221	1,00	82,11	B	C
NGUYÊN TỬ	2480	CG	PRO	404	51,883	-10,718	0,453	1,00	81,28	B	C
NGUYÊN TỬ	2481	C	PRO	404	48,826	-12,201	1,817	1,00	86,62	B	C
NGUYÊN TỬ	2482	O	PRO	404	47,623	-12,004	1,699	1,00	89,69	B	O
NGUYÊN TỬ	2483	N	GLU	405	49,332	-13,376	2,170	1,00	84,71	B	N
NGUYÊN TỬ	2484	CA	GLU	405	48,497	-14,571	2,216	1,00	82,30	B	C
NGUYÊN TỬ	2485	CB	GLU	405	49,339	-15,811	1,885	1,00	83,56	B	C
NGUYÊN TỬ	2486	CG	GLU	405	49,728	-15,903	0,415	1,00	84,66	B	C
NGUYÊN TỬ	2487	CD	GLU	405	50,509	-17,162	0,076	1,00	86,54	B	C
NGUYÊN TỬ	2488	OE1	GLU	405	51,337	-17,113	-0,862	1,00	86,91	B	O
NGUYÊN TỬ	2489	OE2	GLU	405	50,294	-18,200	0,742	1,00	88,12	B	O
NGUYÊN TỬ	2490	C	GLU	405	47,772	-14,756	3,549	1,00	80,19	B	C
NGUYÊN TỬ	2491	O	GLU	405	47,171	-15,803	3,800	1,00	79,93	B	O
NGUYÊN TỬ	2492	N	LEU	406	47,818	-13,740	4,402	1,00	78,24	B	N
NGUYÊN TỬ	2493	CA	LEU	406	47,071	-13,795	5,648	1,00	76,72	B	C
NGUYÊN TỬ	2494	CB	LEU	406	47,211	-12,484	6,410	1,00	74,80	B	C
NGUYÊN TỬ	2495	CG	LEU	406	48,424	-12,421	7,327	1,00	74,00	B	C
NGUYÊN TỬ	2496	CD1	LEU	406	48,719	-10,994	7,740	1,00	73,34	B	C
NGUYÊN TỬ	2497	CD2	LEU	406	48,144	-13,286	8,529	1,00	74,12	B	C
NGUYÊN TỬ	2498	C	LEU	406	45,605	-14,060	5,365	1,00	76,33	B	C
NGUYÊN TỬ	2499	O	LEU	406	45,077	-13,652	4,330	1,00	77,41	B	O
NGUYÊN TỬ	2500	N	THR	407	44,948	-14,748	6,291	1,00	75,06	B	N
NGUYÊN TỬ	2501	CA	THR	407	43,540	-15,085	6,126	1,00	73,55	B	C
NGUYÊN TỬ	2502	CB	THR	407	43,229	-16,503	6,668	1,00	72,50	B	C
NGUYÊN TỬ	2503	OG1	THR	407	43,044	-16,453	8,088	1,00	70,12	B	O
NGUYÊN TỬ	2504	CG2	THR	407	44,382	-17,435	6,372	1,00	70,92	B	C
NGUYÊN TỬ	2505	C	THR	407	42,660	-14,080	6,866	1,00	73,16	B	C
NGUYÊN TỬ	2506	O	THR	407	43,125	-13,364	7,762	1,00	71,83	B	O

NGUYÊN TỬ	2507	N	LEU	408	41,390	-14,039	6,472	1,00	72,79	B	N
NGUYÊN TỬ	2508	CA	LEU	408	40,370	-13,276	7,176	1,00	71,72	B	C
NGUYÊN TỬ	2509	CB	LEU	408	38,987	-13,813	6,797	1,00	70,47	B	C
NGUYÊN TỬ	2510	CG	LEU	408	37,747	-12,922	6,920	1,00	69,40	B	C
NGUYÊN TỬ	2511	CD1	LEU	408	37,916	-11,902	8,053	1,00	67,99	B	C
NGUYÊN TỬ	2512	CD2	LEU	408	37,528	-12,232	5,584	1,00	69,52	B	C
NGUYÊN TỬ	2513	C	LEU	408	40,589	-13,449	8,677	1,00	71,42	B	C
NGUYÊN TỬ	2514	O	LEU	408	40,722	-12,474	9,419	1,00	71,69	B	O
NGUYÊN TỬ	2515	N	ALA	409	40,640	-14,707	9,107	1,00	70,70	B	N
NGUYÊN TỬ	2516	CA	ALA	409	40,632	-15,048	10,525	1,00	69,24	B	C
NGUYÊN TỬ	2517	CB	ALA	409	40,137	-16,485	10,701	1,00	68,18	B	C
NGUYÊN TỬ	2518	C	ALA	409	41,997	-14,867	11,192	1,00	68,50	B	C
NGUYÊN TỬ	2519	O	ALA	409	42,080	-14,711	12,409	1,00	67,64	B	O
NGUYÊN TỬ	2520	N	GLU	410	43,060	-14,882	10,394	1,00	68,72	B	N
NGUYÊN TỬ	2521	CA	GLU	410	44,407	-14,683	10,918	1,00	69,75	B	C
NGUYÊN TỬ	2522	CB	GLU	410	45,442	-15,290	9,970	1,00	69,56	B	C
NGUYÊN TỬ	2523	CG	GLU	410	45,349	-16,800	9,836	1,00	70,17	B	C
NGUYÊN TỬ	2524	CD	GLU	410	46,369	-17,356	8,868	1,00	70,08	B	C
NGUYÊN TỬ	2525	OE1	GLU	410	46,232	-18,532	8,455	1,00	71,00	B	O
NGUYÊN TỬ	2526	OE2	GLU	410	47,309	-16,610	8,521	1,00	70,53	B	O
NGUYÊN TỬ	2527	C	GLU	410	44,734	-13,209	11,132	1,00	70,53	B	C
NGUYÊN TỬ	2528	O	GLU	410	45,324	-12,838	12,151	1,00	70,22	B	O
NGUYÊN TỬ	2529	N	LEU	411	44,362	-12,371	10,168	1,00	70,72	B	N
NGUYÊN TỬ	2530	CA	LEU	411	44,614	-10,941	10,292	1,00	70,59	B	C
NGUYÊN TỬ	2531	CB	LEU	411	44,163	-10,203	9,028	1,00	69,74	B	C
NGUYÊN TỬ	2532	CG	LEU	411	44,300	-8,676	8,969	1,00	67,81	B	C
NGUYÊN TỬ	2533	CD1	LEU	411	44,390	-8,235	7,528	1,00	66,98	B	C
NGUYÊN TỬ	2534	CD2	LEU	411	43,113	-8,014	9,634	1,00	67,36	B	C
NGUYÊN TỬ	2535	C	LEU	411	43,821	-10,460	11,484	1,00	71,74	B	C
NGUYÊN TỬ	2536	O	LEU	411	44,301	-9,662	12,289	1,00	71,67	B	O
NGUYÊN TỬ	2537	N	ARG	412	42,603	-10,970	11,597	1,00	73,60	B	N
NGUYÊN TỬ	2538	CA	ARG	412	41,745	-10,648	12,719	1,00	76,27	B	C
NGUYÊN TỬ	2539	CB	ARG	412	40,459	-11,455	12,617	1,00	73,69	B	C
NGUYÊN TỬ	2540	CG	ARG	412	39,320	-10,901	13,422	1,00	70,65	B	C
NGUYÊN TỬ	2541	CD	ARG	412	38,098	-11,772	13,268	1,00	67,93	B	C
NGUYÊN TỬ	2542	NE	ARG	412	36,875	-10,988	13,159	1,00	66,79	B	N
NGUYÊN TỬ	2543	CZ	ARG	412	36,239	-10,764	12,017	1,00	66,69	B	C
NGUYÊN TỬ	2544	NH1	ARG	412	35,130	-10,042	12,007	1,00	65,72	B	N
NGUYÊN TỬ	2545	NH2	ARG	412	36,717	-11,264	10,885	1,00	68,01	B	N
NGUYÊN TỬ	2546	C	ARG	412	42,488	-11,005	13,997	1,00	80,83	B	C
NGUYÊN TỬ	2547	O	ARG	412	42,543	-10,216	14,930	1,00	80,65	B	O
NGUYÊN TỬ	2548	N	GLN	413	43,077	-12,196	14,018	1,00	86,79	B	N
NGUYÊN TỬ	2549	CA	GLN	413	43,835	-12,665	15,170	1,00	92,24	B	C
NGUYÊN TỬ	2550	CB	GLN	413	44,276	-14,114	14,951	1,00	94,97	B	C
NGUYÊN TỬ	2551	CG	GLN	413	44,915	-14,766	16,170	1,00	99,47	B	C
NGUYÊN TỬ	2552	CD	GLN	413	44,028	-14,675	17,399	1,00	102,34	B	C
NGUYÊN TỬ	2553	OE1	GLN	413	44,204	-13,792	18,245	1,00	103,95	B	O
NGUYÊN TỬ	2554	NE2	GLN	413	43,062	-15,588	17,501	1,00	104,17	B	N
NGUYÊN TỬ	2555	C	GLN	413	45,062	-11,792	15,410	1,00	94,56	B	C
NGUYÊN TỬ	2556	O	GLN	413	45,477	-11,580	16,550	1,00	95,17	B	O
NGUYÊN TỬ	2557	N	ARG	414	45,638	-11,288	14,324	1,00	97,12	B	N
NGUYÊN TỬ	2558	CA	ARG	414	46,857	-10,498	14,405	1,00	98,76	B	C
NGUYÊN TỬ	2559	CB	ARG	414	47,512	-10,401	13,029	1,00	101,11	B	C
NGUYÊN TỬ	2560	CG	ARG	414	48,259	-11,653	12,624	1,00	104,98	B	C
NGUYÊN TỬ	2561	CD	ARG	414	49,105	-11,403	11,395	1,00	109,69	B	C
NGUYÊN TỬ	2562	NE	ARG	414	50,249	-12,307	11,305	1,00	114,56	B	N
NGUYÊN TỬ	2563	CZ	ARG	414	50,158	-13,631	11,227	1,00	118,01	B	C
NGUYÊN TỬ	2564	NH1	ARG	414	48,968	-14,220	11,233	1,00	120,46	B	N
NGUYÊN TỬ	2565	NH2	ARG	414	51,258	-14,367	11,131	1,00	120,17	B	N
NGUYÊN TỬ	2566	C	ARG	414	46,611	-9,102	14,950	1,00	98,39	B	C
NGUYÊN TỬ	2567	O	ARG	414	47,365	-8,619	15,794	1,00	98,42	B	O
NGUYÊN TỬ	2568	N	LEU	415	45,556	-8,457	14,465	1,00	98,39	B	N
NGUYÊN TỬ	2569	CA	LEU	415	45,194	-7,126	14,934	1,00	99,38	B	C
NGUYÊN TỬ	2570	CB	LEU	415	43,926	-6,639	14,239	1,00	96,98	B	C
NGUYÊN TỬ	2571	CG	LEU	415	44,046	-6,188	12,784	1,00	94,64	B	C
NGUYÊN TỬ	2572	CD1	LEU	415	42,667	-5,991	12,184	1,00	93,57	B	C
NGUYÊN TỬ	2573	CD2	LEU	415	44,838	-4,905	12,725	1,00	93,89	B	C
NGUYÊN TỬ	2574	C	LEU	415	44,964	-7,142	16,430	1,00	102,00	B	C
NGUYÊN TỬ	2575	O	LEU	415	45,363	-6,224	17,130	1,00	100,71	B	O
NGUYÊN TỬ	2576	N	ILE	416	44,325	-8,200	16,916	1,00	106,93	B	N
NGUYÊN TỬ	2577	CA	ILE	416	43,995	-8,306	18,332	1,00	111,24	B	C
NGUYÊN TỬ	2578	CB	ILE	416	43,220	-9,593	18,642	1,00	109,49	B	C
NGUYÊN TỬ	2579	CG2	ILE	416	42,848	-9,620	20,110	1,00	107,39	B	C
NGUYÊN TỬ	2580	CG1	ILE	416	41,958	-9,668	17,789	1,00	109,48	B	C
NGUYÊN TỬ	2581	CD1	ILE	416	41,160	-10,926	18,002	1,00	110,78	B	C
NGUYÊN TỬ	2582	C	ILE	416	45,253	-8,319	19,179	1,00	114,47	B	C

NGUYÊN TỬ	2583	O	ILE	416	45,367	-7,568	20,146	1,00	117,39	B	O
NGUYÊN TỬ	2584	N	HIS	417	46,195	-9,181	18,812	1,00	116,77	B	N
NGUYÊN TỬ	2585	CA	HIS	417	47,420	-9,315	19,578	1,00	117,72	B	C
NGUYÊN TỬ	2586	CB	HIS	417	48,350	-10,343	18,929	1,00	124,49	B	C
NGUYÊN TỬ	2587	CG	HIS	417	49,677	-10,471	19,611	1,00	130,81	B	C
NGUYÊN TỬ	2588	CD2	HIS	417	50,035	-11,091	20,760	1,00	133,74	B	C
NGUYÊN TỬ	2589	ND1	HIS	417	50,829	-9,905	19,107	1,00	133,21	B	N
NGUYÊN TỬ	2590	CE1	HIS	417	51,839	-10,170	19,916	1,00	135,24	B	C
NGUYÊN TỬ	2591	NE2	HIS	417	51,384	-10,888	20,928	1,00	135,71	B	N
NGUYÊN TỬ	2592	C	HIS	417	48,125	-7,976	19,669	1,00	115,09	B	C
NGUYÊN TỬ	2593	O	HIS	417	48,408	-7,491	20,761	1,00	113,36	B	O
NGUYÊN TỬ	2594	N	PHE	418	48,394	-7,371	18,517	1,00	112,88	B	N
NGUYÊN TỬ	2595	CA	PHE	418	49,206	-6,162	18,469	1,00	110,87	B	C
NGUYÊN TỬ	2596	CB	PHE	418	49,750	-5,943	17,059	1,00	115,25	B	C
NGUYÊN TỬ	2597	CG	PHE	418	51,070	-6,611	16,814	1,00	121,12	B	C
NGUYÊN TỬ	2598	CD1	PHE	418	51,145	-7,792	16,098	1,00	123,17	B	C
NGUYÊN TỬ	2599	CD2	PHE	418	52,238	-6,059	17,312	1,00	123,35	B	C
NGUYÊN TỬ	2600	CE1	PHE	418	52,359	-8,408	15,884	1,00	125,37	B	C
NGUYÊN TỬ	2601	CE2	PHE	418	53,456	-6,672	17,101	1,00	125,90	B	C
NGUYÊN TỬ	2602	CZ	PHE	418	53,514	-7,852	16,383	1,00	126,36	B	C
NGUYÊN TỬ	2603	C	PHE	418	48,472	-4,913	18,927	1,00	106,04	B	C
NGUYÊN TỬ	2604	O	PHE	418	49,033	-3,820	18,896	1,00	106,28	B	O
NGUYÊN TỬ	2605	N	SER	419	47,224	-5,084	19,353	1,00	99,46	B	N
NGUYÊN TỬ	2606	CA	SER	419	46,413	-3,987	19,875	1,00	92,29	B	C
NGUYÊN TỬ	2607	CB	SER	419	44,937	-4,359	19,839	1,00	90,97	B	C
NGUYÊN TỬ	2608	OG	SER	419	44,506	-4,607	18,522	1,00	89,32	B	O
NGUYÊN TỬ	2609	C	SER	419	46,781	-3,652	21,311	1,00	88,83	B	C
NGUYÊN TỬ	2610	O	SER	419	46,976	-4,547	22,124	1,00	89,15	B	O
NGUYÊN TỬ	2611	N	ALA	420	46,858	-2,363	21,627	1,00	85,37	B	N
NGUYÊN TỬ	2612	CA	ALA	420	47,016	-1,927	23,010	1,00	81,97	B	C
NGUYÊN TỬ	2613	CB	ALA	420	47,044	-0,406	23,082	1,00	81,91	B	C
NGUYÊN TỬ	2614	C	ALA	420	45,842	-2,469	23,816	1,00	79,89	B	C
NGUYÊN TỬ	2615	O	ALA	420	44,713	-2,475	23,330	1,00	79,29	B	O
NGUYÊN TỬ	2616	N	LYS	421	46,100	-2,926	25,039	1,00	77,60	B	N
NGUYÊN TỬ	2617	CA	LYS	421	45,101	-3,706	25,762	1,00	76,65	B	C
NGUYÊN TỬ	2618	CB	LYS	421	45,629	-5,120	26,005	1,00	75,21	B	C
NGUYÊN TỬ	2619	CG	LYS	421	46,034	-5,842	24,730	1,00	74,25	B	C
NGUYÊN TỬ	2620	CD	LYS	421	45,404	-7,221	24,634	1,00	72,30	B	C
NGUYÊN TỬ	2621	CE	LYS	421	45,912	-7,973	23,414	1,00	71,65	B	C
NGUYÊN TỬ	2622	NZ	LYS	421	47,403	-7,974	23,350	1,00	69,08	B	N
NGUYÊN TỬ	2623	C	LYS	421	44,606	-3,108	27,080	1,00	76,30	B	C
NGUYÊN TỬ	2624	O	LYS	421	45,388	-2,590	27,874	1,00	75,81	B	O
NGUYÊN TỬ	2625	N	ASP	422	43,292	-3,193	27,291	1,00	76,07	B	N
NGUYÊN TỬ	2626	CA	ASP	422	42,654	-2,840	28,557	1,00	75,90	B	C
NGUYÊN TỬ	2627	CB	ASP	422	43,025	-3,859	29,635	1,00	76,51	B	C
NGUYÊN TỬ	2628	CG	ASP	422	42,547	-5,259	29,293	1,00	77,29	B	C
NGUYÊN TỬ	2629	OD1	ASP	422	41,496	-5,684	29,823	1,00	77,24	B	O
NGUYÊN TỬ	2630	OD2	ASP	422	43,218	-5,936	28,485	1,00	78,52	B	O
NGUYÊN TỬ	2631	C	ASP	422	42,978	-1,434	29,032	1,00	75,72	B	C
NGUYÊN TỬ	2632	O	ASP	422	43,111	-1,185	30,231	1,00	75,77	B	O
NGUYÊN TỬ	2633	N	VAL	423	43,094	-0,516	28,078	1,00	75,77	B	N
NGUYÊN TỬ	2634	CA	VAL	423	43,330	0,893	28,373	1,00	75,46	B	C
NGUYÊN TỬ	2635	CB	VAL	423	44,279	1,529	27,323	1,00	74,23	B	C
NGUYÊN TỬ	2636	CG1	VAL	423	45,572	0,739	27,256	1,00	73,29	B	C
NGUYÊN TỬ	2637	CG2	VAL	423	43,616	1,555	25,953	1,00	72,59	B	C
NGUYÊN TỬ	2638	C	VAL	423	42,008	1,666	28,385	1,00	75,67	B	C
NGUYÊN TỬ	2639	O	VAL	423	41,911	2,734	28,997	1,00	75,74	B	O
NGUYÊN TỬ	2640	N	ILE	424	40,999	1,118	27,706	1,00	74,56	B	N
NGUYÊN TỬ	2641	CA	ILE	424	39,674	1,733	27,641	1,00	74,42	B	C
NGUYÊN TỬ	2642	CB	ILE	424	38,810	1,097	26,512	1,00	73,36	B	C
NGUYÊN TỬ	2643	CG2	ILE	424	37,506	1,865	26,345	1,00	74,09	B	C
NGUYÊN TỬ	2644	CG1	ILE	424	39,558	1,125	25,183	1,00	71,55	B	C
NGUYÊN TỬ	2645	CD1	ILE	424	38,737	0,586	24,031	1,00	68,53	B	C
NGUYÊN TỬ	2646	C	ILE	424	38,934	1,526	28,969	1,00	74,42	B	C
NGUYÊN TỬ	2647	O	ILE	424	38,736	0,384	29,397	1,00	74,56	B	O
NGUYÊN TỬ	2648	N	ASN	425	38,516	2,612	29,618	1,00	73,22	B	N
NGUYÊN TỬ	2649	CA	ASN	425	37,707	2,466	30,822	1,00	73,77	B	C
NGUYÊN TỬ	2650	CB	ASN	425	37,545	3,803	31,550	1,00	72,83	B	C
NGUYÊN TỬ	2651	CG	ASN	425	36,794	3,659	32,863	1,00	71,81	B	C
NGUYÊN TỬ	2652	OD1	ASN	425	35,814	2,925	32,949	1,00	72,71	B	O
NGUYÊN TỬ	2653	ND2	ASN	425	37,258	4,350	33,891	1,00	71,45	B	N
NGUYÊN TỬ	2654	C	ASN	425	36,338	1,944	30,426	1,00	74,65	B	C
NGUYÊN TỬ	2655	O	ASN	425	35,618	2,603	29,686	1,00	74,07	B	O
NGUYÊN TỬ	2656	N	GLU	426	35,976	0,766	30,924	1,00	76,81	B	N
NGUYÊN TỬ	2657	CA	GLU	426	34,741	0,111	30,501	1,00	79,15	B	C
NGUYÊN TỬ	2658	CB	GLU	426	34,712	-1,337	30,986	1,00	80,99	B	C

NGUYÊN TỬ	2659	CG	GLU	426	35,579	-2,282	30,184	1,00	83,84	B	C
NGUYÊN TỬ	2660	CD	GLU	426	35,147	-3,729	30,345	1,00	86,17	B	C
NGUYÊN TỬ	2661	OE1	GLU	426	35,400	-4,529	29,418	1,00	87,57	B	O
NGUYÊN TỬ	2662	OE2	GLU	426	34,551	-4,063	31,395	1,00	85,46	B	O
NGUYÊN TỬ	2663	C	GLU	426	33,480	0,824	30,984	1,00	79,50	B	C
NGUYÊN TỬ	2664	O	GLU	426	32,386	0,569	30,474	1,00	80,47	B	O
NGUYÊN TỬ	2665	N	ALA	427	33,637	1,722	31,956	1,00	78,27	B	N
NGUYÊN TỬ	2666	CA	ALA	427	32,501	2,376	32,599	1,00	76,26	B	C
NGUYÊN TỬ	2667	CB	ALA	427	32,936	2,969	33,924	1,00	75,03	B	C
NGUYÊN TỬ	2668	C	ALA	427	31,835	3,452	31,740	1,00	75,60	B	C
NGUYÊN TỬ	2669	O	ALA	427	30,987	4,205	32,224	1,00	75,77	B	O
NGUYÊN TỬ	2670	N	TRP	428	32,226	3,530	30,473	1,00	74,75	B	N
NGUYÊN TỬ	2671	CA	TRP	428	31,555	4,397	29,512	1,00	74,44	B	C
NGUYÊN TỬ	2672	CB	TRP	428	32,542	4,811	28,423	1,00	74,02	B	C
NGUYÊN TỬ	2673	CG	TRP	428	32,114	5,942	27,534	1,00	73,99	B	C
NGUYÊN TỬ	2674	CD2	TRP	428	31,476	5,843	26,247	1,00	74,18	B	C
NGUYÊN TỬ	2675	CE2	TRP	428	31,407	7,143	25,715	1,00	73,61	B	C
NGUYÊN TỬ	2676	CE3	TRP	428	30,968	4,781	25,492	1,00	74,77	B	C
NGUYÊN TỬ	2677	CD1	TRP	428	32,379	7,258	27,723	1,00	73,84	B	C
NGUYÊN TỬ	2678	NE1	TRP	428	31,963	7,988	26,637	1,00	74,39	B	N
NGUYÊN TỬ	2679	CZ2	TRP	428	30,853	7,414	24,462	1,00	72,79	B	C
NGUYÊN TỬ	2680	CZ3	TRP	428	30,417	5,055	24,245	1,00	74,68	B	C
NGUYÊN TỬ	2681	CH2	TRP	428	30,367	6,362	23,746	1,00	73,12	B	C
NGUYÊN TỬ	2682	C	TRP	428	30,424	3,579	28,905	1,00	74,60	B	C
NGUYÊN TỬ	2683	O	TRP	428	29,370	4,106	28,555	1,00	73,81	B	O
NGUYÊN TỬ	2684	N	PHE	429	30,656	2,276	28,799	1,00	75,15	B	N
NGUYÊN TỬ	2685	CA	PHE	429	29,715	1,370	28,146	1,00	76,08	B	C
NGUYÊN TỬ	2686	CB	PHE	429	30,447	0,117	27,654	1,00	75,20	B	C
NGUYÊN TỬ	2687	CG	PHE	429	31,632	0,409	26,773	1,00	73,39	B	C
NGUYÊN TỬ	2688	CD1	PHE	429	32,897	-0,041	27,119	1,00	72,50	B	C
NGUYÊN TỬ	2689	CD2	PHE	429	31,478	1,127	25,594	1,00	72,64	B	C
NGUYÊN TỬ	2690	CE1	PHE	429	33,989	0,214	26,304	1,00	71,63	B	C
NGUYÊN TỬ	2691	CE2	PHE	429	32,562	1,386	24,775	1,00	72,20	B	C
NGUYÊN TỬ	2692	CZ	PHE	429	33,822	0,928	25,131	1,00	71,45	B	C
NGUYÊN TỬ	2693	C	PHE	429	28,588	0,958	29,083	1,00	76,15	B	C
NGUYÊN TỬ	2694	O	PHE	429	28,820	0,627	30,242	1,00	76,42	B	O
NGUYÊN TỬ	2695	N	PRO	430	27,346	0,961	28,587	1,00	76,64	B	N
NGUYÊN TỬ	2696	CD	PRO	430	26,911	1,204	27,203	1,00	76,64	B	C
NGUYÊN TỬ	2697	CA	PRO	430	26,237	0,571	29,458	1,00	78,80	B	C
NGUYÊN TỬ	2698	CB	PRO	430	25,006	0,663	28,549	1,00	77,13	B	C
NGUYÊN TỬ	2699	CG	PRO	430	25,536	0,602	27,168	1,00	76,00	B	C
NGUYÊN TỬ	2700	C	PRO	430	26,445	-0,825	30,039	1,00	80,99	B	C
NGUYÊN TỬ	2701	O	PRO	430	26,865	-1,747	29,341	1,00	81,23	B	O
NGUYÊN TỬ	2702	N	GLU	431	26,140	-0,961	31,325	1,00	83,65	B	N
NGUYÊN TỬ	2703	CA	GLU	431	26,550	-2,107	32,130	1,00	85,46	B	C
NGUYÊN TỬ	2704	CB	GLU	431	25,639	-2,199	33,363	1,00	89,78	B	C
NGUYÊN TỬ	2705	CG	GLU	431	26,071	-3,227	34,405	1,00	95,94	B	C
NGUYÊN TỬ	2706	CD	GLU	431	25,317	-3,091	35,721	1,00	98,87	B	C
NGUYÊN TỬ	2707	OE1	GLU	431	25,879	-3,512	36,758	1,00	100,92	B	O
NGUYÊN TỬ	2708	OE2	GLU	431	24,174	-2,570	35,717	1,00	100,66	B	O
NGUYÊN TỬ	2709	C	GLU	431	26,569	-3,446	31,388	1,00	83,87	B	C
NGUYÊN TỬ	2710	O	GLU	431	27,593	-4,133	31,337	1,00	83,49	B	O
NGUYÊN TỬ	2711	N	ASP	432	25,429	-3,799	30,808	1,00	81,63	B	N
NGUYÊN TỬ	2712	CA	ASP	432	25,220	-5,121	30,232	1,00	79,14	B	C
NGUYÊN TỬ	2713	CB	ASP	432	23,722	-5,335	29,977	1,00	79,86	B	C
NGUYÊN TỬ	2714	CG	ASP	432	22,998	-4,047	29,596	1,00	79,96	B	C
NGUYÊN TỬ	2715	OD1	ASP	432	23,092	-3,046	30,346	1,00	79,78	B	O
NGUYÊN TỬ	2716	OD2	ASP	432	22,329	-4,039	28,542	1,00	79,18	B	O
NGUYÊN TỬ	2717	C	ASP	432	26,009	-5,339	28,944	1,00	77,30	B	C
NGUYÊN TỬ	2718	O	ASP	432	26,070	-6,451	28,413	1,00	76,75	B	O
NGUYÊN TỬ	2719	N	GLN	433	26,612	-4,268	28,445	1,00	75,05	B	N
NGUYÊN TỬ	2720	CA	GLN	433	27,378	-4,327	27,213	1,00	72,42	B	C
NGUYÊN TỬ	2721	CB	GLN	433	27,122	-3,074	26,375	1,00	71,49	B	C
NGUYÊN TỬ	2722	CG	GLN	433	25,835	-3,110	25,591	1,00	70,56	B	C
NGUYÊN TỬ	2723	CD	GLN	433	25,896	-4,114	24,468	1,00	71,25	B	C
NGUYÊN TỬ	2724	OE1	GLN	433	24,888	-4,442	23,845	1,00	71,67	B	O
NGUYÊN TỬ	2725	NE2	GLN	433	27,091	-4,615	24,204	1,00	72,06	B	N
NGUYÊN TỬ	2726	C	GLN	433	28,867	-4,461	27,484	1,00	71,41	B	C
NGUYÊN TỬ	2727	O	GLN	433	29,608	-4,934	26,627	1,00	71,95	B	O
NGUYÊN TỬ	2728	N	ARG	434	29,296	-4,047	28,675	1,00	69,73	B	N
NGUYÊN TỬ	2729	CA	ARG	434	30,717	-3,900	28,985	1,00	68,37	B	C
NGUYÊN TỬ	2730	CB	ARG	434	30,900	-3,423	30,424	1,00	68,00	B	C
NGUYÊN TỬ	2731	CG	ARG	434	30,438	-2,003	30,678	1,00	68,67	B	C
NGUYÊN TỬ	2732	CD	ARG	434	31,044	-1,449	31,956	1,00	69,05	B	C
NGUYÊN TỬ	2733	NE	ARG	434	30,069	-0,678	32,713	1,00	70,49	B	N
NGUYÊN TỬ	2734	CZ	ARG	434	29,112	-1,228	33,449	1,00	72,47	B	C

NGUYÊN TỬ	2735	NH1	ARG	434	28,255	-0,462	34,113	1,00	73,59	B	N
NGUYÊN TỬ	2736	NH2	ARG	434	29,018	-2,551	33,521	1,00	73,57	B	N
NGUYÊN TỬ	2737	C	ARG	434	31,510	-5,184	28,795	1,00	68,33	B	C
NGUYÊN TỬ	2738	O	ARG	434	32,589	-5,180	28,190	1,00	68,56	B	O
NGUYÊN TỬ	2739	N	VAL	435	30,981	-6,284	29,319	1,00	67,14	B	N
NGUYÊN TỬ	2740	CA	VAL	435	31,681	-7,555	29,233	1,00	66,36	B	C
NGUYÊN TỬ	2741	CB	VAL	435	30,884	-8,689	29,945	1,00	66,62	B	C
NGUYÊN TỬ	2742	CG1	VAL	435	30,754	-8,367	31,431	1,00	64,88	B	C
NGUYÊN TỬ	2743	CG2	VAL	435	29,498	-8,857	29,307	1,00	64,17	B	C
NGUYÊN TỬ	2744	C	VAL	435	31,934	-7,936	27,776	1,00	65,17	B	C
NGUYÊN TỬ	2745	O	VAL	435	32,990	-8,475	27,442	1,00	66,15	B	O
NGUYÊN TỬ	2746	N	LEU	436	30,971	-7,635	26,910	1,00	63,04	B	N
NGUYÊN TỬ	2747	CA	LEU	436	31,051	-8,010	25,497	1,00	61,71	B	C
NGUYÊN TỬ	2748	CB	LEU	436	29,648	-7,993	24,871	1,00	62,24	B	C
NGUYÊN TỬ	2749	CG	LEU	436	28,556	-8,820	25,561	1,00	61,83	B	C
NGUYÊN TỬ	2750	CD1	LEU	436	27,225	-8,631	24,823	1,00	60,35	B	C
NGUYÊN TỬ	2751	CD2	LEU	436	28,970	-10,294	25,593	1,00	60,07	B	C
NGUYÊN TỬ	2752	C	LEU	436	31,976	-7,099	24,675	1,00	59,12	B	C
NGUYÊN TỬ	2753	O	LEU	436	32,655	-7,554	23,759	1,00	57,04	B	O
NGUYÊN TỬ	2754	N	THR	437	31,988	-5,812	25,000	1,00	57,08	B	N
NGUYÊN TỬ	2755	CA	THR	437	32,728	-4,844	24,207	1,00	56,21	B	C
NGUYÊN TỬ	2756	CB	THR	437	32,403	-3,415	24,648	1,00	53,88	B	C
NGUYÊN TỬ	2757	OG1	THR	437	31,009	-3,163	24,442	1,00	55,23	B	O
NGUYÊN TỬ	2758	CG2	THR	437	33,216	-2,426	23,858	1,00	50,77	B	C
NGUYÊN TỬ	2759	C	THR	437	34,229	-5,064	24,338	1,00	55,95	B	C
NGUYÊN TỬ	2760	O	THR	437	34,822	-4,747	25,374	1,00	56,67	B	O
NGUYÊN TỬ	2761	N	PRO	438	34,862	-5,596	23,274	1,00	54,46	B	N
NGUYÊN TỬ	2762	CD	PRO	438	34,210	-5,902	21,990	1,00	54,63	B	C
NGUYÊN TỬ	2763	CA	PRO	438	36,283	-5,949	23,244	1,00	53,85	B	C
NGUYÊN TỬ	2764	CB	PRO	438	36,515	-6,417	21,807	1,00	52,36	B	C
NGUYÊN TỬ	2765	CG	PRO	438	35,187	-6,851	21,329	1,00	52,88	B	C
NGUYÊN TỬ	2766	C	PRO	438	37,156	-4,764	23,581	1,00	54,24	B	C
NGUYÊN TỬ	2767	O	PRO	438	37,476	-3,952	22,721	1,00	55,50	B	O
NGUYÊN TỬ	2768	N	ASN	439	37,553	-4,658	24,835	1,00	54,28	B	N
NGUYÊN TỬ	2769	CA	ASN	439	38,460	-3,600	25,203	1,00	54,38	B	C
NGUYÊN TỬ	2770	CB	ASN	439	38,716	-3,662	26,700	1,00	53,17	B	C
NGUYÊN TỬ	2771	CG	ASN	439	39,413	-2,438	27,206	1,00	52,95	B	C
NGUYÊN TỬ	2772	OD1	ASN	439	40,452	-2,054	26,674	1,00	54,56	B	O
NGUYÊN TỬ	2773	ND2	ASN	439	38,846	-1,804	28,233	1,00	52,08	B	N
NGUYÊN TỬ	2774	C	ASN	439	39,769	-3,758	24,417	1,00	55,78	B	C
NGUYÊN TỬ	2775	O	ASN	439	40,655	-4,519	24,814	1,00	57,73	B	O
NGUYÊN TỬ	2776	N	LEU	440	39,877	-3,043	23,295	1,00	56,06	B	N
NGUYÊN TỬ	2777	CA	LEU	440	41,041	-3,142	22,397	1,00	55,86	B	C
NGUYÊN TỬ	2778	CB	LEU	440	40,833	-4,263	21,379	1,00	55,14	B	C
NGUYÊN TỬ	2779	CG	LEU	440	41,127	-5,704	21,783	1,00	54,08	B	C
NGUYÊN TỬ	2780	CD1	LEU	440	40,647	-6,666	20,684	1,00	51,94	B	C
NGUYÊN TỬ	2781	CD2	LEU	440	42,614	-5,845	22,028	1,00	53,63	B	C
NGUYÊN TỬ	2782	C	LEU	440	41,263	-1,837	21,627	1,00	56,41	B	C
NGUYÊN TỬ	2783	O	LEU	440	40,359	-1,354	20,947	1,00	56,93	B	O
NGUYÊN TỬ	2784	N	VAL	441	42,461	-1,271	21,717	1,00	56,47	B	N
NGUYÊN TỬ	2785	CA	VAL	441	42,772	-0,074	20,944	1,00	56,91	B	C
NGUYÊN TỬ	2786	CB	VAL	441	43,250	1,057	21,851	1,00	55,91	B	C
NGUYÊN TỬ	2787	CG1	VAL	441	43,613	2,270	21,009	1,00	55,40	B	C
NGUYÊN TỬ	2788	CG2	VAL	441	42,174	1,396	22,864	1,00	54,73	B	C
NGUYÊN TỬ	2789	C	VAL	441	43,857	-0,357	19,916	1,00	58,09	B	C
NGUYÊN TỬ	2790	O	VAL	441	45,021	-0,486	20,272	1,00	58,32	B	O
NGUYÊN TỬ	2791	N	ALA	442	43,472	-0,433	18,643	1,00	60,35	B	N
NGUYÊN TỬ	2792	CA	ALA	442	44,369	-0,877	17,576	1,00	62,99	B	C
NGUYÊN TỬ	2793	CB	ALA	442	43,740	-0,611	16,219	1,00	62,78	B	C
NGUYÊN TỬ	2794	C	ALA	442	45,743	-0,232	17,630	1,00	65,68	B	C
NGUYÊN TỬ	2795	O	ALA	442	45,908	0,885	18,121	1,00	65,64	B	O
NGUYÊN TỬ	2796	N	ALA	443	46,730	-0,952	17,113	1,00	69,73	B	N
NGUYÊN TỬ	2797	CA	ALA	443	48,092	-0,449	17,028	1,00	74,87	B	C
NGUYÊN TỬ	2798	CB	ALA	443	48,802	-0,639	18,356	1,00	70,53	B	C
NGUYÊN TỬ	2799	C	ALA	443	48,838	-1,182	15,923	1,00	79,99	B	C
NGUYÊN TỬ	2800	O	ALA	443	48,650	-2,383	15,726	1,00	81,17	B	O
NGUYÊN TỬ	2801	N	LEU	444	49,677	-0,454	15,196	1,00	86,92	B	N
NGUYÊN TỬ	2802	CA	LEU	444	50,523	-1,065	14,185	1,00	94,56	B	C
NGUYÊN TỬ	2803	CB	LEU	444	51,269	0,016	13,404	1,00	91,22	B	C
NGUYÊN TỬ	2804	CG	LEU	444	50,583	0,555	12,150	1,00	88,84	B	C
NGUYÊN TỬ	2805	CD1	LEU	444	51,176	1,898	11,774	1,00	86,05	B	C
NGUYÊN TỬ	2806	CD2	LEU	444	50,739	-0,447	11,017	1,00	85,93	B	C
NGUYÊN TỬ	2807	C	LEU	444	51,523	-2,009	14,840	1,00	100,27	B	C
NGUYÊN TỬ	2808	O	LEU	444	51,990	-1,762	15,955	1,00	101,97	B	O
NGUYÊN TỬ	2809	N	PRO	445	51,854	-3,115	14,155	1,00	102,71	B	N
NGUYÊN TỬ	2810	CD	PRO	445	51,177	-3,601	12,942	1,00	102,47	B	C

NGUYÊN TỬ	2811	CA	PRO	445	52,880	-4,056	14,611	1,00108,96		B	C
NGUYÊN TỬ	2812	CB	PRO	445	52,808	-5,199	13,598	1,00103,83		B	C
NGUYÊN TỬ	2813	CG	PRO	445	51,472	-5,072	12,969	1,00101,93		B	C
NGUYÊN TỬ	2814	C	PRO	445	54,257	-3,416	14,618	1,00113,37		B	C
NGUYÊN TỬ	2815	O	PRO	445	54,698	-2,856	13,611	1,00112,80		B	O
NGUYÊN TỬ	2816	N	PRO	446	54,952	-3,485	15,760	1,00116,22		B	N
NGUYÊN TỬ	2817	CD	PRO	446	54,384	-3,732	17,095	1,00119,98		B	C
NGUYÊN TỬ	2818	CA	PRO	446	56,374	-3,135	15,797	1,00122,39		B	C
NGUYÊN TỬ	2819	CB	PRO	446	56,702	-3,083	17,291	1,00122,57		B	C
NGUYÊN TỬ	2820	CG	PRO	446	55,580	-3,813	17,975	1,00120,33		B	C
NGUYÊN TỬ	2821	C	PRO	446	57,221	-4,149	15,017	1,00125,56		B	C
NGUYÊN TỬ	2822	O	PRO	446	58,166	-3,766	14,326	1,00129,91		B	O
NGUYÊN TỬ	2823	N	SER	447	56,864	-5,433	15,111	1,00131,30		B	N
NGUYÊN TỬ	2824	CA	SER	447	57,519	-6,498	14,335	1,00136,24		B	C
NGUYÊN TỬ	2825	CB	SER	447	58,228	-7,485	15,270	1,00141,23		B	C
NGUYÊN TỬ	2826	OG	SER	447	57,298	-8,310	15,952	1,00144,06		B	O
NGUYÊN TỬ	2827	C	SER	447	56,556	-7,277	13,423	1,00141,04		B	C
NGUYÊN TỬ	2828	O	SER	447	55,822	-8,152	13,934	1,00131,68		B	O
NGUYÊN TỬ	2829	OXT	SER	447	56,535	-7,006	12,201	1,00113,76		B	O
TER	2830		SER	447					B		
NGUYÊN TỬ	2831	CB	GLU	1	3,711	32,350	16,970	1,00138,52		L31H	C
NGUYÊN TỬ	2832	CG	GLU	1	3,439	33,848	16,919	1,00141,85		L31H	C
NGUYÊN TỬ	2833	CD	GLU	1	4,640	34,640	16,438	1,00143,45		L31H	C
NGUYÊN TỬ	2834	OE1	GLU	1	4,445	35,731	15,860	1,00143,83		L31H	O
NGUYÊN TỬ	2835	OE2	GLU	1	5,780	34,170	16,635	1,00143,91		L31H	O
NGUYÊN TỬ	2836	C	GLU	1	4,715	30,381	18,137	1,00130,94		L31H	C
NGUYÊN TỬ	2837	O	GLU	1	4,120	29,647	17,346	1,00131,43		L31H	O
NGUYÊN TỬ	2838	N	GLU	1	5,502	32,678	18,664	1,00135,71		L31H	N
NGUYÊN TỬ	2839	CA	GLU	1	4,317	31,849	18,288	1,00134,83		L31H	C
NGUYÊN TỬ	2840	N	SER	2	5,722	29,967	18,902	1,00125,13		L31H	N
NGUYÊN TỬ	2841	CA	SER	2	6,323	28,637	18,781	1,00119,15		L31H	C
NGUYÊN TỬ	2842	CB	SER	2	7,056	28,280	20,080	1,00120,98		L31H	C
NGUYÊN TỬ	2843	OG	SER	2	6,217	28,431	21,212	1,00124,69		L31H	O
NGUYÊN TỬ	2844	C	SER	2	5,320	27,539	18,440	1,00113,88		L31H	C
NGUYÊN TỬ	2845	O	SER	2	4,159	27,597	18,849	1,00112,42		L31H	O
NGUYÊN TỬ	2846	N	VAL	3	5,771	26,538	17,688	1,00107,83		L31H	N
NGUYÊN TỬ	2847	CA	VAL	3	4,917	25,405	17,342	1,00101,42		L31H	C
NGUYÊN TỬ	2848	CB	VAL	3	5,242	24,870	15,924	1,00101,94		L31H	C
NGUYÊN TỬ	2849	CG1	VAL	3	6,704	24,464	15,839	1,00102,39		L31H	C
NGUYÊN TỬ	2850	CG2	VAL	3	4,319	23,704	15,579	1,00102,00		L31H	C
NGUYÊN TỬ	2851	C	VAL	3	5,069	24,295	18,375	1,00 95,09		L31H	C
NGUYÊN TỬ	2852	O	VAL	3	4,315	23,326	18,386	1,00 95,30		L31H	O
NGUYÊN TỬ	2853	N	LEU	4	6,051	24,453	19,252	1,00 87,11		L31H	N
NGUYÊN TỬ	2854	CA	LEU	4	6,090	23,680	20,483	1,00 80,33		L31H	C
NGUYÊN TỬ	2855	CB	LEU	4	7,521	23,244	20,799	1,00 78,74		L31H	C
NGUYÊN TỬ	2856	CG	LEU	4	8,079	22,079	19,989	1,00 75,03		L31H	C
NGUYÊN TỬ	2857	CD1	LEU	4	9,349	21,583	20,651	1,00 73,88		L31H	C
NGUYÊN TỬ	2858	CD2	LEU	4	7,052	20,973	19,908	1,00 73,52		L31H	C
NGUYÊN TỬ	2859	C	LEU	4	5,547	24,506	21,646	1,00 76,28		L31H	C
NGUYÊN TỬ	2860	O	LEU	4	6,084	25,570	21,962	1,00 74,35		L31H	O
NGUYÊN TỬ	2861	N	THR	5	4,490	24,010	22,288	1,00 72,42		L31H	N
NGUYÊN TỬ	2862	CA	THR	5	3,856	24,736	23,388	1,00 67,66		L31H	C
NGUYÊN TỬ	2863	CB	THR	5	2,350	24,890	23,143	1,00 65,52		L31H	C
NGUYÊN TỬ	2864	OG1	THR	5	1,842	23,672	22,591	1,00 64,87		L31H	O
NGUYÊN TỬ	2865	CG2	THR	5	2,075	26,056	22,184	1,00 64,39		L31H	C
NGUYÊN TỬ	2866	C	THR	5	4,069	24,115	24,761	1,00 65,49		L31H	C
NGUYÊN TỬ	2867	O	THR	5	3,962	22,903	24,936	1,00 65,15		L31H	O
NGUYÊN TỬ	2868	N	GLN	6	4,378	24,969	25,730	1,00 64,29		L31H	N
NGUYÊN TỬ	2869	CA	GLN	6	4,589	24,555	27,114	1,00 63,73		L31H	C
NGUYÊN TỬ	2870	CB	GLN	6	6,057	24,170	27,326	1,00 61,83		L31H	C
NGUYÊN TỬ	2871	CG	GLN	6	7,018	25,346	27,379	1,00 59,76		L31H	C
NGUYÊN TỬ	2872	CD	GLN	6	8,361	25,017	26,745	1,00 60,41		L31H	C
NGUYÊN TỬ	2873	OE1	GLN	6	8,433	24,730	25,554	1,00 61,76		L31H	O
NGUYÊN TỬ	2874	NE2	GLN	6	9,430	25,056	27,540	1,00 58,87		L31H	N
NGUYÊN TỬ	2875	C	GLN	6	4,202	25,692	28,074	1,00 64,47		L31H	C
NGUYÊN TỬ	2876	O	GLN	6	4,228	26,867	27,702	1,00 64,01		L31H	O
NGUYÊN TỬ	2877	N	PRO	7	3,861	25,353	29,330	1,00 66,46		L31H	N
NGUYÊN TỬ	2878	CD	PRO	7	4,220	24,113	30,038	1,00 67,84		L31H	C
NGUYÊN TỬ	2879	CA	PRO	7	3,326	26,353	30,254	1,00 65,35		L31H	C
NGUYÊN TỬ	2880	CB	PRO	7	3,116	25,574	31,547	1,00 65,91		L31H	C
NGUYÊN TỬ	2881	CG	PRO	7	4,129	24,508	31,494	1,00 67,09		L31H	C
NGUYÊN TỬ	2882	C	PRO	7	4,305	27,496	30,442	1,00 64,17		L31H	C
NGUYÊN TỬ	2883	O	PRO	7	5,506	27,349	30,222	1,00 65,08		L31H	O
NGUYÊN TỬ	2884	N	PRO	8	3,791	28,663	30,834	1,00 63,81		L31H	N
NGUYÊN TỬ	2885	CD	PRO	8	2,356	28,982	30,785	1,00 61,18		L31H	C
NGUYÊN TỬ	2886	CA	PRO	8	4,604	29,855	31,085	1,00 63,42		L31H	C

NGUYÊN TỬ	2887	CB	PRO	8	3,577	30,996	31,075	1,00	61,24	L31H C
NGUYÊN TỬ	2888	CG	PRO	8	2,367	30,419	30,395	1,00	60,71	L31H C
NGUYÊN TỬ	2889	C	PRO	8	5,369	29,786	32,411	1,00	63,36	L31H C
NGUYÊN TỬ	2890	O	PRO	8	6,443	30,382	32,568	1,00	63,66	L31H O
NGUYÊN TỬ	2891	N	SER	9	4,798	29,062	33,365	1,00	63,25	L31H N
NGUYÊN TỬ	2892	CA	SER	9	5,182	29,218	34,757	1,00	63,19	L31H C
NGUYÊN TỬ	2893	CB	SER	9	4,466	30,446	35,350	1,00	60,99	L31H C
NGUYÊN TỬ	2894	OG	SER	9	4,887	30,729	36,678	1,00	57,73	L31H O
NGUYÊN TỬ	2895	C	SER	9	4,866	27,961	35,578	1,00	64,48	L31H C
NGUYÊN TỬ	2896	O	SER	9	3,784	27,360	35,478	1,00	65,45	L31H O
NGUYÊN TỬ	2897	N	VAL	10	5,837	27,556	36,382	1,00	63,89	L31H N
NGUYÊN TỬ	2898	CA	VAL	10	5,607	26,517	37,362	1,00	63,42	L31H C
NGUYÊN TỬ	2899	CB	VAL	10	6,233	25,170	36,910	1,00	63,39	L31H C
NGUYÊN TỬ	2900	CG1	VAL	10	5,360	24,514	35,836	1,00	62,57	L31H C
NGUYÊN TỬ	2901	CG2	VAL	10	7,633	25,415	36,349	1,00	63,77	L31H C
NGUYÊN TỬ	2902	C	VAL	10	6,224	26,980	38,670	1,00	63,10	L31H C
NGUYÊN TỬ	2903	O	VAL	10	6,939	27,989	38,708	1,00	62,36	L31H O
NGUYÊN TỬ	2904	N	SER	11	5,917	26,258	39,741	1,00	63,31	L31H N
NGUYÊN TỬ	2905	CA	SER	11	6,542	26,485	41,035	1,00	64,07	L31H C
NGUYÊN TỬ	2906	CB	SER	11	6,227	27,894	41,545	1,00	65,21	L31H C
NGUYÊN TỬ	2907	OG	SER	11	4,873	28,237	41,310	1,00	68,61	L31H O
NGUYÊN TỬ	2908	C	SER	11	6,107	25,443	42,059	1,00	63,28	L31H C
NGUYÊN TỬ	2909	O	SER	11	4,965	24,979	42,068	1,00	63,10	L31H O
NGUYÊN TỬ	2910	N	GLY	12	7,055	25,064	42,903	1,00	62,91	L31H N
NGUYÊN TỬ	2911	CA	GLY	12	6,799	24,139	43,992	1,00	62,96	L31H C
NGUYÊN TỬ	2912	C	GLY	12	7,831	24,493	45,040	1,00	62,06	L31H C
NGUYÊN TỬ	2913	O	GLY	12	8,833	25,129	44,706	1,00	62,73	L31H O
NGUYÊN TỬ	2914	N	ALA	13	7,608	24,119	46,295	1,00	59,54	L31H N
NGUYÊN TỬ	2915	CA	ALA	13	8,553	24,482	47,341	1,00	57,29	L31H C
NGUYÊN TỬ	2916	CB	ALA	13	7,914	24,294	48,692	1,00	54,68	L31H C
NGUYÊN TỬ	2917	C	ALA	13	9,824	23,627	47,217	1,00	57,41	L31H C
NGUYÊN TỬ	2918	O	ALA	13	9,863	22,648	46,462	1,00	57,04	L31H O
NGUYÊN TỬ	2919	N	PRO	14	10,891	24,000	47,938	1,00	56,71	L31H N
NGUYÊN TỬ	2920	CD	PRO	14	11,122	25,236	48,702	1,00	56,70	L31H C
NGUYÊN TỬ	2921	CA	PRO	14	12,071	23,137	47,937	1,00	57,23	L31H C
NGUYÊN TỬ	2922	CB	PRO	14	13,043	23,867	48,860	1,00	57,17	L31H C
NGUYÊN TỬ	2923	CG	PRO	14	12,608	25,283	48,806	1,00	55,90	L31H C
NGUYÊN TỬ	2924	C	PRO	14	11,699	21,758	48,464	1,00	58,32	L31H C
NGUYÊN TỬ	2925	O	PRO	14	10,950	21,646	49,432	1,00	58,21	L31H O
NGUYÊN TỬ	2926	N	GLY	15	12,211	20,714	47,817	1,00	60,26	L31H N
NGUYÊN TỬ	2927	CA	GLY	15	11,854	19,358	48,195	1,00	62,96	L31H C
NGUYÊN TỬ	2928	C	GLY	15	10,772	18,728	47,332	1,00	65,28	L31H C
NGUYÊN TỬ	2929	O	GLY	15	10,696	17,500	47,221	1,00	64,05	L31H O
NGUYÊN TỬ	2930	N	GLN	16	9,936	19,560	46,710	1,00	68,62	L31H N
NGUYÊN TỬ	2931	CA	GLN	16	8,802	19,065	45,926	1,00	71,60	L31H C
NGUYÊN TỬ	2932	CB	GLN	16	7,661	20,072	45,957	1,00	75,87	L31H C
NGUYÊN TỬ	2933	CG	GLN	16	6,908	20,112	47,252	1,00	82,09	L31H C
NGUYÊN TỬ	2934	CD	GLN	16	5,727	21,055	47,177	1,00	87,55	L31H C
NGUYÊN TỬ	2935	OE1	GLN	16	4,583	20,625	46,977	1,00	90,03	L31H O
NGUYÊN TỬ	2936	NE2	GLN	16	5,994	22,355	47,326	1,00	89,14	L31H N
NGUYÊN TỬ	2937	C	GLN	16	9,123	18,735	44,471	1,00	70,08	L31H C
NGUYÊN TỬ	2938	O	GLN	16	10,101	19,220	43,902	1,00	69,52	L31H O
NGUYÊN TỬ	2939	N	ARG	17	8,278	17,904	43,876	1,00	68,13	L31H N
NGUYÊN TỬ	2940	CA	ARG	17	8,411	17,566	42,471	1,00	66,35	L31H C
NGUYÊN TỬ	2941	CB	ARG	17	8,093	16,084	42,248	1,00	65,46	L31H C
NGUYÊN TỬ	2942	CG	ARG	17	8,223	15,626	40,804	1,00	65,51	L31H C
NGUYÊN TỬ	2943	CD	ARG	17	7,961	14,138	40,688	1,00	66,05	L31H C
NGUYÊN TỬ	2944	NE	ARG	17	7,644	13,722	39,326	1,00	68,32	L31H N
NGUYÊN TỬ	2945	CZ	ARG	17	6,444	13,852	38,764	1,00	71,52	L31H C
NGUYÊN TỬ	2946	NH1	ARG	17	5,440	14,397	39,446	1,00	73,00	L31H N
NGUYÊN TỬ	2947	NH2	ARG	17	6,239	13,418	37,526	1,00	72,19	L31H N
NGUYÊN TỬ	2948	C	ARG	17	7,481	18,434	41,620	1,00	65,81	L31H C
NGUYÊN TỬ	2949	O	ARG	17	6,403	18,850	42,068	1,00	64,65	L31H O
NGUYÊN TỬ	2950	N	VAL	18	7,930	18,699	40,392	1,00	64,40	L31H N
NGUYÊN TỬ	2951	CA	VAL	18	7,210	19,499	39,411	1,00	63,29	L31H C
NGUYÊN TỬ	2952	CB	VAL	18	7,816	20,908	39,293	1,00	65,09	L31H C
NGUYÊN TỬ	2953	CG1	VAL	18	7,832	21,588	40,648	1,00	65,44	L31H C
NGUYÊN TỬ	2954	CG2	VAL	18	9,222	20,811	38,727	1,00	66,78	L31H C
NGUYÊN TỬ	2955	C	VAL	18	7,320	18,827	38,044	1,00	62,02	L31H C
NGUYÊN TỬ	2956	O	VAL	18	8,181	17,980	37,838	1,00	60,97	L31H O
NGUYÊN TỬ	2957	N	THR	19	6,451	19,204	37,112	1,00	61,73	L31H N
NGUYÊN TỬ	2958	CA	THR	19	6,657	18,845	35,712	1,00	61,82	L31H C
NGUYÊN TỬ	2959	CB	THR	19	5,694	17,739	35,261	1,00	61,35	L31H C
NGUYÊN TỬ	2960	OG1	THR	19	4,376	18,279	35,116	1,00	60,99	L31H O
NGUYÊN TỬ	2961	CG2	THR	19	5,687	16,610	36,264	1,00	61,60	L31H C
NGUYÊN TỬ	2962	C	THR	19	6,465	20,049	34,781	1,00	63,20	L31H C

NGUYÊN TỬ	2963	O	THR	19	5,754	21,002	35,124	1,00	64,11	L31H O
NGUYÊN TỬ	2964	N	ILE	20	7,113	20,003	33,613	1,00	62,60	L31H N
NGUYÊN TỬ	2965	CA	ILE	20	6,843	20,935	32,512	1,00	62,83	L31H C
NGUYÊN TỬ	2966	CB	ILE	20	8,089	21,772	32,198	1,00	63,61	L31H C
NGUYÊN TỬ	2967	CG2	ILE	20	7,815	22,690	31,032	1,00	65,17	L31H C
NGUYÊN TỬ	2968	CG1	ILE	20	8,487	22,588	33,429	1,00	64,22	L31H C
NGUYÊN TỬ	2969	CD1	ILE	20	9,698	23,492	33,213	1,00	64,62	L31H C
NGUYÊN TỬ	2970	C	ILE	20	6,432	20,123	31,275	1,00	63,78	L31H C
NGUYÊN TỬ	2971	O	ILE	20	6,787	18,945	31,162	1,00	62,92	L31H O
NGUYÊN TỬ	2972	N	SER	21	5,682	20,729	30,354	1,00	64,09	L31H N
NGUYÊN TỬ	2973	CA	SER	21	4,990	19,935	29,336	1,00	64,86	L31H C
NGUYÊN TỬ	2974	CB	SER	21	3,536	19,776	29,754	1,00	63,74	L31H C
NGUYÊN TỬ	2975	OG	SER	21	3,435	19,888	31,163	1,00	64,14	L31H O
NGUYÊN TỬ	2976	C	SER	21	5,058	20,444	27,887	1,00	65,67	L31H C
NGUYÊN TỬ	2977	O	SER	21	4,306	21,337	27,489	1,00	68,38	L31H O
NGUYÊN TỬ	2978	N	CYS	22	5,945	19,842	27,099	1,00	64,14	L31H N
NGUYÊN TỬ	2979	CA	CYS	22	6,069	20,125	25,671	1,00	63,02	L31H C
NGUYÊN TỬ	2980	C	CYS	22	5,038	19,313	24,866	1,00	63,37	L31H C
NGUYÊN TỬ	2981	O	CYS	22	5,077	18,080	24,848	1,00	62,28	L31H O
NGUYÊN TỬ	2982	CB	CYS	22	7,483	19,755	25,210	1,00	61,52	L31H C
NGUYÊN TỬ	2983	SG	CYS	22	8,208	20,677	23,808	1,00	61,05	L31H S
NGUYÊN TỬ	2984	N	THR	23	4,117	20,005	24,202	1,00	64,37	L31H N
NGUYÊN TỬ	2985	CA	THR	23	3,184	19,348	23,290	1,00	64,83	L31H C
NGUYÊN TỬ	2986	CB	THR	23	1,713	19,709	23,634	1,00	65,15	L31H C
NGUYÊN TỬ	2987	OG1	THR	23	1,553	21,133	23,655	1,00	65,49	L31H O
NGUYÊN TỬ	2988	CG2	THR	23	1,337	19,152	25,006	1,00	65,92	L31H C
NGUYÊN TỬ	2989	C	THR	23	3,492	19,757	21,852	1,00	64,35	L31H C
NGUYÊN TỬ	2990	O	THR	23	3,929	20,882	21,596	1,00	64,00	L31H O
NGUYÊN TỬ	2991	N	GLY	24	3,269	18,841	20,917	1,00	62,67	L31H N
NGUYÊN TỬ	2992	CA	GLY	24	3,772	19,038	19,572	1,00	61,57	L31H C
NGUYÊN TỬ	2993	C	GLY	24	2,763	18,800	18,472	1,00	61,13	L31H C
NGUYÊN TỬ	2994	O	GLY	24	1,659	19,313	18,532	1,00	62,34	L31H O
NGUYÊN TỬ	2995	N	SER	25	3,157	18,029	17,461	1,00	61,63	L31H N
NGUYÊN TỬ	2996	CA	SER	25	2,299	17,697	16,319	1,00	62,41	L31H C
NGUYÊN TỬ	2997	CB	SER	25	1,914	18,961	15,557	1,00	62,65	L31H C
NGUYÊN TỬ	2998	OG	SER	25	2,996	19,425	14,770	1,00	64,84	L31H O
NGUYÊN TỬ	2999	C	SER	25	3,025	16,737	15,362	1,00	62,86	L31H C
NGUYÊN TỬ	3000	O	SER	25	4,250	16,601	15,416	1,00	63,34	L31H O
NGUYÊN TỬ	3001	N	SER	26	2,274	16,092	14,474	1,00	62,26	L31H N
NGUYÊN TỬ	3002	CA	SER	26	2,812	14,979	13,695	1,00	62,09	L31H C
NGUYÊN TỬ	3003	CB	SER	26	1,695	14,304	12,899	1,00	62,24	L31H C
NGUYÊN TỬ	3004	OG	SER	26	1,213	15,157	11,880	1,00	60,48	L31H O
NGUYÊN TỬ	3005	C	SER	26	3,939	15,353	12,735	1,00	62,28	L31H C
NGUYÊN TỬ	3006	O	SER	26	4,438	14,497	12,006	1,00	61,32	L31H O
NGUYÊN TỬ	3007	N	SER	27	4,333	16,620	12,717	1,00	62,13	L31H N
NGUYÊN TỬ	3008	CA	SER	27	5,432	17,031	11,854	1,00	61,96	L31H C
NGUYÊN TỬ	3009	CB	SER	27	5,100	18,346	11,141	1,00	61,55	L31H C
NGUYÊN TỬ	3010	OG	SER	27	5,675	19,458	11,804	1,00	57,20	L31H O
NGUYÊN TỬ	3011	C	SER	27	6,732	17,180	12,642	1,00	61,99	L31H C
NGUYÊN TỬ	3012	O	SER	27	7,776	17,510	12,072	1,00	62,44	L31H O
NGUYÊN TỬ	3013	N	ASN	28	6,664	16,940	13,950	1,00	60,60	L31H N
NGUYÊN TỬ	3014	CA	ASN	28	7,861	16,930	14,785	1,00	59,48	L31H C
NGUYÊN TỬ	3015	CB	ASN	28	8,044	18,275	15,486	1,00	59,78	L31H C
NGUYÊN TỬ	3016	CG	ASN	28	6,746	18,856	15,983	1,00	58,38	L31H C
NGUYÊN TỬ	3017	OD1	ASN	28	6,023	19,505	15,235	1,00	58,36	L31H O
NGUYÊN TỬ	3018	ND2	ASN	28	6,444	18,631	17,250	1,00	58,43	L31H N
NGUYÊN TỬ	3019	C	ASN	28	7,858	15,830	15,822	1,00	59,65	L31H C
NGUYÊN TỬ	3020	O	ASN	28	8,286	14,712	15,548	1,00	57,88	L31H O
NGUYÊN TỬ	3021	N	ILE	29	7,377	16,151	17,019	1,00	61,65	L31H N
NGUYÊN TỬ	3022	CA	ILE	29	7,398	15,196	18,123	1,00	64,05	L31H C
NGUYÊN TỬ	3023	CB	ILE	29	6,712	15,764	19,384	1,00	63,61	L31H C
NGUYÊN TỬ	3024	CG2	ILE	29	6,839	14,760	20,530	1,00	65,10	L31H C
NGUYÊN TỬ	3025	CG1	ILE	29	7,353	17,093	19,781	1,00	63,17	L31H C
NGUYÊN TỬ	3026	CD1	ILE	29	6,811	17,686	21,061	1,00	61,54	L31H C
NGUYÊN TỬ	3027	C	ILE	29	6,686	13,904	17,730	1,00	65,35	L31H C
NGUYÊN TỬ	3028	O	ILE	29	7,096	12,813	18,120	1,00	65,26	L31H O
NGUYÊN TỬ	3029	N	GLY	30	5,617	14,043	16,953	1,00	66,80	L31H N
NGUYÊN TỬ	3030	CA	GLY	30	4,897	12,886	16,472	1,00	69,29	L31H C
NGUYÊN TỬ	3031	C	GLY	30	5,367	12,481	15,093	1,00	70,79	L31H C
NGUYÊN TỬ	3032	O	GLY	30	4,609	11,920	14,308	1,00	73,79	L31H O
NGUYÊN TỬ	3033	N	ALA	31	6,623	12,772	14,783	1,00	70,57	L31H N
NGUYÊN TỬ	3034	CA	ALA	31	7,179	12,388	13,496	1,00	68,69	L31H C
NGUYÊN TỬ	3035	CB	ALA	31	7,541	13,623	12,705	1,00	69,46	L31H C
NGUYÊN TỬ	3036	C	ALA	31	8,405	11,502	13,689	1,00	67,46	L31H C
NGUYÊN TỬ	3037	O	ALA	31	9,124	11,205	12,737	1,00	66,80	L31H O
NGUYÊN TỬ	3038	N	GLY	32	8,634	11,081	14,930	1,00	65,06	L31H N

NGUYÊN TỬ	3039	CA	GLY	32	9,744	10,192	15,212	1,00	61,49	L31H C
NGUYÊN TỬ	3040	C	GLY	32	10,998	10,939	15,632	1,00	60,15	L31H C
NGUYÊN TỬ	3041	O	GLY	32	12,018	10,327	15,972	1,00	58,78	L31H O
NGUYÊN TỬ	3042	N	TYR	33	10,923	12,268	15,608	1,00	57,00	L31H N
NGUYÊN TỬ	3043	CA	TYR	33	12,055	13,103	15,974	1,00	52,69	L31H C
NGUYÊN TỬ	3044	CB	TYR	33	11,947	14,450	15,255	1,00	50,83	L31H C
NGUYÊN TỬ	3045	CG	TYR	33	11,990	14,315	13,741	1,00	49,75	L31H C
NGUYÊN TỬ	3046	CD1	TYR	33	13,156	13,907	13,099	1,00	49,31	L31H C
NGUYÊN TỬ	3047	CE1	TYR	33	13,196	13,721	11,729	1,00	48,18	L31H C
NGUYÊN TỬ	3048	CD2	TYR	33	10,857	14,544	12,959	1,00	47,71	L31H C
NGUYÊN TỬ	3049	CE2	TYR	33	10,886	14,359	11,583	1,00	47,03	L31H C
NGUYÊN TỬ	3050	CZ	TYR	33	12,063	13,942	10,979	1,00	48,69	L31H C
NGUYÊN TỬ	3051	OH	TYR	33	12,120	13,707	9,629	1,00	50,47	L31H O
NGUYÊN TỬ	3052	C	TYR	33	12,064	13,272	17,487	1,00	50,76	L31H C
NGUYÊN TỬ	3053	O	TYR	33	11,014	13,254	18,111	1,00	52,52	L31H O
NGUYÊN TỬ	3054	N	ASP	34	13,251	13,407	18,074	1,00	48,14	L31H N
NGUYÊN TỬ	3055	CA	ASP	34	13,417	13,437	19,531	1,00	45,26	L31H C
NGUYÊN TỬ	3056	CB	ASP	34	14,791	12,898	19,920	1,00	45,18	L31H C
NGUYÊN TỬ	3057	CG	ASP	34	14,910	11,409	19,734	1,00	44,74	L31H C
NGUYÊN TỬ	3058	OD1	ASP	34	15,934	10,849	20,197	1,00	43,60	L31H O
NGUYÊN TỬ	3059	OD2	ASP	34	13,989	10,803	19,133	1,00	45,00	L31H O
NGUYÊN TỬ	3060	C	ASP	34	13,269	14,817	20,165	1,00	45,11	L31H C
NGUYÊN TỬ	3061	O	ASP	34	13,605	15,849	19,564	1,00	44,68	L31H O
NGUYÊN TỬ	3062	N	VAL	35	12,798	14,829	21,407	1,00	44,99	L31H N
NGUYÊN TỬ	3063	CA	VAL	35	12,738	16,064	22,178	1,00	43,90	L31H C
NGUYÊN TỬ	3064	CB	VAL	35	11,457	16,141	22,997	1,00	44,15	L31H C
NGUYÊN TỬ	3065	CG1	VAL	35	11,532	17,331	23,965	1,00	43,72	L31H C
NGUYÊN TỬ	3066	CG2	VAL	35	10,256	16,254	22,050	1,00	44,74	L31H C
NGUYÊN TỬ	3067	C	VAL	35	13,908	16,221	23,128	1,00	43,44	L31H C
NGUYÊN TỬ	3068	O	VAL	35	14,232	15,306	23,888	1,00	42,76	L31H O
NGUYÊN TỬ	3069	N	HIS	36	14,534	17,393	23,075	1,00	43,03	L31H N
NGUYÊN TỬ	3070	CA	HIS	36	15,642	17,736	23,956	1,00	42,46	L31H C
NGUYÊN TỬ	3071	CB	HIS	36	16,868	18,136	23,124	1,00	42,43	L31H C
NGUYÊN TỬ	3072	CG	HIS	36	17,111	17,275	21,912	1,00	43,91	L31H C
NGUYÊN TỬ	3073	CD2	HIS	36	17,089	17,573	20,587	1,00	43,23	L31H C
NGUYÊN TỬ	3074	ND1	HIS	36	17,489	15,948	21,995	1,00	43,31	L31H N
NGUYÊN TỬ	3075	CE1	HIS	36	17,689	15,469	20,778	1,00	41,56	L31H C
NGUYÊN TỬ	3076	NE2	HIS	36	17,454	16,435	19,906	1,00	41,42	L31H N
NGUYÊN TỬ	3077	C	HIS	36	15,167	18,926	24,796	1,00	42,73	L31H C
NGUYÊN TỬ	3078	O	HIS	36	14,271	19,649	24,363	1,00	44,22	L31H O
NGUYÊN TỬ	3079	N	TRP	37	15,753	19,130	25,981	1,00	43,29	L31H N
NGUYÊN TỬ	3080	CA	TRP	37	15,326	20,197	26,916	1,00	43,33	L31H C
NGUYÊN TỬ	3081	CB	TRP	37	14,601	19,599	28,124	1,00	45,93	L31H C
NGUYÊN TỬ	3082	CG	TRP	37	13,257	18,980	27,843	1,00	49,34	L31H C
NGUYÊN TỬ	3083	CD2	TRP	37	11,982	19,600	28,015	1,00	50,13	L31H C
NGUYÊN TỬ	3084	CE2	TRP	37	11,002	18,624	27,743	1,00	51,37	L31H C
NGUYÊN TỬ	3085	CE3	TRP	37	11,571	20,888	28,378	1,00	52,24	L31H C
NGUYÊN TỬ	3086	CD1	TRP	37	13,006	17,686	27,471	1,00	51,27	L31H C
NGUYÊN TỬ	3087	NE1	TRP	37	11,651	17,465	27,412	1,00	51,06	L31H N
NGUYÊN TỬ	3088	CZ2	TRP	37	9,640	18,895	27,826	1,00	52,35	L31H C
NGUYÊN TỬ	3089	CZ3	TRP	37	10,220	21,154	28,457	1,00	52,72	L31H C
NGUYÊN TỬ	3090	CH2	TRP	37	9,269	20,162	28,182	1,00	52,64	L31H C
NGUYÊN TỬ	3091	C	TRP	37	16,485	21,044	27,457	1,00	43,28	L31H C
NGUYÊN TỬ	3092	O	TRP	37	17,541	20,514	27,809	1,00	42,97	L31H O
NGUYÊN TỬ	3093	N	TYR	38	16,285	22,355	27,560	1,00	43,01	L31H N
NGUYÊN TỬ	3094	CA	TYR	38	17,362	23,232	28,014	1,00	43,05	L31H C
NGUYÊN TỬ	3095	CB	TYR	38	17,771	24,181	26,901	1,00	38,88	L31H C
NGUYÊN TỬ	3096	CG	TYR	38	18,088	23,478	25,624	1,00	33,77	L31H C
NGUYÊN TỬ	3097	CD1	TYR	38	17,073	23,103	24,743	1,00	28,65	L31H C
NGUYÊN TỬ	3098	CE1	TYR	38	17,364	22,421	23,583	1,00	25,10	L31H C
NGUYÊN TỬ	3099	CD2	TYR	38	19,409	23,154	25,305	1,00	32,66	L31H C
NGUYÊN TỬ	3100	CE2	TYR	38	19,713	22,476	24,144	1,00	29,28	L31H C
NGUYÊN TỬ	3101	CZ	TYR	38	18,688	22,114	23,289	1,00	27,75	L31H C
NGUYÊN TỬ	3102	OH	TYR	38	19,009	21,469	22,127	1,00	26,39	L31H O
NGUYÊN TỬ	3103	C	TYR	38	17,007	24,056	29,234	1,00	46,95	L31H C
NGUYÊN TỬ	3104	O	TYR	38	15,897	24,577	29,357	1,00	48,67	L31H O
NGUYÊN TỬ	3105	N	GLN	39	17,974	24,192	30,127	1,00	49,84	L31H N
NGUYÊN TỬ	3106	CA	GLN	39	17,837	25,060	31,281	1,00	52,09	L31H C
NGUYÊN TỬ	3107	CB	GLN	39	18,437	24,377	32,506	1,00	52,21	L31H C
NGUYÊN TỬ	3108	CG	GLN	39	18,538	25,261	33,725	1,00	54,03	L31H C
NGUYÊN TỬ	3109	CD	GLN	39	19,329	24,604	34,840	1,00	55,27	L31H C
NGUYÊN TỬ	3110	OE1	GLN	39	20,550	24,734	34,907	1,00	56,25	L31H O
NGUYÊN TỬ	3111	NE2	GLN	39	18,635	23,892	35,722	1,00	55,16	L31H N
NGUYÊN TỬ	3112	C	GLN	39	18,567	26,371	30,999	1,00	54,46	L31H C
NGUYÊN TỬ	3113	O	GLN	39	19,650	26,382	30,401	1,00	52,58	L31H O
NGUYÊN TỬ	3114	N	GLN	40	17,965	27,478	31,415	1,00	57,66	L31H N

NGUYÊN TỬ	3115	CA	GLN	40	18,592	28,779	31,254	1,00	61,56	L31H C
NGUYÊN TỬ	3116	CB	GLN	40	17,964	29,560	30,092	1,00	59,03	L31H C
NGUYÊN TỬ	3117	CG	GLN	40	18,774	30,790	29,713	1,00	56,95	L31H C
NGUYÊN TỬ	3118	CD	GLN	40	18,186	31,591	28,563	1,00	56,21	L31H C
NGUYÊN TỬ	3119	OE1	GLN	40	16,964	31,695	28,405	1,00	55,30	L31H O
NGUYÊN TỬ	3120	NE2	GLN	40	19,066	32,175	27,756	1,00	53,83	L31H N
NGUYÊN TỬ	3121	C	GLN	40	18,451	29,584	32,525	1,00	66,50	L31H C
NGUYÊN TỬ	3122	O	GLN	40	17,384	30,123	32,813	1,00	66,89	L31H O
NGUYÊN TỬ	3123	N	LEU	41	19,533	29,660	33,285	1,00	72,91	L31H N
NGUYÊN TỬ	3124	CA	LEU	41	19,607	30,596	34,389	1,00	79,05	L31H C
NGUYÊN TỬ	3125	CB	LEU	41	20,938	30,436	35,108	1,00	79,25	L31H C
NGUYÊN TỬ	3126	CG	LEU	41	21,403	28,984	35,224	1,00	81,00	L31H C
NGUYÊN TỬ	3127	CD1	LEU	41	22,063	28,530	33,916	1,00	80,82	L31H C
NGUYÊN TỬ	3128	CD2	LEU	41	22,382	28,871	36,379	1,00	80,82	L31H C
NGUYÊN TỬ	3129	C	LEU	41	19,507	31,980	33,773	1,00	82,23	L31H C
NGUYÊN TỬ	3130	O	LEU	41	20,261	32,311	32,859	1,00	83,72	L31H O
NGUYÊN TỬ	3131	N	PRO	42	18,562	32,803	34,251	1,00	83,71	L31H N
NGUYÊN TỬ	3132	CD	PRO	42	17,570	32,557	35,313	1,00	84,10	L31H C
NGUYÊN TỬ	3133	CA	PRO	42	18,400	34,127	33,646	1,00	84,51	L31H C
NGUYÊN TỬ	3134	CB	PRO	42	17,306	34,780	34,497	1,00	83,82	L31H C
NGUYÊN TỬ	3135	CG	PRO	42	16,529	33,621	35,057	1,00	83,24	L31H C
NGUYÊN TỬ	3136	C	PRO	42	19,718	34,891	33,692	1,00	84,11	L31H C
NGUYÊN TỬ	3137	O	PRO	42	20,413	34,884	34,709	1,00	84,12	L31H O
NGUYÊN TỬ	3138	N	GLY	43	20,066	35,527	32,576	1,00	83,31	L31H N
NGUYÊN TỬ	3139	CA	GLY	43	21,333	36,227	32,487	1,00	82,03	L31H C
NGUYÊN TỬ	3140	C	GLY	43	22,437	35,422	31,823	1,00	81,46	L31H C
NGUYÊN TỬ	3141	O	GLY	43	23,581	35,873	31,732	1,00	81,22	L31H O
NGUYÊN TỬ	3142	N	THR	44	22,106	34,222	31,357	1,00	79,80	L31H N
NGUYÊN TỬ	3143	CA	THR	44	23,093	33,409	30,668	1,00	75,75	L31H C
NGUYÊN TỬ	3144	CB	THR	44	23,760	32,413	31,624	1,00	76,28	L31H C
NGUYÊN TỬ	3145	OG1	THR	44	24,190	33,104	32,799	1,00	76,33	L31H O
NGUYÊN TỬ	3146	CG2	THR	44	24,981	31,776	30,959	1,00	75,30	L31H C
NGUYÊN TỬ	3147	C	THR	44	22,492	32,633	29,512	1,00	72,48	L31H C
NGUYÊN TỬ	3148	O	THR	44	21,270	32,567	29,352	1,00	73,96	L31H O
NGUYÊN TỬ	3149	N	ALA	45	23,375	32,048	28,709	1,00	66,86	L31H N
NGUYÊN TỬ	3150	CA	ALA	45	22,990	31,144	27,635	1,00	60,76	L31H C
NGUYÊN TỬ	3151	CB	ALA	45	24,237	30,700	26,885	1,00	57,60	L31H C
NGUYÊN TỬ	3152	C	ALA	45	22,222	29,918	28,145	1,00	56,71	L31H C
NGUYÊN TỬ	3153	O	ALA	45	22,384	29,485	29,294	1,00	54,89	L31H O
NGUYÊN TỬ	3154	N	PRO	46	21,366	29,344	27,290	1,00	54,07	L31H N
NGUYÊN TỬ	3155	CD	PRO	46	20,704	29,972	26,134	1,00	53,12	L31H C
NGUYÊN TỬ	3156	CA	PRO	46	20,794	28,029	27,590	1,00	51,10	L31H C
NGUYÊN TỬ	3157	CB	PRO	46	19,846	27,776	26,420	1,00	49,83	L31H C
NGUYÊN TỬ	3158	CG	PRO	46	19,452	29,137	25,977	1,00	51,00	L31H C
NGUYÊN TỬ	3159	C	PRO	46	21,872	26,961	27,708	1,00	48,33	L31H C
NGUYÊN TỬ	3160	O	PRO	46	22,848	26,967	26,969	1,00	45,76	L31H O
NGUYÊN TỬ	3161	N	LYS	47	21,696	26,059	28,665	1,00	46,26	L31H N
NGUYÊN TỬ	3162	CA	LYS	47	22,559	24,902	28,792	1,00	43,92	L31H C
NGUYÊN TỬ	3163	CB	LYS	47	23,201	24,875	30,189	1,00	45,52	L31H C
NGUYÊN TỬ	3164	CG	LYS	47	23,152	23,519	30,910	1,00	48,84	L31H C
NGUYÊN TỬ	3165	CD	LYS	47	23,908	23,554	32,248	1,00	49,89	L31H C
NGUYÊN TỬ	3166	CE	LYS	47	23,940	22,169	32,922	1,00	54,13	L31H C
NGUYÊN TỬ	3167	NZ	LYS	47	22,786	21,909	33,858	1,00	56,30	L31H N
NGUYÊN TỬ	3168	C	LYS	47	21,695	23,671	28,560	1,00	42,72	L31H C
NGUYÊN TỬ	3169	O	LYS	47	20,528	23,630	28,967	1,00	42,20	L31H O
NGUYÊN TỬ	3170	N	LEU	48	22,256	22,680	27,875	1,00	41,33	L31H N
NGUYÊN TỬ	3171	CA	LEU	48	21,549	21,423	27,651	1,00	39,44	L31H C
NGUYÊN TỬ	3172	CB	LEU	48	22,369	20,515	26,729	1,00	36,39	L31H C
NGUYÊN TỬ	3173	CG	LEU	48	21,898	19,070	26,538	1,00	33,98	L31H C
NGUYÊN TỬ	3174	CD1	LEU	48	20,513	19,024	25,858	1,00	30,93	L31H C
NGUYÊN TỬ	3175	CD2	LEU	48	22,951	18,338	25,716	1,00	31,01	L31H C
NGUYÊN TỬ	3176	C	LEU	48	21,291	20,713	28,978	1,00	39,99	L31H C
NGUYÊN TỬ	3177	O	LEU	48	22,205	20,573	29,813	1,00	37,73	L31H O
NGUYÊN TỬ	3178	N	LEU	49	20,046	20,266	29,155	1,00	40,04	L31H N
NGUYÊN TỬ	3179	CA	LEU	49	19,604	19,633	30,395	1,00	40,75	L31H C
NGUYÊN TỬ	3180	CB	LEU	49	18,407	20,377	30,968	1,00	41,14	L31H C
NGUYÊN TỬ	3181	CG	LEU	49	17,894	19,879	32,320	1,00	43,03	L31H C
NGUYÊN TỬ	3182	CD1	LEU	49	18,888	20,293	33,442	1,00	40,83	L31H C
NGUYÊN TỬ	3183	CD2	LEU	49	16,481	20,451	32,556	1,00	41,04	L31H C
NGUYÊN TỬ	3184	C	LEU	49	19,197	18,181	30,196	1,00	42,11	L31H C
NGUYÊN TỬ	3185	O	LEU	49	19,422	17,350	31,071	1,00	43,22	L31H O
NGUYÊN TỬ	3186	N	ILE	50	18,567	17,889	29,060	1,00	42,58	L31H N
NGUYÊN TỬ	3187	CA	ILE	50	18,181	16,526	28,714	1,00	43,24	L31H C
NGUYÊN TỬ	3188	CB	ILE	50	16,872	16,118	29,406	1,00	43,38	L31H C
NGUYÊN TỬ	3189	CG2	ILE	50	16,229	14,953	28,663	1,00	41,25	L31H C
NGUYÊN TỬ	3190	CG1	ILE	50	17,156	15,752	30,855	1,00	42,23	L31H C

NGUYÊN TỬ	3191	CD1	ILE	50	16,212	14,721	31,385	1,00	43,01	L31H C
NGUYÊN TỬ	3192	C	ILE	50	18,005	16,304	27,213	1,00	45,56	L31H C
NGUYÊN TỬ	3193	O	ILE	50	17,188	16,973	26,569	1,00	43,85	L31H O
NGUYÊN TỬ	3194	N	SER	51	18,759	15,340	26,673	1,00	48,30	L31H N
NGUYÊN TỬ	3195	CA	SER	51	18,711	15,008	25,246	1,00	49,71	L31H C
NGUYÊN TỬ	3196	CB	SER	51	20,130	14,952	24,675	1,00	49,26	L31H C
NGUYÊN TỬ	3197	OG	SER	51	20,939	14,047	25,403	1,00	52,11	L31H O
NGUYÊN TỬ	3198	C	SER	51	17,991	13,686	24,961	1,00	50,08	L31H C
NGUYÊN TỬ	3199	O	SER	51	17,737	12,896	25,865	1,00	50,16	L31H O
NGUYÊN TỬ	3200	N	GLY	52	17,648	13,468	23,695	1,00	51,31	L31H N
NGUYÊN TỬ	3201	CA	GLY	52	17,056	12,209	23,284	1,00	52,07	L31H C
NGUYÊN TỬ	3202	C	GLY	52	15,903	11,773	24,164	1,00	54,09	L31H C
NGUYÊN TỬ	3203	O	GLY	52	15,778	10,590	24,499	1,00	54,32	L31H O
NGUYÊN TỬ	3204	N	ASN	53	15,069	12,737	24,551	1,00	55,48	L31H N
NGUYÊN TỬ	3205	CA	ASN	53	13,841	12,470	25,310	1,00	55,60	L31H C
NGUYÊN TỬ	3206	CB	ASN	53	13,102	11,243	24,751	1,00	52,09	L31H C
NGUYÊN TỬ	3207	CG	ASN	53	12,894	11,306	23,248	1,00	49,39	L31H C
NGUYÊN TỬ	3208	OD1	ASN	53	12,568	12,353	22,692	1,00	50,31	L31H O
NGUYÊN TỬ	3209	ND2	ASN	53	13,081	10,176	22,584	1,00	46,57	L31H N
NGUYÊN TỬ	3210	C	ASN	53	14,102	12,245	26,799	1,00	56,53	L31H C
NGUYÊN TỬ	3211	O	ASN	53	13,345	12,709	27,647	1,00	57,59	L31H O
NGUYÊN TỬ	3212	N	SER	54	15,177	11,537	27,115	1,00	58,06	L31H N
NGUYÊN TỬ	3213	CA	SER	54	15,289	10,921	28,421	1,00	59,90	L31H C
NGUYÊN TỬ	3214	CB	SER	54	14,677	9,518	28,357	1,00	60,64	L31H C
NGUYÊN TỬ	3215	OG	SER	54	15,248	8,732	27,315	1,00	59,19	L31H O
NGUYÊN TỬ	3216	C	SER	54	16,709	10,844	29,000	1,00	62,28	L31H C
NGUYÊN TỬ	3217	O	SER	54	16,905	10,242	30,055	1,00	62,32	L31H O
NGUYÊN TỬ	3218	N	ASN	55	17,692	11,444	28,330	1,00	64,32	L31H N
NGUYÊN TỬ	3219	CA	ASN	55	19,087	11,293	28,744	1,00	67,64	L31H C
NGUYÊN TỬ	3220	CB	ASN	55	19,938	10,886	27,545	1,00	67,43	L31H C
NGUYÊN TỬ	3221	CG	ASN	55	19,450	9,603	26,892	1,00	67,97	L31H C
NGUYÊN TỬ	3222	OD1	ASN	55	19,565	8,509	27,458	1,00	66,43	L31H O
NGUYÊN TỬ	3223	ND2	ASN	55	18,898	9,731	25,695	1,00	68,44	L31H N
NGUYÊN TỬ	3224	C	ASN	55	19,700	12,524	29,401	1,00	69,95	L31H C
NGUYÊN TỬ	3225	O	ASN	55	19,502	13,638	28,937	1,00	71,67	L31H O
NGUYÊN TỬ	3226	N	ARG	56	20,457	12,307	30,477	1,00	72,79	L31H N
NGUYÊN TỬ	3227	CA	ARG	56	21,089	13,387	31,238	1,00	75,45	L31H C
NGUYÊN TỬ	3228	CB	ARG	56	20,883	13,179	32,739	1,00	77,48	L31H C
NGUYÊN TỬ	3229	CG	ARG	56	19,439	13,153	33,188	1,00	83,20	L31H C
NGUYÊN TỬ	3230	CD	ARG	56	19,324	12,706	34,637	1,00	88,80	L31H C
NGUYÊN TỬ	3231	NE	ARG	56	19,736	11,315	34,816	1,00	95,67	L31H N
NGUYÊN TỬ	3232	CZ	ARG	56	20,967	10,935	35,153	1,00	99,28	L31H C
NGUYÊN TỬ	3233	NH1	ARG	56	21,260	9,643	35,293	1,00	100,99	L31H N
NGUYÊN TỬ	3234	NH2	ARG	56	21,908	11,851	35,352	1,00	101,75	L31H N
NGUYÊN TỬ	3235	C	ARG	56	22,587	13,481	30,978	1,00	75,94	L31H C
NGUYÊN TỬ	3236	O	ARG	56	23,318	12,505	31,139	1,00	76,36	L31H O
NGUYÊN TỬ	3237	N	PRO	57	23,070	14,668	30,586	1,00	76,18	L31H N
NGUYÊN TỬ	3238	CD	PRO	57	22,322	15,811	30,039	1,00	75,75	L31H C
NGUYÊN TỬ	3239	CA	PRO	57	24,519	14,895	30,545	1,00	77,03	L31H C
NGUYÊN TỬ	3240	CB	PRO	57	24,656	16,255	29,859	1,00	75,92	L31H C
NGUYÊN TỬ	3241	CG	PRO	57	23,346	16,482	29,176	1,00	75,20	L31H C
NGUYÊN TỬ	3242	C	PRO	57	25,064	14,931	31,965	1,00	77,22	L31H C
NGUYÊN TỬ	3243	O	PRO	57	24,490	15,587	32,832	1,00	78,83	L31H O
NGUYÊN TỬ	3244	N	SER	58	26,166	14,232	32,208	1,00	76,68	L31H N
NGUYÊN TỬ	3245	CA	SER	58	26,803	14,297	33,521	1,00	75,29	L31H C
NGUYÊN TỬ	3246	CB	SER	58	28,198	13,664	33,488	1,00	75,46	L31H C
NGUYÊN TỬ	3247	OG	SER	58	29,072	14,426	32,675	1,00	72,13	L31H O
NGUYÊN TỬ	3248	C	SER	58	26,917	15,768	33,910	1,00	73,26	L31H C
NGUYÊN TỬ	3249	O	SER	58	27,172	16,625	33,067	1,00	73,30	L31H O
NGUYÊN TỬ	3250	N	GLY	59	26,732	16,046	35,192	1,00	71,02	L31H N
NGUYÊN TỬ	3251	CA	GLY	59	26,434	17,396	35,623	1,00	66,74	L31H C
NGUYÊN TỬ	3252	C	GLY	59	24,984	17,447	36,062	1,00	63,73	L31H C
NGUYÊN TỬ	3253	O	GLY	59	24,676	17,851	37,181	1,00	63,24	L31H O
NGUYÊN TỬ	3254	N	VAL	60	24,089	17,013	35,182	1,00	60,90	L31H N
NGUYÊN TỬ	3255	CA	VAL	60	22,662	17,015	35,480	1,00	58,68	L31H C
NGUYÊN TỬ	3256	CB	VAL	60	21,850	17,011	34,178	1,00	57,78	L31H C
NGUYÊN TỬ	3257	CG1	VAL	60	20,391	17,176	34,475	1,00	56,47	L31H C
NGUYÊN TỬ	3258	CG2	VAL	60	22,336	18,108	33,268	1,00	58,00	L31H C
NGUYÊN TỬ	3259	C	VAL	60	22,277	15,789	36,325	1,00	58,24	L31H C
NGUYÊN TỬ	3260	O	VAL	60	22,498	14,646	35,923	1,00	55,12	L31H O
NGUYÊN TỬ	3261	N	PRO	61	21,706	16,023	37,519	1,00	58,08	L31H N
NGUYÊN TỬ	3262	CD	PRO	61	21,552	17,349	38,137	1,00	57,75	L31H C
NGUYÊN TỬ	3263	CA	PRO	61	21,353	14,951	38,459	1,00	58,26	L31H C
NGUYÊN TỬ	3264	CB	PRO	61	21,030	15,696	39,760	1,00	58,11	L31H C
NGUYÊN TỬ	3265	CG	PRO	61	21,652	17,034	39,600	1,00	58,28	L31H C
NGUYÊN TỬ	3266	C	PRO	61	20,172	14,116	37,976	1,00	58,36	L31H C

NGUYÊN TỬ	3267	O	PRO	61	19,438	14,526	37,074	1,00	56,83	L31H O
NGUYÊN TỬ	3268	N	ASP	62	19,991	12,947	38,579	1,00	58,64	L31H N
NGUYÊN TỬ	3269	CA	ASP	62	18,872	12,098	38,205	1,00	59,95	L31H C
NGUYÊN TỬ	3270	CB	ASP	62	19,073	10,657	38,707	1,00	62,80	L31H C
NGUYÊN TỬ	3271	CG	ASP	62	19,202	10,556	40,234	1,00	67,16	L31H C
NGUYÊN TỬ	3272	OD1	ASP	62	19,770	9,540	40,700	1,00	67,81	L31H O
NGUYÊN TỬ	3273	OD2	ASP	62	18,742	11,471	40,969	1,00	69,22	L31H O
NGUYÊN TỬ	3274	C	ASP	62	17,587	12,686	38,758	1,00	58,55	L31H C
NGUYÊN TỬ	3275	O	ASP	62	16,500	12,160	38,530	1,00	57,80	L31H O
NGUYÊN TỬ	3276	N	ARG	63	17,721	13,787	39,487	1,00	57,77	L31H N
NGUYÊN TỬ	3277	CA	ARG	63	16,561	14,546	39,933	1,00	57,68	L31H C
NGUYÊN TỬ	3278	CB	ARG	63	17,006	15,733	40,781	1,00	59,02	L31H C
NGUYÊN TỬ	3279	CG	ARG	63	17,583	15,367	42,130	1,00	60,91	L31H C
NGUYÊN TỬ	3280	CD	ARG	63	17,748	16,618	42,979	1,00	64,55	L31H C
NGUYÊN TỬ	3281	NE	ARG	63	18,504	17,660	42,280	1,00	67,17	L31H N
NGUYÊN TỬ	3282	CZ	ARG	63	18,006	18,840	41,915	1,00	67,43	L31H C
NGUYÊN TỬ	3283	NH1	ARG	63	16,741	19,145	42,178	1,00	67,62	L31H N
NGUYÊN TỬ	3284	NH2	ARG	63	18,779	19,719	41,297	1,00	67,50	L31H N
NGUYÊN TỬ	3285	C	ARG	63	15,761	15,054	38,734	1,00	56,49	L31H C
NGUYÊN TỬ	3286	O	ARG	63	14,541	15,224	38,817	1,00	56,13	L31H O
NGUYÊN TỬ	3287	N	PHE	64	16,471	15,297	37,632	1,00	55,21	L31H N
NGUYÊN TỬ	3288	CA	PHE	64	15,873	15,705	36,360	1,00	54,46	L31H C
NGUYÊN TỬ	3289	CB	PHE	64	16,782	16,699	35,623	1,00	53,69	L31H C
NGUYÊN TỬ	3290	CG	PHE	64	17,058	17,949	36,385	1,00	51,65	L31H C
NGUYÊN TỬ	3291	CD1	PHE	64	16,251	19,067	36,220	1,00	50,28	L31H C
NGUYÊN TỬ	3292	CD2	PHE	64	18,131	18,010	37,269	1,00	50,64	L31H C
NGUYÊN TỬ	3293	CE1	PHE	64	16,507	20,226	36,920	1,00	48,84	L31H C
NGUYÊN TỬ	3294	CE2	PHE	64	18,394	19,165	37,974	1,00	48,98	L31H C
NGUYÊN TỬ	3295	CZ	PHE	64	17,577	20,280	37,798	1,00	48,52	L31H C
NGUYÊN TỬ	3296	C	PHE	64	15,690	14,490	35,459	1,00	53,96	L31H C
NGUYÊN TỬ	3297	O	PHE	64	16,627	13,713	35,262	1,00	53,07	L31H O
NGUYÊN TỬ	3298	N	SER	65	14,495	14,344	34,896	1,00	54,00	L31H N
NGUYÊN TỬ	3299	CA	SER	65	14,223	13,248	33,970	1,00	54,18	L31H C
NGUYÊN TỬ	3300	CB	SER	65	13,755	12,013	34,748	1,00	53,56	L31H C
NGUYÊN TỬ	3301	OG	SER	65	12,887	12,390	35,802	1,00	52,90	L31H O
NGUYÊN TỬ	3302	C	SER	65	13,182	13,653	32,927	1,00	54,21	L31H C
NGUYÊN TỬ	3303	O	SER	65	12,299	14,463	33,202	1,00	54,41	L31H O
NGUYÊN TỬ	3304	N	GLY	66	13,303	13,100	31,725	1,00	54,11	L31H N
NGUYÊN TỬ	3305	CA	GLY	66	12,403	13,472	30,649	1,00	53,71	L31H C
NGUYÊN TỬ	3306	C	GLY	66	11,674	12,267	30,103	1,00	54,08	L31H C
NGUYÊN TỬ	3307	O	GLY	66	11,973	11,136	30,478	1,00	54,45	L31H O
NGUYÊN TỬ	3308	N	SER	67	10,708	12,500	29,224	1,00	54,58	L31H N
NGUYÊN TỬ	3309	CA	SER	67	9,993	11,398	28,591	1,00	55,72	L31H C
NGUYÊN TỬ	3310	CB	SER	67	9,188	10,609	29,632	1,00	55,62	L31H C
NGUYÊN TỬ	3311	OG	SER	67	8,017	11,305	30,019	1,00	57,25	L31H O
NGUYÊN TỬ	3312	C	SER	67	9,067	11,916	27,496	1,00	56,30	L31H C
NGUYÊN TỬ	3313	O	SER	67	8,618	13,060	27,535	1,00	55,91	L31H O
NGUYÊN TỬ	3314	N	LYS	68	8,797	11,064	26,515	1,00	56,98	L31H N
NGUYÊN TỬ	3315	CA	LYS	68	8,024	11,453	25,347	1,00	57,91	L31H C
NGUYÊN TỬ	3316	CB	LYS	68	8,933	11,564	24,118	1,00	57,46	L31H C
NGUYÊN TỬ	3317	CG	LYS	68	8,182	11,490	22,801	1,00	56,11	L31H C
NGUYÊN TỬ	3318	CD	LYS	68	9,093	11,156	21,637	1,00	56,19	L31H C
NGUYÊN TỬ	3319	CE	LYS	68	8,287	10,873	20,368	1,00	55,24	L31H C
NGUYÊN TỬ	3320	NZ	LYS	68	9,135	10,836	19,137	1,00	51,72	L31H N
NGUYÊN TỬ	3321	C	LYS	68	6,949	10,416	25,084	1,00	59,65	L31H C
NGUYÊN TỬ	3322	O	LYS	68	7,141	9,224	25,340	1,00	60,17	L31H O
NGUYÊN TỬ	3323	N	SER	69	5,817	10,874	24,564	1,00	61,33	L31H N
NGUYÊN TỬ	3324	CA	SER	69	4,696	9,995	24,280	1,00	61,60	L31H C
NGUYÊN TỬ	3325	CB	SER	69	3,870	9,787	25,550	1,00	60,95	L31H C
NGUYÊN TỬ	3326	OG	SER	69	2,891	8,791	25,352	1,00	59,59	L31H O
NGUYÊN TỬ	3327	C	SER	69	3,822	10,619	23,203	1,00	61,91	L31H C
NGUYÊN TỬ	3328	O	SER	69	3,270	11,708	23,397	1,00	64,14	L31H O
NGUYÊN TỬ	3329	N	GLY	70	3,694	9,934	22,071	1,00	60,05	L31H N
NGUYÊN TỬ	3330	CA	GLY	70	2,820	10,421	21,018	1,00	56,96	L31H C
NGUYÊN TỬ	3331	C	GLY	70	3,285	11,749	20,447	1,00	56,37	L31H C
NGUYÊN TỬ	3332	O	GLY	70	4,269	11,810	19,709	1,00	56,19	L31H O
NGUYÊN TỬ	3333	N	THR	71	2,587	12,825	20,786	1,00	55,57	L31H N
NGUYÊN TỬ	3334	CA	THR	71	2,895	14,124	20,212	1,00	55,61	L31H C
NGUYÊN TỬ	3335	CB	THR	71	1,685	14,708	19,503	1,00	54,53	L31H C
NGUYÊN TỬ	3336	OG1	THR	71	0,597	14,758	20,428	1,00	56,64	L31H O
NGUYÊN TỬ	3337	CG2	THR	71	1,289	13,850	18,316	1,00	54,65	L31H C
NGUYÊN TỬ	3338	C	THR	71	3,328	15,098	21,289	1,00	56,84	L31H C
NGUYÊN TỬ	3339	O	THR	71	3,385	16,308	21,061	1,00	57,59	L31H O
NGUYÊN TỬ	3340	N	SER	72	3,628	14,572	22,470	1,00	57,58	L31H N
NGUYÊN TỬ	3341	CA	SER	72	4,041	15,421	23,579	1,00	57,61	L31H C
NGUYÊN TỬ	3342	CB	SER	72	2,875	15,631	24,542	1,00	57,91	L31H C

NGUYÊN TỬ	3343	OG	SER	72	2,211	14,410	24,795	1,00	58,50	L31H O
NGUYÊN TỬ	3344	C	SER	72	5,221	14,830	24,323	1,00	57,22	L31H C
NGUYÊN TỬ	3345	O	SER	72	5,757	13,796	23,937	1,00	57,93	L31H O
NGUYÊN TỬ	3346	N	ALA	73	5,625	15,502	25,392	1,00	56,55	L31H N
NGUYÊN TỬ	3347	CA	ALA	73	6,766	15,073	26,187	1,00	56,17	L31H C
NGUYÊN TỬ	3348	CB	ALA	73	8,063	15,426	25,466	1,00	55,12	L31H C
NGUYÊN TỬ	3349	C	ALA	73	6,681	15,802	27,514	1,00	56,46	L31H C
NGUYÊN TỬ	3350	O	ALA	73	5,891	16,719	27,659	1,00	56,55	L31H O
NGUYÊN TỬ	3351	N	SER	74	7,484	15,401	28,487	1,00	58,75	L31H N
NGUYÊN TỬ	3352	CA	SER	74	7,588	16,178	29,716	1,00	60,34	L31H C
NGUYÊN TỬ	3353	CB	SER	74	6,575	15,712	30,738	1,00	60,09	L31H C
NGUYÊN TỬ	3354	OG	SER	74	6,962	16,205	32,010	1,00	58,83	L31H O
NGUYÊN TỬ	3355	C	SER	74	8,953	16,163	30,389	1,00	60,92	L31H C
NGUYÊN TỬ	3356	O	SER	74	9,735	15,224	30,228	1,00	63,33	L31H O
NGUYÊN TỬ	3357	N	LEU	75	9,216	17,211	31,162	1,00	59,31	L31H N
NGUYÊN TỬ	3358	CA	LEU	75	10,383	17,259	32,032	1,00	58,44	L31H C
NGUYÊN TỬ	3359	CB	LEU	75	11,150	18,574	31,803	1,00	59,47	L31H C
NGUYÊN TỬ	3360	CG	LEU	75	12,456	18,834	32,565	1,00	57,74	L31H C
NGUYÊN TỬ	3361	CD1	LEU	75	13,397	17,653	32,379	1,00	58,12	L31H C
NGUYÊN TỬ	3362	CD2	LEU	75	13,102	20,118	32,067	1,00	56,35	L31H C
NGUYÊN TỬ	3363	C	LEU	75	9,924	17,163	33,492	1,00	58,84	L31H C
NGUYÊN TỬ	3364	O	LEU	75	9,086	17,945	33,938	1,00	58,64	L31H O
NGUYÊN TỬ	3365	N	ALA	76	10,470	16,201	34,226	1,00	59,13	L31H N
NGUYÊN TỬ	3366	CA	ALA	76	10,194	16,059	35,650	1,00	60,32	L31H C
NGUYÊN TỬ	3367	CB	ALA	76	9,776	14,632	35,951	1,00	59,16	L31H C
NGUYÊN TỬ	3368	C	ALA	76	11,427	16,423	36,480	1,00	61,43	L31H C
NGUYÊN TỬ	3369	O	ALA	76	12,535	15,935	36,220	1,00	62,96	L31H O
NGUYÊN TỬ	3370	N	ILE	77	11,237	17,278	37,482	1,00	61,31	L31H N
NGUYÊN TỬ	3371	CA	ILE	77	12,317	17,597	38,413	1,00	61,17	L31H C
NGUYÊN TỬ	3372	CB	ILE	77	12,624	19,120	38,434	1,00	61,96	L31H C
NGUYÊN TỬ	3373	CG2	ILE	77	13,872	19,387	39,253	1,00	61,34	L31H C
NGUYÊN TỬ	3374	CG1	ILE	77	12,863	19,633	37,015	1,00	61,57	L31H C
NGUYÊN TỬ	3375	CD1	ILE	77	13,330	21,061	36,956	1,00	60,74	L31H C
NGUYÊN TỬ	3376	C	ILE	77	11,932	17,163	39,821	1,00	60,56	L31H C
NGUYÊN TỬ	3377	O	ILE	77	10,914	17,592	40,341	1,00	60,68	L31H O
NGUYÊN TỬ	3378	N	THR	78	12,733	16,315	40,447	1,00	60,81	L31H N
NGUYÊN TỬ	3379	CA	THR	78	12,422	15,930	41,815	1,00	63,27	L31H C
NGUYÊN TỬ	3380	CB	THR	78	12,493	14,402	41,993	1,00	62,92	L31H C
NGUYÊN TỬ	3381	OG1	THR	78	13,677	13,902	41,366	1,00	65,95	L31H O
NGUYÊN TỬ	3382	CG2	THR	78	11,287	13,739	41,375	1,00	62,85	L31H C
NGUYÊN TỬ	3383	C	THR	78	13,315	16,603	42,861	1,00	64,30	L31H C
NGUYÊN TỬ	3384	O	THR	78	14,312	17,251	42,523	1,00	63,28	L31H O
NGUYÊN TỬ	3385	N	GLY	79	12,929	16,460	44,128	1,00	64,43	L31H N
NGUYÊN TỬ	3386	CA	GLY	79	13,737	16,961	45,222	1,00	64,73	L31H C
NGUYÊN TỬ	3387	C	GLY	79	14,187	18,371	44,944	1,00	65,69	L31H C
NGUYÊN TỬ	3388	O	GLY	79	15,382	18,678	44,980	1,00	66,58	L31H O
NGUYÊN TỬ	3389	N	LEU	80	13,219	19,233	44,662	1,00	66,28	L31H N
NGUYÊN TỬ	3390	CA	LEU	80	13,501	20,552	44,116	1,00	67,14	L31H C
NGUYÊN TỬ	3391	CB	LEU	80	12,182	21,315	43,940	1,00	66,33	L31H C
NGUYÊN TỬ	3392	CG	LEU	80	12,006	22,208	42,707	1,00	65,90	L31H C
NGUYÊN TỬ	3393	CD1	LEU	80	12,826	21,693	41,522	1,00	64,85	L31H C
NGUYÊN TỬ	3394	CD2	LEU	80	10,531	22,256	42,364	1,00	63,32	L31H C
NGUYÊN TỬ	3395	C	LEU	80	14,473	21,333	45,008	1,00	67,62	L31H C
NGUYÊN TỬ	3396	O	LEU	80	14,247	21,501	46,203	1,00	66,07	L31H O
NGUYÊN TỬ	3397	N	GLN	81	15,571	21,782	44,412	1,00	69,02	L31H N
NGUYÊN TỬ	3398	CA	GLN	81	16,511	22,664	45,090	1,00	71,32	L31H C
NGUYÊN TỬ	3399	CB	GLN	81	17,956	22,251	44,784	1,00	71,81	L31H C
NGUYÊN TỬ	3400	CG	GLN	81	18,387	20,908	45,359	1,00	72,58	L31H C
NGUYÊN TỬ	3401	CD	GLN	81	19,656	20,370	44,703	1,00	73,31	L31H C
NGUYÊN TỬ	3402	OE1	GLN	81	20,123	20,900	43,695	1,00	73,31	L31H O
NGUYÊN TỬ	3403	NE2	GLN	81	20,212	19,309	45,274	1,00	75,44	L31H N
NGUYÊN TỬ	3404	C	GLN	81	16,262	24,082	44,586	1,00	71,73	L31H C
NGUYÊN TỬ	3405	O	GLN	81	15,703	24,269	43,508	1,00	71,27	L31H O
NGUYÊN TỬ	3406	N	ALA	82	16,675	25,076	45,365	1,00	73,50	L31H N
NGUYÊN TỬ	3407	CA	ALA	82	16,338	26,464	45,064	1,00	75,37	L31H C
NGUYÊN TỬ	3408	CB	ALA	82	16,599	27,340	46,277	1,00	76,64	L31H C
NGUYÊN TỬ	3409	C	ALA	82	17,146	26,961	43,882	1,00	76,22	L31H C
NGUYÊN TỬ	3410	O	ALA	82	16,703	27,823	43,123	1,00	76,26	L31H O
NGUYÊN TỬ	3411	N	GLU	83	18,336	26,399	43,732	1,00	76,93	L31H N
NGUYÊN TỬ	3412	CA	GLU	83	19,222	26,755	42,645	1,00	77,92	L31H C
NGUYÊN TỬ	3413	CB	GLU	83	20,657	26,390	43,025	1,00	82,68	L31H C
NGUYÊN TỬ	3414	CG	GLU	83	21,235	27,232	44,165	1,00	90,24	L31H C
NGUYÊN TỬ	3415	CD	GLU	83	20,590	26,959	45,522	1,00	94,97	L31H C
NGUYÊN TỬ	3416	OE1	GLU	83	20,480	25,777	45,917	1,00	99,12	L31H O
NGUYÊN TỬ	3417	OE2	GLU	83	20,199	27,934	46,199	1,00	98,16	L31H O
NGUYÊN TỬ	3418	C	GLU	83	18,802	26,050	41,356	1,00	75,65	L31H C

NGUYÊN TỬ	3419	O	GLU	83	19,563	25,980	40,395	1,00	74,80	L31H O
NGUYÊN TỬ	3420	N	ASP	84	17,579	25,527	41,351	1,00	73,41	L31H N
NGUYÊN TỬ	3421	CA	ASP	84	16,981	24,964	40,145	1,00	71,11	L31H C
NGUYÊN TỬ	3422	CB	ASP	84	16,245	23,661	40,471	1,00	70,69	L31H C
NGUYÊN TỬ	3423	CG	ASP	84	17,181	22,466	40,499	1,00	70,12	L31H C
NGUYÊN TỬ	3424	OD1	ASP	84	18,176	22,487	39,741	1,00	70,45	L31H O
NGUYÊN TỬ	3425	OD2	ASP	84	16,935	21,514	41,271	1,00	67,92	L31H O
NGUYÊN TỬ	3426	C	ASP	84	16,032	25,949	39,495	1,00	69,37	L31H C
NGUYÊN TỬ	3427	O	ASP	84	15,559	25,735	38,385	1,00	69,35	L31H O
NGUYÊN TỬ	3428	N	GLU	85	15,765	27,040	40,197	1,00	67,68	L31H N
NGUYÊN TỬ	3429	CA	GLU	85	14,955	28,115	39,653	1,00	65,89	L31H C
NGUYÊN TỬ	3430	CB	GLU	85	14,859	29,253	40,680	1,00	67,36	L31H C
NGUYÊN TỬ	3431	CG	GLU	85	14,009	30,448	40,250	1,00	69,50	L31H C
NGUYÊN TỬ	3432	CD	GLU	85	13,407	31,190	41,433	1,00	71,65	L31H C
NGUYÊN TỬ	3433	OE1	GLU	85	13,686	32,402	41,596	1,00	73,05	L31H O
NGUYÊN TỬ	3434	OE2	GLU	85	12,650	30,554	42,200	1,00	73,05	L31H O
NGUYÊN TỬ	3435	C	GLU	85	15,585	28,613	38,346	1,00	63,80	L31H C
NGUYÊN TỬ	3436	O	GLU	85	16,765	28,993	38,316	1,00	62,73	L31H O
NGUYÊN TỬ	3437	N	ALA	86	14,795	28,601	37,270	1,00	61,53	L31H N
NGUYÊN TỬ	3438	CA	ALA	86	15,285	28,998	35,949	1,00	58,22	L31H C
NGUYÊN TỬ	3439	CB	ALA	86	16,519	28,179	35,595	1,00	59,72	L31H C
NGUYÊN TỬ	3440	C	ALA	86	14,251	28,888	34,819	1,00	56,10	L31H C
NGUYÊN TỬ	3441	O	ALA	86	13,093	28,519	35,037	1,00	55,00	L31H O
NGUYÊN TỬ	3442	N	ASP	87	14,691	29,225	33,608	1,00	53,32	L31H N
NGUYÊN TỬ	3443	CA	ASP	87	13,868	29,104	32,415	1,00	51,34	L31H C
NGUYÊN TỬ	3444	CB	ASP	87	14,125	30,272	31,475	1,00	51,11	L31H C
NGUYÊN TỬ	3445	CG	ASP	87	13,594	31,583	32,020	1,00	53,30	L31H C
NGUYÊN TỬ	3446	OD1	ASP	87	12,788	31,549	32,972	1,00	53,43	L31H O
NGUYÊN TỬ	3447	OD2	ASP	87	13,983	32,649	31,491	1,00	55,18	L31H O
NGUYÊN TỬ	3448	C	ASP	87	14,154	27,801	31,675	1,00	51,29	L31H C
NGUYÊN TỬ	3449	O	ASP	87	15,285	27,556	31,221	1,00	50,39	L31H O
NGUYÊN TỬ	3450	N	TYR	88	13,113	26,977	31,544	1,00	49,52	L31H N
NGUYÊN TỬ	3451	CA	TYR	88	13,207	25,706	30,848	1,00	49,11	L31H C
NGUYÊN TỬ	3452	CB	TYR	88	12,560	24,624	31,706	1,00	48,57	L31H C
NGUYÊN TỬ	3453	CG	TYR	88	13,368	24,390	32,957	1,00	47,75	L31H C
NGUYÊN TỬ	3454	CD1	TYR	88	12,958	24,884	34,188	1,00	47,35	L31H C
NGUYÊN TỬ	3455	CE1	TYR	88	13,767	24,761	35,309	1,00	46,21	L31H C
NGUYÊN TỬ	3456	CD2	TYR	88	14,599	23,760	32,884	1,00	47,54	L31H C
NGUYÊN TỬ	3457	CE2	TYR	88	15,411	23,633	33,986	1,00	46,69	L31H C
NGUYÊN TỬ	3458	CZ	TYR	88	15,000	24,136	35,197	1,00	46,67	L31H C
NGUYÊN TỬ	3459	OH	TYR	88	15,849	24,031	36,274	1,00	43,55	L31H O
NGUYÊN TỬ	3460	C	TYR	88	12,585	25,768	29,457	1,00	49,99	L31H C
NGUYÊN TỬ	3461	O	TYR	88	11,539	26,388	29,257	1,00	50,31	L31H O
NGUYÊN TỬ	3462	N	TYR	89	13,262	25,157	28,490	1,00	49,96	L31H N
NGUYÊN TỬ	3463	CA	TYR	89	12,795	25,166	27,115	1,00	51,75	L31H C
NGUYÊN TỬ	3464	CB	TYR	89	13,607	26,157	26,259	1,00	53,70	L31H C
NGUYÊN TỬ	3465	CG	TYR	89	13,533	27,636	26,644	1,00	56,56	L31H C
NGUYÊN TỬ	3466	CD1	TYR	89	14,474	28,196	27,509	1,00	57,34	L31H C
NGUYÊN TỬ	3467	CE1	TYR	89	14,466	29,550	27,814	1,00	58,06	L31H C
NGUYÊN TỬ	3468	CD2	TYR	89	12,567	28,482	26,095	1,00	56,23	L31H C
NGUYÊN TỬ	3469	CE2	TYR	89	12,548	29,843	26,396	1,00	57,93	L31H C
NGUYÊN TỬ	3470	CZ	TYR	89	13,507	30,371	27,257	1,00	58,84	L31H C
NGUYÊN TỬ	3471	OH	TYR	89	13,533	31,723	27,547	1,00	59,54	L31H O
NGUYÊN TỬ	3472	C	TYR	89	12,955	23,760	26,541	1,00	52,19	L31H C
NGUYÊN TỬ	3473	O	TYR	89	13,932	23,063	26,830	1,00	51,07	L31H O
NGUYÊN TỬ	3474	N	CYS	90	11,988	23,356	25,722	1,00	51,93	L31H N
NGUYÊN TỬ	3475	CA	CYS	90	12,106	22,135	24,939	1,00	51,12	L31H C
NGUYÊN TỬ	3476	C	CYS	90	12,345	22,414	23,460	1,00	50,42	L31H C
NGUYÊN TỬ	3477	O	CYS	90	12,111	23,526	22,983	1,00	50,17	L31H O
NGUYÊN TỬ	3478	CB	CYS	90	10,848	21,292	25,097	1,00	53,40	L31H C
NGUYÊN TỬ	3479	SG	CYS	90	9,280	22,130	24,728	1,00	51,64	L31H S
NGUYÊN TỬ	3480	N	GLN	91	12,802	21,395	22,733	1,00	49,04	L31H N
NGUYÊN TỬ	3481	CA	GLN	91	13,132	21,550	21,320	1,00	46,80	L31H C
NGUYÊN TỬ	3482	CB	GLN	91	14,568	22,037	21,204	1,00	46,39	L31H C
NGUYÊN TỬ	3483	CG	GLN	91	15,174	21,980	19,822	1,00	43,37	L31H C
NGUYÊN TỬ	3484	CD	GLN	91	16,675	21,962	19,925	1,00	43,12	L31H C
NGUYÊN TỬ	3485	OE1	GLN	91	17,231	21,108	20,604	1,00	42,92	L31H O
NGUYÊN TỬ	3486	NE2	GLN	91	17,343	22,909	19,273	1,00	41,91	L31H N
NGUYÊN TỬ	3487	C	GLN	91	12,964	20,257	20,531	1,00	46,33	L31H C
NGUYÊN TỬ	3488	O	GLN	91	13,317	19,183	21,015	1,00	45,84	L31H O
NGUYÊN TỬ	3489	N	SER	92	12,433	20,371	19,313	1,00	45,77	L31H N
NGUYÊN TỬ	3490	CA	SER	92	12,363	19,246	18,381	1,00	45,24	L31H C
NGUYÊN TỬ	3491	CB	SER	92	10,977	18,603	18,438	1,00	45,03	L31H C
NGUYÊN TỬ	3492	OG	SER	92	10,870	17,510	17,537	1,00	47,80	L31H O
NGUYÊN TỬ	3493	C	SER	92	12,679	19,673	16,937	1,00	45,02	L31H C
NGUYÊN TỬ	3494	O	SER	92	12,694	20,860	16,622	1,00	44,46	L31H O

NGUYÊN TỬ	3495	N	TYR	93	12,948	18,695	16,073	1,00	44,70	L31H N
NGUYÊN TỬ	3496	CA	TYR	93	13,093	18,933	14,640	1,00	43,04	L31H C
NGUYÊN TỬ	3497	CB	TYR	93	13,960	17,835	13,993	1,00	40,79	L31H C
NGUYÊN TỬ	3498	CG	TYR	93	14,200	18,002	12,493	1,00	38,37	L31H C
NGUYÊN TỬ	3499	CD1	TYR	93	15,219	18,832	12,014	1,00	36,91	L31H C
NGUYÊN TỬ	3500	CE1	TYR	93	15,435	19,013	10,642	1,00	32,83	L31H C
NGUYÊN TỬ	3501	CD2	TYR	93	13,400	17,349	11,558	1,00	35,95	L31H C
NGUYÊN TỬ	3502	CE2	TYR	93	13,609	17,521	10,180	1,00	35,00	L31H C
NGUYÊN TỬ	3503	CZ	TYR	93	14,631	18,360	9,732	1,00	34,67	L31H C
NGUYÊN TỬ	3504	OH	TYR	93	14,833	18,558	8,381	1,00	32,18	L31H O
NGUYÊN TỬ	3505	C	TYR	93	11,692	18,892	14,055	1,00	43,84	L31H C
NGUYÊN TỬ	3506	O	TYR	93	10,820	18,220	14,592	1,00	42,51	L31H O
NGUYÊN TỬ	3507	N	ASP	94	11,482	19,615	12,964	1,00	45,57	L31H N
NGUYÊN TỬ	3508	CA	ASP	94	10,186	19,654	12,308	1,00	47,61	L31H C
NGUYÊN TỬ	3509	CB	ASP	94	9,550	21,027	12,531	1,00	49,33	L31H C
NGUYÊN TỬ	3510	CG	ASP	94	8,067	21,041	12,222	1,00	51,78	L31H C
NGUYÊN TỬ	3511	OD1	ASP	94	7,277	21,314	13,156	1,00	52,86	L31H O
NGUYÊN TỬ	3512	OD2	ASP	94	7,693	20,783	11,056	1,00	51,71	L31H O
NGUYÊN TỬ	3513	C	ASP	94	10,399	19,402	10,818	1,00	48,27	L31H C
NGUYÊN TỬ	3514	O	ASP	94	11,058	20,187	10,141	1,00	48,27	L31H O
NGUYÊN TỬ	3515	N	SER	95	9,848	18,312	10,299	1,00	49,99	L31H N
NGUYÊN TỬ	3516	CA	SER	95	10,228	17,877	8,964	1,00	52,79	L31H C
NGUYÊN TỬ	3517	CB	SER	95	9,762	16,446	8,702	1,00	52,89	L31H C
NGUYÊN TỬ	3518	OG	SER	95	8,526	16,436	8,005	1,00	54,06	L31H O
NGUYÊN TỬ	3519	C	SER	95	9,663	18,797	7,890	1,00	55,32	L31H C
NGUYÊN TỬ	3520	O	SER	95	10,082	18,735	6,734	1,00	56,36	L31H O
NGUYÊN TỬ	3521	N	SER	96	8,712	19,649	8,261	1,00	57,01	L31H N
NGUYÊN TỬ	3522	CA	SER	96	8,219	20,657	7,330	1,00	59,06	L31H C
NGUYÊN TỬ	3523	CB	SER	96	6,765	20,981	7,624	1,00	57,61	L31H C
NGUYÊN TỬ	3524	OG	SER	96	6,662	21,651	8,865	1,00	56,06	L31H O
NGUYÊN TỬ	3525	C	SER	96	9,048	21,943	7,412	1,00	61,43	L31H C
NGUYÊN TỬ	3526	O	SER	96	9,380	22,542	6,391	1,00	63,10	L31H O
NGUYÊN TỬ	3527	N	LEU	97	9,380	22,369	8,625	1,00	62,38	L31H N
NGUYÊN TỬ	3528	CA	LEU	97	10,125	23,608	8,802	1,00	63,01	L31H C
NGUYÊN TỬ	3529	CB	LEU	97	9,970	24,118	10,238	1,00	66,93	L31H C
NGUYÊN TỬ	3530	CG	LEU	97	8,521	24,274	10,714	1,00	69,67	L31H C
NGUYÊN TỬ	3531	CD1	LEU	97	8,477	25,078	12,010	1,00	69,75	L31H C
NGUYÊN TỬ	3532	CD2	LEU	97	7,709	24,963	9,636	1,00	69,77	L31H C
NGUYÊN TỬ	3533	C	LEU	97	11,606	23,422	8,477	1,00	61,49	L31H C
NGUYÊN TỬ	3534	O	LEU	97	12,307	24,384	8,146	1,00	59,90	L31H O
NGUYÊN TỬ	3535	N	SER	98	12,073	22,181	8,577	1,00	58,39	L31H N
NGUYÊN TỬ	3536	CA	SER	98	13,452	21,858	8,262	1,00	55,51	L31H C
NGUYÊN TỬ	3537	CB	SER	98	13,793	22,338	6,856	1,00	56,09	L31H C
NGUYÊN TỬ	3538	OG	SER	98	13,189	21,493	5,898	1,00	59,25	L31H O
NGUYÊN TỬ	3539	C	SER	98	14,422	22,457	9,264	1,00	53,09	L31H C
NGUYÊN TỬ	3540	O	SER	98	15,576	22,727	8,945	1,00	51,29	L31H O
NGUYÊN TỬ	3541	N	GLY	99	13,950	22,663	10,484	1,00	51,30	L31H N
NGUYÊN TỬ	3542	CA	GLY	99	14,827	23,149	11,532	1,00	50,67	L31H C
NGUYÊN TỬ	3543	C	GLY	99	14,406	22,584	12,868	1,00	50,25	L31H C
NGUYÊN TỬ	3544	O	GLY	99	13,335	21,998	12,991	1,00	49,46	L31H O
NGUYÊN TỬ	3545	N	SER	100	15,245	22,754	13,877	1,00	50,20	L31H N
NGUYÊN TỬ	3546	CA	SER	100	14,920	22,233	15,193	1,00	50,66	L31H C
NGUYÊN TỬ	3547	CB	SER	100	16,177	21,667	15,858	1,00	51,28	L31H C
NGUYÊN TỬ	3548	OG	SER	100	16,337	20,294	15,521	1,00	52,02	L31H O
NGUYÊN TỬ	3549	C	SER	100	14,294	23,321	16,055	1,00	50,29	L31H C
NGUYÊN TỬ	3550	O	SER	100	14,995	24,184	16,582	1,00	50,01	L31H O
NGUYÊN TỬ	3551	N	VAL	101	12,970	23,266	16,190	1,00	48,60	L31H N
NGUYÊN TỬ	3552	CA	VAL	101	12,189	24,384	16,701	1,00	47,52	L31H C
NGUYÊN TỬ	3553	CB	VAL	101	10,881	24,535	15,918	1,00	46,73	L31H C
NGUYÊN TỬ	3554	CG1	VAL	101	11,192	24,568	14,442	1,00	47,59	L31H C
NGUYÊN TỬ	3555	CG2	VAL	101	9,920	23,403	16,256	1,00	45,46	L31H C
NGUYÊN TỬ	3556	C	VAL	101	11,853	24,264	18,184	1,00	47,82	L31H C
NGUYÊN TỬ	3557	O	VAL	101	11,604	23,167	18,691	1,00	48,23	L31H O
NGUYÊN TỬ	3558	N	PHE	102	11,841	25,399	18,876	1,00	46,37	L31H N
NGUYÊN TỬ	3559	CA	PHE	102	11,718	25,388	20,318	1,00	47,35	L31H C
NGUYÊN TỬ	3560	CB	PHE	102	12,631	26,421	20,932	1,00	44,20	L31H C
NGUYÊN TỬ	3561	CG	PHE	102	14,061	26,242	20,590	1,00	41,82	L31H C
NGUYÊN TỬ	3562	CD1	PHE	102	14,551	26,688	19,380	1,00	39,65	L31H C
NGUYÊN TỬ	3563	CD2	PHE	102	14,944	25,730	21,522	1,00	40,97	L31H C
NGUYÊN TỬ	3564	CE1	PHE	102	15,893	26,641	19,113	1,00	38,50	L31H C
NGUYÊN TỬ	3565	CE2	PHE	102	16,292	25,680	21,260	1,00	38,80	L31H C
NGUYÊN TỬ	3566	CZ	PHE	102	16,769	26,139	20,057	1,00	39,41	L31H C
NGUYÊN TỬ	3567	C	PHE	102	10,315	25,646	20,828	1,00	50,48	L31H C
NGUYÊN TỬ	3568	O	PHE	102	9,402	25,958	20,067	1,00	52,07	L31H O
NGUYÊN TỬ	3569	N	GLY	103	10,166	25,515	22,140	1,00	53,14	L31H N
NGUYÊN TỬ	3570	CA	GLY	103	8,894	25,767	22,779	1,00	55,97	L31H C

NGUYÊN TỬ	3571	C	GLY	103	8,882	27,133	23,425	1,00	57,19	L31H C
NGUYÊN TỬ	3572	O	GLY	103	9,941	27,744	23,611	1,00	56,34	L31H O
NGUYÊN TỬ	3573	N	GLY	104	7,679	27,606	23,761	1,00	58,19	L31H N
NGUYÊN TỬ	3574	CA	GLY	104	7,525	28,924	24,349	1,00	58,63	L31H C
NGUYÊN TỬ	3575	C	GLY	104	8,458	29,139	25,523	1,00	59,14	L31H C
NGUYÊN TỬ	3576	O	GLY	104	9,114	30,177	25,626	1,00	59,20	L31H O
NGUYÊN TỬ	3577	N	GLY	105	8,532	28,151	26,406	1,00	60,02	L31H N
NGUYÊN TỬ	3578	CA	GLY	105	9,420	28,257	27,547	1,00	61,89	L31H C
NGUYÊN TỬ	3579	C	GLY	105	8,647	28,213	28,850	1,00	63,99	L31H C
NGUYÊN TỬ	3580	O	GLY	105	7,412	28,344	28,866	1,00	65,05	L31H O
NGUYÊN TỬ	3581	N	THR	106	9,369	28,016	29,951	1,00	63,25	L31H N
NGUYÊN TỬ	3582	CA	THR	106	8,743	28,026	31,264	1,00	61,53	L31H C
NGUYÊN TỬ	3583	CB	THR	106	8,311	26,620	31,690	1,00	60,33	L31H C
NGUYÊN TỬ	3584	OG1	THR	106	7,374	26,095	30,740	1,00	60,09	L31H O
NGUYÊN TỬ	3585	CG2	THR	106	7,661	26,667	33,058	1,00	58,71	L31H C
NGUYÊN TỬ	3586	C	THR	106	9,652	28,608	32,342	1,00	62,44	L31H C
NGUYÊN TỬ	3587	O	THR	106	10,829	28,256	32,458	1,00	61,28	L31H O
NGUYÊN TỬ	3588	N	LYS	107	9,087	29,522	33,122	1,00	63,21	L31H N
NGUYÊN TỬ	3589	CA	LYS	107	9,755	30,039	34,299	1,00	62,64	L31H C
NGUYÊN TỬ	3590	CB	LYS	107	9,161	31,391	34,689	1,00	64,98	L31H C
NGUYÊN TỬ	3591	CG	LYS	107	9,643	31,922	36,030	1,00	67,60	L31H C
NGUYÊN TỬ	3592	CD	LYS	107	10,962	32,670	35,901	1,00	72,42	L31H C
NGUYÊN TỬ	3593	CE	LYS	107	11,213	33,560	37,126	1,00	76,31	L31H C
NGUYÊN TỬ	3594	NZ	LYS	107	12,373	34,501	36,969	1,00	79,44	L31H N
NGUYÊN TỬ	3595	C	LYS	107	9,543	29,042	35,426	1,00	61,19	L31H C
NGUYÊN TỬ	3596	O	LYS	107	8,401	28,794	35,846	1,00	62,04	L31H O
NGUYÊN TỬ	3597	N	LEU	108	10,638	28,457	35,904	1,00	57,46	L31H N
NGUYÊN TỬ	3598	CA	LEU	108	10,570	27,633	37,102	1,00	53,84	L31H C
NGUYÊN TỬ	3599	CB	LEU	108	11,556	26,466	37,040	1,00	54,15	L31H C
NGUYÊN TỬ	3600	CG	LEU	108	11,541	25,642	38,328	1,00	50,02	L31H C
NGUYÊN TỬ	3601	CD1	LEU	108	10,186	25,017	38,503	1,00	50,06	L31H C
NGUYÊN TỬ	3602	CD2	LEU	108	12,597	24,589	38,290	1,00	51,57	L31H C
NGUYÊN TỬ	3603	C	LEU	108	10,902	28,478	38,309	1,00	53,02	L31H C
NGUYÊN TỬ	3604	O	LEU	108	12,016	28,981	38,440	1,00	51,31	L31H O
NGUYÊN TỬ	3605	N	THR	109	9,925	28,629	39,192	1,00	52,73	L31H N
NGUYÊN TỬ	3606	CA	THR	109	10,118	29,355	40,440	1,00	52,49	L31H C
NGUYÊN TỬ	3607	CB	THR	109	9,000	30,416	40,628	1,00	52,18	L31H C
NGUYÊN TỬ	3608	OG1	THR	109	9,260	31,542	39,777	1,00	50,86	L31H O
NGUYÊN TỬ	3609	CG2	THR	109	8,918	30,866	42,076	1,00	53,04	L31H C
NGUYÊN TỬ	3610	C	THR	109	10,113	28,375	41,617	1,00	53,48	L31H C
NGUYÊN TỬ	3611	O	THR	109	9,120	27,680	41,851	1,00	51,71	L31H O
NGUYÊN TỬ	3612	N	VAL	110	11,228	28,304	42,342	1,00	54,50	L31H N
NGUYÊN TỬ	3613	CA	VAL	110	11,286	27,475	43,546	1,00	56,59	L31H C
NGUYÊN TỬ	3614	CB	VAL	110	12,727	26,972	43,863	1,00	55,19	L31H C
NGUYÊN TỬ	3615	CG1	VAL	110	12,700	26,076	45,091	1,00	51,04	L31H C
NGUYÊN TỬ	3616	CG2	VAL	110	13,302	26,227	42,673	1,00	54,74	L31H C
NGUYÊN TỬ	3617	C	VAL	110	10,824	28,353	44,690	1,00	59,73	L31H C
NGUYÊN TỬ	3618	O	VAL	110	11,501	29,312	45,047	1,00	59,28	L31H O
NGUYÊN TỬ	3619	N	LEU	111	9,670	28,027	45,260	1,00	63,84	L31H N
NGUYÊN TỬ	3620	CA	LEU	111	8,976	28,955	46,141	1,00	69,11	L31H C
NGUYÊN TỬ	3621	CB	LEU	111	7,519	28,520	46,288	1,00	64,19	L31H C
NGUYÊN TỬ	3622	CG	LEU	111	6,819	28,414	44,932	1,00	60,56	L31H C
NGUYÊN TỬ	3623	CD1	LEU	111	5,553	27,609	45,066	1,00	58,84	L31H C
NGUYÊN TỬ	3624	CD2	LEU	111	6,546	29,800	44,386	1,00	55,98	L31H C
NGUYÊN TỬ	3625	C	LEU	111	9,645	29,066	47,503	1,00	75,53	L31H C
NGUYÊN TỬ	3626	O	LEU	111	9,702	28,101	48,259	1,00	78,23	L31H O
NGUYÊN TỬ	3627	N	GLY	112	10,159	30,254	47,801	1,00	81,81	L31H N
NGUYÊN TỬ	3628	CA	GLY	112	10,745	30,510	49,103	1,00	90,35	L31H C
NGUYÊN TỬ	3629	C	GLY	112	10,012	31,619	49,837	1,00	95,92	L31H C
NGUYÊN TỬ	3630	O	GLY	112	10,472	32,096	50,874	1,00	95,75	L31H O
NGUYÊN TỬ	3631	N	GLN	113	8,870	32,029	49,287	1,00	102,79	L31H N
NGUYÊN TỬ	3632	CA	GLN	113	8,019	33,058	49,885	1,00	110,31	L31H C
NGUYÊN TỬ	3633	CB	GLN	113	8,334	34,429	49,280	1,00	113,77	L31H C
NGUYÊN TỬ	3634	CG	GLN	113	9,794	34,826	49,315	1,00	118,20	L31H C
NGUYÊN TỬ	3635	CD	GLN	113	10,067	36,072	48,494	1,00	120,53	L31H C
NGUYÊN TỬ	3636	OE1	GLN	113	9,723	37,186	48,896	1,00	121,11	L31H O
NGUYÊN TỬ	3637	NE2	GLN	113	10,687	35,890	47,332	1,00	121,57	L31H N
NGUYÊN TỬ	3638	C	GLN	113	6,545	32,727	49,625	1,00	113,82	L31H C
NGUYÊN TỬ	3639	O	GLN	113	6,214	32,017	48,679	1,00	113,64	L31H O
NGUYÊN TỬ	3640	N	PRO	114	5,640	33,248	50,462	1,00	117,28	L31H N
NGUYÊN TỬ	3641	CD	PRO	114	5,936	34,027	51,673	1,00	117,03	L31H C
NGUYÊN TỬ	3642	CA	PRO	114	4,210	32,935	50,357	1,00	119,60	L31H C
NGUYÊN TỬ	3643	CB	PRO	114	3,609	33,570	51,609	1,00	119,09	L31H C
NGUYÊN TỬ	3644	CG	PRO	114	4,761	33,732	52,542	1,00	118,20	L31H C
NGUYÊN TỬ	3645	C	PRO	114	3,566	33,484	49,094	1,00	121,80	L31H C
NGUYÊN TỬ	3646	O	PRO	114	4,237	34,052	48,239	1,00	122,55	L31H O

NGUYÊN TỬ	3647	N	LYS	115	2,254	33,304	48,988	1,00123,51	L31H N
NGUYÊN TỬ	3648	CA	LYS	115	1,465	33,997	47,980	1,00124,74	L31H C
NGUYÊN TỬ	3649	CB	LYS	115	-0,025	33,715	48,192	1,00125,92	L31H C
NGUYÊN TỬ	3650	CG	LYS	115	-0,961	34,837	47,740	1,00125,60	L31H C
NGUYÊN TỬ	3651	CD	LYS	115	-1,039	34,958	46,224	1,00124,69	L31H C
NGUYÊN TỬ	3652	CE	LYS	115	-1,896	33,860	45,617	1,00124,00	L31H C
NGUYÊN TỬ	3653	NZ	LYS	115	-3,289	33,894	46,139	1,00123,01	L31H N
NGUYÊN TỬ	3654	C	LYS	115	1,722	35,492	48,094	1,00125,34	L31H C
NGUYÊN TỬ	3655	O	LYS	115	2,067	35,988	49,166	1,00126,21	L31H O
NGUYÊN TỬ	3656	N	ALA	116	1,559	36,206	46,986	1,00125,78	L31H N
NGUYÊN TỬ	3657	CA	ALA	116	1,657	37,657	46,994	1,00125,51	L31H C
NGUYÊN TỬ	3658	CB	ALA	116	3,117	38,080	46,981	1,00124,48	L31H C
NGUYÊN TỬ	3659	C	ALA	116	0,933	38,250	45,794	1,00125,03	L31H C
NGUYÊN TỬ	3660	O	ALA	116	1,418	38,161	44,667	1,00125,35	L31H O
NGUYÊN TỬ	3661	N	ALA	117	-0,229	38,848	46,043	1,00123,76	L31H N
NGUYÊN TỬ	3662	CA	ALA	117	-0,939	39,596	45,011	1,00120,64	L31H C
NGUYÊN TỬ	3663	CB	ALA	117	-2,425	39,662	45,336	1,00124,29	L31H C
NGUYÊN TỬ	3664	C	ALA	117	-0,352	41,001	44,940	1,00117,39	L31H C
NGUYÊN TỬ	3665	O	ALA	117	-0,156	41,654	45,964	1,00117,55	L31H O
NGUYÊN TỬ	3666	N	PRO	118	-0,051	41,480	43,724	1,00113,58	L31H N
NGUYÊN TỬ	3667	CD	PRO	118	-0,303	40,835	42,425	1,00113,39	L31H C
NGUYÊN TỬ	3668	CA	PRO	118	0,628	42,768	43,574	1,00109,03	L31H C
NGUYÊN TỬ	3669	CB	PRO	118	1,009	42,804	42,096	1,00110,84	L31H C
NGUYÊN TỬ	3670	CG	PRO	118	0,030	41,917	41,436	1,00112,56	L31H C
NGUYÊN TỬ	3671	C	PRO	118	-0,236	43,959	43,974	1,00104,68	L31H C
NGUYÊN TỬ	3672	O	PRO	118	-1,468	43,915	43,878	1,00103,62	L31H O
NGUYÊN TỬ	3673	N	SER	119	0,429	45,015	44,434	1,00 98,81	L31H N
NGUYÊN TỬ	3674	CA	SER	119	-0,215	46,302	44,650	1,00 92,70	L31H C
NGUYÊN TỬ	3675	CB	SER	119	0,456	47,045	45,805	1,00 93,69	L31H C
NGUYÊN TỬ	3676	OG	SER	119	1,866	47,017	45,677	1,00 95,23	L31H O
NGUYÊN TỬ	3677	C	SER	119	-0,112	47,119	43,373	1,00 87,43	L31H C
NGUYÊN TỬ	3678	O	SER	119	0,908	47,093	42,684	1,00 85,84	L31H O
NGUYÊN TỬ	3679	N	VAL	120	-1,180	47,835	43,053	1,00 82,08	L31H N
NGUYÊN TỬ	3680	CA	VAL	120	-1,258	48,520	41,780	1,00 78,07	L31H C
NGUYÊN TỬ	3681	CB	VAL	120	-2,216	47,795	40,833	1,00 78,62	L31H C
NGUYÊN TỬ	3682	CG1	VAL	120	-2,413	48,604	39,569	1,00 79,64	L31H C
NGUYÊN TỬ	3683	CG2	VAL	120	-1,661	46,424	40,502	1,00 79,29	L31H C
NGUYÊN TỬ	3684	C	VAL	120	-1,725	49,949	41,944	1,00 75,01	L31H C
NGUYÊN TỬ	3685	O	VAL	120	-2,768	50,201	42,530	1,00 73,87	L31H O
NGUYÊN TỬ	3686	N	THR	121	-0,943	50,888	41,432	1,00 72,79	L31H N
NGUYÊN TỬ	3687	CA	THR	121	-1,383	52,276	41,371	1,00 71,71	L31H C
NGUYÊN TỬ	3688	CB	THR	121	-0,371	53,227	42,045	1,00 69,80	L31H C
NGUYÊN TỬ	3689	OG1	THR	121	-0,160	52,821	43,403	1,00 67,98	L31H O
NGUYÊN TỬ	3690	CG2	THR	121	-0,900	54,647	42,039	1,00 69,16	L31H C
NGUYÊN TỬ	3691	C	THR	121	-1,543	52,676	39,909	1,00 71,78	L31H C
NGUYÊN TỬ	3692	O	THR	121	-0,764	52,242	39,054	1,00 72,43	L31H O
NGUYÊN TỬ	3693	N	LEU	122	-2,558	53,487	39,621	1,00 70,64	L31H N
NGUYÊN TỬ	3694	CA	LEU	122	-2,806	53,917	38,252	1,00 70,47	L31H C
NGUYÊN TỬ	3695	CB	LEU	122	-4,121	53,331	37,737	1,00 69,96	L31H C
NGUYÊN TỬ	3696	CG	LEU	122	-4,416	53,622	36,263	1,00 69,35	L31H C
NGUYÊN TỬ	3697	CD1	LEU	122	-3,214	53,213	35,412	1,00 68,20	L31H C
NGUYÊN TỬ	3698	CD2	LEU	122	-5,663	52,865	35,823	1,00 69,21	L31H C
NGUYÊN TỬ	3699	C	LEU	122	-2,848	55,432	38,124	1,00 70,57	L31H C
NGUYÊN TỬ	3700	O	LEU	122	-3,630	56,098	38,805	1,00 71,23	L31H O
NGUYÊN TỬ	3701	N	PHE	123	-2,008	55,967	37,239	1,00 69,59	L31H N
NGUYÊN TỬ	3702	CA	PHE	123	-1,916	57,410	37,026	1,00 67,96	L31H C
NGUYÊN TỬ	3703	CB	PHE	123	-0,460	57,865	37,114	1,00 68,86	L31H C
NGUYÊN TỬ	3704	CG	PHE	123	0,025	58,076	38,516	1,00 70,50	L31H C
NGUYÊN TỬ	3705	CD1	PHE	123	0,808	57,124	39,144	1,00 71,72	L31H C
NGUYÊN TỬ	3706	CD2	PHE	123	-0,301	59,230	39,206	1,00 71,39	L31H C
NGUYÊN TỬ	3707	CE1	PHE	123	1,256	57,318	40,431	1,00 72,59	L31H C
NGUYÊN TỬ	3708	CE2	PHE	123	0,145	59,432	40,495	1,00 71,92	L31H C
NGUYÊN TỬ	3709	CZ	PHE	123	0,924	58,475	41,107	1,00 73,15	L31H C
NGUYÊN TỬ	3710	C	PHE	123	-2,499	57,859	35,690	1,00 66,49	L31H C
NGUYÊN TỬ	3711	O	PHE	123	-2,185	57,293	34,636	1,00 66,68	L31H O
NGUYÊN TỬ	3712	N	PRO	124	-3,360	58,890	35,728	1,00 64,71	L31H N
NGUYÊN TỬ	3713	CD	PRO	124	-3,896	59,403	36,999	1,00 64,64	L31H C
NGUYÊN TỬ	3714	CA	PRO	124	-3,870	59,650	34,579	1,00 62,32	L31H C
NGUYÊN TỬ	3715	CB	PRO	124	-4,992	60,483	35,175	1,00 64,01	L31H C
NGUYÊN TỬ	3716	CG	PRO	124	-4,579	60,680	36,592	1,00 64,63	L31H C
NGUYÊN TỬ	3717	C	PRO	124	-2,792	60,544	33,954	1,00 62,33	L31H C
NGUYÊN TỬ	3718	O	PRO	124	-1,774	60,847	34,587	1,00 61,20	L31H O
NGUYÊN TỬ	3719	N	PRO	125	-3,002	60,978	32,700	1,00 62,33	L31H N
NGUYÊN TỬ	3720	CD	PRO	125	-3,860	60,367	31,677	1,00 62,42	L31H C
NGUYÊN TỬ	3721	CA	PRO	125	-2,120	61,991	32,117	1,00 60,75	L31H C
NGUYÊN TỬ	3722	CB	PRO	125	-2,604	62,094	30,672	1,00 61,44	L31H C

NGUYÊN TỬ	3723	CG	PRO	125	-3,179	60,762	30,395	1,00	62,48	L31H C
NGUYÊN TỬ	3724	C	PRO	125	-2,189	63,329	32,854	1,00	60,75	L31H C
NGUYÊN TỬ	3725	O	PRO	125	-3,210	63,680	33,447	1,00	59,69	L31H O
NGUYÊN TỬ	3726	N	SER	126	-1,085	64,066	32,819	1,00	60,32	L31H N
NGUYÊN TỬ	3727	CA	SER	126	-1,027	65,390	33,416	1,00	58,57	L31H C
NGUYÊN TỬ	3728	CB	SER	126	0,402	65,714	33,827	1,00	58,32	L31H C
NGUYÊN TỬ	3729	OG	SER	126	1,278	65,586	32,719	1,00	57,04	L31H O
NGUYÊN TỬ	3730	C	SER	126	-1,509	66,446	32,436	1,00	57,83	L31H C
NGUYÊN TỬ	3731	O	SER	126	-1,473	66,261	31,223	1,00	56,21	L31H O
NGUYÊN TỬ	3732	N	SER	127	-1,959	67,563	32,981	1,00	58,56	L31H N
NGUYÊN TỬ	3733	CA	SER	127	-2,261	68,716	32,165	1,00	59,40	L31H C
NGUYÊN TỬ	3734	CB	SER	127	-2,431	69,952	33,049	1,00	60,04	L31H C
NGUYÊN TỬ	3735	OG	SER	127	-2,162	71,136	32,312	1,00	61,03	L31H O
NGUYÊN TỬ	3736	C	SER	127	-1,102	68,934	31,207	1,00	59,25	L31H C
NGUYÊN TỬ	3737	O	SER	127	-1,295	69,145	30,009	1,00	59,39	L31H O
NGUYÊN TỬ	3738	N	GLU	128	0,106	68,878	31,748	1,00	58,37	L31H N
NGUYÊN TỬ	3739	CA	GLU	128	1,282	69,233	30,976	1,00	57,49	L31H C
NGUYÊN TỬ	3740	CB	GLU	128	2,533	69,082	31,830	1,00	58,17	L31H C
NGUYÊN TỬ	3741	CG	GLU	128	2,688	70,142	32,877	1,00	58,94	L31H C
NGUYÊN TỬ	3742	CD	GLU	128	4,104	70,643	32,938	1,00	60,68	L31H C
NGUYÊN TỬ	3743	OE1	GLU	128	4,807	70,541	31,902	1,00	61,85	L31H O
NGUYÊN TỬ	3744	OE2	GLU	128	4,510	71,133	34,016	1,00	60,55	L31H O
NGUYÊN TỬ	3745	C	GLU	128	1,417	68,382	29,728	1,00	55,84	L31H C
NGUYÊN TỬ	3746	O	GLU	128	1,695	68,900	28,652	1,00	53,53	L31H O
NGUYÊN TỬ	3747	N	GLU	129	1,220	67,074	29,883	1,00	55,94	L31H N
NGUYÊN TỬ	3748	CA	GLU	129	1,441	66,128	28,796	1,00	55,91	L31H C
NGUYÊN TỬ	3749	CB	GLU	129	1,426	64,694	29,316	1,00	57,14	L31H C
NGUYÊN TỬ	3750	CG	GLU	129	2,033	63,697	28,336	1,00	59,19	L31H C
NGUYÊN TỬ	3751	CD	GLU	129	1,519	62,287	28,538	1,00	60,92	L31H C
NGUYÊN TỬ	3752	OE1	GLU	129	2,071	61,358	27,906	1,00	60,62	L31H O
NGUYÊN TỬ	3753	OE2	GLU	129	0,560	62,112	29,328	1,00	61,87	L31H O
NGUYÊN TỬ	3754	C	GLU	129	0,363	66,285	27,747	1,00	55,89	L31H C
NGUYÊN TỬ	3755	O	GLU	129	0,588	66,057	26,556	1,00	54,96	L31H O
NGUYÊN TỬ	3756	N	LEU	130	-0,819	66,671	28,203	1,00	56,93	L31H N
NGUYÊN TỬ	3757	CA	LEU	130	-1,917	66,963	27,304	1,00	57,51	L31H C
NGUYÊN TỬ	3758	CB	LEU	130	-3,198	67,191	28,112	1,00	57,09	L31H C
NGUYÊN TỬ	3759	CG	LEU	130	-4,161	65,989	28,097	1,00	58,06	L31H C
NGUYÊN TỬ	3760	CD1	LEU	130	-3,374	64,692	27,940	1,00	56,91	L31H C
NGUYÊN TỬ	3761	CD2	LEU	130	-4,999	65,970	29,366	1,00	57,58	L31H C
NGUYÊN TỬ	3762	C	LEU	130	-1,578	68,185	26,464	1,00	57,33	L31H C
NGUYÊN TỬ	3763	O	LEU	130	-1,741	68,172	25,251	1,00	58,08	L31H O
NGUYÊN TỬ	3764	N	GLN	131	-1,082	69,231	27,111	1,00	57,04	L31H N
NGUYÊN TỬ	3765	CA	GLN	131	-0,650	70,424	26,402	1,00	56,50	L31H C
NGUYÊN TỬ	3766	CB	GLN	131	-0,101	71,447	27,389	1,00	56,13	L31H C
NGUYÊN TỬ	3767	CG	GLN	131	-1,142	72,340	27,972	1,00	59,45	L31H C
NGUYÊN TỬ	3768	CD	GLN	131	-1,880	73,113	26,905	1,00	61,61	L31H C
NGUYÊN TỬ	3769	OE1	GLN	131	-3,018	73,544	27,114	1,00	61,71	L31H O
NGUYÊN TỬ	3770	NE2	GLN	131	-1,237	73,294	25,746	1,00	60,83	L31H N
NGUYÊN TỬ	3771	C	GLN	131	0,412	70,139	25,340	1,00	57,13	L31H C
NGUYÊN TỬ	3772	O	GLN	131	0,656	70,959	24,457	1,00	58,38	L31H O
NGUYÊN TỬ	3773	N	ALA	132	1,063	68,989	25,431	1,00	56,27	L31H N
NGUYÊN TỬ	3774	CA	ALA	132	2,122	68,660	24,493	1,00	54,83	L31H C
NGUYÊN TỬ	3775	CB	ALA	132	3,210	67,886	25,199	1,00	53,35	L31H C
NGUYÊN TỬ	3776	C	ALA	132	1,517	67,830	23,380	1,00	54,99	L31H C
NGUYÊN TỬ	3777	O	ALA	132	2,218	67,361	22,484	1,00	53,23	L31H O
NGUYÊN TỬ	3778	N	ASN	133	0,199	67,664	23,465	1,00	56,66	L31H N
NGUYÊN TỬ	3779	CA	ASN	133	-0,592	66,906	22,499	1,00	58,35	L31H C
NGUYÊN TỬ	3780	CB	ASN	133	-0,380	67,464	21,083	1,00	61,86	L31H C
NGUYÊN TỬ	3781	CG	ASN	133	-1,567	67,198	20,149	1,00	63,84	L31H C
NGUYÊN TỬ	3782	OD1	ASN	133	-2,663	67,756	20,322	1,00	64,92	L31H O
NGUYÊN TỬ	3783	ND2	ASN	133	-1,345	66,348	19,148	1,00	63,87	L31H N
NGUYÊN TỬ	3784	C	ASN	133	-0,235	65,419	22,562	1,00	58,50	L31H C
NGUYÊN TỬ	3785	O	ASN	133	-0,227	64,719	21,542	1,00	58,17	L31H O
NGUYÊN TỬ	3786	N	LYS	134	0,070	64,950	23,772	1,00	57,34	L31H N
NGUYÊN TỬ	3787	CA	LYS	134	0,210	63,523	24,045	1,00	55,52	L31H C
NGUYÊN TỬ	3788	CB	LYS	134	1,676	63,178	24,266	1,00	54,57	L31H C
NGUYÊN TỬ	3789	CG	LYS	134	2,559	63,429	23,065	1,00	53,32	L31H C
NGUYÊN TỬ	3790	CD	LYS	134	2,539	62,241	22,131	1,00	53,44	L31H C
NGUYÊN TỬ	3791	CE	LYS	134	3,597	62,364	21,049	1,00	52,60	L31H C
NGUYÊN TỬ	3792	NZ	LYS	134	4,983	62,412	21,589	1,00	51,62	L31H N
NGUYÊN TỬ	3793	C	LYS	134	-0,595	63,141	25,284	1,00	55,69	L31H C
NGUYÊN TỬ	3794	O	LYS	134	-1,126	64,002	25,987	1,00	56,06	L31H O
NGUYÊN TỬ	3795	N	ALA	135	-0,696	61,845	25,545	1,00	55,25	L31H N
NGUYÊN TỬ	3796	CA	ALA	135	-1,287	61,365	26,793	1,00	55,37	L31H C
NGUYÊN TỬ	3797	CB	ALA	135	-2,810	61,336	26,681	1,00	53,00	L31H C
NGUYÊN TỬ	3798	C	ALA	135	-0,749	59,973	27,120	1,00	55,35	L31H C

NGUYÊN TỬ	3799	O	ALA	135	-0,805	59,060	26,292	1,00	56,00	L31H O
NGUYÊN TỬ	3800	N	THR	136	-0,202	59,818	28,319	1,00	54,87	L31H N
NGUYÊN TỬ	3801	CA	THR	136	0,250	58,511	28,754	1,00	54,77	L31H C
NGUYÊN TỬ	3802	CB	THR	136	1,772	58,447	28,819	1,00	53,90	L31H C
NGUYÊN TỬ	3803	OG1	THR	136	2,306	58,645	27,506	1,00	55,20	L31H O
NGUYÊN TỬ	3804	CG2	THR	136	2,223	57,086	29,318	1,00	53,01	L31H C
NGUYÊN TỬ	3805	C	THR	136	-0,323	58,080	30,095	1,00	55,19	L31H C
NGUYÊN TỬ	3806	O	THR	136	-0,081	58,710	31,121	1,00	55,30	L31H O
NGUYÊN TỬ	3807	N	LEU	137	-1,091	56,998	30,063	1,00	56,06	L31H N
NGUYÊN TỬ	3808	CA	LEU	137	-1,559	56,333	31,267	1,00	57,51	L31H C
NGUYÊN TỬ	3809	CB	LEU	137	-2,723	55,396	30,931	1,00	58,17	L31H C
NGUYÊN TỬ	3810	CG	LEU	137	-3,954	56,062	30,301	1,00	60,61	L31H C
NGUYÊN TỬ	3811	CD1	LEU	137	-5,070	55,038	30,171	1,00	60,26	L31H C
NGUYÊN TỬ	3812	CD2	LEU	137	-4,420	57,243	31,159	1,00	60,91	L31H C
NGUYÊN TỬ	3813	C	LEU	137	-0,418	55,534	31,885	1,00	58,44	L31H C
NGUYÊN TỬ	3814	O	LEU	137	0,310	54,813	31,193	1,00	58,78	L31H O
NGUYÊN TỬ	3815	N	VAL	138	-0,258	55,663	33,195	1,00	59,31	L31H N
NGUYÊN TỬ	3816	CA	VAL	138	0,802	54,944	33,890	1,00	60,22	L31H C
NGUYÊN TỬ	3817	CB	VAL	138	1,685	55,916	34,681	1,00	58,67	L31H C
NGUYÊN TỬ	3818	CG1	VAL	138	2,717	55,158	35,481	1,00	57,67	L31H C
NGUYÊN TỬ	3819	CG2	VAL	138	2,366	56,864	33,724	1,00	59,34	L31H C
NGUYÊN TỬ	3820	C	VAL	138	0,203	53,921	34,841	1,00	62,22	L31H C
NGUYÊN TỬ	3821	O	VAL	138	-0,596	54,272	35,705	1,00	62,49	L31H O
NGUYÊN TỬ	3822	N	CYS	139	0,577	52,656	34,674	1,00	64,39	L31H N
NGUYÊN TỬ	3823	CA	CYS	139	0,107	51,607	35,574	1,00	66,45	L31H C
NGUYÊN TỬ	3824	C	CYS	139	1,281	50,907	36,234	1,00	63,76	L31H C
NGUYÊN TỬ	3825	O	CYS	139	2,050	50,208	35,569	1,00	63,60	L31H O
NGUYÊN TỬ	3826	CB	CYS	139	-0,727	50,580	34,808	1,00	72,30	L31H C
NGUYÊN TỬ	3827	SG	CYS	139	-1,495	49,302	35,852	1,00	80,69	L31H S
NGUYÊN TỬ	3828	N	LEU	140	1,411	51,086	37,543	1,00	61,42	L31H N
NGUYÊN TỬ	3829	CA	LEU	140	2,547	50,527	38,267	1,00	61,83	L31H C
NGUYÊN TỬ	3830	CB	LEU	140	3,230	51,624	39,082	1,00	59,77	L31H C
NGUYÊN TỬ	3831	CG	LEU	140	3,587	52,822	38,205	1,00	57,02	L31H C
NGUYÊN TỬ	3832	CD1	LEU	140	3,474	54,095	38,989	1,00	56,73	L31H C
NGUYÊN TỬ	3833	CD2	LEU	140	4,975	52,644	37,659	1,00	58,13	L31H C
NGUYÊN TỬ	3834	C	LEU	140	2,139	49,368	39,174	1,00	62,96	L31H C
NGUYÊN TỬ	3835	O	LEU	140	1,163	49,458	39,926	1,00	61,87	L31H O
NGUYÊN TỬ	3836	N	ILE	141	2,895	48,278	39,080	1,00	64,43	L31H N
NGUYÊN TỬ	3837	CA	ILE	141	2,601	47,052	39,812	1,00	65,71	L31H C
NGUYÊN TỬ	3838	CB	ILE	141	2,208	45,926	38,839	1,00	65,35	L31H C
NGUYÊN TỬ	3839	CG2	ILE	141	2,084	44,602	39,581	1,00	65,06	L31H C
NGUYÊN TỬ	3840	CG1	ILE	141	0,905	46,292	38,129	1,00	65,30	L31H C
NGUYÊN TỬ	3841	CD1	ILE	141	1,111	46,923	36,776	1,00	65,52	L31H C
NGUYÊN TỬ	3842	C	ILE	141	3,813	46,593	40,629	1,00	67,11	L31H C
NGUYÊN TỬ	3843	O	ILE	141	4,911	46,420	40,094	1,00	66,16	L31H O
NGUYÊN TỬ	3844	N	SER	142	3,614	46,394	41,926	1,00	68,80	L31H N
NGUYÊN TỬ	3845	CA	SER	142	4,703	45,941	42,774	1,00	69,99	L31H C
NGUYÊN TỬ	3846	CB	SER	142	5,371	47,130	43,465	1,00	69,56	L31H C
NGUYÊN TỬ	3847	OG	SER	142	4,482	47,762	44,364	1,00	69,04	L31H O
NGUYÊN TỬ	3848	C	SER	142	4,237	44,946	43,824	1,00	72,02	L31H C
NGUYÊN TỬ	3849	O	SER	142	3,041	44,825	44,099	1,00	70,57	L31H O
NGUYÊN TỬ	3850	N	ASP	143	5,205	44,232	44,395	1,00	75,76	L31H N
NGUYÊN TỬ	3851	CA	ASP	143	4,990	43,387	45,561	1,00	79,15	L31H C
NGUYÊN TỬ	3852	CB	ASP	143	4,247	44,172	46,652	1,00	79,95	L31H C
NGUYÊN TỬ	3853	CG	ASP	143	5,084	45,303	47,236	1,00	81,27	L31H C
NGUYÊN TỬ	3854	OD1	ASP	143	6,124	45,652	46,640	1,00	83,43	L31H O
NGUYÊN TỬ	3855	OD2	ASP	143	4,703	45,845	48,296	1,00	82,20	L31H O
NGUYÊN TỬ	3856	C	ASP	143	4,222	42,122	45,217	1,00	81,34	L31H C
NGUYÊN TỬ	3857	O	ASP	143	3,249	41,777	45,886	1,00	81,70	L31H O
NGUYÊN TỬ	3858	N	PHE	144	4,654	41,430	44,169	1,00	84,09	L31H N
NGUYÊN TỬ	3859	CA	PHE	144	4,002	40,183	43,793	1,00	88,16	L31H C
NGUYÊN TỬ	3860	CB	PHE	144	3,227	40,352	42,485	1,00	86,52	L31H C
NGUYÊN TỬ	3861	CG	PHE	144	4,030	40,953	41,371	1,00	84,52	L31H C
NGUYÊN TỬ	3862	CD1	PHE	144	4,561	40,153	40,376	1,00	83,55	L31H C
NGUYÊN TỬ	3863	CD2	PHE	144	4,236	42,319	41,305	1,00	83,02	L31H C
NGUYÊN TỬ	3864	CE1	PHE	144	5,282	40,705	39,338	1,00	81,29	L31H C
NGUYÊN TỬ	3865	CE2	PHE	144	4,956	42,875	40,269	1,00	81,03	L31H C
NGUYÊN TỬ	3866	CZ	PHE	144	5,479	42,069	39,285	1,00	80,66	L31H C
NGUYÊN TỬ	3867	C	PHE	144	4,974	39,018	43,670	1,00	91,37	L31H C
NGUYÊN TỬ	3868	O	PHE	144	6,103	39,178	43,200	1,00	92,48	L31H O
NGUYÊN TỬ	3869	N	TYR	145	4,523	37,846	44,109	1,00	93,82	L31H N
NGUYÊN TỬ	3870	CA	TYR	145	5,322	36,629	44,038	1,00	94,58	L31H C
NGUYÊN TỬ	3871	CB	TYR	145	6,216	36,500	45,271	1,00	95,09	L31H C
NGUYÊN TỬ	3872	CG	TYR	145	7,203	35,361	45,180	1,00	95,11	L31H C
NGUYÊN TỬ	3873	CD1	TYR	145	7,035	34,210	45,932	1,00	95,46	L31H C
NGUYÊN TỬ	3874	CE1	TYR	145	7,939	33,165	45,850	1,00	95,67	L31H C

NGUYÊN TỬ	3875	CD2	TYR	145	8,306	35,437	44,336	1,00	95,57	L31H C
NGUYÊN TỬ	3876	CE2	TYR	145	9,215	34,397	44,245	1,00	95,35	L31H C
NGUYÊN TỬ	3877	CZ	TYR	145	9,027	33,263	45,007	1,00	95,54	L31H C
NGUYÊN TỬ	3878	OH	TYR	145	9,933	32,230	44,935	1,00	93,89	L31H O
NGUYÊN TỬ	3879	C	TYR	145	4,411	35,416	43,947	1,00	96,10	L31H C
NGUYÊN TỬ	3880	O	TYR	145	3,405	35,334	44,649	1,00	95,23	L31H O
NGUYÊN TỬ	3881	N	PRO	146	4,754	34,459	43,072	1,00	98,97	L31H N
NGUYÊN TỬ	3882	CD	PRO	146	3,974	33,236	42,816	1,00	102,65	L31H C
NGUYÊN TỬ	3883	CA	PRO	146	5,945	34,535	42,217	1,00	100,63	L31H C
NGUYÊN TỬ	3884	CB	PRO	146	5,996	33,161	41,552	1,00	103,16	L31H C
NGUYÊN TỬ	3885	CG	PRO	146	4,586	32,692	41,560	1,00	103,82	L31H C
NGUYÊN TỬ	3886	C	PRO	146	5,880	35,673	41,196	1,00	101,63	L31H C
NGUYÊN TỬ	3887	O	PRO	146	4,796	36,118	40,814	1,00	101,06	L31H O
NGUYÊN TỬ	3888	N	GLY	147	7,048	36,141	40,764	1,00	103,99	L31H N
NGUYÊN TỬ	3889	CA	GLY	147	7,104	37,257	39,837	1,00	106,69	L31H C
NGUYÊN TỬ	3890	C	GLY	147	6,669	36,921	38,428	1,00	107,75	L31H C
NGUYÊN TỬ	3891	O	GLY	147	7,498	36,741	37,535	1,00	109,16	L31H O
NGUYÊN TỬ	3892	N	ALA	148	5,358	36,841	38,231	1,00	106,88	L31H N
NGUYÊN TỬ	3893	CA	ALA	148	4,796	36,566	36,918	1,00	106,36	L31H C
NGUYÊN TỬ	3894	CB	ALA	148	4,810	35,069	36,644	1,00	106,24	L31H C
NGUYÊN TỬ	3895	C	ALA	148	3,375	37,101	36,844	1,00	106,36	L31H C
NGUYÊN TỬ	3896	O	ALA	148	2,477	36,607	37,521	1,00	105,85	L31H O
NGUYÊN TỬ	3897	N	VAL	149	3,183	38,118	36,014	1,00	107,52	L31H N
NGUYÊN TỬ	3898	CA	VAL	149	1,890	38,766	35,871	1,00	108,34	L31H C
NGUYÊN TỬ	3899	CB	VAL	149	1,857	40,102	36,625	1,00	108,35	L31H C
NGUYÊN TỬ	3900	CG1	VAL	149	1,858	39,856	38,121	1,00	108,86	L31H C
NGUYÊN TỬ	3901	CG2	VAL	149	3,069	40,938	36,237	1,00	108,49	L31H C
NGUYÊN TỬ	3902	C	VAL	149	1,609	39,033	34,405	1,00	108,11	L31H C
NGUYÊN TỬ	3903	O	VAL	149	2,528	39,094	33,591	1,00	108,80	L31H O
NGUYÊN TỬ	3904	N	THR	150	0,332	39,186	34,075	1,00	107,28	L31H N
NGUYÊN TỬ	3905	CA	THR	150	-0,069	39,576	32,733	1,00	106,06	L31H C
NGUYÊN TỬ	3906	CB	THR	150	-0,798	38,439	32,011	1,00	105,51	L31H C
NGUYÊN TỬ	3907	OG1	THR	150	0,127	37,386	31,725	1,00	104,72	L31H O
NGUYÊN TỬ	3908	CG2	THR	150	-1,410	38,938	30,715	1,00	104,90	L31H C
NGUYÊN TỬ	3909	C	THR	150	-1,005	40,760	32,824	1,00	105,63	L31H C
NGUYÊN TỬ	3910	O	THR	150	-1,935	40,756	33,628	1,00	106,26	L31H O
NGUYÊN TỬ	3911	N	VAL	151	-0,758	41,770	31,995	1,00	104,86	L31H N
NGUYÊN TỬ	3912	CA	VAL	151	-1,558	42,992	32,022	1,00	103,61	L31H C
NGUYÊN TỬ	3913	CB	VAL	151	-0,663	44,254	31,995	1,00	103,81	L31H C
NGUYÊN TỬ	3914	CG1	VAL	151	-1,530	45,510	32,047	1,00	103,60	L31H C
NGUYÊN TỬ	3915	CG2	VAL	151	0,305	44,226	33,166	1,00	102,99	L31H C
NGUYÊN TỬ	3916	C	VAL	151	-2,544	43,072	30,861	1,00	101,69	L31H C
NGUYÊN TỬ	3917	O	VAL	151	-2,207	42,743	29,721	1,00	101,44	L31H O
NGUYÊN TỬ	3918	N	ALA	152	-3,763	43,506	31,166	1,00	99,44	L31H N
NGUYÊN TỬ	3919	CA	ALA	152	-4,775	43,731	30,147	1,00	97,98	L31H C
NGUYÊN TỬ	3920	CB	ALA	152	-5,788	42,600	30,161	1,00	96,47	L31H C
NGUYÊN TỬ	3921	C	ALA	152	-5,466	45,056	30,423	1,00	97,32	L31H C
NGUYÊN TỬ	3922	O	ALA	152	-6,002	45,269	31,511	1,00	98,16	L31H O
NGUYÊN TỬ	3923	N	TRP	153	-5,452	45,947	29,436	1,00	95,82	L31H N
NGUYÊN TỬ	3924	CA	TRP	153	-6,007	47,285	29,607	1,00	94,83	L31H C
NGUYÊN TỬ	3925	CB	TRP	153	-5,149	48,311	28,857	1,00	89,61	L31H C
NGUYÊN TỬ	3926	CG	TRP	153	-3,833	48,634	29,516	1,00	83,09	L31H C
NGUYÊN TỬ	3927	CD2	TRP	153	-3,550	49,759	30,356	1,00	80,15	L31H C
NGUYÊN TỬ	3928	CE2	TRP	153	-2,188	49,674	30,724	1,00	78,88	L31H C
NGUYÊN TỬ	3929	CE3	TRP	153	-4,315	50,829	30,832	1,00	78,10	L31H C
NGUYÊN TỬ	3930	CD1	TRP	153	-2,665	47,932	29,413	1,00	81,18	L31H C
NGUYÊN TỬ	3931	NE1	TRP	153	-1,672	48,551	30,136	1,00	78,50	L31H N
NGUYÊN TỬ	3932	CZ2	TRP	153	-1,576	50,618	31,544	1,00	78,36	L31H C
NGUYÊN TỬ	3933	CZ3	TRP	153	-3,709	51,765	31,645	1,00	78,62	L31H C
NGUYÊN TỬ	3934	CH2	TRP	153	-2,349	51,654	31,994	1,00	79,04	L31H C
NGUYÊN TỬ	3935	C	TRP	153	-7,444	47,361	29,102	1,00	97,21	L31H C
NGUYÊN TỬ	3936	O	TRP	153	-7,772	46,810	28,054	1,00	97,31	L31H O
NGUYÊN TỬ	3937	N	LYS	154	-8,301	48,046	29,846	1,00	100,61	L31H N
NGUYÊN TỬ	3938	CA	LYS	154	-9,645	48,314	29,366	1,00	104,68	L31H C
NGUYÊN TỬ	3939	CB	LYS	154	-10,688	47,950	30,422	1,00	104,13	L31H C
NGUYÊN TỬ	3940	CG	LYS	154	-10,824	46,462	30,667	1,00	104,81	L31H C
NGUYÊN TỬ	3941	CD	LYS	154	-10,929	45,698	29,358	1,00	106,43	L31H C
NGUYÊN TỬ	3942	CE	LYS	154	-10,925	44,196	29,604	1,00	108,33	L31H C
NGUYÊN TỬ	3943	NZ	LYS	154	-9,774	43,768	30,447	1,00	112,27	L31H N
NGUYÊN TỬ	3944	C	LYS	154	-9,791	49,775	29,011	1,00	108,13	L31H C
NGUYÊN TỬ	3945	O	LYS	154	-9,726	50,643	29,883	1,00	108,54	L31H O
NGUYÊN TỬ	3946	N	ALA	155	-9,987	50,038	27,723	1,00	112,59	L31H N
NGUYÊN TỬ	3947	CA	ALA	155	-10,381	51,360	27,258	1,00	115,22	L31H C
NGUYÊN TỬ	3948	CB	ALA	155	-10,121	51,488	25,761	1,00	118,02	L31H C
NGUYÊN TỬ	3949	C	ALA	155	-11,865	51,528	27,555	1,00	116,52	L31H C
NGUYÊN TỬ	3950	O	ALA	155	-12,712	50,944	26,879	1,00	115,14	L31H O

NGUYÊN TỬ	3951	N	ASP	156	-12,170	52,324	28,575	1,00118,91	L31H N
NGUYÊN TỬ	3952	CA	ASP	156	-13,519	52,392	29,120	1,00122,96	L31H C
NGUYÊN TỬ	3953	CB	ASP	156	-14,509	52,810	28,028	1,00123,77	L31H C
NGUYÊN TỬ	3954	CG	ASP	156	-15,840	53,254	28,589	1,00125,04	L31H C
NGUYÊN TỬ	3955	OD1	ASP	156	-16,106	54,475	28,587	1,00126,49	L31H O
NGUYÊN TỬ	3956	OD2	ASP	156	-16,619	52,382	29,031	1,00126,62	L31H O
NGUYÊN TỬ	3957	C	ASP	156	-13,885	51,016	29,676	1,00125,66	L31H C
NGUYÊN TỬ	3958	O	ASP	156	-13,474	50,653	30,779	1,00124,90	L31H O
NGUYÊN TỬ	3959	N	SER	157	-14,649	50,251	28,905	1,00129,31	L31H N
NGUYÊN TỬ	3960	CA	SER	157	-14,951	48,869	29,257	1,00133,75	L31H C
NGUYÊN TỬ	3961	CB	SER	157	-16,420	48,739	29,660	1,00133,49	L31H C
NGUYÊN TỬ	3962	OG	SER	157	-16,729	49,610	30,736	1,00132,03	L31H O
NGUYÊN TỬ	3963	C	SER	157	-14,651	47,984	28,055	1,00136,62	L31H C
NGUYÊN TỬ	3964	O	SER	157	-14,649	46,755	28,146	1,00137,92	L31H O
NGUYÊN TỬ	3965	N	SER	158	-14,401	48,632	26,923	1,00138,76	L31H N
NGUYÊN TỬ	3966	CA	SER	158	-13,950	47,944	25,725	1,00139,39	L31H C
NGUYÊN TỬ	3967	CB	SER	158	-14,216	48,808	24,492	1,00138,66	L31H C
NGUYÊN TỬ	3968	OG	SER	158	-15,557	49,263	24,468	1,00135,17	L31H O
NGUYÊN TỬ	3969	C	SER	158	-12,456	47,666	25,845	1,00140,86	L31H C
NGUYÊN TỬ	3970	O	SER	158	-11,651	48,583	26,018	1,00142,39	L31H O
NGUYÊN TỬ	3971	N	PRO	159	-12,071	46,386	25,760	1,00141,72	L31H N
NGUYÊN TỬ	3972	CD	PRO	159	-13,033	45,270	25,740	1,00142,52	L31H C
NGUYÊN TỬ	3973	CA	PRO	159	-10,681	45,914	25,858	1,00142,97	L31H C
NGUYÊN TỬ	3974	CB	PRO	159	-10,818	44,391	25,810	1,00142,77	L31H C
NGUYÊN TỬ	3975	CG	PRO	159	-12,225	44,122	26,262	1,00142,30	L31H C
NGUYÊN TỬ	3976	C	PRO	159	-9,746	46,433	24,755	1,00144,51	L31H C
NGUYÊN TỬ	3977	O	PRO	159	-9,762	45,930	23,629	1,00144,32	L31H O
NGUYÊN TỬ	3978	N	VAL	160	-8,920	47,423	25,088	1,00145,75	L31H N
NGUYÊN TỬ	3979	CA	VAL	160	-7,951	47,968	24,140	1,00146,54	L31H C
NGUYÊN TỬ	3980	CB	VAL	160	-7,373	49,294	24,640	1,00145,44	L31H C
NGUYÊN TỬ	3981	CG1	VAL	160	-6,897	49,139	26,068	1,00144,76	L31H C
NGUYÊN TỬ	3982	CG2	VAL	160	-6,214	49,715	23,754	1,00144,65	L31H C
NGUYÊN TỬ	3983	C	VAL	160	-6,786	47,017	23,892	1,00147,40	L31H C
NGUYÊN TỬ	3984	O	VAL	160	-6,278	46,393	24,820	1,00149,15	L31H O
NGUYÊN TỬ	3985	N	LYS	161	-6,360	46,921	22,637	1,00147,17	L31H N
NGUYÊN TỬ	3986	CA	LYS	161	-5,296	45,995	22,257	1,00146,00	L31H C
NGUYÊN TỬ	3987	CB	LYS	161	-5,794	45,039	21,166	1,00149,06	L31H C
NGUYÊN TỬ	3988	CG	LYS	161	-7,090	44,313	21,506	1,00152,58	L31H C
NGUYÊN TỬ	3989	CD	LYS	161	-6,931	43,408	22,719	1,00155,68	L31H C
NGUYÊN TỬ	3990	CE	LYS	161	-8,256	42,765	23,106	1,00157,97	L31H C
NGUYÊN TỬ	3991	NZ	LYS	161	-8,862	42,009	21,976	1,00159,35	L31H N
NGUYÊN TỬ	3992	C	LYS	161	-4,035	46,712	21,766	1,00143,65	L31H C
NGUYÊN TỬ	3993	O	LYS	161	-2,954	46,121	21,722	1,00142,97	L31H O
NGUYÊN TỬ	3994	N	ALA	162	-4,175	47,981	21,391	1,00141,12	L31H N
NGUYÊN TỬ	3995	CA	ALA	162	-3,054	48,748	20,855	1,00137,51	L31H C
NGUYÊN TỬ	3996	CB	ALA	162	-3,354	49,183	19,427	1,00139,76	L31H C
NGUYÊN TỬ	3997	C	ALA	162	-2,743	49,966	21,716	1,00134,24	L31H C
NGUYÊN TỬ	3998	O	ALA	162	-3,619	50,502	22,395	1,00132,85	L31H O
NGUYÊN TỬ	3999	N	GLY	163	-1,489	50,399	21,680	1,00130,13	L31H N
NGUYÊN TỬ	4000	CA	GLY	163	-1,082	51,547	22,469	1,00125,56	L31H C
NGUYÊN TỬ	4001	C	GLY	163	-0,547	51,148	23,829	1,00122,13	L31H C
NGUYÊN TỬ	4002	O	GLY	163	-0,385	51,983	24,719	1,00122,41	L31H O
NGUYÊN TỬ	4003	N	VAL	164	-0,274	49,859	23,989	1,00117,65	L31H N
NGUYÊN TỬ	4004	CA	VAL	164	0,178	49,329	25,264	1,00112,18	L31H C
NGUYÊN TỬ	4005	CB	VAL	164	-0,770	48,246	25,771	1,00111,56	L31H C
NGUYÊN TỬ	4006	CG1	VAL	164	-0,274	47,711	27,098	1,00110,84	L31H C
NGUYÊN TỬ	4007	CG2	VAL	164	-2,169	48,805	25,897	1,00110,72	L31H C
NGUYÊN TỬ	4008	C	VAL	164	1,563	48,721	25,145	1,00108,74	L31H C
NGUYÊN TỬ	4009	O	VAL	164	1,923	48,178	24,104	1,00109,80	L31H O
NGUYÊN TỬ	4010	N	GLU	165	2,340	48,810	26,214	1,00103,31	L31H N
NGUYÊN TỬ	4011	CA	GLU	165	3,605	48,099	26,271	1,00 97,93	L31H C
NGUYÊN TỬ	4012	CB	GLU	165	4,683	48,891	25,534	1,00 99,42	L31H C
NGUYÊN TỬ	4013	CG	GLU	165	5,841	48,038	25,045	1,00102,44	L31H C
NGUYÊN TỬ	4014	CD	GLU	165	6,165	48,284	23,583	1,00104,36	L31H C
NGUYÊN TỬ	4015	OE1	GLU	165	6,303	47,296	22,829	1,00105,42	L31H O
NGUYÊN TỬ	4016	OE2	GLU	165	6,281	49,467	23,191	1,00105,49	L31H O
NGUYÊN TỬ	4017	C	GLU	165	4,004	47,874	27,725	1,00 93,34	L31H C
NGUYÊN TỬ	4018	O	GLU	165	4,181	48,826	28,484	1,00 92,89	L31H O
NGUYÊN TỬ	4019	N	THR	166	4,132	46,610	28,113	1,00 87,51	L31H N
NGUYÊN TỬ	4020	CA	THR	166	4,417	46,263	29,498	1,00 82,22	L31H C
NGUYÊN TỬ	4021	CB	THR	166	3,504	45,138	29,970	1,00 79,71	L31H C
NGUYÊN TỬ	4022	OG1	THR	166	2,136	45,535	29,821	1,00 77,59	L31H O
NGUYÊN TỬ	4023	CG2	THR	166	3,784	44,814	31,415	1,00 78,67	L31H C
NGUYÊN TỬ	4024	C	THR	166	5,862	45,805	29,647	1,00 81,16	L31H C
NGUYÊN TỬ	4025	O	THR	166	6,469	45,332	28,687	1,00 81,15	L31H O
NGUYÊN TỬ	4026	N	THR	167	6,425	45,953	30,842	1,00 79,71	L31H N

NGUYÊN TỬ	4027	CA	THR	167	7,755	45,411	31,101	1,00	78,78	L31H C
NGUYÊN TỬ	4028	CB	THR	167	8,555	46,266	32,125	1,00	77,41	L31H C
NGUYÊN TỬ	4029	OG1	THR	167	7,949	46,166	33,418	1,00	75,88	L31H O
NGUYÊN TỬ	4030	CG2	THR	167	8,588	47,723	31,701	1,00	75,26	L31H C
NGUYÊN TỬ	4031	C	THR	167	7,640	43,990	31,650	1,00	79,22	L31H C
NGUYÊN TỬ	4032	O	THR	167	6,599	43,588	32,174	1,00	79,15	L31H O
NGUYÊN TỬ	4033	N	THR	168	8,714	43,226	31,515	1,00	79,89	L31H N
NGUYÊN TỬ	4034	CA	THR	168	8,823	41,965	32,220	1,00	80,51	L31H C
NGUYÊN TỬ	4035	CB	THR	168	9,904	41,072	31,594	1,00	80,02	L31H C
NGUYÊN TỬ	4036	OG1	THR	168	11,170	41,744	31,649	1,00	80,02	L31H O
NGUYÊN TỬ	4037	CG2	THR	168	9,553	40,758	30,139	1,00	78,70	L31H C
NGUYÊN TỬ	4038	C	THR	168	9,194	42,275	33,664	1,00	81,33	L31H C
NGUYÊN TỬ	4039	O	THR	168	10,021	43,149	33,937	1,00	80,31	L31H O
NGUYÊN TỬ	4040	N	PRO	169	8,570	41,565	34,609	1,00	82,60	L31H N
NGUYÊN TỬ	4041	CD	PRO	169	7,606	40,479	34,373	1,00	80,47	L31H C
NGUYÊN TỬ	4042	CA	PRO	169	8,725	41,854	36,035	1,00	85,29	L31H C
NGUYÊN TỬ	4043	CB	PRO	169	7,885	40,775	36,706	1,00	82,01	L31H C
NGUYÊN TỬ	4044	CG	PRO	169	6,876	40,399	35,673	1,00	79,24	L31H C
NGUYÊN TỬ	4045	C	PRO	169	10,179	41,824	36,483	1,00	89,48	L31H C
NGUYÊN TỬ	4046	O	PRO	169	11,051	41,286	35,797	1,00	91,81	L31H O
NGUYÊN TỬ	4047	N	SER	170	10,437	42,412	37,642	1,00	92,27	L31H N
NGUYÊN TỬ	4048	CA	SER	170	11,800	42,582	38,105	1,00	94,31	L31H C
NGUYÊN TỬ	4049	CB	SER	170	12,258	44,010	37,807	1,00	94,07	L31H C
NGUYÊN TỬ	4050	OG	SER	170	13,452	44,326	38,498	1,00	89,69	L31H O
NGUYÊN TỬ	4051	C	SER	170	11,886	42,300	39,596	1,00	96,61	L31H C
NGUYÊN TỬ	4052	O	SER	170	10,964	42,609	40,347	1,00	97,99	L31H O
NGUYÊN TỬ	4053	N	LYS	171	12,996	41,707	40,020	1,00	98,61	L31H N
NGUYÊN TỬ	4054	CA	LYS	171	13,235	41,485	41,439	1,00	99,91	L31H C
NGUYÊN TỬ	4055	CB	LYS	171	14,609	40,856	41,664	1,00	100,64	L31H C
NGUYÊN TỬ	4056	CG	LYS	171	14,768	39,457	41,092	1,00	103,49	L31H C
NGUYÊN TỬ	4057	CD	LYS	171	14,183	38,400	42,018	1,00	108,13	L31H C
NGUYÊN TỬ	4058	CE	LYS	171	14,654	37,002	41,624	1,00	111,94	L31H C
NGUYÊN TỬ	4059	NZ	LYS	171	14,016	35,924	42,438	1,00	117,51	L31H N
NGUYÊN TỬ	4060	C	LYS	171	13,173	42,814	42,164	1,00	99,93	L31H C
NGUYÊN TỬ	4061	O	LYS	171	13,773	43,791	41,727	1,00	99,84	L31H O
NGUYÊN TỬ	4062	N	GLN	172	12,443	42,848	43,271	1,00	100,47	L31H N
NGUYÊN TỬ	4063	CA	GLN	172	12,382	44,039	44,101	1,00	101,48	L31H C
NGUYÊN TỬ	4064	CB	GLN	172	11,002	44,178	44,740	1,00	98,99	L31H C
NGUYÊN TỬ	4065	CG	GLN	172	9,949	44,798	43,840	1,00	94,44	L31H C
NGUYÊN TỬ	4066	CD	GLN	172	8,802	45,394	44,630	1,00	91,26	L31H C
NGUYÊN TỬ	4067	OE1	GLN	172	7,771	44,757	44,825	1,00	89,71	L31H O
NGUYÊN TỬ	4068	NE2	GLN	172	8,980	46,626	45,093	1,00	89,08	L31H N
NGUYÊN TỬ	4069	C	GLN	172	13,436	43,996	45,196	1,00	103,90	L31H C
NGUYÊN TỬ	4070	O	GLN	172	13,942	42,926	45,546	1,00	104,53	L31H O
NGUYÊN TỬ	4071	N	SER	173	13,763	45,167	45,735	1,00	106,09	L31H N
NGUYÊN TỬ	4072	CA	SER	173	14,639	45,244	46,892	1,00	107,30	L31H C
NGUYÊN TỬ	4073	CB	SER	173	14,693	46,685	47,431	1,00	108,22	L31H C
NGUYÊN TỬ	4074	OG	SER	173	13,400	47,231	47,635	1,00	109,67	L31H O
NGUYÊN TỬ	4075	C	SER	173	14,121	44,284	47,960	1,00	107,59	L31H C
NGUYÊN TỬ	4076	O	SER	173	14,899	43,592	48,609	1,00	107,41	L31H O
NGUYÊN TỬ	4077	N	ASN	174	12,802	44,221	48,118	1,00	108,22	L31H N
NGUYÊN TỬ	4078	CA	ASN	174	12,195	43,317	49,091	1,00	109,03	L31H C
NGUYÊN TỬ	4079	CB	ASN	174	10,791	43,792	49,460	1,00	111,08	L31H C
NGUYÊN TỬ	4080	CG	ASN	174	9,730	43,232	48,535	1,00	113,10	L31H C
NGUYÊN TỬ	4081	OD1	ASN	174	9,974	43,021	47,348	1,00	114,08	L31H O
NGUYÊN TỬ	4082	ND2	ASN	174	8,542	42,986	49,077	1,00	114,85	L31H N
NGUYÊN TỬ	4083	C	ASN	174	12,115	41,888	48,559	1,00	108,23	L31H C
NGUYÊN TỬ	4084	O	ASN	174	11,580	41,004	49,227	1,00	108,50	L31H O
NGUYÊN TỬ	4085	N	ASN	175	12,624	41,672	47,350	1,00	106,34	L31H N
NGUYÊN TỬ	4086	CA	ASN	175	12,779	40,328	46,804	1,00	103,04	L31H C
NGUYÊN TỬ	4087	CB	ASN	175	13,367	39,407	47,868	1,00	105,63	L31H C
NGUYÊN TỬ	4088	CG	ASN	175	13,858	38,101	47,294	1,00	108,23	L31H C
NGUYÊN TỬ	4089	OD1	ASN	175	13,064	37,240	46,912	1,00	110,12	L31H O
NGUYÊN TỬ	4090	ND2	ASN	175	15,175	37,942	47,226	1,00	108,79	L31H N
NGUYÊN TỬ	4091	C	ASN	175	11,488	39,719	46,243	1,00	98,67	L31H C
NGUYÊN TỬ	4092	O	ASN	175	11,485	38,590	45,754	1,00	98,94	L31H O
NGUYÊN TỬ	4093	N	LYS	176	10,391	40,467	46,316	1,00	92,52	L31H N
NGUYÊN TỬ	4094	CA	LYS	176	9,232	40,193	45,467	1,00	84,85	L31H C
NGUYÊN TỬ	4095	CB	LYS	176	7,957	40,777	46,076	1,00	82,79	L31H C
NGUYÊN TỬ	4096	CG	LYS	176	7,607	40,260	47,446	1,00	78,63	L31H C
NGUYÊN TỬ	4097	CD	LYS	176	6,213	40,708	47,808	1,00	76,31	L31H C
NGUYÊN TỬ	4098	CE	LYS	176	5,944	40,605	49,289	1,00	74,93	L31H C
NGUYÊN TỬ	4099	NZ	LYS	176	4,626	41,208	49,610	1,00	73,02	L31H N
NGUYÊN TỬ	4100	C	LYS	176	9,475	40,837	44,101	1,00	81,53	L31H C
NGUYÊN TỬ	4101	O	LYS	176	10,603	41,215	43,777	1,00	79,55	L31H O
NGUYÊN TỬ	4102	N	TYR	177	8,422	40,980	43,303	1,00	78,56	L31H N

NGUYÊN TỬ	4103	CA	TYR	177	8,594	41,559	41,979	1,00	75,70	L31H C
NGUYÊN TỬ	4104	CB	TYR	177	8,269	40,518	40,916	1,00	75,16	L31H C
NGUYÊN TỬ	4105	CG	TYR	177	9,271	39,394	40,898	1,00	76,26	L31H C
NGUYÊN TỬ	4106	CD1	TYR	177	10,276	39,349	39,948	1,00	75,58	L31H C
NGUYÊN TỬ	4107	CE1	TYR	177	11,193	38,328	39,940	1,00	76,47	L31H C
NGUYÊN TỬ	4108	CD2	TYR	177	9,216	38,380	41,843	1,00	76,97	L31H C
NGUYÊN TỬ	4109	CE2	TYR	177	10,126	37,357	41,839	1,00	76,87	L31H C
NGUYÊN TỬ	4110	CZ	TYR	177	11,110	37,333	40,888	1,00	76,76	L31H C
NGUYÊN TỬ	4111	OH	TYR	177	12,005	36,293	40,877	1,00	79,13	L31H O
NGUYÊN TỬ	4112	C	TYR	177	7,812	42,834	41,716	1,00	73,16	L31H C
NGUYÊN TỬ	4113	O	TYR	177	6,801	43,111	42,357	1,00	73,48	L31H O
NGUYÊN TỬ	4114	N	ALA	178	8,318	43,607	40,762	1,00	69,40	L31H N
NGUYÊN TỬ	4115	CA	ALA	178	7,723	44,872	40,352	1,00	65,29	L31H C
NGUYÊN TỬ	4116	CB	ALA	178	8,625	46,036	40,787	1,00	64,49	L31H C
NGUYÊN TỬ	4117	C	ALA	178	7,592	44,852	38,833	1,00	62,74	L31H C
NGUYÊN TỬ	4118	O	ALA	178	8,361	44,165	38,156	1,00	62,95	L31H O
NGUYÊN TỬ	4119	N	ALA	179	6,626	45,596	38,303	1,00	59,52	L31H N
NGUYÊN TỬ	4120	CA	ALA	179	6,476	45,723	36,858	1,00	57,65	L31H C
NGUYÊN TỬ	4121	CB	ALA	179	5,974	44,401	36,267	1,00	57,21	L31H C
NGUYÊN TỬ	4122	C	ALA	179	5,532	46,863	36,473	1,00	56,23	L31H C
NGUYÊN TỬ	4123	O	ALA	179	4,528	47,116	37,144	1,00	56,72	L31H O
NGUYÊN TỬ	4124	N	SER	180	5,854	47,546	35,384	1,00	53,90	L31H N
NGUYÊN TỬ	4125	CA	SER	180	5,019	48,640	34,912	1,00	53,09	L31H C
NGUYÊN TỬ	4126	CB	SER	180	5,809	49,954	34,967	1,00	51,19	L31H C
NGUYÊN TỬ	4127	OG	SER	180	7,114	49,791	34,444	1,00	48,03	L31H O
NGUYÊN TỬ	4128	C	SER	180	4,470	48,407	33,501	1,00	53,56	L31H C
NGUYÊN TỬ	4129	O	SER	180	5,167	47,884	32,629	1,00	52,95	L31H O
NGUYÊN TỬ	4130	N	SER	181	3,216	48,796	33,288	1,00	53,75	L31H N
NGUYÊN TỬ	4131	CA	SER	181	2,627	48,783	31,956	1,00	56,72	L31H C
NGUYÊN TỬ	4132	CB	SER	181	1,489	47,762	31,910	1,00	58,34	L31H C
NGUYÊN TỬ	4133	OG	SER	181	1,028	47,549	30,587	1,00	61,46	L31H O
NGUYÊN TỬ	4134	C	SER	181	2,091	50,181	31,607	1,00	58,40	L31H C
NGUYÊN TỬ	4135	O	SER	181	1,392	50,804	32,417	1,00	58,88	L31H O
NGUYÊN TỬ	4136	N	TYR	182	2,415	50,674	30,410	1,00	59,24	L31H N
NGUYÊN TỬ	4137	CA	TYR	182	1,992	52,020	29,994	1,00	60,58	L31H C
NGUYÊN TỬ	4138	CB	TYR	182	3,190	52,839	29,526	1,00	59,97	L31H C
NGUYÊN TỬ	4139	CG	TYR	182	4,257	53,031	30,567	1,00	61,07	L31H C
NGUYÊN TỬ	4140	CD1	TYR	182	5,161	52,024	30,852	1,00	61,25	L31H C
NGUYÊN TỬ	4141	CE1	TYR	182	6,159	52,208	31,783	1,00	63,96	L31H C
NGUYÊN TỬ	4142	CD2	TYR	182	4,377	54,231	31,243	1,00	62,41	L31H C
NGUYÊN TỬ	4143	CE2	TYR	182	5,369	54,430	32,177	1,00	64,17	L31H C
NGUYÊN TỬ	4144	CZ	TYR	182	6,264	53,417	32,449	1,00	65,02	L31H C
NGUYÊN TỬ	4145	OH	TYR	182	7,264	53,619	33,386	1,00	64,46	L31H O
NGUYÊN TỬ	4146	C	TYR	182	0,971	51,977	28,863	1,00	61,39	L31H C
NGUYÊN TỬ	4147	O	TYR	182	1,008	51,070	28,025	1,00	61,61	L31H O
NGUYÊN TỬ	4148	N	LEU	183	0,077	52,965	28,831	1,00	61,88	L31H N
NGUYÊN TỬ	4149	CA	LEU	183	-0,935	53,053	27,777	1,00	63,70	L31H C
NGUYÊN TỬ	4150	CB	LEU	183	-2,328	52,847	28,354	1,00	62,49	L31H C
NGUYÊN TỬ	4151	CG	LEU	183	-3,392	52,953	27,265	1,00	61,82	L31H C
NGUYÊN TỬ	4152	CD1	LEU	183	-2,992	52,064	26,097	1,00	60,30	L31H C
NGUYÊN TỬ	4153	CD2	LEU	183	-4,749	52,545	27,815	1,00	63,19	L31H C
NGUYÊN TỬ	4154	C	LEU	183	-0,930	54,384	27,044	1,00	65,27	L31H C
NGUYÊN TỬ	4155	O	LEU	183	-1,397	55,384	27,587	1,00	66,49	L31H O
NGUYÊN TỬ	4156	N	SER	184	-0,439	54,390	25,805	1,00	66,26	L31H N
NGUYÊN TỬ	4157	CA	SER	184	-0,326	55,629	25,029	1,00	65,98	L31H C
NGUYÊN TỬ	4158	CB	SER	184	0,806	55,524	23,999	1,00	64,96	L31H C
NGUYÊN TỬ	4159	OG	SER	184	2,085	55,477	24,613	1,00	60,60	L31H O
NGUYÊN TỬ	4160	C	SER	184	-1,611	55,993	24,299	1,00	66,76	L31H C
NGUYÊN TỬ	4161	O	SER	184	-2,030	55,295	23,379	1,00	67,45	L31H O
NGUYÊN TỬ	4162	N	LEU	185	-2,217	57,104	24,705	1,00	67,44	L31H N
NGUYÊN TỬ	4163	CA	LEU	185	-3,396	57,644	24,035	1,00	66,92	L31H C
NGUYÊN TỬ	4164	CB	LEU	185	-4,493	57,932	25,054	1,00	65,96	L31H C
NGUYÊN TỬ	4165	CG	LEU	185	-5,146	56,727	25,720	1,00	65,79	L31H C
NGUYÊN TỬ	4166	CD1	LEU	185	-6,109	57,201	26,794	1,00	65,42	L31H C
NGUYÊN TỬ	4167	CD2	LEU	185	-5,871	55,903	24,673	1,00	66,19	L31H C
NGUYÊN TỬ	4168	C	LEU	185	-3,103	58,930	23,262	1,00	67,86	L31H C
NGUYÊN TỬ	4169	O	LEU	185	-1,968	59,419	23,227	1,00	66,43	L31H O
NGUYÊN TỬ	4170	N	THR	186	-4,149	59,461	22,637	1,00	69,39	L31H N
NGUYÊN TỬ	4171	CA	THR	186	-4,165	60,833	22,143	1,00	70,50	L31H C
NGUYÊN TỬ	4172	CB	THR	186	-4,752	60,912	20,739	1,00	71,20	L31H C
NGUYÊN TỬ	4173	OG1	THR	186	-6,127	60,504	20,780	1,00	73,03	L31H O
NGUYÊN TỬ	4174	CG2	THR	186	-3,981	60,006	19,792	1,00	70,92	L31H C
NGUYÊN TỬ	4175	C	THR	186	-5,093	61,591	23,071	1,00	72,25	L31H C
NGUYÊN TỬ	4176	O	THR	186	-6,005	61,002	23,648	1,00	71,28	L31H O
NGUYÊN TỬ	4177	N	PRO	187	-4,882	62,907	23,227	1,00	74,63	L31H N
NGUYÊN TỬ	4178	CD	PRO	187	-3,868	63,776	22,607	1,00	75,83	L31H C

NGUYÊN TỬ	4179	CA	PRO	187	-5,702	63,639	24,193	1,00 77,83	L31H C
NGUYÊN TỬ	4180	CB	PRO	187	-5,257	65,091	24,016	1,00 76,66	L31H C
NGUYÊN TỬ	4181	CG	PRO	187	-3,865	64,986	23,509	1,00 75,65	L31H C
NGUYÊN TỬ	4182	C	PRO	187	-7,183	63,447	23,912	1,00 81,70	L31H C
NGUYÊN TỬ	4183	O	PRO	187	-7,983	63,246	24,828	1,00 82,51	L31H O
NGUYÊN TỬ	4184	N	GLU	188	-7,546	63,487	22,638	1,00 86,40	L31H N
NGUYÊN TỬ	4185	CA	GLU	188	-8,949	63,405	22,266	1,00 90,69	L31H C
NGUYÊN TỬ	4186	CB	GLU	188	-9,095	63,677	20,764	1,00 93,16	L31H C
NGUYÊN TỬ	4187	CG	GLU	188	-8,586	65,065	20,335	1,00 96,35	L31H C
NGUYÊN TỬ	4188	CD	GLU	188	-7,112	65,069	19,929	1,00 98,21	L31H C
NGUYÊN TỬ	4189	OE1	GLU	188	-6,420	66,079	20,197	1,00 98,38	L31H O
NGUYÊN TỬ	4190	OE2	GLU	188	-6,648	64,066	19,337	1,00 99,43	L31H O
NGUYÊN TỬ	4191	C	GLU	188	-9,540	62,037	22,646	1,00 91,37	L31H C
NGUYÊN TỬ	4192	O	GLU	188	-10,648	61,957	23,185	1,00 91,61	L31H O
NGUYÊN TỬ	4193	N	GLN	189	-8,790	60,969	22,385	1,00 91,22	L31H N
NGUYÊN TỬ	4194	CA	GLN	189	-9,160	59,642	22,872	1,00 90,89	L31H C
NGUYÊN TỬ	4195	CB	GLN	189	-8,070	58,625	22,520	1,00 90,99	L31H C
NGUYÊN TỬ	4196	CG	GLN	189	-8,070	58,177	21,077	1,00 92,41	L31H C
NGUYÊN TỬ	4197	CD	GLN	189	-7,153	56,987	20,842	1,00 94,60	L31H C
NGUYÊN TỬ	4198	OE1	GLN	189	-5,963	57,035	21,157	1,00 96,03	L31H O
NGUYÊN TỬ	4199	NE2	GLN	189	-7,706	55,910	20,285	1,00 95,79	L31H N
NGUYÊN TỬ	4200	C	GLN	189	-9,364	59,655	24,390	1,00 91,43	L31H C
NGUYÊN TỬ	4201	O	GLN	189	-10,352	59,129	24,900	1,00 90,47	L31H O
NGUYÊN TỬ	4202	N	TRP	190	-8,419	60,263	25,101	1,00 92,68	L31H N
NGUYÊN TỬ	4203	CA	TRP	190	-8,422	60,283	26,559	1,00 93,50	L31H C
NGUYÊN TỬ	4204	CB	TRP	190	-7,126	60,914	27,068	1,00 89,68	L31H C
NGUYÊN TỬ	4205	CG	TRP	190	-7,192	61,346	28,504	1,00 84,95	L31H C
NGUYÊN TỬ	4206	CD2	TRP	190	-7,416	60,504	29,642	1,00 81,90	L31H C
NGUYÊN TỬ	4207	CE2	TRP	190	-7,386	61,329	30,781	1,00 80,42	L31H C
NGUYÊN TỬ	4208	CE3	TRP	190	-7,637	59,132	29,806	1,00 79,74	L31H C
NGUYÊN TỬ	4209	CD1	TRP	190	-7,042	62,613	28,988	1,00 82,64	L31H C
NGUYÊN TỬ	4210	NE1	TRP	190	-7,157	62,611	30,355	1,00 81,46	L31H N
NGUYÊN TỬ	4211	CZ2	TRP	190	-7,570	60,826	32,068	1,00 78,89	L31H C
NGUYÊN TỬ	4212	CZ3	TRP	190	-7,818	58,637	31,081	1,00 77,91	L31H C
NGUYÊN TỬ	4213	CH2	TRP	190	-7,783	59,482	32,195	1,00 78,15	L31H C
NGUYÊN TỬ	4214	C	TRP	190	-9,610	61,045	27,135	1,00 96,42	L31H C
NGUYÊN TỬ	4215	O	TRP	190	-10,117	60,709	28,210	1,00 97,82	L31H O
NGUYÊN TỬ	4216	N	LYS	191	-10,047	62,077	26,422	1,00 98,25	L31H N
NGUYÊN TỬ	4217	CA	LYS	191	-11,203	62,852	26,846	1,00100,49	L31H C
NGUYÊN TỬ	4218	CB	LYS	191	-11,041	64,311	26,415	1,00101,18	L31H C
NGUYÊN TỬ	4219	CG	LYS	191	-9,788	64,978	26,969	1,00102,90	L31H C
NGUYÊN TỬ	4220	CD	LYS	191	-9,867	66,503	26,892	1,00106,93	L31H C
NGUYÊN TỬ	4221	CE	LYS	191	-9,818	67,013	25,448	1,00110,65	L31H C
NGUYÊN TỬ	4222	NZ	LYS	191	-8,442	67,022	24,860	1,00114,77	L31H N
NGUYÊN TỬ	4223	C	LYS	191	-12,477	62,266	26,249	1,00102,09	L31H C
NGUYÊN TỬ	4224	O	LYS	191	-13,582	62,683	26,591	1,00101,51	L31H O
NGUYÊN TỬ	4225	N	SER	192	-12,306	61,287	25,363	1,00104,72	L31H N
NGUYÊN TỬ	4226	CA	SER	192	-13,417	60,682	24,629	1,00106,72	L31H C
NGUYÊN TỬ	4227	CB	SER	192	-12,921	60,124	23,295	1,00106,20	L31H C
NGUYÊN TỬ	4228	OG	SER	192	-13,778	59,094	22,834	1,00104,28	L31H O
NGUYÊN TỬ	4229	C	SER	192	-14,151	59,571	25,381	1,00108,14	L31H C
NGUYÊN TỬ	4230	O	SER	192	-15,380	59,490	25,333	1,00109,03	L31H O
NGUYÊN TỬ	4231	N	HIS	193	-13,398	58,708	26,057	1,00109,30	L31H N
NGUYÊN TỬ	4232	CA	HIS	193	-13,983	57,583	26,780	1,00111,11	L31H C
NGUYÊN TỬ	4233	CB	HIS	193	-12,986	56,425	26,830	1,00111,11	L31H C
NGUYÊN TỬ	4234	CG	HIS	193	-12,560	55,939	25,476	1,00111,14	L31H C
NGUYÊN TỬ	4235	CD2	HIS	193	-12,706	54,734	24,873	1,00111,10	L31H C
NGUYÊN TỬ	4236	ND1	HIS	193	-11,882	56,736	24,578	1,00111,45	L31H N
NGUYÊN TỬ	4237	CE1	HIS	193	-11,629	56,044	23,480	1,00111,53	L31H C
NGUYÊN TỬ	4238	NE2	HIS	193	-12,118	54,826	23,634	1,00111,26	L31H N
NGUYÊN TỬ	4239	C	HIS	193	-14,397	57,990	28,195	1,00113,91	L31H C
NGUYÊN TỬ	4240	O	HIS	193	-14,072	59,088	28,655	1,00111,98	L31H O
NGUYÊN TỬ	4241	N	ARG	194	-15,127	57,112	28,878	1,00118,43	L31H N
NGUYÊN TỬ	4242	CA	ARG	194	-15,711	57,466	30,168	1,00123,44	L31H C
NGUYÊN TỬ	4243	CB	ARG	194	-16,983	56,645	30,416	1,00125,26	L31H C
NGUYÊN TỬ	4244	CG	ARG	194	-18,237	57,237	29,774	1,00128,96	L31H C
NGUYÊN TỬ	4245	CD	ARG	194	-18,480	58,659	30,274	1,00132,25	L31H C
NGUYÊN TỬ	4246	NE	ARG	194	-19,711	59,247	29,752	1,00136,13	L31H N
NGUYÊN TỬ	4247	CZ	ARG	194	-20,074	60,510	29,952	1,00138,35	L31H C
NGUYÊN TỬ	4248	NH1	ARG	194	-21,209	60,967	29,442	1,00140,09	L31H N
NGUYÊN TỬ	4249	NH2	ARG	194	-19,300	61,319	30,662	1,00140,23	L31H N
NGUYÊN TỬ	4250	C	ARG	194	-14,728	57,273	31,315	1,00124,67	L31H C
NGUYÊN TỬ	4251	O	ARG	194	-14,760	58,008	32,304	1,00126,55	L31H O
NGUYÊN TỬ	4252	N	SER	195	-13,850	56,287	31,169	1,00124,75	L31H N
NGUYÊN TỬ	4253	CA	SER	195	-12,792	56,039	32,144	1,00123,68	L31H C
NGUYÊN TỬ	4254	CB	SER	195	-13,382	55,629	33,485	1,00124,49	L31H C

NGUYÊN TỬ	4255	OG	SER	195	-13,668	54,242	33,477	1,00123,08	L31H O
NGUYÊN TỬ	4256	C	SER	195	-11,930	54,900	31,638	1,00122,61	L31H C
NGUYÊN TỬ	4257	O	SER	195	-12,385	54,081	30,847	1,00121,79	L31H O
NGUYÊN TỬ	4258	N	TYR	196	-10,690	54,840	32,105	1,00122,31	L31H N
NGUYÊN TỬ	4259	CA	TYR	196	-9,808	53,740	31,740	1,00122,26	L31H C
NGUYÊN TỬ	4260	CB	TYR	196	-8,525	54,277	31,096	1,00126,23	L31H C
NGUYÊN TỬ	4261	CG	TYR	196	-8,693	54,755	29,663	1,00130,75	L31H C
NGUYÊN TỬ	4262	CD1	TYR	196	-8,219	53,997	28,596	1,00132,15	L31H C
NGUYÊN TỬ	4263	CE1	TYR	196	-8,356	54,434	27,290	1,00134,17	L31H C
NGUYÊN TỬ	4264	CD2	TYR	196	-9,316	55,968	29,378	1,00132,83	L31H C
NGUYÊN TỬ	4265	CE2	TYR	196	-9,457	56,411	28,073	1,00134,67	L31H C
NGUYÊN TỬ	4266	CZ	TYR	196	-8,974	55,641	27,036	1,00134,93	L31H C
NGUYÊN TỬ	4267	OH	TYR	196	-9,100	56,086	25,742	1,00136,58	L31H O
NGUYÊN TỬ	4268	C	TYR	196	-9,463	52,899	32,957	1,00119,64	L31H C
NGUYÊN TỬ	4269	O	TYR	196	-9,385	53,410	34,073	1,00119,26	L31H O
NGUYÊN TỬ	4270	N	SER	197	-9,265	51,604	32,735	1,00116,33	L31H N
NGUYÊN TỬ	4271	CA	SER	197	-8,875	50,705	33,812	1,00112,39	L31H C
NGUYÊN TỬ	4272	CB	SER	197	-10,025	49,765	34,160	1,00112,14	L31H C
NGUYÊN TỬ	4273	OG	SER	197	-11,131	50,498	34,647	1,00111,27	L31H O
NGUYÊN TỬ	4274	C	SER	197	-7,650	49,882	33,461	1,00109,10	L31H C
NGUYÊN TỬ	4275	O	SER	197	-7,510	49,400	32,337	1,00110,35	L31H O
NGUYÊN TỬ	4276	N	CYS	198	-6,763	49,728	34,437	1,00103,72	L31H N
NGUYÊN TỬ	4277	CA	CYS	198	-5,640	48,814	34,309	1,00 98,46	L31H C
NGUYÊN TỬ	4278	C	CYS	198	-5,983	47,497	35,017	1,00 98,24	L31H C
NGUYÊN TỬ	4279	O	CYS	198	-6,588	47,506	36,093	1,00 96,63	L31H O
NGUYÊN TỬ	4280	CB	CYS	198	-4,387	49,441	34,923	1,00 94,19	L31H C
NGUYÊN TỬ	4281	SG	CYS	198	-2,880	48,471	34,620	1,00 88,73	L31H S
NGUYÊN TỬ	4282	N	GLN	199	-5,613	46,368	34,412	1,00 98,30	L31H N
NGUYÊN TỬ	4283	CA	GLN	199	-5,964	45,059	34,964	1,00 98,37	L31H C
NGUYÊN TỬ	4284	CB	GLN	199	-7,214	44,521	34,279	1,00 97,13	L31H C
NGUYÊN TỬ	4285	CG	GLN	199	-8,459	45,312	34,584	1,00 95,47	L31H C
NGUYÊN TỬ	4286	CD	GLN	199	-9,671	44,731	33,914	1,00 93,77	L31H C
NGUYÊN TỬ	4287	OE1	GLN	199	-9,569	43,761	33,165	1,00 91,94	L31H O
NGUYÊN TỬ	4288	NE2	GLN	199	-10,831	45,320	34,176	1,00 93,03	L31H N
NGUYÊN TỬ	4289	C	GLN	199	-4,852	44,027	34,845	1,00 99,27	L31H C
NGUYÊN TỬ	4290	O	GLN	199	-4,604	43,481	33,766	1,00 99,69	L31H O
NGUYÊN TỬ	4291	N	VAL	200	-4,197	43,748	35,967	1,00 99,34	L31H N
NGUYÊN TỬ	4292	CA	VAL	200	-3,076	42,820	35,983	1,00 99,87	L31H C
NGUYÊN TỬ	4293	CB	VAL	200	-1,931	43,346	36,881	1,00101,07	L31H C
NGUYÊN TỬ	4294	CG1	VAL	200	-0,764	42,369	36,866	1,00100,65	L31H C
NGUYÊN TỬ	4295	CG2	VAL	200	-1,484	44,716	36,398	1,00101,41	L31H C
NGUYÊN TỬ	4296	C	VAL	200	-3,496	41,434	36,467	1,00 99,94	L31H C
NGUYÊN TỬ	4297	O	VAL	200	-4,264	41,295	37,418	1,00 98,21	L31H O
NGUYÊN TỬ	4298	N	THR	201	-2,984	40,410	35,798	1,00101,27	L31H N
NGUYÊN TỬ	4299	CA	THR	201	-3,321	39,039	36,125	1,00103,26	L31H C
NGUYÊN TỬ	4300	CB	THR	201	-3,668	38,261	34,848	1,00103,65	L31H C
NGUYÊN TỬ	4301	OG1	THR	201	-4,591	39,028	34,060	1,00105,27	L31H O
NGUYÊN TỬ	4302	CG2	THR	201	-4,292	36,918	35,195	1,00104,43	L31H C
NGUYÊN TỬ	4303	C	THR	201	-2,121	38,383	36,808	1,00105,17	L31H C
NGUYÊN TỬ	4304	O	THR	201	-1,079	38,181	36,185	1,00104,71	L31H O
NGUYÊN TỬ	4305	N	HIS	202	-2,265	38,070	38,094	1,00107,14	L31H N
NGUYÊN TỬ	4306	CA	HIS	202	-1,243	37,316	38,819	1,00109,43	L31H C
NGUYÊN TỬ	4307	CB	HIS	202	-0,565	38,188	39,877	1,00107,76	L31H C
NGUYÊN TỬ	4308	CG	HIS	202	0,532	37,488	40,622	1,00105,81	L31H C
NGUYÊN TỬ	4309	CD2	HIS	202	1,730	37,012	40,206	1,00104,55	L31H C
NGUYÊN TỬ	4310	ND1	HIS	202	0,460	37,210	41,970	1,00104,95	L31H N
NGUYÊN TỬ	4311	CE1	HIS	202	1,566	36,595	42,352	1,00104,13	L31H C
NGUYÊN TỬ	4312	NE2	HIS	202	2,353	36,464	41,300	1,00103,58	L31H N
NGUYÊN TỬ	4313	C	HIS	202	-1,856	36,104	39,500	1,00112,26	L31H C
NGUYÊN TỬ	4314	O	HIS	202	-2,775	36,239	40,307	1,00112,96	L31H O
NGUYÊN TỬ	4315	N	GLU	203	-1,337	34,924	39,172	1,00115,35	L31H N
NGUYÊN TỬ	4316	CA	GLU	203	-1,795	33,681	39,780	1,00117,88	L31H C
NGUYÊN TỬ	4317	CB	GLU	203	-1,393	33,627	41,258	1,00119,01	L31H C
NGUYÊN TỬ	4318	CG	GLU	203	0,065	33,274	41,501	1,00120,93	L31H C
NGUYÊN TỬ	4319	CD	GLU	203	0,423	31,886	40,997	1,00122,12	L31H C
NGUYÊN TỬ	4320	OE1	GLU	203	0,839	31,036	41,814	1,00122,96	L31H O
NGUYÊN TỬ	4321	OE2	GLU	203	0,288	31,641	39,780	1,00122,34	L31H O
NGUYÊN TỬ	4322	C	GLU	203	-3,302	33,509	39,658	1,00118,66	L31H C
NGUYÊN TỬ	4323	O	GLU	203	-3,943	32,972	40,561	1,00119,67	L31H O
NGUYÊN TỬ	4324	N	GLY	203	-3,866	33,967	38,543	1,00118,23	L31H N
NGUYÊN TỬ	4325	CA	GLY	203	-5,292	33,802	38,312	1,00116,73	L31H C
NGUYÊN TỬ	4326	C	GLY	203	-6,158	34,822	39,031	1,00116,04	L31H C
NGUYÊN TỬ	4327	O	GLY	203	-7,383	34,772	38,938	1,00115,24	L31H O
NGUYÊN TỬ	4328	N	SER	205	-5,522	35,741	39,755	1,00116,14	L31H N
NGUYÊN TỬ	4329	CA	SER	205	-6,219	36,869	40,372	1,00116,01	L31H C
NGUYÊN TỬ	4330	CB	SER	205	-5,801	37,024	41,837	1,00115,22	L31H C

```
NGUYÊN TỬ   4331  OG  SER   205      -6,212  35,913  42,612  1,00112,64      L31H O
NGUYÊN TỬ   4332  C   SER   205      -5,890  38,153  39,623  1,00115,80      L31H C
NGUYÊN TỬ   4333  O   SER   205      -4,725  38,435  39,347  1,00116,83      L31H O
NGUYÊN TỬ   4334  N   THR   206      -6,920  38,930  39,299  1,00114,25      L31H N
NGUYÊN TỬ   4335  CA  THR   206      -6,726  40,193  38,598  1,00111,42      L31H C
NGUYÊN TỬ   4336  CB  THR   206      -7,560  40,258  37,306  1,00109,53      L31H C
NGUYÊN TỬ   4337  OG1 THR   206      -7,060  39,302  36,364  1,00105,70      L31H O
NGUYÊN TỬ   4338  CG2 THR   206      -7,481  41,646  36,694  1,00107,19      L31H C
NGUYÊN TỬ   4339  C   THR   206      -7,062  41,408  39,447  1,00110,26      L31H C
NGUYÊN TỬ   4340  O   THR   206      -8,218  41,640  39,801  1,00110,98      L31H O
NGUYÊN TỬ   4341  N   VAL   207      -6,031  42,182  39,765  1,00108,60      L31H N
NGUYÊN TỬ   4342  CA  VAL   207      -6,202  43,479  40,402  1,00107,27      L31H C
NGUYÊN TỬ   4343  CB  VAL   207      -4,883  43,963  41,054  1,00106,79      L31H C
NGUYÊN TỬ   4344  CG1 VAL   207      -5,067  45,355  41,615  1,00106,40      L31H C
NGUYÊN TỬ   4345  CG2 VAL   207      -4,455  43,010  42,157  1,00105,72      L31H C
NGUYÊN TỬ   4346  C   VAL   207      -6,606  44,480  39,331  1,00106,10      L31H C
NGUYÊN TỬ   4347  O   VAL   207      -6,032  44,488  38,242  1,00105,64      L31H O
NGUYÊN TỬ   4348  N   GLU   208      -7,595  45,315  39,638  1,00105,37      L31H N
NGUYÊN TỬ   4349  CA  GLU   208      -8,014  46,370  38,721  1,00104,39      L31H C
NGUYÊN TỬ   4350  CB  GLU   208      -9,452  46,134  38,250  1,00104,64      L31H C
NGUYÊN TỬ   4351  CG  GLU   208      -9,922  47,115  37,182  1,00106,41      L31H C
NGUYÊN TỬ   4352  CD  GLU   208     -11,408  47,442  37,281  1,00107,65      L31H C
NGUYÊN TỬ   4353  OE1 GLU   208     -12,221  46,736  36,646  1,00108,81      L31H O
NGUYÊN TỬ   4354  OE2 GLU   208     -11,758  48,411  37,990  1,00107,97      L31H O
NGUYÊN TỬ   4355  C   GLU   208      -7,915  47,733  39,397  1,00103,40      L31H C
NGUYÊN TỬ   4356  O   GLU   208      -8,078  47,843  40,611  1,00103,44      L31H O
NGUYÊN TỬ   4357  N   LYS   209      -7,632  48,760  38,599  1,00102,70      L31H N
NGUYÊN TỬ   4358  CA  LYS   209      -7,599  50,146  39,064  1,00102,80      L31H C
NGUYÊN TỬ   4359  CB  LYS   209      -6,167  50,550  39,443  1,00101,95      L31H C
NGUYÊN TỬ   4360  CG  LYS   209      -5,551  49,745  40,587  1,00 99,94      L31H C
NGUYÊN TỬ   4361  CD  LYS   209      -5,467  50,558  41,876  1,00 98,45      L31H C
NGUYÊN TỬ   4362  CE  LYS   209      -5,392  49,647  43,096  1,00 98,07      L31H C
NGUYÊN TỬ   4363  NZ  LYS   209      -4,863  50,344  44,300  1,00 97,51      L31H N
NGUYÊN TỬ   4364  C   LYS   209      -8,099  51,040  37,932  1,00103,44      L31H C
NGUYÊN TỬ   4365  O   LYS   209      -7,729  50,839  36,776  1,00103,27      L31H O
NGUYÊN TỬ   4366  N   THR   210      -8,935  52,022  38,258  1,00104,82      L31H N
NGUYÊN TỬ   4367  CA  THR   210      -9,552  52,865  37,234  1,00106,53      L31H C
NGUYÊN TỬ   4368  CB  THR   210     -11,077  52,683  37,218  1,00104,13      L31H C
NGUYÊN TỬ   4369  OG1 THR   210     -11,391  51,309  36,967  1,00101,83      L31H O
NGUYÊN TỬ   4370  CG2 THR   210     -11,706  53,554  36,143  1,00102,17      L31H C
NGUYÊN TỬ   4371  C   THR   210      -9,263  54,355  37,411  1,00108,67      L31H C
NGUYÊN TỬ   4372  O   THR   210      -9,142  54,841  38,535  1,00110,86      L31H O
NGUYÊN TỬ   4373  N   VAL   211      -9,161  55,076  36,295  1,00109,56      L31H N
NGUYÊN TỬ   4374  CA  VAL   211      -9,075  56,539  36,314  1,00109,07      L31H C
NGUYÊN TỬ   4375  CB  VAL   211      -7,650  57,027  35,925  1,00108,56      L31H C
NGUYÊN TỬ   4376  CG1 VAL   211      -6,654  56,676  37,022  1,00106,89      L31H C
NGUYÊN TỬ   4377  CG2 VAL   211      -7,220  56,385  34,614  1,00107,30      L31H C
NGUYÊN TỬ   4378  C   VAL   211     -10,099  57,171  35,360  1,00109,17      L31H C
NGUYÊN TỬ   4379  O   VAL   211     -10,532  56,537  34,393  1,00108,84      L31H O
NGUYÊN TỬ   4380  N   ALA   212     -10,489  58,415  35,639  1,00110,64      L31H N
NGUYÊN TỬ   4381  CA  ALA   212     -11,443  59,126  34,786  1,00113,75      L31H C
NGUYÊN TỬ   4382  CB  ALA   212     -12,842  59,003  35,359  1,00114,93      L31H C
NGUYÊN TỬ   4383  C   ALA   212     -11,085  60,598  34,611  1,00115,04      L31H C
NGUYÊN TỬ   4384  O   ALA   212     -10,995  61,344  35,583  1,00114,62      L31H O
NGUYÊN TỬ   4385  N   PRO   213     -10,905  61,036  33,353  1,00115,69      L31H N
NGUYÊN TỬ   4386  CD  PRO   213     -11,212  60,200  32,179  1,00111,97      L31H C
NGUYÊN TỬ   4387  CA  PRO   213     -10,408  62,364  32,964  1,00117,21      L31H C
NGUYÊN TỬ   4388  CB  PRO   213     -10,372  62,312  31,434  1,00113,00      L31H C
NGUYÊN TỬ   4389  CG  PRO   213     -11,269  61,194  31,055  1,00111,14      L31H C
NGUYÊN TỬ   4390  C   PRO   213     -11,198  63,570  33,459  1,00119,54      L31H C
NGUYÊN TỬ   4391  O   PRO   213     -10,971  64,686  32,998  1,00121,28      L31H O
NGUYÊN TỬ   4392  N   THR   214     -12,116  63,356  34,395  1,00120,41      L31H N
NGUYÊN TỬ   4393  CA  THR   214     -12,907  64,459  34,933  1,00120,39      L31H C
NGUYÊN TỬ   4394  CB  THR   214     -14,039  63,943  35,857  1,00121,60      L31H C
NGUYÊN TỬ   4395  OG1 THR   214     -14,770  62,911  35,184  1,00119,92      L31H O
NGUYÊN TỬ   4396  CG2 THR   214     -15,005  65,073  36,207  1,00119,36      L31H C
NGUYÊN TỬ   4397  C   THR   214     -12,003  65,407  35,725  1,00119,41      L31H C
NGUYÊN TỬ   4398  O   THR   214     -11,989  66,621  35,410  1,00121,23      L31H O
NGUYÊN TỬ   4399  OXT THR   214     -11,314  64,922  36,649  1,00120,59      L31H O
TER    4400       THR   214                                                  L31H
NGUYÊN TỬ   4401  CB  GLU     1      36,818  24,019  27,876  1,00 91,51      H31H C
NGUYÊN TỬ   4402  CG  GLU     1      36,442  25,509  27,850  1,00 97,41      H31H C
NGUYÊN TỬ   4403  CD  GLU     1      35,215  25,841  28,707  1,00100,73      H31H C
NGUYÊN TỬ   4404  OE1 GLU     1      35,228  26,889  29,392  1,00102,86      H31H O
NGUYÊN TỬ   4405  OE2 GLU     1      34,237  25,061  28,693  1,00102,54      H31H O
NGUYÊN TỬ   4406  C   GLU     1      36,959  23,770  25,393  1,00 84,82      H31H C
```

NGUYÊN TỬ	4407	O	GLU	1	37,515	24,326	24,446	1,00	85,09	H31H O
NGUYÊN TỬ	4408	N	GLU	1	38,978	24,294	26,678	1,00	88,13	H31H N
NGUYÊN TỬ	4409	CA	GLU	1	37,693	23,546	26,704	1,00	87,70	H31H C
NGUYÊN TỬ	4410	N	VAL	2	35,705	23,337	25,343	1,00	80,58	H31H N
NGUYÊN TỬ	4411	CA	VAL	2	34,873	23,538	24,168	1,00	75,75	H31H C
NGUYÊN TỬ	4412	CB	VAL	2	33,865	22,405	24,026	1,00	74,92	H31H C
NGUYÊN TỬ	4413	CG1	VAL	2	33,140	22,534	22,704	1,00	73,70	H31H C
NGUYÊN TỬ	4414	CG2	VAL	2	34,575	21,067	24,147	1,00	74,46	H31H C
NGUYÊN TỬ	4415	C	VAL	2	34,112	24,859	24,255	1,00	72,89	H31H C
NGUYÊN TỬ	4416	O	VAL	2	33,272	25,045	25,136	1,00	71,91	H31H O
NGUYÊN TỬ	4417	N	GLN	3	34,401	25,767	23,327	1,00	68,98	H31H N
NGUYÊN TỬ	4418	CA	GLN	3	33,936	27,139	23,439	1,00	63,56	H31H C
NGUYÊN TỬ	4419	CB	GLN	3	35,091	28,014	23,915	1,00	64,18	H31H C
NGUYÊN TỬ	4420	CG	GLN	3	34,683	29,323	24,562	1,00	64,34	H31H C
NGUYÊN TỬ	4421	CD	GLN	3	35,868	30,013	25,193	1,00	64,70	H31H C
NGUYÊN TỬ	4422	OE1	GLN	3	35,795	31,180	25,602	1,00	64,94	H31H O
NGUYÊN TỬ	4423	NE2	GLN	3	36,980	29,292	25,276	1,00	64,00	H31H N
NGUYÊN TỬ	4424	C	GLN	3	33,375	27,689	22,131	1,00	59,78	H31H C
NGUYÊN TỬ	4425	O	GLN	3	33,905	27,416	21,051	1,00	59,58	H31H O
NGUYÊN TỬ	4426	N	LEU	4	32,297	28,465	22,244	1,00	55,16	H31H N
NGUYÊN TỬ	4427	CA	LEU	4	31,736	29,217	21,122	1,00	51,64	H31H C
NGUYÊN TỬ	4428	CB	LEU	4	30,289	28,797	20,884	1,00	48,66	H31H C
NGUYÊN TỬ	4429	CG	LEU	4	30,063	27,411	20,293	1,00	46,75	H31H C
NGUYÊN TỬ	4430	CD1	LEU	4	28,572	27,169	20,180	1,00	47,44	H31H C
NGUYÊN TỬ	4431	CD2	LEU	4	30,716	27,303	18,927	1,00	45,40	H31H C
NGUYÊN TỬ	4432	C	LEU	4	31,768	30,694	21,485	1,00	51,24	H31H C
NGUYÊN TỬ	4433	O	LEU	4	31,480	31,040	22,627	1,00	51,53	H31H O
NGUYÊN TỬ	4434	N	VAL	5	32,112	31,571	20,543	1,00	51,07	H31H N
NGUYÊN TỬ	4435	CA	VAL	5	32,099	33,009	20,843	1,00	52,18	H31H C
NGUYÊN TỬ	4436	CB	VAL	5	33,505	33,560	21,180	1,00	50,09	H31H C
NGUYÊN TỬ	4437	CG1	VAL	5	33,387	35,028	21,543	1,00	49,53	H31H C
NGUYÊN TỬ	4438	CG2	VAL	5	34,141	32,794	22,322	1,00	49,00	H31H C
NGUYÊN TỬ	4439	C	VAL	5	31,563	33,882	19,713	1,00	53,87	H31H C
NGUYÊN TỬ	4440	O	VAL	5	32,284	34,195	18,766	1,00	55,08	H31H O
NGUYÊN TỬ	4441	N	GLU	6	30,311	34,306	19,819	1,00	54,66	H31H N
NGUYÊN TỬ	4442	CA	GLU	6	29,732	35,132	18,770	1,00	56,37	H31H C
NGUYÊN TỬ	4443	CB	GLU	6	28,226	34,881	18,665	1,00	54,99	H31H C
NGUYÊN TỬ	4444	CG	GLU	6	27,495	34,976	19,987	1,00	54,97	H31H C
NGUYÊN TỬ	4445	CD	GLU	6	27,518	33,665	20,770	1,00	55,38	H31H C
NGUYÊN TỬ	4446	OE1	GLU	6	28,549	33,383	21,431	1,00	53,88	H31H O
NGUYÊN TỬ	4447	OE2	GLU	6	26,500	32,925	20,723	1,00	53,41	H31H O
NGUYÊN TỬ	4448	C	GLU	6	29,998	36,613	19,010	1,00	57,61	H31H C
NGUYÊN TỬ	4449	O	GLU	6	30,002	37,071	20,156	1,00	59,58	H31H O
NGUYÊN TỬ	4450	N	SER	7	30,225	37,355	17,926	1,00	57,59	H31H N
NGUYÊN TỬ	4451	CA	SER	7	30,437	38,799	18,006	1,00	56,93	H31H C
NGUYÊN TỬ	4452	CB	SER	7	31,906	39,125	17,764	1,00	55,14	H31H C
NGUYÊN TỬ	4453	OG	SER	7	32,269	38,770	16,441	1,00	54,54	H31H O
NGUYÊN TỬ	4454	C	SER	7	29,589	39,533	16,969	1,00	57,75	H31H C
NGUYÊN TỬ	4455	O	SER	7	28,690	38,947	16,347	1,00	58,75	H31H O
NGUYÊN TỬ	4456	N	GLY	8	29,876	40,820	16,792	1,00	57,04	H31H N
NGUYÊN TỬ	4457	CA	GLY	8	29,352	41,535	15,643	1,00	57,05	H31H C
NGUYÊN TỬ	4458	C	GLY	8	28,048	42,264	15,900	1,00	57,40	H31H C
NGUYÊN TỬ	4459	O	GLY	8	27,650	43,126	15,110	1,00	57,11	H31H O
NGUYÊN TỬ	4460	N	GLY	9	27,384	41,923	17,002	1,00	57,05	H31H N
NGUYÊN TỬ	4461	CA	GLY	9	26,120	42,558	17,332	1,00	57,07	H31H C
NGUYÊN TỬ	4462	C	GLY	9	26,265	44,057	17,523	1,00	57,42	H31H C
NGUYÊN TỬ	4463	O	GLY	9	27,372	44,593	17,456	1,00	57,35	H31H O
NGUYÊN TỬ	4464	N	GLY	10	25,145	44,737	17,757	1,00	57,20	H31H N
NGUYÊN TỬ	4465	CA	GLY	10	25,175	46,177	17,926	1,00	57,17	H31H C
NGUYÊN TỬ	4466	C	GLY	10	23,875	46,876	17,566	1,00	58,48	H31H C
NGUYÊN TỬ	4467	O	GLY	10	22,830	46,243	17,363	1,00	57,46	H31H O
NGUYÊN TỬ	4468	N	LEU	11	23,948	48,204	17,494	1,00	59,75	H31H N
NGUYÊN TỬ	4469	CA	LEU	11	22,814	49,044	17,119	1,00	59,30	H31H C
NGUYÊN TỬ	4470	CB	LEU	11	22,908	50,378	17,860	1,00	61,04	H31H C
NGUYÊN TỬ	4471	CG	LEU	11	21,886	51,491	17,591	1,00	63,37	H31H C
NGUYÊN TỬ	4472	CD1	LEU	11	20,477	51,090	18,065	1,00	60,92	H31H C
NGUYÊN TỬ	4473	CD2	LEU	11	22,372	52,757	18,308	1,00	63,68	H31H C
NGUYÊN TỬ	4474	C	LEU	11	22,830	49,274	15,606	1,00	59,16	H31H C
NGUYÊN TỬ	4475	O	LEU	11	23,904	49,326	14,995	1,00	58,55	H31H O
NGUYÊN TỬ	4476	N	VAL	12	21,640	49,399	15,013	1,00	57,89	H31H N
NGUYÊN TỬ	4477	CA	VAL	12	21,489	49,473	13,560	1,00	57,68	H31H C
NGUYÊN TỬ	4478	CB	VAL	12	21,935	48,151	12,891	1,00	58,73	H31H C
NGUYÊN TỬ	4479	CG1	VAL	12	21,083	47,863	11,667	1,00	57,50	H31H C
NGUYÊN TỬ	4480	CG2	VAL	12	23,416	48,249	12,488	1,00	58,66	H31H C
NGUYÊN TỬ	4481	C	VAL	12	20,056	49,780	13,134	1,00	57,57	H31H C
NGUYÊN TỬ	4482	O	VAL	12	19,106	49,170	13,624	1,00	57,48	H31H O

NGUYÊN TỬ	4483	N	LYS	13	19,905	50,725	12,212	1,00	56,16	H31H N
NGUYÊN TỬ	4484	CA	LYS	13	18,583	51,217	11,835	1,00	54,93	H31H C
NGUYÊN TỬ	4485	CB	LYS	13	18,701	52,571	11,111	1,00	57,48	H31H C
NGUYÊN TỬ	4486	CG	LYS	13	19,294	53,705	11,951	1,00	58,72	H31H C
NGUYÊN TỬ	4487	CD	LYS	13	19,230	55,040	11,220	0,50	60,60	H31H C
NGUYÊN TỬ	4488	CE	LYS	13	17,828	55,638	11,249	1,00	61,98	H31H C
NGUYÊN TỬ	4489	NZ	LYS	13	16,837	54,802	10,504	1,00	65,29	H31H N
NGUYÊN TỬ	4490	C	LYS	13	17,846	50,237	10,938	1,00	52,27	H31H C
NGUYÊN TỬ	4491	O	LYS	13	18,456	49,409	10,276	1,00	51,72	H31H O
NGUYÊN TỬ	4492	N	PRO	14	16,513	50,335	10,888	1,00	51,07	H31H N
NGUYÊN TỬ	4493	CD	PRO	14	15,629	51,184	11,701	1,00	50,36	H31H C
NGUYÊN TỬ	4494	CA	PRO	14	15,756	49,463	9,981	1,00	51,56	H31H C
NGUYÊN TỬ	4495	CB	PRO	14	14,315	49,950	10,136	1,00	49,93	H31H C
NGUYÊN TỬ	4496	CG	PRO	14	14,283	50,547	11,491	1,00	50,40	H31H C
NGUYÊN TỬ	4497	C	PRO	14	16,245	49,535	8,526	1,00	52,20	H31H C
NGUYÊN TỬ	4498	O	PRO	14	16,571	50,616	8,016	1,00	51,66	H31H O
NGUYÊN TỬ	4499	N	GLY	15	16,293	48,373	7,871	1,00	53,10	H31H N
NGUYÊN TỬ	4500	CA	GLY	15	16,747	48,295	6,493	1,00	53,00	H31H C
NGUYÊN TỬ	4501	C	GLY	15	18,237	48,032	6,398	1,00	54,02	H31H C
NGUYÊN TỬ	4502	O	GLY	15	18,736	47,583	5,368	1,00	55,51	H31H O
NGUYÊN TỬ	4503	N	GLY	16	18,959	48,310	7,477	1,00	53,44	H31H N
NGUYÊN TỬ	4504	CA	GLY	16	20,401	48,146	7,455	1,00	52,71	H31H C
NGUYÊN TỬ	4505	C	GLY	16	20,827	46,695	7,437	1,00	53,74	H31H C
NGUYÊN TỬ	4506	O	GLY	16	20,030	45,795	7,131	1,00	53,76	H31H O
NGUYÊN TỬ	4507	N	SER	17	22,088	46,456	7,781	1,00	53,93	H31H N
NGUYÊN TỬ	4508	CA	SER	17	22,700	45,171	7,494	1,00	52,93	H31H C
NGUYÊN TỬ	4509	CB	SER	17	23,081	45,114	6,008	1,00	51,53	H31H C
NGUYÊN TỬ	4510	OG	SER	17	21,949	45,342	5,180	1,00	49,99	H31H O
NGUYÊN TỬ	4511	C	SER	17	23,919	44,885	8,363	1,00	53,75	H31H C
NGUYÊN TỬ	4512	O	SER	17	25,036	45,301	8,051	1,00	54,05	H31H O
NGUYÊN TỬ	4513	N	LEU	18	23,694	44,154	9,451	1,00	54,07	H31H N
NGUYÊN TỬ	4514	CA	LEU	18	24,773	43,741	10,346	1,00	52,61	H31H C
NGUYÊN TỬ	4515	CB	LEU	18	24,274	43,776	11,799	1,00	53,51	H31H C
NGUYÊN TỬ	4516	CG	LEU	18	25,328	43,451	12,864	1,00	55,27	H31H C
NGUYÊN TỬ	4517	CD1	LEU	18	26,373	44,567	12,903	1,00	54,03	H31H C
NGUYÊN TỬ	4518	CD2	LEU	18	24,658	43,258	14,229	1,00	53,34	H31H C
NGUYÊN TỬ	4519	C	LEU	18	25,255	42,329	9,977	1,00	50,58	H31H C
NGUYÊN TỬ	4520	O	LEU	18	24,562	41,596	9,269	1,00	50,59	H31H O
NGUYÊN TỬ	4521	N	ARG	19	26,440	41,948	10,447	1,00	47,55	H31H N
NGUYÊN TỬ	4522	CA	ARG	19	26,975	40,621	10,144	1,00	45,24	H31H C
NGUYÊN TỬ	4523	CB	ARG	19	27,973	40,697	8,998	1,00	44,78	H31H C
NGUYÊN TỬ	4524	CG	ARG	19	28,777	39,417	8,827	1,00	46,47	H31H C
NGUYÊN TỬ	4525	CD	ARG	19	29,711	39,545	7,655	1,00	46,31	H31H C
NGUYÊN TỬ	4526	NE	ARG	19	30,114	38,261	7,109	1,00	47,93	H31H N
NGUYÊN TỬ	4527	CZ	ARG	19	31,321	37,743	7,278	1,00	50,43	H31H C
NGUYÊN TỬ	4528	NH1	ARG	19	31,630	36,560	6,743	1,00	48,32	H31H N
NGUYÊN TỬ	4529	NH2	ARG	19	32,217	38,420	7,992	1,00	50,58	H31H N
NGUYÊN TỬ	4530	C	ARG	19	27,646	39,908	11,312	1,00	43,40	H31H C
NGUYÊN TỬ	4531	O	ARG	19	28,622	40,399	11,881	1,00	43,30	H31H O
NGUYÊN TỬ	4532	N	LEU	20	27,141	38,722	11,630	1,00	41,57	H31H N
NGUYÊN TỬ	4533	CA	LEU	20	27,496	38,040	12,866	1,00	40,63	H31H C
NGUYÊN TỬ	4534	CB	LEU	20	26,259	37,394	13,482	1,00	38,45	H31H C
NGUYÊN TỬ	4535	CG	LEU	20	25,242	38,429	13,925	1,00	37,41	H31H C
NGUYÊN TỬ	4536	CD1	LEU	20	24,000	37,758	14,531	1,00	35,80	H31H C
NGUYÊN TỬ	4537	CD2	LEU	20	25,945	39,365	14,911	1,00	34,57	H31H C
NGUYÊN TỬ	4538	C	LEU	20	28,553	36,988	12,664	1,00	40,56	H31H C
NGUYÊN TỬ	4539	O	LEU	20	28,522	36,244	11,696	1,00	41,52	H31H O
NGUYÊN TỬ	4540	N	SER	21	29,489	36,932	13,597	1,00	42,24	H31H N
NGUYÊN TỬ	4541	CA	SER	21	30,476	35,874	13,614	1,00	44,84	H31H C
NGUYÊN TỬ	4542	CB	SER	21	31,877	36,454	13,484	1,00	45,20	H31H C
NGUYÊN TỬ	4543	OG	SER	21	32,052	37,046	12,210	1,00	45,61	H31H O
NGUYÊN TỬ	4544	C	SER	21	30,361	35,102	14,913	1,00	46,37	H31H C
NGUYÊN TỬ	4545	O	SER	21	29,816	35,616	15,897	1,00	48,51	H31H O
NGUYÊN TỬ	4546	N	CYS	22	30,872	33,874	14,902	1,00	45,31	H31H N
NGUYÊN TỬ	4547	CA	CYS	22	30,833	32,997	16,053	1,00	45,48	H31H C
NGUYÊN TỬ	4548	C	CYS	22	32,020	32,044	15,972	1,00	45,47	H31H C
NGUYÊN TỬ	4549	O	CYS	22	32,082	31,197	15,081	1,00	45,24	H31H O
NGUYÊN TỬ	4550	CB	CYS	22	29,529	32,211	16,053	1,00	46,72	H31H C
NGUYÊN TỬ	4551	SG	CYS	22	29,593	30,638	16,967	1,00	52,03	H31H S
NGUYÊN TỬ	4552	N	ALA	23	32,962	32,195	16,903	1,00	45,04	H31H N
NGUYÊN TỬ	4553	CA	ALA	23	34,255	31,520	16,821	1,00	45,19	H31H C
NGUYÊN TỬ	4554	CB	ALA	23	35,374	32,514	17,065	1,00	43,20	H31H C
NGUYÊN TỬ	4555	C	ALA	23	34,367	30,360	17,806	1,00	45,82	H31H C
NGUYÊN TỬ	4556	O	ALA	23	34,373	30,561	19,023	1,00	47,17	H31H O
NGUYÊN TỬ	4557	N	ALA	24	34,473	29,147	17,272	1,00	44,91	H31H N
NGUYÊN TỬ	4558	CA	ALA	24	34,486	27,953	18,098	1,00	44,44	H31H C

NGUYÊN TỬ	4559	CB	ALA	24	33,590	26,910	17,502	1,00	45,51	H31H C
NGUYÊN TỬ	4560	C	ALA	24	35,881	27,398	18,230	1,00	44,69	H31H C
NGUYÊN TỬ	4561	O	ALA	24	36,701	27,533	17,323	1,00	44,96	H31H O
NGUYÊN TỬ	4562	N	SER	25	36,137	26,754	19,362	1,00	44,80	H31H N
NGUYÊN TỬ	4563	CA	SER	25	37,454	26,204	19,654	1,00	44,29	H31H C
NGUYÊN TỬ	4564	CB	SER	25	38,327	27,287	20,285	1,00	44,22	H31H C
NGUYÊN TỬ	4565	OG	SER	25	37,541	28,248	20,983	1,00	44,39	H31H O
NGUYÊN TỬ	4566	C	SER	25	37,366	24,994	20,580	1,00	44,72	H31H C
NGUYÊN TỬ	4567	O	SER	25	36,397	24,823	21,322	1,00	44,63	H31H O
NGUYÊN TỬ	4568	N	GLY	26	38,384	24,145	20,526	1,00	44,89	H31H N
NGUYÊN TỬ	4569	CA	GLY	26	38,428	23,012	21,430	1,00	44,97	H31H C
NGUYÊN TỬ	4570	C	GLY	26	37,508	21,877	21,024	1,00	44,73	H31H C
NGUYÊN TỬ	4571	O	GLY	26	37,004	21,145	21,872	1,00	45,24	H31H O
NGUYÊN TỬ	4572	N	PHE	27	37,280	21,732	19,725	1,00	44,04	H31H N
NGUYÊN TỬ	4573	CA	PHE	27	36,499	20,615	19,220	1,00	42,33	H31H C
NGUYÊN TỬ	4574	CB	PHE	27	35,074	20,703	19,739	1,00	39,84	H31H C
NGUYÊN TỬ	4575	CG	PHE	27	34,256	21,745	19,078	1,00	38,30	H31H C
NGUYÊN TỬ	4576	CD1	PHE	27	34,255	23,037	19,549	1,00	38,44	H31H C
NGUYÊN TỬ	4577	CD2	PHE	27	33,405	21,411	18,038	1,00	39,02	H31H C
NGUYÊN TỬ	4578	CE1	PHE	27	33,402	23,985	18,999	1,00	38,76	H31H C
NGUYÊN TỬ	4579	CE2	PHE	27	32,553	22,352	17,484	1,00	39,23	H31H C
NGUYÊN TỬ	4580	CZ	PHE	27	32,549	23,638	17,968	1,00	38,31	H31H C
NGUYÊN TỬ	4581	C	PHE	27	36,495	20,575	17,697	1,00	42,00	H31H C
NGUYÊN TỬ	4582	O	PHE	27	36,708	21,596	17,042	1,00	44,48	H31H O
NGUYÊN TỬ	4583	N	THR	28	36,266	19,398	17,131	1,00	39,42	H31H N
NGUYÊN TỬ	4584	CA	THR	28	36,311	19,263	15,692	1,00	40,18	H31H C
NGUYÊN TỬ	4585	CB	THR	28	36,369	17,775	15,307	1,00	40,22	H31H C
NGUYÊN TỬ	4586	OG1	THR	28	35,447	17,047	16,120	1,00	43,67	H31H O
NGUYÊN TỬ	4587	CG2	THR	28	37,764	17,211	15,536	1,00	39,15	H31H C
NGUYÊN TỬ	4588	C	THR	28	35,125	19,972	15,010	1,00	40,83	H31H C
NGUYÊN TỬ	4589	O	THR	28	34,120	19,360	14,642	1,00	41,68	H31H O
NGUYÊN TỬ	4590	N	PHE	29	35,271	21,282	14,844	1,00	39,15	H31H N
NGUYÊN TỬ	4591	CA	PHE	29	34,258	22,129	14,237	1,00	36,37	H31H C
NGUYÊN TỬ	4592	CB	PHE	29	34,820	23,537	14,064	1,00	34,08	H31H C
NGUYÊN TỬ	4593	CG	PHE	29	33,869	24,504	13,420	1,00	32,57	H31H C
NGUYÊN TỬ	4594	CD1	PHE	29	32,871	25,108	14,161	1,00	32,26	H31H C
NGUYÊN TỬ	4595	CD2	PHE	29	34,033	24,877	12,098	1,00	31,00	H31H C
NGUYÊN TỬ	4596	CE1	PHE	29	32,055	26,081	13,595	1,00	33,72	H31H C
NGUYÊN TỬ	4597	CE2	PHE	29	33,229	25,842	11,523	1,00	30,04	H31H C
NGUYÊN TỬ	4598	CZ	PHE	29	32,238	26,451	12,269	1,00	32,68	H31H C
NGUYÊN TỬ	4599	C	PHE	29	33,802	21,606	12,891	1,00	35,94	H31H C
NGUYÊN TỬ	4600	O	PHE	29	32,664	21,837	12,489	1,00	37,05	H31H O
NGUYÊN TỬ	4601	N	SER	30	34,689	20,919	12,185	1,00	34,97	H31H N
NGUYÊN TỬ	4602	CA	SER	30	34,351	20,421	10,866	1,00	37,04	H31H C
NGUYÊN TỬ	4603	CB	SER	30	35,615	20,115	10,079	1,00	38,55	H31H C
NGUYÊN TỬ	4604	OG	SER	30	36,576	21,137	10,284	1,00	45,91	H31H O
NGUYÊN TỬ	4605	C	SER	30	33,495	19,163	10,995	1,00	38,11	H31H C
NGUYÊN TỬ	4606	O	SER	30	33,013	18,611	10,000	1,00	40,04	H31H O
NGUYÊN TỬ	4607	N	SER	31	33,285	18,718	12,226	1,00	37,14	H31H N
NGUYÊN TỬ	4608	CA	SER	31	32,404	17,589	12,449	1,00	37,25	H31H C
NGUYÊN TỬ	4609	CB	SER	31	33,079	16,573	13,379	1,00	39,60	H31H C
NGUYÊN TỬ	4610	OG	SER	31	34,428	16,335	12,995	1,00	41,49	H31H O
NGUYÊN TỬ	4611	C	SER	31	31,043	17,997	13,021	1,00	36,03	H31H C
NGUYÊN TỬ	4612	O	SER	31	30,155	17,156	13,164	1,00	36,13	H31H O
NGUYÊN TỬ	4613	N	TYR	32	30,863	19,271	13,350	1,00	34,15	H31H N
NGUYÊN TỬ	4614	CA	TYR	32	29,593	19,683	13,924	1,00	33,10	H31H C
NGUYÊN TỬ	4615	CB	TYR	32	29,824	20,398	15,257	1,00	32,49	H31H C
NGUYÊN TỬ	4616	CG	TYR	32	30,191	19,432	16,369	1,00	33,31	H31H C
NGUYÊN TỬ	4617	CD1	TYR	32	31,384	18,741	16,336	1,00	32,16	H31H C
NGUYÊN TỬ	4618	CE1	TYR	32	31,691	17,817	17,293	1,00	34,34	H31H C
NGUYÊN TỬ	4619	CD2	TYR	32	29,313	19,168	17,410	1,00	32,93	H31H C
NGUYÊN TỬ	4620	CE2	TYR	32	29,614	18,239	18,379	1,00	33,46	H31H C
NGUYÊN TỬ	4621	CZ	TYR	32	30,809	17,564	18,315	1,00	33,85	H31H C
NGUYÊN TỬ	4622	OH	TYR	32	31,143	16,635	19,278	1,00	35,15	H31H O
NGUYÊN TỬ	4623	C	TYR	32	28,758	20,541	12,999	1,00	32,60	H31H C
NGUYÊN TỬ	4624	O	TYR	32	29,277	21,281	12,172	1,00	35,97	H31H O
NGUYÊN TỬ	4625	N	SER	33	27,449	20,417	13,124	1,00	30,53	H31H N
NGUYÊN TỬ	4626	CA	SER	33	26,532	21,322	12,463	1,00	28,81	H31H C
NGUYÊN TỬ	4627	CB	SER	33	25,173	20,652	12,302	1,00	25,79	H31H C
NGUYÊN TỬ	4628	OG	SER	33	25,209	19,655	11,302	1,00	22,79	H31H O
NGUYÊN TỬ	4629	C	SER	33	26,390	22,561	13,335	1,00	29,79	H31H C
NGUYÊN TỬ	4630	O	SER	33	26,681	22,519	14,530	1,00	29,74	H31H O
NGUYÊN TỬ	4631	N	MET	34	25,939	23,661	12,745	1,00	30,43	H31H N
NGUYÊN TỬ	4632	CA	MET	34	25,839	24,916	13,483	1,00	31,05	H31H C
NGUYÊN TỬ	4633	CB	MET	34	26,990	25,837	13,106	1,00	31,89	H31H C
NGUYÊN TỬ	4634	CG	MET	34	28,361	25,200	13,325	1,00	32,27	H31H C

NGUYÊN TỬ	4635	SD	MET	34	28,799	25,192	15,077	1,00	32,96	H31H S
NGUYÊN TỬ	4636	CE	MET	34	28,136	26,768	15,651	1,00	34,63	H31H C
NGUYÊN TỬ	4637	C	MET	34	24,519	25,612	13,235	1,00	31,84	H31H C
NGUYÊN TỬ	4638	O	MET	34	23,991	25,620	12,120	1,00	30,49	H31H O
NGUYÊN TỬ	4639	N	ASN	35	23,981	26,188	14,300	1,00	34,23	H31H N
NGUYÊN TỬ	4640	CA	ASN	35	22,678	26,835	14,254	1,00	35,04	H31H C
NGUYÊN TỬ	4641	CB	ASN	35	21,686	26,033	15,069	1,00	33,61	H31H C
NGUYÊN TỬ	4642	CG	ASN	35	21,946	24,564	14,982	1,00	30,94	H31H C
NGUYÊN TỬ	4643	OD1	ASN	35	21,254	23,847	14,272	1,00	30,44	H31H O
NGUYÊN TỬ	4644	ND2	ASN	35	22,961	24,098	15,704	1,00	30,36	H31H N
NGUYÊN TỬ	4645	C	ASN	35	22,822	28,218	14,851	1,00	36,26	H31H C
NGUYÊN TỬ	4646	O	ASN	35	23,693	28,445	15,703	1,00	38,02	H31H O
NGUYÊN TỬ	4647	N	TRP	36	21,990	29,143	14,380	1,00	35,97	H31H N
NGUYÊN TỬ	4648	CA	TRP	36	21,827	30,419	15,043	1,00	35,60	H31H C
NGUYÊN TỬ	4649	CB	TRP	36	21,871	31,563	14,046	1,00	33,77	H31H C
NGUYÊN TỬ	4650	CG	TRP	36	23,227	31,892	13,556	1,00	34,67	H31H C
NGUYÊN TỬ	4651	CD2	TRP	36	24,252	32,593	14,265	1,00	34,96	H31H C
NGUYÊN TỬ	4652	CE2	TRP	36	25,363	32,692	13,398	1,00	35,76	H31H C
NGUYÊN TỬ	4653	CE3	TRP	36	24,341	33,149	15,543	1,00	36,02	H31H C
NGUYÊN TỬ	4654	CD1	TRP	36	23,743	31,599	12,329	1,00	35,15	H31H C
NGUYÊN TỬ	4655	NE1	TRP	36	25,020	32,071	12,225	1,00	34,37	H31H N
NGUYÊN TỬ	4656	CZ2	TRP	36	26,556	33,331	13,768	1,00	34,70	H31H C
NGUYÊN TỬ	4657	CZ3	TRP	36	25,526	33,783	15,914	1,00	37,06	H31H C
NGUYÊN TỬ	4658	CH2	TRP	36	26,618	33,869	15,024	1,00	36,44	H31H C
NGUYÊN TỬ	4659	C	TRP	36	20,472	30,381	15,698	1,00	38,32	H31H C
NGUYÊN TỬ	4660	O	TRP	36	19,465	30,072	15,043	1,00	38,04	H31H O
NGUYÊN TỬ	4661	N	VAL	37	20,455	30,680	16,993	1,00	40,27	H31H N
NGUYÊN TỬ	4662	CA	VAL	37	19,212	30,858	17,730	1,00	43,42	H31H C
NGUYÊN TỬ	4663	CB	VAL	37	19,034	29,749	18,807	1,00	42,89	H31H C
NGUYÊN TỬ	4664	CG1	VAL	37	17,703	29,938	19,523	1,00	39,41	H31H C
NGUYÊN TỬ	4665	CG2	VAL	37	19,123	28,358	18,170	1,00	41,48	H31H C
NGUYÊN TỬ	4666	C	VAL	37	19,187	32,233	18,416	1,00	46,02	H31H C
NGUYÊN TỬ	4667	O	VAL	37	20,165	32,655	19,056	1,00	44,43	H31H O
NGUYÊN TỬ	4668	N	ARG	38	18,057	32,921	18,291	1,00	48,68	H31H N
NGUYÊN TỬ	4669	CA	ARG	38	17,945	34,276	18,807	1,00	52,25	H31H C
NGUYÊN TỬ	4670	CB	ARG	38	17,639	35,253	17,668	1,00	51,00	H31H C
NGUYÊN TỬ	4671	CG	ARG	38	16,240	35,109	17,069	1,00	47,89	H31H C
NGUYÊN TỬ	4672	CD	ARG	38	16,041	36,123	15,962	1,00	46,37	H31H C
NGUYÊN TỬ	4673	NE	ARG	38	14,706	36,073	15,372	1,00	45,46	H31H N
NGUYÊN TỬ	4674	CZ	ARG	38	14,329	36,822	14,337	1,00	43,87	H31H C
NGUYÊN TỬ	4675	NH1	ARG	38	15,190	37,672	13,791	1,00	43,17	H31H N
NGUYÊN TỬ	4676	NH2	ARG	38	13,101	36,720	13,840	1,00	40,65	H31H N
NGUYÊN TỬ	4677	C	ARG	38	16,868	34,399	19,872	1,00	56,24	H31H C
NGUYÊN TỬ	4678	O	ARG	38	15,848	33,707	19,829	1,00	54,41	H31H O
NGUYÊN TỬ	4679	N	GLN	39	17,106	35,311	20,811	1,00	62,26	H31H N
NGUYÊN TỬ	4680	CA	GLN	39	16,211	35,540	21,936	1,00	68,98	H31H C
NGUYÊN TỬ	4681	CB	GLN	39	16,793	34,868	23,175	1,00	65,66	H31H C
NGUYÊN TỬ	4682	CG	GLN	39	15,815	34,613	24,288	1,00	61,47	H31H C
NGUYÊN TỬ	4683	CD	GLN	39	16,497	33,981	25,467	1,00	59,61	H31H C
NGUYÊN TỬ	4684	OE1	GLN	39	17,640	34,311	25,768	1,00	58,86	H31H O
NGUYÊN TỬ	4685	NE2	GLN	39	15,813	33,060	26,139	1,00	59,10	H31H N
NGUYÊN TỬ	4686	C	GLN	39	16,018	37,037	22,206	1,00	75,28	H31H C
NGUYÊN TỬ	4687	O	GLN	39	16,893	37,691	22,776	1,00	76,14	H31H O
NGUYÊN TỬ	4688	N	ALA	40	14,870	37,569	21,798	1,00	82,49	H31H N
NGUYÊN TỬ	4689	CA	ALA	40	14,456	38,915	22,195	1,00	88,68	H31H C
NGUYÊN TỬ	4690	CB	ALA	40	13,087	39,221	21,614	1,00	86,83	H31H C
NGUYÊN TỬ	4691	C	ALA	40	14,403	38,999	23,722	1,00	93,41	H31H C
NGUYÊN TỬ	4692	O	ALA	40	14,006	38,041	24,383	1,00	96,08	H31H O
NGUYÊN TỬ	4693	N	PRO	41	14,790	40,151	24,304	1,00	96,76	H31H N
NGUYÊN TỬ	4694	CD	PRO	41	15,211	41,406	23,659	1,00	99,21	H31H C
NGUYÊN TỬ	4695	CA	PRO	41	14,848	40,250	25,769	1,00	98,49	H31H C
NGUYÊN TỬ	4696	CB	PRO	41	15,227	41,709	26,015	1,00	99,06	H31H C
NGUYÊN TỬ	4697	CG	PRO	41	15,917	42,125	24,767	1,00	99,43	H31H C
NGUYÊN TỬ	4698	C	PRO	41	13,519	39,878	26,427	1,00	99,33	H31H C
NGUYÊN TỬ	4699	O	PRO	41	12,459	40,368	26,032	1,00	98,92	H31H O
NGUYÊN TỬ	4700	N	GLY	42	13,580	39,001	27,423	1,00	100,58	H31H N
NGUYÊN TỬ	4701	CA	GLY	42	12,365	38,532	28,062	1,00	101,63	H31H C
NGUYÊN TỬ	4702	C	GLY	42	11,418	37,838	27,102	1,00	101,74	H31H C
NGUYÊN TỬ	4703	O	GLY	42	10,220	37,766	27,354	1,00	103,13	H31H O
NGUYÊN TỬ	4704	N	LYS	43	11,950	37,333	25,994	1,00	100,03	H31H N
NGUYÊN TỬ	4705	CA	LYS	43	11,163	36,535	25,059	1,00	97,53	H31H C
NGUYÊN TỬ	4706	CB	LYS	43	11,258	37,115	23,644	1,00	100,83	H31H C
NGUYÊN TỬ	4707	CG	LYS	43	10,223	38,182	23,322	1,00	105,01	H31H C
NGUYÊN TỬ	4708	CD	LYS	43	8,805	37,627	23,437	1,00	110,42	H31H C
NGUYÊN TỬ	4709	CE	LYS	43	7,809	38,418	22,588	1,00	115,16	H31H C
NGUYÊN TỬ	4710	NZ	LYS	43	7,763	39,871	22,929	1,00	120,90	H31H N

NGUYÊN TỬ	4711	C	LYS	43	11,645	35,088	25,049	1,00	93,32	H31H C
NGUYÊN TỬ	4712	O	LYS	43	12,586	34,734	25,759	1,00	92,70	H31H O
NGUYÊN TỬ	4713	N	GLY	44	10,994	34,257	24,240	1,00	88,87	H31H N
NGUYÊN TỬ	4714	CA	GLY	44	11,399	32,867	24,125	1,00	82,75	H31H C
NGUYÊN TỬ	4715	C	GLY	44	12,655	32,674	23,294	1,00	77,82	H31H C
NGUYÊN TỬ	4716	O	GLY	44	13,386	33,626	23,025	1,00	77,56	H31H O
NGUYÊN TỬ	4717	N	LEU	45	12,909	31,428	22,900	1,00	73,49	H31H N
NGUYÊN TỬ	4718	CA	LEU	45	13,967	31,093	21,945	1,00	67,33	H31H C
NGUYÊN TỬ	4719	CB	LEU	45	14,739	29,858	22,413	1,00	65,36	H31H C
NGUYÊN TỬ	4720	CG	LEU	45	15,730	30,019	23,567	1,00	62,88	H31H C
NGUYÊN TỬ	4721	CD1	LEU	45	16,271	28,667	23,952	1,00	63,05	H31H C
NGUYÊN TỬ	4722	CD2	LEU	45	16,872	30,921	23,158	1,00	62,71	H31H C
NGUYÊN TỬ	4723	C	LEU	45	13,368	30,810	20,566	1,00	65,07	H31H C
NGUYÊN TỬ	4724	O	LEU	45	12,401	30,055	20,440	1,00	63,83	H31H O
NGUYÊN TỬ	4725	N	GLU	46	13,936	31,430	19,536	1,00	62,28	H31H N
NGUYÊN TỬ	4726	CA	GLU	46	13,544	31,126	18,170	1,00	59,26	H31H C
NGUYÊN TỬ	4727	CB	GLU	46	12,874	32,332	17,522	1,00	59,59	H31H C
NGUYÊN TỬ	4728	CG	GLU	46	12,279	31,999	16,166	1,00	64,07	H31H C
NGUYÊN TỬ	4729	CD	GLU	46	11,623	33,185	15,462	1,00	66,06	H31H C
NGUYÊN TỬ	4730	OE1	GLU	46	10,599	32,954	14,777	1,00	67,56	H31H O
NGUYÊN TỬ	4731	OE2	GLU	46	12,126	34,331	15,581	1,00	65,32	H31H O
NGUYÊN TỬ	4732	C	GLU	46	14,739	30,681	17,325	1,00	56,58	H31H C
NGUYÊN TỬ	4733	O	GLU	46	15,717	31,417	17,160	1,00	56,38	H31H O
NGUYÊN TỬ	4734	N	TRP	47	14,653	29,459	16,801	1,00	52,74	H31H N
NGUYÊN TỬ	4735	CA	TRP	47	15,666	28,928	15,893	1,00	47,43	H31H C
NGUYÊN TỬ	4736	CB	TRP	47	15,390	27,453	15,559	1,00	45,19	H31H C
NGUYÊN TỬ	4737	CG	TRP	47	16,115	27,022	14,328	1,00	40,33	H31H C
NGUYÊN TỬ	4738	CD2	TRP	47	15,560	26,829	13,019	1,00	38,45	H31H C
NGUYÊN TỬ	4739	CE2	TRP	47	16,639	26,587	12,141	1,00	37,27	H31H C
NGUYÊN TỬ	4740	CE3	TRP	47	14,260	26,841	12,503	1,00	36,40	H31H C
NGUYÊN TỬ	4741	CD1	TRP	47	17,458	26,875	14,197	1,00	39,72	H31H C
NGUYÊN TỬ	4742	NE1	TRP	47	17,785	26,620	12,888	1,00	39,52	H31H N
NGUYÊN TỬ	4743	CZ2	TRP	47	16,462	26,363	10,775	1,00	34,81	H31H C
NGUYÊN TỬ	4744	CZ3	TRP	47	14,084	26,618	11,148	1,00	35,90	H31H C
NGUYÊN TỬ	4745	CH2	TRP	47	15,183	26,383	10,296	1,00	34,98	H31H C
NGUYÊN TỬ	4746	C	TRP	47	15,659	29,726	14,601	1,00	45,07	H31H C
NGUYÊN TỬ	4747	O	TRP	47	14,613	29,880	13,970	1,00	43,66	H31H O
NGUYÊN TỬ	4748	N	VAL	48	16,830	30,212	14,200	1,00	43,15	H31H N
NGUYÊN TỬ	4749	CA	VAL	48	16,926	31,072	13,025	1,00	41,49	H31H C
NGUYÊN TỬ	4750	CB	VAL	48	17,852	32,261	13,274	1,00	42,05	H31H C
NGUYÊN TỬ	4751	CG1	VAL	48	18,160	32,943	11,963	1,00	40,58	H31H C
NGUYÊN TỬ	4752	CG2	VAL	48	17,191	33,232	14,232	1,00	42,96	H31H C
NGUYÊN TỬ	4753	C	VAL	48	17,407	30,374	11,770	1,00	39,83	H31H C
NGUYÊN TỬ	4754	O	VAL	48	16,730	30,404	10,736	1,00	37,72	H31H O
NGUYÊN TỬ	4755	N	SER	49	18,580	29,752	11,864	1,00	37,12	H31H N
NGUYÊN TỬ	4756	CA	SER	49	19,169	29,059	10,722	1,00	35,46	H31H C
NGUYÊN TỬ	4757	CB	SER	49	19,985	30,042	9,893	1,00	33,71	H31H C
NGUYÊN TỬ	4758	OG	SER	49	20,437	29,445	8,701	1,00	37,92	H31H O
NGUYÊN TỬ	4759	C	SER	49	20,060	27,898	11,173	1,00	34,93	H31H C
NGUYÊN TỬ	4760	O	SER	49	20,574	27,900	12,291	1,00	34,06	H31H O
NGUYÊN TỬ	4761	N	SER	50	20,229	26,897	10,313	1,00	33,84	H31H N
NGUYÊN TỬ	4762	CA	SER	50	21,244	25,865	10,552	1,00	31,90	H31H C
NGUYÊN TỬ	4763	CB	SER	50	20,598	24,527	10,919	1,00	32,87	H31H C
NGUYÊN TỬ	4764	OG	SER	50	20,026	24,569	12,211	1,00	36,99	H31H O
NGUYÊN TỬ	4765	C	SER	50	22,101	25,676	9,318	1,00	29,80	H31H C
NGUYÊN TỬ	4766	O	SER	50	21,675	25,992	8,208	1,00	30,95	H31H O
NGUYÊN TỬ	4767	N	ILE	51	23,306	25,156	9,516	1,00	27,14	H31H N
NGUYÊN TỬ	4768	CA	ILE	51	24,194	24,797	8,410	1,00	24,85	H31H C
NGUYÊN TỬ	4769	CB	ILE	51	25,101	25,998	8,040	1,00	24,72	H31H C
NGUYÊN TỬ	4770	CG2	ILE	51	25,868	26,476	9,254	1,00	24,95	H31H C
NGUYÊN TỬ	4771	CG1	ILE	51	26,066	25,604	6,929	1,00	27,20	H31H C
NGUYÊN TỬ	4772	CD1	ILE	51	26,529	26,779	6,101	1,00	28,08	H31H C
NGUYÊN TỬ	4773	C	ILE	51	25,045	23,587	8,817	1,00	25,34	H31H C
NGUYÊN TỬ	4774	O	ILE	51	25,720	23,620	9,851	1,00	24,66	H31H O
NGUYÊN TỬ	4775	N	SER	52	25,010	22,509	8,033	1,00	25,68	H31H N
NGUYÊN TỬ	4776	CA	SER	52	25,716	21,275	8,435	1,00	24,38	H31H C
NGUYÊN TỬ	4777	CB	SER	52	25,185	20,051	7,683	1,00	22,57	H31H C
NGUYÊN TỬ	4778	OG	SER	52	25,317	20,181	6,272	1,00	22,51	H31H O
NGUYÊN TỬ	4779	C	SER	52	27,203	21,399	8,193	1,00	25,36	H31H C
NGUYÊN TỬ	4780	O	SER	52	27,659	22,349	7,547	1,00	27,15	H31H O
NGUYÊN TỬ	4781	N	SER	53	27,962	20,429	8,691	1,00	26,78	H31H N
NGUYÊN TỬ	4782	CA	SER	53	29,414	20,558	8,715	1,00	27,05	H31H C
NGUYÊN TỬ	4783	CB	SER	53	30,061	19,303	9,317	1,00	30,95	H31H C
NGUYÊN TỬ	4784	OG	SER	53	29,791	18,147	8,553	1,00	33,86	H31H O
NGUYÊN TỬ	4785	C	SER	53	29,998	20,840	7,339	1,00	24,84	H31H C
NGUYÊN TỬ	4786	O	SER	53	30,897	21,674	7,200	1,00	23,50	H31H O

NGUYÊN TỬ	4787	N	SER	54	29,475	20,165	6,323	1,00	24,23	H31H N
NGUYÊN TỬ	4788	CA	SER	54	29,955	20,384	4,967	1,00	24,68	H31H C
NGUYÊN TỬ	4789	CB	SER	54	30,116	19,060	4,223	1,00	23,52	H31H C
NGUYÊN TỬ	4790	OG	SER	54	28,858	18,490	3,938	1,00	27,63	H31H O
NGUYÊN TỬ	4791	C	SER	54	29,070	21,307	4,146	1,00	26,14	H31H C
NGUYÊN TỬ	4792	O	SER	54	29,316	21,469	2,945	1,00	25,03	H31H O
NGUYÊN TỬ	4793	N	SER	55	28,054	21,911	4,780	1,00	26,34	H31H N
NGUYÊN TỬ	4794	CA	SER	55	27,186	22,904	4,126	1,00	27,36	H31H C
NGUYÊN TỬ	4795	CB	SER	55	28,004	24,042	3,500	1,00	24,26	H31H C
NGUYÊN TỬ	4796	OG	SER	55	28,836	24,687	4,449	1,00	27,22	H31H O
NGUYÊN TỬ	4797	C	SER	55	26,310	22,319	3,025	1,00	30,48	H31H C
NGUYÊN TỬ	4798	O	SER	55	26,060	22,985	2,026	1,00	31,05	H31H O
NGUYÊN TỬ	4799	N	SER	56	25,843	21,085	3,196	1,00	33,26	H31H N
NGUYÊN TỬ	4800	CA	SER	56	25,012	20,433	2,180	1,00	34,73	H31H C
NGUYÊN TỬ	4801	CB	SER	56	25,446	18,986	2,021	1,00	35,72	H31H C
NGUYÊN TỬ	4802	OG	SER	56	26,824	18,900	2,313	1,00	39,26	H31H O
NGUYÊN TỬ	4803	C	SER	56	23,594	20,481	2,688	1,00	34,95	H31H C
NGUYÊN TỬ	4804	O	SER	56	22,655	20,002	2,043	1,00	35,68	H31H O
NGUYÊN TỬ	4805	N	TYR	57	23,460	21,039	3,882	1,00	34,46	H31H N
NGUYÊN TỬ	4806	CA	TYR	57	22,165	21,241	4,499	1,00	34,44	H31H C
NGUYÊN TỬ	4807	CB	TYR	57	22,027	20,369	5,740	1,00	33,79	H31H C
NGUYÊN TỬ	4808	CG	TYR	57	21,899	18,888	5,474	1,00	35,21	H31H C
NGUYÊN TỬ	4809	CD1	TYR	57	22,920	18,020	5,831	1,00	35,98	H31H C
NGUYÊN TỬ	4810	CE1	TYR	57	22,790	16,663	5,671	1,00	35,95	H31H C
NGUYÊN TỬ	4811	CD2	TYR	57	20,733	18,347	4,931	1,00	33,79	H31H C
NGUYÊN TỬ	4812	CE2	TYR	57	20,596	16,980	4,765	1,00	33,48	H31H C
NGUYÊN TỬ	4813	CZ	TYR	57	21,632	16,148	5,146	1,00	34,19	H31H C
NGUYÊN TỬ	4814	OH	TYR	57	21,526	14,787	5,059	1,00	34,50	H31H O
NGUYÊN TỬ	4815	C	TYR	57	22,116	22,683	4,927	1,00	34,00	H31H C
NGUYÊN TỬ	4816	O	TYR	57	22,869	23,078	5,808	1,00	37,57	H31H O
NGUYÊN TỬ	4817	N	ILE	58	21,247	23,477	4,319	1,00	32,02	H31H N
NGUYÊN TỬ	4818	CA	ILE	58	21,036	24,828	4,811	1,00	30,95	H31H C
NGUYÊN TỬ	4819	CB	ILE	58	21,641	25,871	3,851	1,00	28,79	H31H C
NGUYÊN TỬ	4820	CG2	ILE	58	21,097	27,230	4,152	1,00	29,09	H31H C
NGUYÊN TỬ	4821	CG1	ILE	58	23,157	25,900	3,993	1,00	28,87	H31H C
NGUYÊN TỬ	4822	CD1	ILE	58	23,842	26,837	3,009	1,00	26,40	H31H C
NGUYÊN TỬ	4823	C	ILE	58	19,554	25,102	5,011	1,00	31,64	H31H C
NGUYÊN TỬ	4824	O	ILE	58	18,759	24,967	4,087	1,00	32,16	H31H O
NGUYÊN TỬ	4825	N	SER	59	19,186	25,469	6,233	1,00	31,86	H31H N
NGUYÊN TỬ	4826	CA	SER	59	17,811	25,837	6,528	1,00	32,29	H31H C
NGUYÊN TỬ	4827	CB	SER	59	17,191	24,920	7,576	1,00	32,65	H31H C
NGUYÊN TỬ	4828	OG	SER	59	17,150	23,589	7,139	1,00	36,33	H31H O
NGUYÊN TỬ	4829	C	SER	59	17,739	27,240	7,063	1,00	31,69	H31H C
NGUYÊN TỬ	4830	O	SER	59	18,696	27,747	7,661	1,00	30,20	H31H O
NGUYÊN TỬ	4831	N	TYR	60	16,568	27,839	6,874	1,00	30,90	H31H N
NGUYÊN TỬ	4832	CA	TYR	60	16,235	29,110	7,495	1,00	32,01	H31H C
NGUYÊN TỬ	4833	CB	TYR	60	16,383	30,252	6,473	1,00	28,90	H31H C
NGUYÊN TỬ	4834	CG	TYR	60	17,790	30,432	5,922	1,00	25,82	H31H C
NGUYÊN TỬ	4835	CD1	TYR	60	18,719	31,233	6,586	1,00	24,60	H31H C
NGUYÊN TỬ	4836	CE1	TYR	60	19,980	31,462	6,059	1,00	25,44	H31H C
NGUYÊN TỬ	4837	CD2	TYR	60	18,165	29,850	4,713	1,00	21,26	H31H C
NGUYÊN TỬ	4838	CE2	TYR	60	19,415	30,063	4,176	1,00	23,84	H31H C
NGUYÊN TỬ	4839	CZ	TYR	60	20,331	30,878	4,846	1,00	27,34	H31H C
NGUYÊN TỬ	4840	OH	TYR	60	21,583	31,133	4,295	1,00	24,44	H31H O
NGUYÊN TỬ	4841	C	TYR	60	14,798	29,065	8,034	1,00	34,54	H31H C
NGUYÊN TỬ	4842	O	TYR	60	13,929	28,376	7,482	1,00	34,40	H31H O
NGUYÊN TỬ	4843	N	ALA	61	14,551	29,796	9,118	1,00	37,78	H31H N
NGUYÊN TỬ	4844	CA	ALA	61	13,187	30,030	9,576	1,00	40,86	H31H C
NGUYÊN TỬ	4845	CB	ALA	61	13,214	30,679	10,946	1,00	42,20	H31H C
NGUYÊN TỬ	4846	C	ALA	61	12,468	30,937	8,573	1,00	42,66	H31H C
NGUYÊN TỬ	4847	O	ALA	61	13,079	31,851	8,009	1,00	40,39	H31H O
NGUYÊN TỬ	4848	N	ASP	62	11,175	30,681	8,357	1,00	46,05	H31H N
NGUYÊN TỬ	4849	CA	ASP	62	10,362	31,465	7,409	1,00	49,44	H31H C
NGUYÊN TỬ	4850	CB	ASP	62	8,874	31,073	7,494	1,00	52,61	H31H C
NGUYÊN TỬ	4851	CG	ASP	62	8,480	29,984	6,482	1,00	56,56	H31H C
NGUYÊN TỬ	4852	OD1	ASP	62	7,576	29,165	6,791	1,00	58,22	H31H O
NGUYÊN TỬ	4853	OD2	ASP	62	9,062	29,946	5,376	1,00	58,42	H31H O
NGUYÊN TỬ	4854	C	ASP	62	10,488	32,976	7,609	1,00	49,31	H31H C
NGUYÊN TỬ	4855	O	ASP	62	10,516	33,727	6,641	1,00	48,62	H31H O
NGUYÊN TỬ	4856	N	SER	63	10,573	33,418	8,859	1,00	49,39	H31H N
NGUYÊN TỬ	4857	CA	SER	63	10,617	34,847	9,152	1,00	49,60	H31H C
NGUYÊN TỬ	4858	CB	SER	63	10,284	35,089	10,625	1,00	51,26	H31H C
NGUYÊN TỬ	4859	OG	SER	63	11,163	34,376	11,473	1,00	52,27	H31H O
NGUYÊN TỬ	4860	C	SER	63	11,946	35,526	8,810	1,00	49,28	H31H C
NGUYÊN TỬ	4861	O	SER	63	12,054	36,754	8,864	1,00	49,16	H31H O
NGUYÊN TỬ	4862	N	VAL	64	12,964	34,739	8,477	1,00	49,23	H31H N

NGUYÊN TỬ	4863	CA	VAL	64	14,203	35,316	7,978	1,00	48,95	H31H C
NGUYÊN TỬ	4864	CB	VAL	64	15,410	34,952	8,851	1,00	47,82	H31H C
NGUYÊN TỬ	4865	CG1	VAL	64	15,263	35,543	10,224	1,00	46,76	H31H C
NGUYÊN TỬ	4866	CG2	VAL	64	15,542	33,458	8,924	1,00	49,37	H31H C
NGUYÊN TỬ	4867	C	VAL	64	14,482	34,840	6,569	1,00	49,25	H31H C
NGUYÊN TỬ	4868	O	VAL	64	15,322	35,401	5,881	1,00	49,52	H31H O
NGUYÊN TỬ	4869	N	LYS	65	13,784	33,803	6,136	1,00	49,86	H31H N
NGUYÊN TỬ	4870	CA	LYS	65	14,060	33,254	4,826	1,00	52,89	H31H C
NGUYÊN TỬ	4871	CB	LYS	65	13,015	32,197	4,467	1,00	55,35	H31H C
NGUYÊN TỬ	4872	CG	LYS	65	13,477	31,183	3,436	1,00	60,33	H31H C
NGUYÊN TỬ	4873	CD	LYS	65	12,342	30,252	3,010	1,00	66,57	H31H C
NGUYÊN TỬ	4874	CE	LYS	65	11,667	29,602	4,212	1,00	71,34	H31H C
NGUYÊN TỬ	4875	NZ	LYS	65	12,525	28,612	4,925	1,00	79,97	H31H N
NGUYÊN TỬ	4876	C	LYS	65	14,034	34,402	3,822	1,00	52,76	H31H C
NGUYÊN TỬ	4877	O	LYS	65	13,028	35,079	3,675	1,00	54,46	H31H O
NGUYÊN TỬ	4878	N	GLY	66	15,156	34,637	3,153	1,00	52,42	H31H N
NGUYÊN TỬ	4879	CA	GLY	66	15,207	35,685	2,158	1,00	49,76	H31H C
NGUYÊN TỬ	4880	C	GLY	66	16,102	36,835	2,565	1,00	50,14	H31H C
NGUYÊN TỬ	4881	O	GLY	66	16,658	37,526	1,717	1,00	50,75	H31H O
NGUYÊN TỬ	4882	N	ARG	67	16,255	37,045	3,866	1,00	49,59	H31H N
NGUYÊN TỬ	4883	CA	ARG	67	16,979	38,208	4,368	1,00	47,70	H31H C
NGUYÊN TỬ	4884	CB	ARG	67	16,146	38,939	5,429	1,00	48,66	H31H C
NGUYÊN TỬ	4885	CG	ARG	67	15,156	39,953	4,890	1,00	47,79	H31H C
NGUYÊN TỬ	4886	CD	ARG	67	13,700	39,689	5,337	1,00	49,90	H31H C
NGUYÊN TỬ	4887	NE	ARG	67	13,499	39,282	6,738	1,00	49,54	H31H N
NGUYÊN TỬ	4888	CZ	ARG	67	13,916	39,954	7,808	1,00	48,90	H31H C
NGUYÊN TỬ	4889	NH1	ARG	67	14,590	41,090	7,674	1,00	46,55	H31H N
NGUYÊN TỬ	4890	NH2	ARG	67	13,622	39,500	9,019	1,00	47,78	H31H N
NGUYÊN TỬ	4891	C	ARG	67	18,326	37,841	4,969	1,00	46,20	H31H C
NGUYÊN TỬ	4892	O	ARG	67	19,294	38,596	4,863	1,00	46,99	H31H O
NGUYÊN TỬ	4893	N	PHE	68	18,391	36,697	5,630	1,00	44,42	H31H N
NGUYÊN TỬ	4894	CA	PHE	68	19,646	36,302	6,262	1,00	43,90	H31H C
NGUYÊN TỬ	4895	CB	PHE	68	19,390	35,737	7,658	1,00	46,31	H31H C
NGUYÊN TỬ	4896	CG	PHE	68	18,923	36,755	8,655	1,00	48,27	H31H C
NGUYÊN TỬ	4897	CD1	PHE	68	18,783	36,410	9,991	1,00	48,40	H31H C
NGUYÊN TỬ	4898	CD2	PHE	68	18,633	38,058	8,265	1,00	49,75	H31H C
NGUYÊN TỬ	4899	CE1	PHE	68	18,361	37,344	10,925	1,00	50,45	H31H C
NGUYÊN TỬ	4900	CE2	PHE	68	18,207	38,998	9,193	1,00	49,99	H31H C
NGUYÊN TỬ	4901	CZ	PHE	68	18,073	38,642	10,525	1,00	50,51	H31H C
NGUYÊN TỬ	4902	C	PHE	68	20,393	35,265	5,434	1,00	41,81	H31H C
NGUYÊN TỬ	4903	O	PHE	68	19,790	34,417	4,782	1,00	42,54	H31H O
NGUYÊN TỬ	4904	N	THR	69	21,712	35,318	5,453	1,00	39,78	H31H N
NGUYÊN TỬ	4905	CA	THR	69	22,451	34,211	4,884	1,00	37,73	H31H C
NGUYÊN TỬ	4906	CB	THR	69	23,226	34,631	3,637	1,00	37,83	H31H C
NGUYÊN TỬ	4907	OG1	THR	69	22,324	35,241	2,707	1,00	40,88	H31H O
NGUYÊN TỬ	4908	CG2	THR	69	23,843	33,418	2,980	1,00	36,18	H31H C
NGUYÊN TỬ	4909	C	THR	69	23,404	33,638	5,902	1,00	36,00	H31H C
NGUYÊN TỬ	4910	O	THR	69	24,206	34,365	6,497	1,00	34,40	H31H O
NGUYÊN TỬ	4911	N	ILE	70	23,287	32,331	6,107	1,00	33,23	H31H N
NGUYÊN TỬ	4912	CA	ILE	70	24,162	31,610	7,015	1,00	32,07	H31H C
NGUYÊN TỬ	4913	CB	ILE	70	23,375	30,489	7,735	1,00	31,36	H31H C
NGUYÊN TỬ	4914	CG2	ILE	70	22,789	29,499	6,722	1,00	28,51	H31H C
NGUYÊN TỬ	4915	CG1	ILE	70	24,263	29,778	8,739	1,00	28,22	H31H C
NGUYÊN TỬ	4916	CD1	ILE	70	23,492	28,722	9,500	1,00	26,73	H31H C
NGUYÊN TỬ	4917	C	ILE	70	25,327	31,020	6,221	1,00	33,56	H31H C
NGUYÊN TỬ	4918	O	ILE	70	25,172	30,647	5,052	1,00	32,66	H31H O
NGUYÊN TỬ	4919	N	SER	71	26,499	30,962	6,845	1,00	34,11	H31H N
NGUYÊN TỬ	4920	CA	SER	71	27,667	30,376	6,196	1,00	35,09	H31H C
NGUYÊN TỬ	4921	CB	SER	71	28,220	31,321	5,130	1,00	34,90	H31H C
NGUYÊN TỬ	4922	OG	SER	71	28,839	32,451	5,718	1,00	38,50	H31H O
NGUYÊN TỬ	4923	C	SER	71	28,734	30,114	7,225	1,00	35,70	H31H C
NGUYÊN TỬ	4924	O	SER	71	28,878	30,872	8,167	1,00	37,92	H31H O
NGUYÊN TỬ	4925	N	ARG	72	29,490	29,043	7,053	1,00	36,94	H31H N
NGUYÊN TỬ	4926	CA	ARG	72	30,624	28,806	7,931	1,00	37,72	H31H C
NGUYÊN TỬ	4927	CB	ARG	72	30,459	27,472	8,667	1,00	36,35	H31H C
NGUYÊN TỬ	4928	CG	ARG	72	29,515	26,487	7,986	1,00	33,89	H31H C
NGUYÊN TỬ	4929	CD	ARG	72	30,152	25,131	7,804	1,00	31,35	H31H C
NGUYÊN TỬ	4930	NE	ARG	72	30,836	24,658	9,002	1,00	30,33	H31H N
NGUYÊN TỬ	4931	CZ	ARG	72	30,230	24,045	10,015	1,00	31,11	H31H C
NGUYÊN TỬ	4932	NH1	ARG	72	28,920	23,839	9,976	1,00	32,29	H31H N
NGUYÊN TỬ	4933	NH2	ARG	72	30,934	23,608	11,055	1,00	30,74	H31H N
NGUYÊN TỬ	4934	C	ARG	72	31,939	28,813	7,165	1,00	38,69	H31H C
NGUYÊN TỬ	4935	O	ARG	72	31,957	28,750	5,944	1,00	35,95	H31H O
NGUYÊN TỬ	4936	N	ASP	73	33,037	28,892	7,906	1,00	42,23	H31H N
NGUYÊN TỬ	4937	CA	ASP	73	34,380	28,780	7,344	1,00	44,50	H31H C
NGUYÊN TỬ	4938	CB	ASP	73	35,056	30,154	7,307	1,00	46,65	H31H C

NGUYÊN TỬ	4939	CG	ASP	73	36,385	30,126	6,577	1,00	50,59	H31H C
NGUYÊN TỬ	4940	OD1	ASP	73	36,846	29,015	6,248	1,00	53,52	H31H O
NGUYÊN TỬ	4941	OD2	ASP	73	36,969	31,207	6,323	1,00	53,00	H31H O
NGUYÊN TỬ	4942	C	ASP	73	35,206	27,839	8,219	1,00	45,16	H31H C
NGUYÊN TỬ	4943	O	ASP	73	35,841	28,279	9,180	1,00	44,90	H31H O
NGUYÊN TỬ	4944	N	ASN	74	35,206	26,550	7,887	1,00	46,03	H31H N
NGUYÊN TỬ	4945	CA	ASN	74	35,841	25,545	8,742	1,00	45,42	H31H C
NGUYÊN TỬ	4946	CB	ASN	74	35,761	24,167	8,108	1,00	43,35	H31H C
NGUYÊN TỬ	4947	CG	ASN	74	34,398	23,569	8,208	1,00	40,70	H31H C
NGUYÊN TỬ	4948	OD1	ASN	74	33,479	24,181	8,738	1,00	38,41	H31H O
NGUYÊN TỬ	4949	ND2	ASN	74	34,254	22,353	7,696	1,00	42,55	H31H N
NGUYÊN TỬ	4950	C	ASN	74	37,297	25,859	8,995	1,00	45,96	H31H C
NGUYÊN TỬ	4951	O	ASN	74	37,777	25,768	10,126	1,00	47,31	H31H O
NGUYÊN TỬ	4952	N	ALA	75	37,998	26,209	7,925	1,00	44,61	H31H N
NGUYÊN TỬ	4953	CA	ALA	75	39,411	26,523	8,003	1,00	43,81	H31H C
NGUYÊN TỬ	4954	CB	ALA	75	39,864	27,138	6,693	1,00	41,11	H31H C
NGUYÊN TỬ	4955	C	ALA	75	39,617	27,503	9,138	1,00	45,05	H31H C
NGUYÊN TỬ	4956	O	ALA	75	40,545	27,359	9,941	1,00	45,68	H31H O
NGUYÊN TỬ	4957	N	LYS	76	38,725	28,490	9,194	1,00	46,12	H31H N
NGUYÊN TỬ	4958	CA	LYS	76	38,763	29,549	10,189	1,00	46,69	H31H C
NGUYÊN TỬ	4959	CB	LYS	76	38,127	30,815	9,626	1,00	48,88	H31H C
NGUYÊN TỬ	4960	CG	LYS	76	38,887	31,472	8,494	1,00	49,92	H31H C
NGUYÊN TỬ	4961	CD	LYS	76	38,191	32,768	8,107	1,00	51,68	H31H C
NGUYÊN TỬ	4962	CE	LYS	76	39,084	33,660	7,272	1,00	52,61	H31H C
NGUYÊN TỬ	4963	NZ	LYS	76	38,491	35,025	7,225	1,00	56,36	H31H N
NGUYÊN TỬ	4964	C	LYS	76	38,034	29,169	11,470	1,00	46,37	H31H C
NGUYÊN TỬ	4965	O	LYS	76	38,020	29,934	12,432	1,00	48,52	H31H O
NGUYÊN TỬ	4966	N	ASN	77	37,410	27,999	11,488	1,00	44,21	H31H N
NGUYÊN TỬ	4967	CA	ASN	77	36,691	27,587	12,685	1,00	41,76	H31H C
NGUYÊN TỬ	4968	CB	ASN	77	37,656	27,462	13,870	1,00	41,56	H31H C
NGUYÊN TỬ	4969	CG	ASN	77	38,109	26,038	14,116	1,00	41,99	H31H C
NGUYÊN TỬ	4970	OD1	ASN	77	37,684	25,402	15,078	1,00	45,05	H31H O
NGUYÊN TỬ	4971	ND2	ASN	77	38,980	25,532	13,255	1,00	41,31	H31H N
NGUYÊN TỬ	4972	C	ASN	77	35,637	28,636	13,034	1,00	40,31	H31H C
NGUYÊN TỬ	4973	O	ASN	77	35,521	29,024	14,187	1,00	39,76	H31H O
NGUYÊN TỬ	4974	N	SER	78	34,873	29,106	12,056	1,00	38,73	H31H N
NGUYÊN TỬ	4975	CA	SER	78	33,932	30,171	12,348	1,00	38,78	H31H C
NGUYÊN TỬ	4976	CB	SER	78	34,564	31,524	12,031	1,00	37,52	H31H C
NGUYÊN TỬ	4977	OG	SER	78	35,815	31,629	12,700	1,00	40,76	H31H O
NGUYÊN TỬ	4978	C	SER	78	32,589	30,047	11,655	1,00	39,34	H31H C
NGUYÊN TỬ	4979	O	SER	78	32,450	29,364	10,632	1,00	38,37	H31H O
NGUYÊN TỬ	4980	N	LEU	79	31,601	30,709	12,249	1,00	38,57	H31H N
NGUYÊN TỬ	4981	CA	LEU	79	30,232	30,704	11,759	1,00	38,65	H31H C
NGUYÊN TỬ	4982	CB	LEU	79	29,313	30,097	12,811	1,00	37,25	H31H C
NGUYÊN TỬ	4983	CG	LEU	79	27,843	30,034	12,420	1,00	36,78	H31H C
NGUYÊN TỬ	4984	CD1	LEU	79	27,708	29,259	11,119	1,00	34,19	H31H C
NGUYÊN TỬ	4985	CD2	LEU	79	27,043	29,381	13,547	1,00	37,12	H31H C
NGUYÊN TỬ	4986	C	LEU	79	29,840	32,147	11,517	1,00	39,27	H31H C
NGUYÊN TỬ	4987	O	LEU	79	30,407	33,045	12,136	1,00	40,45	H31H O
NGUYÊN TỬ	4988	N	TYR	80	28,884	32,377	10,620	1,00	38,92	H31H N
NGUYÊN TỬ	4989	CA	TYR	80	28,496	33,740	10,241	1,00	37,79	H31H C
NGUYÊN TỬ	4990	CB	TYR	80	29,241	34,233	8,993	1,00	36,09	H31H C
NGUYÊN TỬ	4991	CG	TYR	80	30,730	34,123	9,073	1,00	36,73	H31H C
NGUYÊN TỬ	4992	CD1	TYR	80	31,421	33,202	8,289	1,00	37,10	H31H C
NGUYÊN TỬ	4993	CE1	TYR	80	32,800	33,070	8,391	1,00	37,42	H31H C
NGUYÊN TỬ	4994	CD2	TYR	80	31,455	34,913	9,957	1,00	36,52	H31H C
NGUYÊN TỬ	4995	CE2	TYR	80	32,837	34,791	10,065	1,00	37,01	H31H C
NGUYÊN TỬ	4996	CZ	TYR	80	33,501	33,866	9,285	1,00	36,52	H31H C
NGUYÊN TỬ	4997	OH	TYR	80	34,860	33,706	9,429	1,00	36,87	H31H O
NGUYÊN TỬ	4998	C	TYR	80	27,033	33,766	9,919	1,00	37,36	H31H C
NGUYÊN TỬ	4999	O	TYR	80	26,479	32,778	9,415	1,00	38,45	H31H O
NGUYÊN TỬ	5000	N	LEU	81	26,424	34,913	10,191	1,00	36,86	H31H N
NGUYÊN TỬ	5001	CA	LEU	81	25,080	35,214	9,731	1,00	38,28	H31H C
NGUYÊN TỬ	5002	CB	LEU	81	24,131	35,156	10,923	1,00	38,22	H31H C
NGUYÊN TỬ	5003	CG	LEU	81	22,641	35,249	10,624	1,00	42,17	H31H C
NGUYÊN TỬ	5004	CD1	LEU	81	22,202	34,037	9,801	1,00	42,79	H31H C
NGUYÊN TỬ	5005	CD2	LEU	81	21,868	35,317	11,946	1,00	42,84	H31H C
NGUYÊN TỬ	5006	C	LEU	81	25,048	36,608	9,066	1,00	39,75	H31H C
NGUYÊN TỬ	5007	O	LEU	81	25,212	37,633	9,734	1,00	40,10	H31H O
NGUYÊN TỬ	5008	N	GLN	82	24,850	36,651	7,751	1,00	40,37	H31H N
NGUYÊN TỬ	5009	CA	GLN	82	24,705	37,930	7,061	1,00	41,87	H31H C
NGUYÊN TỬ	5010	CB	GLN	82	24,978	37,783	5,569	1,00	42,62	H31H C
NGUYÊN TỬ	5011	CG	GLN	82	26,194	38,551	5,084	1,00	42,97	H31H C
NGUYÊN TỬ	5012	CD	GLN	82	26,244	39,958	5,634	1,00	43,64	H31H C
NGUYÊN TỬ	5013	OE1	GLN	82	27,320	40,479	5,913	1,00	38,06	H31H O
NGUYÊN TỬ	5014	NE2	GLN	82	25,068	40,586	5,794	1,00	44,28	H31H N

NGUYÊN TỬ	5015	C	GLN	82	23,291	38,408	7,219	1,00	42,93	H31H C
NGUYÊN TỬ	5016	O	GLN	82	22,388	37,803	6,666	1,00	45,25	H31H O
NGUYÊN TỬ	5017	N	MET	83	23,083	39,489	7,958	1,00	44,37	H31H N
NGUYÊN TỬ	5018	CA	MET	83	21,722	39,984	8,172	1,00	46,84	H31H C
NGUYÊN TỬ	5019	CB	MET	83	21,500	40,300	9,651	1,00	48,94	H31H C
NGUYÊN TỬ	5020	CG	MET	83	21,310	39,076	10,530	1,00	51,24	H31H C
NGUYÊN TỬ	5021	SD	MET	83	21,149	39,501	12,271	1,00	54,99	H31H S
NGUYÊN TỬ	5022	CE	MET	83	22,766	40,207	12,592	1,00	49,92	H31H C
NGUYÊN TỬ	5023	C	MET	83	21,410	41,222	7,330	1,00	46,55	H31H C
NGUYÊN TỬ	5024	O	MET	83	22,081	42,247	7,434	1,00	47,66	H31H O
NGUYÊN TỬ	5025	N	ASN	84	20,389	41,119	6,494	1,00	45,09	H31H N
NGUYÊN TỬ	5026	CA	ASN	84	20,077	42,179	5,558	1,00	44,96	H31H C
NGUYÊN TỬ	5027	CB	ASN	84	20,227	41,676	4,119	1,00	46,67	H31H C
NGUYÊN TỬ	5028	CG	ASN	84	21,666	41,478	3,722	1,00	49,33	H31H C
NGUYÊN TỬ	5029	OD1	ASN	84	22,441	42,440	3,639	1,00	50,57	H31H O
NGUYÊN TỬ	5030	ND2	ASN	84	22,045	40,226	3,475	1,00	50,44	H31H N
NGUYÊN TỬ	5031	C	ASN	84	18,653	42,614	5,790	1,00	44,59	H31H C
NGUYÊN TỬ	5032	O	ASN	84	17,833	41,829	6,257	1,00	42,65	H31H O
NGUYÊN TỬ	5033	N	SER	85	18,356	43,861	5,443	1,00	44,77	H31H N
NGUYÊN TỬ	5034	CA	SER	85	16,991	44,357	5,525	1,00	45,45	H31H C
NGUYÊN TỬ	5035	CB	SER	85	16,067	43,579	4,595	1,00	42,38	H31H C
NGUYÊN TỬ	5036	OG	SER	85	16,474	43,734	3,259	1,00	40,36	H31H O
NGUYÊN TỬ	5037	C	SER	85	16,488	44,194	6,935	1,00	47,12	H31H C
NGUYÊN TỬ	5038	O	SER	85	15,347	43,761	7,151	1,00	47,21	H31H O
NGUYÊN TỬ	5039	N	LEU	86	17,336	44,529	7,896	1,00	47,75	H31H N
NGUYÊN TỬ	5040	CA	LEU	86	16,960	44,316	9,266	1,00	51,11	H31H C
NGUYÊN TỬ	5041	CB	LEU	86	18,081	44,791	10,184	1,00	47,93	H31H C
NGUYÊN TỬ	5042	CG	LEU	86	19,154	43,706	10,351	1,00	45,15	H31H C
NGUYÊN TỬ	5043	CD1	LEU	86	20,334	44,222	11,166	1,00	43,75	H31H C
NGUYÊN TỬ	5044	CD2	LEU	86	18,526	42,496	11,017	1,00	41,27	H31H C
NGUYÊN TỬ	5045	C	LEU	86	15,629	45,008	9,578	1,00	55,36	H31H C
NGUYÊN TỬ	5046	O	LEU	86	15,174	45,903	8,854	1,00	55,80	H31H O
NGUYÊN TỬ	5047	N	ARG	87	14,987	44,543	10,639	1,00	59,60	H31H N
NGUYÊN TỬ	5048	CA	ARG	87	13,719	45,090	11,079	1,00	63,34	H31H C
NGUYÊN TỬ	5049	CB	ARG	87	12,580	44,161	10,673	1,00	63,61	H31H C
NGUYÊN TỬ	5050	CG	ARG	87	12,534	43,801	9,202	1,00	66,77	H31H C
NGUYÊN TỬ	5051	CD	ARG	87	11,671	42,563	9,001	1,00	71,73	H31H C
NGUYÊN TỬ	5052	NE	ARG	87	11,220	42,384	7,620	1,00	76,44	H31H N
NGUYÊN TỬ	5053	CZ	ARG	87	10,722	41,246	7,134	1,00	78,44	H31H C
NGUYÊN TỬ	5054	NH1	ARG	87	10,333	41,178	5,866	1,00	79,88	H31H N
NGUYÊN TỬ	5055	NH2	ARG	87	10,621	40,172	7,910	1,00	77,64	H31H N
NGUYÊN TỬ	5056	C	ARG	87	13,795	45,179	12,603	1,00	66,43	H31H C
NGUYÊN TỬ	5057	O	ARG	87	14,652	44,544	13,222	1,00	66,59	H31H O
NGUYÊN TỬ	5058	N	ALA	88	12,911	45,970	13,210	1,00	69,22	H31H N
NGUYÊN TỬ	5059	CA	ALA	88	12,838	46,026	14,669	1,00	70,35	H31H C
NGUYÊN TỬ	5060	CB	ALA	88	11,691	46,937	15,101	1,00	71,65	H31H C
NGUYÊN TỬ	5061	C	ALA	88	12,626	44,603	15,208	1,00	71,16	H31H C
NGUYÊN TỬ	5062	O	ALA	88	13,061	44,263	16,317	1,00	70,52	H31H O
NGUYÊN TỬ	5063	N	GLU	89	11,979	43,778	14,386	1,00	70,86	H31H N
NGUYÊN TỬ	5064	CA	GLU	89	11,535	42,442	14,767	1,00	70,01	H31H C
NGUYÊN TỬ	5065	CB	GLU	89	10,529	41,912	13,743	1,00	72,23	H31H C
NGUYÊN TỬ	5066	CG	GLU	89	9,345	42,832	13,487	1,00	79,51	H31H C
NGUYÊN TỬ	5067	CD	GLU	89	9,752	44,288	13,250	1,00	83,99	H31H C
NGUYÊN TỬ	5068	OE1	GLU	89	9,627	45,104	14,191	1,00	86,96	H31H O
NGUYÊN TỬ	5069	OE2	GLU	89	10,198	44,620	12,127	1,00	86,67	H31H O
NGUYÊN TỬ	5070	C	GLU	89	12,706	41,477	14,859	1,00	66,80	H31H C
NGUYÊN TỬ	5071	O	GLU	89	12,559	40,355	15,325	1,00	68,37	H31H O
NGUYÊN TỬ	5072	N	ASP	90	13,871	41,906	14,404	1,00	61,86	H31H N
NGUYÊN TỬ	5073	CA	ASP	90	15,043	41,058	14,496	1,00	58,04	H31H C
NGUYÊN TỬ	5074	CB	ASP	90	15,880	41,127	13,207	1,00	56,31	H31H C
NGUYÊN TỬ	5075	CG	ASP	90	15,065	40,877	11,949	1,00	54,61	H31H C
NGUYÊN TỬ	5076	OD1	ASP	90	14,182	39,988	11,952	1,00	53,40	H31H O
NGUYÊN TỬ	5077	OD2	ASP	90	15,326	41,580	10,948	1,00	52,88	H31H O
NGUYÊN TỬ	5078	C	ASP	90	15,904	41,481	15,675	1,00	56,02	H31H C
NGUYÊN TỬ	5079	O	ASP	90	17,039	41,038	15,808	1,00	56,72	H31H O
NGUYÊN TỬ	5080	N	THR	91	15,397	42,346	16,540	1,00	54,77	H31H N
NGUYÊN TỬ	5081	CA	THR	91	16,217	42,699	17,693	1,00	53,43	H31H C
NGUYÊN TỬ	5082	CB	THR	91	15,783	44,029	18,353	1,00	53,62	H31H C
NGUYÊN TỬ	5083	OG1	THR	91	15,867	45,102	17,400	1,00	52,95	H31H O
NGUYÊN TỬ	5084	CG2	THR	91	16,703	44,349	19,531	1,00	52,72	H31H C
NGUYÊN TỬ	5085	C	THR	91	16,113	41,580	18,712	1,00	51,54	H31H C
NGUYÊN TỬ	5086	O	THR	91	15,016	41,114	19,023	1,00	52,16	H31H O
NGUYÊN TỬ	5087	N	ALA	92	17,256	41,142	19,218	1,00	48,98	H31H N
NGUYÊN TỬ	5088	CA	ALA	92	17,306	39,982	20,096	1,00	48,01	H31H C
NGUYÊN TỬ	5089	CB	ALA	92	16,595	38,804	19,447	1,00	48,07	H31H C
NGUYÊN TỬ	5090	C	ALA	92	18,752	39,615	20,385	1,00	47,42	H31H C

NGUYÊN TỬ	5091	O	ALA	92	19,667	40,032	19,660	1,00	46,91	H31H O
NGUYÊN TỬ	5092	N	VAL	93	18,973	38,843	21,443	1,00	47,37	H31H N
NGUYÊN TỬ	5093	CA	VAL	93	20,286	38,247	21,599	1,00	48,79	H31H C
NGUYÊN TỬ	5094	CB	VAL	93	20,576	37,784	23,057	1,00	48,74	H31H C
NGUYÊN TỬ	5095	CG1	VAL	93	21,909	37,018	23,110	1,00	46,43	H31H C
NGUYÊN TỬ	5096	CG2	VAL	93	20,676	39,004	23,973	1,00	48,32	H31H C
NGUYÊN TỬ	5097	C	VAL	93	20,340	37,073	20,634	1,00	48,44	H31H C
NGUYÊN TỬ	5098	O	VAL	93	19,307	36,484	20,299	1,00	47,17	H31H O
NGUYÊN TỬ	5099	N	TYR	94	21,550	36,779	20,163	1,00	48,07	H31H N
NGUYÊN TỬ	5100	CA	TYR	94	21,765	35,885	19,039	1,00	46,52	H31H C
NGUYÊN TỬ	5101	CB	TYR	94	22,207	36,690	17,811	1,00	45,40	H31H C
NGUYÊN TỬ	5102	CG	TYR	94	21,060	37,203	16,970	1,00	44,60	H31H C
NGUYÊN TỬ	5103	CD1	TYR	94	20,530	36,420	15,960	1,00	45,87	H31H C
NGUYÊN TỬ	5104	CE1	TYR	94	19,435	36,836	15,214	1,00	45,29	H31H C
NGUYÊN TỬ	5105	CD2	TYR	94	20,466	38,440	17,217	1,00	44,37	H31H C
NGUYÊN TỬ	5106	CE2	TYR	94	19,357	38,868	16,469	1,00	43,30	H31H C
NGUYÊN TỬ	5107	CZ	TYR	94	18,852	38,046	15,470	1,00	43,79	H31H C
NGUYÊN TỬ	5108	OH	TYR	94	17,748	38,377	14,726	1,00	42,59	H31H O
NGUYÊN TỬ	5109	C	TYR	94	22,849	34,899	19,428	1,00	47,42	H31H C
NGUYÊN TỬ	5110	O	TYR	94	24,013	35,290	19,592	1,00	47,83	H31H O
NGUYÊN TỬ	5111	N	PHE	95	22,464	33,628	19,582	1,00	46,90	H31H N
NGUYÊN TỬ	5112	CA	PHE	95	23,404	32,567	19,947	1,00	45,06	H31H C
NGUYÊN TỬ	5113	CB	PHE	95	22,786	31,652	20,997	1,00	44,52	H31H C
NGUYÊN TỬ	5114	CG	PHE	95	22,223	32,371	22,185	1,00	44,23	H31H C
NGUYÊN TỬ	5115	CD1	PHE	95	23,018	32,644	23,290	1,00	42,47	H31H C
NGUYÊN TỬ	5116	CD2	PHE	95	20,885	32,724	22,225	1,00	43,04	H31H C
NGUYÊN TỬ	5117	CE1	PHE	95	22,482	33,251	24,414	1,00	41,09	H31H C
NGUYÊN TỬ	5118	CE2	PHE	95	20,347	33,333	23,351	1,00	41,79	H31H C
NGUYÊN TỬ	5119	CZ	PHE	95	21,146	33,595	24,443	1,00	40,34	H31H C
NGUYÊN TỬ	5120	C	PHE	95	23,772	31,710	18,738	1,00	45,62	H31H C
NGUYÊN TỬ	5121	O	PHE	95	22,952	31,490	17,847	1,00	44,98	H31H O
NGUYÊN TỬ	5122	N	CYS	96	24,999	31,201	18,713	1,00	46,61	H31H N
NGUYÊN TỬ	5123	CA	CYS	96	25,268	29,992	17,943	1,00	47,13	H31H C
NGUYÊN TỬ	5124	C	CYS	96	25,289	28,826	18,903	1,00	46,71	H31H C
NGUYÊN TỬ	5125	O	CYS	96	25,674	28,979	20,065	1,00	48,53	H31H O
NGUYÊN TỬ	5126	CB	CYS	96	26,613	30,064	17,213	1,00	48,93	H31H C
NGUYÊN TỬ	5127	SG	CYS	96	27,983	30,710	18,215	1,00	51,77	H31H S
NGUYÊN TỬ	5128	N	ALA	97	24,858	27,667	18,419	1,00	45,19	H31H N
NGUYÊN TỬ	5129	CA	ALA	97	25,093	26,411	19,114	1,00	43,27	H31H C
NGUYÊN TỬ	5130	CB	ALA	97	23,829	25,984	19,849	1,00	43,29	H31H C
NGUYÊN TỬ	5131	C	ALA	97	25,502	25,350	18,089	1,00	42,74	H31H C
NGUYÊN TỬ	5132	O	ALA	97	25,105	25,410	16,921	1,00	43,45	H31H O
NGUYÊN TỬ	5133	N	ARG	98	26,291	24,375	18,522	1,00	40,05	H31H N
NGUYÊN TỬ	5134	CA	ARG	98	26,621	23,242	17,668	1,00	35,65	H31H C
NGUYÊN TỬ	5135	CB	ARG	98	28,018	22,754	17,967	1,00	32,17	H31H C
NGUYÊN TỬ	5136	CG	ARG	98	28,119	22,079	19,301	1,00	31,31	H31H C
NGUYÊN TỬ	5137	CD	ARG	98	29,532	21,582	19,568	1,00	33,70	H31H C
NGUYÊN TỬ	5138	NE	ARG	98	29,505	20,508	20,553	1,00	35,51	H31H N
NGUYÊN TỬ	5139	CZ	ARG	98	30,575	19,838	20,966	1,00	35,38	H31H C
NGUYÊN TỬ	5140	NH1	ARG	98	31,776	20,127	20,484	1,00	35,88	H31H N
NGUYÊN TỬ	5141	NH2	ARG	98	30,443	18,868	21,857	1,00	35,44	H31H N
NGUYÊN TỬ	5142	C	ARG	98	25,660	22,086	17,877	1,00	35,56	H31H C
NGUYÊN TỬ	5143	O	ARG	98	24,942	22,026	18,867	1,00	34,36	H31H O
NGUYÊN TỬ	5144	N	ASP	99	25,656	21,173	16,918	1,00	36,76	H31H N
NGUYÊN TỬ	5145	CA	ASP	99	25,133	19,830	17,108	1,00	37,67	H31H C
NGUYÊN TỬ	5146	CB	ASP	99	23,600	19,794	16,903	1,00	40,46	H31H C
NGUYÊN TỬ	5147	CG	ASP	99	23,156	20,217	15,498	1,00	43,61	H31H C
NGUYÊN TỬ	5148	OD1	ASP	99	23,413	21,369	15,081	1,00	46,81	H31H O
NGUYÊN TỬ	5149	OD2	ASP	99	22,519	19,392	14,808	1,00	47,79	H31H O
NGUYÊN TỬ	5150	C	ASP	99	25,843	18,915	16,116	1,00	38,10	H31H C
NGUYÊN TỬ	5151	O	ASP	99	25,848	19,191	14,922	1,00	38,27	H31H O
NGUYÊN TỬ	5152	N	TYR	100	26,459	17,844	16,615	1,00	38,50	H31H N
NGUYÊN TỬ	5153	CA	TYR	100	27,167	16,884	15,774	1,00	38,52	H31H C
NGUYÊN TỬ	5154	CB	TYR	100	27,589	15,658	16,596	1,00	39,27	H31H C
NGUYÊN TỬ	5155	CG	TYR	100	28,459	14,673	15,824	1,00	42,22	H31H C
NGUYÊN TỬ	5156	CD1	TYR	100	29,841	14,817	15,770	1,00	42,22	H31H C
NGUYÊN TỬ	5157	CE1	TYR	100	30,622	13,949	15,012	1,00	44,08	H31H C
NGUYÊN TỬ	5158	CD2	TYR	100	27,887	13,629	15,105	1,00	42,57	H31H C
NGUYÊN TỬ	5159	CE2	TYR	100	28,656	12,765	14,355	1,00	43,34	H31H C
NGUYÊN TỬ	5160	CZ	TYR	100	30,014	12,929	14,308	1,00	44,31	H31H C
NGUYÊN TỬ	5161	OH	TYR	100	30,743	12,066	13,525	1,00	47,41	H31H O
NGUYÊN TỬ	5162	C	TYR	100	26,339	16,435	14,569	1,00	38,28	H31H C
NGUYÊN TỬ	5163	O	TYR	100	25,145	16,127	14,681	1,00	39,03	H31H O
NGUYÊN TỬ	5164	N	ASP	101	27,010	16,382	13,423	1,00	36,46	H31H N
NGUYÊN TỬ	5165	CA	ASP	101	26,376	16,244	12,120	1,00	34,34	H31H C
NGUYÊN TỬ	5166	CB	ASP	101	27,209	17,043	11,104	1,00	35,01	H31H C

NGUYÊN TỬ	5167	CG	ASP	101	26,672	16,953	9,702	1,00	35,89	H31H C
NGUYÊN TỬ	5168	OD1	ASP	101	25,668	16,233	9,508	1,00	37,29	H31H O
NGUYÊN TỬ	5169	OD2	ASP	101	27,255	17,603	8,794	1,00	36,30	H31H O
NGUYÊN TỬ	5170	C	ASP	101	26,261	14,764	11,717	1,00	33,54	H31H C
NGUYÊN TỬ	5171	O	ASP	101	27,227	14,139	11,288	1,00	34,19	H31H O
NGUYÊN TỬ	5172	N	PHE	102	25,066	14,209	11,867	1,00	32,47	H31H N
NGUYÊN TỬ	5173	CA	PHE	102	24,817	12,807	11,553	1,00	32,51	H31H C
NGUYÊN TỬ	5174	CB	PHE	102	23,784	12,216	12,528	1,00	30,44	H31H C
NGUYÊN TỬ	5175	CG	PHE	102	24,275	12,156	13,954	1,00	30,38	H31H C
NGUYÊN TỬ	5176	CD1	PHE	102	25,064	11,100	14,387	1,00	29,51	H31H C
NGUYÊN TỬ	5177	CD2	PHE	102	23,982	13,178	14,849	1,00	29,52	H31H C
NGUYÊN TỬ	5178	CE1	PHE	102	25,551	11,073	15,686	1,00	29,97	H31H C
NGUYÊN TỬ	5179	CE2	PHE	102	24,459	13,157	16,144	1,00	27,61	H31H C
NGUYÊN TỬ	5180	CZ	PHE	102	25,244	12,112	16,567	1,00	28,39	H31H C
NGUYÊN TỬ	5181	C	PHE	102	24,332	12,637	10,125	1,00	32,53	H31H C
NGUYÊN TỬ	5182	O	PHE	102	23,776	11,597	9,776	1,00	33,61	H31H O
NGUYÊN TỬ	5183	N	TRP	103	24,530	13,662	9,304	1,00	31,13	H31H N
NGUYÊN TỬ	5184	CA	TRP	103	24,184	13,562	7,895	1,00	30,67	H31H C
NGUYÊN TỬ	5185	CB	TRP	103	25,121	12,554	7,252	1,00	31,31	H31H C
NGUYÊN TỬ	5186	CG	TRP	103	26,556	12,931	7,490	1,00	31,50	H31H C
NGUYÊN TỬ	5187	CD2	TRP	103	27,346	13,801	6,686	1,00	29,89	H31H C
NGUYÊN TỬ	5188	CE2	TRP	103	28,607	13,916	7,310	1,00	28,91	H31H C
NGUYÊN TỬ	5189	CE3	TRP	103	27,112	14,496	5,491	1,00	28,60	H31H C
NGUYÊN TỬ	5190	CD1	TRP	103	27,348	12,558	8,544	1,00	31,47	H31H C
NGUYÊN TỬ	5191	NE1	TRP	103	28,578	13,147	8,443	1,00	28,09	H31H N
NGUYÊN TỬ	5192	CZ2	TRP	103	29,634	14,700	6,779	1,00	27,83	H31H C
NGUYÊN TỬ	5193	CZ3	TRP	103	28,132	15,274	4,960	1,00	27,26	H31H C
NGUYÊN TỬ	5194	CH2	TRP	103	29,382	15,369	5,606	1,00	26,36	H31H C
NGUYÊN TỬ	5195	C	TRP	103	22,714	13,168	7,704	1,00	29,90	H31H C
NGUYÊN TỬ	5196	O	TRP	103	22,367	12,385	6,815	1,00	30,62	H31H O
NGUYÊN TỬ	5197	N	SER	104	21,878	13,725	8,579	1,00	28,52	H31H N
NGUYÊN TỬ	5198	CA	SER	104	20,420	13,590	8,576	1,00	28,62	H31H C
NGUYÊN TỬ	5199	CB	SER	104	19,846	13,762	7,144	1,00	27,84	H31H C
NGUYÊN TỬ	5200	OG	SER	104	19,749	12,558	6,387	1,00	27,27	H31H O
NGUYÊN TỬ	5201	C	SER	104	19,918	12,298	9,222	1,00	29,81	H31H C
NGUYÊN TỬ	5202	O	SER	104	18,702	12,069	9,311	1,00	31,22	H31H O
NGUYÊN TỬ	5203	N	ALA	105	20,844	11,459	9,684	1,00	28,06	H31H N
NGUYÊN TỬ	5204	CA	ALA	105	20,452	10,163	10,233	1,00	27,77	H31H C
NGUYÊN TỬ	5205	CB	ALA	105	21,681	9,306	10,506	1,00	21,95	H31H C
NGUYÊN TỬ	5206	C	ALA	105	19,667	10,370	11,525	1,00	28,00	H31H C
NGUYÊN TỬ	5207	O	ALA	105	18,822	9,557	11,908	1,00	28,93	H31H O
NGUYÊN TỬ	5208	N	TYR	106	19,957	11,480	12,187	1,00	29,04	H31H N
NGUYÊN TỬ	5209	CA	TYR	106	19,459	11,743	13,522	1,00	29,36	H31H C
NGUYÊN TỬ	5210	CB	TYR	106	20,144	10,823	14,532	1,00	27,64	H31H C
NGUYÊN TỬ	5211	CG	TYR	106	19,677	11,081	15,939	1,00	26,39	H31H C
NGUYÊN TỬ	5212	CD1	TYR	106	20,543	11,580	16,907	1,00	24,73	H31H C
NGUYÊN TỬ	5213	CE1	TYR	106	20,087	11,839	18,199	1,00	26,54	H31H C
NGUYÊN TỬ	5214	CD2	TYR	106	18,348	10,847	16,297	1,00	24,05	H31H C
NGUYÊN TỬ	5215	CE2	TYR	106	17,885	11,098	17,574	1,00	24,69	H31H C
NGUYÊN TỬ	5216	CZ	TYR	106	18,748	11,594	18,526	1,00	26,04	H31H C
NGUYÊN TỬ	5217	OH	TYR	106	18,269	11,851	19,795	1,00	25,58	H31H O
NGUYÊN TỬ	5218	C	TYR	106	19,773	13,189	13,858	1,00	30,98	H31H C
NGUYÊN TỬ	5219	O	TYR	106	20,887	13,666	13,605	1,00	33,21	H31H O
NGUYÊN TỬ	5220	N	TYR	107	18,793	13,892	14,415	1,00	32,40	H31H N
NGUYÊN TỬ	5221	CA	TYR	107	19,002	15,270	14,847	1,00	31,17	H31H C
NGUYÊN TỬ	5222	CB	TYR	107	17,799	16,120	14,440	1,00	30,89	H31H C
NGUYÊN TỬ	5223	CG	TYR	107	17,611	16,171	12,936	1,00	30,51	H31H C
NGUYÊN TỬ	5224	CD1	TYR	107	16,553	15,511	12,326	1,00	31,26	H31H C
NGUYÊN TỬ	5225	CE1	TYR	107	16,430	15,479	10,946	1,00	31,80	H31H C
NGUYÊN TỬ	5226	CD2	TYR	107	18,545	16,816	12,119	1,00	28,58	H31H C
NGUYÊN TỬ	5227	CE2	TYR	107	18,432	16,792	10,743	1,00	28,43	H31H C
NGUYÊN TỬ	5228	CZ	TYR	107	17,374	16,118	10,161	1,00	30,95	H31H C
NGUYÊN TỬ	5229	OH	TYR	107	17,275	16,046	8,794	1,00	31,71	H31H O
NGUYÊN TỬ	5230	C	TYR	107	19,257	15,337	16,351	1,00	31,17	H31H C
NGUYÊN TỬ	5231	O	TYR	107	18,357	15,246	17,163	1,00	30,52	H31H O
NGUYÊN TỬ	5232	N	ASP	108	20,521	15,470	16,714	1,00	34,73	H31H N
NGUYÊN TỬ	5233	CA	ASP	108	20,916	15,519	18,112	1,00	35,64	H31H C
NGUYÊN TỬ	5234	CB	ASP	108	22,427	15,347	18,208	1,00	36,20	H31H C
NGUYÊN TỬ	5235	CG	ASP	108	22,883	15,015	19,607	1,00	36,50	H31H C
NGUYÊN TỬ	5236	OD1	ASP	108	22,011	14,673	20,434	1,00	32,41	H31H O
NGUYÊN TỬ	5237	OD2	ASP	108	24,108	15,097	19,870	1,00	39,02	H31H O
NGUYÊN TỬ	5238	C	ASP	108	20,500	16,867	18,708	1,00	36,58	H31H C
NGUYÊN TỬ	5239	O	ASP	108	20,003	17,745	17,988	1,00	39,14	H31H O
NGUYÊN TỬ	5240	N	ALA	109	20,695	17,033	20,012	1,00	35,61	H31H N
NGUYÊN TỬ	5241	CA	ALA	109	20,442	18,320	20,654	1,00	35,70	H31H C
NGUYÊN TỬ	5242	CB	ALA	109	20,263	18,135	22,155	1,00	35,91	H31H C

NGUYÊN TỬ	5243	C	ALA	109	21,616	19,247	20,382	1,00	35,45	H31H C
NGUYÊN TỬ	5244	O	ALA	109	22,711	18,781	20,079	1,00	37,43	H31H O
NGUYÊN TỬ	5245	N	PHE	110	21,379	20,549	20,479	1,00	34,40	H31H N
NGUYÊN TỬ	5246	CA	PHE	110	22,445	21,546	20,407	1,00	35,00	H31H C
NGUYÊN TỬ	5247	CB	PHE	110	21,872	22,963	20,195	1,00	34,51	H31H C
NGUYÊN TỬ	5248	CG	PHE	110	20,961	23,102	18,997	1,00	33,42	H31H C
NGUYÊN TỬ	5249	CD1	PHE	110	20,489	24,342	18,619	1,00	33,80	H31H C
NGUYÊN TỬ	5250	CD2	PHE	110	20,560	22,003	18,266	1,00	34,66	H31H C
NGUYÊN TỬ	5251	CE1	PHE	110	19,638	24,482	17,544	1,00	33,62	H31H C
NGUYÊN TỬ	5252	CE2	PHE	110	19,703	22,146	17,186	1,00	34,07	H31H C
NGUYÊN TỬ	5253	CZ	PHE	110	19,246	23,382	16,831	1,00	33,99	H31H C
NGUYÊN TỬ	5254	C	PHE	110	23,181	21,523	21,742	1,00	35,07	H31H C
NGUYÊN TỬ	5255	O	PHE	110	22,827	22,255	22,665	1,00	36,68	H31H O
NGUYÊN TỬ	5256	N	ASP	111	24,204	20,698	21,863	1,00	34,77	H31H N
NGUYÊN TỬ	5257	CA	ASP	111	24,739	20,446	23,185	1,00	37,29	H31H C
NGUYÊN TỬ	5258	CB	ASP	111	25,618	19,183	23,190	1,00	36,40	H31H C
NGUYÊN TỬ	5259	CG	ASP	111	26,789	19,262	22,221	1,00	35,66	H31H C
NGUYÊN TỬ	5260	OD1	ASP	111	26,798	20,147	21,339	1,00	34,96	H31H O
NGUYÊN TỬ	5261	OD2	ASP	111	27,708	18,419	22,349	1,00	37,27	H31H O
NGUYÊN TỬ	5262	C	ASP	111	25,501	21,613	23,790	1,00	38,76	H31H C
NGUYÊN TỬ	5263	O	ASP	111	25,620	21,695	25,006	1,00	40,16	H31H O
NGUYÊN TỬ	5264	N	VAL	112	26,017	22,516	22,963	1,00	40,27	H31H N
NGUYÊN TỬ	5265	CA	VAL	112	26,888	23,577	23,473	1,00	41,93	H31H C
NGUYÊN TỬ	5266	CB	VAL	112	28,369	23,296	23,147	1,00	43,13	H31H C
NGUYÊN TỬ	5267	CG1	VAL	112	29,266	24,239	23,943	1,00	40,95	H31H C
NGUYÊN TỬ	5268	CG2	VAL	112	28,709	21,828	23,435	1,00	40,65	H31H C
NGUYÊN TỬ	5269	C	VAL	112	26,526	24,909	22,843	1,00	43,13	H31H C
NGUYÊN TỬ	5270	O	VAL	112	26,478	25,009	21,616	1,00	44,68	H31H O
NGUYÊN TỬ	5271	N	TRP	113	26,275	25,928	23,668	1,00	43,43	H31H N
NGUYÊN TỬ	5272	CA	TRP	113	25,983	27,269	23,149	1,00	43,70	H31H C
NGUYÊN TỬ	5273	CB	TRP	113	24,672	27,793	23,712	1,00	40,08	H31H C
NGUYÊN TỬ	5274	CG	TRP	113	23,485	26,921	23,464	1,00	37,13	H31H C
NGUYÊN TỬ	5275	CD2	TRP	113	22,154	27,366	23,183	1,00	34,61	H31H C
NGUYÊN TỬ	5276	CE2	TRP	113	21,323	26,235	23,184	1,00	34,01	H31H C
NGUYÊN TỬ	5277	CE3	TRP	113	21,588	28,613	22,936	1,00	34,32	H31H C
NGUYÊN TỬ	5278	CD1	TRP	113	23,414	25,568	23,604	1,00	35,50	H31H C
NGUYÊN TỬ	5279	NE1	TRP	113	22,112	25,147	23,444	1,00	35,84	H31H N
NGUYÊN TỬ	5280	CZ2	TRP	113	19,955	26,313	22,946	1,00	36,16	H31H C
NGUYÊN TỬ	5281	CZ3	TRP	113	20,224	28,690	22,699	1,00	36,33	H31H C
NGUYÊN TỬ	5282	CH2	TRP	113	19,424	27,552	22,706	1,00	35,59	H31H C
NGUYÊN TỬ	5283	C	TRP	113	27,071	28,316	23,429	1,00	45,51	H31H C
NGUYÊN TỬ	5284	O	TRP	113	27,778	28,251	24,446	1,00	44,71	H31H O
NGUYÊN TỬ	5285	N	GLY	114	27,193	29,282	22,519	1,00	46,53	H31H N
NGUYÊN TỬ	5286	CA	GLY	114	27,996	30,458	22,795	1,00	49,42	H31H C
NGUYÊN TỬ	5287	C	GLY	114	27,275	31,384	23,754	1,00	52,13	H31H C
NGUYÊN TỬ	5288	O	GLY	114	26,102	31,175	24,058	1,00	51,42	H31H O
NGUYÊN TỬ	5289	N	GLN	115	27,973	32,416	24,221	1,00	56,29	H31H N
NGUYÊN TỬ	5290	CA	GLN	115	27,459	33,318	25,260	1,00	59,63	H31H C
NGUYÊN TỬ	5291	CB	GLN	115	28,611	34,141	25,840	1,00	63,79	H31H C
NGUYÊN TỬ	5292	CG	GLN	115	29,457	33,380	26,847	1,00	71,42	H31H C
NGUYÊN TỬ	5293	CD	GLN	115	28,620	32,832	27,993	1,00	76,37	H31H C
NGUYÊN TỬ	5294	OE1	GLN	115	28,448	33,496	29,022	1,00	79,37	H31H O
NGUYÊN TỬ	5295	NE2	GLN	115	28,086	31,617	27,818	1,00	80,03	H31H N
NGUYÊN TỬ	5296	C	GLN	115	26,337	34,260	24,820	1,00	58,74	H31H C
NGUYÊN TỬ	5297	O	GLN	115	25,461	34,613	25,610	1,00	57,37	H31H O
NGUYÊN TỬ	5298	N	GLY	116	26,374	34,666	23,559	1,00	58,43	H31H N
NGUYÊN TỬ	5299	CA	GLY	116	25,326	35,507	23,019	1,00	58,13	H31H C
NGUYÊN TỬ	5300	C	GLY	116	25,876	36,841	22,544	1,00	59,56	H31H C
NGUYÊN TỬ	5301	O	GLY	116	26,974	37,260	22,938	1,00	59,14	H31H O
NGUYÊN TỬ	5302	N	THR	117	25,110	37,514	21,690	1,00	60,54	H31H N
NGUYÊN TỬ	5303	CA	THR	117	25,468	38,853	21,226	1,00	59,73	H31H C
NGUYÊN TỬ	5304	CB	THR	117	26,301	38,779	19,926	1,00	60,22	H31H C
NGUYÊN TỬ	5305	OG1	THR	117	27,299	39,801	19,943	1,00	60,73	H31H O
NGUYÊN TỬ	5306	CG2	THR	117	25,410	38,972	18,710	1,00	59,64	H31H C
NGUYÊN TỬ	5307	C	THR	117	24,165	39,616	20,975	1,00	58,58	H31H C
NGUYÊN TỬ	5308	O	THR	117	23,145	39,014	20,634	1,00	55,70	H31H O
NGUYÊN TỬ	5309	N	MET	118	24,188	40,931	21,175	1,00	58,61	H31H N
NGUYÊN TỬ	5310	CA	MET	118	22,944	41,700	21,156	1,00	58,29	H31H C
NGUYÊN TỬ	5311	CB	MET	118	22,865	42,626	22,377	1,00	55,41	H31H C
NGUYÊN TỬ	5312	CG	MET	118	21,515	43,324	22,541	1,00	54,00	H31H C
NGUYÊN TỬ	5313	SD	MET	118	20,114	42,172	22,578	1,00	54,63	H31H S
NGUYÊN TỬ	5314	CE	MET	118	18,732	43,182	21,995	1,00	51,15	H31H C
NGUYÊN TỬ	5315	C	MET	118	22,777	42,504	19,867	1,00	59,12	H31H C
NGUYÊN TỬ	5316	O	MET	118	23,583	43,371	19,538	1,00	58,18	H31H O
NGUYÊN TỬ	5317	N	VAL	119	21,724	42,188	19,129	1,00	61,17	H31H N
NGUYÊN TỬ	5318	CA	VAL	119	21,431	42,899	17,907	1,00	63,75	H31H C

NGUYÊN TỬ	5319	CB	VAL	119	21,186	41,930	16,730	1,00	62,58	H31H C
NGUYÊN TỬ	5320	CG1	VAL	119	20,577	42,678	15,548	1,00	61,18	H31H C
NGUYÊN TỬ	5321	CG2	VAL	119	22,502	41,298	16,309	1,00	61,02	H31H C
NGUYÊN TỬ	5322	C	VAL	119	20,191	43,728	18,145	1,00	66,03	H31H C
NGUYÊN TỬ	5323	O	VAL	119	19,113	43,188	18,410	1,00	67,24	H31H O
NGUYÊN TỬ	5324	N	THR	120	20,360	45,046	18,061	1,00	67,50	H31H N
NGUYÊN TỬ	5325	CA	THR	120	19,261	45,983	18,247	1,00	66,26	H31H C
NGUYÊN TỬ	5326	CB	THR	120	19,589	47,049	19,299	1,00	65,93	H31H C
NGUYÊN TỬ	5327	OG1	THR	120	20,422	46,489	20,329	1,00	64,19	H31H O
NGUYÊN TỬ	5328	CG2	THR	120	18,298	47,570	19,908	1,00	62,66	H31H C
NGUYÊN TỬ	5329	C	THR	120	19,009	46,707	16,942	1,00	65,33	H31H C
NGUYÊN TỬ	5330	O	THR	120	19,924	47,309	16,373	1,00	64,94	H31H O
NGUYÊN TỬ	5331	N	VAL	121	17,767	46,651	16,478	1,00	64,42	H31H N
NGUYÊN TỬ	5332	CA	VAL	121	17,370	47,370	15,282	1,00	64,31	H31H C
NGUYÊN TỬ	5333	CB	VAL	121	16,748	46,407	14,242	1,00	64,18	H31H C
NGUYÊN TỬ	5334	CG1	VAL	121	16,259	47,176	13,018	1,00	63,06	H31H C
NGUYÊN TỬ	5335	CG2	VAL	121	17,771	45,370	13,839	1,00	62,69	H31H C
NGUYÊN TỬ	5336	C	VAL	121	16,368	48,462	15,641	1,00	65,00	H31H C
NGUYÊN TỬ	5337	O	VAL	121	15,201	48,181	15,953	1,00	64,07	H31H O
NGUYÊN TỬ	5338	N	SER	122	16,837	49,709	15,610	1,00	65,59	H31H N
NGUYÊN TỬ	5339	CA	SER	122	15,948	50,861	15,712	1,00	66,99	H31H C
NGUYÊN TỬ	5340	CB	SER	122	15,411	51,015	17,134	1,00	67,36	H31H C
NGUYÊN TỬ	5341	OG	SER	122	14,609	52,182	17,233	1,00	67,09	H31H O
NGUYÊN TỬ	5342	C	SER	122	16,563	52,190	15,284	1,00	67,53	H31H C
NGUYÊN TỬ	5343	O	SER	122	17,785	52,371	15,235	1,00	66,70	H31H O
NGUYÊN TỬ	5344	N	SER	123	15,672	53,125	14,992	1,00	67,46	H31H N
NGUYÊN TỬ	5345	CA	SER	123	16,044	54,457	14,568	1,00	65,91	H31H C
NGUYÊN TỬ	5346	CB	SER	123	14,839	55,103	13,898	1,00	65,83	H31H C
NGUYÊN TỬ	5347	OG	SER	123	13,660	54,388	14,237	1,00	63,82	H31H O
NGUYÊN TỬ	5348	C	SER	123	16,526	55,306	15,741	1,00	64,19	H31H C
NGUYÊN TỬ	5349	O	SER	123	17,133	56,350	15,543	1,00	64,69	H31H O
NGUYÊN TỬ	5350	N	ALA	124	16,262	54,848	16,959	1,00	62,50	H31H N
NGUYÊN TỬ	5351	CA	ALA	124	16,615	55,594	18,163	1,00	61,24	H31H C
NGUYÊN TỬ	5352	CB	ALA	124	16,471	54,709	19,382	1,00	61,18	H31H C
NGUYÊN TỬ	5353	C	ALA	124	18,016	56,184	18,124	1,00	61,63	H31H C
NGUYÊN TỬ	5354	O	ALA	124	18,869	55,742	17,355	1,00	62,06	H31H O
NGUYÊN TỬ	5355	N	SER	125	18,243	57,185	18,970	1,00	61,89	H31H N
NGUYÊN TỬ	5356	CA	SER	125	19,499	57,927	18,985	1,00	61,67	H31H C
NGUYÊN TỬ	5357	CB	SER	125	19,631	58,731	17,687	1,00	63,06	H31H C
NGUYÊN TỬ	5358	OG	SER	125	20,889	59,378	17,586	1,00	65,82	H31H O
NGUYÊN TỬ	5359	C	SER	125	19,496	58,854	20,208	1,00	60,83	H31H C
NGUYÊN TỬ	5360	O	SER	125	18,436	59,271	20,668	1,00	60,45	H31H O
NGUYÊN TỬ	5361	N	THR	126	20,683	59,165	20,725	1,00	59,55	H31H N
NGUYÊN TỬ	5362	CA	THR	126	20,843	59,763	22,055	1,00	58,53	H31H C
NGUYÊN TỬ	5363	CB	THR	126	22,361	60,096	22,324	1,00	59,12	H31H C
NGUYÊN TỬ	5364	OG1	THR	126	22,496	60,854	23,539	1,00	57,87	H31H O
NGUYÊN TỬ	5365	CG2	THR	126	22,968	60,874	21,156	1,00	57,69	H31H C
NGUYÊN TỬ	5366	C	THR	126	19,973	61,005	22,314	1,00	57,27	H31H C
NGUYÊN TỬ	5367	O	THR	126	20,164	62,051	21,693	1,00	58,39	H31H O
NGUYÊN TỬ	5368	N	LYS	127	19,026	60,878	23,247	1,00	54,41	H31H N
NGUYÊN TỬ	5369	CA	LYS	127	17,996	61,901	23,478	1,00	50,77	H31H C
NGUYÊN TỬ	5370	CB	LYS	127	16,834	61,696	22,505	1,00	49,90	H31H C
NGUYÊN TỬ	5371	CG	LYS	127	15,469	61,689	23,161	1,00	48,86	H31H C
NGUYÊN TỬ	5372	CD	LYS	127	14,393	61,926	22,117	1,00	49,04	H31H C
NGUYÊN TỬ	5373	CE	LYS	127	13,002	62,077	22,731	1,00	49,43	H31H C
NGUYÊN TỬ	5374	NZ	LYS	127	12,866	63,275	23,602	1,00	48,62	H31H N
NGUYÊN TỬ	5375	C	LYS	127	17,441	61,934	24,908	1,00	48,34	H31H C
NGUYÊN TỬ	5376	O	LYS	127	17,107	60,895	25,480	1,00	48,08	H31H O
NGUYÊN TỬ	5377	N	GLY	128	17,321	63,138	25,464	1,00	45,40	H31H N
NGUYÊN TỬ	5378	CA	GLY	128	16,933	63,289	26,858	1,00	41,87	H31H C
NGUYÊN TỬ	5379	C	GLY	128	15,431	63,204	27,066	1,00	40,01	H31H C
NGUYÊN TỬ	5380	O	GLY	128	14,664	63,391	26,124	1,00	38,07	H31H O
NGUYÊN TỬ	5381	N	PRO	129	14,978	62,914	28,296	1,00	40,21	H31H N
NGUYÊN TỬ	5382	CD	PRO	129	15,828	62,783	29,492	1,00	40,34	H31H C
NGUYÊN TỬ	5383	CA	PRO	129	13,566	62,665	28,617	1,00	39,64	H31H C
NGUYÊN TỬ	5384	CB	PRO	129	13,636	61,979	29,967	1,00	38,84	H31H C
NGUYÊN TỬ	5385	CG	PRO	129	14,824	62,610	30,603	1,00	39,50	H31H C
NGUYÊN TỬ	5386	C	PRO	129	12,685	63,929	28,677	1,00	39,72	H31H C
NGUYÊN TỬ	5387	O	PRO	129	13,155	65,020	28,963	1,00	38,60	H31H O
NGUYÊN TỬ	5388	N	SER	130	11,401	63,753	28,397	1,00	40,04	H31H N
NGUYÊN TỬ	5389	CA	SER	130	10,380	64,702	28,806	1,00	39,31	H31H C
NGUYÊN TỬ	5390	CB	SER	130	9,172	64,635	27,857	1,00	39,01	H31H C
NGUYÊN TỬ	5391	OG	SER	130	9,521	64,950	26,520	1,00	40,33	H31H O
NGUYÊN TỬ	5392	C	SER	130	9,944	64,253	30,190	1,00	38,84	H31H C
NGUYÊN TỬ	5393	O	SER	130	9,720	63,073	30,395	1,00	39,02	H31H O
NGUYÊN TỬ	5394	N	VAL	131	9,812	65,179	31,133	1,00	38,94	H31H N

NGUYÊN TỬ	5395	CA	VAL	131	9,342	64,822	32,462	1,00	37,98	H31H C
NGUYÊN TỬ	5396	CB	VAL	131	10,370	65,220	33,533	1,00	38,94	H31H C
NGUYÊN TỬ	5397	CG1	VAL	131	10,159	64,377	34,794	1,00	37,15	H31H C
NGUYÊN TỬ	5398	CG2	VAL	131	11,776	65,066	32,982	1,00	37,53	H31H C
NGUYÊN TỬ	5399	C	VAL	131	8,010	65,493	32,798	1,00	39,20	H31H C
NGUYÊN TỬ	5400	O	VAL	131	7,889	66,717	32,855	1,00	39,59	H31H O
NGUYÊN TỬ	5401	N	PHE	132	6,997	64,686	33,036	1,00	40,76	H31H N
NGUYÊN TỬ	5402	CA	PHE	132	5,727	65,231	33,454	1,00	41,89	H31H C
NGUYÊN TỬ	5403	CB	PHE	132	4,625	64,733	32,531	1,00	45,07	H31H C
NGUYÊN TỬ	5404	CG	PHE	132	4,873	65,039	31,086	1,00	47,51	H31H C
NGUYÊN TỬ	5405	CD1	PHE	132	4,524	66,274	30,556	1,00	45,96	H31H C
NGUYÊN TỬ	5406	CD2	PHE	132	5,457	64,091	30,255	1,00	47,99	H31H C
NGUYÊN TỬ	5407	CE1	PHE	132	4,752	66,554	29,224	1,00	47,37	H31H C
NGUYÊN TỬ	5408	CE2	PHE	132	5,687	64,370	28,921	1,00	49,35	H31H C
NGUYÊN TỬ	5409	CZ	PHE	132	5,332	65,605	28,405	1,00	48,08	H31H C
NGUYÊN TỬ	5410	C	PHE	132	5,468	64,782	34,867	1,00	42,41	H31H C
NGUYÊN TỬ	5411	O	PHE	132	5,802	63,667	35,239	1,00	40,02	H31H O
NGUYÊN TỬ	5412	N	PRO	133	4,874	65,651	35,681	1,00	44,73	H31H N
NGUYÊN TỬ	5413	CD	PRO	133	4,401	67,008	35,358	1,00	42,60	H31H C
NGUYÊN TỬ	5414	CA	PRO	133	4,565	65,279	37,059	1,00	45,76	H31H C
NGUYÊN TỬ	5415	CB	PRO	133	4,235	66,612	37,709	1,00	44,76	H31H C
NGUYÊN TỬ	5416	CG	PRO	133	3,636	67,410	36,595	1,00	41,73	H31H C
NGUYÊN TỬ	5417	C	PRO	133	3,374	64,345	37,062	1,00	47,64	H31H C
NGUYÊN TỬ	5418	O	PRO	133	2,421	64,559	36,325	1,00	49,24	H31H O
NGUYÊN TỬ	5419	N	LEU	134	3,430	63,306	37,880	1,00	48,88	H31H N
NGUYÊN TỬ	5420	CA	LEU	134	2,235	62,537	38,190	1,00	50,70	H31H C
NGUYÊN TỬ	5421	CB	LEU	134	2,554	61,046	38,207	1,00	50,15	H31H C
NGUYÊN TỬ	5422	CG	LEU	134	3,341	60,531	36,999	1,00	49,91	H31H C
NGUYÊN TỬ	5423	CD1	LEU	134	3,959	59,175	37,321	1,00	48,75	H31H C
NGUYÊN TỬ	5424	CD2	LEU	134	2,424	60,455	35,788	1,00	49,17	H31H C
NGUYÊN TỬ	5425	C	LEU	134	1,798	62,984	39,575	1,00	52,49	H31H C
NGUYÊN TỬ	5426	O	LEU	134	2,431	62,629	40,567	1,00	53,95	H31H O
NGUYÊN TỬ	5427	N	ALA	135	0,726	63,768	39,639	1,00	54,85	H31H N
NGUYÊN TỬ	5428	CA	ALA	135	0,292	64,375	40,892	1,00	57,86	H31H C
NGUYÊN TỬ	5429	CB	ALA	135	-0,610	65,564	40,606	1,00	54,42	H31H C
NGUYÊN TỬ	5430	C	ALA	135	-0,436	63,387	41,784	1,00	60,60	H31H C
NGUYÊN TỬ	5431	O	ALA	135	-0,947	62,377	41,318	1,00	60,28	H31H O
NGUYÊN TỬ	5432	N	PRO	136	-0,488	63,674	43,088	1,00	64,55	H31H N
NGUYÊN TỬ	5433	CD	PRO	136	0,300	64,741	43,725	1,00	67,29	H31H C
NGUYÊN TỬ	5434	CA	PRO	136	-1,275	62,919	44,067	1,00	69,15	H31H C
NGUYÊN TỬ	5435	CB	PRO	136	-0,755	63,421	45,409	1,00	69,65	H31H C
NGUYÊN TỬ	5436	CG	PRO	136	-0,256	64,790	45,123	1,00	68,88	H31H C
NGUYÊN TỬ	5437	C	PRO	136	-2,775	63,155	43,917	1,00	72,89	H31H C
NGUYÊN TỬ	5438	O	PRO	136	-3,215	64,290	43,691	1,00	73,33	H31H O
NGUYÊN TỬ	5439	N	SER	137	-3,552	62,080	44,058	1,00	77,84	H31H N
NGUYÊN TỬ	5440	CA	SER	137	-5,003	62,131	43,878	1,00	82,41	H31H C
NGUYÊN TỬ	5441	CB	SER	137	-5,583	60,712	43,864	1,00	82,42	H31H C
NGUYÊN TỬ	5442	OG	SER	137	-5,241	60,017	45,050	1,00	83,20	H31H O
NGUYÊN TỬ	5443	C	SER	137	-5,682	62,948	44,973	1,00	84,96	H31H C
NGUYÊN TỬ	5444	O	SER	137	-5,100	63,201	46,028	1,00	87,33	H31H O
NGUYÊN TỬ	5445	N	GLY	144	-3,876	56,071	54,474	1,00	84,33	H31H N
NGUYÊN TỬ	5446	CA	GLY	144	-3,690	57,342	55,159	1,00	83,90	H31H C
NGUYÊN TỬ	5447	C	GLY	144	-2,769	58,322	54,437	1,00	82,39	H31H C
NGUYÊN TỬ	5448	O	GLY	144	-2,568	59,450	54,882	1,00	82,07	H31H O
NGUYÊN TỬ	5449	N	THR	145	-2,202	57,898	53,316	1,00	80,81	H31H N
NGUYÊN TỬ	5450	CA	THR	145	-1,246	58,729	52,603	1,00	79,74	H31H C
NGUYÊN TỬ	5451	CB	THR	145	0,194	58,274	52,897	1,00	81,45	H31H C
NGUYÊN TỬ	5452	OG1	THR	145	0,388	56,939	52,413	1,00	82,63	H31H O
NGUYÊN TỬ	5453	CG2	THR	145	0,460	58,315	54,389	1,00	81,35	H31H C
NGUYÊN TỬ	5454	C	THR	145	-1,490	58,699	51,093	1,00	78,23	H31H C
NGUYÊN TỬ	5455	O	THR	145	-2,372	57,985	50,607	1,00	76,79	H31H O
NGUYÊN TỬ	5456	N	ALA	146	-0,708	59,486	50,357	1,00	76,75	H31H N
NGUYÊN TỬ	5457	CA	ALA	146	-0,910	59,648	48,922	1,00	74,80	H31H C
NGUYÊN TỬ	5458	CB	ALA	146	-1,355	61,071	48,617	1,00	74,54	H31H C
NGUYÊN TỬ	5459	C	ALA	146	0,359	59,320	48,151	1,00	72,36	H31H C
NGUYÊN TỬ	5460	O	ALA	146	1,468	59,474	48,662	1,00	72,82	H31H O
NGUYÊN TỬ	5461	N	ALA	147	0,187	58,857	46,917	1,00	68,95	H31H N
NGUYÊN TỬ	5462	CA	ALA	147	1,320	58,517	46,062	1,00	64,43	H31H C
NGUYÊN TỬ	5463	CB	ALA	147	1,154	57,116	45,501	1,00	65,16	H31H C
NGUYÊN TỬ	5464	C	ALA	147	1,447	59,513	44,921	1,00	61,83	H31H C
NGUYÊN TỬ	5465	O	ALA	147	0,531	59,677	44,116	1,00	61,04	H31H O
NGUYÊN TỬ	5466	N	LEU	148	2,587	60,180	44,851	1,00	58,23	H31H N
NGUYÊN TỬ	5467	CA	LEU	148	2,890	60,984	43,689	1,00	55,96	H31H C
NGUYÊN TỬ	5468	CB	LEU	148	3,086	62,448	44,072	1,00	55,54	H31H C
NGUYÊN TỬ	5469	CG	LEU	148	4,068	62,755	45,194	1,00	54,79	H31H C
NGUYÊN TỬ	5470	CD1	LEU	148	5,140	63,728	44,718	1,00	57,06	H31H C

NGUYÊN TỬ	5471	CD2	LEU	148	3,289	63,337	46,346	1,00	54,72	H31H C
NGUYÊN TỬ	5472	C	LEU	148	4,149	60,448	43,063	1,00	54,70	H31H C
NGUYÊN TỬ	5473	O	LEU	148	4,822	59,596	43,633	1,00	54,10	H31H O
NGUYÊN TỬ	5474	N	GLY	149	4,462	60,946	41,879	1,00	53,02	H31H N
NGUYÊN TỬ	5475	CA	GLY	149	5,675	60,521	41,221	1,00	51,68	H31H C
NGUYÊN TỬ	5476	C	GLY	149	5,905	61,418	40,034	1,00	49,79	H31H C
NGUYÊN TỬ	5477	O	GLY	149	5,166	62,368	39,832	1,00	50,10	H31H O
NGUYÊN TỬ	5478	N	CYS	150	6,927	61,131	39,246	1,00	48,52	H31H N
NGUYÊN TỬ	5479	CA	CYS	150	7,064	61,821	37,986	1,00	47,23	H31H C
NGUYÊN TỬ	5480	C	CYS	150	7,447	60,877	36,839	1,00	43,82	H31H C
NGUYÊN TỬ	5481	O	CYS	150	8,290	60,002	36,996	1,00	43,71	H31H O
NGUYÊN TỬ	5482	CB	CYS	150	8,048	62,988	38,150	1,00	49,36	H31H C
NGUYÊN TỬ	5483	SG	CYS	150	9,812	62,571	38,243	1,00	56,29	H31H S
NGUYÊN TỬ	5484	N	LEU	151	6,772	61,050	35,701	1,00	41,91	H31H N
NGUYÊN TỬ	5485	CA	LEU	151	6,853	60,144	34,545	1,00	40,54	H31H C
NGUYÊN TỬ	5486	CB	LEU	151	5,505	60,099	33,823	1,00	40,30	H31H C
NGUYÊN TỬ	5487	CG	LEU	151	5,616	59,625	32,371	1,00	40,58	H31H C
NGUYÊN TỬ	5488	CD1	LEU	151	6,148	58,202	32,343	1,00	42,03	H31H C
NGUYÊN TỬ	5489	CD2	LEU	151	4,256	59,696	31,685	1,00	40,84	H31H C
NGUYÊN TỬ	5490	C	LEU	151	7,924	60,558	33,533	1,00	40,01	H31H C
NGUYÊN TỬ	5491	O	LEU	151	7,765	61,548	32,833	1,00	39,20	H31H O
NGUYÊN TỬ	5492	N	VAL	152	9,000	59,789	33,444	1,00	40,24	H31H N
NGUYÊN TỬ	5493	CA	VAL	152	10,169	60,190	32,664	1,00	41,29	H31H C
NGUYÊN TỬ	5494	CB	VAL	152	11,463	59,823	33,443	1,00	40,87	H31H C
NGUYÊN TỬ	5495	CG1	VAL	152	12,663	60,541	32,856	1,00	41,31	H31H C
NGUYÊN TỬ	5496	CG2	VAL	152	11,292	60,147	34,921	1,00	38,03	H31H C
NGUYÊN TỬ	5497	C	VAL	152	10,164	59,463	31,312	1,00	42,74	H31H C
NGUYÊN TỬ	5498	O	VAL	152	10,623	58,321	31,225	1,00	45,26	H31H O
NGUYÊN TỬ	5499	N	LYS	153	9,654	60,098	30,257	1,00	43,18	H31H N
NGUYÊN TỬ	5500	CA	LYS	153	9,476	59,375	28,991	1,00	45,09	H31H C
NGUYÊN TỬ	5501	CB	LYS	153	8,035	59,501	28,491	1,00	44,98	H31H C
NGUYÊN TỬ	5502	CG	LYS	153	7,594	60,909	28,168	1,00	46,95	H31H C
NGUYÊN TỬ	5503	CD	LYS	153	6,077	60,974	27,919	1,00	49,28	H31H C
NGUYÊN TỬ	5504	CE	LYS	153	5,711	60,748	26,441	1,00	49,98	H31H C
NGUYÊN TỬ	5505	NZ	LYS	153	4,315	61,196	26,093	1,00	48,65	H31H N
NGUYÊN TỬ	5506	C	LYS	153	10,425	59,736	27,848	1,00	45,72	H31H C
NGUYÊN TỬ	5507	O	LYS	153	11,028	60,813	27,822	1,00	46,61	H31H O
NGUYÊN TỬ	5508	N	ASP	154	10,568	58,798	26,920	1,00	45,12	H31H N
NGUYÊN TỬ	5509	CA	ASP	154	11,169	59,055	25,618	1,00	45,38	H31H C
NGUYÊN TỬ	5510	CB	ASP	154	10,349	60,101	24,882	1,00	44,90	H31H C
NGUYÊN TỬ	5511	CG	ASP	154	8,960	59,602	24,521	1,00	48,08	H31H C
NGUYÊN TỬ	5512	OD1	ASP	154	8,805	58,376	24,299	1,00	49,40	H31H O
NGUYÊN TỬ	5513	OD2	ASP	154	8,019	60,434	24,455	1,00	51,13	H31H O
NGUYÊN TỬ	5514	C	ASP	154	12,639	59,453	25,601	1,00	45,46	H31H C
NGUYÊN TỬ	5515	O	ASP	154	13,013	60,401	24,932	1,00	44,22	H31H O
NGUYÊN TỬ	5516	N	TYR	155	13,476	58,712	26,318	1,00	47,16	H31H N
NGUYÊN TỬ	5517	CA	TYR	155	14,921	58,918	26,259	1,00	49,79	H31H C
NGUYÊN TỬ	5518	CB	TYR	155	15,467	59,204	27,659	1,00	51,22	H31H C
NGUYÊN TỬ	5519	CG	TYR	155	15,315	58,042	28,623	1,00	54,62	H31H C
NGUYÊN TỬ	5520	CD1	TYR	155	16,430	57,412	29,156	1,00	55,10	H31H C
NGUYÊN TỬ	5521	CE1	TYR	155	16,294	56,327	30,002	1,00	57,77	H31H C
NGUYÊN TỬ	5522	CD2	TYR	155	14,055	57,556	28,970	1,00	54,59	H31H C
NGUYÊN TỬ	5523	CE2	TYR	155	13,909	56,479	29,811	1,00	55,80	H31H C
NGUYÊN TỬ	5524	CZ	TYR	155	15,031	55,860	30,325	1,00	57,60	H31H C
NGUYÊN TỬ	5525	OH	TYR	155	14,905	54,749	31,139	1,00	59,92	H31H O
NGUYÊN TỬ	5526	C	TYR	155	15,669	57,716	25,654	1,00	50,37	H31H C
NGUYÊN TỬ	5527	O	TYR	155	15,057	56,698	25,296	1,00	48,82	H31H O
NGUYÊN TỬ	5528	N	PHE	156	16,991	57,866	25,549	1,00	49,83	H31H N
NGUYÊN TỬ	5529	CA	PHE	156	17,889	56,872	24,984	1,00	50,40	H31H C
NGUYÊN TỬ	5530	CB	PHE	156	17,494	56,525	23,545	1,00	51,14	H31H C
NGUYÊN TỬ	5531	CG	PHE	156	18,311	55,411	22,949	1,00	52,08	H31H C
NGUYÊN TỬ	5532	CD1	PHE	156	19,596	55,651	22,470	1,00	53,14	H31H C
NGUYÊN TỬ	5533	CD2	PHE	156	17,818	54,112	22,922	1,00	52,74	H31H C
NGUYÊN TỬ	5534	CE1	PHE	156	20,379	54,618	21,982	1,00	54,59	H31H C
NGUYÊN TỬ	5535	CE2	PHE	156	18,592	53,068	22,437	1,00	54,30	H31H C
NGUYÊN TỬ	5536	CZ	PHE	156	19,875	53,317	21,966	1,00	54,91	H31H C
NGUYÊN TỬ	5537	C	PHE	156	19,306	57,436	24,975	1,00	52,12	H31H C
NGUYÊN TỬ	5538	O	PHE	156	19,518	58,620	24,715	1,00	51,42	H31H O
NGUYÊN TỬ	5539	N	PRO	157	20,303	56,586	25,246	1,00	52,79	H31H N
NGUYÊN TỬ	5540	CD	PRO	157	21,723	56,973	25,178	1,00	55,23	H31H C
NGUYÊN TỬ	5541	CA	PRO	157	20,151	55,191	25,668	1,00	56,36	H31H C
NGUYÊN TỬ	5542	CB	PRO	157	21,487	54,576	25,285	1,00	54,78	H31H C
NGUYÊN TỬ	5543	CG	PRO	157	22,456	55,688	25,531	1,00	54,58	H31H C
NGUYÊN TỬ	5544	C	PRO	157	19,921	55,158	27,179	1,00	58,64	H31H C
NGUYÊN TỬ	5545	O	PRO	157	19,828	56,220	27,807	1,00	60,21	H31H O
NGUYÊN TỬ	5546	N	GLU	158	19,850	53,960	27,761	1,00	59,18	H31H N

NGUYÊN TỬ	5547	CA	GLU	158	19,939	53,803	29,217	1,00	60,12	H31H C
NGUYÊN TỬ	5548	CB	GLU	158	19,800	52,330	29,593	1,00	60,44	H31H C
NGUYÊN TỬ	5549	CG	GLU	158	18,442	51,733	29,306	1,00	61,07	H31H C
NGUYÊN TỬ	5550	CD	GLU	158	17,480	51,975	30,436	1,00	61,97	H31H C
NGUYÊN TỬ	5551	OE1	GLU	158	17,604	53,037	31,095	1,00	62,07	H31H O
NGUYÊN TỬ	5552	OE2	GLU	158	16,611	51,105	30,668	1,00	61,87	H31H O
NGUYÊN TỬ	5553	C	GLU	158	21,266	54,330	29,781	1,00	59,69	H31H C
NGUYÊN TỬ	5554	O	GLU	158	22,245	54,482	29,057	1,00	60,37	H31H O
NGUYÊN TỬ	5555	N	PRO	159	21,315	54,619	31,091	1,00	58,97	H31H N
NGUYÊN TỬ	5556	CD	PRO	159	22,618	54,767	31,768	1,00	59,60	H31H C
NGUYÊN TỬ	5557	CA	PRO	159	20,205	54,718	32,051	1,00	58,30	H31H C
NGUYÊN TỬ	5558	CB	PRO	159	20,813	54,145	33,319	1,00	60,20	H31H C
NGUYÊN TỬ	5559	CG	PRO	159	22,263	54,657	33,248	1,00	60,02	H31H C
NGUYÊN TỬ	5560	C	PRO	159	19,769	56,184	32,257	1,00	56,56	H31H C
NGUYÊN TỬ	5561	O	PRO	159	20,471	57,112	31,838	1,00	55,30	H31H O
NGUYÊN TỬ	5562	N	VAL	160	18,630	56,394	32,913	1,00	55,04	H31H N
NGUYÊN TỬ	5563	CA	VAL	160	18,411	57,644	33,649	1,00	54,39	H31H C
NGUYÊN TỬ	5564	CB	VAL	160	16,999	58,228	33,447	1,00	55,26	H31H C
NGUYÊN TỬ	5565	CG1	VAL	160	16,883	58,885	32,090	1,00	58,59	H31H C
NGUYÊN TỬ	5566	CG2	VAL	160	15,970	57,133	33,612	1,00	55,92	H31H C
NGUYÊN TỬ	5567	C	VAL	160	18,552	57,384	35,131	1,00	53,67	H31H C
NGUYÊN TỬ	5568	O	VAL	160	18,305	56,277	35,607	1,00	53,08	H31H O
NGUYÊN TỬ	5569	N	THR	161	18,933	58,402	35,878	1,00	50,80	H31H N
NGUYÊN TỬ	5570	CA	THR	161	18,797	58,269	37,305	1,00	49,44	H31H C
NGUYÊN TỬ	5571	CB	THR	161	20,164	58,345	37,983	1,00	49,51	H31H C
NGUYÊN TỬ	5572	OG1	THR	161	20,751	59,632	37,771	1,00	50,02	H31H O
NGUYÊN TỬ	5573	CG2	THR	161	21,073	57,297	37,382	1,00	50,69	H31H C
NGUYÊN TỬ	5574	C	THR	161	17,836	59,318	37,839	1,00	49,75	H31H C
NGUYÊN TỬ	5575	O	THR	161	17,912	60,497	37,492	1,00	49,46	H31H O
NGUYÊN TỬ	5576	N	VAL	162	16,900	58,867	38,662	1,00	49,63	H31H N
NGUYÊN TỬ	5577	CA	VAL	162	15,885	59,750	39,218	1,00	48,46	H31H C
NGUYÊN TỬ	5578	CB	VAL	162	14,470	59,172	39,007	1,00	50,10	H31H C
NGUYÊN TỬ	5579	CG1	VAL	162	13,426	60,152	39,528	1,00	51,21	H31H C
NGUYÊN TỬ	5580	CG2	VAL	162	14,253	58,865	37,527	1,00	49,13	H31H C
NGUYÊN TỬ	5581	C	VAL	162	16,123	59,923	40,707	1,00	46,96	H31H C
NGUYÊN TỬ	5582	O	VAL	162	16,495	58,988	41,399	1,00	44,46	H31H O
NGUYÊN TỬ	5583	N	SER	163	15,909	61,131	41,196	1,00	47,63	H31H N
NGUYÊN TỬ	5584	CA	SER	163	16,055	61,397	42,619	1,00	47,37	H31H C
NGUYÊN TỬ	5585	CB	SER	163	17,421	62,010	42,892	1,00	45,40	H31H C
NGUYÊN TỬ	5586	OG	SER	163	17,530	62,317	44,262	1,00	47,31	H31H O
NGUYÊN TỬ	5587	C	SER	163	14,966	62,336	43,125	1,00	46,40	H31H C
NGUYÊN TỬ	5588	O	SER	163	14,323	63,032	42,339	1,00	47,13	H31H O
NGUYÊN TỬ	5589	N	TRP	164	14,754	62,361	44,435	1,00	44,44	H31H N
NGUYÊN TỬ	5590	CA	TRP	164	13,855	63,359	45,007	1,00	42,49	H31H C
NGUYÊN TỬ	5591	CB	TRP	164	12,660	62,675	45,676	1,00	36,70	H31H C
NGUYÊN TỬ	5592	CG	TRP	164	11,840	61,877	44,694	1,00	34,26	H31H C
NGUYÊN TỬ	5593	CD2	TRP	164	10,677	62,318	43,979	1,00	34,05	H31H C
NGUYÊN TỬ	5594	CE2	TRP	164	10,229	61,228	43,192	1,00	34,15	H31H C
NGUYÊN TỬ	5595	CE3	TRP	164	9,969	63,528	43,925	1,00	32,87	H31H C
NGUYÊN TỬ	5596	CD1	TRP	164	12,045	60,576	44,315	1,00	33,54	H31H C
NGUYÊN TỬ	5597	NE1	TRP	164	11,082	60,179	43,416	1,00	30,36	H31H N
NGUYÊN TỬ	5598	CZ2	TRP	164	9,103	61,317	42,362	1,00	33,86	H31H C
NGUYÊN TỬ	5599	CZ3	TRP	164	8,855	63,613	43,102	1,00	32,86	H31H C
NGUYÊN TỬ	5600	CH2	TRP	164	8,432	62,512	42,331	1,00	34,03	H31H C
NGUYÊN TỬ	5601	C	TRP	164	14,559	64,302	45,981	1,00	43,04	H31H C
NGUYÊN TỬ	5602	O	TRP	164	15,408	63,894	46,783	1,00	41,69	H31H O
NGUYÊN TỬ	5603	N	ASN	165	14,211	65,580	45,882	1,00	44,35	H31H N
NGUYÊN TỬ	5604	CA	ASN	165	14,805	66,593	46,735	1,00	43,74	H31H C
NGUYÊN TỬ	5605	CB	ASN	165	14,254	66,453	48,145	1,00	45,04	H31H C
NGUYÊN TỬ	5606	CG	ASN	165	12,780	66,757	48,205	1,00	46,52	H31H C
NGUYÊN TỬ	5607	OD1	ASN	165	12,330	67,728	47,603	1,00	49,82	H31H O
NGUYÊN TỬ	5608	ND2	ASN	165	12,016	65,933	48,920	1,00	45,08	H31H N
NGUYÊN TỬ	5609	C	ASN	165	16,320	66,473	46,728	1,00	43,80	H31H C
NGUYÊN TỬ	5610	O	ASN	165	16,996	66,852	47,687	1,00	43,40	H31H O
NGUYÊN TỬ	5611	N	SER	166	16,848	65,939	45,632	1,00	43,57	H31H N
NGUYÊN TỬ	5612	CA	SER	166	18,277	66,007	45,387	1,00	44,05	H31H C
NGUYÊN TỬ	5613	CB	SER	166	18,802	67,385	45,778	1,00	44,33	H31H C
NGUYÊN TỬ	5614	OG	SER	166	18,185	68,364	44,978	1,00	48,35	H31H O
NGUYÊN TỬ	5615	C	SER	166	19,030	64,947	46,164	1,00	42,94	H31H C
NGUYÊN TỬ	5616	O	SER	166	20,245	65,039	46,326	1,00	41,74	H31H O
NGUYÊN TỬ	5617	N	GLY	167	18,301	63,952	46,655	1,00	42,43	H31H N
NGUYÊN TỬ	5618	CA	GLY	167	18,929	62,897	47,418	1,00	41,74	H31H C
NGUYÊN TỬ	5619	C	GLY	167	18,292	62,682	48,772	1,00	42,53	H31H C
NGUYÊN TỬ	5620	O	GLY	167	18,144	61,533	49,209	1,00	43,39	H31H O
NGUYÊN TỬ	5621	N	ALA	168	17,896	63,769	49,436	1,00	42,33	H31H N
NGUYÊN TỬ	5622	CA	ALA	168	17,324	63,656	50,778	1,00	40,60	H31H C

NGUYÊN TỬ	5623	CB	ALA	168	17,054	65,021	51,346	1,00	39,45	H31H C
NGUYÊN TỬ	5624	C	ALA	168	16,061	62,799	50,846	1,00	39,62	H31H C
NGUYÊN TỬ	5625	O	ALA	168	15,870	62,080	51,809	1,00	39,68	H31H O
NGUYÊN TỬ	5626	N	LEU	169	15,204	62,846	49,830	1,00	39,52	H31H N
NGUYÊN TỬ	5627	CA	LEU	169	13,955	62,089	49,897	1,00	40,32	H31H C
NGUYÊN TỬ	5628	CB	LEU	169	12,848	62,777	49,076	1,00	38,82	H31H C
NGUYÊN TỬ	5629	CG	LEU	169	11,506	62,016	49,118	1,00	38,57	H31H C
NGUYÊN TỬ	5630	CD1	LEU	169	11,201	61,626	50,544	1,00	36,39	H31H C
NGUYÊN TỬ	5631	CD2	LEU	169	10,372	62,854	48,547	1,00	38,11	H31H C
NGUYÊN TỬ	5632	C	LEU	169	14,109	60,636	49,437	1,00	42,25	H31H C
NGUYÊN TỬ	5633	O	LEU	169	13,874	60,301	48,268	1,00	41,44	H31H O
NGUYÊN TỬ	5634	N	THR	170	14,479	59,759	50,363	1,00	44,70	H31H N
NGUYÊN TỬ	5635	CA	THR	170	14,772	58,391	49,961	1,00	46,53	H31H C
NGUYÊN TỬ	5636	CB	THR	170	16,187	57,944	50,439	1,00	45,23	H31H C
NGUYÊN TỬ	5637	OG1	THR	170	16,368	58,245	51,831	1,00	46,22	H31H O
NGUYÊN TỬ	5638	CG2	THR	170	17,262	58,664	49,625	1,00	45,00	H31H C
NGUYÊN TỬ	5639	C	THR	170	13,731	57,367	50,373	1,00	47,49	H31H C
NGUYÊN TỬ	5640	O	THR	170	13,345	56,528	49,568	1,00	49,33	H31H O
NGUYÊN TỬ	5641	N	SER	171	13,250	57,431	51,604	1,00	48,12	H31H N
NGUYÊN TỬ	5642	CA	SER	171	12,273	56,440	52,035	1,00	49,02	H31H C
NGUYÊN TỬ	5643	CB	SER	171	11,928	56,639	53,502	1,00	50,34	H31H C
NGUYÊN TỬ	5644	OG	SER	171	11,290	57,891	53,670	1,00	49,96	H31H O
NGUYÊN TỬ	5645	C	SER	171	11,005	56,580	51,206	1,00	48,93	H31H C
NGUYÊN TỬ	5646	O	SER	171	10,606	57,690	50,859	1,00	50,01	H31H O
NGUYÊN TỬ	5647	N	GLY	172	10,370	55,458	50,887	1,00	48,36	H31H N
NGUYÊN TỬ	5648	CA	GLY	172	9,101	55,513	50,184	1,00	46,99	H31H C
NGUYÊN TỬ	5649	C	GLY	172	9,206	55,745	48,687	1,00	45,95	H31H C
NGUYÊN TỬ	5650	O	GLY	172	8,187	55,845	48,015	1,00	46,41	H31H O
NGUYÊN TỬ	5651	N	VAL	173	10,430	55,822	48,168	1,00	45,18	H31H N
NGUYÊN TỬ	5652	CA	VAL	173	10,683	56,062	46,748	1,00	44,79	H31H C
NGUYÊN TỬ	5653	CB	VAL	173	11,999	56,839	46,546	1,00	43,99	H31H C
NGUYÊN TỬ	5654	CG1	VAL	173	12,280	56,991	45,068	1,00	43,36	H31H C
NGUYÊN TỬ	5655	CG2	VAL	173	11,933	58,192	47,224	1,00	45,03	H31H C
NGUYÊN TỬ	5656	C	VAL	173	10,837	54,765	45,970	1,00	46,04	H31H C
NGUYÊN TỬ	5657	O	VAL	173	11,828	54,070	46,157	1,00	46,61	H31H O
NGUYÊN TỬ	5658	N	HIS	174	9,899	54,424	45,091	1,00	48,02	H31H N
NGUYÊN TỬ	5659	CA	HIS	174	10,185	53,321	44,167	1,00	50,67	H31H C
NGUYÊN TỬ	5660	CB	HIS	174	9,160	52,188	44,299	1,00	56,04	H31H C
NGUYÊN TỬ	5661	CG	HIS	174	9,618	50,887	43,707	1,00	64,33	H31H C
NGUYÊN TỬ	5662	CD2	HIS	174	10,847	50,313	43,652	1,00	67,01	H31H C
NGUYÊN TỬ	5663	ND1	HIS	174	8,755	49,998	43,097	1,00	67,38	H31H N
NGUYÊN TỬ	5664	CE1	HIS	174	9,432	48,933	42,694	1,00	67,43	H31H C
NGUYÊN TỬ	5665	NE2	HIS	174	10,702	49,099	43,019	1,00	68,12	H31H N
NGUYÊN TỬ	5666	C	HIS	174	10,243	53,765	42,715	1,00	48,63	H31H C
NGUYÊN TỬ	5667	O	HIS	174	9,222	54,087	42,110	1,00	48,68	H31H O
NGUYÊN TỬ	5668	N	THR	175	11,450	53,771	42,167	1,00	46,86	H31H N
NGUYÊN TỬ	5669	CA	THR	175	11,689	54,015	40,747	1,00	45,90	H31H C
NGUYÊN TỬ	5670	CB	THR	175	13,096	54,614	40,559	1,00	45,07	H31H C
NGUYÊN TỬ	5671	OG1	THR	175	13,205	55,827	41,317	1,00	42,71	H31H O
NGUYÊN TỬ	5672	CG2	THR	175	13,383	54,873	39,077	1,00	44,22	H31H C
NGUYÊN TỬ	5673	C	THR	175	11,608	52,702	39,946	1,00	45,53	H31H C
NGUYÊN TỬ	5674	O	THR	175	12,380	51,769	40,193	1,00	44,10	H31H O
NGUYÊN TỬ	5675	N	PHE	176	10,686	52,630	38,991	1,00	45,00	H31H N
NGUYÊN TỬ	5676	CA	PHE	176	10,489	51,395	38,236	1,00	47,18	H31H C
NGUYÊN TỬ	5677	CB	PHE	176	9,036	51,253	37,827	1,00	46,51	H31H C
NGUYÊN TỬ	5678	CG	PHE	176	8,102	51,087	38,986	1,00	48,17	H31H C
NGUYÊN TỬ	5679	CD1	PHE	176	7,654	52,191	39,694	1,00	45,97	H31H C
NGUYÊN TỬ	5680	CD2	PHE	176	7,647	49,827	39,353	1,00	47,11	H31H C
NGUYÊN TỬ	5681	CE1	PHE	176	6,771	52,039	40,738	1,00	45,93	H31H C
NGUYÊN TỬ	5682	CE2	PHE	176	6,762	49,675	40,400	1,00	46,13	H31H C
NGUYÊN TỬ	5683	CZ	PHE	176	6,325	50,781	41,090	1,00	46,30	H31H C
NGUYÊN TỬ	5684	C	PHE	176	11,364	51,265	36,999	1,00	48,64	H31H C
NGUYÊN TỬ	5685	O	PHE	176	11,760	52,261	36,394	1,00	48,01	H31H O
NGUYÊN TỬ	5686	N	PRO	177	11,688	50,013	36,613	1,00	48,62	H31H N
NGUYÊN TỬ	5687	CD	PRO	177	11,330	48,782	37,338	1,00	50,33	H31H C
NGUYÊN TỬ	5688	CA	PRO	177	12,573	49,722	35,474	1,00	49,81	H31H C
NGUYÊN TỬ	5689	CB	PRO	177	12,832	48,216	35,590	1,00	49,25	H31H C
NGUYÊN TỬ	5690	CG	PRO	177	12,471	47,872	37,005	1,00	49,07	H31H C
NGUYÊN TỬ	5691	C	PRO	177	11,898	50,093	34,157	1,00	48,15	H31H C
NGUYÊN TỬ	5692	O	PRO	177	10,692	49,864	33,977	1,00	44,95	H31H O
NGUYÊN TỬ	5693	N	ALA	178	12,681	50,671	33,250	1,00	47,67	H31H N
NGUYÊN TỬ	5694	CA	ALA	178	12,133	51,303	32,055	1,00	49,62	H31H C
NGUYÊN TỬ	5695	CB	ALA	178	13,218	52,103	31,354	1,00	50,13	H31H C
NGUYÊN TỬ	5696	C	ALA	178	11,530	50,298	31,087	1,00	50,13	H31H C
NGUYÊN TỬ	5697	O	ALA	178	11,955	49,153	31,023	1,00	50,26	H31H O
NGUYÊN TỬ	5698	N	VAL	179	10,538	50,728	30,325	1,00	50,60	H31H N

NGUYÊN TỬ	5699	CA	VAL	179	10,123	49,941	29,181	1,00	52,63	H31H C
NGUYÊN TỬ	5700	CB	VAL	179	8,585	49,921	29,017	1,00	49,49	H31H C
NGUYÊN TỬ	5701	CG1	VAL	179	8,075	51,264	28,523	1,00	47,79	H31H C
NGUYÊN TỬ	5702	CG2	VAL	179	8,204	48,828	28,057	1,00	48,76	H31H C
NGUYÊN TỬ	5703	C	VAL	179	10,760	50,485	27,890	1,00	57,03	H31H C
NGUYÊN TỬ	5704	O	VAL	179	11,205	51,639	27,820	1,00	55,93	H31H O
NGUYÊN TỬ	5705	N	LEU	180	10,824	49,625	26,880	1,00	61,40	H31H N
NGUYÊN TỬ	5706	CA	LEU	180	11,157	50,033	25,528	1,00	63,99	H31H C
NGUYÊN TỬ	5707	CB	LEU	180	12,042	48,976	24,878	1,00	61,84	H31H C
NGUYÊN TỬ	5708	CG	LEU	180	13,014	49,469	23,813	1,00	60,90	H31H C
NGUYÊN TỬ	5709	CD1	LEU	180	13,527	50,842	24,190	1,00	58,46	H31H C
NGUYÊN TỬ	5710	CD2	LEU	180	14,172	48,482	23,684	1,00	60,70	H31H C
NGUYÊN TỬ	5711	C	LEU	180	9,829	50,137	24,788	1,00	67,05	H31H C
NGUYÊN TỬ	5712	O	LEU	180	9,032	49,200	24,813	1,00	68,83	H31H O
NGUYÊN TỬ	5713	N	GLN	181	9,576	51,281	24,158	1,00	69,86	H31H N
NGUYÊN TỬ	5714	CA	GLN	181	8,376	51,441	23,341	1,00	71,70	H31H C
NGUYÊN TỬ	5715	CB	GLN	181	7,882	52,898	23,384	1,00	74,68	H31H C
NGUYÊN TỬ	5716	CG	GLN	181	7,427	53,378	24,772	1,00	79,74	H31H C
NGUYÊN TỬ	5717	CD	GLN	181	7,670	54,877	25,014	1,00	83,20	H31H C
NGUYÊN TỬ	5718	OE1	GLN	181	6,731	55,643	25,273	1,00	85,51	H31H O
NGUYÊN TỬ	5719	NE2	GLN	181	8,933	55,293	24,938	1,00	84,18	H31H N
NGUYÊN TỬ	5720	C	GLN	181	8,741	51,039	21,912	1,00	72,09	H31H C
NGUYÊN TỬ	5721	O	GLN	181	9,930	50,913	21,574	1,00	70,09	H31H O
NGUYÊN TỬ	5722	N	SER	182	7,723	50,830	21,080	1,00	72,37	H31H N
NGUYÊN TỬ	5723	CA	SER	182	7,937	50,423	19,694	1,00	72,49	H31H C
NGUYÊN TỬ	5724	CB	SER	182	6,599	50,335	18,967	1,00	71,69	H31H C
NGUYÊN TỬ	5725	OG	SER	182	5,733	49,438	19,639	1,00	72,82	H31H O
NGUYÊN TỬ	5726	C	SER	182	8,853	51,407	18,976	1,00	72,06	H31H C
NGUYÊN TỬ	5727	O	SER	182	9,297	51,164	17,855	1,00	73,81	H31H O
NGUYÊN TỬ	5728	N	SER	183	9,131	52,519	19,640	1,00	69,30	H31H N
NGUYÊN TỬ	5729	CA	SER	183	9,965	53,554	19,076	1,00	67,21	H31H C
NGUYÊN TỬ	5730	CB	SER	183	9,624	54,890	19,735	1,00	69,40	H31H C
NGUYÊN TỬ	5731	OG	SER	183	10,483	55,921	19,280	1,00	71,75	H31H O
NGUYÊN TỬ	5732	C	SER	183	11,445	53,239	19,269	1,00	65,60	H31H C
NGUYÊN TỬ	5733	O	SER	183	12,305	53,765	18,552	1,00	64,41	H31H O
NGUYÊN TỬ	5734	N	GLY	184	11,747	52,386	20,245	1,00	64,00	H31H N
NGUYÊN TỬ	5735	CA	GLY	184	13,137	52,179	20,626	1,00	62,60	H31H C
NGUYÊN TỬ	5736	C	GLY	184	13,634	53,272	21,562	1,00	61,18	H31H C
NGUYÊN TỬ	5737	O	GLY	184	14,828	53,376	21,850	1,00	60,60	H31H O
NGUYÊN TỬ	5738	N	LEU	185	12,703	54,097	22,030	1,00	59,98	H31H N
NGUYÊN TỬ	5739	CA	LEU	185	12,987	55,063	23,079	1,00	59,22	H31H C
NGUYÊN TỬ	5740	CB	LEU	185	12,357	56,422	22,744	1,00	59,91	H31H C
NGUYÊN TỬ	5741	CG	LEU	185	12,913	57,128	21,502	1,00	59,10	H31H C
NGUYÊN TỬ	5742	CD1	LEU	185	12,278	58,502	21,353	1,00	57,09	H31H C
NGUYÊN TỬ	5743	CD2	LEU	185	14,431	57,239	21,621	1,00	57,14	H31H C
NGUYÊN TỬ	5744	C	LEU	185	12,398	54,522	24,372	1,00	58,54	H31H C
NGUYÊN TỬ	5745	O	LEU	185	11,390	53,805	24,343	1,00	58,03	H31H O
NGUYÊN TỬ	5746	N	TYR	186	13,030	54,861	25,495	1,00	56,77	H31H N
NGUYÊN TỬ	5747	CA	TYR	186	12,629	54,334	26,792	1,00	54,56	H31H C
NGUYÊN TỬ	5748	CB	TYR	186	13,853	54,115	27,678	1,00	53,50	H31H C
NGUYÊN TỬ	5749	CG	TYR	186	14,782	53,017	27,218	1,00	53,54	H31H C
NGUYÊN TỬ	5750	CD1	TYR	186	14,423	51,672	27,341	1,00	53,96	H31H C
NGUYÊN TỬ	5751	CE1	TYR	186	15,281	50,655	26,928	1,00	53,54	H31H C
NGUYÊN TỬ	5752	CD2	TYR	186	16,023	53,319	26,673	1,00	52,95	H31H C
NGUYÊN TỬ	5753	CE2	TYR	186	16,885	52,317	26,259	1,00	55,74	H31H C
NGUYÊN TỬ	5754	CZ	TYR	186	16,509	50,987	26,386	1,00	54,83	H31H C
NGUYÊN TỬ	5755	OH	TYR	186	17,366	50,006	25,944	1,00	54,90	H31H O
NGUYÊN TỬ	5756	C	TYR	186	11,663	55,249	27,526	1,00	53,17	H31H C
NGUYÊN TỬ	5757	O	TYR	186	11,697	56,463	27,374	1,00	55,58	H31H O
NGUYÊN TỬ	5758	N	SER	187	10,798	54,656	28,331	1,00	50,88	H31H N
NGUYÊN TỬ	5759	CA	SER	187	10,108	55,397	29,376	1,00	49,39	H31H C
NGUYÊN TỬ	5760	CB	SER	187	8,619	55,528	29,057	1,00	48,12	H31H C
NGUYÊN TỬ	5761	OG	SER	187	8,416	56,389	27,956	1,00	49,32	H31H O
NGUYÊN TỬ	5762	C	SER	187	10,278	54,665	30,699	1,00	48,74	H31H C
NGUYÊN TỬ	5763	O	SER	187	10,304	53,432	30,741	1,00	49,37	H31H O
NGUYÊN TỬ	5764	N	LEU	188	10,408	55,421	31,779	1,00	46,61	H31H N
NGUYÊN TỬ	5765	CA	LEU	188	10,223	54,852	33,099	1,00	45,05	H31H C
NGUYÊN TỬ	5766	CB	LEU	188	11,572	54,451	33,708	1,00	41,87	H31H C
NGUYÊN TỬ	5767	CG	LEU	188	12,446	55,532	34,348	1,00	41,43	H31H C
NGUYÊN TỬ	5768	CD1	LEU	188	11,988	55,808	35,773	1,00	41,51	H31H C
NGUYÊN TỬ	5769	CD2	LEU	188	13,876	55,058	34,363	1,00	40,21	H31H C
NGUYÊN TỬ	5770	C	LEU	188	9,549	55,917	33,943	1,00	44,78	H31H C
NGUYÊN TỬ	5771	O	LEU	188	9,594	57,093	33,599	1,00	44,93	H31H O
NGUYÊN TỬ	5772	N	SER	189	8,920	55,509	35,038	1,00	44,18	H31H N
NGUYÊN TỬ	5773	CA	SER	189	8,382	56,461	35,993	1,00	43,74	H31H C
NGUYÊN TỬ	5774	CB	SER	189	6,857	56,474	35,905	1,00	42,81	H31H C

NGUYÊN TỬ	5775	OG	SER	189	6,384	55,250	35,391	1,00	40,88	H31H O
NGUYÊN TỬ	5776	C	SER	189	8,835	56,138	37,416	1,00	44,62	H31H C
NGUYÊN TỬ	5777	O	SER	189	9,054	54,978	37,758	1,00	44,06	H31H O
NGUYÊN TỬ	5778	N	SER	190	8,986	57,175	38,235	1,00	45,13	H31H N
NGUYÊN TỬ	5779	CA	SER	190	9,349	57,004	39,637	1,00	47,28	H31H C
NGUYÊN TỬ	5780	CB	SER	190	10,651	57,759	39,910	1,00	47,70	H31H C
NGUYÊN TỬ	5781	OG	SER	190	10,959	57,794	41,291	1,00	51,62	H31H O
NGUYÊN TỬ	5782	C	SER	190	8,228	57,514	40,559	1,00	48,63	H31H C
NGUYÊN TỬ	5783	O	SER	190	7,793	58,654	40,449	1,00	49,40	H31H O
NGUYÊN TỬ	5784	N	VAL	191	7,749	56,669	41,460	1,00	48,61	H31H N
NGUYÊN TỬ	5785	CA	VAL	191	6,716	57,091	42,404	1,00	48,08	H31H C
NGUYÊN TỬ	5786	CB	VAL	191	5,628	56,022	42,579	1,00	48,63	H31H C
NGUYÊN TỬ	5787	CG1	VAL	191	4,361	56,655	43,120	1,00	49,16	H31H C
NGUYÊN TỬ	5788	CG2	VAL	191	5,378	55,322	41,276	1,00	50,66	H31H C
NGUYÊN TỬ	5789	C	VAL	191	7,344	57,302	43,770	1,00	48,14	H31H C
NGUYÊN TỬ	5790	O	VAL	191	8,455	56,846	44,032	1,00	48,84	H31H O
NGUYÊN TỬ	5791	N	VAL	192	6,625	57,980	44,649	1,00	47,74	H31H N
NGUYÊN TỬ	5792	CA	VAL	192	7,071	58,124	46,020	1,00	49,09	H31H C
NGUYÊN TỬ	5793	CB	VAL	192	7,993	59,347	46,168	1,00	47,37	H31H C
NGUYÊN TỬ	5794	CG1	VAL	192	7,188	60,616	46,033	1,00	49,41	H31H C
NGUYÊN TỬ	5795	CG2	VAL	192	8,716	59,299	47,494	1,00	48,43	H31H C
NGUYÊN TỬ	5796	C	VAL	192	5,833	58,285	46,893	1,00	51,29	H31H C
NGUYÊN TỬ	5797	O	VAL	192	4,869	58,925	46,491	1,00	52,06	H31H O
NGUYÊN TỬ	5798	N	THR	193	5,845	57,683	48,076	1,00	53,99	H31H N
NGUYÊN TỬ	5799	CA	THR	193	4,707	57,791	48,978	1,00	55,72	H31H C
NGUYÊN TỬ	5800	CB	THR	193	4,442	56,475	49,712	1,00	54,82	H31H C
NGUYÊN TỬ	5801	OG1	THR	193	4,299	55,412	48,762	1,00	52,78	H31H O
NGUYÊN TỬ	5802	CG2	THR	193	3,174	56,593	50,529	1,00	53,19	H31H C
NGUYÊN TỬ	5803	C	THR	193	4,949	58,865	50,024	1,00	57,60	H31H C
NGUYÊN TỬ	5804	O	THR	193	6,014	58,915	50,638	1,00	60,19	H31H O
NGUYÊN TỬ	5805	N	VAL	194	3,951	59,718	50,223	1,00	59,12	H31H N
NGUYÊN TỬ	5806	CA	VAL	194	4,007	60,758	51,244	1,00	59,31	H31H C
NGUYÊN TỬ	5807	CB	VAL	194	4,182	62,149	50,614	1,00	57,34	H31H C
NGUYÊN TỬ	5808	CG1	VAL	194	5,482	62,222	49,839	1,00	56,49	H31H C
NGUYÊN TỬ	5809	CG2	VAL	194	3,001	62,443	49,714	1,00	53,69	H31H C
NGUYÊN TỬ	5810	C	VAL	194	2,705	60,776	52,041	1,00	61,25	H31H C
NGUYÊN TỬ	5811	O	VAL	194	1,692	60,235	51,604	1,00	61,92	H31H O
NGUYÊN TỬ	5812	N	PRO	195	2,721	61,416	53,222	1,00	62,39	H31H N
NGUYÊN TỬ	5813	CD	PRO	195	3,960	61,784	53,933	1,00	60,34	H31H C
NGUYÊN TỬ	5814	CA	PRO	195	1,521	61,810	53,980	1,00	63,17	H31H C
NGUYÊN TỬ	5815	CB	PRO	195	2,088	62,549	55,197	1,00	59,42	H31H C
NGUYÊN TỬ	5816	CG	PRO	195	3,473	62,076	55,326	1,00	58,40	H31H C
NGUYÊN TỬ	5817	C	PRO	195	0,575	62,718	53,182	1,00	64,78	H31H C
NGUYÊN TỬ	5818	O	PRO	195	1,016	63,634	52,486	1,00	65,00	H31H O
NGUYÊN TỬ	5819	N	SER	196	-0,725	62,476	53,297	1,00	65,72	H31H N
NGUYÊN TỬ	5820	CA	SER	196	-1,705	63,386	52,714	1,00	66,61	H31H C
NGUYÊN TỬ	5821	CB	SER	196	-3,117	62,826	52,895	1,00	65,85	H31H C
NGUYÊN TỬ	5822	OG	SER	196	-3,210	61,527	52,356	1,00	61,78	H31H O
NGUYÊN TỬ	5823	C	SER	196	-1,607	64,754	53,393	1,00	67,65	H31H C
NGUYÊN TỬ	5824	O	SER	196	-1,704	65,795	52,746	1,00	68,06	H31H O
NGUYÊN TỬ	5825	N	SER	197	-1,403	64,734	54,704	1,00	69,10	H31H N
NGUYÊN TỬ	5826	CA	SER	197	-1,411	65,944	55,516	1,00	69,65	H31H C
NGUYÊN TỬ	5827	CB	SER	197	-1,255	65,561	56,990	1,00	69,31	H31H C
NGUYÊN TỬ	5828	OG	SER	197	-0,156	64,684	57,169	1,00	68,21	H31H O
NGUYÊN TỬ	5829	C	SER	197	-0,329	66,959	55,130	1,00	70,07	H31H C
NGUYÊN TỬ	5830	O	SER	197	-0,543	68,174	55,225	1,00	70,52	H31H O
NGUYÊN TỬ	5831	N	SER	198	0,835	66,465	54,712	1,00	69,45	H31H N
NGUYÊN TỬ	5832	CA	SER	198	1,959	67,342	54,405	1,00	68,99	H31H C
NGUYÊN TỬ	5833	CB	SER	198	3,295	66,596	54,588	1,00	70,62	H31H C
NGUYÊN TỬ	5834	OG	SER	198	3,418	65,476	53,730	1,00	73,17	H31H O
NGUYÊN TỬ	5835	C	SER	198	1,855	67,925	52,996	1,00	68,67	H31H C
NGUYÊN TỬ	5836	O	SER	198	2,640	68,798	52,610	1,00	66,31	H31H O
NGUYÊN TỬ	5837	N	LEU	199	0,875	67,450	52,233	1,00	69,05	H31H N
NGUYÊN TỬ	5838	CA	LEU	199	0,587	68,038	50,938	1,00	70,87	H31H C
NGUYÊN TỬ	5839	CB	LEU	199	-0,469	67,219	50,205	1,00	68,03	H31H C
NGUYÊN TỬ	5840	CG	LEU	199	-0,068	65,802	49,805	1,00	66,69	H31H C
NGUYÊN TỬ	5841	CD1	LEU	199	-1,221	65,107	49,119	1,00	65,13	H31H C
NGUYÊN TỬ	5842	CD2	LEU	199	1,127	65,864	48,884	1,00	66,64	H31H C
NGUYÊN TỬ	5843	C	LEU	199	0,077	69,448	51,171	1,00	74,01	H31H C
NGUYÊN TỬ	5844	O	LEU	199	-0,534	69,736	52,202	1,00	75,02	H31H O
NGUYÊN TỬ	5845	N	GLY	200	0,331	70,335	50,224	1,00	76,20	H31H N
NGUYÊN TỬ	5846	CA	GLY	200	-0,025	71,720	50,442	1,00	79,03	H31H C
NGUYÊN TỬ	5847	C	GLY	200	1,110	72,503	51,069	1,00	81,18	H31H C
NGUYÊN TỬ	5848	O	GLY	200	1,260	73,693	50,805	1,00	82,30	H31H O
NGUYÊN TỬ	5849	N	THR	201	1,922	71,847	51,889	1,00	82,71	H31H N
NGUYÊN TỬ	5850	CA	THR	201	2,984	72,552	52,591	1,00	83,47	H31H C

NGUYÊN TỬ	5851	CB	THR	201	2,869	72,334	54,093	1,00	82,12	H31H C
NGUYÊN TỬ	5852	OG1	THR	201	2,774	70,932	54,358	1,00	82,06	H31H O
NGUYÊN TỬ	5853	CG2	THR	201	1,643	73,031	54,632	1,00	80,62	H31H C
NGUYÊN TỬ	5854	C	THR	201	4,377	72,143	52,142	1,00	84,13	H31H C
NGUYÊN TỬ	5855	O	THR	201	5,191	72,988	51,766	1,00	86,17	H31H O
NGUYÊN TỬ	5856	N	GLN	202	4,653	70,846	52,189	1,00	83,67	H31H N
NGUYÊN TỬ	5857	CA	GLN	202	5,949	70,339	51,760	1,00	81,24	H31H C
NGUYÊN TỬ	5858	CB	GLN	202	6,141	68,902	52,250	1,00	84,61	H31H C
NGUYÊN TỬ	5859	CG	GLN	202	6,355	68,812	53,740	1,00	89,81	H31H C
NGUYÊN TỬ	5860	CD	GLN	202	7,301	69,881	54,232	1,00	93,21	H31H C
NGUYÊN TỬ	5861	OE1	GLN	202	6,995	70,603	55,178	1,00	95,82	H31H O
NGUYÊN TỬ	5862	NE2	GLN	202	8,458	69,997	53,586	1,00	96,62	H31H N
NGUYÊN TỬ	5863	C	GLN	202	6,013	70,393	50,246	1,00	76,65	H31H C
NGUYÊN TỬ	5864	O	GLN	202	4,997	70,253	49,575	1,00	75,95	H31H O
NGUYÊN TỬ	5865	N	THR	203	7,199	70,607	49,699	1,00	72,04	H31H N
NGUYÊN TỬ	5866	CA	THR	203	7,326	70,634	48,253	1,00	67,97	H31H C
NGUYÊN TỬ	5867	CB	THR	203	7,958	71,961	47,791	1,00	68,16	H31H C
NGUYÊN TỬ	5868	OG1	THR	203	9,304	72,037	48,263	1,00	69,55	H31H O
NGUYÊN TỬ	5869	CG2	THR	203	7,170	73,149	48,352	1,00	66,96	H31H C
NGUYÊN TỬ	5870	C	THR	203	8,145	69,439	47,737	1,00	64,26	H31H C
NGUYÊN TỬ	5871	O	THR	203	9,212	69,119	48,262	1,00	63,14	H31H O
NGUYÊN TỬ	5872	N	TYR	204	7,623	68,769	46,713	1,00	60,03	H31H N
NGUYÊN TỬ	5873	CA	TYR	204	8,261	67,567	46,183	1,00	56,87	H31H C
NGUYÊN TỬ	5874	CB	TYR	204	7,262	66,406	46,201	1,00	56,87	H31H C
NGUYÊN TỬ	5875	CG	TYR	204	6,884	66,022	47,605	1,00	58,37	H31H C
NGUYÊN TỬ	5876	CD1	TYR	204	5,636	66,324	48,121	1,00	59,73	H31H C
NGUYÊN TỬ	5877	CE1	TYR	204	5,318	66,035	49,436	1,00	60,84	H31H C
NGUYÊN TỬ	5878	CD2	TYR	204	7,805	65,414	48,440	1,00	60,23	H31H C
NGUYÊN TỬ	5879	CE2	TYR	204	7,500	65,119	49,749	1,00	60,88	H31H C
NGUYÊN TỬ	5880	CZ	TYR	204	6,257	65,432	50,245	1,00	61,19	H31H C
NGUYÊN TỬ	5881	OH	TYR	204	5,964	65,141	51,558	1,00	60,98	H31H O
NGUYÊN TỬ	5882	C	TYR	204	8,844	67,751	44,774	1,00	54,04	H31H C
NGUYÊN TỬ	5883	O	TYR	204	8,117	67,841	43,784	1,00	52,97	H31H O
NGUYÊN TỬ	5884	N	ILE	205	10,167	67,806	44,693	1,00	50,55	H31H N
NGUYÊN TỬ	5885	CA	ILE	205	10,831	67,982	43,415	1,00	48,02	H31H C
NGUYÊN TỬ	5886	CB	ILE	205	11,880	69,126	43,485	1,00	43,92	H31H C
NGUYÊN TỬ	5887	CG2	ILE	205	12,670	69,191	42,178	1,00	39,57	H31H C
NGUYÊN TỬ	5888	CG1	ILE	205	11,171	70,449	43,801	1,00	40,24	H31H C
NGUYÊN TỬ	5889	CD1	ILE	205	12,090	71,615	44,002	1,00	36,63	H31H C
NGUYÊN TỬ	5890	C	ILE	205	11,511	66,685	43,017	1,00	48,10	H31H C
NGUYÊN TỬ	5891	O	ILE	205	12,252	66,096	43,801	1,00	49,28	H31H O
NGUYÊN TỬ	5892	N	CYS	206	11,256	66,234	41,801	1,00	47,41	H31H N
NGUYÊN TỬ	5893	CA	CYS	206	11,926	65,042	41,313	1,00	47,33	H31H C
NGUYÊN TỬ	5894	C	CYS	206	13,021	65,467	40,346	1,00	46,16	H31H C
NGUYÊN TỬ	5895	O	CYS	206	12,751	66,190	39,395	1,00	46,16	H31H O
NGUYÊN TỬ	5896	CB	CYS	206	10,905	64,116	40,637	1,00	48,70	H31H C
NGUYÊN TỬ	5897	SG	CYS	206	10,705	64,310	38,841	1,00	49,42	H31H S
NGUYÊN TỬ	5898	N	ASN	207	14,259	65,046	40,608	1,00	46,09	H31H N
NGUYÊN TỬ	5899	CA	ASN	207	15,400	65,405	39,758	1,00	45,79	H31H C
NGUYÊN TỬ	5900	CB	ASN	207	16,598	65,771	40,618	1,00	47,44	H31H C
NGUYÊN TỬ	5901	CG	ASN	207	16,194	66,274	41,978	1,00	49,48	H31H C
NGUYÊN TỬ	5902	OD1	ASN	207	15,873	65,481	42,884	1,00	49,54	H31H O
NGUYÊN TỬ	5903	ND2	ASN	207	16,199	67,597	42,140	1,00	48,35	H31H N
NGUYÊN TỬ	5904	C	ASN	207	15,794	64,256	38,841	1,00	45,19	H31H C
NGUYÊN TỬ	5905	O	ASN	207	15,981	63,126	39,292	1,00	45,98	H31H O
NGUYÊN TỬ	5906	N	VAL	208	15,920	64,545	37,552	1,00	44,59	H31H N
NGUYÊN TỬ	5907	CA	VAL	208	16,179	63,499	36,579	1,00	44,44	H31H C
NGUYÊN TỬ	5908	CB	VAL	208	15,061	63,395	35,565	1,00	42,93	H31H C
NGUYÊN TỬ	5909	CG1	VAL	208	15,378	62,291	34,596	1,00	42,05	H31H C
NGUYÊN TỬ	5910	CG2	VAL	208	13,733	63,145	36,275	1,00	42,37	H31H C
NGUYÊN TỬ	5911	C	VAL	208	17,477	63,703	35,824	1,00	46,24	H31H C
NGUYÊN TỬ	5912	O	VAL	208	17,649	64,664	35,076	1,00	46,31	H31H O
NGUYÊN TỬ	5913	N	ASN	209	18,398	62,774	36,027	1,00	49,74	H31H N
NGUYÊN TỬ	5914	CA	ASN	209	19,695	62,842	35,389	1,00	51,57	H31H C
NGUYÊN TỬ	5915	CB	ASN	209	20,775	62,534	36,408	1,00	53,49	H31H C
NGUYÊN TỬ	5916	CG	ASN	209	21,866	63,555	36,397	1,00	58,10	H31H C
NGUYÊN TỬ	5917	OD1	ASN	209	22,623	63,663	35,425	1,00	61,93	H31H O
NGUYÊN TỬ	5918	ND2	ASN	209	21,961	64,331	37,476	1,00	60,31	H31H N
NGUYÊN TỬ	5919	C	ASN	209	19,758	61,854	34,233	1,00	53,30	H31H C
NGUYÊN TỬ	5920	O	ASN	209	19,119	60,794	34,266	1,00	52,74	H31H O
NGUYÊN TỬ	5921	N	HIS	210	20,521	62,213	33,208	1,00	55,96	H31H N
NGUYÊN TỬ	5922	CA	HIS	210	20,682	61,371	32,027	1,00	60,39	H31H C
NGUYÊN TỬ	5923	CB	HIS	210	19,506	61,586	31,075	1,00	57,95	H31H C
NGUYÊN TỬ	5924	CG	HIS	210	19,554	60,737	29,841	1,00	57,46	H31H C
NGUYÊN TỬ	5925	CD2	HIS	210	18,962	59,554	29,550	1,00	56,95	H31H C
NGUYÊN TỬ	5926	ND1	HIS	210	20,240	61,111	28,705	1,00	56,62	H31H N

NGUYÊN TỬ	5927	CE1	HIS	210	20,064	60,196	27,768	1,00	56,04	H31H C
NGUYÊN TỬ	5928	NE2	HIS	210	19,293	59,241	28,255	1,00	56,13	H31H N
NGUYÊN TỬ	5929	C	HIS	210	21,989	61,732	31,332	1,00	64,05	H31H C
NGUYÊN TỬ	5930	O	HIS	210	21,999	62,563	30,423	1,00	66,26	H31H O
NGUYÊN TỬ	5931	N	LYS	211	23,088	61,105	31,759	1,00	67,42	H31H N
NGUYÊN TỬ	5932	CA	LYS	211	24,422	61,500	31,308	1,00	71,12	H31H C
NGUYÊN TỬ	5933	CB	LYS	211	25,493	60,800	32,148	1,00	73,47	H31H C
NGUYÊN TỬ	5934	CG	LYS	211	25,650	61,391	33,537	1,00	78,05	H31H C
NGUYÊN TỬ	5935	CD	LYS	211	26,676	60,635	34,371	1,00	83,09	H31H C
NGUYÊN TỬ	5936	CE	LYS	211	26,518	60,963	35,851	1,00	87,25	H31H C
NGUYÊN TỬ	5937	NZ	LYS	211	25,078	60,948	36,299	1,00	92,55	H31H N
NGUYÊN TỬ	5938	C	LYS	211	24,717	61,288	29,821	1,00	71,44	H31H C
NGUYÊN TỬ	5939	O	LYS	211	25,602	61,954	29,265	1,00	70,88	H31H O
NGUYÊN TỬ	5940	N	PRO	212	23,988	60,363	29,161	1,00	70,66	H31H N
NGUYÊN TỬ	5941	CD	PRO	212	23,075	59,370	29,752	1,00	68,67	H31H C
NGUYÊN TỬ	5942	CA	PRO	212	24,151	60,136	27,723	1,00	70,83	H31H C
NGUYÊN TỬ	5943	CB	PRO	212	23,177	59,003	27,425	1,00	68,87	H31H C
NGUYÊN TỬ	5944	CG	PRO	212	23,014	58,308	28,708	1,00	67,41	H31H C
NGUYÊN TỬ	5945	C	PRO	212	23,856	61,369	26,881	1,00	71,39	H31H C
NGUYÊN TỬ	5946	O	PRO	212	24,549	61,634	25,897	1,00	73,26	H31H O
NGUYÊN TỬ	5947	N	SER	213	22,831	62,124	27,268	1,00	69,78	H31H N
NGUYÊN TỬ	5948	CA	SER	213	22,506	63,363	26,573	1,00	67,25	H31H C
NGUYÊN TỬ	5949	CB	SER	213	20,998	63,448	26,316	1,00	68,21	H31H C
NGUYÊN TỬ	5950	OG	SER	213	20,260	63,475	27,523	1,00	69,83	H31H O
NGUYÊN TỬ	5951	C	SER	213	22,976	64,603	27,333	1,00	64,95	H31H C
NGUYÊN TỬ	5952	O	SER	213	22,739	65,733	26,895	1,00	64,30	H31H O
NGUYÊN TỬ	5953	N	ASN	214	23,651	64,380	28,458	1,00	63,80	H31H N
NGUYÊN TỬ	5954	CA	ASN	214	23,966	65,445	29,405	1,00	62,78	H31H C
NGUYÊN TỬ	5955	CB	ASN	214	25,135	66,282	28,898	1,00	64,09	H31H C
NGUYÊN TỬ	5956	CG	ASN	214	26,432	65,517	28,892	1,00	66,41	H31H C
NGUYÊN TỬ	5957	OD1	ASN	214	26,678	64,705	28,003	1,00	68,49	H31H O
NGUYÊN TỬ	5958	ND2	ASN	214	27,276	65,771	29,886	1,00	68,13	H31H N
NGUYÊN TỬ	5959	C	ASN	214	22,752	66,338	29,632	1,00	60,83	H31H C
NGUYÊN TỬ	5960	O	ASN	214	22,733	67,513	29,258	1,00	59,28	H31H O
NGUYÊN TỬ	5961	N	THR	215	21,732	65,767	30,257	1,00	58,26	H31H N
NGUYÊN TỬ	5962	CA	THR	215	20,473	66,471	30,437	1,00	55,62	H31H C
NGUYÊN TỬ	5963	CB	THR	215	19,412	65,954	29,444	1,00	52,20	H31H C
NGUYÊN TỬ	5964	OG1	THR	215	19,909	66,088	28,112	1,00	47,16	H31H O
NGUYÊN TỬ	5965	CG2	THR	215	18,137	66,741	29,585	1,00	49,57	H31H C
NGUYÊN TỬ	5966	C	THR	215	19,937	66,288	31,855	1,00	54,60	H31H C
NGUYÊN TỬ	5967	O	THR	215	19,390	65,228	32,174	1,00	57,16	H31H O
NGUYÊN TỬ	5968	N	LYS	216	20,069	67,298	32,710	1,00	51,53	H31H N
NGUYÊN TỬ	5969	CA	LYS	216	19,366	67,224	33,976	1,00	49,41	H31H C
NGUYÊN TỬ	5970	CB	LYS	216	20,251	67,745	35,109	1,00	47,56	H31H C
NGUYÊN TỬ	5971	CG	LYS	216	19,748	67,346	36,505	1,00	51,25	H31H C
NGUYÊN TỬ	5972	CD	LYS	216	20,613	67,953	37,610	1,00	56,11	H31H C
NGUYÊN TỬ	5973	CE	LYS	216	19,792	68,452	38,809	1,00	59,03	H31H C
NGUYÊN TỬ	5974	NZ	LYS	216	19,922	69,939	39,020	1,00	66,78	H31H N
NGUYÊN TỬ	5975	C	LYS	216	18,032	67,994	33,913	1,00	47,52	H31H C
NGUYÊN TỬ	5976	O	LYS	216	17,947	69,086	33,343	1,00	47,37	H31H O
NGUYÊN TỬ	5977	N	VAL	217	16,986	67,399	34,475	1,00	45,17	H31H N
NGUYÊN TỬ	5978	CA	VAL	217	15,675	68,029	34,495	1,00	45,48	H31H C
NGUYÊN TỬ	5979	CB	VAL	217	14,705	67,359	33,504	1,00	42,90	H31H C
NGUYÊN TỬ	5980	CG1	VAL	217	13,382	68,094	33,502	1,00	43,01	H31H C
NGUYÊN TỬ	5981	CG2	VAL	217	15,291	67,349	32,126	1,00	42,04	H31H C
NGUYÊN TỬ	5982	C	VAL	217	15,033	67,935	35,874	1,00	45,53	H31H C
NGUYÊN TỬ	5983	O	VAL	217	14,689	66,837	36,325	1,00	44,46	H31H O
NGUYÊN TỬ	5984	N	ASP	218	14,844	69,085	36,522	1,00	45,13	H31H N
NGUYÊN TỬ	5985	CA	ASP	218	14,068	69,157	37,765	1,00	44,22	H31H C
NGUYÊN TỬ	5986	CB	ASP	218	14,646	70,233	38,697	1,00	45,01	H31H C
NGUYÊN TỬ	5987	CG	ASP	218	16,039	69,896	39,177	1,00	46,69	H31H C
NGUYÊN TỬ	5988	OD1	ASP	218	16,230	68,770	39,690	1,00	48,07	H31H O
NGUYÊN TỬ	5989	OD2	ASP	218	16,942	70,752	39,040	1,00	47,24	H31H O
NGUYÊN TỬ	5990	C	ASP	218	12,609	69,485	37,468	1,00	41,82	H31H C
NGUYÊN TỬ	5991	O	ASP	218	12,325	70,438	36,759	1,00	41,41	H31H O
NGUYÊN TỬ	5992	N	LYS	219	11,688	68,690	38,000	1,00	41,58	H31H N
NGUYÊN TỬ	5993	CA	LYS	219	10,261	69,006	37,898	1,00	43,18	H31H C
NGUYÊN TỬ	5994	CB	LYS	219	9,546	68,005	36,983	1,00	42,71	H31H C
NGUYÊN TỬ	5995	CG	LYS	219	8,209	68,494	36,454	1,00	42,46	H31H C
NGUYÊN TỬ	5996	CD	LYS	219	8,401	69,794	35,667	1,00	46,00	H31H C
NGUYÊN TỬ	5997	CE	LYS	219	7,112	70,264	34,971	1,00	46,61	H31H C
NGUYÊN TỬ	5998	NZ	LYS	219	7,108	69,969	33,497	1,00	46,37	H31H N
NGUYÊN TỬ	5999	C	LYS	219	9,612	68,982	39,279	1,00	44,12	H31H C
NGUYÊN TỬ	6000	O	LYS	219	9,785	68,027	40,035	1,00	43,32	H31H O
NGUYÊN TỬ	6001	N	LYS	220	8,879	70,037	39,616	1,00	46,31	H31H N
NGUYÊN TỬ	6002	CA	LYS	220	8,173	70,073	40,887	1,00	51,36	H31H C

```
NGUYÊN TỬ   6003  CB  LYS   220       8,004  71,512  41,356  1,00 51,83       H31H C
NGUYÊN TỬ   6004  CG  LYS   220       7,136  71,684  42,587  1,00 53,30       H31H C
NGUYÊN TỬ   6005  CD  LYS   220       7,297  73,099  43,134  1,00 55,65       H31H C
NGUYÊN TỬ   6006  CE  LYS   220       6,414  73,349  44,343  1,00 58,38       H31H C
NGUYÊN TỬ   6007  NZ  LYS   220       6,792  74,612  45,042  1,00 61,74       H31H N
NGUYÊN TỬ   6008  C   LYS   220       6,810  69,413  40,731  1,00 55,52       H31H C
NGUYÊN TỬ   6009  O   LYS   220       6,127  69,592  39,727  1,00 56,17       H31H O
NGUYÊN TỬ   6010  N   VAL   221       6,425  68,622  41,717  1,00 59,39       H31H N
NGUYÊN TỬ   6011  CA  VAL   221       5,191  67,885  41,620  1,00 63,66       H31H C
NGUYÊN TỬ   6012  CB  VAL   221       5,439  66,388  41,823  1,00 64,08       H31H C
NGUYÊN TỬ   6013  CG1 VAL   221       4,117  65,618  41,778  1,00 62,71       H31H C
NGUYÊN TỬ   6014  CG2 VAL   221       6,391  65,892  40,743  1,00 61,51       H31H C
NGUYÊN TỬ   6015  C   VAL   221       4,234  68,410  42,661  1,00 67,49       H31H C
NGUYÊN TỬ   6016  O   VAL   221       4,508  68,365  43,852  1,00 67,95       H31H O
NGUYÊN TỬ   6017  N   GLU   222       3,118  68,942  42,182  1,00 72,52       H31H N
NGUYÊN TỬ   6018  CA  GLU   222       2,115  69,555  43,032  1,00 77,04       H31H C
NGUYÊN TỬ   6019  CB  GLU   222       1,951  71,041  42,689  1,00 79,41       H31H C
NGUYÊN TỬ   6020  CG  GLU   222       3,071  71,952  43,174  1,00 87,22       H31H C
NGUYÊN TỬ   6021  CD  GLU   222       2,790  73,425  42,900  1,00 91,43       H31H C
NGUYÊN TỬ   6022  OE1 GLU   222       3,133  74,277  43,750  1,00 95,60       H31H O
NGUYÊN TỬ   6023  OE2 GLU   222       2,224  73,730  41,829  1,00 95,74       H31H O
NGUYÊN TỬ   6024  C   GLU   222       0,793  68,843  42,802  1,00 79,22       H31H C
NGUYÊN TỬ   6025  O   GLU   222       0,551  68,271  41,737  1,00 78,25       H31H O
NGUYÊN TỬ   6026  N   PRO   223      -0,084  68,879  43,803  1,00 81,42       H31H N
NGUYÊN TỬ   6027  CD  PRO   223       0,214  69,436  45,129  1,00 83,23       H31H C
NGUYÊN TỬ   6028  CA  PRO   223      -1,433  68,318  43,734  1,00 83,45       H31H C
NGUYÊN TỬ   6029  CB  PRO   223      -2,002  68,595  45,121  1,00 84,78       H31H C
NGUYÊN TỬ   6030  CG  PRO   223      -0,805  68,783  45,992  1,00 85,56       H31H C
NGUYÊN TỬ   6031  C   PRO   223      -2,261  68,981  42,635  1,00 84,25       H31H C
NGUYÊN TỬ   6032  O   PRO   223      -1,940  70,080  42,185  1,00 82,72       H31H O
NGUYÊN TỬ   6033  N   LYS   224      -3,332  68,310  42,221  1,00 85,68       H31H N
NGUYÊN TỬ   6034  CA  LYS   224      -4,128  68,730  41,069  1,00 87,49       H31H C
NGUYÊN TỬ   6035  CB  LYS   224      -4,799  67,507  40,432  1,00 87,94       H31H C
NGUYÊN TỬ   6036  CG  LYS   224      -4,095  66,198  40,749  1,00 88,70       H31H C
NGUYÊN TỬ   6037  CD  LYS   224      -4,345  65,129  39,692  1,00 90,62       H31H C
NGUYÊN TỬ   6038  CE  LYS   224      -3,572  63,850  40,031  1,00 92,06       H31H C
NGUYÊN TỬ   6039  NZ  LYS   224      -3,487  62,866  38,912  1,00 92,45       H31H N
NGUYÊN TỬ   6040  C   LYS   224      -5,191  69,764  41,441  1,00 88,37       H31H C
NGUYÊN TỬ   6041  O   LYS   224      -6,384  69,388  41,475  1,00 89,80       H31H O
NGUYÊN TỬ   6042  OXT LYS   224      -4,825  70,932  41,701  1,00 89,87       H31H O
TER     6043      LYS   224                                                H31H
NGUYÊN TỬ   6044  CB  SER     2       63,863  32,817   2,917  1,00 52,61       L21B C
NGUYÊN TỬ   6045  OG  SER     2       65,036  32,750   2,112  1,00 56,46       L21B O
NGUYÊN TỬ   6046  C   SER     2       63,296  30,542   1,965  1,00 51,89       L21B C
NGUYÊN TỬ   6047  O   SER     2       62,911  29,519   2,538  1,00 49,06       L21B O
NGUYÊN TỬ   6048  N   SER     2       61,635  31,805   3,365  1,00 50,71       L21B N
NGUYÊN TỬ   6049  CA  SER     2       62,738  31,922   2,361  1,00 50,89       L21B C
NGUYÊN TỬ   6050  N   ALA     3       64,199  30,533   0,985  1,00 56,94       L21B N
NGUYÊN TỬ   6051  CA  ALA     3       64,675  29,305   0,362  1,00 57,67       L21B C
NGUYÊN TỬ   6052  CB  ALA     3       65,526  29,649  -0,843  1,00 55,59       L21B C
NGUYÊN TỬ   6053  C   ALA     3       65,454  28,390   1,309  1,00 57,11       L21B C
NGUYÊN TỬ   6054  O   ALA     3       65,912  28,813   2,368  1,00 57,76       L21B O
NGUYÊN TỬ   6055  N   LEU     4       65,585  27,125   0,922  1,00 51,91       L21B N
NGUYÊN TỬ   6056  CA  LEU     4       66,411  26,170   1,654  1,00 50,60       L21B C
NGUYÊN TỬ   6057  CB  LEU     4       65,999  24,735   1,303  1,00 49,68       L21B C
NGUYÊN TỬ   6058  CG  LEU     4       64,497  24,436   1,262  1,00 46,57       L21B C
NGUYÊN TỬ   6059  CD1 LEU     4       64,270  22,951   1,014  1,00 42,80       L21B C
NGUYÊN TỬ   6060  CD2 LEU     4       63,852  24,877   2,561  1,00 45,01       L21B C
NGUYÊN TỬ   6061  C   LEU     4       67,880  26,383   1,282  1,00 51,12       L21B C
NGUYÊN TỬ   6062  O   LEU     4       68,178  26,834   0,185  1,00 51,19       L21B O
NGUYÊN TỬ   6063  N   THR     5       68,791  26,045   2,191  1,00 53,04       L21B N
NGUYÊN TỬ   6064  CA  THR     5       70,207  26,318   1,999  1,00 54,33       L21B C
NGUYÊN TỬ   6065  CB  THR     5       70,858  26,820   3,300  1,00 55,17       L21B C
NGUYÊN TỬ   6066  OG1 THR     5       70,095  27,914   3,834  1,00 56,53       L21B O
NGUYÊN TỬ   6067  CG2 THR     5       72,293  27,267   3,037  1,00 54,92       L21B C
NGUYÊN TỬ   6068  C   THR     5       70,958  25,072   1,561  1,00 55,20       L21B C
NGUYÊN TỬ   6069  O   THR     5       71,062  24,107   2,315  1,00 53,92       L21B O
NGUYÊN TỬ   6070  N   GLN     6       71,480  25,103   0,339  1,00 57,74       L21B N
NGUYÊN TỬ   6071  CA  GLN     6       72,399  24,075  -0,142  1,00 60,09       L21B C
NGUYÊN TỬ   6072  CB  GLN     6       71,997  23,595  -1,536  1,00 58,92       L21B C
NGUYÊN TỬ   6073  CG  GLN     6       70,627  22,949  -1,646  1,00 57,25       L21B C
NGUYÊN TỬ   6074  CD  GLN     6       70,367  22,370  -3,041  1,00 56,07       L21B C
NGUYÊN TỬ   6075  OE1 GLN     6       69,373  22,697  -3,688  1,00 55,90       L21B O
NGUYÊN TỬ   6076  NE2 GLN     6       71,266  21,508  -3,503  1,00 51,99       L21B N
NGUYÊN TỬ   6077  C   GLN     6       73,798  24,676  -0,220  1,00 62,99       L21B C
NGUYÊN TỬ   6078  O   GLN     6       73,962  25,893  -0,141  1,00 63,57       L21B O
```

NGUYÊN TỬ	6079	N	PRO	7	74,827	23,831	-0,364	1,00	65,06	L21B N
NGUYÊN TỬ	6080	CD	PRO	7	74,858	22,407	0,006	1,00	66,69	L21B C
NGUYÊN TỬ	6081	CA	PRO	7	76,150	24,319	-0,761	1,00	66,63	L21B C
NGUYÊN TỬ	6082	CB	PRO	7	77,052	23,094	-0,600	1,00	67,18	L21B C
NGUYÊN TỬ	6083	CG	PRO	7	76,305	22,179	0,307	1,00	68,34	L21B C
NGUYÊN TỬ	6084	C	PRO	7	76,081	24,772	-2,212	1,00	66,86	L21B C
NGUYÊN TỬ	6085	O	PRO	7	75,360	24,179	-3,001	1,00	67,36	L21B O
NGUYÊN TỬ	6086	N	ALA	8	76,824	25,810	-2,575	1,00	67,52	L21B N
NGUYÊN TỬ	6087	CA	ALA	8	76,860	26,225	-3,971	1,00	68,06	L21B C
NGUYÊN TỬ	6088	CB	ALA	8	77,642	27,526	-4,121	1,00	70,77	L21B C
NGUYÊN TỬ	6089	C	ALA	8	77,482	25,126	-4,831	1,00	68,63	L21B C
NGUYÊN TỬ	6090	O	ALA	8	77,122	24,967	-5,993	1,00	67,08	L21B O
NGUYÊN TỬ	6091	N	SER	9	78,413	24,364	-4,265	1,00	69,56	L21B N
NGUYÊN TỬ	6092	CA	SER	9	78,988	23,232	-4,990	1,00	71,04	L21B C
NGUYÊN TỬ	6093	CB	SER	9	80,051	23,718	-5,979	1,00	71,64	L21B C
NGUYÊN TỬ	6094	OG	SER	9	81,060	24,455	-5,315	1,00	75,30	L21B O
NGUYÊN TỬ	6095	C	SER	9	79,587	22,153	-4,083	1,00	69,92	L21B C
NGUYÊN TỬ	6096	O	SER	9	79,840	22,389	-2,902	1,00	69,61	L21B O
NGUYÊN TỬ	6097	N	VAL	10	79,771	20,963	-4,651	1,00	68,05	L21B N
NGUYÊN TỬ	6098	CA	VAL	10	80,487	19,867	-4,009	1,00	67,25	L21B C
NGUYÊN TỬ	6099	CB	VAL	10	79,553	18,805	-3,398	1,00	68,41	L21B C
NGUYÊN TỬ	6100	CG1	VAL	10	78,759	19,393	-2,259	1,00	69,36	L21B C
NGUYÊN TỬ	6101	CG2	VAL	10	78,639	18,242	-4,478	1,00	68,43	L21B C
NGUYÊN TỬ	6102	C	VAL	10	81,273	19,173	-5,093	1,00	66,54	L21B C
NGUYÊN TỬ	6103	O	VAL	10	80,874	19,177	-6,262	1,00	67,05	L21B O
NGUYÊN TỬ	6104	N	SER	11	82,383	18,560	-4,701	1,00	65,07	L21B N
NGUYÊN TỬ	6105	CA	SER	11	83,317	18,029	-5,670	1,00	63,23	L21B C
NGUYÊN TỬ	6106	CB	SER	11	84,572	18,897	-5,687	1,00	61,31	L21B C
NGUYÊN TỬ	6107	OG	SER	11	85,258	18,728	-6,908	1,00	63,07	L21B O
NGUYÊN TỬ	6108	C	SER	11	83,683	16,584	-5,352	1,00	62,63	L21B C
NGUYÊN TỬ	6109	O	SER	11	83,759	16,194	-4,184	1,00	62,08	L21B O
NGUYÊN TỬ	6110	N	GLY	12	83,911	15,794	-6,397	1,00	61,55	L21B N
NGUYÊN TỬ	6111	CA	GLY	12	84,362	14,427	-6,206	1,00	59,55	L21B C
NGUYÊN TỬ	6112	C	GLY	12	84,904	13,767	-7,463	1,00	59,44	L21B C
NGUYÊN TỬ	6113	O	GLY	12	84,533	14,127	-8,585	1,00	57,13	L21B O
NGUYÊN TỬ	6114	N	SER	13	85,784	12,787	-7,256	1,00	60,89	L21B N
NGUYÊN TỬ	6115	CA	SER	13	86,412	12,017	-8,334	1,00	61,13	L21B C
NGUYÊN TỬ	6116	CB	SER	13	87,909	11,855	-8,050	1,00	61,04	L21B C
NGUYÊN TỬ	6117	OG	SER	13	88,515	11,011	-9,010	1,00	60,21	L21B O
NGUYÊN TỬ	6118	C	SER	13	85,759	10,646	-8,439	1,00	59,77	L21B C
NGUYÊN TỬ	6119	O	SER	13	85,223	10,145	-7,463	1,00	59,25	L21B O
NGUYÊN TỬ	6120	N	PRO	14	85,809	10,014	-9,621	1,00	59,99	L21B N
NGUYÊN TỬ	6121	CD	PRO	14	86,598	10,379	-10,812	1,00	59,07	L21B C
NGUYÊN TỬ	6122	CA	PRO	14	85,040	8,776	-9,823	1,00	62,35	L21B C
NGUYÊN TỬ	6123	CB	PRO	14	85,579	8,235	-11,148	1,00	60,39	L21B C
NGUYÊN TỬ	6124	CG	PRO	14	86,045	9,474	-11,883	1,00	59,18	L21B C
NGUYÊN TỬ	6125	C	PRO	14	85,163	7,759	-8,676	1,00	64,90	L21B C
NGUYÊN TỬ	6126	O	PRO	14	86,192	7,676	-8,010	1,00	65,34	L21B O
NGUYÊN TỬ	6127	N	GLY	15	84,098	7,001	-8,434	1,00	67,76	L21B N
NGUYÊN TỬ	6128	CA	GLY	15	84,110	6,056	-7,336	1,00	71,41	L21B C
NGUYÊN TỬ	6129	C	GLY	15	84,108	6,707	-5,963	1,00	75,03	L21B C
NGUYÊN TỬ	6130	O	GLY	15	84,199	6,020	-4,950	1,00	74,91	L21B O
NGUYÊN TỬ	6131	N	GLN	16	84,006	8,029	-5,908	1,00	79,31	L21B N
NGUYÊN TỬ	6132	CA	GLN	16	83,878	8,712	-4,623	1,00	83,11	L21B C
NGUYÊN TỬ	6133	CB	GLN	16	84,415	10,143	-4,714	1,00	85,50	L21B C
NGUYÊN TỬ	6134	CG	GLN	16	85,929	10,243	-4,740	1,00	90,35	L21B C
NGUYÊN TỬ	6135	CD	GLN	16	86,419	11,683	-4,710	1,00	92,66	L21B C
NGUYÊN TỬ	6136	OE1	GLN	16	87,482	12,005	-5,256	1,00	92,77	L21B O
NGUYÊN TỬ	6137	NE2	GLN	16	85,644	12,560	-4,069	1,00	93,76	L21B N
NGUYÊN TỬ	6138	C	GLN	16	82,428	8,746	-4,145	1,00	83,84	L21B C
NGUYÊN TỬ	6139	O	GLN	16	81,498	8,490	-4,919	1,00	84,75	L21B O
NGUYÊN TỬ	6140	N	SER	17	82,246	9,056	-2,864	1,00	83,83	L21B N
NGUYÊN TỬ	6141	CA	SER	17	80,913	9,239	-2,294	1,00	84,75	L21B C
NGUYÊN TỬ	6142	CB	SER	17	80,603	8,125	-1,279	1,00	86,49	L21B C
NGUYÊN TỬ	6143	OG	SER	17	80,314	6,891	-1,922	1,00	89,21	L21B O
NGUYÊN TỬ	6144	C	SER	17	80,758	10,607	-1,620	1,00	83,88	L21B C
NGUYÊN TỬ	6145	O	SER	17	81,204	10,812	-0,490	1,00	82,32	L21B O
NGUYÊN TỬ	6146	N	ILE	18	80,116	11,539	-2,318	1,00	83,58	L21B N
NGUYÊN TỬ	6147	CA	ILE	18	79,808	12,850	-1,751	1,00	83,01	L21B C
NGUYÊN TỬ	6148	CB	ILE	18	79,972	13,974	-2,794	1,00	82,86	L21B C
NGUYÊN TỬ	6149	CG2	ILE	18	81,394	14,495	-2,776	1,00	80,11	L21B C
NGUYÊN TỬ	6150	CG1	ILE	18	79,581	13,462	-4,182	1,00	85,84	L21B C
NGUYÊN TỬ	6151	CD1	ILE	18	78,174	12,921	-4,275	1,00	90,99	L21B C
NGUYÊN TỬ	6152	C	ILE	18	78,394	12,925	-1,211	1,00	81,22	L21B C
NGUYÊN TỬ	6153	O	ILE	18	77,562	12,068	-1,492	1,00	83,09	L21B O
NGUYÊN TỬ	6154	N	THR	19	78,117	13,960	-0,433	1,00	77,37	L21B N

NGUYÊN TỬ	6155	CA	THR	19	76,739	14,264	-0,115	1,00	73,65	L21B C
NGUYÊN TỬ	6156	CB	THR	19	76,344	13,699	1,250	1,00	72,21	L21B C
NGUYÊN TỬ	6157	OG1	THR	19	76,707	14,624	2,277	1,00	70,39	L21B O
NGUYÊN TỬ	6158	CG2	THR	19	77,049	12,387	1,488	1,00	70,27	L21B C
NGUYÊN TỬ	6159	C	THR	19	76,458	15,765	-0,134	1,00	71,42	L21B C
NGUYÊN TỬ	6160	O	THR	19	77,370	16,590	-0,039	1,00	71,11	L21B O
NGUYÊN TỬ	6161	N	ILE	20	75,178	16,100	-0,261	1,00	69,05	L21B N
NGUYÊN TỬ	6162	CA	ILE	20	74,737	17,473	-0,418	1,00	65,68	L21B C
NGUYÊN TỬ	6163	CB	ILE	20	74,059	17,658	-1,789	1,00	61,69	L21B C
NGUYÊN TỬ	6164	CG2	ILE	20	73,641	19,087	-1,966	1,00	61,81	L21B C
NGUYÊN TỬ	6165	CG1	ILE	20	75,028	17,270	-2,906	1,00	58,15	L21B C
NGUYÊN TỬ	6166	CD1	ILE	20	74,481	17,454	-4,286	1,00	54,31	L21B C
NGUYÊN TỬ	6167	C	ILE	20	73,773	17,862	0,700	1,00	65,38	L21B C
NGUYÊN TỬ	6168	O	ILE	20	72,859	17,120	1,041	1,00	65,12	L21B O
NGUYÊN TỬ	6169	N	SER	21	73,988	19,036	1,270	1,00	66,68	L21B N
NGUYÊN TỬ	6170	CA	SER	21	73,178	19,513	2,381	1,00	67,79	L21B C
NGUYÊN TỬ	6171	CB	SER	21	74,038	20,377	3,303	1,00	68,52	L21B C
NGUYÊN TỬ	6172	OG	SER	21	73,230	21,136	4,187	1,00	70,90	L21B O
NGUYÊN TỬ	6173	C	SER	21	71,953	20,314	1,930	1,00	67,36	L21B C
NGUYÊN TỬ	6174	O	SER	21	71,994	21,035	0,932	1,00	66,91	L21B O
NGUYÊN TỬ	6175	N	CYS	22	70,868	20,194	2,689	1,00	67,57	L21B N
NGUYÊN TỬ	6176	CA	CYS	22	69,663	20,984	2,452	1,00	68,05	L21B C
NGUYÊN TỬ	6177	C	CYS	22	69,109	21,427	3,798	1,00	69,14	L21B C
NGUYÊN TỬ	6178	O	CYS	22	68,334	20,711	4,402	1,00	69,10	L21B O
NGUYÊN TỬ	6179	CB	CYS	22	68,629	20,118	1,732	1,00	67,60	L21B C
NGUYÊN TỬ	6180	SG	CYS	22	67,077	20,933	1,216	1,00	65,97	L21B S
NGUYÊN TỬ	6181	N	THR	23	69,495	22,593	4,290	1,00	72,15	L21B N
NGUYÊN TỬ	6182	CA	THR	23	69,051	22,958	5,628	1,00	76,33	L21B C
NGUYÊN TỬ	6183	CB	THR	23	70,205	23,520	6,473	1,00	75,55	L21B C
NGUYÊN TỬ	6184	OG1	THR	23	70,577	24,806	5,972	1,00	78,73	L21B O
NGUYÊN TỬ	6185	CG2	THR	23	71,409	22,595	6,407	1,00	75,50	L21B C
NGUYÊN TỬ	6186	C	THR	23	67,903	23,967	5,615	1,00	78,37	L21B C
NGUYÊN TỬ	6187	O	THR	23	68,068	25,123	5,217	1,00	79,56	L21B O
NGUYÊN TỬ	6188	N	GLY	24	66,737	23,509	6,059	1,00	79,38	L21B N
NGUYÊN TỬ	6189	CA	GLY	24	65,554	24,344	6,057	1,00	80,39	L21B C
NGUYÊN TỬ	6190	C	GLY	24	65,173	24,696	7,472	1,00	81,41	L21B C
NGUYÊN TỬ	6191	O	GLY	24	66,042	24,918	8,306	1,00	81,58	L21B O
NGUYÊN TỬ	6192	N	THR	25	63,878	24,747	7,757	1,00	83,11	L21B N
NGUYÊN TỬ	6193	CA	THR	25	63,429	25,146	9,085	1,00	85,45	L21B C
NGUYÊN TỬ	6194	CB	THR	25	62,866	26,591	9,071	1,00	86,14	L21B C
NGUYÊN TỬ	6195	OG1	THR	25	61,621	26,629	8,360	1,00	87,19	L21B O
NGUYÊN TỬ	6196	CG2	THR	25	63,846	27,528	8,388	1,00	86,73	L21B C
NGUYÊN TỬ	6197	C	THR	25	62,372	24,216	9,692	1,00	86,38	L21B C
NGUYÊN TỬ	6198	O	THR	25	62,153	23,098	9,217	1,00	85,39	L21B O
NGUYÊN TỬ	6199	N	SER	26	61,735	24,693	10,757	1,00	87,61	L21B N
NGUYÊN TỬ	6200	CA	SER	26	60,632	23,990	11,394	1,00	89,14	L21B C
NGUYÊN TỬ	6201	CB	SER	26	60,383	24,581	12,781	1,00	87,79	L21B C
NGUYÊN TỬ	6202	OG	SER	26	60,268	25,992	12,708	1,00	85,49	L21B O
NGUYÊN TỬ	6203	C	SER	26	59,375	24,120	10,538	1,00	91,27	L21B C
NGUYÊN TỬ	6204	O	SER	26	58,300	23,680	10,923	1,00	92,38	L21B O
NGUYÊN TỬ	6205	N	SER	27	59,520	24,737	9,374	1,00	93,31	L21B N
NGUYÊN TỬ	6206	CA	SER	27	58,409	24,899	8,452	1,00	94,36	L21B C
NGUYÊN TỬ	6207	CB	SER	27	58,176	26,382	8,174	1,00	94,15	L21B C
NGUYÊN TỬ	6208	OG	SER	27	58,262	27,140	9,369	1,00	91,23	L21B O
NGUYÊN TỬ	6209	C	SER	27	58,730	24,186	7,148	1,00	95,59	L21B C
NGUYÊN TỬ	6210	O	SER	27	57,837	23,851	6,376	1,00	97,39	L21B O
NGUYÊN TỬ	6211	N	ASP	28	60,019	23,964	6,913	1,00	96,07	L21B N
NGUYÊN TỬ	6212	CA	ASP	28	60,507	23,454	5,637	1,00	96,19	L21B C
NGUYÊN TỬ	6213	CB	ASP	28	61,825	24,146	5,270	1,00	98,10	L21B C
NGUYÊN TỬ	6214	CG	ASP	28	61,718	25,670	5,281	1,00	99,61	L21B C
NGUYÊN TỬ	6215	OD1	ASP	28	62,749	26,351	5,067	1,00	97,89	L21B O
NGUYÊN TỬ	6216	OD2	ASP	28	60,603	26,188	5,502	1,00	103,08	L21B O
NGUYÊN TỬ	6217	C	ASP	28	60,724	21,945	5,704	1,00	96,20	L21B C
NGUYÊN TỬ	6218	O	ASP	28	59,811	21,163	5,451	1,00	94,14	L21B O
NGUYÊN TỬ	6219	N	VAL	29	61,938	21,535	6,046	1,00	97,12	L21B N
NGUYÊN TỬ	6220	CA	VAL	29	62,221	20,122	6,218	1,00	99,22	L21B C
NGUYÊN TỬ	6221	CB	VAL	29	63,636	19,773	5,739	1,00	98,78	L21B C
NGUYÊN TỬ	6222	CG1	VAL	29	63,907	20,450	4,416	1,00	98,60	L21B C
NGUYÊN TỬ	6223	CG2	VAL	29	64,651	20,188	6,771	1,00	98,58	L21B C
NGUYÊN TỬ	6224	C	VAL	29	62,108	19,788	7,695	1,00	100,89	L21B C
NGUYÊN TỬ	6225	O	VAL	29	62,414	18,677	8,110	1,00	102,16	L21B O
NGUYÊN TỬ	6226	N	GLY	30	61,671	20,767	8,481	1,00	102,57	L21B N
NGUYÊN TỬ	6227	CA	GLY	30	61,450	20,546	9,899	1,00	105,19	L21B C
NGUYÊN TỬ	6228	C	GLY	30	60,199	19,727	10,159	1,00	106,33	L21B C
NGUYÊN TỬ	6229	O	GLY	30	60,273	18,632	10,716	1,00	106,20	L21B O
NGUYÊN TỬ	6230	N	GLY	31	59,047	20,260	9,764	1,00	106,57	L21B N

NGUYÊN TỬ	6231	CA	GLY	31	57,841	19,452	9,704	1,00108,37	L21B C
NGUYÊN TỬ	6232	C	GLY	31	57,715	18,872	8,308	1,00110,31	L21B C
NGUYÊN TỬ	6233	O	GLY	31	58,503	19,220	7,432	1,00110,17	L21B O
NGUYÊN TỬ	6234	N	TYR	32	56,739	17,997	8,088	1,00113,44	L21B N
NGUYÊN TỬ	6235	CA	TYR	32	56,571	17,350	6,789	1,00116,17	L21B C
NGUYÊN TỬ	6236	CB	TYR	32	56,262	18,386	5,701	1,00116,41	L21B C
NGUYÊN TỬ	6237	CG	TYR	32	55,157	19,341	6,065	1,00116,91	L21B C
NGUYÊN TỬ	6238	CD1	TYR	32	55,442	20,632	6,478	1,00116,46	L21B C
NGUYÊN TỬ	6239	CE1	TYR	32	54,436	21,495	6,863	1,00116,02	L21B C
NGUYÊN TỬ	6240	CD2	TYR	32	53,832	18,938	6,040	1,00117,30	L21B C
NGUYÊN TỬ	6241	CE2	TYR	32	52,819	19,792	6,423	1,00116,92	L21B C
NGUYÊN TỬ	6242	CZ	TYR	32	53,127	21,068	6,836	1,00116,30	L21B C
NGUYÊN TỬ	6243	OH	TYR	32	52,120	21,910	7,244	1,00115,72	L21B O
NGUYÊN TỬ	6244	C	TYR	32	57,824	16,580	6,393	1,00116,81	L21B C
NGUYÊN TỬ	6245	O	TYR	32	58,878	17,165	6,156	1,00119,69	L21B O
NGUYÊN TỬ	6246	N	ASN	33	57,707	15,262	6,314	1,00115,62	L21B N
NGUYÊN TỬ	6247	CA	ASN	33	58,799	14,445	5,812	1,00113,19	L21B C
NGUYÊN TỬ	6248	CB	ASN	33	58,848	13,114	6,566	1,00117,95	L21B C
NGUYÊN TỬ	6249	CG	ASN	33	59,306	13,282	8,009	1,00119,92	L21B C
NGUYÊN TỬ	6250	OD1	ASN	33	60,493	13,158	8,310	1,00121,58	L21B O
NGUYÊN TỬ	6251	ND2	ASN	33	58,367	13,572	8,904	1,00121,03	L21B N
NGUYÊN TỬ	6252	C	ASN	33	58,608	14,220	4,323	1,00109,46	L21B C
NGUYÊN TỬ	6253	O	ASN	33	58,512	13,088	3,852	1,00106,99	L21B O
NGUYÊN TỬ	6254	N	SER	34	58,548	15,325	3,591	1,00106,79	L21B N
NGUYÊN TỬ	6255	CA	SER	34	58,362	15,283	2,152	1,00104,32	L21B C
NGUYÊN TỬ	6256	CB	SER	34	56,946	15,740	1,803	1,00106,50	L21B C
NGUYÊN TỬ	6257	OG	SER	34	55,978	14,885	2,390	1,00111,24	L21B O
NGUYÊN TỬ	6258	C	SER	34	59,392	16,158	1,439	1,00100,10	L21B C
NGUYÊN TỬ	6259	O	SER	34	59,077	17,247	0,958	1,00 99,91	L21B O
NGUYÊN TỬ	6260	N	VAL	35	60,626	15,664	1,385	1,00 94,55	L21B N
NGUYÊN TỬ	6261	CA	VAL	35	61,709	16,306	0,646	1,00 89,79	L21B C
NGUYÊN TỬ	6262	CB	VAL	35	62,984	16,444	1,524	1,00 92,16	L21B C
NGUYÊN TỬ	6263	CG1	VAL	35	64,129	16,991	0,699	1,00 93,68	L21B C
NGUYÊN TỬ	6264	CG2	VAL	35	62,715	17,366	2,701	1,00 92,64	L21B C
NGUYÊN TỬ	6265	C	VAL	35	62,066	15,512	-0,616	1,00 84,92	L21B C
NGUYÊN TỬ	6266	O	VAL	35	62,069	14,280	-0,616	1,00 83,72	L21B O
NGUYÊN TỬ	6267	N	SER	36	62,367	16,227	-1,694	1,00 79,11	L21B N
NGUYÊN TỬ	6268	CA	SER	36	62,736	15,591	-2,953	1,00 72,73	L21B C
NGUYÊN TỬ	6269	CB	SER	36	61,610	15,776	-3,973	1,00 73,26	L21B C
NGUYÊN TỬ	6270	OG	SER	36	60,416	15,151	-3,537	1,00 71,59	L21B O
NGUYÊN TỬ	6271	C	SER	36	64,048	16,150	-3,514	1,00 67,49	L21B C
NGUYÊN TỬ	6272	O	SER	36	64,421	17,287	-3,221	1,00 67,42	L21B O
NGUYÊN TỬ	6273	N	TRP	37	64,747	15,345	-4,311	1,00 59,72	L21B N
NGUYÊN TỬ	6274	CA	TRP	37	65,956	15,799	-4,991	1,00 53,82	L21B C
NGUYÊN TỬ	6275	CB	TRP	37	67,188	14,986	-4,533	1,00 52,55	L21B C
NGUYÊN TỬ	6276	CG	TRP	37	67,512	15,188	-3,075	1,00 51,75	L21B C
NGUYÊN TỬ	6277	CD2	TRP	37	68,289	16,250	-2,492	1,00 51,86	L21B C
NGUYÊN TỬ	6278	CE2	TRP	37	68,218	16,097	-1,089	1,00 51,73	L21B C
NGUYÊN TỬ	6279	CE3	TRP	37	69,031	17,314	-3,017	1,00 51,67	L21B C
NGUYÊN TỬ	6280	CD1	TRP	37	67,032	14,457	-2,033	1,00 50,94	L21B C
NGUYÊN TỬ	6281	NE1	TRP	37	67,446	14,996	-0,838	1,00 50,27	L21B N
NGUYÊN TỬ	6282	CZ2	TRP	37	68,860	16,969	-0,201	1,00 52,65	L21B C
NGUYÊN TỬ	6283	CZ3	TRP	37	69,671	18,180	-2,131	1,00 52,41	L21B C
NGUYÊN TỬ	6284	CH2	TRP	37	69,578	18,000	-0,739	1,00 52,64	L21B C
NGUYÊN TỬ	6285	C	TRP	37	65,789	15,691	-6,500	1,00 50,21	L21B C
NGUYÊN TỬ	6286	O	TRP	37	65,254	14,707	-7,016	1,00 48,35	L21B O
NGUYÊN TỬ	6287	N	TYR	38	66,232	16,715	-7,216	1,00 46,26	L21B N
NGUYÊN TỬ	6288	CA	TYR	38	66,171	16,653	-8,663	1,00 44,46	L21B C
NGUYÊN TỬ	6289	CB	TYR	38	65,166	17,680	-9,204	1,00 43,15	L21B C
NGUYÊN TỬ	6290	CG	TYR	38	63,817	17,598	-8,542	1,00 43,72	L21B C
NGUYÊN TỬ	6291	CD1	TYR	38	63,592	18,195	-7,300	1,00 43,01	L21B C
NGUYÊN TỬ	6292	CE1	TYR	38	62,358	18,109	-6,671	1,00 43,19	L21B C
NGUYÊN TỬ	6293	CD2	TYR	38	62,769	16,913	-9,139	1,00 43,98	L21B C
NGUYÊN TỬ	6294	CE2	TYR	38	61,528	16,826	-8,514	1,00 45,21	L21B C
NGUYÊN TỬ	6295	CZ	TYR	38	61,335	17,427	-7,284	1,00 44,43	L21B C
NGUYÊN TỬ	6296	OH	TYR	38	60,110	17,343	-6,672	1,00 46,77	L21B O
NGUYÊN TỬ	6297	C	TYR	38	67,538	16,887	-9,283	1,00 43,39	L21B C
NGUYÊN TỬ	6298	O	TYR	38	68,369	17,634	-8,765	1,00 41,69	L21B O
NGUYÊN TỬ	6299	N	GLN	39	67,756	16,250	-10,415	1,00 42,45	L21B N
NGUYÊN TỬ	6300	CA	GLN	39	69,051	16,271	-11,045	1,00 44,62	L21B C
NGUYÊN TỬ	6301	CB	GLN	39	69,563	14,830	-11,147	1,00 43,52	L21B C
NGUYÊN TỬ	6302	CG	GLN	39	70,923	14,695	-11,736	1,00 43,60	L21B C
NGUYÊN TỬ	6303	CD	GLN	39	71,010	13,530	-12,675	1,00 43,02	L21B C
NGUYÊN TỬ	6304	OE1	GLN	39	70,373	13,515	-13,729	1,00 44,47	L21B O
NGUYÊN TỬ	6305	NE2	GLN	39	71,803	12,541	-12,305	1,00 44,49	L21B N
NGUYÊN TỬ	6306	C	GLN	39	68,918	16,917	-12,420	1,00 45,66	L21B C

NGUYÊN TỬ	6307	O	GLN	39	68,207	16,427	-13,288	1,00	46,08	L21B O
NGUYÊN TỬ	6308	N	GLN	40	69,595	18,032	-12,624	1,00	47,83	L21B N
NGUYÊN TỬ	6309	CA	GLN	40	69,399	18,751	-13,863	1,00	51,69	L21B C
NGUYÊN TỬ	6310	CB	GLN	40	68,899	20,160	-13,548	1,00	47,93	L21B C
NGUYÊN TỬ	6311	CG	GLN	40	68,128	20,854	-14,645	1,00	40,63	L21B C
NGUYÊN TỬ	6312	CD	GLN	40	67,849	22,305	-14,288	1,00	40,95	L21B C
NGUYÊN TỬ	6313	OE1	GLN	40	68,289	22,797	-13,245	1,00	38,49	L21B O
NGUYÊN TỬ	6314	NE2	GLN	40	67,110	22,997	-15,147	1,00	40,56	L21B N
NGUYÊN TỬ	6315	C	GLN	40	70,700	18,786	-14,648	1,00	56,56	L21B C
NGUYÊN TỬ	6316	O	GLN	40	71,663	19,444	-14,257	1,00	56,79	L21B O
NGUYÊN TỬ	6317	N	HIS	41	70,723	18,049	-15,751	1,00	63,38	L21B N
NGUYÊN TỬ	6318	CA	HIS	41	71,838	18,105	-16,682	1,00	70,76	L21B C
NGUYÊN TỬ	6319	CB	HIS	41	71,747	16,988	-17,723	1,00	76,62	L21B C
NGUYÊN TỬ	6320	CG	HIS	41	72,508	15,752	-17,354	1,00	84,15	L21B C
NGUYÊN TỬ	6321	CD2	HIS	41	73,110	14,817	-18,126	1,00	87,55	L21B C
NGUYÊN TỬ	6322	ND1	HIS	41	72,715	15,363	-16,047	1,00	85,99	L21B N
NGUYÊN TỬ	6323	CE1	HIS	41	73,412	14,241	-16,031	1,00	89,12	L21B C
NGUYÊN TỬ	6324	NE2	HIS	41	73,664	13,888	-17,279	1,00	90,00	L21B N
NGUYÊN TỬ	6325	C	HIS	41	71,762	19,431	-17,386	1,00	72,18	L21B C
NGUYÊN TỬ	6326	O	HIS	41	70,686	19,880	-17,756	1,00	72,48	L21B O
NGUYÊN TỬ	6327	N	PRO	42	72,910	20,070	-17,602	1,00	74,10	L21B N
NGUYÊN TỬ	6328	CD	PRO	42	74,271	19,528	-17,437	1,00	75,72	L21B C
NGUYÊN TỬ	6329	CA	PRO	42	72,911	21,425	-18,160	1,00	74,30	L21B C
NGUYÊN TỬ	6330	CB	PRO	42	74,385	21,677	-18,467	1,00	75,42	L21B C
NGUYÊN TỬ	6331	CG	PRO	42	75,127	20,753	-17,534	1,00	76,94	L21B C
NGUYÊN TỬ	6332	C	PRO	42	72,039	21,510	-19,413	1,00	73,03	L21B C
NGUYÊN TỬ	6333	O	PRO	42	72,244	20,767	-20,374	1,00	73,33	L21B O
NGUYÊN TỬ	6334	N	GLY	43	71,056	22,406	-19,391	1,00	70,77	L21B N
NGUYÊN TỬ	6335	CA	GLY	43	70,264	22,663	-20,580	1,00	69,10	L21B C
NGUYÊN TỬ	6336	C	GLY	43	69,196	21,615	-20,847	1,00	68,64	L21B C
NGUYÊN TỬ	6337	O	GLY	43	68,511	21,650	-21,877	1,00	68,71	L21B O
NGUYÊN TỬ	6338	N	LYS	44	69,050	20,672	-19,924	1,00	66,15	L21B N
NGUYÊN TỬ	6339	CA	LYS	44	67,954	19,718	-19,990	1,00	62,25	L21B C
NGUYÊN TỬ	6340	CB	LYS	44	68,496	18,293	-19,887	1,00	63,41	L21B C
NGUYÊN TỬ	6341	CG	LYS	44	68,098	17,408	-21,052	1,00	63,60	L21B C
NGUYÊN TỬ	6342	CD	LYS	44	69,236	17,236	-22,039	1,00	64,54	L21B C
NGUYÊN TỬ	6343	CE	LYS	44	70,137	16,088	-21,614	1,00	66,95	L21B C
NGUYÊN TỬ	6344	NZ	LYS	44	69,357	14,844	-21,329	1,00	67,67	L21B N
NGUYÊN TỬ	6345	C	LYS	44	66,993	20,014	-18,841	1,00	59,21	L21B C
NGUYÊN TỬ	6346	O	LYS	44	67,323	20,792	-17,943	1,00	60,37	L21B O
NGUYÊN TỬ	6347	N	ALA	45	65,807	19,410	-18,873	1,00	53,31	L21B N
NGUYÊN TỬ	6348	CA	ALA	45	64,799	19,666	-17,849	1,00	47,57	L21B C
NGUYÊN TỬ	6349	CB	ALA	45	63,420	19,452	-18,421	1,00	46,62	L21B C
NGUYÊN TỬ	6350	C	ALA	45	65,016	18,757	-16,653	1,00	44,16	L21B C
NGUYÊN TỬ	6351	O	ALA	45	65,471	17,630	-16,813	1,00	45,35	L21B O
NGUYÊN TỬ	6352	N	PRO	46	64,699	19,234	-15,436	1,00	40,96	L21B N
NGUYÊN TỬ	6353	CD	PRO	46	64,061	20,525	-15,160	1,00	39,13	L21B C
NGUYÊN TỬ	6354	CA	PRO	46	64,986	18,509	-14,194	1,00	39,73	L21B C
NGUYÊN TỬ	6355	CB	PRO	46	64,389	19,394	-13,109	1,00	37,66	L21B C
NGUYÊN TỬ	6356	CG	PRO	46	64,330	20,716	-13,706	1,00	37,73	L21B C
NGUYÊN TỬ	6357	C	PRO	46	64,345	17,137	-14,197	1,00	39,44	L21B C
NGUYÊN TỬ	6358	O	PRO	46	63,377	16,903	-14,928	1,00	39,36	L21B O
NGUYÊN TỬ	6359	N	LYS	47	64,882	16,245	-13,364	1,00	38,72	L21B N
NGUYÊN TỬ	6360	CA	LYS	47	64,447	14,848	-13,300	1,00	38,21	L21B C
NGUYÊN TỬ	6361	CB	LYS	47	65,377	13,983	-14,145	1,00	38,85	L21B C
NGUYÊN TỬ	6362	CG	LYS	47	64,962	12,549	-14,275	1,00	40,70	L21B C
NGUYÊN TỬ	6363	CD	LYS	47	66,095	11,628	-13,885	1,00	41,88	L21B C
NGUYÊN TỬ	6364	CE	LYS	47	65,859	10,233	-14,427	1,00	41,50	L21B C
NGUYÊN TỬ	6365	NZ	LYS	47	66,936	9,330	-13,966	1,00	43,50	L21B N
NGUYÊN TỬ	6366	C	LYS	47	64,482	14,372	-11,854	1,00	38,19	L21B C
NGUYÊN TỬ	6367	O	LYS	47	65,471	14,592	-11,163	1,00	39,09	L21B O
NGUYÊN TỬ	6368	N	LEU	48	63,415	13,708	-11,402	1,00	38,85	L21B N
NGUYÊN TỬ	6369	CA	LEU	48	63,282	13,342	-9,998	1,00	38,42	L21B C
NGUYÊN TỬ	6370	CB	LEU	48	61,821	13,069	-9,662	1,00	36,60	L21B C
NGUYÊN TỬ	6371	CG	LEU	48	61,539	12,550	-8,241	1,00	34,74	L21B C
NGUYÊN TỬ	6372	CD1	LEU	48	61,520	13,712	-7,240	1,00	32,22	L21B C
NGUYÊN TỬ	6373	CD2	LEU	48	60,213	11,808	-8,233	1,00	30,83	L21B C
NGUYÊN TỬ	6374	C	LEU	48	64,121	12,124	-9,609	1,00	42,07	L21B C
NGUYÊN TỬ	6375	O	LEU	48	64,150	11,112	-10,323	1,00	39,62	L21B O
NGUYÊN TỬ	6376	N	MET	49	64,778	12,242	-8,448	1,00	46,56	L21B N
NGUYÊN TỬ	6377	CA	MET	49	65,732	11,263	-7,926	1,00	49,08	L21B C
NGUYÊN TỬ	6378	CB	MET	49	67,106	11,906	-7,794	1,00	47,33	L21B C
NGUYÊN TỬ	6379	CG	MET	49	68,147	11,319	-8,707	1,00	46,66	L21B C
NGUYÊN TỬ	6380	SD	MET	49	67,781	11,564	-10,453	1,00	49,31	L21B S
NGUYÊN TỬ	6381	CE	MET	49	69,100	10,529	-11,241	1,00	43,99	L21B C
NGUYÊN TỬ	6382	C	MET	49	65,324	10,710	-6,567	1,00	52,99	L21B C

NGUYÊN TỬ	6383	O	MET	49	65,582	9,552	-6,269	1,00	56,08	L21B O
NGUYÊN TỬ	6384	N	ILE	50	64,698	11,542	-5,740	1,00	57,38	L21B N
NGUYÊN TỬ	6385	CA	ILE	50	64,297	11,149	-4,386	1,00	62,77	L21B C
NGUYÊN TỬ	6386	CB	ILE	50	65,429	11,454	-3,365	1,00	61,84	L21B C
NGUYÊN TỬ	6387	CG2	ILE	50	64,975	11,128	-1,946	1,00	59,34	L21B C
NGUYÊN TỬ	6388	CG1	ILE	50	66,674	10,633	-3,701	1,00	62,37	L21B C
NGUYÊN TỬ	6389	CD1	ILE	50	66,568	9,172	-3,330	1,00	62,87	L21B C
NGUYÊN TỬ	6390	C	ILE	50	63,024	11,882	-3,937	1,00	67,31	L21B C
NGUYÊN TỬ	6391	O	ILE	50	62,874	13,075	-4,172	1,00	67,56	L21B O
NGUYÊN TỬ	6392	N	TYR	51	62,108	11,163	-3,297	1,00	72,88	L21B N
NGUYÊN TỬ	6393	CA	TYR	51	60,957	11,792	-2,655	1,00	77,81	L21B C
NGUYÊN TỬ	6394	CB	TYR	51	59,684	11,567	-3,470	1,00	80,69	L21B C
NGUYÊN TỬ	6395	CG	TYR	51	59,343	10,120	-3,728	1,00	85,48	L21B C
NGUYÊN TỬ	6396	CD1	TYR	51	58,614	9,378	-2,805	1,00	86,81	L21B C
NGUYÊN TỬ	6397	CE1	TYR	51	58,273	8,064	-3,059	1,00	91,20	L21B C
NGUYÊN TỬ	6398	CD2	TYR	51	59,723	9,504	-4,913	1,00	87,17	L21B C
NGUYÊN TỬ	6399	CE2	TYR	51	59,388	8,196	-5,175	1,00	91,86	L21B C
NGUYÊN TỬ	6400	CZ	TYR	51	58,664	7,481	-4,249	1,00	93,04	L21B C
NGUYÊN TỬ	6401	OH	TYR	51	58,334	6,177	-4,525	1,00	98,22	L21B O
NGUYÊN TỬ	6402	C	TYR	51	60,751	11,251	-1,254	1,00	78,65	L21B C
NGUYÊN TỬ	6403	O	TYR	51	61,310	10,221	-0,891	1,00	80,21	L21B O
NGUYÊN TỬ	6404	N	GLU	52	59,942	11,949	-0,470	1,00	79,50	L21B N
NGUYÊN TỬ	6405	CA	GLU	52	59,763	11,598	0,928	1,00	80,88	L21B C
NGUYÊN TỬ	6406	CB	GLU	52	58,756	10,452	1,052	1,00	84,81	L21B C
NGUYÊN TỬ	6407	CG	GLU	52	57,474	10,696	0,252	1,00	91,28	L21B C
NGUYÊN TỬ	6408	CD	GLU	52	56,273	9,900	0,749	1,00	94,35	L21B C
NGUYÊN TỬ	6409	OE1	GLU	52	55,551	9,333	-0,097	1,00	96,91	L21B O
NGUYÊN TỬ	6410	OE2	GLU	52	56,043	9,846	1,978	1,00	97,80	L21B O
NGUYÊN TỬ	6411	C	GLU	52	61,119	11,191	1,496	1,00	79,08	L21B C
NGUYÊN TỬ	6412	O	GLU	52	61,477	10,020	1,495	1,00	78,80	L21B O
NGUYÊN TỬ	6413	N	VAL	53	61,856	12,192	1,967	1,00	77,54	L21B N
NGUYÊN TỬ	6414	CA	VAL	53	63,236	12,083	2,446	1,00	75,58	L21B C
NGUYÊN TỬ	6415	CB	VAL	53	63,293	11,922	3,981	1,00	76,57	L21B C
NGUYÊN TỬ	6416	CG1	VAL	53	62,286	12,866	4,630	1,00	76,93	L21B C
NGUYÊN TỬ	6417	CG2	VAL	53	63,040	10,470	4,380	1,00	78,24	L21B C
NGUYÊN TỬ	6418	C	VAL	53	64,137	11,017	1,839	1,00	72,99	L21B C
NGUYÊN TỬ	6419	O	VAL	53	65,296	11,298	1,555	1,00	72,93	L21B O
NGUYÊN TỬ	6420	N	SER	54	63,623	9,807	1,638	1,00	70,73	L21B N
NGUYÊN TỬ	6421	CA	SER	54	64,491	8,664	1,383	1,00	69,14	L21B C
NGUYÊN TỬ	6422	CB	SER	54	64,597	7,798	2,641	1,00	67,96	L21B C
NGUYÊN TỬ	6423	OG	SER	54	63,409	7,057	2,862	1,00	66,01	L21B O
NGUYÊN TỬ	6424	C	SER	54	64,110	7,774	0,205	1,00	68,64	L21B C
NGUYÊN TỬ	6425	O	SER	54	64,851	6,858	-0,132	1,00	68,13	L21B O
NGUYÊN TỬ	6426	N	ASN	55	62,975	8,030	-0,430	1,00	68,81	L21B N
NGUYÊN TỬ	6427	CA	ASN	55	62,484	7,095	-1,435	1,00	70,32	L21B C
NGUYÊN TỬ	6428	CB	ASN	55	60,962	7,070	-1,418	1,00	68,63	L21B C
NGUYÊN TỬ	6429	CG	ASN	55	60,417	6,256	-0,273	1,00	66,99	L21B C
NGUYÊN TỬ	6430	OD1	ASN	55	60,253	6,756	0,840	1,00	65,31	L21B O
NGUYÊN TỬ	6431	ND2	ASN	55	60,143	4,981	-0,536	1,00	67,92	L21B N
NGUYÊN TỬ	6432	C	ASN	55	62,974	7,353	-2,850	1,00	72,09	L21B C
NGUYÊN TỬ	6433	O	ASN	55	63,184	8,494	-3,242	1,00	72,67	L21B O
NGUYÊN TỬ	6434	N	ARG	56	63,143	6,279	-3,614	1,00	74,41	L21B N
NGUYÊN TỬ	6435	CA	ARG	56	63,667	6,376	-4,969	1,00	78,24	L21B C
NGUYÊN TỬ	6436	CB	ARG	56	64,995	5,619	-5,070	1,00	78,52	L21B C
NGUYÊN TỬ	6437	CG	ARG	56	65,465	5,352	-6,488	1,00	79,19	L21B C
NGUYÊN TỬ	6438	CD	ARG	56	66,854	4,744	-6,501	1,00	81,29	L21B C
NGUYÊN TỬ	6439	NE	ARG	56	66,905	3,448	-5,831	1,00	85,09	L21B N
NGUYÊN TỬ	6440	CZ	ARG	56	67,379	3,257	-4,602	1,00	87,03	L21B C
NGUYÊN TỬ	6441	NH1	ARG	56	67,382	2,036	-4,078	1,00	89,77	L21B N
NGUYÊN TỬ	6442	NH2	ARG	56	67,846	4,281	-3,897	1,00	87,54	L21B N
NGUYÊN TỬ	6443	C	ARG	56	62,700	5,845	-6,025	1,00	78,99	L21B C
NGUYÊN TỬ	6444	O	ARG	56	62,260	4,700	-5,958	1,00	81,35	L21B O
NGUYÊN TỬ	6445	N	PRO	57	62,361	6,679	-7,022	1,00	78,11	L21B N
NGUYÊN TỬ	6446	CD	PRO	57	62,335	8,145	-6,931	1,00	74,41	L21B C
NGUYÊN TỬ	6447	CA	PRO	57	61,659	6,211	-8,222	1,00	80,05	L21B C
NGUYÊN TỬ	6448	CB	PRO	57	61,704	7,410	-9,177	1,00	75,32	L21B C
NGUYÊN TỬ	6449	CG	PRO	57	62,227	8,580	-8,372	1,00	73,32	L21B C
NGUYÊN TỬ	6450	C	PRO	57	62,341	4,997	-8,834	1,00	82,95	L21B C
NGUYÊN TỬ	6451	O	PRO	57	63,301	4,476	-8,279	1,00	85,80	L21B O
NGUYÊN TỬ	6452	N	SER	58	61,840	4,549	-9,980	1,00	84,28	L21B N
NGUYÊN TỬ	6453	CA	SER	58	62,325	3,322	-10,595	1,00	85,65	L21B C
NGUYÊN TỬ	6454	CB	SER	58	61,282	2,768	-11,564	1,00	86,16	L21B C
NGUYÊN TỬ	6455	OG	SER	58	60,341	1,955	-10,881	1,00	86,06	L21B O
NGUYÊN TỬ	6456	C	SER	58	63,660	3,471	-11,323	1,00	86,71	L21B C
NGUYÊN TỬ	6457	O	SER	58	64,612	2,751	-11,028	1,00	87,93	L21B O
NGUYÊN TỬ	6458	N	GLY	59	63,733	4,397	-12,272	1,00	87,65	L21B N

NGUYÊN TỬ	6459	CA	GLY	59	64,947	4,547	-13,056	1,00	87,89	L21B C
NGUYÊN TỬ	6460	C	GLY	59	66,181	4,868	-12,229	1,00	88,35	L21B C
NGUYÊN TỬ	6461	O	GLY	59	67,286	4,431	-12,552	1,00	88,22	L21B O
NGUYÊN TỬ	6462	N	VAL	60	66,002	5,628	-11,156	1,00	89,24	L21B N
NGUYÊN TỬ	6463	CA	VAL	60	67,131	6,077	-10,355	1,00	90,52	L21B C
NGUYÊN TỬ	6464	CB	VAL	60	66,649	6,943	-9,176	1,00	90,94	L21B C
NGUYÊN TỬ	6465	CG1	VAL	60	67,830	7,355	-8,309	1,00	90,92	L21B C
NGUYÊN TỬ	6466	CG2	VAL	60	65,926	8,165	-9,698	1,00	89,49	L21B C
NGUYÊN TỬ	6467	C	VAL	60	67,965	4,917	-9,820	1,00	90,98	L21B C
NGUYÊN TỬ	6468	O	VAL	60	67,431	3,962	-9,263	1,00	90,77	L21B O
NGUYÊN TỬ	6469	N	SER	61	69,279	5,020	-10,000	1,00	92,18	L21B N
NGUYÊN TỬ	6470	CA	SER	61	70,220	3,994	-9,562	1,00	93,58	L21B C
NGUYÊN TỬ	6471	CB	SER	61	71,616	4,292	-10,126	1,00	93,45	L21B C
NGUYÊN TỬ	6472	OG	SER	61	72,558	3,294	-9,762	1,00	93,35	L21B O
NGUYÊN TỬ	6473	C	SER	61	70,284	3,911	-8,038	1,00	94,34	L21B C
NGUYÊN TỬ	6474	O	SER	61	69,902	4,844	-7,332	1,00	93,56	L21B O
NGUYÊN TỬ	6475	N	ASN	62	70,762	2,779	-7,535	1,00	95,84	L21B N
NGUYÊN TỬ	6476	CA	ASN	62	70,855	2,564	-6,098	1,00	96,77	L21B C
NGUYÊN TỬ	6477	CB	ASN	62	71,117	1,074	-5,795	1,00	97,06	L21B C
NGUYÊN TỬ	6478	CG	ASN	62	71,867	0,350	-6,920	1,00	97,69	L21B C
NGUYÊN TỬ	6479	OD1	ASN	62	72,751	-0,470	-6,662	1,00	94,14	L21B O
NGUYÊN TỬ	6480	ND2	ASN	62	71,504	0,638	-8,167	1,00	99,77	L21B N
NGUYÊN TỬ	6481	C	ASN	62	71,936	3,445	-5,465	1,00	96,37	L21B C
NGUYÊN TỬ	6482	O	ASN	62	72,013	3,566	-4,238	1,00	97,21	L21B O
NGUYÊN TỬ	6483	N	ARG	63	72,756	4,067	-6,313	1,00	94,95	L21B N
NGUYÊN TỬ	6484	CA	ARG	63	73,833	4,953	-5,862	1,00	92,26	L21B C
NGUYÊN TỬ	6485	CB	ARG	63	74,654	5,450	-7,056	1,00	96,28	L21B C
NGUYÊN TỬ	6486	CG	ARG	63	75,721	4,486	-7,538	1,00	102,27	L21B C
NGUYÊN TỬ	6487	CD	ARG	63	76,425	5,012	-8,780	1,00	109,64	L21B C
NGUYÊN TỬ	6488	NE	ARG	63	75,705	4,668	-10,006	1,00	117,20	L21B N
NGUYÊN TỬ	6489	CZ	ARG	63	76,177	4,858	-11,237	1,00	120,97	L21B C
NGUYÊN TỬ	6490	NH1	ARG	63	77,379	5,397	-11,416	1,00	123,18	L21B N
NGUYÊN TỬ	6491	NH2	ARG	63	75,449	4,501	-12,290	1,00	122,26	L21B N
NGUYÊN TỬ	6492	C	ARG	63	73,279	6,154	-5,107	1,00	88,51	L21B C
NGUYÊN TỬ	6493	O	ARG	63	73,897	6,643	-4,162	1,00	87,03	L21B O
NGUYÊN TỬ	6494	N	PHE	64	72,112	6,627	-5,533	1,00	84,21	L21B N
NGUYÊN TỬ	6495	CA	PHE	64	71,492	7,792	-4,926	1,00	79,46	L21B C
NGUYÊN TỬ	6496	CB	PHE	64	70,617	8,514	-5,947	1,00	77,20	L21B C
NGUYÊN TỬ	6497	CG	PHE	64	71,371	9,032	-7,139	1,00	73,89	L21B C
NGUYÊN TỬ	6498	CD1	PHE	64	72,315	10,034	-6,997	1,00	71,50	L21B C
NGUYÊN TỬ	6499	CD2	PHE	64	71,116	8,533	-8,409	1,00	73,34	L21B C
NGUYÊN TỬ	6500	CE1	PHE	64	72,995	10,531	-8,099	1,00	69,83	L21B C
NGUYÊN TỬ	6501	CE2	PHE	64	71,791	9,026	-9,520	1,00	71,53	L21B C
NGUYÊN TỬ	6502	CZ	PHE	64	72,731	10,028	-9,363	1,00	70,20	L21B C
NGUYÊN TỬ	6503	C	PHE	64	70,643	7,384	-3,734	1,00	77,58	L21B C
NGUYÊN TỬ	6504	O	PHE	64	69,857	6,447	-3,817	1,00	77,96	L21B O
NGUYÊN TỬ	6505	N	SER	65	70,805	8,101	-2,629	1,00	75,04	L21B N
NGUYÊN TỬ	6506	CA	SER	65	70,039	7,851	-1,413	1,00	74,86	L21B C
NGUYÊN TỬ	6507	CB	SER	65	70,851	6,980	-0,459	1,00	74,40	L21B C
NGUYÊN TỬ	6508	OG	SER	65	72,221	7,354	-0,478	1,00	74,90	L21B O
NGUYÊN TỬ	6509	C	SER	65	69,646	9,142	-0,702	1,00	75,62	L21B C
NGUYÊN TỬ	6510	O	SER	65	70,332	10,157	-0,808	1,00	75,41	L21B O
NGUYÊN TỬ	6511	N	GLY	66	68,541	9,106	0,030	1,00	76,47	L21B N
NGUYÊN TỬ	6512	CA	GLY	66	68,127	10,295	0,745	1,00	77,49	L21B C
NGUYÊN TỬ	6513	C	GLY	66	68,129	10,100	2,243	1,00	79,01	L21B C
NGUYÊN TỬ	6514	O	GLY	66	68,074	8,975	2,718	1,00	79,00	L21B O
NGUYÊN TỬ	6515	N	SER	67	68,187	11,197	2,985	1,00	81,38	L21B N
NGUYÊN TỬ	6516	CA	SER	67	68,061	11,146	4,432	1,00	84,01	L21B C
NGUYÊN TỬ	6517	CB	SER	67	69,374	10,708	5,067	1,00	83,67	L21B C
NGUYÊN TỬ	6518	OG	SER	67	69,386	11,030	6,454	1,00	79,98	L21B O
NGUYÊN TỬ	6519	C	SER	67	67,682	12,510	4,981	1,00	86,52	L21B C
NGUYÊN TỬ	6520	O	SER	67	67,820	13,520	4,296	1,00	88,88	L21B O
NGUYÊN TỬ	6521	N	LYS	68	67,202	12,539	6,219	1,00	87,89	L21B N
NGUYÊN TỬ	6522	CA	LYS	68	66,874	13,798	6,879	1,00	89,48	L21B C
NGUYÊN TỬ	6523	CB	LYS	68	65,350	13,985	6,906	1,00	90,65	L21B C
NGUYÊN TỬ	6524	CG	LYS	68	64,889	15,386	7,302	1,00	91,64	L21B C
NGUYÊN TỬ	6525	CD	LYS	68	63,737	15,347	8,302	1,00	93,17	L21B C
NGUYÊN TỬ	6526	CE	LYS	68	62,378	15,370	7,615	1,00	94,61	L21B C
NGUYÊN TỬ	6527	NZ	LYS	68	62,140	16,629	6,858	1,00	96,05	L21B N
NGUYÊN TỬ	6528	C	LYS	68	67,435	13,789	8,309	1,00	90,68	L21B C
NGUYÊN TỬ	6529	O	LYS	68	68,008	12,794	8,748	1,00	90,52	L21B O
NGUYÊN TỬ	6530	N	SER	69	67,283	14,905	9,017	1,00	92,64	L21B N
NGUYÊN TỬ	6531	CA	SER	69	67,631	15,009	10,434	1,00	94,30	L21B C
NGUYÊN TỬ	6532	CB	SER	69	69,064	14,526	10,685	1,00	94,54	L21B C
NGUYÊN TỬ	6533	OG	SER	69	69,420	14,675	12,050	1,00	94,63	L21B O
NGUYÊN TỬ	6534	C	SER	69	67,504	16,465	10,853	1,00	94,68	L21B C

NGUYÊN TỬ	6535	O	SER	69	67,867	17,365	10,099	1,00	95,48	L21B O
NGUYÊN TỬ	6536	N	GLY	70	66,988	16,699	12,053	1,00	93,84	L21B N
NGUYÊN TỬ	6537	CA	GLY	70	66,749	18,063	12,471	1,00	93,22	L21B C
NGUYÊN TỬ	6538	C	GLY	70	66,095	18,822	11,338	1,00	93,55	L21B C
NGUYÊN TỬ	6539	O	GLY	70	65,264	18,271	10,616	1,00	92,49	L21B O
NGUYÊN TỬ	6540	N	ASN	71	66,476	20,082	11,166	1,00	94,45	L21B N
NGUYÊN TỬ	6541	CA	ASN	71	65,925	20,890	10,089	1,00	94,23	L21B C
NGUYÊN TỬ	6542	CB	ASN	71	65,702	22,323	10,571	1,00	95,39	L21B C
NGUYÊN TỬ	6543	CG	ASN	71	64,724	22,400	11,730	1,00	98,12	L21B C
NGUYÊN TỬ	6544	OD1	ASN	71	64,501	21,414	12,438	1,00	98,62	L21B O
NGUYÊN TỬ	6545	ND2	ASN	71	64,131	23,574	11,930	1,00	98,55	L21B N
NGUYÊN TỬ	6546	C	ASN	71	66,828	20,887	8,863	1,00	92,16	L21B C
NGUYÊN TỬ	6547	O	ASN	71	66,873	21,862	8,119	1,00	94,10	L21B O
NGUYÊN TỬ	6548	N	THR	72	67,541	19,786	8,648	1,00	87,06	L21B N
NGUYÊN TỬ	6549	CA	THR	72	68,445	19,690	7,510	1,00	82,06	L21B C
NGUYÊN TỬ	6550	CB	THR	72	69,884	20,104	7,900	1,00	82,77	L21B C
NGUYÊN TỬ	6551	OG1	THR	72	70,792	19,717	6,860	1,00	80,39	L21B O
NGUYÊN TỬ	6552	CG2	THR	72	70,291	19,458	9,213	1,00	83,47	L21B C
NGUYÊN TỬ	6553	C	THR	72	68,495	18,307	6,865	1,00	78,60	L21B C
NGUYÊN TỬ	6554	O	THR	72	69,052	17,363	7,418	1,00	77,66	L21B O
NGUYÊN TỬ	6555	N	ALA	73	67,919	18,203	5,673	1,00	75,24	L21B N
NGUYÊN TỬ	6556	CA	ALA	73	67,911	16,960	4,915	1,00	72,01	L21B C
NGUYÊN TỬ	6557	CB	ALA	73	66,668	16,895	4,045	1,00	72,86	L21B C
NGUYÊN TỬ	6558	C	ALA	73	69,151	16,890	4,048	1,00	69,53	L21B C
NGUYÊN TỬ	6559	O	ALA	73	69,801	17,904	3,812	1,00	70,14	L21B O
NGUYÊN TỬ	6560	N	SER	74	69,482	15,699	3,566	1,00	65,99	L21B N
NGUYÊN TỬ	6561	CA	SER	74	70,686	15,548	2,761	1,00	62,02	L21B C
NGUYÊN TỬ	6562	CB	SER	74	71,920	15,435	3,670	1,00	62,25	L21B C
NGUYÊN TỬ	6563	OG	SER	74	71,556	15,188	5,022	1,00	60,36	L21B O
NGUYÊN TỬ	6564	C	SER	74	70,648	14,371	1,802	1,00	59,13	L21B C
NGUYÊN TỬ	6565	O	SER	74	70,224	13,276	2,153	1,00	57,73	L21B O
NGUYÊN TỬ	6566	N	LEU	75	71,100	14,614	0,580	1,00	56,92	L21B N
NGUYÊN TỬ	6567	CA	LEU	75	71,247	13,556	-0,405	1,00	56,96	L21B C
NGUYÊN TỬ	6568	CB	LEU	75	70,961	14,109	-1,813	1,00	53,44	L21B C
NGUYÊN TỬ	6569	CG	LEU	75	71,478	13,368	-3,055	1,00	49,90	L21B C
NGUYÊN TỬ	6570	CD1	LEU	75	70,723	12,083	-3,242	1,00	47,92	L21B C
NGUYÊN TỬ	6571	CD2	LEU	75	71,333	14,248	-4,283	1,00	47,50	L21B C
NGUYÊN TỬ	6572	C	LEU	75	72,683	13,072	-0,319	1,00	59,01	L21B C
NGUYÊN TỬ	6573	O	LEU	75	73,597	13,882	-0,273	1,00	58,67	L21B O
NGUYÊN TỬ	6574	N	THR	76	72,887	11,760	-0,286	1,00	61,56	L21B N
NGUYÊN TỬ	6575	CA	THR	76	74,217	11,203	-0,522	1,00	63,56	L21B C
NGUYÊN TỬ	6576	CB	THR	76	74,689	10,351	0,679	1,00	63,91	L21B C
NGUYÊN TỬ	6577	OG1	THR	76	75,672	9,404	0,239	1,00	62,00	L21B O
NGUYÊN TỬ	6578	CG2	THR	76	73,520	9,630	1,317	1,00	65,76	L21B C
NGUYÊN TỬ	6579	C	THR	76	74,301	10,363	-1,806	1,00	63,85	L21B C
NGUYÊN TỬ	6580	O	THR	76	73,356	9,682	-2,181	1,00	64,85	L21B O
NGUYÊN TỬ	6581	N	ILE	77	75,441	10,433	-2,481	1,00	64,17	L21B N
NGUYÊN TỬ	6582	CA	ILE	77	75,659	9,668	-3,700	1,00	65,28	L21B C
NGUYÊN TỬ	6583	CB	ILE	77	75,768	10,588	-4,929	1,00	66,15	L21B C
NGUYÊN TỬ	6584	CG2	ILE	77	75,926	9,741	-6,193	1,00	65,87	L21B C
NGUYÊN TỬ	6585	CG1	ILE	77	74,542	11,505	-5,005	1,00	66,23	L21B C
NGUYÊN TỬ	6586	CD1	ILE	77	74,658	12,647	-6,022	1,00	63,85	L21B C
NGUYÊN TỬ	6587	C	ILE	77	76,966	8,885	-3,595	1,00	66,96	L21B C
NGUYÊN TỬ	6588	O	ILE	77	78,022	9,465	-3,335	1,00	66,30	L21B O
NGUYÊN TỬ	6589	N	SER	78	76,900	7,574	-3,804	1,00	68,95	L21B N
NGUYÊN TỬ	6590	CA	SER	78	78,101	6,746	-3,865	1,00	71,17	L21B C
NGUYÊN TỬ	6591	CB	SER	78	77,860	5,437	-3,129	1,00	72,64	L21B C
NGUYÊN TỬ	6592	OG	SER	78	76,778	4,739	-3,723	1,00	77,40	L21B O
NGUYÊN TỬ	6593	C	SER	78	78,479	6,442	-5,313	1,00	71,61	L21B C
NGUYÊN TỬ	6594	O	SER	78	77,635	6,483	-6,209	1,00	72,46	L21B O
NGUYÊN TỬ	6595	N	GLY	79	79,750	6,143	-5,544	1,00	71,26	L21B N
NGUYÊN TỬ	6596	CA	GLY	79	80,152	5,652	-6,849	1,00	72,39	L21B C
NGUYÊN TỬ	6597	C	GLY	79	80,059	6,655	-7,983	1,00	73,11	L21B C
NGUYÊN TỬ	6598	O	GLY	79	79,582	6,323	-9,076	1,00	73,09	L21B O
NGUYÊN TỬ	6599	N	LEU	80	80,529	7,872	-7,729	1,00	73,02	L21B N
NGUYÊN TỬ	6600	CA	LEU	80	80,457	8,954	-8,701	1,00	75,02	L21B C
NGUYÊN TỬ	6601	CB	LEU	80	81,414	10,068	-8,289	1,00	73,44	L21B C
NGUYÊN TỬ	6602	CG	LEU	80	80,769	11,379	-7,849	1,00	73,15	L21B C
NGUYÊN TỬ	6603	CD1	LEU	80	81,385	11,863	-6,549	1,00	72,79	L21B C
NGUYÊN TỬ	6604	CD2	LEU	80	80,951	12,403	-8,949	1,00	73,15	L21B C
NGUYÊN TỬ	6605	C	LEU	80	80,799	8,496	-10,109	1,00	76,64	L21B C
NGUYÊN TỬ	6606	O	LEU	80	81,746	7,744	-10,294	1,00	77,62	L21B O
NGUYÊN TỬ	6607	N	GLN	81	80,033	8,949	-11,101	1,00	78,31	L21B N
NGUYÊN TỬ	6608	CA	GLN	81	80,361	8,673	-12,499	1,00	80,13	L21B C
NGUYÊN TỬ	6609	CB	GLN	81	79,558	7,482	-13,027	1,00	81,09	L21B C
NGUYÊN TỬ	6610	CG	GLN	81	80,408	6,231	-13,313	1,00	86,00	L21B C

NGUYÊN TỬ	6611	CD	GLN	81	81,532	6,458	-14,348	1,00	87,47	L21B C
NGUYÊN TỬ	6612	OE1	GLN	81	81,628	5,730	-15,344	1,00	88,68	L21B O
NGUYÊN TỬ	6613	NE2	GLN	81	82,384	7,458	-14,105	1,00	87,99	L21B N
NGUYÊN TỬ	6614	C	GLN	81	80,158	9,862	-13,425	1,00	80,81	L21B C
NGUYÊN TỬ	6615	O	GLN	81	79,674	10,910	-13,011	1,00	80,44	L21B O
NGUYÊN TỬ	6616	N	ALA	82	80,532	9,681	-14,688	1,00	83,61	L21B N
NGUYÊN TỬ	6617	CA	ALA	82	80,618	10,779	-15,648	1,00	85,92	L21B C
NGUYÊN TỬ	6618	CB	ALA	82	81,479	10,362	-16,830	1,00	87,14	L21B C
NGUYÊN TỬ	6619	C	ALA	82	79,252	11,250	-16,143	1,00	87,29	L21B C
NGUYÊN TỬ	6620	O	ALA	82	79,142	12,285	-16,800	1,00	87,53	L21B O
NGUYÊN TỬ	6621	N	GLU	83	78,215	10,480	-15,836	1,00	88,20	L21B N
NGUYÊN TỬ	6622	CA	GLU	83	76,853	10,872	-16,168	1,00	88,75	L21B C
NGUYÊN TỬ	6623	CB	GLU	83	76,027	9,645	-16,581	1,00	93,51	L21B C
NGUYÊN TỬ	6624	CG	GLU	83	76,485	8,968	-17,876	1,00	101,49	L21B C
NGUYÊN TỬ	6625	CD	GLU	83	76,352	9,864	-19,106	1,00	105,65	L21B C
NGUYÊN TỬ	6626	OE1	GLU	83	75,306	10,538	-19,249	1,00	108,12	L21B O
NGUYÊN TỬ	6627	OE2	GLU	83	77,297	9,889	-19,929	1,00	108,37	L21B O
NGUYÊN TỬ	6628	C	GLU	83	76,203	11,546	-14,967	1,00	87,10	L21B C
NGUYÊN TỬ	6629	O	GLU	83	75,026	11,891	-15,004	1,00	85,86	L21B O
NGUYÊN TỬ	6630	N	ASP	84	76,970	11,725	-13,899	1,00	85,49	L21B N
NGUYÊN TỬ	6631	CA	ASP	84	76,427	12,298	-12,677	1,00	85,32	L21B C
NGUYÊN TỬ	6632	CB	ASP	84	76,985	11,571	-11,457	1,00	85,04	L21B C
NGUYÊN TỬ	6633	CG	ASP	84	76,359	10,212	-11,263	1,00	85,56	L21B C
NGUYÊN TỬ	6634	OD1	ASP	84	75,368	9,921	-11,971	1,00	84,97	L21B O
NGUYÊN TỬ	6635	OD2	ASP	84	76,854	9,441	-10,409	1,00	84,74	L21B O
NGUYÊN TỬ	6636	C	ASP	84	76,709	13,782	-12,553	1,00	84,15	L21B C
NGUYÊN TỬ	6637	O	ASP	84	76,047	14,488	-11,789	1,00	86,30	L21B O
NGUYÊN TỬ	6638	N	GLU	85	77,696	14,258	-13,299	1,00	81,29	L21B N
NGUYÊN TỬ	6639	CA	GLU	85	78,000	15,675	-13,284	1,00	77,09	L21B C
NGUYÊN TỬ	6640	CB	GLU	85	79,103	15,990	-14,298	1,00	80,08	L21B C
NGUYÊN TỬ	6641	CG	GLU	85	79,936	17,229	-13,971	1,00	82,41	L21B C
NGUYÊN TỬ	6642	CD	GLU	85	81,225	17,298	-14,784	1,00	85,05	L21B C
NGUYÊN TỬ	6643	OE1	GLU	85	81,886	18,365	-14,775	1,00	87,67	L21B O
NGUYÊN TỬ	6644	OE2	GLU	85	81,579	16,281	-15,433	1,00	86,35	L21B O
NGUYÊN TỬ	6645	C	GLU	85	76,707	16,378	-13,663	1,00	72,73	L21B C
NGUYÊN TỬ	6646	O	GLU	85	76,233	16,248	-14,795	1,00	72,00	L21B O
NGUYÊN TỬ	6647	N	ALA	86	76,126	17,093	-12,700	1,00	67,45	L21B N
NGUYÊN TỬ	6648	CA	ALA	86	74,894	17,839	-12,930	1,00	62,87	L21B C
NGUYÊN TỬ	6649	CB	ALA	86	73,738	16,877	-13,092	1,00	61,14	L21B C
NGUYÊN TỬ	6650	C	ALA	86	74,588	18,828	-11,803	1,00	60,31	L21B C
NGUYÊN TỬ	6651	O	ALA	86	75,329	18,920	-10,823	1,00	59,84	L21B O
NGUYÊN TỬ	6652	N	ASP	87	73,488	19,569	-11,953	1,00	56,64	L21B N
NGUYÊN TỬ	6653	CA	ASP	87	72,981	20,439	-10,892	1,00	51,63	L21B C
NGUYÊN TỬ	6654	CB	ASP	87	72,359	21,694	-11,495	1,00	51,56	L21B C
NGUYÊN TỬ	6655	CG	ASP	87	73,392	22,714	-11,931	1,00	49,78	L21B C
NGUYÊN TỬ	6656	OD1	ASP	87	74,611	22,481	-11,745	1,00	46,62	L21B O
NGUYÊN TỬ	6657	OD2	ASP	87	72,965	23,759	-12,464	1,00	49,17	L21B O
NGUYÊN TỬ	6658	C	ASP	87	71,925	19,711	-10,067	1,00	48,54	L21B C
NGUYÊN TỬ	6659	O	ASP	87	71,115	18,961	-10,616	1,00	47,22	L21B O
NGUYÊN TỬ	6660	N	TYR	88	71,928	19,942	-8,756	1,00	44,85	L21B N
NGUYÊN TỬ	6661	CA	TYR	88	70,998	19,255	-7,863	1,00	43,21	L21B C
NGUYÊN TỬ	6662	CB	TYR	88	71,738	18,231	-7,004	1,00	41,53	L21B C
NGUYÊN TỬ	6663	CG	TYR	88	72,244	17,037	-7,777	1,00	41,60	L21B C
NGUYÊN TỬ	6664	CD1	TYR	88	73,344	17,148	-8,624	1,00	42,48	L21B C
NGUYÊN TỬ	6665	CE1	TYR	88	73,805	16,065	-9,349	1,00	41,25	L21B C
NGUYÊN TỬ	6666	CD2	TYR	88	71,618	15,804	-7,674	1,00	39,77	L21B C
NGUYÊN TỬ	6667	CE2	TYR	88	72,075	14,718	-8,396	1,00	41,08	L21B C
NGUYÊN TỬ	6668	CZ	TYR	88	73,169	14,859	-9,228	1,00	40,42	L21B C
NGUYÊN TỬ	6669	OH	TYR	88	73,645	13,785	-9,924	1,00	41,65	L21B O
NGUYÊN TỬ	6670	C	TYR	88	70,236	20,199	-6,945	1,00	42,70	L21B C
NGUYÊN TỬ	6671	O	TYR	88	70,823	21,011	-6,237	1,00	43,49	L21B O
NGUYÊN TỬ	6672	N	TYR	89	68,916	20,082	-6,943	1,00	43,07	L21B N
NGUYÊN TỬ	6673	CA	TYR	89	68,089	20,937	-6,095	1,00	41,89	L21B C
NGUYÊN TỬ	6674	CB	TYR	89	67,103	21,754	-6,955	1,00	37,85	L21B C
NGUYÊN TỬ	6675	CG	TYR	89	67,755	22,596	-8,038	1,00	31,95	L21B C
NGUYÊN TỬ	6676	CD1	TYR	89	68,093	22,031	-9,269	1,00	29,53	L21B C
NGUYÊN TỬ	6677	CE1	TYR	89	68,727	22,782	-10,259	1,00	28,25	L21B C
NGUYÊN TỬ	6678	CD2	TYR	89	68,058	23,946	-7,820	1,00	30,26	L21B C
NGUYÊN TỬ	6679	CE2	TYR	89	68,694	24,719	-8,808	1,00	27,69	L21B C
NGUYÊN TỬ	6680	CZ	TYR	89	69,031	24,128	-10,026	1,00	27,67	L21B C
NGUYÊN TỬ	6681	OH	TYR	89	69,699	24,847	-11,002	1,00	21,69	L21B O
NGUYÊN TỬ	6682	C	TYR	89	67,315	20,074	-5,112	1,00	42,66	L21B C
NGUYÊN TỬ	6683	O	TYR	89	66,771	19,034	-5,481	1,00	44,45	L21B O
NGUYÊN TỬ	6684	N	CYS	90	67,265	20,495	-3,861	1,00	44,04	L21B N
NGUYÊN TỬ	6685	CA	CYS	90	66,297	19,909	-2,964	1,00	49,10	L21B C
NGUYÊN TỬ	6686	C	CYS	90	65,021	20,751	-2,907	1,00	50,09	L21B C

NGUYÊN TỬ	6687	O	CYS	90	65,039	21,980	-3,019	1,00	47,52	L21B O
NGUYÊN TỬ	6688	CB	CYS	90	66,890	19,753	-1,568	1,00	53,04	L21B C
NGUYÊN TỬ	6689	SG	CYS	90	67,391	21,301	-0,757	1,00	61,42	L21B S
NGUYÊN TỬ	6690	N	ASN	91	63,905	20,068	-2,734	1,00	51,79	L21B N
NGUYÊN TỬ	6691	CA	ASN	91	62,625	20,733	-2,620	1,00	53,65	L21B C
NGUYÊN TỬ	6692	CB	ASN	91	61,774	20,348	-3,834	1,00	55,81	L21B C
NGUYÊN TỬ	6693	CG	ASN	91	60,330	20,139	-3,495	1,00	59,21	L21B C
NGUYÊN TỬ	6694	OD1	ASN	91	59,971	19,164	-2,820	1,00	62,36	L21B O
NGUYÊN TỬ	6695	ND2	ASN	91	59,476	21,045	-3,967	1,00	60,75	L21B N
NGUYÊN TỬ	6696	C	ASN	91	61,984	20,292	-1,307	1,00	52,94	L21B C
NGUYÊN TỬ	6697	O	ASN	91	62,323	19,237	-0,777	1,00	52,18	L21B O
NGUYÊN TỬ	6698	N	SER	92	61,085	21,108	-0,765	1,00	52,71	L21B N
NGUYÊN TỬ	6699	CA	SER	92	60,248	20,669	0,347	1,00	51,08	L21B C
NGUYÊN TỬ	6700	CB	SER	92	60,893	20,993	1,680	1,00	50,00	L21B C
NGUYÊN TỬ	6701	OG	SER	92	59,963	20,766	2,715	1,00	46,75	L21B O
NGUYÊN TỬ	6702	C	SER	92	58,869	21,284	0,347	1,00	51,25	L21B C
NGUYÊN TỬ	6703	O	SER	92	58,706	22,470	0,053	1,00	50,09	L21B O
NGUYÊN TỬ	6704	N	TYR	93	57,876	20,470	0,699	1,00	52,79	L21B N
NGUYÊN TỬ	6705	CA	TYR	93	56,552	20,995	1,003	1,00	54,65	L21B C
NGUYÊN TỬ	6706	CB	TYR	93	55,628	19,920	1,579	1,00	50,92	L21B C
NGUYÊN TỬ	6707	CG	TYR	93	55,188	18,849	0,616	1,00	48,58	L21B C
NGUYÊN TỬ	6708	CD1	TYR	93	55,740	18,762	-0,647	1,00	47,35	L21B C
NGUYÊN TỬ	6709	CE1	TYR	93	55,373	17,746	-1,513	1,00	48,50	L21B C
NGUYÊN TỬ	6710	CD2	TYR	93	54,243	17,891	0,995	1,00	46,57	L21B C
NGUYÊN TỬ	6711	CE2	TYR	93	53,871	16,869	0,143	1,00	46,50	L21B C
NGUYÊN TỬ	6712	CZ	TYR	93	54,443	16,798	-1,115	1,00	48,92	L21B C
NGUYÊN TỬ	6713	OH	TYR	93	54,110	15,776	-1,982	1,00	50,22	L21B O
NGUYÊN TỬ	6714	C	TYR	93	56,733	22,048	2,068	1,00	57,60	L21B C
NGUYÊN TỬ	6715	O	TYR	93	57,557	21,896	2,959	1,00	57,59	L21B O
NGUYÊN TỬ	6716	N	THR	94	55,951	23,111	1,991	1,00	62,04	L21B N
NGUYÊN TỬ	6717	CA	THR	94	55,672	23,890	3,183	1,00	64,72	L21B C
NGUYÊN TỬ	6718	CB	THR	94	56,079	25,350	2,997	1,00	62,42	L21B C
NGUYÊN TỬ	6719	OG1	THR	94	55,926	26,035	4,243	1,00	64,29	L21B O
NGUYÊN TỬ	6720	CG2	THR	94	55,212	26,019	1,955	1,00	59,60	L21B C
NGUYÊN TỬ	6721	C	THR	94	54,178	23,803	3,512	1,00	65,94	L21B C
NGUYÊN TỬ	6722	O	THR	94	53,428	23,081	2,854	1,00	69,06	L21B O
NGUYÊN TỬ	6723	N	SER	95	53,754	24,524	4,538	1,00	65,95	L21B N
NGUYÊN TỬ	6724	CA	SER	95	52,365	24,502	4,967	1,00	64,79	L21B C
NGUYÊN TỬ	6725	CB	SER	95	52,192	25,481	6,120	1,00	66,94	L21B C
NGUYÊN TỬ	6726	OG	SER	95	53,426	25,622	6,818	1,00	69,87	L21B O
NGUYÊN TỬ	6727	C	SER	95	51,402	24,855	3,830	1,00	63,59	L21B C
NGUYÊN TỬ	6728	O	SER	95	50,291	24,333	3,763	1,00	61,36	L21B O
NGUYÊN TỬ	6729	N	THR	96	51,847	25,729	2,932	1,00	63,25	L21B N
NGUYÊN TỬ	6730	CA	THR	96	51,009	26,245	1,860	1,00	63,14	L21B C
NGUYÊN TỬ	6731	CB	THR	96	50,750	27,731	2,070	1,00	61,83	L21B C
NGUYÊN TỬ	6732	OG1	THR	96	51,992	28,381	2,345	1,00	62,39	L21B O
NGUYÊN TỬ	6733	CG2	THR	96	49,805	27,950	3,225	1,00	61,90	L21B C
NGUYÊN TỬ	6734	C	THR	96	51,567	26,046	0,442	1,00	64,18	L21B C
NGUYÊN TỬ	6735	O	THR	96	50,810	26,045	-0,525	1,00	65,09	L21B O
NGUYÊN TỬ	6736	N	SER	97	52,878	25,879	0,301	1,00	64,48	L21B N
NGUYÊN TỬ	6737	CA	SER	97	53,459	25,738	-1,034	1,00	64,51	L21B C
NGUYÊN TỬ	6738	CB	SER	97	53,716	27,118	-1,627	1,00	63,56	L21B C
NGUYÊN TỬ	6739	OG	SER	97	54,028	28,042	-0,603	1,00	61,46	L21B O
NGUYÊN TỬ	6740	C	SER	97	54,739	24,910	-1,078	1,00	64,82	L21B C
NGUYÊN TỬ	6741	O	SER	97	54,927	23,999	-0,270	1,00	66,42	L21B O
NGUYÊN TỬ	6742	N	MET	98	55,605	25,217	-2,041	1,00	64,07	L21B N
NGUYÊN TỬ	6743	CA	MET	98	56,908	24,557	-2,149	1,00	62,18	L21B C
NGUYÊN TỬ	6744	CB	MET	98	57,126	24,032	-3,574	1,00	63,88	L21B C
NGUYÊN TỬ	6745	CG	MET	98	55,993	23,171	-4,104	1,00	67,65	L21B C
NGUYÊN TỬ	6746	SD	MET	98	55,659	21,710	-3,078	1,00	72,81	L21B S
NGUYÊN TỬ	6747	CE	MET	98	56,438	20,416	-4,065	1,00	73,59	L21B C
NGUYÊN TỬ	6748	C	MET	98	58,031	25,530	-1,802	1,00	59,11	L21B C
NGUYÊN TỬ	6749	O	MET	98	57,833	26,736	-1,831	1,00	60,23	L21B O
NGUYÊN TỬ	6750	N	VAL	99	59,201	25,001	-1,459	1,00	55,44	L21B N
NGUYÊN TỬ	6751	CA	VAL	99	60,453	25,748	-1,572	1,00	51,98	L21B C
NGUYÊN TỬ	6752	CB	VAL	99	60,916	26,368	-0,239	1,00	52,88	L21B C
NGUYÊN TỬ	6753	CG1	VAL	99	60,298	27,734	-0,041	1,00	54,75	L21B C
NGUYÊN TỬ	6754	CG2	VAL	99	60,547	25,444	0,903	1,00	55,69	L21B C
NGUYÊN TỬ	6755	C	VAL	99	61,569	24,839	-2,041	1,00	49,13	L21B C
NGUYÊN TỬ	6756	O	VAL	99	61,746	23,728	-1,539	1,00	47,82	L21B O
NGUYÊN TỬ	6757	N	PHE	100	62,325	25,325	-3,013	1,00	46,97	L21B N
NGUYÊN TỬ	6758	CA	PHE	100	63,500	24,628	-3,481	1,00	44,40	L21B C
NGUYÊN TỬ	6759	CB	PHE	100	63,664	24,834	-4,981	1,00	42,82	L21B C
NGUYÊN TỬ	6760	CG	PHE	100	62,723	24,021	-5,813	1,00	41,24	L21B C
NGUYÊN TỬ	6761	CD1	PHE	100	61,481	24,518	-6,164	1,00	40,72	L21B C
NGUYÊN TỬ	6762	CD2	PHE	100	63,107	22,781	-6,298	1,00	40,13	L21B C

NGUYÊN TỬ	6763	CE1	PHE	100	60,632	23,802	-6,996	1,00	38,77	L21B C
NGUYÊN TỬ	6764	CE2	PHE	100	62,269	22,054	-7,129	1,00	39,31	L21B C
NGUYÊN TỬ	6765	CZ	PHE	100	61,027	22,569	-7,482	1,00	40,01	L21B C
NGUYÊN TỬ	6766	C	PHE	100	64,705	25,183	-2,749	1,00	43,67	L21B C
NGUYÊN TỬ	6767	O	PHE	100	64,636	26,240	-2,138	1,00	42,08	L21B O
NGUYÊN TỬ	6768	N	GLY	101	65,808	24,452	-2,794	1,00	44,87	L21B N
NGUYÊN TỬ	6769	CA	GLY	101	67,050	24,990	-2,278	1,00	44,48	L21B C
NGUYÊN TỬ	6770	C	GLY	101	67,713	25,786	-3,385	1,00	44,11	L21B C
NGUYÊN TỬ	6771	O	GLY	101	67,280	25,735	-4,550	1,00	42,11	L21B O
NGUYÊN TỬ	6772	N	GLY	102	68,764	26,517	-3,021	1,00	43,78	L21B N
NGUYÊN TỬ	6773	CA	GLY	102	69,452	27,362	-3,973	1,00	42,09	L21B C
NGUYÊN TỬ	6774	C	GLY	102	70,110	26,548	-5,064	1,00	41,93	L21B C
NGUYÊN TỬ	6775	O	GLY	102	70,423	27,067	-6,133	1,00	39,38	L21B O
NGUYÊN TỬ	6776	N	GLY	103	70,305	25,261	-4,792	1,00	43,18	L21B N
NGUYÊN TỬ	6777	CA	GLY	103	70,929	24,376	-5,760	1,00	44,49	L21B C
NGUYÊN TỬ	6778	C	GLY	103	72,381	24,131	-5,405	1,00	46,09	L21B C
NGUYÊN TỬ	6779	O	GLY	103	73,019	24,962	-4,735	1,00	45,13	L21B O
NGUYÊN TỬ	6780	N	THR	104	72,898	22,985	-5,839	1,00	47,33	L21B N
NGUYÊN TỬ	6781	CA	THR	104	74,308	22,669	-5,691	1,00	49,35	L21B C
NGUYÊN TỬ	6782	CB	THR	104	74,541	21,577	-4,622	1,00	46,64	L21B C
NGUYÊN TỬ	6783	OG1	THR	104	74,064	22,036	-3,353	1,00	43,30	L21B O
NGUYÊN TỬ	6784	CG2	THR	104	76,018	21,274	-4,491	1,00	43,32	L21B C
NGUYÊN TỬ	6785	C	THR	104	74,850	22,180	-7,026	1,00	52,94	L21B C
NGUYÊN TỬ	6786	O	THR	104	74,168	21,456	-7,752	1,00	53,31	L21B O
NGUYÊN TỬ	6787	N	LYS	105	76,074	22,591	-7,342	1,00	55,91	L21B N
NGUYÊN TỬ	6788	CA	LYS	105	76,745	22,179	-8,566	1,00	59,05	L21B C
NGUYÊN TỬ	6789	CB	LYS	105	77,629	23,326	-9,068	1,00	61,76	L21B C
NGUYÊN TỬ	6790	CG	LYS	105	77,714	23,459	-10,584	1,00	65,69	L21B C
NGUYÊN TỬ	6791	CD	LYS	105	78,692	22,469	-11,214	1,00	68,17	L21B C
NGUYÊN TỬ	6792	CE	LYS	105	79,046	22,903	-12,635	1,00	70,95	L21B C
NGUYÊN TỬ	6793	NZ	LYS	105	80,160	22,133	-13,244	1,00	73,15	L21B N
NGUYÊN TỬ	6794	C	LYS	105	77,602	20,953	-8,252	1,00	59,65	L21B C
NGUYÊN TỬ	6795	O	LYS	105	78,315	20,946	-7,252	1,00	60,37	L21B O
NGUYÊN TỬ	6796	N	LEU	106	77,534	19,922	-9,095	1,00	60,39	L21B N
NGUYÊN TỬ	6797	CA	LEU	106	78,335	18,710	-8,898	1,00	61,91	L21B C
NGUYÊN TỬ	6798	CB	LEU	106	77,446	17,462	-8,881	1,00	62,09	L21B C
NGUYÊN TỬ	6799	CG	LEU	106	78,153	16,100	-8,764	1,00	60,56	L21B C
NGUYÊN TỬ	6800	CD1	LEU	106	78,509	15,828	-7,314	1,00	60,55	L21B C
NGUYÊN TỬ	6801	CD2	LEU	106	77,252	15,000	-9,277	1,00	60,14	L21B C
NGUYÊN TỬ	6802	C	LEU	106	79,392	18,521	-9,977	1,00	64,04	L21B C
NGUYÊN TỬ	6803	O	LEU	106	79,095	18,572	-11,170	1,00	63,86	L21B O
NGUYÊN TỬ	6804	N	THR	107	80,628	18,276	-9,559	1,00	65,89	L21B N
NGUYÊN TỬ	6805	CA	THR	107	81,684	18,024	-10,521	1,00	67,61	L21B C
NGUYÊN TỬ	6806	CB	THR	107	82,803	19,050	-10,378	1,00	67,75	L21B C
NGUYÊN TỬ	6807	OG1	THR	107	82,220	20,345	-10,228	1,00	68,92	L21B O
NGUYÊN TỬ	6808	CG2	THR	107	83,692	19,050	-11,613	1,00	67,06	L21B C
NGUYÊN TỬ	6809	C	THR	107	82,272	16,644	-10,316	1,00	68,99	L21B C
NGUYÊN TỬ	6810	O	THR	107	82,644	16,280	-9,200	1,00	68,71	L21B O
NGUYÊN TỬ	6811	N	VAL	108	82,349	15,879	-11,400	1,00	70,46	L21B N
NGUYÊN TỬ	6812	CA	VAL	108	83,153	14,661	-11,425	1,00	72,21	L21B C
NGUYÊN TỬ	6813	CB	VAL	108	82,594	13,619	-12,423	1,00	73,56	L21B C
NGUYÊN TỬ	6814	CG1	VAL	108	83,486	12,397	-12,449	1,00	74,74	L21B C
NGUYÊN TỬ	6815	CG2	VAL	108	81,188	13,226	-12,040	1,00	74,55	L21B C
NGUYÊN TỬ	6816	C	VAL	108	84,553	15,047	-11,880	1,00	72,19	L21B C
NGUYÊN TỬ	6817	O	VAL	108	84,814	15,159	-13,083	1,00	71,74	L21B O
NGUYÊN TỬ	6818	N	LEU	109	85,443	15,247	-10,909	1,00	72,49	L21B N
NGUYÊN TỬ	6819	CA	LEU	109	86,805	15,715	-11,160	1,00	72,84	L21B C
NGUYÊN TỬ	6820	CB	LEU	109	87,622	15,621	-9,871	1,00	70,84	L21B C
NGUYÊN TỬ	6821	CG	LEU	109	87,127	16,543	-8,755	1,00	70,37	L21B C
NGUYÊN TỬ	6822	CD1	LEU	109	87,677	16,075	-7,441	1,00	69,58	L21B C
NGUYÊN TỬ	6823	CD2	LEU	109	87,544	17,991	-9,031	1,00	69,90	L21B C
NGUYÊN TỬ	6824	C	LEU	109	87,518	14,962	-12,280	1,00	73,49	L21B C
NGUYÊN TỬ	6825	O	LEU	109	87,811	13,778	-12,154	1,00	74,15	L21B O
NGUYÊN TỬ	6826	N	GLY	110	87,792	15,666	-13,374	1,00	73,86	L21B N
NGUYÊN TỬ	6827	CA	GLY	110	88,496	15,074	-14,497	1,00	74,58	L21B C
NGUYÊN TỬ	6828	C	GLY	110	89,870	15,695	-14,688	1,00	74,91	L21B C
NGUYÊN TỬ	6829	O	GLY	110	90,465	15,602	-15,762	1,00	73,20	L21B O
NGUYÊN TỬ	6830	N	GLN	111	90,362	16,335	-13,631	1,00	77,03	L21B N
NGUYÊN TỬ	6831	CA	GLN	111	91,662	17,003	-13,625	1,00	80,05	L21B C
NGUYÊN TỬ	6832	CB	GLN	111	91,706	18,108	-14,680	1,00	81,49	L21B C
NGUYÊN TỬ	6833	CG	GLN	111	90,660	19,177	-14,485	1,00	82,71	L21B C
NGUYÊN TỬ	6834	CD	GLN	111	91,022	20,463	-15,171	1,00	81,90	L21B C
NGUYÊN TỬ	6835	OE1	GLN	111	91,918	21,183	-14,726	1,00	81,02	L21B O
NGUYÊN TỬ	6836	NE2	GLN	111	90,332	20,764	-16,264	1,00	80,18	L21B N
NGUYÊN TỬ	6837	C	GLN	111	91,887	17,599	-12,238	1,00	80,10	L21B C
NGUYÊN TỬ	6838	O	GLN	111	91,014	17,524	-11,377	1,00	81,14	L21B O

NGUYÊN TỬ	6839	N	PRO	112	93,073	18,171	-11,990	1,00	78,66	L21B N
NGUYÊN TỬ	6840	CD	PRO	112	94,285	18,245	-12,819	1,00	74,89	L21B C
NGUYÊN TỬ	6841	CA	PRO	112	93,327	18,636	-10,625	1,00	76,87	L21B C
NGUYÊN TỬ	6842	CB	PRO	112	94,845	18,786	-10,569	1,00	74,73	L21B C
NGUYÊN TỬ	6843	CG	PRO	112	95,361	18,095	-11,803	1,00	73,97	L21B C
NGUYÊN TỬ	6844	C	PRO	112	92,615	19,952	-10,358	1,00	75,57	L21B C
NGUYÊN TỬ	6845	O	PRO	112	92,349	20,717	-11,285	1,00	76,36	L21B O
NGUYÊN TỬ	6846	N	LYS	113	92,312	20,210	-9,091	1,00	72,84	L21B N
NGUYÊN TỬ	6847	CA	LYS	113	91,651	21,448	-8,695	1,00	70,02	L21B C
NGUYÊN TỬ	6848	CB	LYS	113	91,273	21,394	-7,210	1,00	71,19	L21B C
NGUYÊN TỬ	6849	CG	LYS	113	90,170	20,412	-6,863	1,00	71,89	L21B C
NGUYÊN TỬ	6850	CD	LYS	113	89,612	20,699	-5,473	1,00	72,26	L21B C
NGUYÊN TỬ	6851	CE	LYS	113	88,519	19,711	-5,076	1,00	73,00	L21B C
NGUYÊN TỬ	6852	NZ	LYS	113	88,060	19,907	-3,667	1,00	71,49	L21B N
NGUYÊN TỬ	6853	C	LYS	113	92,570	22,649	-8,943	1,00	68,17	L21B C
NGUYÊN TỬ	6854	O	LYS	113	93,767	22,585	-8,675	1,00	68,73	L21B O
NGUYÊN TỬ	6855	N	ALA	114	92,018	23,747	-9,449	1,00	65,81	L21B N
NGUYÊN TỬ	6856	CA	ALA	114	92,836	24,897	-9,802	1,00	62,76	L21B C
NGUYÊN TỬ	6857	CB	ALA	114	92,869	25,050	-11,313	1,00	63,57	L21B C
NGUYÊN TỬ	6858	C	ALA	114	92,280	26,158	-9,159	1,00	60,79	L21B C
NGUYÊN TỬ	6859	O	ALA	114	91,119	26,489	-9,362	1,00	59,21	L21B O
NGUYÊN TỬ	6860	N	ALA	115	93,098	26,861	-8,381	1,00	57,86	L21B N
NGUYÊN TỬ	6861	CA	ALA	115	92,658	28,117	-7,771	1,00	55,74	L21B C
NGUYÊN TỬ	6862	CB	ALA	115	93,698	28,630	-6,786	1,00	54,06	L21B C
NGUYÊN TỬ	6863	C	ALA	115	92,432	29,140	-8,879	1,00	54,53	L21B C
NGUYÊN TỬ	6864	O	ALA	115	93,166	29,165	-9,861	1,00	56,60	L21B O
NGUYÊN TỬ	6865	N	PRO	116	91,409	29,997	-8,739	1,00	52,44	L21B N
NGUYÊN TỬ	6866	CD	PRO	116	90,642	30,294	-7,513	1,00	53,94	L21B C
NGUYÊN TỬ	6867	CA	PRO	116	91,089	30,936	-9,816	1,00	50,36	L21B C
NGUYÊN TỬ	6868	CB	PRO	116	89,689	31,412	-9,447	1,00	52,55	L21B C
NGUYÊN TỬ	6869	CG	PRO	116	89,720	31,425	-7,930	1,00	53,47	L21B C
NGUYÊN TỬ	6870	C	PRO	116	92,103	32,093	-9,851	1,00	48,65	L21B C
NGUYÊN TỬ	6871	O	PRO	116	92,627	32,498	-8,803	1,00	47,48	L21B O
NGUYÊN TỬ	6872	N	SER	117	92,375	32,627	-11,043	1,00	45,92	L21B N
NGUYÊN TỬ	6873	CA	SER	117	93,083	33,906	-11,154	1,00	43,14	L21B C
NGUYÊN TỬ	6874	CB	SER	117	93,978	33,918	-12,384	1,00	42,23	L21B C
NGUYÊN TỬ	6875	OG	SER	117	94,987	32,945	-12,258	1,00	47,57	L21B O
NGUYÊN TỬ	6876	C	SER	117	92,109	35,073	-11,241	1,00	41,00	L21B C
NGUYÊN TỬ	6877	O	SER	117	91,326	35,177	-12,181	1,00	40,97	L21B O
NGUYÊN TỬ	6878	N	VAL	118	92,163	35,955	-10,259	1,00	37,34	L21B N
NGUYÊN TỬ	6879	CA	VAL	118	91,337	37,143	-10,274	1,00	36,92	L21B C
NGUYÊN TỬ	6880	CB	VAL	118	90,715	37,387	-8,878	1,00	36,85	L21B C
NGUYÊN TỬ	6881	CG1	VAL	118	89,895	38,663	-8,867	1,00	34,92	L21B C
NGUYÊN TỬ	6882	CG2	VAL	118	89,862	36,213	-8,495	1,00	38,22	L21B C
NGUYÊN TỬ	6883	C	VAL	118	92,215	38,332	-10,635	1,00	37,10	L21B C
NGUYÊN TỬ	6884	O	VAL	118	93,224	38,580	-9,971	1,00	37,46	L21B O
NGUYÊN TỬ	6885	N	THR	119	91,846	39,075	-11,673	1,00	36,80	L21B N
NGUYÊN TỬ	6886	CA	THR	119	92,433	40,405	-11,836	1,00	38,29	L21B C
NGUYÊN TỬ	6887	CB	THR	119	93,380	40,467	-13,072	1,00	40,02	L21B C
NGUYÊN TỬ	6888	OG1	THR	119	92,629	40,766	-14,249	1,00	42,31	L21B O
NGUYÊN TỬ	6889	CG2	THR	119	94,098	39,115	-13,267	1,00	41,99	L21B C
NGUYÊN TỬ	6890	C	THR	119	91,335	41,463	-11,949	1,00	36,59	L21B C
NGUYÊN TỬ	6891	O	THR	119	90,328	41,254	-12,631	1,00	35,96	L21B O
NGUYÊN TỬ	6892	N	LEU	120	91,511	42,588	-11,262	1,00	34,86	L21B N
NGUYÊN TỬ	6893	CA	LEU	120	90,407	43,542	-11,101	1,00	35,65	L21B C
NGUYÊN TỬ	6894	CB	LEU	120	89,973	43,569	-9,627	1,00	32,38	L21B C
NGUYÊN TỬ	6895	CG	LEU	120	89,176	44,819	-9,256	1,00	32,01	L21B C
NGUYÊN TỬ	6896	CD1	LEU	120	87,826	44,808	-9,988	1,00	29,34	L21B C
NGUYÊN TỬ	6897	CD2	LEU	120	89,019	44,892	-7,740	1,00	30,16	L21B C
NGUYÊN TỬ	6898	C	LEU	120	90,716	44,978	-11,595	1,00	34,81	L21B C
NGUYÊN TỬ	6899	O	LEU	120	91,618	45,628	-11,081	1,00	35,69	L21B O
NGUYÊN TỬ	6900	N	PHE	121	89,959	45,464	-12,580	1,00	35,05	L21B N
NGUYÊN TỬ	6901	CA	PHE	121	90,240	46,752	-13,227	1,00	37,49	L21B C
NGUYÊN TỬ	6902	CB	PHE	121	90,054	46,649	-14,733	1,00	37,01	L21B C
NGUYÊN TỬ	6903	CG	PHE	121	91,133	45,888	-15,418	1,00	39,94	L21B C
NGUYÊN TỬ	6904	CD1	PHE	121	90,885	44,631	-15,950	1,00	41,17	L21B C
NGUYÊN TỬ	6905	CD2	PHE	121	92,403	46,431	-15,546	1,00	40,30	L21B C
NGUYÊN TỬ	6906	CE1	PHE	121	91,882	43,926	-16,601	1,00	41,70	L21B C
NGUYÊN TỬ	6907	CE2	PHE	121	93,407	45,736	-16,193	1,00	41,18	L21B C
NGUYÊN TỬ	6908	CZ	PHE	121	93,147	44,477	-16,725	1,00	42,12	L21B C
NGUYÊN TỬ	6909	C	PHE	121	89,327	47,840	-12,727	1,00	37,59	L21B C
NGUYÊN TỬ	6910	O	PHE	121	88,118	47,679	-12,717	1,00	38,34	L21B O
NGUYÊN TỬ	6911	N	PRO	122	89,895	48,980	-12,320	1,00	33,96	L21B N
NGUYÊN TỬ	6912	CD	PRO	122	91,343	49,211	-12,217	1,00	33,93	L21B C
NGUYÊN TỬ	6913	CA	PRO	122	89,118	50,140	-11,849	1,00	38,29	L21B C
NGUYÊN TỬ	6914	CB	PRO	122	90,165	51,012	-11,187	1,00	35,32	L21B C

NGUYÊN TỬ	6915	CG	PRO	122	91,417	50,673	-11,910	1,00	33,59	L21B C
NGUYÊN TỬ	6916	C	PRO	122	88,425	50,864	-12,992	1,00	39,54	L21B C
NGUYÊN TỬ	6917	O	PRO	122	88,852	50,762	-14,136	1,00	39,03	L21B O
NGUYÊN TỬ	6918	N	PRO	123	87,360	51,623	-12,697	1,00	38,00	L21B N
NGUYÊN TỬ	6919	CD	PRO	123	86,853	52,011	-11,371	1,00	42,45	L21B C
NGUYÊN TỬ	6920	CA	PRO	123	86,729	52,399	-13,778	1,00	40,80	L21B C
NGUYÊN TỬ	6921	CB	PRO	123	85,750	53,326	-13,057	1,00	41,73	L21B C
NGUYÊN TỬ	6922	CG	PRO	123	85,552	52,698	-11,698	1,00	44,67	L21B C
NGUYÊN TỬ	6923	C	PRO	123	87,813	53,192	-14,490	1,00	42,29	L21B C
NGUYÊN TỬ	6924	O	PRO	123	88,806	53,588	-13,871	1,00	40,52	L21B O
NGUYÊN TỬ	6925	N	SER	124	87,644	53,410	-15,788	1,00	44,28	L21B N
NGUYÊN TỬ	6926	CA	SER	124	88,611	54,216	-16,506	1,00	47,54	L21B C
NGUYÊN TỬ	6927	CB	SER	124	88,663	53,823	-17,988	1,00	47,47	L21B C
NGUYÊN TỬ	6928	OG	SER	124	87,506	54,258	-18,684	1,00	53,94	L21B O
NGUYÊN TỬ	6929	C	SER	124	88,267	55,697	-16,348	1,00	49,32	L21B C
NGUYÊN TỬ	6930	O	SER	124	87,158	56,071	-15,948	1,00	49,97	L21B O
NGUYÊN TỬ	6931	N	SER	125	89,255	56,527	-16,636	1,00	50,71	L21B N
NGUYÊN TỬ	6932	CA	SER	125	89,127	57,964	-16,549	1,00	51,79	L21B C
NGUYÊN TỬ	6933	CB	SER	125	90,474	58,586	-16,895	1,00	54,13	L21B C
NGUYÊN TỬ	6934	OG	SER	125	91,447	57,553	-17,108	1,00	58,67	L21B O
NGUYÊN TỬ	6935	C	SER	125	88,062	58,413	-17,530	1,00	52,33	L21B C
NGUYÊN TỬ	6936	O	SER	125	87,218	59,240	-17,197	1,00	53,85	L21B O
NGUYÊN TỬ	6937	N	GLU	126	88,093	57,852	-18,735	1,00	52,90	L21B N
NGUYÊN TỬ	6938	CA	GLU	126	87,157	58,247	-19,780	1,00	53,19	L21B C
NGUYÊN TỬ	6939	CB	GLU	126	87,458	57,509	-21,082	1,00	57,40	L21B C
NGUYÊN TỬ	6940	CG	GLU	126	88,843	57,708	-21,675	1,00	62,62	L21B C
NGUYÊN TỬ	6941	CD	GLU	126	88,903	57,183	-23,100	1,00	66,23	L21B C
NGUYÊN TỬ	6942	OE1	GLU	126	88,015	57,561	-23,904	1,00	68,20	L21B O
NGUYÊN TỬ	6943	OE2	GLU	126	89,822	56,392	-23,414	1,00	68,73	L21B O
NGUYÊN TỬ	6944	C	GLU	126	85,734	57,919	-19,373	1,00	51,91	L21B C
NGUYÊN TỬ	6945	O	GLU	126	84,833	58,750	-19,467	1,00	50,90	L21B O
NGUYÊN TỬ	6946	N	GLU	127	85,528	56,687	-18,928	1,00	50,99	L21B N
NGUYÊN TỬ	6947	CA	GLU	127	84,197	56,264	-18,523	1,00	49,49	L21B C
NGUYÊN TỬ	6948	CB	GLU	127	84,213	54,811	-18,046	1,00	48,63	L21B C
NGUYÊN TỬ	6949	CG	GLU	127	82,828	54,274	-17,767	1,00	45,52	L21B C
NGUYÊN TỬ	6950	CD	GLU	127	82,845	53,032	-16,907	1,00	44,98	L21B C
NGUYÊN TỬ	6951	OE1	GLU	127	81,780	52,691	-16,353	1,00	42,76	L21B O
NGUYÊN TỬ	6952	OE2	GLU	127	83,920	52,399	-16,794	1,00	43,35	L21B O
NGUYÊN TỬ	6953	C	GLU	127	83,656	57,171	-17,422	1,00	48,57	L21B C
NGUYÊN TỬ	6954	O	GLU	127	82,534	57,660	-17,516	1,00	49,29	L21B O
NGUYÊN TỬ	6955	N	LEU	128	84,447	57,408	-16,382	1,00	47,26	L21B N
NGUYÊN TỬ	6956	CA	LEU	128	84,003	58,319	-15,337	1,00	46,49	L21B C
NGUYÊN TỬ	6957	CB	LEU	128	85,145	58,634	-14,377	1,00	44,93	L21B C
NGUYÊN TỬ	6958	CG	LEU	128	85,440	57,550	-13,341	1,00	44,39	L21B C
NGUYÊN TỬ	6959	CD1	LEU	128	86,492	58,057	-12,377	1,00	42,24	L21B C
NGUYÊN TỬ	6960	CD2	LEU	128	84,160	57,177	-12,588	1,00	43,91	L21B C
NGUYÊN TỬ	6961	C	LEU	128	83,461	59,609	-15,948	1,00	45,72	L21B C
NGUYÊN TỬ	6962	O	LEU	128	82,445	60,143	-15,502	1,00	44,90	L21B O
NGUYÊN TỬ	6963	N	GLN	129	84,124	60,094	-16,991	1,00	44,74	L21B N
NGUYÊN TỬ	6964	CA	GLN	129	83,690	61,326	-17,643	1,00	43,60	L21B C
NGUYÊN TỬ	6965	CB	GLN	129	84,730	61,764	-18,673	1,00	44,32	L21B C
NGUYÊN TỬ	6966	CG	GLN	129	84,757	63,251	-18,915	1,00	44,45	L21B C
NGUYÊN TỬ	6967	CD	GLN	129	84,894	64,018	-17,632	1,00	44,59	L21B C
NGUYÊN TỬ	6968	OE1	GLN	129	83,960	64,705	-17,184	1,00	46,48	L21B O
NGUYÊN TỬ	6969	NE2	GLN	129	86,065	63,903	-17,014	1,00	43,44	L21B N
NGUYÊN TỬ	6970	C	GLN	129	82,335	61,142	-18,318	1,00	43,46	L21B C
NGUYÊN TỬ	6971	O	GLN	129	81,613	62,111	-18,567	1,00	42,25	L21B O
NGUYÊN TỬ	6972	N	ALA	130	81,999	59,890	-18,612	1,00	43,83	L21B N
NGUYÊN TỬ	6973	CA	ALA	130	80,723	59,562	-19,236	1,00	44,55	L21B C
NGUYÊN TỬ	6974	CB	ALA	130	80,842	58,252	-19,998	1,00	40,95	L21B C
NGUYÊN TỬ	6975	C	ALA	130	79,613	59,472	-18,190	1,00	45,51	L21B C
NGUYÊN TỬ	6976	O	ALA	130	78,444	59,242	-18,516	1,00	45,69	L21B O
NGUYÊN TỬ	6977	N	ASN	131	79,998	59,658	-16,932	1,00	46,19	L21B N
NGUYÊN TỬ	6978	CA	ASN	131	79,057	59,676	-15,814	1,00	46,40	L21B C
NGUYÊN TỬ	6979	CB	ASN	131	77,856	60,560	-16,116	1,00	46,67	L21B C
NGUYÊN TỬ	6980	CG	ASN	131	77,079	60,903	-14,866	1,00	48,91	L21B C
NGUYÊN TỬ	6981	OD1	ASN	131	77,634	60,893	-13,764	1,00	47,77	L21B O
NGUYÊN TỬ	6982	ND2	ASN	131	75,788	61,203	-15,021	1,00	51,00	L21B N
NGUYÊN TỬ	6983	C	ASN	131	78,572	58,279	-15,467	1,00	46,14	L21B C
NGUYÊN TỬ	6984	O	ASN	131	77,431	58,080	-15,028	1,00	45,59	L21B O
NGUYÊN TỬ	6985	N	LYS	132	79,456	57,313	-15,687	1,00	44,66	L21B N
NGUYÊN TỬ	6986	CA	LYS	132	79,241	55,945	-15,265	1,00	42,08	L21B C
NGUYÊN TỬ	6987	CB	LYS	132	78,787	55,099	-16,450	1,00	40,90	L21B C
NGUYÊN TỬ	6988	CG	LYS	132	77,627	55,703	-17,217	1,00	43,12	L21B C
NGUYÊN TỬ	6989	CD	LYS	132	76,291	55,233	-16,679	1,00	47,00	L21B C
NGUYÊN TỬ	6990	CE	LYS	132	75,556	54,388	-17,718	1,00	51,53	L21B C

NGUYÊN TỬ	6991	NZ	LYS	132	75,127	55,214	-18,892	1,00	53,24	L21B N
NGUYÊN TỬ	6992	C	LYS	132	80,567	55,436	-14,727	1,00	40,86	L21B C
NGUYÊN TỬ	6993	O	LYS	132	81,625	55,974	-15,036	1,00	39,43	L21B O
NGUYÊN TỬ	6994	N	ALA	133	80,515	54,410	-13,898	1,00	40,80	L21B N
NGUYÊN TỬ	6995	CA	ALA	133	81,742	53,771	-13,469	1,00	40,55	L21B C
NGUYÊN TỬ	6996	CB	ALA	133	82,155	54,284	-12,094	1,00	41,61	L21B C
NGUYÊN TỬ	6997	C	ALA	133	81,503	52,277	-13,436	1,00	39,52	L21B C
NGUYÊN TỬ	6998	O	ALA	133	80,407	51,827	-13,094	1,00	40,03	L21B O
NGUYÊN TỬ	6999	N	THR	134	82,517	51,511	-13,816	1,00	37,08	L21B N
NGUYÊN TỬ	7000	CA	THR	134	82,387	50,070	-13,826	1,00	35,24	L21B C
NGUYÊN TỬ	7001	CB	THR	134	82,102	49,568	-15,261	1,00	34,18	L21B C
NGUYÊN TỬ	7002	OG1	THR	134	81,076	50,373	-15,860	1,00	31,16	L21B O
NGUYÊN TỬ	7003	CG2	THR	134	81,630	48,113	-15,229	1,00	34,12	L21B C
NGUYÊN TỬ	7004	C	THR	134	83,660	49,413	-13,288	1,00	35,11	L21B C
NGUYÊN TỬ	7005	O	THR	134	84,756	49,639	-13,809	1,00	34,86	L21B O
NGUYÊN TỬ	7006	N	LEU	135	83,527	48,604	-12,240	1,00	35,01	L21B N
NGUYÊN TỬ	7007	CA	LEU	135	84,659	47,785	-11,811	1,00	35,41	L21B C
NGUYÊN TỬ	7008	CB	LEU	135	84,648	47,559	-10,299	1,00	35,87	L21B C
NGUYÊN TỬ	7009	CG	LEU	135	84,344	48,751	-9,393	1,00	35,82	L21B C
NGUYÊN TỬ	7010	CD1	LEU	135	84,432	48,303	-7,946	1,00	37,53	L21B C
NGUYÊN TỬ	7011	CD2	LEU	135	85,307	49,859	-9,652	1,00	35,35	L21B C
NGUYÊN TỬ	7012	C	LEU	135	84,568	46,451	-12,520	1,00	33,80	L21B C
NGUYÊN TỬ	7013	O	LEU	135	83,529	45,820	-12,520	1,00	35,43	L21B O
NGUYÊN TỬ	7014	N	VAL	136	85,659	46,033	-13,136	1,00	33,39	L21B N
NGUYÊN TỬ	7015	CA	VAL	136	85,658	44,817	-13,927	1,00	33,35	L21B C
NGUYÊN TỬ	7016	CB	VAL	136	86,196	45,094	-15,343	1,00	31,20	L21B C
NGUYÊN TỬ	7017	CG1	VAL	136	86,377	43,785	-16,117	1,00	30,64	L21B C
NGUYÊN TỬ	7018	CG2	VAL	136	85,222	46,009	-16,080	1,00	28,09	L21B C
NGUYÊN TỬ	7019	C	VAL	136	86,492	43,727	-13,262	1,00	33,93	L21B C
NGUYÊN TỬ	7020	O	VAL	136	87,718	43,823	-13,186	1,00	33,89	L21B O
NGUYÊN TỬ	7021	N	CYS	137	85,815	42,692	-12,771	1,00	34,36	L21B N
NGUYÊN TỬ	7022	CA	CYS	137	86,505	41,597	-12,113	1,00	36,21	L21B C
NGUYÊN TỬ	7023	C	CYS	137	86,499	40,375	-13,001	1,00	35,27	L21B C
NGUYÊN TỬ	7024	O	CYS	137	85,460	39,765	-13,199	1,00	34,76	L21B O
NGUYÊN TỬ	7025	CB	CYS	137	85,848	41,264	-10,772	1,00	38,22	L21B C
NGUYÊN TỬ	7026	SG	CYS	137	86,846	40,139	-9,739	1,00	40,11	L21B S
NGUYÊN TỬ	7027	N	LEU	138	87,670	40,029	-13,531	1,00	35,98	L21B N
NGUYÊN TỬ	7028	CA	LEU	138	87,815	38,912	-14,454	1,00	38,04	L21B C
NGUYÊN TỬ	7029	CB	LEU	138	88,747	39,322	-15,594	1,00	37,69	L21B C
NGUYÊN TỬ	7030	CG	LEU	138	88,403	40,638	-16,312	1,00	39,81	L21B C
NGUYÊN TỬ	7031	CD1	LEU	138	89,536	41,044	-17,241	1,00	40,38	L21B C
NGUYÊN TỬ	7032	CD2	LEU	138	87,129	40,481	-17,103	1,00	39,74	L21B C
NGUYÊN TỬ	7033	C	LEU	138	88,367	37,670	-13,725	1,00	39,64	L21B C
NGUYÊN TỬ	7034	O	LEU	138	89,270	37,784	-12,889	1,00	41,42	L21B O
NGUYÊN TỬ	7035	N	ILE	139	87,824	36,490	-14,030	1,00	38,47	L21B N
NGUYÊN TỬ	7036	CA	ILE	139	88,251	35,268	-13,351	1,00	38,43	L21B C
NGUYÊN TỬ	7037	CB	ILE	139	87,150	34,756	-12,429	1,00	37,11	L21B C
NGUYÊN TỬ	7038	CG2	ILE	139	87,707	33,697	-11,485	1,00	38,23	L21B C
NGUYÊN TỬ	7039	CG1	ILE	139	86,581	35,914	-11,627	1,00	36,92	L21B C
NGUYÊN TỬ	7040	CD1	ILE	139	85,608	35,472	-10,583	1,00	38,37	L21B C
NGUYÊN TỬ	7041	C	ILE	139	88,618	34,150	-14,335	1,00	38,50	L21B C
NGUYÊN TỬ	7042	O	ILE	139	87,834	33,819	-15,225	1,00	36,72	L21B O
NGUYÊN TỬ	7043	N	SER	140	89,803	33,564	-14,172	1,00	39,81	L21B N
NGUYÊN TỬ	7044	CA	SER	140	90,312	32,604	-15,156	1,00	42,70	L21B C
NGUYÊN TỬ	7045	CB	SER	140	91,266	33,292	-16,145	1,00	42,39	L21B C
NGUYÊN TỬ	7046	OG	SER	140	92,065	34,270	-15,498	1,00	43,52	L21B O
NGUYÊN TỬ	7047	C	SER	140	91,020	31,398	-14,564	1,00	43,55	L21B C
NGUYÊN TỬ	7048	O	SER	140	91,514	31,441	-13,432	1,00	43,83	L21B O
NGUYÊN TỬ	7049	N	ASP	141	91,055	30,320	-15,344	1,00	44,57	L21B N
NGUYÊN TỬ	7050	CA	ASP	141	91,910	29,173	-15,060	1,00	46,96	L21B C
NGUYÊN TỬ	7051	CB	ASP	141	93,388	29,589	-15,151	1,00	49,43	L21B C
NGUYÊN TỬ	7052	CG	ASP	141	93,753	30,153	-16,519	1,00	52,67	L21B C
NGUYÊN TỬ	7053	OD1	ASP	141	93,943	31,388	-16,623	1,00	55,09	L21B O
NGUYÊN TỬ	7054	OD2	ASP	141	93,843	29,362	-17,492	1,00	54,16	L21B O
NGUYÊN TỬ	7055	C	ASP	141	91,626	28,547	-13,697	1,00	47,35	L21B C
NGUYÊN TỬ	7056	O	ASP	141	92,510	28,431	-12,853	1,00	47,00	L21B O
NGUYÊN TỬ	7057	N	PHE	142	90,389	28,134	-13,481	1,00	49,13	L21B N
NGUYÊN TỬ	7058	CA	PHE	142	90,066	27,424	-12,260	1,00	51,26	L21B C
NGUYÊN TỬ	7059	CB	PHE	142	89,306	28,349	-11,315	1,00	50,93	L21B C
NGUYÊN TỬ	7060	CG	PHE	142	88,015	28,882	-11,885	1,00	52,14	L21B C
NGUYÊN TỬ	7061	CD1	PHE	142	86,839	28,146	-11,790	1,00	51,98	L21B C
NGUYÊN TỬ	7062	CD2	PHE	142	87,960	30,142	-12,457	1,00	51,72	L21B C
NGUYÊN TỬ	7063	CE1	PHE	142	85,641	28,661	-12,245	1,00	49,40	L21B C
NGUYÊN TỬ	7064	CE2	PHE	142	86,767	30,658	-12,913	1,00	49,64	L21B C
NGUYÊN TỬ	7065	CZ	PHE	142	85,608	29,917	-12,804	1,00	50,17	L21B C
NGUYÊN TỬ	7066	C	PHE	142	89,255	26,166	-12,561	1,00	51,68	L21B C

NGUYÊN TỬ	7067	O	PHE	142	88,654	26,058	-13,626	1,00	51,50	L21B O
NGUYÊN TỬ	7068	N	TYR	143	89,267	25,218	-11,625	1,00	52,56	L21B N
NGUYÊN TỬ	7069	CA	TYR	143	88,530	23,962	-11,760	1,00	54,58	L21B C
NGUYÊN TỬ	7070	CB	TYR	143	89,282	23,010	-12,699	1,00	56,96	L21B C
NGUYÊN TỬ	7071	CG	TYR	143	88,523	21,763	-13,117	1,00	59,81	L21B C
NGUYÊN TỬ	7072	CD1	TYR	143	88,524	20,618	-12,324	1,00	62,38	L21B C
NGUYÊN TỬ	7073	CE1	TYR	143	87,865	19,450	-12,731	1,00	63,84	L21B C
NGUYÊN TỬ	7074	CD2	TYR	143	87,844	21,717	-14,327	1,00	60,41	L21B C
NGUYÊN TỬ	7075	CE2	TYR	143	87,185	20,563	-14,744	1,00	63,55	L21B C
NGUYÊN TỬ	7076	CZ	TYR	143	87,198	19,431	-13,943	1,00	64,86	L21B C
NGUYÊN TỬ	7077	OH	TYR	143	86,534	18,291	-14,356	1,00	65,40	L21B O
NGUYÊN TỬ	7078	C	TYR	143	88,382	23,328	-10,378	1,00	53,01	L21B C
NGUYÊN TỬ	7079	O	TYR	143	89,303	23,365	-9,569	1,00	53,42	L21B O
NGUYÊN TỬ	7080	N	PRO	144	87,206	22,759	-10,079	1,00	50,74	L21B N
NGUYÊN TỬ	7081	CD	PRO	144	86,972	22,124	-8,767	1,00	49,09	L21B C
NGUYÊN TỬ	7082	CA	PRO	144	86,003	22,734	-10,923	1,00	49,32	L21B C
NGUYÊN TỬ	7083	CB	PRO	144	85,062	21,804	-10,164	1,00	47,39	L21B C
NGUYÊN TỬ	7084	CG	PRO	144	85,478	21,930	-8,737	1,00	46,20	L21B C
NGUYÊN TỬ	7085	C	PRO	144	85,382	24,130	-11,153	1,00	47,94	L21B C
NGUYÊN TỬ	7086	O	PRO	144	85,702	25,088	-10,440	1,00	46,61	L21B O
NGUYÊN TỬ	7087	N	GLY	145	84,501	24,228	-12,152	1,00	46,23	L21B N
NGUYÊN TỬ	7088	CA	GLY	145	83,958	25,512	-12,578	1,00	42,95	L21B C
NGUYÊN TỬ	7089	C	GLY	145	82,812	26,070	-11,742	1,00	41,27	L21B C
NGUYÊN TỬ	7090	O	GLY	145	81,719	26,310	-12,250	1,00	40,44	L21B O
NGUYÊN TỬ	7091	N	ALA	146	83,062	26,275	-10,453	1,00	39,59	L21B N
NGUYÊN TỬ	7092	CA	ALA	146	82,094	26,915	-9,571	1,00	38,70	L21B C
NGUYÊN TỬ	7093	CB	ALA	146	81,366	25,871	-8,763	1,00	31,97	L21B C
NGUYÊN TỬ	7094	C	ALA	146	82,779	27,922	-8,637	1,00	39,60	L21B C
NGUYÊN TỬ	7095	O	ALA	146	83,631	27,551	-7,833	1,00	41,88	L21B O
NGUYÊN TỬ	7096	N	VAL	147	82,417	29,197	-8,755	1,00	38,94	L21B N
NGUYÊN TỬ	7097	CA	VAL	147	82,985	30,227	-7,894	1,00	39,15	L21B C
NGUYÊN TỬ	7098	CB	VAL	147	83,970	31,166	-8,630	1,00	40,72	L21B C
NGUYÊN TỬ	7099	CG1	VAL	147	85,144	30,392	-9,186	1,00	40,44	L21B C
NGUYÊN TỬ	7100	CG2	VAL	147	83,229	31,921	-9,733	1,00	40,31	L21B C
NGUYÊN TỬ	7101	C	VAL	147	81,844	31,100	-7,439	1,00	38,68	L21B C
NGUYÊN TỬ	7102	O	VAL	147	80,803	31,151	-8,080	1,00	41,11	L21B O
NGUYÊN TỬ	7103	N	THR	148	82,033	31,797	-6,335	1,00	36,37	L21B N
NGUYÊN TỬ	7104	CA	THR	148	81,051	32,778	-5,955	1,00	36,67	L21B C
NGUYÊN TỬ	7105	CB	THR	148	80,323	32,336	-4,659	1,00	35,50	L21B C
NGUYÊN TỬ	7106	OG1	THR	148	80,850	33,034	-3,521	1,00	34,72	L21B O
NGUYÊN TỬ	7107	CG2	THR	148	80,505	30,836	-4,467	1,00	37,45	L21B C
NGUYÊN TỬ	7108	C	THR	148	81,807	34,102	-5,783	1,00	37,12	L21B C
NGUYÊN TỬ	7109	O	THR	148	82,966	34,112	-5,342	1,00	36,84	L21B O
NGUYÊN TỬ	7110	N	VAL	149	81,178	35,207	-6,169	1,00	33,24	L21B N
NGUYÊN TỬ	7111	CA	VAL	149	81,858	36,472	-6,104	1,00	33,40	L21B C
NGUYÊN TỬ	7112	CB	VAL	149	81,907	37,135	-7,485	1,00	31,91	L21B C
NGUYÊN TỬ	7113	CG1	VAL	149	82,473	38,539	-7,369	1,00	33,40	L21B C
NGUYÊN TỬ	7114	CG2	VAL	149	82,767	36,321	-8,404	1,00	30,80	L21B C
NGUYÊN TỬ	7115	C	VAL	149	81,145	37,370	-5,121	1,00	34,21	L21B C
NGUYÊN TỬ	7116	O	VAL	149	79,944	37,244	-4,921	1,00	34,91	L21B O
NGUYÊN TỬ	7117	N	ALA	150	81,886	38,264	-4,487	1,00	33,86	L21B N
NGUYÊN TỬ	7118	CA	ALA	150	81,280	39,225	-3,585	1,00	35,73	L21B C
NGUYÊN TỬ	7119	CB	ALA	150	81,210	38,656	-2,188	1,00	33,79	L21B C
NGUYÊN TỬ	7120	C	ALA	150	82,112	40,501	-3,597	1,00	39,22	L21B C
NGUYÊN TỬ	7121	O	ALA	150	83,349	40,462	-3,711	1,00	40,31	L21B O
NGUYÊN TỬ	7122	N	TRP	151	81,430	41,633	-3,487	1,00	40,11	L21B N
NGUYÊN TỬ	7123	CA	TRP	151	82,080	42,922	-3,632	1,00	41,54	L21B C
NGUYÊN TỬ	7124	CB	TRP	151	81,393	43,745	-4,729	1,00	38,77	L21B C
NGUYÊN TỬ	7125	CG	TRP	151	81,582	43,201	-6,112	1,00	36,67	L21B C
NGUYÊN TỬ	7126	CD2	TRP	151	82,611	43,564	-7,048	1,00	36,37	L21B C
NGUYÊN TỬ	7127	CE2	TRP	151	82,391	42,819	-8,219	1,00	34,19	L21B C
NGUYÊN TỬ	7128	CE3	TRP	151	83,694	44,448	-7,005	1,00	35,66	L21B C
NGUYÊN TỬ	7129	CD1	TRP	151	80,809	42,277	-6,737	1,00	35,59	L21B C
NGUYÊN TỬ	7130	NE1	TRP	151	81,286	42,039	-8,006	1,00	35,04	L21B N
NGUYÊN TỬ	7131	CZ2	TRP	151	83,205	42,928	-9,330	1,00	34,35	L21B C
NGUYÊN TỬ	7132	CZ3	TRP	151	84,503	44,553	-8,107	1,00	35,09	L21B C
NGUYÊN TỬ	7133	CH2	TRP	151	84,257	43,798	-9,256	1,00	35,84	L21B C
NGUYÊN TỬ	7134	C	TRP	151	81,997	43,664	-2,316	1,00	44,09	L21B C
NGUYÊN TỬ	7135	O	TRP	151	80,964	43,656	-1,644	1,00	45,40	L21B O
NGUYÊN TỬ	7136	N	LYS	152	83,092	44,308	-1,946	1,00	46,45	L21B N
NGUYÊN TỬ	7137	CA	LYS	152	83,072	45,197	-0,811	1,00	48,60	L21B C
NGUYÊN TỬ	7138	CB	LYS	152	84,092	44,751	0,225	1,00	48,03	L21B C
NGUYÊN TỬ	7139	CG	LYS	152	83,871	43,340	0,723	1,00	50,00	L21B C
NGUYÊN TỬ	7140	CD	LYS	152	83,032	43,305	2,003	1,00	51,32	L21B C
NGUYÊN TỬ	7141	CE	LYS	152	82,767	41,869	2,424	1,00	52,22	L21B C
NGUYÊN TỬ	7142	NZ	LYS	152	82,022	41,119	1,373	1,00	55,40	L21B N

NGUYÊN TỬ	7143	C	LYS	152	83,390	46,601	-1,281	1,00	50,99	L21B C
NGUYÊN TỬ	7144	O	LYS	152	84,217	46,799	-2,181	1,00	51,75	L21B O
NGUYÊN TỬ	7145	N	ALA	153	82,701	47,565	-0,680	1,00	52,20	L21B N
NGUYÊN TỬ	7146	CA	ALA	153	83,076	48,961	-0,762	1,00	53,01	L21B C
NGUYÊN TỬ	7147	CB	ALA	153	81,854	49,802	-1,069	1,00	53,76	L21B C
NGUYÊN TỬ	7148	C	ALA	153	83,664	49,342	0,596	1,00	53,38	L21B C
NGUYÊN TỬ	7149	O	ALA	153	82,970	49,338	1,605	1,00	53,17	L21B O
NGUYÊN TỬ	7150	N	ASP	154	84,950	49,671	0,610	1,00	55,41	L21B N
NGUYÊN TỬ	7151	CA	ASP	154	85,732	49,644	1,840	1,00	56,87	L21B C
NGUYÊN TỬ	7152	CB	ASP	154	85,183	50,652	2,856	1,00	60,15	L21B C
NGUYÊN TỬ	7153	CG	ASP	154	85,664	52,060	2,579	1,00	63,17	L21B C
NGUYÊN TỬ	7154	OD1	ASP	154	86,880	52,204	2,319	1,00	66,19	L21B O
NGUYÊN TỬ	7155	OD2	ASP	154	84,842	53,010	2,609	1,00	63,31	L21B O
NGUYÊN TỬ	7156	C	ASP	154	85,659	48,238	2,398	1,00	56,82	L21B C
NGUYÊN TỬ	7157	O	ASP	154	86,161	47,297	1,790	1,00	54,87	L21B O
NGUYÊN TỬ	7158	N	SER	155	85,010	48,090	3,545	1,00	57,77	L21B N
NGUYÊN TỬ	7159	CA	SER	155	84,814	46,771	4,112	1,00	58,15	L21B C
NGUYÊN TỬ	7160	CB	SER	155	85,331	46,744	5,542	1,00	57,73	L21B C
NGUYÊN TỬ	7161	OG	SER	155	86,728	46,519	5,538	1,00	60,83	L21B O
NGUYÊN TỬ	7162	C	SER	155	83,367	46,327	4,068	1,00	58,08	L21B C
NGUYÊN TỬ	7163	O	SER	155	83,069	45,151	4,217	1,00	59,53	L21B O
NGUYÊN TỬ	7164	N	SER	156	82,461	47,267	3,858	1,00	58,33	L21B N
NGUYÊN TỬ	7165	CA	SER	156	81,057	46,918	3,777	1,00	59,90	L21B C
NGUYÊN TỬ	7166	CB	SER	156	80,201	48,162	3,965	1,00	60,53	L21B C
NGUYÊN TỬ	7167	OG	SER	156	80,336	48,660	5,283	1,00	59,84	L21B O
NGUYÊN TỬ	7168	C	SER	156	80,733	46,260	2,445	1,00	60,68	L21B C
NGUYÊN TỬ	7169	O	SER	156	81,328	46,583	1,422	1,00	61,89	L21B O
NGUYÊN TỬ	7170	N	PRO	157	79,792	45,304	2,453	1,00	60,88	L21B N
NGUYÊN TỬ	7171	CD	PRO	157	79,262	44,713	3,690	1,00	58,20	L21B C
NGUYÊN TỬ	7172	CA	PRO	157	79,348	44,547	1,278	1,00	60,26	L21B C
NGUYÊN TỬ	7173	CB	PRO	157	78,687	43,304	1,886	1,00	58,77	L21B C
NGUYÊN TỬ	7174	CG	PRO	157	79,155	43,277	3,324	1,00	56,44	L21B C
NGUYÊN TỬ	7175	C	PRO	157	78,402	45,303	0,334	1,00	59,58	L21B C
NGUYÊN TỬ	7176	O	PRO	157	77,472	45,984	0,763	1,00	57,31	L21B O
NGUYÊN TỬ	7177	N	VAL	158	78,657	45,150	-0,959	1,00	59,32	L21B N
NGUYÊN TỬ	7178	CA	VAL	158	77,915	45,844	-2,002	1,00	59,47	L21B C
NGUYÊN TỬ	7179	CB	VAL	158	78,700	45,791	-3,331	1,00	57,95	L21B C
NGUYÊN TỬ	7180	CG1	VAL	158	77,839	46,290	-4,469	1,00	54,31	L21B C
NGUYÊN TỬ	7181	CG2	VAL	158	79,975	46,617	-3,213	1,00	53,69	L21B C
NGUYÊN TỬ	7182	C	VAL	158	76,536	45,218	-2,204	1,00	60,73	L21B C
NGUYÊN TỬ	7183	O	VAL	158	76,414	44,001	-2,333	1,00	61,06	L21B O
NGUYÊN TỬ	7184	N	LYS	159	75,505	46,061	-2,244	1,00	62,19	L21B N
NGUYÊN TỬ	7185	CA	LYS	159	74,113	45,602	-2,315	1,00	61,60	L21B C
NGUYÊN TỬ	7186	CB	LYS	159	73,236	46,399	-1,341	1,00	63,72	L21B C
NGUYÊN TỬ	7187	CG	LYS	159	73,455	46,090	0,126	1,00	69,06	L21B C
NGUYÊN TỬ	7188	CD	LYS	159	72,644	47,037	0,998	1,00	75,91	L21B C
NGUYÊN TỬ	7189	CE	LYS	159	73,000	46,892	2,478	1,00	82,57	L21B C
NGUYÊN TỬ	7190	NZ	LYS	159	72,140	47,750	3,366	1,00	87,68	L21B N
NGUYÊN TỬ	7191	C	LYS	159	73,462	45,674	-3,699	1,00	58,86	L21B C
NGUYÊN TỬ	7192	O	LYS	159	72,303	45,300	-3,847	1,00	57,81	L21B O
NGUYÊN TỬ	7193	N	ALA	160	74,186	46,165	-4,701	1,00	55,78	L21B N
NGUYÊN TỬ	7194	CA	ALA	160	73,587	46,415	-6,008	1,00	52,62	L21B C
NGUYÊN TỬ	7195	CB	ALA	160	72,592	47,559	-5,900	1,00	51,57	L21B C
NGUYÊN TỬ	7196	C	ALA	160	74,622	46,724	-7,090	1,00	51,55	L21B C
NGUYÊN TỬ	7197	O	ALA	160	75,718	47,210	-6,803	1,00	52,32	L21B O
NGUYÊN TỬ	7198	N	GLY	161	74,269	46,441	-8,339	1,00	49,63	L21B N
NGUYÊN TỬ	7199	CA	GLY	161	75,115	46,834	-9,448	1,00	47,88	L21B C
NGUYÊN TỬ	7200	C	GLY	161	75,947	45,670	-9,917	1,00	46,51	L21B C
NGUYÊN TỬ	7201	O	GLY	161	76,533	45,684	-11,000	1,00	47,18	L21B O
NGUYÊN TỬ	7202	N	VAL	162	75,991	44,642	-9,091	1,00	45,68	L21B N
NGUYÊN TỬ	7203	CA	VAL	162	76,766	43,467	-9,420	1,00	46,39	L21B C
NGUYÊN TỬ	7204	CB	VAL	162	76,994	42,592	-8,177	1,00	45,36	L21B C
NGUYÊN TỬ	7205	CG1	VAL	162	77,924	41,457	-8,522	1,00	45,18	L21B C
NGUYÊN TỬ	7206	CG2	VAL	162	77,563	43,423	-7,048	1,00	43,58	L21B C
NGUYÊN TỬ	7207	C	VAL	162	76,066	42,636	-10,489	1,00	46,49	L21B C
NGUYÊN TỬ	7208	O	VAL	162	74,848	42,523	-10,510	1,00	46,00	L21B O
NGUYÊN TỬ	7209	N	GLU	163	76,852	42,058	-11,382	1,00	47,79	L21B N
NGUYÊN TỬ	7210	CA	GLU	163	76,306	41,230	-12,440	1,00	49,24	L21B C
NGUYÊN TỬ	7211	CB	GLU	163	75,884	42,106	-13,625	1,00	52,12	L21B C
NGUYÊN TỬ	7212	CG	GLU	163	74,748	41,536	-14,443	1,00	60,05	L21B C
NGUYÊN TỬ	7213	CD	GLU	163	73,390	41,886	-13,864	1,00	65,24	L21B C
NGUYÊN TỬ	7214	OE1	GLU	163	72,774	41,012	-13,209	1,00	67,90	L21B O
NGUYÊN TỬ	7215	OE2	GLU	163	72,940	43,038	-14,068	1,00	70,08	L21B O
NGUYÊN TỬ	7216	C	GLU	163	77,401	40,260	-12,865	1,00	46,11	L21B C
NGUYÊN TỬ	7217	O	GLU	163	78,410	40,682	-13,419	1,00	47,48	L21B O
NGUYÊN TỬ	7218	N	THR	164	77,206	38,970	-12,599	1,00	41,78	L21B N

NGUYÊN TỬ	7219	CA	THR	164	78,282	37,988	-12,730	1,00	38,50	L21B C
NGUYÊN TỬ	7220	CB	THR	164	78,531	37,248	-11,400	1,00	34,50	L21B C
NGUYÊN TỬ	7221	OG1	THR	164	78,699	38,199	-10,346	1,00	30,64	L21B O
NGUYÊN TỬ	7222	CG2	THR	164	79,756	36,372	-11,495	1,00	28,00	L21B C
NGUYÊN TỬ	7223	C	THR	164	77,871	36,955	-13,756	1,00	38,26	L21B C
NGUYÊN TỬ	7224	O	THR	164	76,696	36,638	-13,868	1,00	39,75	L21B O
NGUYÊN TỬ	7225	N	THR	165	78,838	36,416	-14,487	1,00	37,96	L21B N
NGUYÊN TỬ	7226	CA	THR	165	78,562	35,385	-15,483	1,00	37,83	L21B C
NGUYÊN TỬ	7227	CB	THR	165	79,599	35,420	-16,618	1,00	34,80	L21B C
NGUYÊN TỬ	7228	OG1	THR	165	80,880	35,040	-16,097	1,00	36,93	L21B O
NGUYÊN TỬ	7229	CG2	THR	165	79,709	36,825	-17,215	1,00	31,26	L21B C
NGUYÊN TỬ	7230	C	THR	165	78,593	33,985	-14,866	1,00	37,21	L21B C
NGUYÊN TỬ	7231	O	THR	165	79,114	33,770	-13,777	1,00	39,28	L21B O
NGUYÊN TỬ	7232	N	THR	166	78,036	33,019	-15,565	1,00	36,76	L21B N
NGUYÊN TỬ	7233	CA	THR	166	78,243	31,645	-15,168	1,00	38,24	L21B C
NGUYÊN TỬ	7234	CB	THR	166	77,106	30,778	-15,660	1,00	34,50	L21B C
NGUYÊN TỬ	7235	OG1	THR	166	77,096	30,796	-17,089	1,00	34,16	L21B O
NGUYÊN TỬ	7236	CG2	THR	166	75,787	31,322	-15,164	1,00	33,33	L21B C
NGUYÊN TỬ	7237	C	THR	166	79,537	31,194	-15,827	1,00	37,53	L21B C
NGUYÊN TỬ	7238	O	THR	166	79,864	31,623	-16,932	1,00	36,25	L21B O
NGUYÊN TỬ	7239	N	PRO	167	80,299	30,325	-15,153	1,00	37,69	L21B N
NGUYÊN TỬ	7240	CD	PRO	167	80,022	29,728	-13,837	1,00	37,82	L21B C
NGUYÊN TỬ	7241	CA	PRO	167	81,614	29,933	-15,668	1,00	41,45	L21B C
NGUYÊN TỬ	7242	CB	PRO	167	82,133	28,968	-14,613	1,00	38,56	L21B C
NGUYÊN TỬ	7243	CG	PRO	167	81,376	29,323	-13,368	1,00	37,09	L21B C
NGUYÊN TỬ	7244	C	PRO	167	81,473	29,277	-17,029	1,00	42,27	L21B C
NGUYÊN TỬ	7245	O	PRO	167	80,425	28,735	-17,341	1,00	44,62	L21B O
NGUYÊN TỬ	7246	N	SER	168	82,514	29,334	-17,845	1,00	43,91	L21B N
NGUYÊN TỬ	7247	CA	SER	168	82,479	28,642	-19,123	1,00	49,02	L21B C
NGUYÊN TỬ	7248	CB	SER	168	81,934	29,574	-20,200	1,00	48,31	L21B C
NGUYÊN TỬ	7249	OG	SER	168	82,776	30,696	-20,353	1,00	51,04	L21B O
NGUYÊN TỬ	7250	C	SER	168	83,860	28,112	-19,517	1,00	52,43	L21B C
NGUYÊN TỬ	7251	O	SER	168	84,858	28,810	-19,384	1,00	51,73	L21B O
NGUYÊN TỬ	7252	N	LYS	169	83,907	26,866	-19,981	1,00	56,92	L21B N
NGUYÊN TỬ	7253	CA	LYS	169	85,169	26,213	-20,283	1,00	61,14	L21B C
NGUYÊN TỬ	7254	CB	LYS	169	84,918	24,845	-20,924	1,00	62,84	L21B C
NGUYÊN TỬ	7255	CG	LYS	169	84,830	23,687	-19,932	1,00	66,49	L21B C
NGUYÊN TỬ	7256	CD	LYS	169	85,821	22,565	-20,294	1,00	70,79	L21B C
NGUYÊN TỬ	7257	CE	LYS	169	86,088	21,615	-19,117	1,00	73,34	L21B C
NGUYÊN TỬ	7258	NZ	LYS	169	84,856	20,937	-18,570	1,00	78,76	L21B N
NGUYÊN TỬ	7259	C	LYS	169	85,955	27,092	-21,235	1,00	62,66	L21B C
NGUYÊN TỬ	7260	O	LYS	169	85,383	27,720	-22,115	1,00	63,23	L21B O
NGUYÊN TỬ	7261	N	GLN	170	87,269	27,141	-21,053	1,00	64,67	L21B N
NGUYÊN TỬ	7262	CA	GLN	170	88,105	28,052	-21,828	1,00	65,86	L21B C
NGUYÊN TỬ	7263	CB	GLN	170	89,262	28,556	-20,967	1,00	66,96	L21B C
NGUYÊN TỬ	7264	CG	GLN	170	88,852	29,309	-19,725	1,00	68,32	L21B C
NGUYÊN TỬ	7265	CD	GLN	170	90,050	29,889	-18,995	1,00	69,91	L21B C
NGUYÊN TỬ	7266	OE1	GLN	170	90,010	30,118	-17,783	1,00	71,16	L21B O
NGUYÊN TỬ	7267	NE2	GLN	170	91,127	30,130	-19,734	1,00	71,33	L21B N
NGUYÊN TỬ	7268	C	GLN	170	88,677	27,413	-23,097	1,00	66,50	L21B C
NGUYÊN TỬ	7269	O	GLN	170	87,997	27,295	-24,125	1,00	66,61	L21B O
NGUYÊN TỬ	7270	N	SER	171	89,946	27,027	-23,009	1,00	66,58	L21B N
NGUYÊN TỬ	7271	CA	SER	171	90,641	26,325	-24,081	1,00	67,32	L21B C
NGUYÊN TỬ	7272	CB	SER	171	91,243	27,318	-25,076	1,00	68,07	L21B C
NGUYÊN TỬ	7273	OG	SER	171	90,258	27,775	-25,985	1,00	70,61	L21B O
NGUYÊN TỬ	7274	C	SER	171	91,744	25,474	-23,466	1,00	66,68	L21B C
NGUYÊN TỬ	7275	O	SER	171	92,026	24,376	-23,938	1,00	65,89	L21B O
NGUYÊN TỬ	7276	N	ASN	172	92,361	25,994	-22,408	1,00	65,46	L21B N
NGUYÊN TỬ	7277	CA	ASN	172	93,171	25,173	-21,517	1,00	63,92	L21B C
NGUYÊN TỬ	7278	CB	ASN	172	93,956	26,056	-20,544	1,00	62,95	L21B C
NGUYÊN TỬ	7279	CG	ASN	172	93,058	26,891	-19,652	1,00	62,55	L21B C
NGUYÊN TỬ	7280	OD1	ASN	172	92,050	27,431	-20,100	1,00	62,38	L21B O
NGUYÊN TỬ	7281	ND2	ASN	172	93,426	27,003	-18,378	1,00	61,56	L21B N
NGUYÊN TỬ	7282	C	ASN	172	92,230	24,245	-20,754	1,00	63,74	L21B C
NGUYÊN TỬ	7283	O	ASN	172	92,646	23,450	-19,916	1,00	63,97	L21B O
NGUYÊN TỬ	7284	N	ASN	173	90,946	24,363	-21,062	1,00	63,55	L21B N
NGUYÊN TỬ	7285	CA	ASN	173	89,937	23,472	-20,518	1,00	62,96	L21B C
NGUYÊN TỬ	7286	CB	ASN	173	90,350	22,014	-20,725	1,00	63,60	L21B C
NGUYÊN TỬ	7287	CG	ASN	173	89,203	21,058	-20,483	1,00	65,50	L21B C
NGUYÊN TỬ	7288	OD1	ASN	173	89,023	20,565	-19,366	1,00	67,22	L21B O
NGUYÊN TỬ	7289	ND2	ASN	173	88,407	20,799	-21,525	1,00	65,19	L21B N
NGUYÊN TỬ	7290	C	ASN	173	89,646	23,724	-19,037	1,00	61,57	L21B C
NGUYÊN TỬ	7291	O	ASN	173	88,868	22,990	-18,415	1,00	60,70	L21B O
NGUYÊN TỬ	7292	N	LYS	174	90,268	24,758	-18,474	1,00	58,80	L21B N
NGUYÊN TỬ	7293	CA	LYS	174	89,852	25,262	-17,173	1,00	57,03	L21B C
NGUYÊN TỬ	7294	CB	LYS	174	91,047	25,873	-16,436	1,00	56,43	L21B C

NGUYÊN TỬ	7295	CG	LYS	174	92,179	24,893	-16,202	1,00	54,88	L21B C
NGUYÊN TỬ	7296	CD	LYS	174	93,293	25,524	-15,389	1,00	55,65	L21B C
NGUYÊN TỬ	7297	CE	LYS	174	94,474	24,578	-15,209	1,00	54,27	L21B C
NGUYÊN TỬ	7298	NZ	LYS	174	95,762	25,322	-15,121	1,00	55,04	L21B N
NGUYÊN TỬ	7299	C	LYS	174	88,739	26,302	-17,352	1,00	56,01	L21B C
NGUYÊN TỬ	7300	O	LYS	174	88,342	26,607	-18,482	1,00	54,56	L21B O
NGUYÊN TỬ	7301	N	TYR	175	88,227	26,835	-16,245	1,00	54,93	L21B N
NGUYÊN TỬ	7302	CA	TYR	175	87,035	27,680	-16,309	1,00	55,31	L21B C
NGUYÊN TỬ	7303	CB	TYR	175	85,965	27,195	-15,319	1,00	57,78	L21B C
NGUYÊN TỬ	7304	CG	TYR	175	85,217	25,953	-15,760	1,00	60,75	L21B C
NGUYÊN TỬ	7305	CD1	TYR	175	84,034	26,051	-16,487	1,00	61,53	L21B C
NGUYÊN TỬ	7306	CE1	TYR	175	83,348	24,923	-16,896	1,00	63,42	L21B C
NGUYÊN TỬ	7307	CD2	TYR	175	85,695	24,685	-15,452	1,00	60,53	L21B C
NGUYÊN TỬ	7308	CE2	TYR	175	85,017	23,552	-15,854	1,00	63,85	L21B C
NGUYÊN TỬ	7309	CZ	TYR	175	83,845	23,672	-16,578	1,00	63,99	L21B C
NGUYÊN TỬ	7310	OH	TYR	175	83,186	22,537	-16,995	1,00	64,21	L21B O
NGUYÊN TỬ	7311	C	TYR	175	87,316	29,158	-16,058	1,00	53,03	L21B C
NGUYÊN TỬ	7312	O	TYR	175	88,237	29,523	-15,323	1,00	53,97	L21B O
NGUYÊN TỬ	7313	N	ALA	176	86,514	30,008	-16,686	1,00	48,30	L21B N
NGUYÊN TỬ	7314	CA	ALA	176	86,626	31,440	-16,486	1,00	43,86	L21B C
NGUYÊN TỬ	7315	CB	ALA	176	87,113	32,113	-17,765	1,00	41,69	L21B C
NGUYÊN TỬ	7316	C	ALA	176	85,264	31,985	-16,087	1,00	41,19	L21B C
NGUYÊN TỬ	7317	O	ALA	176	84,241	31,345	-16,310	1,00	40,23	L21B O
NGUYÊN TỬ	7318	N	ALA	177	85,255	33,161	-15,480	1,00	37,62	L21B N
NGUYÊN TỬ	7319	CA	ALA	177	84,012	33,839	-15,198	1,00	36,67	L21B C
NGUYÊN TỬ	7320	CB	ALA	177	83,549	33,496	-13,807	1,00	36,19	L21B C
NGUYÊN TỬ	7321	C	ALA	177	84,303	35,322	-15,312	1,00	36,41	L21B C
NGUYÊN TỬ	7322	O	ALA	177	85,440	35,694	-15,603	1,00	38,70	L21B O
NGUYÊN TỬ	7323	N	SER	178	83,296	36,169	-15,096	1,00	33,97	L21B N
NGUYÊN TỬ	7324	CA	SER	178	83,560	37,567	-14,777	1,00	30,19	L21B C
NGUYÊN TỬ	7325	CB	SER	178	83,893	38,359	-16,039	1,00	29,61	L21B C
NGUYÊN TỬ	7326	OG	SER	178	82,756	38,462	-16,878	1,00	31,45	L21B O
NGUYÊN TỬ	7327	C	SER	178	82,376	38,206	-14,076	1,00	29,28	L21B C
NGUYÊN TỬ	7328	O	SER	178	81,254	37,704	-14,138	1,00	28,35	L21B O
NGUYÊN TỬ	7329	N	SER	179	82,635	39,330	-13,420	1,00	28,18	L21B N
NGUYÊN TỬ	7330	CA	SER	179	81,663	39,969	-12,551	1,00	28,05	L21B C
NGUYÊN TỬ	7331	CB	SER	179	81,939	39,533	-11,099	1,00	25,74	L21B C
NGUYÊN TỬ	7332	OG	SER	179	81,115	40,215	-10,164	1,00	25,59	L21B O
NGUYÊN TỬ	7333	C	SER	179	81,785	41,497	-12,707	1,00	28,42	L21B C
NGUYÊN TỬ	7334	O	SER	179	82,882	42,050	-12,632	1,00	30,29	L21B O
NGUYÊN TỬ	7335	N	TYR	180	80,670	42,184	-12,919	1,00	28,81	L21B N
NGUYÊN TỬ	7336	CA	TYR	180	80,718	43,628	-13,137	1,00	29,20	L21B C
NGUYÊN TỬ	7337	CB	TYR	180	80,079	43,980	-14,493	1,00	25,61	L21B C
NGUYÊN TỬ	7338	CG	TYR	180	80,858	43,465	-15,684	1,00	22,04	L21B C
NGUYÊN TỬ	7339	CD1	TYR	180	80,891	42,115	-15,973	1,00	21,54	L21B C
NGUYÊN TỬ	7340	CE1	TYR	180	81,619	41,623	-17,041	1,00	24,06	L21B C
NGUYÊN TỬ	7341	CD2	TYR	180	81,585	44,325	-16,503	1,00	22,08	L21B C
NGUYÊN TỬ	7342	CE2	TYR	180	82,332	43,841	-17,586	1,00	23,42	L21B C
NGUYÊN TỬ	7343	CZ	TYR	180	82,341	42,484	-17,849	1,00	25,10	L21B C
NGUYÊN TỬ	7344	OH	TYR	180	83,053	41,964	-18,914	1,00	26,40	L21B O
NGUYÊN TỬ	7345	C	TYR	180	80,017	44,396	-12,017	1,00	29,98	L21B C
NGUYÊN TỬ	7346	O	TYR	180	78,879	44,115	-11,665	1,00	30,59	L21B O
NGUYÊN TỬ	7347	N	LEU	181	80,701	45,369	-11,445	1,00	31,66	L21B N
NGUYÊN TỬ	7348	CA	LEU	181	80,075	46,194	-10,434	1,00	34,40	L21B C
NGUYÊN TỬ	7349	CB	LEU	181	80,950	46,241	-9,178	1,00	35,91	L21B C
NGUYÊN TỬ	7350	CG	LEU	181	80,622	47,301	-8,118	1,00	37,29	L21B C
NGUYÊN TỬ	7351	CD1	LEU	181	79,141	47,276	-7,792	1,00	38,10	L21B C
NGUYÊN TỬ	7352	CD2	LEU	181	81,458	47,046	-6,874	1,00	35,95	L21B C
NGUYÊN TỬ	7353	C	LEU	181	79,860	47,593	-11,007	1,00	35,22	L21B C
NGUYÊN TỬ	7354	O	LEU	181	80,823	48,271	-11,396	1,00	35,53	L21B O
NGUYÊN TỬ	7355	N	SER	182	78,591	48,001	-11,072	1,00	34,30	L21B N
NGUYÊN TỬ	7356	CA	SER	182	78,195	49,265	-11,687	1,00	34,46	L21B C
NGUYÊN TỬ	7357	CB	SER	182	76,884	49,110	-12,448	1,00	33,20	L21B C
NGUYÊN TỬ	7358	OG	SER	182	77,030	48,265	-13,568	1,00	36,65	L21B O
NGUYÊN TỬ	7359	C	SER	182	78,001	50,314	-10,620	1,00	35,64	L21B C
NGUYÊN TỬ	7360	O	SER	182	77,212	50,135	-9,687	1,00	37,03	L21B O
NGUYÊN TỬ	7361	N	LEU	183	78,717	51,416	-10,770	1,00	35,80	L21B N
NGUYÊN TỬ	7362	CA	LEU	183	78,703	52,494	-9,796	1,00	36,71	L21B C
NGUYÊN TỬ	7363	CB	LEU	183	80,101	52,637	-9,193	1,00	32,29	L21B C
NGUYÊN TỬ	7364	CG	LEU	183	80,297	51,602	-8,101	1,00	32,15	L21B C
NGUYÊN TỬ	7365	CD1	LEU	183	81,726	51,602	-7,616	1,00	31,53	L21B C
NGUYÊN TỬ	7366	CD2	LEU	183	79,335	51,923	-6,969	1,00	30,51	L21B C
NGUYÊN TỬ	7367	C	LEU	183	78,291	53,790	-10,486	1,00	37,88	L21B C
NGUYÊN TỬ	7368	O	LEU	183	78,384	53,896	-11,719	1,00	41,35	L21B O
NGUYÊN TỬ	7369	N	THR	184	77,836	54,769	-9,708	1,00	37,42	L21B N
NGUYÊN TỬ	7370	CA	THR	184	77,936	56,165	-10,137	1,00	36,46	L21B C

NGUYÊN TỬ	7371	CB	THR	184	77,002	57,095	-9,338	1,00	34,03	L21B C
NGUYÊN TỬ	7372	OG1	THR	184	77,609	57,385	-8,073	1,00	32,25	L21B O
NGUYÊN TỬ	7373	CG2	THR	184	75,644	56,460	-9,121	1,00	27,17	L21B C
NGUYÊN TỬ	7374	C	THR	184	79,369	56,584	-9,807	1,00	37,89	L21B C
NGUYÊN TỬ	7375	O	THR	184	80,027	55,952	-8,984	1,00	38,09	L21B O
NGUYÊN TỬ	7376	N	PRO	185	79,867	57,664	-10,430	1,00	40,32	L21B N
NGUYÊN TỬ	7377	CD	PRO	185	79,307	58,350	-11,603	1,00	38,82	L21B C
NGUYÊN TỬ	7378	CA	PRO	185	81,209	58,171	-10,093	1,00	41,63	L21B C
NGUYÊN TỬ	7379	CB	PRO	185	81,441	59,272	-11,113	1,00	37,99	L21B C
NGUYÊN TỬ	7380	CG	PRO	185	80,532	58,935	-12,234	1,00	38,54	L21B C
NGUYÊN TỬ	7381	C	PRO	185	81,288	58,701	-8,670	1,00	43,60	L21B C
NGUYÊN TỬ	7382	O	PRO	185	82,314	58,619	-8,008	1,00	43,46	L21B O
NGUYÊN TỬ	7383	N	GLU	186	80,178	59,239	-8,204	1,00	48,02	L21B N
NGUYÊN TỬ	7384	CA	GLU	186	80,127	59,827	-6,887	1,00	53,68	L21B C
NGUYÊN TỬ	7385	CB	GLU	186	78,767	60,491	-6,677	1,00	58,48	L21B C
NGUYÊN TỬ	7386	CG	GLU	186	78,455	61,609	-7,690	1,00	66,64	L21B C
NGUYÊN TỬ	7387	CD	GLU	186	78,399	61,126	-9,148	1,00	70,44	L21B C
NGUYÊN TỬ	7388	OE1	GLU	186	78,031	59,955	-9,384	1,00	72,48	L21B O
NGUYÊN TỬ	7389	OE2	GLU	186	78,727	61,930	-10,057	1,00	73,54	L21B O
NGUYÊN TỬ	7390	C	GLU	186	80,360	58,748	-5,851	1,00	54,01	L21B C
NGUYÊN TỬ	7391	O	GLU	186	81,019	58,978	-4,841	1,00	55,79	L21B O
NGUYÊN TỬ	7392	N	GLN	187	79,830	57,558	-6,103	1,00	53,63	L21B N
NGUYÊN TỬ	7393	CA	GLN	187	79,934	56,503	-5,109	1,00	51,43	L21B C
NGUYÊN TỬ	7394	CB	GLN	187	78,681	55,628	-5,131	1,00	50,42	L21B C
NGUYÊN TỬ	7395	CG	GLN	187	78,234	55,226	-6,505	1,00	50,59	L21B C
NGUYÊN TỬ	7396	CD	GLN	187	76,767	54,823	-6,554	1,00	50,84	L21B C
NGUYÊN TỬ	7397	OE1	GLN	187	76,405	53,872	-7,251	1,00	50,48	L21B O
NGUYÊN TỬ	7398	NE2	GLN	187	75,917	55,547	-5,821	1,00	49,29	L21B N
NGUYÊN TỬ	7399	C	GLN	187	81,189	55,667	-5,298	1,00	50,12	L21B C
NGUYÊN TỬ	7400	O	GLN	187	81,622	54,956	-4,387	1,00	50,30	L21B O
NGUYÊN TỬ	7401	N	TRP	188	81,782	55,767	-6,479	1,00	47,84	L21B N
NGUYÊN TỬ	7402	CA	TRP	188	83,108	55,222	-6,694	1,00	47,52	L21B C
NGUYÊN TỬ	7403	CB	TRP	188	83,420	55,191	-8,187	1,00	42,90	L21B C
NGUYÊN TỬ	7404	CG	TRP	188	84,880	55,086	-8,485	1,00	39,27	L21B C
NGUYÊN TỬ	7405	CD2	TRP	188	85,750	53,999	-8,157	1,00	36,97	L21B C
NGUYÊN TỬ	7406	CE2	TRP	188	87,038	54,341	-8,621	1,00	35,12	L21B C
NGUYÊN TỬ	7407	CE3	TRP	188	85,569	52,774	-7,515	1,00	36,62	L21B C
NGUYÊN TỬ	7408	CD1	TRP	188	85,653	56,015	-9,116	1,00	37,57	L21B C
NGUYÊN TỬ	7409	NE1	TRP	188	86,950	55,576	-9,203	1,00	35,22	L21B N
NGUYÊN TỬ	7410	CZ2	TRP	188	88,141	53,496	-8,467	1,00	35,08	L21B C
NGUYÊN TỬ	7411	CZ3	TRP	188	86,676	51,931	-7,360	1,00	37,18	L21B C
NGUYÊN TỬ	7412	CH2	TRP	188	87,940	52,298	-7,834	1,00	35,01	L21B C
NGUYÊN TỬ	7413	C	TRP	188	84,135	56,094	-5,962	1,00	50,19	L21B C
NGUYÊN TỬ	7414	O	TRP	188	85,096	55,589	-5,366	1,00	51,20	L21B O
NGUYÊN TỬ	7415	N	LYS	189	83,926	57,405	-6,004	1,00	50,84	L21B N
NGUYÊN TỬ	7416	CA	LYS	189	84,898	58,326	-5,442	1,00	52,62	L21B C
NGUYÊN TỬ	7417	CB	LYS	189	84,673	59,745	-5,974	1,00	53,78	L21B C
NGUYÊN TỬ	7418	CG	LYS	189	85,073	59,957	-7,425	1,00	58,09	L21B C
NGUYÊN TỬ	7419	CD	LYS	189	86,572	59,787	-7,626	1,00	61,78	L21B C
NGUYÊN TỬ	7420	CE	LYS	189	86,927	59,741	-9,099	1,00	65,61	L21B C
NGUYÊN TỬ	7421	NZ	LYS	189	88,402	59,624	-9,287	1,00	73,62	L21B N
NGUYÊN TỬ	7422	C	LYS	189	84,818	58,339	-3,927	1,00	52,30	L21B C
NGUYÊN TỬ	7423	O	LYS	189	85,780	58,698	-3,246	1,00	54,71	L21B O
NGUYÊN TỬ	7424	N	SER	190	83,671	57,949	-3,393	1,00	49,80	L21B N
NGUYÊN TỬ	7425	CA	SER	190	83,425	58,174	-1,984	1,00	47,44	L21B C
NGUYÊN TỬ	7426	CB	SER	190	82,007	58,680	-1,772	1,00	45,86	L21B C
NGUYÊN TỬ	7427	OG	SER	190	81,100	57,847	-2,455	1,00	46,05	L21B O
NGUYÊN TỬ	7428	C	SER	190	83,658	56,935	-1,150	1,00	46,24	L21B C
NGUYÊN TỬ	7429	O	SER	190	83,083	56,786	-0,081	1,00	46,23	L21B O
NGUYÊN TỬ	7430	N	HIS	191	84,513	56,048	-1,633	1,00	45,30	L21B N
NGUYÊN TỬ	7431	CA	HIS	191	85,104	55,051	-0,762	1,00	45,91	L21B C
NGUYÊN TỬ	7432	CB	HIS	191	84,467	53,687	-1,037	1,00	44,94	L21B C
NGUYÊN TỬ	7433	CG	HIS	191	83,037	53,602	-0,602	1,00	44,01	L21B C
NGUYÊN TỬ	7434	CD2	HIS	191	81,888	53,929	-1,241	1,00	42,43	L21B C
NGUYÊN TỬ	7435	ND1	HIS	191	82,669	53,191	0,661	1,00	44,59	L21B N
NGUYÊN TỬ	7436	CE1	HIS	191	81,356	53,270	0,782	1,00	42,41	L21B C
NGUYÊN TỬ	7437	NE2	HIS	191	80,859	53,716	-0,357	1,00	40,13	L21B N
NGUYÊN TỬ	7438	C	HIS	191	86,623	54,994	-0,926	1,00	46,85	L21B C
NGUYÊN TỬ	7439	O	HIS	191	87,143	55,172	-2,019	1,00	47,33	L21B O
NGUYÊN TỬ	7440	N	ARG	192	87,334	54,762	0,170	1,00	47,92	L21B N
NGUYÊN TỬ	7441	CA	ARG	192	88,779	54,561	0,102	1,00	49,29	L21B C
NGUYÊN TỬ	7442	CB	ARG	192	89,364	54,317	1,496	1,00	53,95	L21B C
NGUYÊN TỬ	7443	CG	ARG	192	89,706	55,585	2,258	1,00	62,03	L21B C
NGUYÊN TỬ	7444	CD	ARG	192	91,080	56,101	1,869	1,00	68,57	L21B C
NGUYÊN TỬ	7445	NE	ARG	192	91,236	57,520	2,178	1,00	76,88	L21B N
NGUYÊN TỬ	7446	CZ	ARG	192	92,376	58,194	2,059	1,00	80,97	L21B C

NGUYÊN TỬ	7447	NH1	ARG	192	92,421	59,489	2,363	1,00	83,55	L21B N
NGUYÊN TỬ	7448	NH2	ARG	192	93,474	57,574	1,640	1,00	83,12	L21B N
NGUYÊN TỬ	7449	C	ARG	192	89,156	53,397	-0,800	1,00	46,81	L21B C
NGUYÊN TỬ	7450	O	ARG	192	90,292	53,325	-1,266	1,00	47,72	L21B O
NGUYÊN TỬ	7451	N	SER	193	88,222	52,481	-1,037	1,00	42,98	L21B N
NGUYÊN TỬ	7452	CA	SER	193	88,496	51,342	-1,907	1,00	41,55	L21B C
NGUYÊN TỬ	7453	CB	SER	193	89,566	50,434	-1,287	1,00	39,74	L21B C
NGUYÊN TỬ	7454	OG	SER	193	89,199	50,021	0,018	1,00	40,91	L21B O
NGUYÊN TỬ	7455	C	SER	193	87,243	50,526	-2,198	1,00	40,51	L21B C
NGUYÊN TỬ	7456	O	SER	193	86,157	50,890	-1,774	1,00	40,73	L21B O
NGUYÊN TỬ	7457	N	TYR	194	87,427	49,433	-2,938	1,00	38,90	L21B N
NGUYÊN TỬ	7458	CA	TYR	194	86,377	48,500	-3,338	1,00	35,74	L21B C
NGUYÊN TỬ	7459	CB	TYR	194	85,754	48,931	-4,667	1,00	32,23	L21B C
NGUYÊN TỬ	7460	CG	TYR	194	84,533	49,816	-4,524	1,00	31,63	L21B C
NGUYÊN TỬ	7461	CD1	TYR	194	83,254	49,267	-4,528	1,00	28,78	L21B C
NGUYÊN TỬ	7462	CE1	TYR	194	82,127	50,060	-4,415	1,00	29,78	L21B C
NGUYÊN TỬ	7463	CD2	TYR	194	84,656	51,202	-4,397	1,00	31,17	L21B C
NGUYÊN TỬ	7464	CE2	TYR	194	83,526	52,017	-4,283	1,00	32,51	L21B C
NGUYÊN TỬ	7465	CZ	TYR	194	82,259	51,433	-4,297	1,00	33,20	L21B C
NGUYÊN TỬ	7466	OH	TYR	194	81,124	52,220	-4,238	1,00	34,06	L21B O
NGUYÊN TỬ	7467	C	TYR	194	87,121	47,190	-3,531	1,00	36,59	L21B C
NGUYÊN TỬ	7468	O	TYR	194	88,316	47,207	-3,855	1,00	35,94	L21B O
NGUYÊN TỬ	7469	N	SER	195	86,457	46,052	-3,339	1,00	36,59	L21B N
NGUYÊN TỬ	7470	CA	SER	195	87,182	44,785	-3,492	1,00	37,13	L21B C
NGUYÊN TỬ	7471	CB	SER	195	87,685	44,281	-2,135	1,00	36,06	L21B C
NGUYÊN TỬ	7472	OG	SER	195	88,132	45,339	-1,307	1,00	34,68	L21B O
NGUYÊN TỬ	7473	C	SER	195	86,384	43,674	-4,162	1,00	37,41	L21B C
NGUYÊN TỬ	7474	O	SER	195	85,171	43,554	-3,986	1,00	37,59	L21B O
NGUYÊN TỬ	7475	N	CYS	196	87,077	42,853	-4,933	1,00	37,65	L21B N
NGUYÊN TỬ	7476	CA	CYS	196	86,443	41,701	-5,528	1,00	38,71	L21B C
NGUYÊN TỬ	7477	C	CYS	196	86,891	40,511	-4,690	1,00	39,42	L21B C
NGUYÊN TỬ	7478	O	CYS	196	88,093	40,277	-4,532	1,00	40,53	L21B O
NGUYÊN TỬ	7479	CB	CYS	196	86,881	41,552	-6,997	1,00	38,27	L21B C
NGUYÊN TỬ	7480	SG	CYS	196	85,991	40,237	-7,892	1,00	40,80	L21B S
NGUYÊN TỬ	7481	N	GLN	197	85,932	39,779	-4,122	1,00	39,35	L21B N
NGUYÊN TỬ	7482	CA	GLN	197	86,259	38,614	-3,303	1,00	38,91	L21B C
NGUYÊN TỬ	7483	CB	GLN	197	85,733	38,794	-1,876	1,00	38,51	L21B C
NGUYÊN TỬ	7484	CG	GLN	197	86,541	39,823	-1,078	1,00	42,70	L21B C
NGUYÊN TỬ	7485	CD	GLN	197	85,947	40,191	0,280	1,00	45,03	L21B C
NGUYÊN TỬ	7486	OE1	GLN	197	84,738	40,429	0,416	1,00	47,31	L21B O
NGUYÊN TỬ	7487	NE2	GLN	197	86,806	40,251	1,296	1,00	44,75	L21B N
NGUYÊN TỬ	7488	C	GLN	197	85,688	37,361	-3,924	1,00	38,57	L21B C
NGUYÊN TỬ	7489	O	GLN	197	84,475	37,185	-3,966	1,00	41,15	L21B O
NGUYÊN TỬ	7490	N	VAL	198	86,565	36,493	-4,411	1,00	37,99	L21B N
NGUYÊN TỬ	7491	CA	VAL	198	86,148	35,335	-5,186	1,00	39,54	L21B C
NGUYÊN TỬ	7492	CB	VAL	198	86,892	35,280	-6,527	1,00	36,74	L21B C
NGUYÊN TỬ	7493	CG1	VAL	198	86,339	34,164	-7,404	1,00	36,03	L21B C
NGUYÊN TỬ	7494	CG2	VAL	198	86,769	36,607	-7,219	1,00	37,28	L21B C
NGUYÊN TỬ	7495	C	VAL	198	86,432	34,048	-4,434	1,00	41,58	L21B C
NGUYÊN TỬ	7496	O	VAL	198	87,563	33,563	-4,429	1,00	43,11	L21B O
NGUYÊN TỬ	7497	N	THR	199	85,411	33,488	-3,798	1,00	43,26	L21B N
NGUYÊN TỬ	7498	CA	THR	199	85,579	32,201	-3,133	1,00	45,16	L21B C
NGUYÊN TỬ	7499	CB	THR	199	84,428	31,889	-2,144	1,00	43,09	L21B C
NGUYÊN TỬ	7500	OG1	THR	199	84,438	32,838	-1,072	1,00	42,60	L21B O
NGUYÊN TỬ	7501	CG2	THR	199	84,586	30,490	-1,569	1,00	41,46	L21B C
NGUYÊN TỬ	7502	C	THR	199	85,602	31,108	-4,175	1,00	45,66	L21B C
NGUYÊN TỬ	7503	O	THR	199	84,915	31,190	-5,184	1,00	47,58	L21B O
NGUYÊN TỬ	7504	N	HIS	200	86,395	30,081	-3,921	1,00	47,28	L21B N
NGUYÊN TỬ	7505	CA	HIS	200	86,419	28,904	-4,770	1,00	49,91	L21B C
NGUYÊN TỬ	7506	CB	HIS	200	87,472	29,077	-5,864	1,00	47,40	L21B C
NGUYÊN TỬ	7507	CG	HIS	200	87,659	27,864	-6,713	1,00	44,66	L21B C
NGUYÊN TỬ	7508	CD2	HIS	200	86,973	27,417	-7,791	1,00	43,66	L21B C
NGUYÊN TỬ	7509	ND1	HIS	200	88,656	26,941	-6,479	1,00	43,35	L21B N
NGUYÊN TỬ	7510	CE1	HIS	200	88,573	25,978	-7,379	1,00	44,39	L21B C
NGUYÊN TỬ	7511	NE2	HIS	200	87,560	26,242	-8,186	1,00	43,71	L21B N
NGUYÊN TỬ	7512	C	HIS	200	86,768	27,716	-3,892	1,00	52,57	L21B C
NGUYÊN TỬ	7513	O	HIS	200	87,756	27,768	-3,170	1,00	52,42	L21B O
NGUYÊN TỬ	7514	N	GLU	201	85,961	26,658	-3,942	1,00	57,26	L21B N
NGUYÊN TỬ	7515	CA	GLU	201	86,200	25,483	-3,098	1,00	63,32	L21B C
NGUYÊN TỬ	7516	CB	GLU	201	87,180	24,515	-3,776	1,00	66,42	L21B C
NGUYÊN TỬ	7517	CG	GLU	201	86,891	24,244	-5,239	1,00	75,18	L21B C
NGUYÊN TỬ	7518	CD	GLU	201	85,769	23,242	-5,448	1,00	79,87	L21B C
NGUYÊN TỬ	7519	OE1	GLU	201	84,840	23,536	-6,242	1,00	82,95	L21B O
NGUYÊN TỬ	7520	OE2	GLU	201	85,820	22,163	-4,818	1,00	82,36	L21B O
NGUYÊN TỬ	7521	C	GLU	201	86,793	25,904	-1,755	1,00	64,56	L21B C
NGUYÊN TỬ	7522	O	GLU	201	87,925	25,538	-1,431	1,00	64,47	L21B O

NGUYÊN TỬ	7523	N	GLY	201	86,046	26,689	-0,988	1,00	66,07	L21B N
NGUYÊN TỬ	7524	CA	GLY	201	86,506	27,076	0,333	1,00	67,95	L21B C
NGUYÊN TỬ	7525	C	GLY	201	87,527	28,201	0,360	1,00	70,16	L21B C
NGUYÊN TỬ	7526	O	GLY	201	87,648	28,895	1,373	1,00	71,89	L21B O
NGUYÊN TỬ	7527	N	SER	203	88,249	28,394	-0,745	1,00	70,44	L21B N
NGUYÊN TỬ	7528	CA	SER	203	89,361	29,358	-0,812	1,00	69,03	L21B C
NGUYÊN TỬ	7529	CB	SER	203	90,540	28,731	-1,571	1,00	69,91	L21B C
NGUYÊN TỬ	7530	OG	SER	203	90,239	28,519	-2,948	1,00	70,63	L21B O
NGUYÊN TỬ	7531	C	SER	203	89,020	30,723	-1,450	1,00	66,90	L21B C
NGUYÊN TỬ	7532	O	SER	203	88,819	30,816	-2,661	1,00	66,99	L21B O
NGUYÊN TỬ	7533	N	THR	204	88,999	31,779	-0,636	1,00	64,21	L21B N
NGUYÊN TỬ	7534	CA	THR	204	88,670	33,136	-1,108	1,00	61,96	L21B C
NGUYÊN TỬ	7535	CB	THR	204	87,967	33,949	0,016	1,00	62,44	L21B C
NGUYÊN TỬ	7536	OG1	THR	204	86,801	33,248	0,457	1,00	61,41	L21B O
NGUYÊN TỬ	7537	CG2	THR	204	87,560	35,324	-0,484	1,00	63,92	L21B C
NGUYÊN TỬ	7538	C	THR	204	89,890	33,951	-1,604	1,00	59,78	L21B C
NGUYÊN TỬ	7539	O	THR	204	90,821	34,226	-0,847	1,00	57,60	L21B O
NGUYÊN TỬ	7540	N	VAL	205	89,874	34,348	-2,874	1,00	57,57	L21B N
NGUYÊN TỬ	7541	CA	VAL	205	90,932	35,201	-3,410	1,00	56,13	L21B C
NGUYÊN TỬ	7542	CB	VAL	205	91,390	34,727	-4,797	1,00	55,74	L21B C
NGUYÊN TỬ	7543	CG1	VAL	205	92,575	35,542	-5,245	1,00	55,66	L21B C
NGUYÊN TỬ	7544	CG2	VAL	205	91,724	33,264	-4,768	1,00	56,05	L21B C
NGUYÊN TỬ	7545	C	VAL	205	90,420	36,631	-3,555	1,00	55,70	L21B C
NGUYÊN TỬ	7546	O	VAL	205	89,401	36,867	-4,202	1,00	57,15	L21B O
NGUYÊN TỬ	7547	N	GLU	206	91,139	37,584	-2,973	1,00	53,18	L21B N
NGUYÊN TỬ	7548	CA	GLU	206	90,673	38,965	-2,912	1,00	50,02	L21B C
NGUYÊN TỬ	7549	CB	GLU	206	90,657	39,419	-1,459	1,00	50,29	L21B C
NGUYÊN TỬ	7550	CG	GLU	206	90,759	40,913	-1,272	1,00	51,53	L21B C
NGUYÊN TỬ	7551	CD	GLU	206	90,102	41,358	0,009	1,00	52,70	L21B C
NGUYÊN TỬ	7552	OE1	GLU	206	89,339	40,550	0,577	1,00	54,78	L21B O
NGUYÊN TỬ	7553	OE2	GLU	206	90,339	42,503	0,447	1,00	54,12	L21B O
NGUYÊN TỬ	7554	C	GLU	206	91,495	39,950	-3,743	1,00	48,36	L21B C
NGUYÊN TỬ	7555	O	GLU	206	92,713	39,824	-3,853	1,00	49,43	L21B O
NGUYÊN TỬ	7556	N	LYS	207	90,826	40,938	-4,325	1,00	46,01	L21B N
NGUYÊN TỬ	7557	CA	LYS	207	91,519	42,007	-5,033	1,00	43,18	L21B C
NGUYÊN TỬ	7558	CB	LYS	207	91,554	41,729	-6,529	1,00	40,80	L21B C
NGUYÊN TỬ	7559	CG	LYS	207	92,938	41,528	-7,081	1,00	37,52	L21B C
NGUYÊN TỬ	7560	CD	LYS	207	93,639	40,392	-6,382	1,00	39,09	L21B C
NGUYÊN TỬ	7561	CE	LYS	207	95,108	40,317	-6,775	1,00	39,83	L21B C
NGUYÊN TỬ	7562	NZ	LYS	207	95,307	40,319	-8,260	1,00	39,68	L21B N
NGUYÊN TỬ	7563	C	LYS	207	90,827	43,329	-4,782	1,00	43,89	L21B C
NGUYÊN TỬ	7564	O	LYS	207	89,633	43,372	-4,487	1,00	45,18	L21B O
NGUYÊN TỬ	7565	N	THR	208	91,584	44,411	-4,890	1,00	43,72	L21B N
NGUYÊN TỬ	7566	CA	THR	208	91,081	45,721	-4,527	1,00	43,45	L21B C
NGUYÊN TỬ	7567	CB	THR	208	91,437	46,051	-3,071	1,00	43,01	L21B C
NGUYÊN TỬ	7568	OG1	THR	208	90,722	45,168	-2,199	1,00	43,45	L21B O
NGUYÊN TỬ	7569	CG2	THR	208	91,091	47,494	-2,737	1,00	43,14	L21B C
NGUYÊN TỬ	7570	C	THR	208	91,655	46,795	-5,437	1,00	45,05	L21B C
NGUYÊN TỬ	7571	O	THR	208	92,786	46,690	-5,903	1,00	43,07	L21B O
NGUYÊN TỬ	7572	N	VAL	209	90,850	47,820	-5,696	1,00	47,06	L21B N
NGUYÊN TỬ	7573	CA	VAL	209	91,288	48,975	-6,448	1,00	49,42	L21B C
NGUYÊN TỬ	7574	CB	VAL	209	90,703	48,950	-7,853	1,00	50,14	L21B C
NGUYÊN TỬ	7575	CG1	VAL	209	91,166	47,695	-8,573	1,00	47,79	L21B C
NGUYÊN TỬ	7576	CG2	VAL	209	89,182	49,003	-7,779	1,00	51,93	L21B C
NGUYÊN TỬ	7577	C	VAL	209	90,794	50,208	-5,719	1,00	52,56	L21B C
NGUYÊN TỬ	7578	O	VAL	209	89,876	50,120	-4,906	1,00	51,78	L21B O
NGUYÊN TỬ	7579	N	ALA	210	91,411	51,354	-5,997	1,00	57,14	L21B N
NGUYÊN TỬ	7580	CA	ALA	210	91,030	52,611	-5,343	1,00	60,45	L21B C
NGUYÊN TỬ	7581	CB	ALA	210	92,036	52,962	-4,256	1,00	57,24	L21B C
NGUYÊN TỬ	7582	C	ALA	210	90,918	53,763	-6,331	1,00	64,66	L21B C
NGUYÊN TỬ	7583	O	ALA	210	91,609	53,801	-7,352	1,00	61,92	L21B O
NGUYÊN TỬ	7584	N	PRO	211	90,039	54,726	-6,033	1,00	70,80	L21B N
NGUYÊN TỬ	7585	CD	PRO	211	89,146	54,779	-4,868	1,00	73,04	L21B C
NGUYÊN TỬ	7586	CA	PRO	211	89,878	55,890	-6,898	1,00	76,06	L21B C
NGUYÊN TỬ	7587	CB	PRO	211	88,663	56,608	-6,316	1,00	75,09	L21B C
NGUYÊN TỬ	7588	CG	PRO	211	88,606	56,179	-4,918	1,00	75,55	L21B C
NGUYÊN TỬ	7589	C	PRO	211	91,139	56,737	-6,872	1,00	80,46	L21B C
NGUYÊN TỬ	7590	O	PRO	211	91,237	57,751	-7,560	1,00	79,95	L21B O
NGUYÊN TỬ	7591	N	THR	212	92,110	56,302	-6,078	1,00	85,46	L21B N
NGUYÊN TỬ	7592	CA	THR	212	93,399	56,973	-6,031	1,00	91,28	L21B C
NGUYÊN TỬ	7593	CB	THR	212	94,165	56,604	-4,734	1,00	93,31	L21B C
NGUYÊN TỬ	7594	OG1	THR	212	93,322	56,861	-3,602	1,00	94,30	L21B O
NGUYÊN TỬ	7595	CG2	THR	212	95,445	57,441	-4,596	1,00	94,22	L21B C
NGUYÊN TỬ	7596	C	THR	212	94,220	56,575	-7,260	1,00	92,75	L21B C
NGUYÊN TỬ	7597	O	THR	212	95,341	56,047	-7,083	1,00	96,55	L21B O
NGUYÊN TỬ	7598	OXT	THR	212	93,725	56,799	-8,390	1,00	95,26	L21B O

```
TER    7599      THR   212                                                L21B
NGUYÊN TỬ   7600  CB  GLU     1      55,064   6,583 -21,347  1,00 73,12       H21B C
NGUYÊN TỬ   7601  CG  GLU     1      55,535   7,444 -22,516  1,00 78,67       H21B C
NGUYÊN TỬ   7602  CD  GLU     1      56,988   7,870 -22,365  1,00 81,81       H21B C
NGUYÊN TỬ   7603  OE1 GLU     1      57,708   7,220 -21,575  1,00 83,96       H21B O
NGUYÊN TỬ   7604  OE2 GLU     1      57,407   8,852 -23,024  1,00 83,08       H21B O
NGUYÊN TỬ   7605  C   GLU     1      53,453   8,324 -20,546  1,00 66,92       H21B C
NGUYÊN TỬ   7606  O   GLU     1      53,014   9,132 -21,373  1,00 64,83       H21B O
NGUYÊN TỬ   7607  N   GLU     1      52,655   6,390 -21,940  1,00 69,73       H21B N
NGUYÊN TỬ   7608  CA  GLU     1      53,623   6,841 -20,892  1,00 69,78       H21B C
NGUYÊN TỬ   7609  N   VAL     2      53,807   8,669 -19,313  1,00 63,58       H21B N
NGUYÊN TỬ   7610  CA  VAL     2      53,524   9,995 -18,788  1,00 61,52       H21B C
NGUYÊN TỬ   7611  CB  VAL     2      53,746  10,065 -17,280  1,00 63,16       H21B C
NGUYÊN TỬ   7612  CG1 VAL     2      53,593  11,493 -16,815  1,00 63,16       H21B C
NGUYÊN TỬ   7613  CG2 VAL     2      52,763   9,151 -16,571  1,00 63,55       H21B C
NGUYÊN TỬ   7614  C   VAL     2      54,417  11,027 -19,429  1,00 59,20       H21B C
NGUYÊN TỬ   7615  O   VAL     2      55,621  10,999 -19,259  1,00 57,87       H21B O
NGUYÊN TỬ   7616  N   GLN     3      53,806  11,958 -20,142  1,00 58,46       H21B N
NGUYÊN TỬ   7617  CA  GLN     3      54,511  12,768 -21,111  1,00 57,91       H21B C
NGUYÊN TỬ   7618  CB  GLN     3      54,405  12,090 -22,477  1,00 59,52       H21B C
NGUYÊN TỬ   7619  CG  GLN     3      55,250  12,691 -23,581  1,00 64,49       H21B C
NGUYÊN TỬ   7620  CD  GLN     3      55,179  11,867 -24,857  1,00 66,57       H21B C
NGUYÊN TỬ   7621  OE1 GLN     3      55,033  12,406 -25,963  1,00 67,65       H21B O
NGUYÊN TỬ   7622  NE2 GLN     3      55,277  10,548 -24,709  1,00 66,83       H21B N
NGUYÊN TỬ   7623  C   GLN     3      53,894  14,164 -21,146  1,00 57,21       H21B C
NGUYÊN TỬ   7624  O   GLN     3      52,762  14,345 -21,599  1,00 57,22       H21B O
NGUYÊN TỬ   7625  N   LEU     4      54,644  15,147 -20,659  1,00 55,99       H21B N
NGUYÊN TỬ   7626  CA  LEU     4      54,177  16,523 -20,595  1,00 54,53       H21B C
NGUYÊN TỬ   7627  CB  LEU     4      54,485  17,099 -19,224  1,00 52,38       H21B C
NGUYÊN TỬ   7628  CG  LEU     4      53,635  16,536 -18,091  1,00 50,58       H21B C
NGUYÊN TỬ   7629  CD1 LEU     4      54,188  16,982 -16,749  1,00 49,08       H21B C
NGUYÊN TỬ   7630  CD2 LEU     4      52,213  17,010 -18,278  1,00 51,49       H21B C
NGUYÊN TỬ   7631  C   LEU     4      54,858  17,359 -21,661  1,00 55,60       H21B C
NGUYÊN TỬ   7632  O   LEU     4      56,076  17,299 -21,806  1,00 56,73       H21B O
NGUYÊN TỬ   7633  N   VAL     5      54,075  18,141 -22,401  1,00 56,76       H21B N
NGUYÊN TỬ   7634  CA  VAL     5      54,585  18,838 -23,582  1,00 59,30       H21B C
NGUYÊN TỬ   7635  CB  VAL     5      54,087  18,158 -24,883  1,00 57,84       H21B C
NGUYÊN TỬ   7636  CG1 VAL     5      54,545  18,953 -26,102  1,00 57,36       H21B C
NGUYÊN TỬ   7637  CG2 VAL     5      54,604  16,735 -24,959  1,00 54,25       H21B C
NGUYÊN TỬ   7638  C   VAL     5      54,212  20,323 -23,642  1,00 62,11       H21B C
NGUYÊN TỬ   7639  O   VAL     5      53,066  20,677 -23,925  1,00 60,98       H21B O
NGUYÊN TỬ   7640  N   GLN     6      55,193  21,189 -23,406  1,00 66,23       H21B N
NGUYÊN TỬ   7641  CA  GLN     6      54,936  22,619 -23,271  1,00 72,12       H21B C
NGUYÊN TỬ   7642  CB  GLN     6      55,978  23,242 -22,340  1,00 71,68       H21B C
NGUYÊN TỬ   7643  CG  GLN     6      56,117  22,517 -21,013  1,00 74,65       H21B C
NGUYÊN TỬ   7644  CD  GLN     6      57,118  23,171 -20,085  1,00 76,41       H21B C
NGUYÊN TỬ   7645  OE1 GLN     6      57,615  22,547 -19,148  1,00 76,12       H21B O
NGUYÊN TỬ   7646  NE2 GLN     6      57,419  24,434 -20,342  1,00 83,40       H21B N
NGUYÊN TỬ   7647  C   GLN     6      54,900  23,380 -24,600  1,00 75,46       H21B C
NGUYÊN TỬ   7648  O   GLN     6      55,484  22,953 -25,593  1,00 76,72       H21B O
NGUYÊN TỬ   7649  N   SER     7      54,205  24,514 -24,603  1,00 79,41       H21B N
NGUYÊN TỬ   7650  CA  SER     7      54,059  25,333 -25,795  1,00 81,97       H21B C
NGUYÊN TỬ   7651  CB  SER     7      53,273  26,603 -25,468  1,00 81,36       H21B C
NGUYÊN TỬ   7652  OG  SER     7      53,846  27,308 -24,380  1,00 76,16       H21B O
NGUYÊN TỬ   7653  C   SER     7      55,413  25,709 -26,365  1,00 85,28       H21B C
NGUYÊN TỬ   7654  O   SER     7      56,456  25,356 -25,817  1,00 86,88       H21B O
NGUYÊN TỬ   7655  N   GLY     8      55,390  26,435 -27,472  1,00 88,03       H21B N
NGUYÊN TỬ   7656  CA  GLY     8      56,628  26,845 -28,098  1,00 91,52       H21B C
NGUYÊN TỬ   7657  C   GLY     8      57,347  27,965 -27,373  1,00 93,23       H21B C
NGUYÊN TỬ   7658  O   GLY     8      56,899  28,455 -26,338  1,00 91,33       H21B O
NGUYÊN TỬ   7659  N   ALA     9      58,481  28,371 -27,925  1,00 97,66       H21B N
NGUYÊN TỬ   7660  CA  ALA     9      59,244  29,459 -27,350  1,00101,03       H21B C
NGUYÊN TỬ   7661  CB  ALA     9      60,687  29,377 -27,793  1,00105,95       H21B C
NGUYÊN TỬ   7662  C   ALA     9      58,633  30,774 -27,791  1,00101,99       H21B C
NGUYÊN TỬ   7663  O   ALA     9      58,185  30,914 -28,930  1,00101,78       H21B O
NGUYÊN TỬ   7664  N   GLU    10      58,612  31,734 -26,874  1,00101,94       H21B N
NGUYÊN TỬ   7665  CA  GLU    10      57,969  33,011 -27,124  1,00102,88       H21B C
NGUYÊN TỬ   7666  CB  GLU    10      56,567  33,016 -26,505  1,00106,55       H21B C
NGUYÊN TỬ   7667  CG  GLU    10      55,579  32,157 -27,275  1,00112,96       H21B C
NGUYÊN TỬ   7668  CD  GLU    10      54,401  31,728 -26,439  1,00116,32       H21B C
NGUYÊN TỬ   7669  OE1 GLU    10      54,359  32,110 -25,253  1,00119,31       H21B O
NGUYÊN TỬ   7670  OE2 GLU    10      53,522  31,011 -26,963  1,00119,07       H21B O
NGUYÊN TỬ   7671  C   GLU    10      58,779  34,190 -26,607  1,00100,78       H21B C
NGUYÊN TỬ   7672  O   GLU    10      59,532  34,061 -25,637  1,00 99,72       H21B O
NGUYÊN TỬ   7673  N   VAL    11      58,614  35,335 -27,274  1,00 97,98       H21B N
NGUYÊN TỬ   7674  CA  VAL    11      59,360  36,559 -26,964  1,00 94,70       H21B C
```

NGUYÊN TỬ	7675	CB	VAL	11	60,409	36,848	-28,061	1,00	94,26	H21B C
NGUYÊN TỬ	7676	CG1	VAL	11	61,190	38,097	-27,722	1,00	94,82	H21B C
NGUYÊN TỬ	7677	CG2	VAL	11	61,355	35,668	-28,192	1,00	93,77	H21B C
NGUYÊN TỬ	7678	C	VAL	11	58,456	37,797	-26,799	1,00	90,98	H21B C
NGUYÊN TỬ	7679	O	VAL	11	57,662	38,115	-27,678	1,00	90,99	H21B O
NGUYÊN TỬ	7680	N	LYS	12	58,596	38,492	-25,669	1,00	86,92	H21B N
NGUYÊN TỬ	7681	CA	LYS	12	57,657	39,540	-25,256	1,00	82,85	H21B C
NGUYÊN TỬ	7682	CB	LYS	12	56,660	38,978	-24,225	1,00	83,38	H21B C
NGUYÊN TỬ	7683	CG	LYS	12	55,735	37,868	-24,752	1,00	83,33	H21B C
NGUYÊN TỬ	7684	CD	LYS	12	54,466	38,433	-25,388	1,00	84,59	H21B C
NGUYÊN TỬ	7685	CE	LYS	12	53,732	37,413	-26,250	1,00	85,71	H21B C
NGUYÊN TỬ	7686	NZ	LYS	12	52,793	38,089	-27,202	1,00	88,33	H21B N
NGUYÊN TỬ	7687	C	LYS	12	58,358	40,772	-24,668	1,00	79,74	H21B C
NGUYÊN TỬ	7688	O	LYS	12	59,426	40,666	-24,070	1,00	79,34	H21B O
NGUYÊN TỬ	7689	N	LYS	13	57,744	41,939	-24,850	1,00	76,15	H21B N
NGUYÊN TỬ	7690	CA	LYS	13	58,303	43,198	-24,367	1,00	73,12	H21B C
NGUYÊN TỬ	7691	CB	LYS	13	57,899	44,356	-25,282	1,00	72,80	H21B C
NGUYÊN TỬ	7692	CG	LYS	13	58,547	44,332	-26,644	1,00	72,33	H21B C
NGUYÊN TỬ	7693	CD	LYS	13	58,100	45,521	-27,465	0,50	75,00	H21B C
NGUYÊN TỬ	7694	CE	LYS	13	58,853	45,603	-28,778	1,00	76,22	H21B C
NGUYÊN TỬ	7695	NZ	LYS	13	58,325	46,709	-29,614	1,00	79,14	H21B N
NGUYÊN TỬ	7696	C	LYS	13	57,778	43,466	-22,975	1,00	69,85	H21B C
NGUYÊN TỬ	7697	O	LYS	13	56,745	42,947	-22,589	1,00	70,18	H21B O
NGUYÊN TỬ	7698	N	PRO	14	58,480	44,295	-22,201	1,00	66,74	H21B N
NGUYÊN TỬ	7699	CD	PRO	14	59,782	44,935	-22,443	1,00	64,63	H21B C
NGUYÊN TỬ	7700	CA	PRO	14	57,962	44,600	-20,867	1,00	65,80	H21B C
NGUYÊN TỬ	7701	CB	PRO	14	58,893	45,707	-20,372	1,00	63,65	H21B C
NGUYÊN TỬ	7702	CG	PRO	14	60,177	45,416	-21,067	1,00	63,20	H21B C
NGUYÊN TỬ	7703	C	PRO	14	56,506	45,031	-20,935	1,00	64,83	H21B C
NGUYÊN TỬ	7704	O	PRO	14	56,044	45,494	-21,975	1,00	65,82	H21B O
NGUYÊN TỬ	7705	N	GLY	15	55,781	44,850	-19,836	1,00	63,25	H21B N
NGUYÊN TỬ	7706	CA	GLY	15	54,388	45,265	-19,789	1,00	60,95	H21B C
NGUYÊN TỬ	7707	C	GLY	15	53,404	44,306	-20,443	1,00	60,18	H21B C
NGUYÊN TỬ	7708	O	GLY	15	52,208	44,384	-20,176	1,00	60,15	H21B O
NGUYÊN TỬ	7709	N	ALA	16	53,892	43,402	-21,293	1,00	58,86	H21B N
NGUYÊN TỬ	7710	CA	ALA	16	53,016	42,476	-22,013	1,00	57,51	H21B C
NGUYÊN TỬ	7711	CB	ALA	16	53,634	42,097	-23,352	1,00	56,81	H21B C
NGUYÊN TỬ	7712	C	ALA	16	52,686	41,203	-21,234	1,00	56,45	H21B C
NGUYÊN TỬ	7713	O	ALA	16	52,973	41,096	-20,034	1,00	54,45	H21B O
NGUYÊN TỬ	7714	N	SER	17	52,079	40,246	-21,944	1,00	55,06	H21B N
NGUYÊN TỬ	7715	CA	SER	17	51,619	38,989	-21,355	1,00	54,13	H21B C
NGUYÊN TỬ	7716	CB	SER	17	50,116	39,050	-21,119	1,00	52,63	H21B C
NGUYÊN TỬ	7717	OG	SER	17	49,819	40,066	-20,184	1,00	52,89	H21B O
NGUYÊN TỬ	7718	C	SER	17	51,942	37,752	-22,186	1,00	54,17	H21B C
NGUYÊN TỬ	7719	O	SER	17	51,745	37,745	-23,401	1,00	54,06	H21B O
NGUYÊN TỬ	7720	N	VAL	18	52,440	36,709	-21,522	1,00	54,75	H21B N
NGUYÊN TỬ	7721	CA	VAL	18	52,538	35,380	-22,122	1,00	55,21	H21B C
NGUYÊN TỬ	7722	CB	VAL	18	53,959	34,781	-22,042	1,00	54,56	H21B C
NGUYÊN TỬ	7723	CG1	VAL	18	54,718	35,067	-23,313	1,00	55,71	H21B C
NGUYÊN TỬ	7724	CG2	VAL	18	54,693	35,337	-20,836	1,00	53,13	H21B C
NGUYÊN TỬ	7725	C	VAL	18	51,615	34,373	-21,477	1,00	54,61	H21B C
NGUYÊN TỬ	7726	O	VAL	18	51,310	34,455	-20,288	1,00	52,93	H21B O
NGUYÊN TỬ	7727	N	LYS	19	51,190	33,416	-22,292	1,00	55,58	H21B N
NGUYÊN TỬ	7728	CA	LYS	19	50,429	32,270	-21,834	1,00	56,30	H21B C
NGUYÊN TỬ	7729	CB	LYS	19	48,989	32,340	-22,368	1,00	57,21	H21B C
NGUYÊN TỬ	7730	CG	LYS	19	48,025	31,342	-21,704	1,00	59,70	H21B C
NGUYÊN TỬ	7731	CD	LYS	19	46,632	31,357	-22,314	1,00	64,05	H21B C
NGUYÊN TỬ	7732	CE	LYS	19	45,643	30,623	-21,438	1,00	67,96	H21B C
NGUYÊN TỬ	7733	NZ	LYS	19	44,243	30,905	-21,843	1,00	77,89	H21B N
NGUYÊN TỬ	7734	C	LYS	19	51,130	31,015	-22,354	1,00	55,43	H21B C
NGUYÊN TỬ	7735	O	LYS	19	51,354	30,885	-23,555	1,00	56,86	H21B O
NGUYÊN TỬ	7736	N	VAL	20	51,471	30,107	-21,439	1,00	53,48	H21B N
NGUYÊN TỬ	7737	CA	VAL	20	52,219	28,892	-21,745	1,00	51,91	H21B C
NGUYÊN TỬ	7738	CB	VAL	20	53,465	28,788	-20,822	1,00	52,28	H21B C
NGUYÊN TỬ	7739	CG1	VAL	20	54,133	27,415	-20,967	1,00	51,32	H21B C
NGUYÊN TỬ	7740	CG2	VAL	20	54,454	29,897	-21,164	1,00	49,80	H21B C
NGUYÊN TỬ	7741	C	VAL	20	51,361	27,633	-21,571	1,00	51,11	H21B C
NGUYÊN TỬ	7742	O	VAL	20	50,687	27,479	-20,554	1,00	50,92	H21B O
NGUYÊN TỬ	7743	N	SER	21	51,405	26,736	-22,557	1,00	49,84	H21B N
NGUYÊN TỬ	7744	CA	SER	21	50,636	25,490	-22,538	1,00	49,48	H21B C
NGUYÊN TỬ	7745	CB	SER	21	50,209	25,094	-23,954	1,00	47,62	H21B C
NGUYÊN TỬ	7746	OG	SER	21	49,534	26,136	-24,630	1,00	45,69	H21B O
NGUYÊN TỬ	7747	C	SER	21	51,426	24,323	-21,961	1,00	51,01	H21B C
NGUYÊN TỬ	7748	O	SER	21	52,644	24,292	-22,061	1,00	53,07	H21B O
NGUYÊN TỬ	7749	N	CYS	22	50,714	23,354	-21,388	1,00	52,61	H21B N
NGUYÊN TỬ	7750	CA	CYS	22	51,288	22,089	-20,914	1,00	53,01	H21B C

NGUYÊN TỬ	7751	C	CYS	22	50,295	20,978	-21,235	1,00	54,06	H21B C
NGUYÊN TỬ	7752	O	CYS	22	49,179	20,977	-20,726	1,00	53,18	H21B O
NGUYÊN TỬ	7753	CB	CYS	22	51,486	22,139	-19,402	1,00	52,59	H21B C
NGUYÊN TỬ	7754	SG	CYS	22	52,311	20,704	-18,625	1,00	50,07	H21B S
NGUYÊN TỬ	7755	N	LYS	23	50,689	20,031	-22,069	1,00	56,00	H21B N
NGUYÊN TỬ	7756	CA	LYS	23	49,755	19,003	-22,496	1,00	58,44	H21B C
NGUYÊN TỬ	7757	CB	LYS	23	49,727	18,903	-24,020	1,00	59,90	H21B C
NGUYÊN TỬ	7758	CG	LYS	23	48,465	19,442	-24,661	1,00	63,71	H21B C
NGUYÊN TỬ	7759	CD	LYS	23	47,553	18,301	-25,077	1,00	71,14	H21B C
NGUYÊN TỬ	7760	CE	LYS	23	48,115	17,544	-26,270	1,00	75,82	H21B C
NGUYÊN TỬ	7761	NZ	LYS	23	47,296	16,349	-26,613	1,00	81,04	H21B N
NGUYÊN TỬ	7762	C	LYS	23	50,155	17,674	-21,911	1,00	58,80	H21B C
NGUYÊN TỬ	7763	O	LYS	23	51,310	17,284	-22,004	1,00	59,77	H21B O
NGUYÊN TỬ	7764	N	ALA	24	49,194	16,979	-21,312	1,00	59,37	H21B N
NGUYÊN TỬ	7765	CA	ALA	24	49,479	15,720	-20,637	1,00	60,19	H21B C
NGUYÊN TỬ	7766	CB	ALA	24	48,990	15,780	-19,204	1,00	61,61	H21B C
NGUYÊN TỬ	7767	C	ALA	24	48,871	14,510	-21,342	1,00	60,44	H21B C
NGUYÊN TỬ	7768	O	ALA	24	47,842	14,600	-22,013	1,00	61,03	H21B O
NGUYÊN TỬ	7769	N	SER	25	49,523	13,370	-21,180	1,00	59,33	H21B N
NGUYÊN TỬ	7770	CA	SER	25	49,035	12,142	-21,759	1,00	57,93	H21B C
NGUYÊN TỬ	7771	CB	SER	25	49,605	11,971	-23,154	1,00	56,24	H21B C
NGUYÊN TỬ	7772	OG	SER	25	50,986	11,688	-23,076	1,00	52,37	H21B O
NGUYÊN TỬ	7773	C	SER	25	49,511	11,003	-20,879	1,00	59,09	H21B C
NGUYÊN TỬ	7774	O	SER	25	50,546	11,117	-20,221	1,00	60,76	H21B O
NGUYÊN TỬ	7775	N	GLY	26	48,754	9,910	-20,862	1,00	57,10	H21B N
NGUYÊN TỬ	7776	CA	GLY	26	49,281	8,663	-20,341	1,00	54,77	H21B C
NGUYÊN TỬ	7777	C	GLY	26	49,093	8,453	-18,853	1,00	52,65	H21B C
NGUYÊN TỬ	7778	O	GLY	26	49,749	7,593	-18,240	1,00	51,57	H21B O
NGUYÊN TỬ	7779	N	TYR	27	48,203	9,244	-18,264	1,00	50,72	H21B N
NGUYÊN TỬ	7780	CA	TYR	27	47,809	9,047	-16,883	1,00	49,62	H21B C
NGUYÊN TỬ	7781	CB	TYR	27	48,888	9,581	-15,934	1,00	48,68	H21B C
NGUYÊN TỬ	7782	CG	TYR	27	48,984	11,088	-15,900	1,00	48,27	H21B C
NGUYÊN TỬ	7783	CD1	TYR	27	49,651	11,789	-16,898	1,00	48,25	H21B C
NGUYÊN TỬ	7784	CE1	TYR	27	49,720	13,174	-16,875	1,00	47,93	H21B C
NGUYÊN TỬ	7785	CD2	TYR	27	48,392	11,813	-14,878	1,00	46,65	H21B C
NGUYÊN TỬ	7786	CE2	TYR	27	48,455	13,188	-14,852	1,00	46,51	H21B C
NGUYÊN TỬ	7787	CZ	TYR	27	49,118	13,863	-15,850	1,00	46,31	H21B C
NGUYÊN TỬ	7788	OH	TYR	27	49,157	15,232	-15,823	1,00	45,63	H21B O
NGUYÊN TỬ	7789	C	TYR	27	46,495	9,770	-16,661	1,00	49,46	H21B C
NGUYÊN TỬ	7790	O	TYR	27	46,059	10,543	-17,509	1,00	50,28	H21B O
NGUYÊN TỬ	7791	N	THR	28	45,865	9,495	-15,523	1,00	49,35	H21B N
NGUYÊN TỬ	7792	CA	THR	28	44,567	10,061	-15,186	1,00	47,73	H21B C
NGUYÊN TỬ	7793	CB	THR	28	43,865	9,233	-14,114	1,00	47,99	H21B C
NGUYÊN TỬ	7794	OG1	THR	28	43,650	7,904	-14,603	1,00	45,83	H21B O
NGUYÊN TỬ	7795	CG2	THR	28	42,531	9,866	-13,753	1,00	46,00	H21B C
NGUYÊN TỬ	7796	C	THR	28	44,731	11,456	-14,647	1,00	47,40	H21B C
NGUYÊN TỬ	7797	O	THR	28	45,152	11,646	-13,509	1,00	46,65	H21B O
NGUYÊN TỬ	7798	N	LEU	29	44,369	12,428	-15,470	1,00	48,24	H21B N
NGUYÊN TỬ	7799	CA	LEU	29	44,654	13,828	-15,203	1,00	48,79	H21B C
NGUYÊN TỬ	7800	CB	LEU	29	44,044	14,687	-16,310	1,00	51,03	H21B C
NGUYÊN TỬ	7801	CG	LEU	29	44,477	14,391	-17,750	1,00	51,75	H21B C
NGUYÊN TỬ	7802	CD1	LEU	29	43,533	15,076	-18,741	1,00	51,69	H21B C
NGUYÊN TỬ	7803	CD2	LEU	29	45,909	14,871	-17,940	1,00	54,49	H21B C
NGUYÊN TỬ	7804	C	LEU	29	44,112	14,280	-13,856	1,00	47,85	H21B C
NGUYÊN TỬ	7805	O	LEU	29	44,683	15,164	-13,214	1,00	46,44	H21B O
NGUYÊN TỬ	7806	N	THR	30	43,004	13,681	-13,435	1,00	48,64	H21B N
NGUYÊN TỬ	7807	CA	THR	30	42,347	14,122	-12,219	1,00	50,74	H21B C
NGUYÊN TỬ	7808	CB	THR	30	40,859	13,743	-12,211	1,00	49,03	H21B C
NGUYÊN TỬ	7809	OG1	THR	30	40,722	12,334	-12,389	1,00	50,94	H21B O
NGUYÊN TỬ	7810	CG2	THR	30	40,133	14,451	-13,317	1,00	47,98	H21B C
NGUYÊN TỬ	7811	C	THR	30	43,046	13,519	-11,027	1,00	50,98	H21B C
NGUYÊN TỬ	7812	O	THR	30	42,609	13,668	-9,889	1,00	50,89	H21B O
NGUYÊN TỬ	7813	N	SER	31	44,160	12,854	-11,305	1,00	53,19	H21B N
NGUYÊN TỬ	7814	CA	SER	31	44,955	12,233	-10,263	1,00	55,07	H21B C
NGUYÊN TỬ	7815	CB	SER	31	45,561	10,934	-10,764	1,00	56,35	H21B C
NGUYÊN TỬ	7816	OG	SER	31	44,999	9,858	-10,045	1,00	56,82	H21B O
NGUYÊN TỬ	7817	C	SER	31	46,063	13,126	-9,751	1,00	55,17	H21B C
NGUYÊN TỬ	7818	O	SER	31	46,625	12,875	-8,692	1,00	53,88	H21B O
NGUYÊN TỬ	7819	N	TYR	32	46,375	14,179	-10,493	1,00	55,54	H21B N
NGUYÊN TỬ	7820	CA	TYR	32	47,539	14,940	-10,144	1,00	55,48	H21B C
NGUYÊN TỬ	7821	CB	TYR	32	48,660	14,586	-11,095	1,00	60,47	H21B C
NGUYÊN TỬ	7822	CG	TYR	32	49,372	13,363	-10,654	1,00	64,82	H21B C
NGUYÊN TỬ	7823	CD1	TYR	32	49,287	12,192	-11,386	1,00	67,41	H21B C
NGUYÊN TỬ	7824	CE1	TYR	32	49,872	11,059	-10,943	1,00	69,47	H21B C
NGUYÊN TỬ	7825	CD2	TYR	32	50,075	13,358	-9,465	1,00	66,41	H21B C
NGUYÊN TỬ	7826	CE2	TYR	32	50,664	12,236	-9,020	1,00	68,99	H21B C

NGUYÊN TỬ	7827	CZ	TYR	32	50,561	11,082	-9,761	1,00	70,12	H21B C
NGUYÊN TỬ	7828	OH	TYR	32	51,172	9,941	-9,328	1,00	72,42	H21B O
NGUYÊN TỬ	7829	C	TYR	32	47,440	16,435	-10,011	1,00	53,36	H21B C
NGUYÊN TỬ	7830	O	TYR	32	47,609	16,964	-8,907	1,00	53,86	H21B O
NGUYÊN TỬ	7831	N	GLY	33	47,201	17,123	-11,123	1,00	50,34	H21B N
NGUYÊN TỬ	7832	CA	GLY	33	47,374	18,580	-11,157	1,00	46,78	H21B C
NGUYÊN TỬ	7833	C	GLY	33	48,767	19,025	-11,621	1,00	44,17	H21B C
NGUYÊN TỬ	7834	O	GLY	33	49,703	18,211	-11,676	1,00	45,33	H21B O
NGUYÊN TỬ	7835	N	ILE	34	48,933	20,307	-11,936	1,00	38,23	H21B N
NGUYÊN TỬ	7836	CA	ILE	34	50,162	20,762	-12,580	1,00	34,77	H21B C
NGUYÊN TỬ	7837	CB	ILE	34	49,857	21,401	-13,943	1,00	32,05	H21B C
NGUYÊN TỬ	7838	CG2	ILE	34	51,147	21,870	-14,562	1,00	33,10	H21B C
NGUYÊN TỬ	7839	CG1	ILE	34	49,265	20,307	-14,838	1,00	32,22	H21B C
NGUYÊN TỬ	7840	CD1	ILE	34	50,188	19,133	-15,056	1,00	32,13	H21B C
NGUYÊN TỬ	7841	C	ILE	34	50,946	21,742	-11,623	1,00	32,84	H21B C
NGUYÊN TỬ	7842	O	ILE	34	50,397	22,732	-11,165	1,00	32,86	H21B O
NGUYÊN TỬ	7843	N	SER	35	52,205	21,486	-11,280	1,00	30,04	H21B N
NGUYÊN TỬ	7844	CA	SER	35	53,030	22,582	-10,782	1,00	28,79	H21B C
NGUYÊN TỬ	7845	CB	SER	35	54,135	22,083	-9,875	1,00	30,88	H21B C
NGUYÊN TỬ	7846	OG	SER	35	53,665	21,644	-8,608	1,00	33,45	H21B O
NGUYÊN TỬ	7847	C	SER	35	53,660	23,332	-11,940	1,00	29,43	H21B C
NGUYÊN TỬ	7848	O	SER	35	53,982	22,785	-12,991	1,00	27,88	H21B O
NGUYÊN TỬ	7849	N	TRP	36	53,810	24,630	-11,739	1,00	32,51	H21B N
NGUYÊN TỬ	7850	CA	TRP	36	54,652	25,453	-12,620	1,00	33,33	H21B C
NGUYÊN TỬ	7851	CB	TRP	36	53,929	26,727	-13,099	1,00	30,43	H21B C
NGUYÊN TỬ	7852	CG	TRP	36	52,810	26,363	-13,964	1,00	27,81	H21B C
NGUYÊN TỬ	7853	CD2	TRP	36	52,851	26,161	-15,378	1,00	25,61	H21B C
NGUYÊN TỬ	7854	CE2	TRP	36	51,585	25,696	-15,765	1,00	25,73	H21B C
NGUYÊN TỬ	7855	CE3	TRP	36	53,836	26,334	-16,346	1,00	24,81	H21B C
NGUYÊN TỬ	7856	CD1	TRP	36	51,565	26,032	-13,563	1,00	25,80	H21B C
NGUYÊN TỬ	7857	NE1	TRP	36	50,817	25,625	-14,636	1,00	25,45	H21B N
NGUYÊN TỬ	7858	CZ2	TRP	36	51,277	25,391	-17,077	1,00	26,10	H21B C
NGUYÊN TỬ	7859	CZ3	TRP	36	53,543	26,040	-17,636	1,00	28,16	H21B C
NGUYÊN TỬ	7860	CH2	TRP	36	52,266	25,572	-18,002	1,00	31,41	H21B C
NGUYÊN TỬ	7861	C	TRP	36	55,935	25,862	-11,890	1,00	34,86	H21B C
NGUYÊN TỬ	7862	O	TRP	36	55,868	26,388	-10,769	1,00	34,06	H21B O
NGUYÊN TỬ	7863	N	VAL	37	57,085	25,579	-12,510	1,00	35,54	H21B N
NGUYÊN TỬ	7864	CA	VAL	37	58,381	26,082	-12,061	1,00	39,02	H21B C
NGUYÊN TỬ	7865	CB	VAL	37	59,361	24,915	-11,867	1,00	39,94	H21B C
NGUYÊN TỬ	7866	CG1	VAL	37	60,629	25,398	-11,198	1,00	40,01	H21B C
NGUYÊN TỬ	7867	CG2	VAL	37	58,711	23,828	-11,077	1,00	41,21	H21B C
NGUYÊN TỬ	7868	C	VAL	37	58,958	27,033	-13,111	1,00	40,36	H21B C
NGUYÊN TỬ	7869	O	VAL	37	58,892	26,747	-14,306	1,00	38,98	H21B O
NGUYÊN TỬ	7870	N	ARG	38	59,511	28,164	-12,674	1,00	42,91	H21B N
NGUYÊN TỬ	7871	CA	ARG	38	60,403	28,931	-13,548	1,00	43,59	H21B C
NGUYÊN TỬ	7872	CB	ARG	38	59,987	30,401	-13,614	1,00	43,48	H21B C
NGUYÊN TỬ	7873	CG	ARG	38	59,939	31,085	-12,277	1,00	47,20	H21B C
NGUYÊN TỬ	7874	CD	ARG	38	60,930	32,217	-12,199	1,00	51,45	H21B C
NGUYÊN TỬ	7875	NE	ARG	38	60,691	33,069	-11,037	1,00	57,33	H21B N
NGUYÊN TỬ	7876	CZ	ARG	38	60,035	34,226	-11,083	1,00	60,44	H21B C
NGUYÊN TỬ	7877	NH1	ARG	38	59,550	34,676	-12,236	1,00	61,49	H21B N
NGUYÊN TỬ	7878	NH2	ARG	38	59,861	34,932	-9,974	1,00	62,75	H21B N
NGUYÊN TỬ	7879	C	ARG	38	61,835	28,832	-13,061	1,00	43,70	H21B C
NGUYÊN TỬ	7880	O	ARG	38	62,080	28,633	-11,868	1,00	42,17	H21B O
NGUYÊN TỬ	7881	N	GLN	39	62,773	28,960	-14,001	1,00	44,87	H21B N
NGUYÊN TỬ	7882	CA	GLN	39	64,213	29,023	-13,709	1,00	45,12	H21B C
NGUYÊN TỬ	7883	CB	GLN	39	64,818	27,653	-13,955	1,00	41,61	H21B C
NGUYÊN TỬ	7884	CG	GLN	39	66,312	27,567	-13,851	1,00	38,69	H21B C
NGUYÊN TỬ	7885	CD	GLN	39	66,784	26,155	-14,143	1,00	38,75	H21B C
NGUYÊN TỬ	7886	OE1	GLN	39	66,623	25,651	-15,267	1,00	38,09	H21B O
NGUYÊN TỬ	7887	NE2	GLN	39	67,349	25,496	-13,131	1,00	34,80	H21B N
NGUYÊN TỬ	7888	C	GLN	39	64,898	30,069	-14,607	1,00	46,70	H21B C
NGUYÊN TỬ	7889	O	GLN	39	65,002	29,872	-15,813	1,00	48,11	H21B O
NGUYÊN TỬ	7890	N	ALA	40	65,354	31,178	-14,032	1,00	48,34	H21B N
NGUYÊN TỬ	7891	CA	ALA	40	66,033	32,219	-14,821	1,00	50,36	H21B C
NGUYÊN TỬ	7892	CB	ALA	40	66,068	33,524	-14,048	1,00	48,17	H21B C
NGUYÊN TỬ	7893	C	ALA	40	67,449	31,802	-15,175	1,00	51,42	H21B C
NGUYÊN TỬ	7894	O	ALA	40	68,057	31,015	-14,469	1,00	51,99	H21B O
NGUYÊN TỬ	7895	N	PRO	41	68,008	32,353	-16,260	1,00	53,51	H21B N
NGUYÊN TỬ	7896	CD	PRO	41	67,494	33,481	-17,055	1,00	53,56	H21B C
NGUYÊN TỬ	7897	CA	PRO	41	69,325	31,898	-16,732	1,00	54,44	H21B C
NGUYÊN TỬ	7898	CB	PRO	41	69,695	32,911	-17,811	1,00	53,16	H21B C
NGUYÊN TỬ	7899	CG	PRO	41	68,385	33,467	-18,267	1,00	54,68	H21B C
NGUYÊN TỬ	7900	C	PRO	41	70,356	31,864	-15,607	1,00	54,76	H21B C
NGUYÊN TỬ	7901	O	PRO	41	70,466	32,808	-14,833	1,00	54,35	H21B O
NGUYÊN TỬ	7902	N	GLY	42	71,092	30,761	-15,517	1,00	54,62	H21B N

NGUYÊN TỬ	7903	CA	GLY	42	72,067	30,602	-14,458	1,00	55,36	H21B C
NGUYÊN TỬ	7904	C	GLY	42	71,510	30,605	-13,039	1,00	57,03	H21B C
NGUYÊN TỬ	7905	O	GLY	42	72,285	30,695	-12,087	1,00	57,54	H21B O
NGUYÊN TỬ	7906	N	GLN	43	70,190	30,499	-12,882	1,00	57,38	H21B N
NGUYÊN TỬ	7907	CA	GLN	43	69,556	30,603	-11,564	1,00	57,89	H21B C
NGUYÊN TỬ	7908	CB	GLN	43	68,480	31,688	-11,585	1,00	62,24	H21B C
NGUYÊN TỬ	7909	CG	GLN	43	69,024	33,096	-11,723	1,00	70,32	H21B C
NGUYÊN TỬ	7910	CD	GLN	43	69,786	33,529	-10,490	1,00	74,85	H21B C
NGUYÊN TỬ	7911	OE1	GLN	43	71,014	33,621	-10,506	1,00	78,51	H21B O
NGUYÊN TỬ	7912	NE2	GLN	43	69,059	33,790	-9,404	1,00	79,48	H21B N
NGUYÊN TỬ	7913	C	GLN	43	68,935	29,301	-11,058	1,00	55,77	H21B C
NGUYÊN TỬ	7914	O	GLN	43	68,991	28,269	-11,725	1,00	54,47	H21B O
NGUYÊN TỬ	7915	N	GLY	44	68,333	29,358	-9,873	1,00	53,17	H21B N
NGUYÊN TỬ	7916	CA	GLY	44	67,761	28,153	-9,291	1,00	51,51	H21B C
NGUYÊN TỬ	7917	C	GLY	44	66,307	27,935	-9,655	1,00	49,20	H21B C
NGUYÊN TỬ	7918	O	GLY	44	65,633	28,875	-10,067	1,00	50,15	H21B O
NGUYÊN TỬ	7919	N	LEU	45	65,812	26,709	-9,512	1,00	46,56	H21B N
NGUYÊN TỬ	7920	CA	LEU	45	64,408	26,437	-9,803	1,00	45,04	H21B C
NGUYÊN TỬ	7921	CB	LEU	45	64,111	24,944	-9,692	1,00	41,43	H21B C
NGUYÊN TỬ	7922	CG	LEU	45	64,932	23,987	-10,558	1,00	40,15	H21B C
NGUYÊN TỬ	7923	CD1	LEU	45	64,566	22,569	-10,200	1,00	37,42	H21B C
NGUYÊN TỬ	7924	CD2	LEU	45	64,680	24,240	-12,030	1,00	39,47	H21B C
NGUYÊN TỬ	7925	C	LEU	45	63,515	27,195	-8,819	1,00	45,66	H21B C
NGUYÊN TỬ	7926	O	LEU	45	63,787	27,230	-7,621	1,00	44,89	H21B O
NGUYÊN TỬ	7927	N	GLU	46	62,452	27,808	-9,332	1,00	45,83	H21B N
NGUYÊN TỬ	7928	CA	GLU	46	61,463	28,445	-8,482	1,00	45,79	H21B C
NGUYÊN TỬ	7929	CB	GLU	46	61,532	29,950	-8,679	1,00	47,33	H21B C
NGUYÊN TỬ	7930	CG	GLU	46	61,516	30,727	-7,380	1,00	52,65	H21B C
NGUYÊN TỬ	7931	CD	GLU	46	62,013	32,152	-7,546	1,00	56,81	H21B C
NGUYÊN TỬ	7932	OE1	GLU	46	61,922	32,929	-6,566	1,00	59,52	H21B O
NGUYÊN TỬ	7933	OE2	GLU	46	62,496	32,492	-8,654	1,00	58,17	H21B O
NGUYÊN TỬ	7934	C	GLU	46	60,043	27,937	-8,760	1,00	45,68	H21B C
NGUYÊN TỬ	7935	O	GLU	46	59,580	27,906	-9,909	1,00	44,98	H21B O
NGUYÊN TỬ	7936	N	TRP	47	59,344	27,539	-7,705	1,00	44,68	H21B N
NGUYÊN TỬ	7937	CA	TRP	47	57,964	27,103	-7,860	1,00	43,70	H21B C
NGUYÊN TỬ	7938	CB	TRP	47	57,612	26,090	-6,780	1,00	46,89	H21B C
NGUYÊN TỬ	7939	CG	TRP	47	56,206	25,542	-6,845	1,00	50,28	H21B C
NGUYÊN TỬ	7940	CD2	TRP	47	55,053	26,055	-6,164	1,00	51,83	H21B C
NGUYÊN TỬ	7941	CE2	TRP	47	53,994	25,161	-6,407	1,00	51,66	H21B C
NGUYÊN TỬ	7942	CE3	TRP	47	54,818	27,181	-5,367	1,00	53,50	H21B C
NGUYÊN TỬ	7943	CD1	TRP	47	55,800	24,395	-7,470	1,00	47,94	H21B C
NGUYÊN TỬ	7944	NE1	TRP	47	54,475	24,159	-7,207	1,00	50,10	H21B N
NGUYÊN TỬ	7945	CZ2	TRP	47	52,721	25,358	-5,882	1,00	53,80	H21B C
NGUYÊN TỬ	7946	CZ3	TRP	47	53,556	27,375	-4,849	1,00	54,46	H21B C
NGUYÊN TỬ	7947	CH2	TRP	47	52,524	26,469	-5,105	1,00	54,87	H21B C
NGUYÊN TỬ	7948	C	TRP	47	57,025	28,294	-7,776	1,00	41,76	H21B C
NGUYÊN TỬ	7949	O	TRP	47	57,174	29,156	-6,914	1,00	40,43	H21B O
NGUYÊN TỬ	7950	N	MET	48	56,054	28,319	-8,683	1,00	40,99	H21B N
NGUYÊN TỬ	7951	CA	MET	48	55,148	29,449	-8,853	1,00	39,09	H21B C
NGUYÊN TỬ	7952	CB	MET	48	55,137	29,903	-10,300	1,00	39,03	H21B C
NGUYÊN TỬ	7953	CG	MET	48	56,506	30,115	-10,893	1,00	43,44	H21B C
NGUYÊN TỬ	7954	SD	MET	48	56,347	30,353	-12,653	1,00	43,36	H21B S
NGUYÊN TỬ	7955	CE	MET	48	56,015	32,072	-12,708	1,00	46,47	H21B C
NGUYÊN TỬ	7956	C	MET	48	53,735	29,074	-8,480	1,00	38,15	H21B C
NGUYÊN TỬ	7957	O	MET	48	52,944	29,929	-8,102	1,00	38,64	H21B O
NGUYÊN TỬ	7958	N	GLY	49	53,401	27,799	-8,620	1,00	37,00	H21B N
NGUYÊN TỬ	7959	CA	GLY	49	52,054	27,391	-8,300	1,00	35,84	H21B C
NGUYÊN TỬ	7960	C	GLY	49	51,577	26,060	-8,833	1,00	35,29	H21B C
NGUYÊN TỬ	7961	O	GLY	49	52,330	25,301	-9,442	1,00	33,34	H21B O
NGUYÊN TỬ	7962	N	TRP	50	50,300	25,788	-8,584	1,00	35,95	H21B N
NGUYÊN TỬ	7963	CA	TRP	50	49,687	24,522	-8,948	1,00	38,80	H21B C
NGUYÊN TỬ	7964	CB	TRP	50	49,799	23,571	-7,736	1,00	40,20	H21B C
NGUYÊN TỬ	7965	CG	TRP	50	49,008	22,290	-7,818	1,00	27,92	H21B C
NGUYÊN TỬ	7966	CD2	TRP	50	47,607	22,144	-7,581	1,00	30,40	H21B C
NGUYÊN TỬ	7967	CE2	TRP	50	47,296	20,770	-7,682	1,00	33,19	H21B C
NGUYÊN TỬ	7968	CE3	TRP	50	46,572	23,046	-7,278	1,00	30,96	H21B C
NGUYÊN TỬ	7969	CD1	TRP	50	49,491	21,028	-8,057	1,00	29,31	H21B C
NGUYÊN TỬ	7970	NE1	TRP	50	48,471	20,108	-7,977	1,00	32,07	H21B N
NGUYÊN TỬ	7971	CZ2	TRP	50	46,003	20,271	-7,493	1,00	31,29	H21B C
NGUYÊN TỬ	7972	CZ3	TRP	50	45,290	22,553	-7,086	1,00	33,31	H21B C
NGUYÊN TỬ	7973	CH2	TRP	50	45,015	21,178	-7,192	1,00	32,81	H21B C
NGUYÊN TỬ	7974	C	TRP	50	48,221	24,759	-9,387	1,00	41,34	H21B C
NGUYÊN TỬ	7975	O	TRP	50	47,544	25,645	-8,864	1,00	40,95	H21B O
NGUYÊN TỬ	7976	N	VAL	51	47,766	23,996	-10,382	1,00	43,51	H21B N
NGUYÊN TỬ	7977	CA	VAL	51	46,375	24,028	-10,841	1,00	44,71	H21B C
NGUYÊN TỬ	7978	CB	VAL	51	46,245	24,400	-12,333	1,00	44,92	H21B C

NGUYÊN TỬ	7979	CG1	VAL	51	45,148	25,428	-12,516	1,00	41,58	H21B C
NGUYÊN TỬ	7980	CG2	VAL	51	47,561	24,873	-12,877	1,00	42,14	H21B C
NGUYÊN TỬ	7981	C	VAL	51	45,813	22,622	-10,730	1,00	46,39	H21B C
NGUYÊN TỬ	7982	O	VAL	51	46,561	21,650	-10,773	1,00	47,07	H21B O
NGUYÊN TỬ	7983	N	SER	52	44,491	22,520	-10,621	1,00	46,89	H21B N
NGUYÊN TỬ	7984	CA	SER	52	43,800	21,235	-10,530	1,00	47,12	H21B C
NGUYÊN TỬ	7985	CB	SER	52	42,812	21,250	-9,373	1,00	46,23	H21B C
NGUYÊN TỬ	7986	OG	SER	52	42,020	20,080	-9,375	1,00	43,24	H21B O
NGUYÊN TỬ	7987	C	SER	52	43,046	20,895	-11,802	1,00	48,99	H21B C
NGUYÊN TỬ	7988	O	SER	52	42,243	21,684	-12,297	1,00	47,79	H21B O
NGUYÊN TỬ	7989	N	PHE	53	43,297	19,708	-12,329	1,00	51,06	H21B N
NGUYÊN TỬ	7990	CA	PHE	53	42,536	19,241	-13,468	1,00	51,62	H21B C
NGUYÊN TỬ	7991	CB	PHE	53	43,238	18,050	-14,110	1,00	49,15	H21B C
NGUYÊN TỬ	7992	CG	PHE	53	43,992	18,401	-15,352	1,00	47,00	H21B C
NGUYÊN TỬ	7993	CD1	PHE	53	45,359	18,196	-15,433	1,00	45,85	H21B C
NGUYÊN TỬ	7994	CD2	PHE	53	43,330	18,930	-16,444	1,00	45,21	H21B C
NGUYÊN TỬ	7995	CE1	PHE	53	46,046	18,511	-16,582	1,00	44,88	H21B C
NGUYÊN TỬ	7996	CE2	PHE	53	44,015	19,250	-17,599	1,00	44,11	H21B C
NGUYÊN TỬ	7997	CZ	PHE	53	45,372	19,038	-17,668	1,00	43,18	H21B C
NGUYÊN TỬ	7998	C	PHE	53	41,158	18,839	-12,986	1,00	52,99	H21B C
NGUYÊN TỬ	7999	O	PHE	53	40,161	19,146	-13,620	1,00	51,55	H21B O
NGUYÊN TỬ	8000	N	TYR	54	41,119	18,160	-11,848	1,00	55,64	H21B N
NGUYÊN TỬ	8001	CA	TYR	54	39,872	17,785	-11,202	1,00	58,44	H21B C
NGUYÊN TỬ	8002	CB	TYR	54	40,162	17,329	-9,777	1,00	54,87	H21B C
NGUYÊN TỬ	8003	CG	TYR	54	38,949	16,897	-9,001	1,00	51,36	H21B C
NGUYÊN TỬ	8004	CD1	TYR	54	38,655	17,477	-7,774	1,00	48,87	H21B C
NGUYÊN TỬ	8005	CE1	TYR	54	37,555	17,104	-7,058	1,00	49,07	H21B C
NGUYÊN TỬ	8006	CD2	TYR	54	38,096	15,917	-9,494	1,00	47,97	H21B C
NGUYÊN TỬ	8007	CE2	TYR	54	36,990	15,535	-8,786	1,00	47,93	H21B C
NGUYÊN TỬ	8008	CZ	TYR	54	36,720	16,132	-7,563	1,00	49,35	H21B C
NGUYÊN TỬ	8009	OH	TYR	54	35,618	15,755	-6,836	1,00	48,60	H21B O
NGUYÊN TỬ	8010	C	TYR	54	38,835	18,912	-11,192	1,00	62,29	H21B C
NGUYÊN TỬ	8011	O	TYR	54	37,946	18,949	-12,039	1,00	63,00	H21B O
NGUYÊN TỬ	8012	N	ASN	55	38,923	19,827	-10,236	1,00	67,02	H21B N
NGUYÊN TỬ	8013	CA	ASN	55	38,057	20,994	-10,293	1,00	71,09	H21B C
NGUYÊN TỬ	8014	CB	ASN	55	37,730	21,518	-8,894	1,00	68,84	H21B C
NGUYÊN TỬ	8015	CG	ASN	55	38,841	21,307	-7,921	1,00	67,93	H21B C
NGUYÊN TỬ	8016	OD1	ASN	55	38,616	20,876	-6,797	1,00	67,67	H21B O
NGUYÊN TỬ	8017	ND2	ASN	55	40,054	21,613	-8,338	1,00	69,63	H21B N
NGUYÊN TỬ	8018	C	ASN	55	38,717	22,079	-11,118	1,00	74,37	H21B C
NGUYÊN TỬ	8019	O	ASN	55	38,675	22,051	-12,347	1,00	75,61	H21B O
NGUYÊN TỬ	8020	N	GLY	56	39,336	23,034	-10,449	1,00	76,48	H21B N
NGUYÊN TỬ	8021	CA	GLY	56	40,142	23,993	-11,163	1,00	78,11	H21B C
NGUYÊN TỬ	8022	C	GLY	56	40,842	24,836	-10,142	1,00	80,92	H21B C
NGUYÊN TỬ	8023	O	GLY	56	41,260	25,945	-10,426	1,00	81,59	H21B O
NGUYÊN TỬ	8024	N	ASN	57	40,959	24,307	-8,935	1,00	83,69	H21B N
NGUYÊN TỬ	8025	CA	ASN	57	41,543	25,062	-7,846	1,00	84,39	H21B C
NGUYÊN TỬ	8026	CB	ASN	57	41,483	24,249	-6,559	1,00	88,07	H21B C
NGUYÊN TỬ	8027	CG	ASN	57	40,069	23,968	-6,121	1,00	90,83	H21B C
NGUYÊN TỬ	8028	OD1	ASN	57	39,142	24,677	-6,501	1,00	92,97	H21B O
NGUYÊN TỬ	8029	ND2	ASN	57	39,892	22,927	-5,319	1,00	92,57	H21B N
NGUYÊN TỬ	8030	C	ASN	57	42,978	25,426	-8,172	1,00	81,95	H21B C
NGUYÊN TỬ	8031	O	ASN	57	43,665	24,701	-8,883	1,00	82,38	H21B O
NGUYÊN TỬ	8032	N	THR	58	43,422	26,566	-7,663	1,00	77,98	H21B N
NGUYÊN TỬ	8033	CA	THR	58	44,770	27,034	-7,924	1,00	74,72	H21B C
NGUYÊN TỬ	8034	CB	THR	58	44,751	28,353	-8,715	1,00	76,41	H21B C
NGUYÊN TỬ	8035	OG1	THR	58	43,878	29,282	-8,070	1,00	77,32	H21B O
NGUYÊN TỬ	8036	CG2	THR	58	44,265	28,121	-10,131	1,00	77,44	H21B C
NGUYÊN TỬ	8037	C	THR	58	45,492	27,240	-6,609	1,00	71,58	H21B C
NGUYÊN TỬ	8038	O	THR	58	44,864	27,368	-5,569	1,00	70,30	H21B O
NGUYÊN TỬ	8039	N	ASN	59	46,817	27,242	-6,649	1,00	69,82	H21B N
NGUYÊN TỬ	8040	CA	ASN	59	47,611	27,653	-5,500	1,00	68,25	H21B C
NGUYÊN TỬ	8041	CB	ASN	59	48,109	26,428	-4,740	1,00	65,64	H21B C
NGUYÊN TỬ	8042	CG	ASN	59	48,845	26,787	-3,473	1,00	64,96	H21B C
NGUYÊN TỬ	8043	OD1	ASN	59	48,733	27,899	-2,966	1,00	65,43	H21B O
NGUYÊN TỬ	8044	ND2	ASN	59	49,609	25,840	-2,953	1,00	65,84	H21B N
NGUYÊN TỬ	8045	C	ASN	59	48,780	28,460	-6,034	1,00	68,81	H21B C
NGUYÊN TỬ	8046	O	ASN	59	49,547	27,972	-6,851	1,00	68,36	H21B O
NGUYÊN TỬ	8047	N	TYR	60	48,899	29,704	-5,588	1,00	70,01	H21B N
NGUYÊN TỬ	8048	CA	TYR	60	49,915	30,607	-6,115	1,00	70,19	H21B C
NGUYÊN TỬ	8049	CB	TYR	60	49,286	31,940	-6,547	1,00	64,48	H21B C
NGUYÊN TỬ	8050	CG	TYR	60	48,377	31,831	-7,747	1,00	56,84	H21B C
NGUYÊN TỬ	8051	CD1	TYR	60	48,894	31,719	-9,029	1,00	54,39	H21B C
NGUYÊN TỬ	8052	CE1	TYR	60	48,061	31,542	-10,120	1,00	49,77	H21B C
NGUYÊN TỬ	8053	CD2	TYR	60	47,005	31,776	-7,594	1,00	52,06	H21B C
NGUYÊN TỬ	8054	CE2	TYR	60	46,176	31,602	-8,672	1,00	47,45	H21B C

NGUYÊN TỬ	8055	CZ	TYR	60	46,706	31,481	-9,930	1,00	47,20	H21B C
NGUYÊN TỬ	8056	OH	TYR	60	45,873	31,262	-10,999	1,00	45,04	H21B O
NGUYÊN TỬ	8057	C	TYR	60	51,011	30,876	-5,101	1,00	73,82	H21B C
NGUYÊN TỬ	8058	O	TYR	60	50,773	30,873	-3,899	1,00	74,53	H21B O
NGUYÊN TỬ	8059	N	ALA	61	52,216	31,105	-5,608	1,00	79,37	H21B N
NGUYÊN TỬ	8060	CA	ALA	61	53,339	31,530	-4,791	1,00	86,15	H21B C
NGUYÊN TỬ	8061	CB	ALA	61	54,629	31,211	-5,508	1,00	79,56	H21B C
NGUYÊN TỬ	8062	C	ALA	61	53,236	33,031	-4,518	1,00	93,30	H21B C
NGUYÊN TỬ	8063	O	ALA	61	52,501	33,743	-5,194	1,00	94,02	H21B O
NGUYÊN TỬ	8064	N	GLN	62	53,972	33,509	-3,523	1,00	102,91	H21B N
NGUYÊN TỬ	8065	CA	GLN	62	53,978	34,930	-3,199	1,00	111,50	H21B C
NGUYÊN TỬ	8066	CB	GLN	62	55,022	35,221	-2,123	1,00	113,10	H21B C
NGUYÊN TỬ	8067	CG	GLN	62	54,598	36,265	-1,105	1,00	114,99	H21B C
NGUYÊN TỬ	8068	CD	GLN	62	53,632	35,705	-0,080	1,00	115,65	H21B C
NGUYÊN TỬ	8069	OE1	GLN	62	53,671	36,073	1,096	1,00	115,70	H21B O
NGUYÊN TỬ	8070	NE2	GLN	62	52,756	34,805	-0,521	1,00	116,17	H21B N
NGUYÊN TỬ	8071	C	GLN	62	54,282	35,778	-4,426	1,00	115,83	H21B C
NGUYÊN TỬ	8072	O	GLN	62	53,402	36,445	-4,953	1,00	118,69	H21B O
NGUYÊN TỬ	8073	N	LYS	63	55,532	35,745	-4,877	1,00	120,29	H21B N
NGUYÊN TỬ	8074	CA	LYS	63	55,975	36,610	-5,965	1,00	123,83	H21B C
NGUYÊN TỬ	8075	CB	LYS	63	57,238	36,042	-6,623	1,00	126,62	H21B C
NGUYÊN TỬ	8076	CG	LYS	63	58,518	36,271	-5,828	1,00	129,64	H21B C
NGUYÊN TỬ	8077	CD	LYS	63	59,760	36,088	-6,696	1,00	132,38	H21B C
NGUYÊN TỬ	8078	CE	LYS	63	61,026	36,494	-5,951	1,00	134,60	H21B C
NGUYÊN TỬ	8079	NZ	LYS	63	62,235	36,420	-6,816	1,00	135,68	H21B N
NGUYÊN TỬ	8080	C	LYS	63	54,892	36,781	-7,018	1,00	125,33	H21B C
NGUYÊN TỬ	8081	O	LYS	63	54,362	37,876	-7,210	1,00	125,28	H21B O
NGUYÊN TỬ	8082	N	LEU	64	54,558	35,691	-7,695	1,00	127,68	H21B N
NGUYÊN TỬ	8083	CA	LEU	64	53,576	35,745	-8,764	1,00	130,37	H21B C
NGUYÊN TỬ	8084	CB	LEU	64	53,597	34,444	-9,568	1,00	132,98	H21B C
NGUYÊN TỬ	8085	CG	LEU	64	54,806	34,276	-10,494	1,00	136,29	H21B C
NGUYÊN TỬ	8086	CD1	LEU	64	54,818	35,403	-11,518	1,00	138,41	H21B C
NGUYÊN TỬ	8087	CD2	LEU	64	56,100	34,275	-9,685	1,00	138,56	H21B C
NGUYÊN TỬ	8088	C	LEU	64	52,187	35,983	-8,198	1,00	130,44	H21B C
NGUYÊN TỬ	8089	O	LEU	64	51,278	35,176	-8,400	1,00	130,29	H21B O
NGUYÊN TỬ	8090	N	GLN	65	52,027	37,100	-7,489	1,00	129,19	H21B N
NGUYÊN TỬ	8091	CA	GLN	65	50,749	37,424	-6,870	1,00	127,17	H21B C
NGUYÊN TỬ	8092	CB	GLN	65	50,948	37,952	-5,451	1,00	131,48	H21B C
NGUYÊN TỬ	8093	CG	GLN	65	49,744	37,693	-4,556	1,00	137,16	H21B C
NGUYÊN TỬ	8094	CD	GLN	65	49,179	36,287	-4,742	1,00	140,29	H21B C
NGUYÊN TỬ	8095	OE1	GLN	65	47,964	36,082	-4,713	1,00	142,41	H21B O
NGUYÊN TỬ	8096	NE2	GLN	65	50,064	35,313	-4,936	1,00	142,71	H21B N
NGUYÊN TỬ	8097	C	GLN	65	49,958	38,437	-7,676	1,00	121,86	H21B C
NGUYÊN TỬ	8098	O	GLN	65	50,422	39,546	-7,930	1,00	123,39	H21B O
NGUYÊN TỬ	8099	N	GLY	66	48,750	38,041	-8,059	1,00	114,88	H21B N
NGUYÊN TỬ	8100	CA	GLY	66	47,966	38,820	-8,993	1,00	104,98	H21B C
NGUYÊN TỬ	8101	C	GLY	66	48,484	38,624	-10,400	1,00	96,86	H21B C
NGUYÊN TỬ	8102	O	GLY	66	47,711	38,410	-11,334	1,00	97,14	H21B O
NGUYÊN TỬ	8103	N	ARG	67	49,806	38,681	-10,538	1,00	88,00	H21B N
NGUYÊN TỬ	8104	CA	ARG	67	50,467	38,666	-11,838	1,00	78,28	H21B C
NGUYÊN TỬ	8105	CB	ARG	67	51,980	38,806	-11,662	1,00	79,16	H21B C
NGUYÊN TỬ	8106	CG	ARG	67	52,424	40,093	-11,021	1,00	78,42	H21B C
NGUYÊN TỬ	8107	CD	ARG	67	53,594	40,703	-11,775	1,00	76,25	H21B C
NGUYÊN TỬ	8108	NE	ARG	67	54,808	39,901	-11,670	1,00	70,42	H21B N
NGUYÊN TỬ	8109	CZ	ARG	67	55,549	39,532	-12,711	1,00	67,25	H21B C
NGUYÊN TỬ	8110	NH1	ARG	67	55,197	39,891	-13,941	1,00	63,82	H21B N
NGUYÊN TỬ	8111	NH2	ARG	67	56,643	38,804	-12,522	1,00	62,44	H21B N
NGUYÊN TỬ	8112	C	ARG	67	50,183	37,376	-12,587	1,00	72,34	H21B C
NGUYÊN TỬ	8113	O	ARG	67	50,251	37,328	-13,818	1,00	67,98	H21B O
NGUYÊN TỬ	8114	N	GLY	68	49,879	36,327	-11,831	1,00	67,36	H21B N
NGUYÊN TỬ	8115	CA	GLY	68	49,791	35,003	-12,411	1,00	61,33	H21B C
NGUYÊN TỬ	8116	C	GLY	68	48,384	34,459	-12,429	1,00	57,15	H21B C
NGUYÊN TỬ	8117	O	GLY	68	47,615	34,658	-11,487	1,00	54,96	H21B O
NGUYÊN TỬ	8118	N	THR	69	48,058	33,773	-13,519	1,00	52,86	H21B N
NGUYÊN TỬ	8119	CA	THR	69	46,802	33,040	-13,640	1,00	49,43	H21B C
NGUYÊN TỬ	8120	CB	THR	69	45,755	33,817	-14,466	1,00	47,25	H21B C
NGUYÊN TỬ	8121	OG1	THR	69	45,372	35,009	-13,771	1,00	46,17	H21B O
NGUYÊN TỬ	8122	CG2	THR	69	44,536	32,955	-14,699	1,00	43,40	H21B C
NGUYÊN TỬ	8123	C	THR	69	47,002	31,698	-14,325	1,00	46,56	H21B C
NGUYÊN TỬ	8124	O	THR	69	47,148	31,639	-15,539	1,00	46,53	H21B O
NGUYÊN TỬ	8125	N	MET	70	46,997	30,618	-13,558	1,00	44,10	H21B N
NGUYÊN TỬ	8126	CA	MET	70	46,975	29,311	-14,185	1,00	42,39	H21B C
NGUYÊN TỬ	8127	CB	MET	70	47,990	28,360	-13,551	1,00	41,28	H21B C
NGUYÊN TỬ	8128	CG	MET	70	48,171	28,515	-12,084	1,00	40,21	H21B C
NGUYÊN TỬ	8129	SD	MET	70	49,850	28,066	-11,687	1,00	39,87	H21B S
NGUYÊN TỬ	8130	CE	MET	70	49,867	28,560	-10,019	1,00	44,15	H21B C

NGUYÊN TỬ	8131	C	MET	70	45,613	28,668	-14,181	1,00	40,27	H21B C
NGUYÊN TỬ	8132	O	MET	70	44,851	28,780	-13,230	1,00	40,48	H21B O
NGUYÊN TỬ	8133	N	THR	71	45,329	27,981	-15,273	1,00	40,53	H21B N
NGUYÊN TỬ	8134	CA	THR	71	44,026	27,413	-15,512	1,00	41,99	H21B C
NGUYÊN TỬ	8135	CB	THR	71	43,219	28,301	-16,470	1,00	41,68	H21B C
NGUYÊN TỬ	8136	OG1	THR	71	43,930	28,448	-17,710	1,00	40,43	H21B O
NGUYÊN TỬ	8137	CG2	THR	71	42,978	29,653	-15,841	1,00	39,62	H21B C
NGUYÊN TỬ	8138	C	THR	71	44,154	26,021	-16,112	1,00	43,75	H21B C
NGUYÊN TỬ	8139	O	THR	71	45,248	25,511	-16,296	1,00	41,50	H21B O
NGUYÊN TỬ	8140	N	THR	72	43,015	25,422	-16,422	1,00	48,73	H21B N
NGUYÊN TỬ	8141	CA	THR	72	42,960	24,041	-16,873	1,00	53,25	H21B C
NGUYÊN TỬ	8142	CB	THR	72	42,802	23,107	-15,652	1,00	52,17	H21B C
NGUYÊN TỬ	8143	OG1	THR	72	44,095	22,675	-15,216	1,00	53,13	H21B O
NGUYÊN TỬ	8144	CG2	THR	72	41,942	21,918	-15,981	1,00	53,23	H21B C
NGUYÊN TỬ	8145	C	THR	72	41,803	23,831	-17,865	1,00	55,94	H21B C
NGUYÊN TỬ	8146	O	THR	72	40,699	24,344	-17,663	1,00	56,70	H21B O
NGUYÊN TỬ	8147	N	ASP	73	42,083	23,113	-18,954	1,00	57,69	H21B N
NGUYÊN TỬ	8148	CA	ASP	73	41,046	22,553	-19,811	1,00	58,33	H21B C
NGUYÊN TỬ	8149	CB	ASP	73	41,142	23,100	-21,238	1,00	61,28	H21B C
NGUYÊN TỬ	8150	CG	ASP	73	40,250	22,338	-22,218	1,00	63,71	H21B C
NGUYÊN TỬ	8151	OD1	ASP	73	40,367	22,558	-23,442	1,00	64,93	H21B O
NGUYÊN TỬ	8152	OD2	ASP	73	39,429	21,513	-21,768	1,00	64,36	H21B O
NGUYÊN TỬ	8153	C	ASP	73	41,216	21,048	-19,849	1,00	57,27	H21B C
NGUYÊN TỬ	8154	O	ASP	73	42,090	20,523	-20,529	1,00	58,48	H21B O
NGUYÊN TỬ	8155	N	PRO	74	40,375	20,327	-19,110	1,00	56,40	H21B N
NGUYÊN TỬ	8156	CD	PRO	74	39,411	20,780	-18,097	1,00	55,90	H21B C
NGUYÊN TỬ	8157	CA	PRO	74	40,518	18,875	-19,105	1,00	56,74	H21B C
NGUYÊN TỬ	8158	CB	PRO	74	39,543	18,424	-18,015	1,00	55,19	H21B C
NGUYÊN TỬ	8159	CG	PRO	74	39,364	19,611	-17,157	1,00	53,64	H21B C
NGUYÊN TỬ	8160	C	PRO	74	40,207	18,253	-20,460	1,00	56,88	H21B C
NGUYÊN TỬ	8161	O	PRO	74	40,761	17,220	-20,816	1,00	57,34	H21B O
NGUYÊN TỬ	8162	N	SER	75	39,320	18,874	-21,221	1,00	57,92	H21B N
NGUYÊN TỬ	8163	CA	SER	75	38,854	18,220	-22,428	1,00	58,36	H21B C
NGUYÊN TỬ	8164	CB	SER	75	37,682	18,978	-23,039	1,00	57,07	H21B C
NGUYÊN TỬ	8165	OG	SER	75	38,122	20,173	-23,637	1,00	57,34	H21B O
NGUYÊN TỬ	8166	C	SER	75	39,989	18,122	-23,426	1,00	58,17	H21B C
NGUYÊN TỬ	8167	O	SER	75	40,015	17,212	-24,251	1,00	60,52	H21B O
NGUYÊN TỬ	8168	N	THR	76	40,934	19,055	-23,342	1,00	56,65	H21B N
NGUYÊN TỬ	8169	CA	THR	76	42,126	19,003	-24,184	1,00	54,54	H21B C
NGUYÊN TỬ	8170	CB	THR	76	42,418	20,352	-24,850	1,00	55,46	H21B C
NGUYÊN TỬ	8171	OG1	THR	76	42,689	21,336	-23,846	1,00	57,17	H21B O
NGUYÊN TỬ	8172	CG2	THR	76	41,239	20,791	-25,679	1,00	55,89	H21B C
NGUYÊN TỬ	8173	C	THR	76	43,378	18,586	-23,419	1,00	52,21	H21B C
NGUYÊN TỬ	8174	O	THR	76	44,479	18,660	-23,955	1,00	51,31	H21B O
NGUYÊN TỬ	8175	N	SER	77	43,205	18,150	-22,175	1,00	50,10	H21B N
NGUYÊN TỬ	8176	CA	SER	77	44,314	17,651	-21,369	1,00	48,00	H21B C
NGUYÊN TỬ	8177	CB	SER	77	44,801	16,302	-21,905	1,00	48,42	H21B C
NGUYÊN TỬ	8178	OG	SER	77	44,105	15,938	-23,088	1,00	50,53	H21B O
NGUYÊN TỬ	8179	C	SER	77	45,451	18,660	-21,383	1,00	46,50	H21B C
NGUYÊN TỬ	8180	O	SER	77	46,607	18,312	-21,612	1,00	45,85	H21B O
NGUYÊN TỬ	8181	N	THR	78	45,100	19,916	-21,128	1,00	44,26	H21B N
NGUYÊN TỬ	8182	CA	THR	78	46,027	21,026	-21,253	1,00	42,27	H21B C
NGUYÊN TỬ	8183	CB	THR	78	45,777	21,774	-22,577	1,00	43,01	H21B C
NGUYÊN TỬ	8184	OG1	THR	78	46,092	20,906	-23,666	1,00	42,58	H21B O
NGUYÊN TỬ	8185	CG2	THR	78	46,641	23,019	-22,676	1,00	41,56	H21B C
NGUYÊN TỬ	8186	C	THR	78	45,909	22,007	-20,084	1,00	41,93	H21B C
NGUYÊN TỬ	8187	O	THR	78	44,816	22,455	-19,739	1,00	41,80	H21B O
NGUYÊN TỬ	8188	N	ALA	79	47,046	22,336	-19,477	1,00	41,30	H21B N
NGUYÊN TỬ	8189	CA	ALA	79	47,082	23,328	-18,415	1,00	43,41	H21B C
NGUYÊN TỬ	8190	CB	ALA	79	47,823	22,778	-17,197	1,00	39,93	H21B C
NGUYÊN TỬ	8191	C	ALA	79	47,791	24,559	-18,944	1,00	46,13	H21B C
NGUYÊN TỬ	8192	O	ALA	79	48,574	24,466	-19,899	1,00	46,64	H21B O
NGUYÊN TỬ	8193	N	TYR	80	47,521	25,711	-18,337	1,00	47,82	H21B N
NGUYÊN TỬ	8194	CA	TYR	80	48,086	26,950	-18,843	1,00	50,58	H21B C
NGUYÊN TỬ	8195	CB	TYR	80	47,013	27,771	-19,561	1,00	51,23	H21B C
NGUYÊN TỬ	8196	CG	TYR	80	46,386	27,079	-20,743	1,00	51,15	H21B C
NGUYÊN TỬ	8197	CD1	TYR	80	45,311	26,214	-20,572	1,00	51,00	H21B C
NGUYÊN TỬ	8198	CE1	TYR	80	44,719	25,589	-21,650	1,00	52,73	H21B C
NGUYÊN TỬ	8199	CD2	TYR	80	46,856	27,303	-22,034	1,00	51,74	H21B C
NGUYÊN TỬ	8200	CE2	TYR	80	46,268	26,687	-23,126	1,00	53,17	H21B C
NGUYÊN TỬ	8201	CZ	TYR	80	45,200	25,828	-22,928	1,00	55,28	H21B C
NGUYÊN TỬ	8202	OH	TYR	80	44,619	25,186	-24,006	1,00	58,32	H21B O
NGUYÊN TỬ	8203	C	TYR	80	48,731	27,812	-17,772	1,00	51,42	H21B C
NGUYÊN TỬ	8204	O	TYR	80	48,313	27,831	-16,614	1,00	50,53	H21B O
NGUYÊN TỬ	8205	N	MET	81	49,755	28,537	-18,186	1,00	53,11	H21B N
NGUYÊN TỬ	8206	CA	MET	81	50,388	29,514	-17,331	1,00	56,14	H21B C

NGUYÊN TỬ	8207	CB	MET	81	51,833	29,080	-17,073	1,00	57,65	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8208	CG	MET	81	52,753	30,176	-16,565	1,00	58,66	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8209	SD	MET	81	52,254	30,897	-14,991	1,00	57,87	H21B	S
NGUYÊN TỬ	8210	CE	MET	81	53,575	32,092	-14,801	1,00	54,87	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8211	C	MET	81	50,336	30,872	-18,029	1,00	58,01	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8212	O	MET	81	51,015	31,089	-19,033	1,00	56,65	H21B	O
NGUYÊN TỬ	8213	N	GLU	82	49,514	31,781	-17,514	1,00	61,28	H21B	N
NGUYÊN TỬ	8214	CA	GLU	82	49,511	33,149	-18,018	1,00	65,13	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8215	CB	GLU	82	48,100	33,623	-18,342	1,00	68,11	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8216	CG	GLU	82	48,049	35,126	-18,580	1,00	75,01	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8217	CD	GLU	82	46,699	35,614	-19,041	1,00	78,54	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8218	OE1	GLU	82	46,537	36,847	-19,191	1,00	80,65	H21B	O
NGUYÊN TỬ	8219	OE2	GLU	82	45,802	34,770	-19,253	1,00	85,32	H21B	O
NGUYÊN TỬ	8220	C	GLU	82	50,126	34,125	-17,035	1,00	65,78	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8221	O	GLU	82	49,752	34,156	-15,866	1,00	64,06	H21B	O
NGUYÊN TỬ	8222	N	LEU	83	51,063	34,928	-17,532	1,00	68,70	H21B	N
NGUYÊN TỬ	8223	CA	LEU	83	51,749	35,920	-16,718	1,00	72,23	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8224	CB	LEU	83	53,227	35,574	-16,610	1,00	69,70	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8225	CG	LEU	83	53,852	35,648	-15,223	1,00	67,44	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8226	CD1	LEU	83	55,336	35,825	-15,388	1,00	66,44	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8227	CD2	LEU	83	53,273	36,788	-14,430	1,00	65,57	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8228	C	LEU	83	51,601	37,309	-17,330	1,00	75,95	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8229	O	LEU	83	51,904	37,512	-18,504	1,00	75,65	H21B	O
NGUYÊN TỬ	8230	N	ARG	84	51,147	38,261	-16,520	1,00	80,89	H21B	N
NGUYÊN TỬ	8231	CA	ARG	84	50,822	39,601	-16,992	1,00	84,83	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8232	CB	ARG	84	49,499	40,064	-16,380	1,00	90,56	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8233	CG	ARG	84	48,344	39,114	-16,614	1,00	100,33	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8234	CD	ARG	84	47,315	39,202	-15,499	1,00	109,68	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8235	NE	ARG	84	46,461	38,020	-15,475	1,00	120,80	H21B	N
NGUYÊN TỬ	8236	CZ	ARG	84	45,558	37,737	-16,408	1,00	127,57	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8237	NH1	ARG	84	44,822	36,638	-16,309	1,00	132,02	H21B	N
NGUYÊN TỬ	8238	NH2	ARG	84	45,389	38,556	-17,439	1,00	132,38	H21B	N
NGUYÊN TỬ	8239	C	ARG	84	51,914	40,585	-16,612	1,00	83,70	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8240	O	ARG	84	52,734	40,303	-15,739	1,00	84,67	H21B	O
NGUYÊN TỬ	8241	N	SER	85	51,916	41,741	-17,272	1,00	81,90	H21B	N
NGUYÊN TỬ	8242	CA	SER	85	52,799	42,840	-16,896	1,00	79,14	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8243	CB	SER	85	52,363	43,449	-15,557	1,00	78,89	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8244	OG	SER	85	51,028	43,919	-15,602	1,00	75,63	H21B	O
NGUYÊN TỬ	8245	C	SER	85	54,221	42,330	-16,772	1,00	77,66	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8246	O	SER	85	54,863	42,496	-15,733	1,00	77,42	H21B	O
NGUYÊN TỬ	8247	N	LEU	86	54,704	41,701	-17,838	1,00	75,99	H21B	N
NGUYÊN TỬ	8248	CA	LEU	86	56,022	41,085	-17,836	1,00	74,39	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8249	CB	LEU	86	56,258	40,346	-19,157	1,00	71,64	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8250	CG	LEU	86	55,451	39,062	-19,373	1,00	69,27	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8251	CD1	LEU	86	55,543	38,610	-20,823	1,00	67,28	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8252	CD2	LEU	86	55,969	37,989	-18,435	1,00	67,92	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8253	C	LEU	86	57,126	42,111	-17,616	1,00	74,83	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8254	O	LEU	86	57,262	43,060	-18,378	1,00	73,84	H21B	O
NGUYÊN TỬ	8255	N	ARG	87	57,898	41,916	-16,554	1,00	76,20	H21B	N
NGUYÊN TỬ	8256	CA	ARG	87	59,179	42,585	-16,402	1,00	77,36	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8257	CB	ARG	87	59,621	42,614	-14,939	1,00	78,84	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8258	CG	ARG	87	58,580	43,085	-13,960	1,00	81,26	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8259	CD	ARG	87	59,149	43,110	-12,555	1,00	83,79	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8260	NE	ARG	87	58,087	43,040	-11,560	1,00	86,95	H21B	N
NGUYÊN TỬ	8261	CZ	ARG	87	57,869	41,994	-10,775	1,00	89,17	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8262	NH1	ARG	87	56,870	42,022	-9,901	1,00	90,14	H21B	N
NGUYÊN TỬ	8263	NH2	ARG	87	58,655	40,925	-10,858	1,00	90,65	H21B	N
NGUYÊN TỬ	8264	C	ARG	87	60,208	41,797	-17,182	1,00	77,52	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8265	O	ARG	87	59,898	40,774	-17,787	1,00	78,03	H21B	O
NGUYÊN TỬ	8266	N	SER	88	61,442	42,278	-17,143	1,00	77,89	H21B	N
NGUYÊN TỬ	8267	CA	SER	88	62,579	41,526	-17,647	1,00	76,92	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8268	CB	SER	88	63,693	42,497	-18,027	1,00	76,95	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8269	OG	SER	88	63,875	43,471	-17,016	1,00	76,63	H21B	O
NGUYÊN TỬ	8270	C	SER	88	63,076	40,519	-16,600	1,00	76,23	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8271	O	SER	88	63,913	39,673	-16,902	1,00	75,13	H21B	O
NGUYÊN TỬ	8272	N	ASP	89	62,549	40,617	-15,377	1,00	76,04	H21B	N
NGUYÊN TỬ	8273	CA	ASP	89	62,825	39,646	-14,307	1,00	74,28	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8274	CB	ASP	89	62,387	40,196	-12,941	1,00	78,49	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8275	CG	ASP	89	62,941	41,586	-12,649	1,00	82,47	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8276	OD1	ASP	89	62,171	42,451	-12,167	1,00	84,19	H21B	O
NGUYÊN TỬ	8277	OD2	ASP	89	64,143	41,816	-12,890	1,00	84,83	H21B	O
NGUYÊN TỬ	8278	C	ASP	89	62,073	38,334	-14,552	1,00	70,50	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8279	O	ASP	89	62,232	37,372	-13,807	1,00	69,35	H21B	O
NGUYÊN TỬ	8280	N	ASP	90	61,240	38,321	-15,589	1,00	66,65	H21B	N
NGUYÊN TỬ	8281	CA	ASP	90	60,393	37,176	-15,916	1,00	61,73	H21B	C
NGUYÊN TỬ	8282	CB	ASP	90	59,011	37,644	-16,368	1,00	61,77	H21B	C

NGUYÊN TỬ	8283	CG	ASP	90	58,318	38,488	-15,329	1,00	61,61	H21B C
NGUYÊN TỬ	8284	OD1	ASP	90	58,704	38,408	-14,145	1,00	62,01	H21B O
NGUYÊN TỬ	8285	OD2	ASP	90	57,385	39,235	-15,696	1,00	62,33	H21B O
NGUYÊN TỬ	8286	C	ASP	90	61,026	36,382	-17,033	1,00	57,28	H21B C
NGUYÊN TỬ	8287	O	ASP	90	60,504	35,356	-17,451	1,00	57,29	H21B O
NGUYÊN TỬ	8288	N	THR	91	62,145	36,873	-17,533	1,00	53,21	H21B N
NGUYÊN TỬ	8289	CA	THR	91	62,907	36,114	-18,499	1,00	50,91	H21B C
NGUYÊN TỬ	8290	CB	THR	91	64,019	36,957	-19,130	1,00	51,25	H21B C
NGUYÊN TỬ	8291	OG1	THR	91	63,440	37,861	-20,079	1,00	52,40	H21B O
NGUYÊN TỬ	8292	CG2	THR	91	65,025	36,065	-19,834	1,00	49,86	H21B C
NGUYÊN TỬ	8293	C	THR	91	63,526	34,900	-17,832	1,00	47,55	H21B C
NGUYÊN TỬ	8294	O	THR	91	64,316	35,024	-16,892	1,00	46,34	H21B O
NGUYÊN TỬ	8295	N	ALA	92	63,156	33,726	-18,334	1,00	43,20	H21B N
NGUYÊN TỬ	8296	CA	ALA	92	63,539	32,482	-17,700	1,00	40,41	H21B C
NGUYÊN TỬ	8297	CB	ALA	92	63,041	32,459	-16,267	1,00	40,90	H21B C
NGUYÊN TỬ	8298	C	ALA	92	62,990	31,292	-18,456	1,00	37,21	H21B C
NGUYÊN TỬ	8299	O	ALA	92	62,242	31,430	-19,415	1,00	38,12	H21B O
NGUYÊN TỬ	8300	N	VAL	93	63,380	30,109	-18,027	1,00	34,64	H21B N
NGUYÊN TỬ	8301	CA	VAL	93	62,733	28,919	-18,513	1,00	32,99	H21B C
NGUYÊN TỬ	8302	CB	VAL	93	63,750	27,793	-18,666	1,00	30,83	H21B C
NGUYÊN TỬ	8303	CG1	VAL	93	63,044	26,455	-18,927	1,00	26,30	H21B C
NGUYÊN TỬ	8304	CG2	VAL	93	64,672	28,142	-19,822	1,00	25,24	H21B C
NGUYÊN TỬ	8305	C	VAL	93	61,595	28,521	-17,574	1,00	31,86	H21B C
NGUYÊN TỬ	8306	O	VAL	93	61,729	28,533	-16,348	1,00	29,01	H21B O
NGUYÊN TỬ	8307	N	TYR	94	60,458	28,214	-18,180	1,00	32,50	H21B N
NGUYÊN TỬ	8308	CA	TYR	94	59,251	27,901	-17,441	1,00	34,02	H21B C
NGUYÊN TỬ	8309	CB	TYR	94	58,111	28,813	-17,900	1,00	31,77	H21B C
NGUYÊN TỬ	8310	CG	TYR	94	58,243	30,236	-17,393	1,00	30,96	H21B C
NGUYÊN TỬ	8311	CD1	TYR	94	57,570	30,650	-16,240	1,00	29,84	H21B C
NGUYÊN TỬ	8312	CE1	TYR	94	57,696	31,944	-15,754	1,00	27,78	H21B C
NGUYÊN TỬ	8313	CD2	TYR	94	59,047	31,164	-18,049	1,00	28,53	H21B C
NGUYÊN TỬ	8314	CE2	TYR	94	59,179	32,472	-17,564	1,00	28,29	H21B C
NGUYÊN TỬ	8315	CZ	TYR	94	58,503	32,852	-16,412	1,00	28,76	H21B C
NGUYÊN TỬ	8316	OH	TYR	94	58,659	34,126	-15,884	1,00	29,65	H21B O
NGUYÊN TỬ	8317	C	TYR	94	58,907	26,443	-17,681	1,00	33,72	H21B C
NGUYÊN TỬ	8318	O	TYR	94	58,750	26,005	-18,821	1,00	34,33	H21B O
NGUYÊN TỬ	8319	N	TYR	95	58,824	25,694	-16,591	1,00	35,12	H21B N
NGUYÊN TỬ	8320	CA	TYR	95	58,441	24,289	-16,634	1,00	35,54	H21B C
NGUYÊN TỬ	8321	CB	TYR	95	59,442	23,437	-15,862	1,00	37,61	H21B C
NGUYÊN TỬ	8322	CG	TYR	95	60,852	23,484	-16,396	1,00	39,36	H21B C
NGUYÊN TỬ	8323	CD1	TYR	95	61,187	22,835	-17,578	1,00	40,65	H21B C
NGUYÊN TỬ	8324	CE1	TYR	95	62,476	22,841	-18,055	1,00	40,50	H21B C
NGUYÊN TỬ	8325	CD2	TYR	95	61,856	24,146	-15,703	1,00	39,61	H21B C
NGUYÊN TỬ	8326	CE2	TYR	95	63,155	24,155	-16,173	1,00	40,63	H21B C
NGUYÊN TỬ	8327	CZ	TYR	95	63,460	23,502	-17,351	1,00	40,83	H21B C
NGUYÊN TỬ	8328	OH	TYR	95	64,750	23,515	-17,834	1,00	41,60	H21B O
NGUYÊN TỬ	8329	C	TYR	95	57,066	24,073	-16,024	1,00	34,62	H21B C
NGUYÊN TỬ	8330	O	TYR	95	56,654	24,772	-15,087	1,00	29,49	H21B O
NGUYÊN TỬ	8331	N	CYS	96	56,358	23,095	-16,570	1,00	36,69	H21B N
NGUYÊN TỬ	8332	CA	CYS	96	55,310	22,427	-15,825	1,00	39,27	H21B C
NGUYÊN TỬ	8333	C	CYS	96	55,813	21,042	-15,431	1,00	40,20	H21B C
NGUYÊN TỬ	8334	O	CYS	96	56,535	20,390	-16,182	1,00	38,24	H21B O
NGUYÊN TỬ	8335	CB	CYS	96	54,026	22,325	-16,657	1,00	38,82	H21B C
NGUYÊN TỬ	8336	SG	CYS	96	54,180	21,440	-18,241	1,00	47,25	H21B S
NGUYÊN TỬ	8337	N	ALA	97	55,453	20,620	-14,229	1,00	42,79	H21B N
NGUYÊN TỬ	8338	CA	ALA	97	55,651	19,248	-13,802	1,00	45,99	H21B C
NGUYÊN TỬ	8339	CB	ALA	97	56,701	19,189	-12,703	1,00	47,19	H21B C
NGUYÊN TỬ	8340	C	ALA	97	54,320	18,724	-13,281	1,00	48,49	H21B C
NGUYÊN TỬ	8341	O	ALA	97	53,412	19,504	-12,983	1,00	46,95	H21B O
NGUYÊN TỬ	8342	N	ARG	98	54,207	17,401	-13,187	1,00	51,41	H21B N
NGUYÊN TỬ	8343	CA	ARG	98	53,047	16,760	-12,588	1,00	53,37	H21B C
NGUYÊN TỬ	8344	CB	ARG	98	53,046	15,269	-12,932	1,00	51,25	H21B C
NGUYÊN TỬ	8345	CG	ARG	98	51,663	14,667	-13,187	1,00	49,60	H21B C
NGUYÊN TỬ	8346	CD	ARG	98	51,753	13,294	-13,836	1,00	45,00	H21B C
NGUYÊN TỬ	8347	NE	ARG	98	52,484	12,364	-12,984	1,00	44,76	H21B N
NGUYÊN TỬ	8348	CZ	ARG	98	52,421	11,041	-13,085	1,00	43,23	H21B C
NGUYÊN TỬ	8349	NH1	ARG	98	51,657	10,481	-14,007	1,00	44,12	H21B N
NGUYÊN TỬ	8350	NH2	ARG	98	53,126	10,279	-12,262	1,00	42,06	H21B N
NGUYÊN TỬ	8351	C	ARG	98	53,123	16,958	-11,075	1,00	56,47	H21B C
NGUYÊN TỬ	8352	O	ARG	98	53,021	16,006	-10,315	1,00	57,42	H21B O
NGUYÊN TỬ	8353	N	GLY	99	53,323	18,208	-10,653	1,00	59,29	H21B N
NGUYÊN TỬ	8354	CA	GLY	99	53,343	18,538	-9,238	1,00	59,64	H21B C
NGUYÊN TỬ	8355	C	GLY	99	52,179	17,874	-8,542	1,00	60,62	H21B C
NGUYÊN TỬ	8356	O	GLY	99	51,325	17,298	-9,215	1,00	60,20	H21B O
NGUYÊN TỬ	8357	N	TYR	100	52,130	17,940	-7,213	1,00	62,03	H21B N
NGUYÊN TỬ	8358	CA	TYR	100	53,124	18,643	-6,419	1,00	62,23	H21B C

NGUYÊN TỬ	8359	CB	TYR	100	52,626	18,808	-4,981	1,00	63,21	H21B C
NGUYÊN TỬ	8360	CG	TYR	100	51,617	19,916	-4,795	1,00	66,99	H21B C
NGUYÊN TỬ	8361	CD1	TYR	100	50,253	19,662	-4,865	1,00	69,20	H21B C
NGUYÊN TỬ	8362	CE1	TYR	100	49,326	20,676	-4,719	1,00	69,60	H21B C
NGUYÊN TỬ	8363	CD2	TYR	100	52,026	21,219	-4,570	1,00	67,54	H21B C
NGUYÊN TỬ	8364	CE2	TYR	100	51,105	22,236	-4,423	1,00	70,27	H21B C
NGUYÊN TỬ	8365	CZ	TYR	100	49,757	21,960	-4,499	1,00	69,88	H21B C
NGUYÊN TỬ	8366	OH	TYR	100	48,846	22,975	-4,357	1,00	68,94	H21B O
NGUYÊN TỬ	8367	C	TYR	100	54,467	17,916	-6,412	1,00	61,98	H21B C
NGUYÊN TỬ	8368	O	TYR	100	55,521	18,539	-6,522	1,00	63,49	H21B O
NGUYÊN TỬ	8369	N	GLY	101	54,432	16,595	-6,292	1,00	59,53	H21B N
NGUYÊN TỬ	8370	CA	GLY	101	55,663	15,839	-6,187	1,00	55,46	H21B C
NGUYÊN TỬ	8371	C	GLY	101	56,609	16,052	-7,351	1,00	52,91	H21B C
NGUYÊN TỬ	8372	O	GLY	101	57,785	15,688	-7,281	1,00	52,82	H21B O
NGUYÊN TỬ	8373	N	MET	102	56,099	16,640	-8,427	1,00	50,64	H21B N
NGUYÊN TỬ	8374	CA	MET	102	56,917	16,931	-9,603	1,00	49,55	H21B C
NGUYÊN TỬ	8375	CB	MET	102	57,841	18,118	-9,334	1,00	45,02	H21B C
NGUYÊN TỬ	8376	CG	MET	102	57,128	19,441	-9,291	1,00	40,44	H21B C
NGUYÊN TỬ	8377	SD	MET	102	57,934	20,655	-8,250	1,00	32,66	H21B S
NGUYÊN TỬ	8378	CE	MET	102	57,347	22,083	-8,992	1,00	41,41	H21B C
NGUYÊN TỬ	8379	C	MET	102	57,756	15,726	-9,985	1,00	50,20	H21B C
NGUYÊN TỬ	8380	O	MET	102	58,982	15,751	-9,873	1,00	50,67	H21B O
NGUYÊN TỬ	8381	N	ASP	103	57,084	14,672	-10,433	1,00	49,62	H21B N
NGUYÊN TỬ	8382	CA	ASP	103	57,756	13,426	-10,757	1,00	47,87	H21B C
NGUYÊN TỬ	8383	CB	ASP	103	56,997	12,238	-10,138	1,00	49,38	H21B C
NGUYÊN TỬ	8384	CG	ASP	103	55,590	12,042	-10,729	1,00	50,48	H21B C
NGUYÊN TỬ	8385	OD1	ASP	103	55,088	12,937	-11,449	1,00	49,77	H21B O
NGUYÊN TỬ	8386	OD2	ASP	103	54,986	10,978	-10,469	1,00	49,50	H21B O
NGUYÊN TỬ	8387	C	ASP	103	57,890	13,258	-12,272	1,00	45,83	H21B C
NGUYÊN TỬ	8388	O	ASP	103	58,508	12,306	-12,745	1,00	44,29	H21B O
NGUYÊN TỬ	8389	N	VAL	104	57,314	14,187	-13,029	1,00	42,93	H21B N
NGUYÊN TỬ	8390	CA	VAL	104	57,535	14,224	-14,471	1,00	42,13	H21B C
NGUYÊN TỬ	8391	CB	VAL	104	56,421	13,493	-15,264	1,00	42,15	H21B C
NGUYÊN TỬ	8392	CG1	VAL	104	56,696	13,618	-16,763	1,00	38,31	H21B C
NGUYÊN TỬ	8393	CG2	VAL	104	56,334	12,035	-14,846	1,00	39,07	H21B C
NGUYÊN TỬ	8394	C	VAL	104	57,539	15,659	-14,941	1,00	41,93	H21B C
NGUYÊN TỬ	8395	O	VAL	104	56,611	16,399	-14,645	1,00	43,60	H21B O
NGUYÊN TỬ	8396	N	TRP	105	58,562	16,053	-15,692	1,00	41,64	H21B N
NGUYÊN TỬ	8397	CA	TRP	105	58,631	17,418	-16,202	1,00	41,31	H21B C
NGUYÊN TỬ	8398	CB	TRP	105	59,989	18,032	-15,860	1,00	37,08	H21B C
NGUYÊN TỬ	8399	CG	TRP	105	60,236	18,127	-14,398	1,00	32,86	H21B C
NGUYÊN TỬ	8400	CD2	TRP	105	60,423	19,323	-13,638	1,00	30,58	H21B C
NGUYÊN TỬ	8401	CE2	TRP	105	60,619	18,936	-12,293	1,00	31,25	H21B C
NGUYÊN TỬ	8402	CE3	TRP	105	60,449	20,685	-13,960	1,00	29,62	H21B C
NGUYÊN TỬ	8403	CD1	TRP	105	60,327	17,087	-13,508	1,00	32,58	H21B C
NGUYÊN TỬ	8404	NE1	TRP	105	60,557	17,566	-12,242	1,00	30,54	H21B N
NGUYÊN TỬ	8405	CZ2	TRP	105	60,831	19,869	-11,268	1,00	28,75	H21B C
NGUYÊN TỬ	8406	CZ3	TRP	105	60,663	21,619	-12,934	1,00	28,89	H21B C
NGUYÊN TỬ	8407	CH2	TRP	105	60,849	21,203	-11,610	1,00	29,51	H21B C
NGUYÊN TỬ	8408	C	TRP	105	58,393	17,515	-17,706	1,00	43,85	H21B C
NGUYÊN TỬ	8409	O	TRP	105	58,790	16,633	-18,462	1,00	43,17	H21B O
NGUYÊN TỬ	8410	N	GLY	106	57,749	18,599	-18,134	1,00	48,37	H21B N
NGUYÊN TỬ	8411	CA	GLY	106	57,772	18,971	-19,539	1,00	54,07	H21B C
NGUYÊN TỬ	8412	C	GLY	106	59,143	19,475	-19,961	1,00	58,35	H21B C
NGUYÊN TỬ	8413	O	GLY	106	60,004	19,725	-19,114	1,00	58,59	H21B O
NGUYÊN TỬ	8414	N	GLN	107	59,353	19,626	-21,266	1,00	62,46	H21B N
NGUYÊN TỬ	8415	CA	GLN	107	60,664	20,000	-21,785	1,00	66,67	H21B C
NGUYÊN TỬ	8416	CB	GLN	107	60,642	20,044	-23,311	1,00	71,29	H21B C
NGUYÊN TỬ	8417	CG	GLN	107	59,401	19,460	-23,927	1,00	81,85	H21B C
NGUYÊN TỬ	8418	CD	GLN	107	58,376	20,516	-24,264	1,00	87,17	H21B C
NGUYÊN TỬ	8419	OE1	GLN	107	58,653	21,711	-24,192	1,00	91,77	H21B O
NGUYÊN TỬ	8420	NE2	GLN	107	57,180	20,082	-24,639	1,00	91,59	H21B N
NGUYÊN TỬ	8421	C	GLN	107	61,091	21,363	-21,256	1,00	66,02	H21B C
NGUYÊN TỬ	8422	O	GLN	107	62,263	21,604	-20,971	1,00	65,68	H21B O
NGUYÊN TỬ	8423	N	GLY	108	60,117	22,251	-21,121	1,00	65,26	H21B N
NGUYÊN TỬ	8424	CA	GLY	108	60,402	23,622	-20,760	1,00	61,19	H21B C
NGUYÊN TỬ	8425	C	GLY	108	59,968	24,539	-21,879	1,00	58,99	H21B C
NGUYÊN TỬ	8426	O	GLY	108	59,909	24,135	-23,038	1,00	55,89	H21B O
NGUYÊN TỬ	8427	N	THR	109	59,638	25,775	-21,534	1,00	59,00	H21B N
NGUYÊN TỬ	8428	CA	THR	109	59,567	26,817	-22,540	1,00	59,69	H21B C
NGUYÊN TỬ	8429	CB	THR	109	58,099	27,114	-22,949	1,00	59,41	H21B C
NGUYÊN TỬ	8430	OG1	THR	109	57,978	28,493	-23,313	1,00	59,56	H21B O
NGUYÊN TỬ	8431	CG2	THR	109	57,140	26,775	-21,832	1,00	58,39	H21B C
NGUYÊN TỬ	8432	C	THR	109	60,267	28,078	-22,067	1,00	57,64	H21B C
NGUYÊN TỬ	8433	O	THR	109	60,179	28,452	-20,903	1,00	57,85	H21B O
NGUYÊN TỬ	8434	N	THR	110	61,002	28,703	-22,977	1,00	56,06	H21B N

NGUYÊN TỬ	8435	CA	THR	110	61,757	29,905	-22,648	1,00	53,48	H21B C
NGUYÊN TỬ	8436	CB	THR	110	63,106	29,974	-23,417	1,00	52,52	H21B C
NGUYÊN TỬ	8437	OG1	THR	110	62,861	30,153	-24,814	1,00	51,93	H21B O
NGUYÊN TỬ	8438	CG2	THR	110	63,896	28,701	-23,226	1,00	51,81	H21B C
NGUYÊN TỬ	8439	C	THR	110	60,929	31,117	-23,025	1,00	51,15	H21B C
NGUYÊN TỬ	8440	O	THR	110	60,340	31,170	-24,098	1,00	49,63	H21B O
NGUYÊN TỬ	8441	N	VAL	111	60,883	32,086	-22,130	1,00	50,86	H21B N
NGUYÊN TỬ	8442	CA	VAL	111	60,165	33,318	-22,382	1,00	53,09	H21B C
NGUYÊN TỬ	8443	CB	VAL	111	59,024	33,498	-21,381	1,00	53,31	H21B C
NGUYÊN TỬ	8444	CG1	VAL	111	58,293	34,802	-21,651	1,00	52,94	H21B C
NGUYÊN TỬ	8445	CG2	VAL	111	58,086	32,321	-21,466	1,00	51,89	H21B C
NGUYÊN TỬ	8446	C	VAL	111	61,127	34,481	-22,230	1,00	54,49	H21B C
NGUYÊN TỬ	8447	O	VAL	111	61,634	34,722	-21,139	1,00	54,27	H21B O
NGUYÊN TỬ	8448	N	THR	112	61,372	35,203	-23,320	1,00	56,71	H21B N
NGUYÊN TỬ	8449	CA	THR	112	62,345	36,289	-23,315	1,00	59,52	H21B C
NGUYÊN TỬ	8450	CB	THR	112	63,131	36,334	-24,627	1,00	60,00	H21B C
NGUYÊN TỬ	8451	OG1	THR	112	63,445	35,001	-25,044	1,00	60,97	H21B O
NGUYÊN TỬ	8452	CG2	THR	112	64,422	37,103	-24,437	1,00	59,68	H21B C
NGUYÊN TỬ	8453	C	THR	112	61,640	37,622	-23,164	1,00	61,20	H21B C
NGUYÊN TỬ	8454	O	THR	112	60,806	37,975	-23,981	1,00	62,07	H21B O
NGUYÊN TỬ	8455	N	VAL	113	61,979	38,368	-22,123	1,00	63,91	H21B N
NGUYÊN TỬ	8456	CA	VAL	113	61,405	39,692	-21,939	1,00	65,56	H21B C
NGUYÊN TỬ	8457	CB	VAL	113	60,719	39,822	-20,578	1,00	65,05	H21B C
NGUYÊN TỬ	8458	CG1	VAL	113	60,127	41,202	-20,438	1,00	63,91	H21B C
NGUYÊN TỬ	8459	CG2	VAL	113	59,654	38,771	-20,434	1,00	64,43	H21B C
NGUYÊN TỬ	8460	C	VAL	113	62,457	40,794	-22,039	1,00	67,13	H21B C
NGUYÊN TỬ	8461	O	VAL	113	63,230	41,015	-21,106	1,00	68,10	H21B O
NGUYÊN TỬ	8462	N	SER	114	62,468	41,492	-23,172	1,00	68,21	H21B N
NGUYÊN TỬ	8463	CA	SER	114	63,407	42,588	-23,403	1,00	68,04	H21B C
NGUYÊN TỬ	8464	CB	SER	114	64,642	42,068	-24,137	1,00	67,93	H21B C
NGUYÊN TỬ	8465	OG	SER	114	65,609	43,086	-24,290	1,00	68,98	H21B O
NGUYÊN TỬ	8466	C	SER	114	62,795	43,725	-24,219	1,00	68,45	H21B C
NGUYÊN TỬ	8467	O	SER	114	61,954	43,509	-25,090	1,00	67,57	H21B O
NGUYÊN TỬ	8468	N	SER	115	63,229	44,945	-23,938	1,00	69,36	H21B N
NGUYÊN TỬ	8469	CA	SER	115	63,224	45,975	-24,961	1,00	69,76	H21B C
NGUYÊN TỬ	8470	CB	SER	115	63,221	47,352	-24,320	1,00	70,24	H21B C
NGUYÊN TỬ	8471	OG	SER	115	62,095	47,490	-23,474	1,00	72,93	H21B O
NGUYÊN TỬ	8472	C	SER	115	64,512	45,746	-25,731	1,00	69,56	H21B C
NGUYÊN TỬ	8473	O	SER	115	64,797	44,616	-26,131	1,00	71,87	H21B O
NGUYÊN TỬ	8474	N	ALA	116	65,296	46,793	-25,933	1,00	67,88	H21B N
NGUYÊN TỬ	8475	CA	ALA	116	66,653	46,616	-26,425	1,00	66,75	H21B C
NGUYÊN TỬ	8476	CB	ALA	116	67,319	45,449	-25,711	1,00	67,94	H21B C
NGUYÊN TỬ	8477	C	ALA	116	66,718	46,398	-27,925	1,00	66,13	H21B C
NGUYÊN TỬ	8478	O	ALA	116	66,907	45,274	-28,387	1,00	65,19	H21B O
NGUYÊN TỬ	8479	N	SER	117	66,569	47,484	-28,679	1,00	65,90	H21B N
NGUYÊN TỬ	8480	CA	SER	117	66,897	47,492	-30,100	1,00	64,00	H21B C
NGUYÊN TỬ	8481	CB	SER	117	66,318	48,732	-30,787	1,00	64,23	H21B C
NGUYÊN TỬ	8482	OG	SER	117	66,935	48,950	-32,050	1,00	63,88	H21B O
NGUYÊN TỬ	8483	C	SER	117	68,403	47,524	-30,222	1,00	62,28	H21B C
NGUYÊN TỬ	8484	O	SER	117	69,087	48,047	-29,347	1,00	62,29	H21B O
NGUYÊN TỬ	8485	N	THR	118	68,910	46,974	-31,316	1,00	60,02	H21B N
NGUYÊN TỬ	8486	CA	THR	118	70,340	46,961	-31,579	1,00	58,31	H21B C
NGUYÊN TỬ	8487	CB	THR	118	70,612	46,584	-33,050	1,00	58,63	H21B C
NGUYÊN TỬ	8488	OG1	THR	118	71,785	47,270	-33,508	1,00	59,03	H21B O
NGUYÊN TỬ	8489	CG2	THR	118	69,411	46,933	-33,926	1,00	55,99	H21B C
NGUYÊN TỬ	8490	C	THR	118	71,048	48,280	-31,262	1,00	56,38	H21B C
NGUYÊN TỬ	8491	O	THR	118	70,704	49,334	-31,794	1,00	57,50	H21B O
NGUYÊN TỬ	8492	N	LYS	119	72,034	48,206	-30,376	1,00	53,48	H21B N
NGUYÊN TỬ	8493	CA	LYS	119	72,906	49,337	-30,091	1,00	49,19	H21B C
NGUYÊN TỬ	8494	CB	LYS	119	72,642	49,885	-28,693	1,00	47,24	H21B C
NGUYÊN TỬ	8495	CG	LYS	119	73,647	50,952	-28,288	1,00	48,71	H21B C
NGUYÊN TỬ	8496	CD	LYS	119	73,521	51,380	-26,829	1,00	47,72	H21B C
NGUYÊN TỬ	8497	CE	LYS	119	74,717	52,241	-26,443	1,00	47,92	H21B C
NGUYÊN TỬ	8498	NZ	LYS	119	75,119	52,084	-25,016	1,00	50,67	H21B N
NGUYÊN TỬ	8499	C	LYS	119	74,375	48,922	-30,200	1,00	47,21	H21B C
NGUYÊN TỬ	8500	O	LYS	119	74,735	47,761	-29,963	1,00	45,25	H21B O
NGUYÊN TỬ	8501	N	GLY	120	75,220	49,879	-30,570	1,00	44,35	H21B N
NGUYÊN TỬ	8502	CA	GLY	120	76,646	49,612	-30,652	1,00	40,92	H21B C
NGUYÊN TỬ	8503	C	GLY	120	77,327	49,892	-29,326	1,00	38,58	H21B C
NGUYÊN TỬ	8504	O	GLY	120	76,802	50,621	-28,474	1,00	36,46	H21B O
NGUYÊN TỬ	8505	N	PRO	121	78,506	49,310	-29,114	1,00	36,94	H21B N
NGUYÊN TỬ	8506	CD	PRO	121	79,208	48,416	-30,042	1,00	35,27	H21B C
NGUYÊN TỬ	8507	CA	PRO	121	79,171	49,390	-27,813	1,00	36,50	H21B C
NGUYÊN TỬ	8508	CB	PRO	121	80,132	48,220	-27,839	1,00	34,63	H21B C
NGUYÊN TỬ	8509	CG	PRO	121	80,452	48,077	-29,285	1,00	36,69	H21B C
NGUYÊN TỬ	8510	C	PRO	121	79,893	50,716	-27,558	1,00	37,73	H21B C

NGUYÊN TỬ	8511	O	PRO	121	80,301	51,421	-28,487	1,00	35,85	H21B O
NGUYÊN TỬ	8512	N	SER	122	80,049	51,047	-26,284	1,00	37,92	H21B N
NGUYÊN TỬ	8513	CA	SER	122	81,072	51,998	-25,896	1,00	38,88	H21B C
NGUYÊN TỬ	8514	CB	SER	122	80,612	52,828	-24,689	1,00	39,55	H21B C
NGUYÊN TỬ	8515	OG	SER	122	79,510	53,676	-25,028	1,00	41,26	H21B O
NGUYÊN TỬ	8516	C	SER	122	82,326	51,205	-25,552	1,00	38,81	H21B C
NGUYÊN TỬ	8517	O	SER	122	82,277	50,222	-24,805	1,00	39,06	H21B O
NGUYÊN TỬ	8518	N	VAL	123	83,451	51,617	-26,114	1,00	37,51	H21B N
NGUYÊN TỬ	8519	CA	VAL	123	84,702	50,973	-25,770	1,00	36,15	H21B C
NGUYÊN TỬ	8520	CB	VAL	123	85,525	50,643	-27,024	1,00	34,75	H21B C
NGUYÊN TỬ	8521	CG1	VAL	123	86,827	49,988	-26,615	1,00	32,49	H21B C
NGUYÊN TỬ	8522	CG2	VAL	123	84,713	49,721	-27,955	1,00	31,95	H21B C
NGUYÊN TỬ	8523	C	VAL	123	85,529	51,854	-24,851	1,00	35,96	H21B C
NGUYÊN TỬ	8524	O	VAL	123	85,920	52,952	-25,230	1,00	37,71	H21B O
NGUYÊN TỬ	8525	N	PHE	124	85,776	51,362	-23,639	1,00	34,63	H21B N
NGUYÊN TỬ	8526	CA	PHE	124	86,671	52,014	-22,688	1,00	33,18	H21B C
NGUYÊN TỬ	8527	CB	PHE	124	86,008	52,139	-21,319	1,00	29,98	H21B C
NGUYÊN TỬ	8528	CG	PHE	124	84,785	53,005	-21,322	1,00	30,01	H21B C
NGUYÊN TỬ	8529	CD1	PHE	124	84,885	54,368	-21,582	1,00	30,04	H21B C
NGUYÊN TỬ	8530	CD2	PHE	124	83,534	52,471	-21,043	1,00	28,86	H21B C
NGUYÊN TỬ	8531	CE1	PHE	124	83,757	55,186	-21,560	1,00	28,02	H21B C
NGUYÊN TỬ	8532	CE2	PHE	124	82,411	53,279	-21,022	1,00	27,96	H21B C
NGUYÊN TỬ	8533	CZ	PHE	124	82,526	54,639	-21,279	1,00	28,14	H21B C
NGUYÊN TỬ	8534	C	PHE	124	87,966	51,242	-22,531	1,00	33,73	H21B C
NGUYÊN TỬ	8535	O	PHE	124	87,992	50,015	-22,596	1,00	34,72	H21B O
NGUYÊN TỬ	8536	N	PRO	125	89,069	51,960	-22,314	1,00	35,69	H21B N
NGUYÊN TỬ	8537	CD	PRO	125	89,202	53,424	-22,358	1,00	34,56	H21B C
NGUYÊN TỬ	8538	CA	PRO	125	90,351	51,311	-22,040	1,00	36,09	H21B C
NGUYÊN TỬ	8539	CB	PRO	125	91,357	52,406	-22,339	1,00	34,77	H21B C
NGUYÊN TỬ	8540	CG	PRO	125	90,632	53,632	-21,941	1,00	34,99	H21B C
NGUYÊN TỬ	8541	C	PRO	125	90,474	50,812	-20,598	1,00	36,79	H21B C
NGUYÊN TỬ	8542	O	PRO	125	90,186	51,553	-19,645	1,00	36,75	H21B O
NGUYÊN TỬ	8543	N	LEU	126	90,911	49,565	-20,449	1,00	35,96	H21B N
NGUYÊN TỬ	8544	CA	LEU	126	91,369	49,067	-19,155	1,00	38,37	H21B C
NGUYÊN TỬ	8545	CB	LEU	126	90,912	47,623	-18,959	1,00	36,93	H21B C
NGUYÊN TỬ	8546	CG	LEU	126	89,403	47,434	-19,047	1,00	32,95	H21B C
NGUYÊN TỬ	8547	CD1	LEU	126	89,058	46,042	-18,690	1,00	30,64	H21B C
NGUYÊN TỬ	8548	CD2	LEU	126	88,714	48,406	-18,114	1,00	33,63	H21B C
NGUYÊN TỬ	8549	C	LEU	126	92,897	49,153	-18,994	1,00	41,03	H21B C
NGUYÊN TỬ	8550	O	LEU	126	93,620	48,185	-19,232	1,00	40,02	H21B O
NGUYÊN TỬ	8551	N	ALA	127	93,367	50,322	-18,568	1,00	44,45	H21B N
NGUYÊN TỬ	8552	CA	ALA	127	94,789	50,605	-18,423	1,00	48,51	H21B C
NGUYÊN TỬ	8553	CB	ALA	127	94,968	52,014	-17,860	1,00	46,45	H21B C
NGUYÊN TỬ	8554	C	ALA	127	95,527	49,596	-17,546	1,00	51,79	H21B C
NGUYÊN TỬ	8555	O	ALA	127	94,996	49,107	-16,552	1,00	50,48	H21B O
NGUYÊN TỬ	8556	N	PRO	128	96,778	49,295	-17,902	1,00	55,84	H21B N
NGUYÊN TỬ	8557	CD	PRO	128	97,532	49,968	-18,971	1,00	58,16	H21B C
NGUYÊN TỬ	8558	CA	PRO	128	97,578	48,269	-17,232	1,00	61,96	H21B C
NGUYÊN TỬ	8559	CB	PRO	128	98,792	48,112	-18,141	1,00	61,86	H21B C
NGUYÊN TỬ	8560	CG	PRO	128	98,925	49,434	-18,799	1,00	59,88	H21B C
NGUYÊN TỬ	8561	C	PRO	128	97,966	48,684	-15,818	1,00	66,51	H21B C
NGUYÊN TỬ	8562	O	PRO	128	98,194	49,867	-15,551	1,00	67,81	H21B O
NGUYÊN TỬ	8563	N	SER	129	98,041	47,697	-14,926	1,00	71,65	H21B N
NGUYÊN TỬ	8564	CA	SER	129	98,268	47,930	-13,496	1,00	76,44	H21B C
NGUYÊN TỬ	8565	CB	SER	129	98,539	46,594	-12,778	1,00	76,87	H21B C
NGUYÊN TỬ	8566	OG	SER	129	97,610	45,589	-13,171	1,00	74,76	H21B O
NGUYÊN TỬ	8567	C	SER	129	99,444	48,875	-13,269	1,00	80,19	H21B C
NGUYÊN TỬ	8568	O	SER	129	100,343	48,974	-14,109	1,00	81,78	H21B O
NGUYÊN TỬ	8569	N	GLY	135	104,091	39,639	-12,189	1,00	119,83	H21B N
NGUYÊN TỬ	8570	CA	GLY	135	105,514	39,440	-12,396	1,00	119,78	H21B C
NGUYÊN TỬ	8571	C	GLY	135	106,108	40,387	-13,424	1,00	119,10	H21B C
NGUYÊN TỬ	8572	O	GLY	135	106,017	41,611	-13,283	1,00	120,34	H21B O
NGUYÊN TỬ	8573	N	GLY	136	106,728	39,823	-14,458	1,00	116,59	H21B N
NGUYÊN TỬ	8574	CA	GLY	136	107,222	40,634	-15,557	1,00	111,70	H21B C
NGUYÊN TỬ	8575	C	GLY	136	106,106	40,963	-16,526	1,00	107,95	H21B C
NGUYÊN TỬ	8576	O	GLY	136	106,272	41,764	-17,444	1,00	108,38	H21B O
NGUYÊN TỬ	8577	N	THR	137	104,957	40,334	-16,313	1,00	103,31	H21B N
NGUYÊN TỬ	8578	CA	THR	137	103,792	40,520	-17,166	1,00	97,68	H21B C
NGUYÊN TỬ	8579	CB	THR	137	103,096	39,171	-17,453	1,00	98,99	H21B C
NGUYÊN TỬ	8580	OG1	THR	137	102,819	38,504	-16,215	1,00	100,61	H21B O
NGUYÊN TỬ	8581	CG2	THR	137	103,979	38,281	-18,314	1,00	99,84	H21B C
NGUYÊN TỬ	8582	C	THR	137	102,783	41,458	-16,512	1,00	92,44	H21B C
NGUYÊN TỬ	8583	O	THR	137	102,556	41,394	-15,303	1,00	91,69	H21B O
NGUYÊN TỬ	8584	N	ALA	138	102,188	42,335	-17,316	1,00	86,07	H21B N
NGUYÊN TỬ	8585	CA	ALA	138	101,075	43,159	-16,861	1,00	79,49	H21B C
NGUYÊN TỬ	8586	CB	ALA	138	101,440	44,631	-16,949	1,00	79,63	H21B C

NGUYÊN TỬ	8587	C	ALA	138	99,834	42,871	-17,704	1,00	74,95	H21B C
NGUYÊN TỬ	8588	O	ALA	138	99,937	42,528	-18,884	1,00	73,87	H21B O
NGUYÊN TỬ	8589	N	ALA	139	98,663	43,000	-17,087	1,00	68,95	H21B N
NGUYÊN TỬ	8590	CA	ALA	139	97,404	42,783	-17,784	1,00	63,72	H21B C
NGUYÊN TỬ	8591	CB	ALA	139	96,487	41,900	-16,944	1,00	63,98	H21B C
NGUYÊN TỬ	8592	C	ALA	139	96,716	44,116	-18,104	1,00	60,62	H21B C
NGUYÊN TỬ	8593	O	ALA	139	96,707	45,045	-17,289	1,00	59,40	H21B O
NGUYÊN TỬ	8594	N	LEU	140	96,154	44,197	-19,306	1,00	55,59	H21B N
NGUYÊN TỬ	8595	CA	LEU	140	95,516	45,408	-19,795	1,00	51,29	H21B C
NGUYÊN TỬ	8596	CB	LEU	140	96,535	46,309	-20,494	1,00	50,60	H21B C
NGUYÊN TỬ	8597	CG	LEU	140	97,142	45,763	-21,799	1,00	50,41	H21B C
NGUYÊN TỬ	8598	CD1	LEU	140	96,234	46,074	-22,988	1,00	49,55	H21B C
NGUYÊN TỬ	8599	CD2	LEU	140	98,506	46,382	-22,014	1,00	49,82	H21B C
NGUYÊN TỬ	8600	C	LEU	140	94,501	44,927	-20,803	1,00	49,58	H21B C
NGUYÊN TỬ	8601	O	LEU	140	94,544	43,765	-21,210	1,00	48,85	H21B O
NGUYÊN TỬ	8602	N	GLY	141	93,600	45,809	-21,219	1,00	47,47	H21B N
NGUYÊN TỬ	8603	CA	GLY	141	92,610	45,412	-22,201	1,00	47,38	H21B C
NGUYÊN TỬ	8604	C	GLY	141	91,581	46,490	-22,427	1,00	47,35	H21B C
NGUYÊN TỬ	8605	O	GLY	141	91,850	47,658	-22,143	1,00	47,11	H21B O
NGUYÊN TỬ	8606	N	CYS	142	90,406	46,127	-22,931	1,00	47,21	H21B N
NGUYÊN TỬ	8607	CA	CYS	142	89,360	47,128	-23,024	1,00	47,00	H21B C
NGUYÊN TỬ	8608	C	CYS	142	87,936	46,620	-22,781	1,00	43,01	H21B C
NGUYÊN TỬ	8609	O	CYS	142	87,595	45,495	-23,137	1,00	42,06	H21B O
NGUYÊN TỬ	8610	CB	CYS	142	89,459	47,844	-24,371	1,00	50,45	H21B C
NGUYÊN TỬ	8611	SG	CYS	142	88,981	46,864	-25,834	1,00	59,47	H21B S
NGUYÊN TỬ	8612	N	LEU	143	87,119	47,474	-22,161	1,00	38,35	H21B N
NGUYÊN TỬ	8613	CA	LEU	143	85,750	47,140	-21,766	1,00	34,87	H21B C
NGUYÊN TỬ	8614	CB	LEU	143	85,345	47,929	-20,513	1,00	35,86	H21B C
NGUYÊN TỬ	8615	CG	LEU	143	83,870	47,892	-20,078	1,00	33,46	H21B C
NGUYÊN TỬ	8616	CD1	LEU	143	83,550	46,536	-19,524	1,00	32,08	H21B C
NGUYÊN TỬ	8617	CD2	LEU	143	83,602	48,964	-19,035	1,00	31,98	H21B C
NGUYÊN TỬ	8618	C	LEU	143	84,787	47,485	-22,886	1,00	34,34	H21B C
NGUYÊN TỬ	8619	O	LEU	143	84,717	48,643	-23,302	1,00	31,63	H21B O
NGUYÊN TỬ	8620	N	VAL	144	84,047	46,488	-23,372	1,00	34,47	H21B N
NGUYÊN TỬ	8621	CA	VAL	144	83,069	46,720	-24,419	1,00	35,66	H21B C
NGUYÊN TỬ	8622	CB	VAL	144	83,162	45,660	-25,533	1,00	34,46	H21B C
NGUYÊN TỬ	8623	CG1	VAL	144	82,203	46,022	-26,664	1,00	35,75	H21B C
NGUYÊN TỬ	8624	CG2	VAL	144	84,594	45,556	-26,042	1,00	33,25	H21B C
NGUYÊN TỬ	8625	C	VAL	144	81,683	46,690	-23,783	1,00	38,56	H21B C
NGUYÊN TỬ	8626	O	VAL	144	81,134	45,630	-23,460	1,00	38,50	H21B O
NGUYÊN TỬ	8627	N	LYS	145	81,120	47,879	-23,620	1,00	38,89	H21B N
NGUYÊN TỬ	8628	CA	LYS	145	79,997	48,085	-22,734	1,00	39,76	H21B C
NGUYÊN TỬ	8629	CB	LYS	145	80,342	49,261	-21,801	1,00	41,45	H21B C
NGUYÊN TỬ	8630	CG	LYS	145	79,385	49,497	-20,642	1,00	41,62	H21B C
NGUYÊN TỬ	8631	CD	LYS	145	80,143	49,965	-19,415	1,00	44,51	H21B C
NGUYÊN TỬ	8632	CE	LYS	145	79,965	51,461	-19,152	1,00	47,71	H21B C
NGUYÊN TỬ	8633	NZ	LYS	145	78,551	51,812	-18,786	1,00	52,84	H21B N
NGUYÊN TỬ	8634	C	LYS	145	78,725	48,367	-23,548	1,00	40,29	H21B C
NGUYÊN TỬ	8635	O	LYS	145	78,764	49,101	-24,546	1,00	37,61	H21B O
NGUYÊN TỬ	8636	N	ASP	146	77,620	47,746	-23,124	1,00	41,41	H21B N
NGUYÊN TỬ	8637	CA	ASP	146	76,255	48,156	-23,480	1,00	42,07	H21B C
NGUYÊN TỬ	8638	CB	ASP	146	75,997	49,578	-23,000	1,00	44,43	H21B C
NGUYÊN TỬ	8639	CG	ASP	146	75,619	49,625	-21,539	1,00	49,82	H21B C
NGUYÊN TỬ	8640	OD1	ASP	146	75,227	48,554	-21,020	1,00	49,91	H21B O
NGUYÊN TỬ	8641	OD2	ASP	146	75,708	50,715	-20,915	1,00	52,78	H21B O
NGUYÊN TỬ	8642	C	ASP	146	75,812	48,059	-24,933	1,00	40,90	H21B C
NGUYÊN TỬ	8643	O	ASP	146	75,271	49,021	-25,475	1,00	40,19	H21B O
NGUYÊN TỬ	8644	N	TYR	147	76,012	46,895	-25,545	1,00	39,23	H21B N
NGUYÊN TỬ	8645	CA	TYR	147	75,641	46,677	-26,939	1,00	40,02	H21B C
NGUYÊN TỬ	8646	CB	TYR	147	76,847	46,185	-27,733	1,00	38,54	H21B C
NGUYÊN TỬ	8647	CG	TYR	147	77,413	44,872	-27,241	1,00	38,05	H21B C
NGUYÊN TỬ	8648	CD1	TYR	147	77,005	43,660	-27,799	1,00	36,64	H21B C
NGUYÊN TỬ	8649	CE1	TYR	147	77,585	42,457	-27,406	1,00	35,87	H21B C
NGUYÊN TỬ	8650	CD2	TYR	147	78,408	44,842	-26,261	1,00	37,18	H21B C
NGUYÊN TỬ	8651	CE2	TYR	147	78,989	43,646	-25,863	1,00	36,14	H21B C
NGUYÊN TỬ	8652	CZ	TYR	147	78,583	42,458	-26,445	1,00	35,73	H21B C
NGUYÊN TỬ	8653	OH	TYR	147	79,240	41,290	-26,130	1,00	33,54	H21B O
NGUYÊN TỬ	8654	C	TYR	147	74,501	45,662	-27,090	1,00	41,03	H21B C
NGUYÊN TỬ	8655	O	TYR	147	74,063	45,055	-26,121	1,00	39,81	H21B O
NGUYÊN TỬ	8656	N	PHE	148	74,038	45,476	-28,321	1,00	42,76	H21B N
NGUYÊN TỬ	8657	CA	PHE	148	72,928	44,579	-28,589	1,00	44,38	H21B C
NGUYÊN TỬ	8658	CB	PHE	148	71,654	45,101	-27,916	1,00	47,16	H21B C
NGUYÊN TỬ	8659	CG	PHE	148	70,495	44,148	-28,013	1,00	51,60	H21B C
NGUYÊN TỬ	8660	CD1	PHE	148	69,885	43,904	-29,231	1,00	52,66	H21B C
NGUYÊN TỬ	8661	CD2	PHE	148	70,046	43,464	-26,893	1,00	53,38	H21B C
NGUYÊN TỬ	8662	CE1	PHE	148	68,861	43,002	-29,336	1,00	53,99	H21B C

NGUYÊN TỬ	8663	CE2	PHE	148	69,021	42,561	-26,992	1,00	54,37	H21B C
NGUYÊN TỬ	8664	CZ	PHE	148	68,426	42,329	-28,218	1,00	55,54	H21B C
NGUYÊN TỬ	8665	C	PHE	148	72,690	44,474	-30,087	1,00	43,47	H21B C
NGUYÊN TỬ	8666	O	PHE	148	72,795	45,454	-30,809	1,00	43,90	H21B O
NGUYÊN TỬ	8667	N	PRO	149	72,363	43,279	-30,577	1,00	43,17	H21B N
NGUYÊN TỬ	8668	CD	PRO	149	71,924	43,094	-31,969	1,00	43,32	H21B C
NGUYÊN TỬ	8669	CA	PRO	149	72,424	42,006	-29,863	1,00	44,42	H21B C
NGUYÊN TỬ	8670	CB	PRO	149	71,744	41,033	-30,818	1,00	42,48	H21B C
NGUYÊN TỬ	8671	CG	PRO	149	72,009	41,596	-32,152	1,00	41,77	H21B C
NGUYÊN TỬ	8672	C	PRO	149	73,874	41,627	-29,635	1,00	44,50	H21B C
NGUYÊN TỬ	8673	O	PRO	149	74,748	42,479	-29,653	1,00	46,03	H21B O
NGUYÊN TỬ	8674	N	GLU	150	74,116	40,342	-29,413	1,00	44,54	H21B N
NGUYÊN TỬ	8675	CA	GLU	150	75,421	39,764	-29,666	1,00	45,89	H21B C
NGUYÊN TỬ	8676	CB	GLU	150	75,544	38,405	-28,977	1,00	46,98	H21B C
NGUYÊN TỬ	8677	CG	GLU	150	75,465	38,451	-27,465	1,00	48,70	H21B C
NGUYÊN TỬ	8678	CD	GLU	150	76,823	38,263	-26,821	1,00	49,44	H21B C
NGUYÊN TỬ	8679	OE1	GLU	150	77,643	39,205	-26,905	1,00	48,89	H21B O
NGUYÊN TỬ	8680	OE2	GLU	150	77,073	37,178	-26,241	1,00	48,71	H21B O
NGUYÊN TỬ	8681	C	GLU	150	75,507	39,577	-31,172	1,00	44,93	H21B C
NGUYÊN TỬ	8682	O	GLU	150	74,527	39,787	-31,886	1,00	45,62	H21B O
NGUYÊN TỬ	8683	N	PRO	151	76,680	39,188	-31,676	1,00	42,42	H21B N
NGUYÊN TỬ	8684	CD	PRO	151	76,847	38,646	-33,034	1,00	40,81	H21B C
NGUYÊN TỬ	8685	CA	PRO	151	77,943	39,164	-30,940	1,00	42,36	H21B C
NGUYÊN TỬ	8686	CB	PRO	151	78,688	38,010	-31,588	1,00	40,92	H21B C
NGUYÊN TỬ	8687	CG	PRO	151	78,279	38,116	-33,025	1,00	39,66	H21B C
NGUYÊN TỬ	8688	C	PRO	151	78,701	40,488	-31,104	1,00	42,20	H21B C
NGUYÊN TỬ	8689	O	PRO	151	78,303	41,359	-31,874	1,00	43,34	H21B O
NGUYÊN TỬ	8690	N	VAL	152	79,796	40,624	-30,374	1,00	40,37	H21B N
NGUYÊN TỬ	8691	CA	VAL	152	80,856	41,531	-30,763	1,00	39,57	H21B C
NGUYÊN TỬ	8692	CB	VAL	152	81,098	42,617	-29,689	1,00	39,88	H21B C
NGUYÊN TỬ	8693	CG1	VAL	152	79,869	43,496	-29,558	1,00	40,66	H21B C
NGUYÊN TỬ	8694	CG2	VAL	152	81,432	41,967	-28,355	1,00	38,69	H21B C
NGUYÊN TỬ	8695	C	VAL	152	82,112	40,689	-30,924	1,00	40,03	H21B C
NGUYÊN TỬ	8696	O	VAL	152	82,258	39,655	-30,288	1,00	38,78	H21B O
NGUYÊN TỬ	8697	N	THR	153	83,018	41,120	-31,780	1,00	40,25	H21B N
NGUYÊN TỬ	8698	CA	THR	153	84,279	40,431	-31,900	1,00	42,37	H21B C
NGUYÊN TỬ	8699	CB	THR	153	84,458	39,941	-33,336	1,00	44,70	H21B C
NGUYÊN TỬ	8700	OG1	THR	153	84,342	41,054	-34,231	1,00	49,27	H21B O
NGUYÊN TỬ	8701	CG2	THR	153	83,372	38,916	-33,683	1,00	46,36	H21B C
NGUYÊN TỬ	8702	C	THR	153	85,399	41,392	-31,504	1,00	43,32	H21B C
NGUYÊN TỬ	8703	O	THR	153	85,273	42,599	-31,688	1,00	44,64	H21B O
NGUYÊN TỬ	8704	N	VAL	154	86,485	40,871	-30,941	1,00	43,33	H21B N
NGUYÊN TỬ	8705	CA	VAL	154	87,588	41,733	-30,518	1,00	42,48	H21B C
NGUYÊN TỬ	8706	CB	VAL	154	87,654	41,842	-28,985	1,00	40,02	H21B C
NGUYÊN TỬ	8707	CG1	VAL	154	88,723	42,809	-28,587	1,00	39,30	H21B C
NGUYÊN TỬ	8708	CG2	VAL	154	86,336	42,294	-28,452	1,00	39,07	H21B C
NGUYÊN TỬ	8709	C	VAL	154	88,944	41,253	-31,038	1,00	44,23	H21B C
NGUYÊN TỬ	8710	O	VAL	154	89,225	40,061	-31,084	1,00	45,14	H21B O
NGUYÊN TỬ	8711	N	SER	155	89,779	42,199	-31,436	1,00	46,16	H21B N
NGUYÊN TỬ	8712	CA	SER	155	91,058	41,898	-32,053	1,00	49,14	H21B C
NGUYÊN TỬ	8713	CB	SER	155	90,953	42,124	-33,568	1,00	50,30	H21B C
NGUYÊN TỬ	8714	OG	SER	155	92,205	42,456	-34,151	1,00	52,89	H21B O
NGUYÊN TỬ	8715	C	SER	155	92,100	42,830	-31,429	1,00	51,51	H21B C
NGUYÊN TỬ	8716	O	SER	155	91,742	43,875	-30,870	1,00	52,21	H21B O
NGUYÊN TỬ	8717	N	TRP	156	93,377	42,461	-31,508	1,00	51,65	H21B N
NGUYÊN TỬ	8718	CA	TRP	156	94,425	43,269	-30,892	1,00	53,25	H21B C
NGUYÊN TỬ	8719	CB	TRP	156	94,963	42,580	-29,636	1,00	51,30	H21B C
NGUYÊN TỬ	8720	CG	TRP	156	94,025	42,624	-28,473	1,00	48,72	H21B C
NGUYÊN TỬ	8721	CD2	TRP	156	93,881	43,691	-27,533	1,00	46,26	H21B C
NGUYÊN TỬ	8722	CE2	TRP	156	92,913	43,291	-26,592	1,00	45,15	H21B C
NGUYÊN TỬ	8723	CE3	TRP	156	94,477	44,943	-27,396	1,00	43,80	H21B C
NGUYÊN TỬ	8724	CD1	TRP	156	93,157	41,645	-28,077	1,00	47,86	H21B C
NGUYÊN TỬ	8725	NE1	TRP	156	92,486	42,039	-26,945	1,00	45,30	H21B N
NGUYÊN TỬ	8726	CZ2	TRP	156	92,529	44,102	-25,526	1,00	44,56	H21B C
NGUYÊN TỬ	8727	CZ3	TRP	156	94,097	45,745	-26,340	1,00	43,81	H21B C
NGUYÊN TỬ	8728	CH2	TRP	156	93,129	45,323	-25,416	1,00	42,87	H21B C
NGUYÊN TỬ	8729	C	TRP	156	95,583	43,578	-31,828	1,00	56,08	H21B C
NGUYÊN TỬ	8730	O	TRP	156	96,211	42,682	-32,388	1,00	55,96	H21B O
NGUYÊN TỬ	8731	N	ASN	157	95,878	44,861	-31,977	1,00	60,61	H21B N
NGUYÊN TỬ	8732	CA	ASN	157	96,870	45,289	-32,952	1,00	64,41	H21B C
NGUYÊN TỬ	8733	CB	ASN	157	98,284	44,890	-32,479	1,00	65,66	H21B C
NGUYÊN TỬ	8734	CG	ASN	157	98,725	45,647	-31,206	1,00	66,78	H21B C
NGUYÊN TỬ	8735	OD1	ASN	157	98,165	46,697	-30,860	1,00	66,57	H21B O
NGUYÊN TỬ	8736	ND2	ASN	157	99,731	45,110	-30,515	1,00	63,54	H21B N
NGUYÊN TỬ	8737	C	ASN	157	96,515	44,625	-34,287	1,00	66,14	H21B C
NGUYÊN TỬ	8738	O	ASN	157	97,389	44,180	-35,031	1,00	66,39	H21B O

NGUYÊN TỬ	8739	N	SER	158	95,211	44,546	-34,558	1,00	67,60	H21B N
NGUYÊN TỬ	8740	CA	SER	158	94,688	44,092	-35,843	1,00	68,35	H21B C
NGUYÊN TỬ	8741	CB	SER	158	95,198	44,984	-36,968	1,00	68,48	H21B C
NGUYÊN TỬ	8742	OG	SER	158	94,876	46,343	-36,726	1,00	69,06	H21B O
NGUYÊN TỬ	8743	C	SER	158	95,052	42,655	-36,141	1,00	69,01	H21B C
NGUYÊN TỬ	8744	O	SER	158	94,963	42,206	-37,282	1,00	69,30	H21B O
NGUYÊN TỬ	8745	N	GLY	159	95,464	41,938	-35,103	1,00	69,36	H21B N
NGUYÊN TỬ	8746	CA	GLY	159	95,792	40,535	-35,255	1,00	69,78	H21B C
NGUYÊN TỬ	8747	C	GLY	159	97,208	40,233	-34,819	1,00	70,12	H21B C
NGUYÊN TỬ	8748	O	GLY	159	97,498	39,142	-34,331	1,00	69,25	H21B O
NGUYÊN TỬ	8749	N	ALA	160	98,093	41,208	-34,985	1,00	71,83	H21B N
NGUYÊN TỬ	8750	CA	ALA	160	99,512	41,003	-34,717	1,00	73,36	H21B C
NGUYÊN TỬ	8751	CB	ALA	160	100,271	42,319	-34,871	1,00	73,77	H21B C
NGUYÊN TỬ	8752	C	ALA	160	99,731	40,430	-33,320	1,00	74,01	H21B C
NGUYÊN TỬ	8753	O	ALA	160	100,796	39,892	-33,022	1,00	75,23	H21B O
NGUYÊN TỬ	8754	N	LEU	161	98,716	40,545	-32,469	1,00	73,29	H21B N
NGUYÊN TỬ	8755	CA	LEU	161	98,813	40,076	-31,093	1,00	71,19	H21B C
NGUYÊN TỬ	8756	CB	LEU	161	98,713	41,266	-30,135	1,00	71,12	H21B C
NGUYÊN TỬ	8757	CG	LEU	161	99,008	41,016	-28,659	1,00	70,62	H21B C
NGUYÊN TỬ	8758	CD1	LEU	161	100,385	40,403	-28,515	1,00	72,48	H21B C
NGUYÊN TỬ	8759	CD2	LEU	161	98,927	42,322	-27,897	1,00	69,65	H21B C
NGUYÊN TỬ	8760	C	LEU	161	97,703	39,073	-30,793	1,00	70,20	H21B C
NGUYÊN TỬ	8761	O	LEU	161	96,541	39,445	-30,655	1,00	69,33	H21B O
NGUYÊN TỬ	8762	N	THR	162	98,063	37,798	-30,699	1,00	69,03	H21B N
NGUYÊN TỬ	8763	CA	THR	162	97,090	36,767	-30,376	1,00	69,44	H21B C
NGUYÊN TỬ	8764	CB	THR	162	97,079	35,661	-31,444	1,00	70,49	H21B C
NGUYÊN TỬ	8765	OG1	THR	162	98,431	35,293	-31,752	1,00	72,93	H21B O
NGUYÊN TỬ	8766	CG2	THR	162	96,367	36,127	-32,697	1,00	69,81	H21B C
NGUYÊN TỬ	8767	C	THR	162	97,417	36,143	-29,024	1,00	69,37	H21B C
NGUYÊN TỬ	8768	O	THR	162	96,528	35,857	-28,220	1,00	68,44	H21B O
NGUYÊN TỬ	8769	N	SER	163	98,703	35,943	-28,773	1,00	68,77	H21B N
NGUYÊN TỬ	8770	CA	SER	163	99,130	35,291	-27,550	1,00	68,52	H21B C
NGUYÊN TỬ	8771	CB	SER	163	100,646	35,102	-27,577	1,00	68,30	H21B C
NGUYÊN TỬ	8772	OG	SER	163	101,019	33,934	-26,874	1,00	69,26	H21B O
NGUYÊN TỬ	8773	C	SER	163	98,720	36,107	-26,319	1,00	68,15	H21B C
NGUYÊN TỬ	8774	O	SER	163	98,861	37,332	-26,300	1,00	69,61	H21B O
NGUYÊN TỬ	8775	N	GLY	164	98,203	35,419	-25,300	1,00	66,79	H21B N
NGUYÊN TỬ	8776	CA	GLY	164	97,882	36,063	-24,033	1,00	63,70	H21B C
NGUYÊN TỬ	8777	C	GLY	164	96,541	36,773	-24,043	1,00	61,53	H21B C
NGUYÊN TỬ	8778	O	GLY	164	96,106	37,351	-23,038	1,00	59,15	H21B O
NGUYÊN TỬ	8779	N	VAL	165	95,891	36,733	-25,200	1,00	60,65	H21B N
NGUYÊN TỬ	8780	CA	VAL	165	94,596	37,360	-25,381	1,00	61,21	H21B C
NGUYÊN TỬ	8781	CB	VAL	165	94,320	37,626	-26,867	1,00	60,77	H21B C
NGUYÊN TỬ	8782	CG1	VAL	165	92,857	38,002	-27,064	1,00	61,36	H21B C
NGUYÊN TỬ	8783	CG2	VAL	165	95,225	38,729	-27,365	1,00	61,58	H21B C
NGUYÊN TỬ	8784	C	VAL	165	93,490	36,473	-24,842	1,00	61,45	H21B C
NGUYÊN TỬ	8785	O	VAL	165	93,344	35,331	-25,271	1,00	62,50	H21B O
NGUYÊN TỬ	8786	N	HIS	166	92,716	37,007	-23,903	1,00	61,14	H21B N
NGUYÊN TỬ	8787	CA	HIS	166	91,531	36,329	-23,404	1,00	61,29	H21B C
NGUYÊN TỬ	8788	CB	HIS	166	91,764	35,867	-21,964	1,00	65,46	H21B C
NGUYÊN TỬ	8789	CG	HIS	166	91,226	34,498	-21,675	1,00	72,03	H21B C
NGUYÊN TỬ	8790	CD2	HIS	166	91,738	33,267	-21,923	1,00	74,47	H21B C
NGUYÊN TỬ	8791	ND1	HIS	166	90,012	34,289	-21,051	1,00	74,85	H21B N
NGUYÊN TỬ	8792	CE1	HIS	166	89,800	32,990	-20,926	1,00	76,37	H21B C
NGUYÊN TỬ	8793	NE2	HIS	166	90,832	32,347	-21,447	1,00	76,73	H21B N
NGUYÊN TỬ	8794	C	HIS	166	90,306	37,248	-23,481	1,00	58,26	H21B C
NGUYÊN TỬ	8795	O	HIS	166	90,182	38,217	-22,728	1,00	57,57	H21B O
NGUYÊN TỬ	8796	N	THR	167	89,406	36,931	-24,404	1,00	54,96	H21B N
NGUYÊN TỬ	8797	CA	THR	167	88,176	37,690	-24,574	1,00	52,16	H21B C
NGUYÊN TỬ	8798	CB	THR	167	87,855	37,872	-26,068	1,00	52,06	H21B C
NGUYÊN TỬ	8799	OG1	THR	167	89,000	38,412	-26,743	1,00	52,50	H21B O
NGUYÊN TỬ	8800	CG2	THR	167	86,705	38,836	-26,241	1,00	50,49	H21B C
NGUYÊN TỬ	8801	C	THR	167	86,994	36,988	-23,883	1,00	49,74	H21B C
NGUYÊN TỬ	8802	O	THR	167	86,444	36,017	-24,396	1,00	49,74	H21B O
NGUYÊN TỬ	8803	N	PHE	168	86,605	37,506	-22,722	1,00	46,79	H21B N
NGUYÊN TỬ	8804	CA	PHE	168	85,631	36,862	-21,854	1,00	44,69	H21B C
NGUYÊN TỬ	8805	CB	PHE	168	85,690	37,497	-20,469	1,00	42,76	H21B C
NGUYÊN TỬ	8806	CG	PHE	168	86,901	37,114	-19,682	1,00	41,19	H21B C
NGUYÊN TỬ	8807	CD1	PHE	168	88,035	37,895	-19,707	1,00	40,51	H21B C
NGUYÊN TỬ	8808	CD2	PHE	168	86,896	35,976	-18,896	1,00	42,33	H21B C
NGUYÊN TỬ	8809	CE1	PHE	168	89,141	37,551	-18,962	1,00	40,25	H21B C
NGUYÊN TỬ	8810	CE2	PHE	168	88,003	35,625	-18,148	1,00	41,44	H21B C
NGUYÊN TỬ	8811	CZ	PHE	168	89,122	36,411	-18,180	1,00	40,34	H21B C
NGUYÊN TỬ	8812	C	PHE	168	84,199	36,929	-22,373	1,00	43,71	H21B C
NGUYÊN TỬ	8813	O	PHE	168	83,829	37,859	-23,077	1,00	45,06	H21B O
NGUYÊN TỬ	8814	N	PRO	169	83,367	35,942	-22,014	1,00	42,61	H21B N

NGUYÊN TỬ	8815	CD	PRO	169	83,682	34,799	-21,144	1,00	41,27	H21B C
NGUYÊN TỬ	8816	CA	PRO	169	81,976	35,900	-22,477	1,00	42,04	H21B C
NGUYÊN TỬ	8817	CB	PRO	169	81,472	34,548	-21,975	1,00	40,17	H21B C
NGUYÊN TỬ	8818	CG	PRO	169	82,714	33,768	-21,619	1,00	39,86	H21B C
NGUYÊN TỬ	8819	C	PRO	169	81,201	37,061	-21,867	1,00	41,81	H21B C
NGUYÊN TỬ	8820	O	PRO	169	81,511	37,493	-20,757	1,00	40,70	H21B O
NGUYÊN TỬ	8821	N	ALA	170	80,201	37,562	-22,587	1,00	41,85	H21B N
NGUYÊN TỬ	8822	CA	ALA	170	79,512	38,785	-22,184	1,00	43,47	H21B C
NGUYÊN TỬ	8823	CB	ALA	170	78,573	39,232	-23,285	1,00	42,59	H21B C
NGUYÊN TỬ	8824	C	ALA	170	78,735	38,618	-20,879	1,00	45,43	H21B C
NGUYÊN TỬ	8825	O	ALA	170	78,762	37,571	-20,255	1,00	46,51	H21B O
NGUYÊN TỬ	8826	N	VAL	171	78,049	39,668	-20,465	1,00	47,55	H21B N
NGUYÊN TỬ	8827	CA	VAL	171	77,162	39,592	-19,323	1,00	50,15	H21B C
NGUYÊN TỬ	8828	CB	VAL	171	77,784	40,306	-18,077	1,00	49,03	H21B C
NGUYÊN TỬ	8829	CG1	VAL	171	77,820	41,807	-18,287	1,00	46,37	H21B C
NGUYÊN TỬ	8830	CG2	VAL	171	77,008	39,969	-16,817	1,00	47,04	H21B C
NGUYÊN TỬ	8831	C	VAL	171	75,921	40,335	-19,788	1,00	54,76	H21B C
NGUYÊN TỬ	8832	O	VAL	171	76,035	41,327	-20,502	1,00	54,18	H21B O
NGUYÊN TỬ	8833	N	LEU	172	74,742	39,841	-19,423	1,00	60,45	H21B N
NGUYÊN TỬ	8834	CA	LEU	172	73,507	40,542	-19,741	1,00	66,51	H21B C
NGUYÊN TỬ	8835	CB	LEU	172	72,403	39,548	-20,094	1,00	69,05	H21B C
NGUYÊN TỬ	8836	CG	LEU	172	72,171	39,445	-21,602	1,00	71,42	H21B C
NGUYÊN TỬ	8837	CD1	LEU	172	71,366	38,195	-21,963	1,00	70,43	H21B C
NGUYÊN TỬ	8838	CD2	LEU	172	71,459	40,714	-22,037	1,00	71,49	H21B C
NGUYÊN TỬ	8839	C	LEU	172	73,088	41,398	-18,564	1,00	69,67	H21B C
NGUYÊN TỬ	8840	O	LEU	172	73,104	40,942	-17,423	1,00	70,14	H21B O
NGUYÊN TỬ	8841	N	GLN	173	72,719	42,640	-18,851	1,00	73,42	H21B N
NGUYÊN TỬ	8842	CA	GLN	173	72,562	43,655	-17,823	1,00	77,15	H21B C
NGUYÊN TỬ	8843	CB	GLN	173	72,867	45,038	-18,404	1,00	79,75	H21B C
NGUYÊN TỬ	8844	CG	GLN	173	74,312	45,248	-18,827	1,00	83,55	H21B C
NGUYÊN TỬ	8845	CD	GLN	173	75,172	45,782	-17,698	1,00	85,89	H21B C
NGUYÊN TỬ	8846	OE1	GLN	173	74,729	45,856	-16,548	1,00	86,83	H21B O
NGUYÊN TỬ	8847	NE2	GLN	173	76,410	46,159	-18,020	1,00	87,03	H21B N
NGUYÊN TỬ	8848	C	GLN	173	71,166	43,671	-17,216	1,00	78,60	H21B C
NGUYÊN TỬ	8849	O	GLN	173	70,259	42,965	-17,669	1,00	79,70	H21B O
NGUYÊN TỬ	8850	N	SER	174	71,007	44,489	-16,181	1,00	79,33	H21B N
NGUYÊN TỬ	8851	CA	SER	174	69,697	44,771	-15,607	1,00	79,53	H21B C
NGUYÊN TỬ	8852	CB	SER	174	69,846	45,630	-14,344	1,00	81,67	H21B C
NGUYÊN TỬ	8853	OG	SER	174	70,638	46,782	-14,601	1,00	84,74	H21B O
NGUYÊN TỬ	8854	C	SER	174	68,839	45,509	-16,629	1,00	78,22	H21B C
NGUYÊN TỬ	8855	O	SER	174	67,741	45,967	-16,306	1,00	77,64	H21B O
NGUYÊN TỬ	8856	N	SER	175	69,352	45,623	-17,855	1,00	76,80	H21B N
NGUYÊN TỬ	8857	CA	SER	175	68,678	46,367	-18,916	1,00	74,39	H21B C
NGUYÊN TỬ	8858	CB	SER	175	69,153	47,826	-18,914	1,00	74,01	H21B C
NGUYÊN TỬ	8859	OG	SER	175	70,555	47,916	-19,114	1,00	75,07	H21B O
NGUYÊN TỬ	8860	C	SER	175	68,868	45,759	-20,311	1,00	72,21	H21B C
NGUYÊN TỬ	8861	O	SER	175	69,097	46,469	-21,280	1,00	71,78	H21B O
NGUYÊN TỬ	8862	N	GLY	176	68,769	44,442	-20,415	1,00	70,15	H21B N
NGUYÊN TỬ	8863	CA	GLY	176	68,736	43,815	-21,728	1,00	66,86	H21B C
NGUYÊN TỬ	8864	C	GLY	176	70,029	43,889	-22,527	1,00	65,20	H21B C
NGUYÊN TỬ	8865	O	GLY	176	70,210	43,127	-23,485	1,00	64,83	H21B O
NGUYÊN TỬ	8866	N	LEU	177	70,931	44,791	-22,137	1,00	62,07	H21B N
NGUYÊN TỬ	8867	CA	LEU	177	72,141	45,050	-22,913	1,00	57,24	H21B C
NGUYÊN TỬ	8868	CB	LEU	177	72,484	46,530	-22,838	1,00	57,31	H21B C
NGUYÊN TỬ	8869	CG	LEU	177	71,501	47,426	-23,584	1,00	57,05	H21B C
NGUYÊN TỬ	8870	CD1	LEU	177	71,938	48,874	-23,476	1,00	57,20	H21B C
NGUYÊN TỬ	8871	CD2	LEU	177	71,436	46,997	-25,032	1,00	57,12	H21B C
NGUYÊN TỬ	8872	C	LEU	177	73,357	44,217	-22,511	1,00	54,53	H21B C
NGUYÊN TỬ	8873	O	LEU	177	73,426	43,700	-21,405	1,00	54,83	H21B O
NGUYÊN TỬ	8874	N	TYR	178	74,312	44,093	-23,428	1,00	51,17	H21B N
NGUYÊN TỬ	8875	CA	TYR	178	75,484	43,241	-23,240	1,00	48,45	H21B C
NGUYÊN TỬ	8876	CB	TYR	178	75,706	42,398	-24,488	1,00	50,40	H21B C
NGUYÊN TỬ	8877	CG	TYR	178	74,710	41,284	-24,665	1,00	54,91	H21B C
NGUYÊN TỬ	8878	CD1	TYR	178	75,084	39,954	-24,470	1,00	56,36	H21B C
NGUYÊN TỬ	8879	CE1	TYR	178	74,190	38,922	-24,662	1,00	55,89	H21B C
NGUYÊN TỬ	8880	CD2	TYR	178	73,400	41,547	-25,057	1,00	56,50	H21B C
NGUYÊN TỬ	8881	CE2	TYR	178	72,499	40,513	-25,251	1,00	57,35	H21B C
NGUYÊN TỬ	8882	CZ	TYR	178	72,904	39,206	-25,052	1,00	56,84	H21B C
NGUYÊN TỬ	8883	OH	TYR	178	72,014	38,179	-25,249	1,00	58,94	H21B O
NGUYÊN TỬ	8884	C	TYR	178	76,790	43,988	-22,922	1,00	45,48	H21B C
NGUYÊN TỬ	8885	O	TYR	178	76,992	45,136	-23,331	1,00	42,53	H21B O
NGUYÊN TỬ	8886	N	SER	179	77,678	43,312	-22,203	1,00	42,07	H21B N
NGUYÊN TỬ	8887	CA	SER	179	79,030	43,814	-21,992	1,00	41,79	H21B C
NGUYÊN TỬ	8888	CB	SER	179	79,101	44,678	-20,721	1,00	40,35	H21B C
NGUYÊN TỬ	8889	OG	SER	179	78,480	45,938	-20,886	1,00	39,39	H21B O
NGUYÊN TỬ	8890	C	SER	179	80,025	42,657	-21,868	1,00	40,86	H21B C

NGUYÊN TỬ	8891	O	SER	179	79,888	41,808	-20,998	1,00	41,44	H21B O
NGUYÊN TỬ	8892	N	LEU	180	81,025	42,615	-22,740	1,00	39,48	H21B N
NGUYÊN TỬ	8893	CA	LEU	180	82,168	41,752	-22,495	1,00	38,55	H21B C
NGUYÊN TỬ	8894	CB	LEU	180	82,356	40,749	-23,644	1,00	38,54	H21B C
NGUYÊN TỬ	8895	CG	LEU	180	82,521	41,258	-25,080	1,00	39,73	H21B C
NGUYÊN TỬ	8896	CD1	LEU	180	83,775	42,126	-25,212	1,00	40,85	H21B C
NGUYÊN TỬ	8897	CD2	LEU	180	82,624	40,063	-26,010	1,00	39,95	H21B C
NGUYÊN TỬ	8898	C	LEU	180	83,403	42,628	-22,334	1,00	38,44	H21B C
NGUYÊN TỬ	8899	O	LEU	180	83,321	43,848	-22,463	1,00	38,53	H21B O
NGUYÊN TỬ	8900	N	SER	181	84,540	42,011	-22,033	1,00	37,53	H21B N
NGUYÊN TỬ	8901	CA	SER	181	85,803	42,731	-22,001	1,00	37,68	H21B C
NGUYÊN TỬ	8902	CB	SER	181	86,069	43,318	-20,607	1,00	37,05	H21B C
NGUYÊN TỬ	8903	OG	SER	181	85,701	42,431	-19,566	1,00	37,89	H21B O
NGUYÊN TỬ	8904	C	SER	181	86,931	41,809	-22,408	1,00	38,52	H21B C
NGUYÊN TỬ	8905	O	SER	181	86,928	40,639	-22,067	1,00	38,90	H21B O
NGUYÊN TỬ	8906	N	SER	182	87,881	42,334	-23,174	1,00	39,83	H21B N
NGUYÊN TỬ	8907	CA	SER	182	88,983	41,528	-23,659	1,00	39,81	H21B C
NGUYÊN TỬ	8908	CB	SER	182	89,139	41,681	-25,166	1,00	39,45	H21B C
NGUYÊN TỬ	8909	OG	SER	182	90,164	40,820	-25,641	1,00	41,46	H21B O
NGUYÊN TỬ	8910	C	SER	182	90,262	41,955	-22,964	1,00	40,20	H21B C
NGUYÊN TỬ	8911	O	SER	182	90,544	43,149	-22,828	1,00	38,40	H21B O
NGUYÊN TỬ	8912	N	VAL	183	91,022	40,967	-22,507	1,00	40,90	H21B N
NGUYÊN TỬ	8913	CA	VAL	183	92,246	41,226	-21,767	1,00	42,48	H21B C
NGUYÊN TỬ	8914	CB	VAL	183	92,213	40,579	-20,356	1,00	41,50	H21B C
NGUYÊN TỬ	8915	CG1	VAL	183	93,340	39,579	-20,229	1,00	41,59	H21B C
NGUYÊN TỬ	8916	CG2	VAL	183	92,335	41,636	-19,273	1,00	40,00	H21B C
NGUYÊN TỬ	8917	C	VAL	183	93,384	40,596	-22,544	1,00	43,84	H21B C
NGUYÊN TỬ	8918	O	VAL	183	93,262	39,464	-23,007	1,00	43,94	H21B O
NGUYÊN TỬ	8919	N	VAL	184	94,486	41,321	-22,694	1,00	44,89	H21B N
NGUYÊN TỬ	8920	CA	VAL	184	95,714	40,683	-23,142	1,00	47,11	H21B C
NGUYÊN TỬ	8921	CB	VAL	184	96,204	41,307	-24,477	1,00	45,90	H21B C
NGUYÊN TỬ	8922	CG1	VAL	184	96,653	42,736	-24,269	1,00	45,60	H21B C
NGUYÊN TỬ	8923	CG2	VAL	184	97,322	40,469	-25,050	1,00	46,59	H21B C
NGUYÊN TỬ	8924	C	VAL	184	96,786	40,813	-22,053	1,00	49,55	H21B C
NGUYÊN TỬ	8925	O	VAL	184	96,842	41,827	-21,353	1,00	48,61	H21B O
NGUYÊN TỬ	8926	N	THR	185	97,604	39,775	-21,887	1,00	51,80	H21B N
NGUYÊN TỬ	8927	CA	THR	185	98,753	39,851	-20,986	1,00	54,28	H21B C
NGUYÊN TỬ	8928	CB	THR	185	98,912	38,581	-20,125	1,00	55,24	H21B C
NGUYÊN TỬ	8929	OG1	THR	185	99,015	37,434	-20,977	1,00	57,32	H21B O
NGUYÊN TỬ	8930	CG2	THR	185	97,728	38,409	-19,188	1,00	56,03	H21B C
NGUYÊN TỬ	8931	C	THR	185	100,028	40,027	-21,791	1,00	57,09	H21B C
NGUYÊN TỬ	8932	O	THR	185	100,246	39,332	-22,793	1,00	56,47	H21B O
NGUYÊN TỬ	8933	N	VAL	186	100,863	40,961	-21,340	1,00	60,48	H21B N
NGUYÊN TỬ	8934	CA	VAL	186	102,081	41,354	-22,045	1,00	63,14	H21B C
NGUYÊN TỬ	8935	CB	VAL	186	101,834	42,577	-22,931	1,00	63,28	H21B C
NGUYÊN TỬ	8936	CG1	VAL	186	100,857	42,232	-24,023	1,00	63,21	H21B C
NGUYÊN TỬ	8937	CG2	VAL	186	101,306	43,725	-22,082	1,00	63,11	H21B C
NGUYÊN TỬ	8938	C	VAL	186	103,187	41,719	-21,059	1,00	67,74	H21B C
NGUYÊN TỬ	8939	O	VAL	186	102,917	42,082	-19,909	1,00	67,37	H21B O
NGUYÊN TỬ	8940	N	PRO	187	104,453	41,639	-21,505	1,00	72,12	H21B N
NGUYÊN TỬ	8941	CD	PRO	187	104,854	41,036	-22,788	1,00	71,71	H21B C
NGUYÊN TỬ	8942	CA	PRO	187	105,618	42,055	-20,718	1,00	73,03	H21B C
NGUYÊN TỬ	8943	CB	PRO	187	106,789	41,807	-21,659	1,00	72,51	H21B C
NGUYÊN TỬ	8944	CG	PRO	187	106,303	40,741	-22,576	1,00	71,49	H21B C
NGUYÊN TỬ	8945	C	PRO	187	105,524	43,514	-20,312	1,00	76,95	H21B C
NGUYÊN TỬ	8946	O	PRO	187	105,373	44,389	-21,165	1,00	78,69	H21B O
NGUYÊN TỬ	8947	N	SER	188	105,619	43,767	-19,009	1,00	80,50	H21B N
NGUYÊN TỬ	8948	CA	SER	188	105,532	45,124	-18,464	1,00	82,60	H21B C
NGUYÊN TỬ	8949	CB	SER	188	105,372	45,064	-16,946	1,00	82,32	H21B C
NGUYÊN TỬ	8950	OG	SER	188	106,304	44,157	-16,387	1,00	81,51	H21B O
NGUYÊN TỬ	8951	C	SER	188	106,756	45,969	-18,819	1,00	83,71	H21B C
NGUYÊN TỬ	8952	O	SER	188	106,805	47,170	-18,543	1,00	84,16	H21B O
NGUYÊN TỬ	8953	N	SER	189	107,746	45,321	-19,420	1,00	84,52	H21B N
NGUYÊN TỬ	8954	CA	SER	189	108,873	46,014	-20,027	1,00	85,15	H21B C
NGUYÊN TỬ	8955	CB	SER	189	109,991	45,015	-20,320	1,00	84,73	H21B C
NGUYÊN TỬ	8956	OG	SER	189	109,521	43,969	-21,154	1,00	84,01	H21B O
NGUYÊN TỬ	8957	C	SER	189	108,413	46,671	-21,328	1,00	86,33	H21B C
NGUYÊN TỬ	8958	O	SER	189	108,841	47,777	-21,675	1,00	85,19	H21B O
NGUYÊN TỬ	8959	N	SER	190	107,530	45,982	-22,042	1,00	87,47	H21B N
NGUYÊN TỬ	8960	CA	SER	190	107,110	46,423	-23,361	1,00	88,98	H21B C
NGUYÊN TỬ	8961	CB	SER	190	106,444	45,262	-24,102	1,00	89,63	H21B C
NGUYÊN TỬ	8962	OG	SER	190	106,386	45,516	-25,496	1,00	90,22	H21B O
NGUYÊN TỬ	8963	C	SER	190	106,156	47,615	-23,282	1,00	88,95	H21B C
NGUYÊN TỬ	8964	O	SER	190	105,962	48,334	-24,264	1,00	89,75	H21B O
NGUYÊN TỬ	8965	N	LEU	191	105,562	47,826	-22,113	1,00	88,06	H21B N
NGUYÊN TỬ	8966	CA	LEU	191	104,711	48,990	-21,912	1,00	87,45	H21B C

NGUYÊN TỬ	8967	CB	LEU	191	104,184	49,024	-20,474	1,00	86,50	H21B C
NGUYÊN TỬ	8968	CG	LEU	191	103,411	47,794	-19,980	1,00	84,98	H21B C
NGUYÊN TỬ	8969	CD1	LEU	191	103,043	47,973	-18,519	1,00	83,28	H21B C
NGUYÊN TỬ	8970	CD2	LEU	191	102,159	47,595	-20,819	1,00	84,31	H21B C
NGUYÊN TỬ	8971	C	LEU	191	105,534	50,241	-22,192	1,00	88,10	H21B C
NGUYÊN TỬ	8972	O	LEU	191	106,747	50,257	-21,974	1,00	88,98	H21B O
NGUYÊN TỬ	8973	N	GLY	192	104,882	51,287	-22,686	1,00	88,53	H21B N
NGUYÊN TỬ	8974	CA	GLY	192	105,593	52,525	-22,956	1,00	89,47	H21B C
NGUYÊN TỬ	8975	C	GLY	192	106,283	52,577	-24,314	1,00	90,10	H21B C
NGUYÊN TỬ	8976	O	GLY	192	106,279	53,623	-24,971	1,00	90,36	H21B O
NGUYÊN TỬ	8977	N	THR	193	106,877	51,462	-24,739	1,00	89,29	H21B N
NGUYÊN TỬ	8978	CA	THR	193	107,531	51,396	-26,043	1,00	88,82	H21B C
NGUYÊN TỬ	8979	CB	THR	193	108,976	50,904	-25,928	1,00	88,80	H21B C
NGUYÊN TỬ	8980	OG1	THR	193	108,990	49,601	-25,336	1,00	89,49	H21B O
NGUYÊN TỬ	8981	CG2	THR	193	109,791	51,861	-25,080	1,00	88,67	H21B C
NGUYÊN TỬ	8982	C	THR	193	106,795	50,468	-26,992	1,00	88,83	H21B C
NGUYÊN TỬ	8983	O	THR	193	107,223	50,261	-28,129	1,00	88,87	H21B O
NGUYÊN TỬ	8984	N	GLN	194	105,695	49,895	-26,515	1,00	88,58	H21B N
NGUYÊN TỬ	8985	CA	GLN	194	104,795	49,153	-27,387	1,00	87,54	H21B C
NGUYÊN TỬ	8986	CB	GLN	194	104,771	47,671	-27,010	1,00	87,84	H21B C
NGUYÊN TỬ	8987	CG	GLN	194	103,816	46,833	-27,853	1,00	87,81	H21B C
NGUYÊN TỬ	8988	CD	GLN	194	104,129	46,880	-29,333	1,00	87,69	H21B C
NGUYÊN TỬ	8989	OE1	GLN	194	104,621	47,885	-29,844	1,00	88,63	H21B O
NGUYÊN TỬ	8990	NE2	GLN	194	103,844	45,788	-30,033	1,00	88,04	H21B N
NGUYÊN TỬ	8991	C	GLN	194	103,381	49,712	-27,337	1,00	86,21	H21B C
NGUYÊN TỬ	8992	O	GLN	194	102,820	49,944	-26,264	1,00	85,43	H21B O
NGUYÊN TỬ	8993	N	THR	195	102,813	49,934	-28,514	1,00	84,94	H21B N
NGUYÊN TỬ	8994	CA	THR	195	101,447	50,408	-28,602	1,00	83,65	H21B C
NGUYÊN TỬ	8995	CB	THR	195	101,205	51,195	-29,918	1,00	84,72	H21B C
NGUYÊN TỬ	8996	OG1	THR	195	101,519	50,364	-31,043	1,00	84,98	H21B O
NGUYÊN TỬ	8997	CG2	THR	195	102,077	52,443	-29,959	1,00	85,59	H21B C
NGUYÊN TỬ	8998	C	THR	195	100,521	49,204	-28,547	1,00	80,85	H21B C
NGUYÊN TỬ	8999	O	THR	195	100,749	48,207	-29,227	1,00	79,88	H21B O
NGUYÊN TỬ	9000	N	TYR	196	99,487	49,289	-27,719	1,00	78,25	H21B N
NGUYÊN TỬ	9001	CA	TYR	196	98,466	48,256	-27,700	1,00	76,01	H21B C
NGUYÊN TỬ	9002	CB	TYR	196	98,425	47,577	-26,326	1,00	77,54	H21B C
NGUYÊN TỬ	9003	CG	TYR	196	99,661	46,749	-26,046	1,00	79,65	H21B C
NGUYÊN TỬ	9004	CD1	TYR	196	100,738	47,281	-25,342	1,00	81,11	H21B C
NGUYÊN TỬ	9005	CE1	TYR	196	101,898	46,540	-25,132	1,00	81,59	H21B C
NGUYÊN TỬ	9006	CD2	TYR	196	99,773	45,449	-26,528	1,00	80,81	H21B C
NGUYÊN TỬ	9007	CE2	TYR	196	100,927	44,700	-26,323	1,00	81,26	H21B C
NGUYÊN TỬ	9008	CZ	TYR	196	101,987	45,251	-25,628	1,00	81,91	H21B C
NGUYÊN TỬ	9009	OH	TYR	196	103,143	44,523	-25,455	1,00	81,33	H21B O
NGUYÊN TỬ	9010	C	TYR	196	97,109	48,849	-28,059	1,00	73,03	H21B C
NGUYÊN TỬ	9011	O	TYR	196	96,591	49,728	-27,362	1,00	72,39	H21B O
NGUYÊN TỬ	9012	N	ILE	197	96,553	48,374	-29,170	1,00	68,83	H21B N
NGUYÊN TỬ	9013	CA	ILE	197	95,256	48,838	-29,634	1,00	64,42	H21B C
NGUYÊN TỬ	9014	CB	ILE	197	95,323	49,442	-31,055	1,00	63,76	H21B C
NGUYÊN TỬ	9015	CG2	ILE	197	93,937	49,836	-31,516	1,00	59,55	H21B C
NGUYÊN TỬ	9016	CG1	ILE	197	96,218	50,676	-31,064	1,00	63,89	H21B C
NGUYÊN TỬ	9017	CD1	ILE	197	96,068	51,503	-32,321	1,00	66,94	H21B C
NGUYÊN TỬ	9018	C	ILE	197	94,266	47,698	-29,670	1,00	61,31	H21B C
NGUYÊN TỬ	9019	O	ILE	197	94,502	46,665	-30,296	1,00	61,15	H21B O
NGUYÊN TỬ	9020	N	CYS	198	93,148	47,904	-28,990	1,00	57,57	H21B N
NGUYÊN TỬ	9021	CA	CYS	198	92,029	46,985	-29,052	1,00	52,01	H21B C
NGUYÊN TỬ	9022	C	CYS	198	91,039	47,522	-30,085	1,00	47,01	H21B C
NGUYÊN TỬ	9023	O	CYS	198	90,588	48,659	-30,004	1,00	44,41	H21B O
NGUYÊN TỬ	9024	CB	CYS	198	91,394	46,878	-27,665	1,00	52,51	H21B C
NGUYÊN TỬ	9025	SG	CYS	198	89,863	47,823	-27,408	1,00	57,12	H21B S
NGUYÊN TỬ	9026	N	ASN	199	90,735	46,713	-31,088	1,00	44,35	H21B N
NGUYÊN TỬ	9027	CA	ASN	199	89,775	47,131	-32,096	1,00	42,24	H21B C
NGUYÊN TỬ	9028	CB	ASN	199	90,440	47,172	-33,472	1,00	41,57	H21B C
NGUYÊN TỬ	9029	CG	ASN	199	91,497	46,126	-33,630	1,00	39,25	H21B C
NGUYÊN TỬ	9030	OD1	ASN	199	91,202	44,937	-33,614	1,00	37,00	H21B O
NGUYÊN TỬ	9031	ND2	ASN	199	92,743	46,560	-33,779	1,00	37,76	H21B N
NGUYÊN TỬ	9032	C	ASN	199	88,541	46,228	-32,110	1,00	40,58	H21B C
NGUYÊN TỬ	9033	O	ASN	199	88,638	45,017	-32,287	1,00	39,56	H21B O
NGUYÊN TỬ	9034	N	VAL	200	87,384	46,855	-31,919	1,00	39,66	H21B N
NGUYÊN TỬ	9035	CA	VAL	200	86,151	46,167	-31,582	1,00	40,25	H21B C
NGUYÊN TỬ	9036	CB	VAL	200	85,492	46,801	-30,333	1,00	38,62	H21B C
NGUYÊN TỬ	9037	CG1	VAL	200	84,361	45,920	-29,842	1,00	37,80	H21B C
NGUYÊN TỬ	9038	CG2	VAL	200	86,530	47,024	-29,237	1,00	35,75	H21B C
NGUYÊN TỬ	9039	C	VAL	200	85,173	46,252	-32,748	1,00	41,51	H21B C
NGUYÊN TỬ	9040	O	VAL	200	85,173	47,212	-33,515	1,00	41,66	H21B O
NGUYÊN TỬ	9041	N	ASN	201	84,338	45,239	-32,887	1,00	43,17	H21B N
NGUYÊN TỬ	9042	CA	ASN	201	83,464	45,187	-34,034	1,00	46,02	H21B C

NGUYÊN TỬ	9043	CB	ASN	201	84,057	44,284	-35,117	1,00	50,18	H21B C
NGUYÊN TỬ	9044	CG	ASN	201	84,087	44,956	-36,485	1,00	53,80	H21B C
NGUYÊN TỬ	9045	OD1	ASN	201	83,056	45,422	-36,991	1,00	55,38	H21B O
NGUYÊN TỬ	9046	ND2	ASN	201	85,273	45,011	-37,089	1,00	55,20	H21B N
NGUYÊN TỬ	9047	C	ASN	201	82,092	44,686	-33,657	1,00	46,12	H21B C
NGUYÊN TỬ	9048	O	ASN	201	81,946	43,641	-33,017	1,00	45,78	H21B O
NGUYÊN TỬ	9049	N	HIS	202	81,082	45,440	-34,065	1,00	46,00	H21B N
NGUYÊN TỬ	9050	CA	HIS	202	79,718	45,037	-33,829	1,00	46,36	H21B C
NGUYÊN TỬ	9051	CB	HIS	202	79,070	45,968	-32,815	1,00	44,13	H21B C
NGUYÊN TỬ	9052	CG	HIS	202	77,789	45,438	-32,269	1,00	42,81	H21B C
NGUYÊN TỬ	9053	CD2	HIS	202	77,351	44,168	-32,119	1,00	40,00	H21B C
NGUYÊN TỬ	9054	ND1	HIS	202	76,762	46,252	-31,849	1,00	43,89	H21B N
NGUYÊN TỬ	9055	CE1	HIS	202	75,743	45,504	-31,468	1,00	42,77	H21B C
NGUYÊN TỬ	9056	NE2	HIS	202	76,076	44,237	-31,623	1,00	40,89	H21B N
NGUYÊN TỬ	9057	C	HIS	202	78,942	45,067	-35,135	1,00	48,29	H21B C
NGUYÊN TỬ	9058	O	HIS	202	78,308	46,067	-35,461	1,00	48,19	H21B O
NGUYÊN TỬ	9059	N	LYS	203	78,987	43,966	-35,880	1,00	50,80	H21B N
NGUYÊN TỬ	9060	CA	LYS	203	78,283	43,915	-37,151	1,00	53,50	H21B C
NGUYÊN TỬ	9061	CB	LYS	203	78,396	42,522	-37,777	1,00	54,50	H21B C
NGUYÊN TỬ	9062	CG	LYS	203	79,807	42,159	-38,238	1,00	59,30	H21B C
NGUYÊN TỬ	9063	CD	LYS	203	80,169	40,691	-37,915	1,00	63,35	H21B C
NGUYÊN TỬ	9064	CE	LYS	203	79,219	39,692	-38,598	1,00	66,63	H21B C
NGUYÊN TỬ	9065	NZ	LYS	203	79,247	38,318	-38,006	1,00	69,31	H21B N
NGUYÊN TỬ	9066	C	LYS	203	76,815	44,301	-36,977	1,00	52,84	H21B C
NGUYÊN TỬ	9067	O	LYS	203	76,298	45,132	-37,715	1,00	53,76	H21B O
NGUYÊN TỬ	9068	N	PRO	204	76,129	43,728	-35,979	1,00	51,43	H21B N
NGUYÊN TỬ	9069	CD	PRO	204	76,587	42,808	-34,926	1,00	50,05	H21B C
NGUYÊN TỬ	9070	CA	PRO	204	74,703	44,037	-35,850	1,00	51,46	H21B C
NGUYÊN TỬ	9071	CB	PRO	204	74,311	43,393	-34,523	1,00	48,83	H21B C
NGUYÊN TỬ	9072	CG	PRO	204	75,294	42,308	-34,338	1,00	48,98	H21B C
NGUYÊN TỬ	9073	C	PRO	204	74,460	45,533	-35,845	1,00	51,76	H21B C
NGUYÊN TỬ	9074	O	PRO	204	73,498	46,021	-36,431	1,00	52,73	H21B O
NGUYÊN TỬ	9075	N	SER	205	75,354	46,259	-35,187	1,00	52,99	H21B N
NGUYÊN TỬ	9076	CA	SER	205	75,254	47,708	-35,096	1,00	53,35	H21B C
NGUYÊN TỬ	9077	CB	SER	205	75,774	48,181	-33,744	1,00	53,63	H21B C
NGUYÊN TỬ	9078	OG	SER	205	75,929	49,585	-33,733	1,00	54,28	H21B O
NGUYÊN TỬ	9079	C	SER	205	76,016	48,431	-36,203	1,00	53,57	H21B C
NGUYÊN TỬ	9080	O	SER	205	75,883	49,642	-36,354	1,00	53,69	H21B O
NGUYÊN TỬ	9081	N	ASN	206	76,810	47,696	-36,975	1,00	54,02	H21B N
NGUYÊN TỬ	9082	CA	ASN	206	77,655	48,315	-37,986	1,00	54,69	H21B C
NGUYÊN TỬ	9083	CB	ASN	206	76,796	48,942	-39,077	1,00	52,53	H21B C
NGUYÊN TỬ	9084	CG	ASN	206	76,283	47,923	-40,060	1,00	52,56	H21B C
NGUYÊN TỬ	9085	OD1	ASN	206	75,156	48,030	-40,540	1,00	51,22	H21B O
NGUYÊN TỬ	9086	ND2	ASN	206	77,112	46,921	-40,373	1,00	51,22	H21B N
NGUYÊN TỬ	9087	C	ASN	206	78,556	49,373	-37,350	1,00	55,72	H21B C
NGUYÊN TỬ	9088	O	ASN	206	78,725	50,477	-37,867	1,00	56,49	H21B O
NGUYÊN TỬ	9089	N	THR	207	79,129	49,011	-36,211	1,00	56,16	H21B N
NGUYÊN TỬ	9090	CA	THR	207	79,997	49,892	-35,464	1,00	55,85	H21B C
NGUYÊN TỬ	9091	CB	THR	207	79,431	50,120	-34,056	1,00	55,15	H21B C
NGUYÊN TỬ	9092	OG1	THR	207	78,105	50,651	-34,155	1,00	52,50	H21B O
NGUYÊN TỬ	9093	CG2	THR	207	80,305	51,085	-33,282	1,00	53,38	H21B C
NGUYÊN TỬ	9094	C	THR	207	81,368	49,238	-35,354	1,00	57,06	H21B C
NGUYÊN TỬ	9095	O	THR	207	81,475	48,067	-35,000	1,00	56,67	H21B O
NGUYÊN TỬ	9096	N	LYS	208	82,414	49,986	-35,675	1,00	58,26	H21B N
NGUYÊN TỬ	9097	CA	LYS	208	83,765	49,517	-35,437	1,00	59,43	H21B C
NGUYÊN TỬ	9098	CB	LYS	208	84,490	49,263	-36,756	1,00	62,37	H21B C
NGUYÊN TỬ	9099	CG	LYS	208	85,846	48,597	-36,585	1,00	68,71	H21B C
NGUYÊN TỬ	9100	CD	LYS	208	86,654	48,621	-37,877	1,00	76,76	H21B C
NGUYÊN TỬ	9101	CE	LYS	208	86,050	47,703	-38,944	1,00	85,44	H21B C
NGUYÊN TỬ	9102	NZ	LYS	208	84,704	48,149	-39,439	1,00	94,28	H21B N
NGUYÊN TỬ	9103	C	LYS	208	84,519	50,558	-34,629	1,00	57,52	H21B C
NGUYÊN TỬ	9104	O	LYS	208	84,623	51,721	-35,036	1,00	58,10	H21B O
NGUYÊN TỬ	9105	N	VAL	209	85,029	50,136	-33,476	1,00	54,42	H21B N
NGUYÊN TỬ	9106	CA	VAL	209	85,791	51,019	-32,604	1,00	50,92	H21B C
NGUYÊN TỬ	9107	CB	VAL	209	85,220	51,053	-31,177	1,00	48,81	H21B C
NGUYÊN TỬ	9108	CG1	VAL	209	86,086	51,946	-30,313	1,00	48,17	H21B C
NGUYÊN TỬ	9109	CG2	VAL	209	83,807	51,556	-31,188	1,00	46,41	H21B C
NGUYÊN TỬ	9110	C	VAL	209	87,236	50,578	-32,491	1,00	49,62	H21B C
NGUYÊN TỬ	9111	O	VAL	209	87,520	49,408	-32,274	1,00	48,07	H21B O
NGUYÊN TỬ	9112	N	ASP	210	88,156	51,521	-32,626	1,00	50,05	H21B N
NGUYÊN TỬ	9113	CA	ASP	210	89,555	51,238	-32,331	1,00	51,15	H21B C
NGUYÊN TỬ	9114	CB	ASP	210	90,434	51,542	-33,551	1,00	53,47	H21B C
NGUYÊN TỬ	9115	CG	ASP	210	90,104	50,655	-34,753	1,00	57,01	H21B C
NGUYÊN TỬ	9116	OD1	ASP	210	89,597	49,530	-34,558	1,00	57,51	H21B O
NGUYÊN TỬ	9117	OD2	ASP	210	90,351	51,085	-35,903	1,00	60,50	H21B O
NGUYÊN TỬ	9118	C	ASP	210	89,999	52,068	-31,128	1,00	49,56	H21B C

```
NGUYÊN TỬ   9119  O   ASP   210      89,709  53,260 -31,033  1,00 47,85      H21B O
NGUYÊN TỬ   9120  N   LYS   211      90,688  51,424 -30,197  1,00 48,61      H21B N
NGUYÊN TỬ   9121  CA  LYS   211      91,069  52,086 -28,969  1,00 50,47      H21B C
NGUYÊN TỬ   9122  CB  LYS   211      90,181  51,613 -27,828  1,00 48,97      H21B C
NGUYÊN TỬ   9123  CG  LYS   211      90,526  52,218 -26,501  1,00 48,07      H21B C
NGUYÊN TỬ   9124  CD  LYS   211      90,131  53,664 -26,478  1,00 51,05      H21B C
NGUYÊN TỬ   9125  CE  LYS   211      88,626  53,799 -26,489  1,00 53,67      H21B C
NGUYÊN TỬ   9126  NZ  LYS   211      88,191  55,222 -26,529  1,00 57,46      H21B N
NGUYÊN TỬ   9127  C   LYS   211      92,518  51,784 -28,647  1,00 52,98      H21B C
NGUYÊN TỬ   9128  O   LYS   211      92,950  50,644 -28,718  1,00 52,69      H21B O
NGUYÊN TỬ   9129  N   LYS   212      93,276  52,816 -28,304  1,00 56,95      H21B N
NGUYÊN TỬ   9130  CA  LYS   212      94,631  52,615 -27,835  1,00 59,46      H21B C
NGUYÊN TỬ   9131  CB  LYS   212      95,538  53,764 -28,284  1,00 61,77      H21B C
NGUYÊN TỬ   9132  CG  LYS   212      96,779  53,957 -27,410  1,00 65,33      H21B C
NGUYÊN TỬ   9133  CD  LYS   212      97,512  55,244 -27,743  1,00 70,28      H21B C
NGUYÊN TỬ   9134  CE  LYS   212      98,557  55,037 -28,832  1,00 74,23      H21B C
NGUYÊN TỬ   9135  NZ  LYS   212      99,718  54,250 -28,339  1,00 79,11      H21B N
NGUYÊN TỬ   9136  C   LYS   212      94,581  52,557 -26,326  1,00 60,12      H21B C
NGUYÊN TỬ   9137  O   LYS   212      94,098  53,481 -25,670  1,00 59,63      H21B O
NGUYÊN TỬ   9138  N   VAL   213      95,070  51,458 -25,774  1,00 62,31      H21B N
NGUYÊN TỬ   9139  CA  VAL   213      95,155  51,335 -24,329  1,00 65,85      H21B C
NGUYÊN TỬ   9140  CB  VAL   213      94,782  49,926 -23,860  1,00 64,74      H21B C
NGUYÊN TỬ   9141  CG1 VAL   213      94,776  49,873 -22,337  1,00 62,94      H21B C
NGUYÊN TỬ   9142  CG2 VAL   213      93,427  49,548 -24,422  1,00 63,10      H21B C
NGUYÊN TỬ   9143  C   VAL   213      96,564  51,650 -23,875  1,00 68,37      H21B C
NGUYÊN TỬ   9144  O   VAL   213      97,507  50,939 -24,208  1,00 66,85      H21B O
NGUYÊN TỬ   9145  N   GLU   214      96,688  52,733 -23,120  1,00 73,64      H21B N
NGUYÊN TỬ   9146  CA  GLU   214      97,975  53,188 -22,615  1,00 79,85      H21B C
NGUYÊN TỬ   9147  CB  GLU   214      98,196  54,657 -22,980  1,00 80,72      H21B C
NGUYÊN TỬ   9148  CG  GLU   214      98,423  54,944 -24,465  1,00 83,09      H21B C
NGUYÊN TỬ   9149  CD  GLU   214      98,686  56,425 -24,731  1,00 84,01      H21B C
NGUYÊN TỬ   9150  OE1 GLU   214      99,337  56,750 -25,748  1,00 84,45      H21B O
NGUYÊN TỬ   9151  OE2 GLU   214      98,239  57,266 -23,916  1,00 84,49      H21B O
NGUYÊN TỬ   9152  C   GLU   214      98,009  53,041 -21,100  1,00 83,59      H21B C
NGUYÊN TỬ   9153  O   GLU   214      96,981  52,814 -20,463  1,00 83,78      H21B O
NGUYÊN TỬ   9154  N   PRO   215      99,199  53,164 -20,505  1,00 86,98      H21B N
NGUYÊN TỬ   9155  CD  PRO   215     100,495  52,995 -21,181  1,00 87,43      H21B C
NGUYÊN TỬ   9156  CA  PRO   215      99,349  53,266 -19,049  1,00 91,94      H21B C
NGUYÊN TỬ   9157  CB  PRO   215     100,858  53,356 -18,852  1,00 90,16      H21B C
NGUYÊN TỬ   9158  CG  PRO   215     101,419  52,646 -20,051  1,00 88,99      H21B C
NGUYÊN TỬ   9159  C   PRO   215      98,620  54,468 -18,466  1,00 96,26      H21B C
NGUYÊN TỬ   9160  O   PRO   215      98,343  55,433 -19,167  1,00 96,59      H21B O
NGUYÊN TỬ   9161  N   LYS   216      98,315  54,402 -17,177  1,00102,66      H21B N
NGUYÊN TỬ   9162  CA  LYS   216      97,499  55,419 -16,521  1,00109,92      H21B C
NGUYÊN TỬ   9163  CB  LYS   216      97,121  54,949 -15,109  1,00114,68      H21B C
NGUYÊN TỬ   9164  CG  LYS   216      96,487  53,556 -15,053  1,00120,32      H21B C
NGUYÊN TỬ   9165  CD  LYS   216      96,274  53,079 -13,613  1,00126,26      H21B C
NGUYÊN TỬ   9166  CE  LYS   216      95,639  51,689 -13,570  1,00131,57      H21B C
NGUYÊN TỬ   9167  NZ  LYS   216      95,637  51,080 -12,205  1,00135,66      H21B N
NGUYÊN TỬ   9168  C   LYS   216      98,209  56,776 -16,448  1,00111,87      H21B C
NGUYÊN TỬ   9169  O   LYS   216      98,520  57,236 -15,326  1,00113,12      H21B O
NGUYÊN TỬ   9170  OXT LYS   216      98,451  57,368 -17,519  1,00114,65      H21B O
TER    9171      LYS   216                                                  H21B
END
```

TABLE 35,4

NGUYÊN TỬ	1	CB	TRP	453	-29,096	34,072	11,297	1,00	62,90	A	C
NGUYÊN TỬ	2	CG	TRP	453	-28,288	34,936	10,370	1,00	64,93	A	C
NGUYÊN TỬ	3	CD2	TRP	453	-27,397	34,492	9,339	1,00	66,49	A	C
NGUYÊN TỬ	4	CE2	TRP	453	-26,843	35,642	8,742	1,00	67,05	A	C
NGUYÊN TỬ	5	CE3	TRP	453	-27,013	33,233	8,865	1,00	67,25	A	C
NGUYÊN TỬ	6	CD1	TRP	453	-28,241	36,301	10,353	1,00	65,59	A	C
NGUYÊN TỬ	7	NE1	TRP	453	-27,375	36,733	9,378	1,00	65,65	A	N
NGUYÊN TỬ	8	CZ2	TRP	453	-25,924	35,571	7,694	1,00	67,23	A	C
NGUYÊN TỬ	9	CZ3	TRP	453	-26,100	33,165	7,824	1,00	67,18	A	C
NGUYÊN TỬ	10	CH2	TRP	453	-25,566	34,327	7,252	1,00	67,55	A	C
NGUYÊN TỬ	11	C	TRP	453	-27,142	33,092	12,528	1,00	59,11	A	C
NGUYÊN TỬ	12	O	TRP	453	-26,061	33,624	12,777	1,00	59,88	A	O
NGUYÊN TỬ	13	N	TRP	453	-28,207	35,189	13,329	1,00	61,20	A	N
NGUYÊN TỬ	14	CA	TRP	453	-28,450	33,869	12,675	1,00	60,89	A	C
NGUYÊN TỬ	15	N	GLN	454	-27,248	31,827	12,137	1,00	55,81	A	N
NGUYÊN TỬ	16	CA	GLN	454	-26,072	30,981	11,962	1,00	52,32	A	C
NGUYÊN TỬ	17	CB	GLN	454	-26,117	29,821	12,962	1,00	54,31	A	C
NGUYÊN TỬ	18	CG	GLN	454	-25,914	28,448	12,353	1,00	57,49	A	C
NGUYÊN TỬ	19	CD	GLN	454	-24,637	27,773	12,827	1,00	59,72	A	C
NGUYÊN TỬ	20	OE1	GLN	454	-23,617	28,430	13,055	1,00	60,00	A	O
NGUYÊN TỬ	21	NE2	GLN	454	-24,688	26,450	12,973	1,00	59,65	A	N
NGUYÊN TỬ	22	C	GLN	454	-26,011	30,456	10,530	1,00	47,73	A	C
NGUYÊN TỬ	23	O	GLN	454	-27,041	30,329	9,867	1,00	46,06	A	O
NGUYÊN TỬ	24	N	LEU	455	-24,808	30,158	10,049	1,00	43,78	A	N
NGUYÊN TỬ	25	CA	LEU	455	-24,651	29,736	8,658	1,00	41,00	A	C
NGUYÊN TỬ	26	CB	LEU	455	-23,386	30,356	8,063	1,00	41,51	A	C
NGUYÊN TỬ	27	CG	LEU	455	-23,082	30,107	6,583	1,00	41,00	A	C
NGUYÊN TỬ	28	CD1	LEU	455	-24,272	30,468	5,716	1,00	39,45	A	C
NGUYÊN TỬ	29	CD2	LEU	455	-21,874	30,934	6,191	1,00	42,57	A	C
NGUYÊN TỬ	30	C	LEU	455	-24,602	28,217	8,531	1,00	38,55	A	C
NGUYÊN TỬ	31	O	LEU	455	-23,744	27,562	9,122	1,00	38,78	A	O
NGUYÊN TỬ	32	N	PHE	456	-25,540	27,665	7,766	1,00	34,53	A	N
NGUYÊN TỬ	33	CA	PHE	456	-25,605	26,226	7,524	1,00	32,19	A	C
NGUYÊN TỬ	34	CB	PHE	456	-27,039	25,715	7,711	1,00	30,96	A	C
NGUYÊN TỬ	35	CG	PHE	456	-27,517	25,742	9,135	1,00	30,83	A	C
NGUYÊN TỬ	36	CD1	PHE	456	-27,303	24,657	9,973	1,00	29,93	A	C
NGUYÊN TỬ	37	CD2	PHE	456	-28,186	26,850	9,636	1,00	30,09	A	C
NGUYÊN TỬ	38	CE1	PHE	456	-27,749	24,675	11,291	1,00	30,85	A	C
NGUYÊN TỬ	39	CE2	PHE	456	-28,635	26,877	10,952	1,00	31,15	A	C
NGUYÊN TỬ	40	CZ	PHE	456	-28,417	25,789	11,781	1,00	29,38	A	C
NGUYÊN TỬ	41	C	PHE	456	-25,154	25,915	6,100	1,00	30,99	A	C
NGUYÊN TỬ	42	O	PHE	456	-25,649	26,508	5,148	1,00	30,86	A	O
NGUYÊN TỬ	43	N	CYS	457	-24,222	24,981	5,957	1,00	30,33	A	N
NGUYÊN TỬ	44	CA	CYS	457	-23,812	24,518	4,636	1,00	29,83	A	C
NGUYÊN TỬ	45	C	CYS	457	-23,729	23,002	4,598	1,00	29,43	A	C
NGUYÊN TỬ	46	O	CYS	457	-23,477	22,357	5,617	1,00	30,24	A	O
NGUYÊN TỬ	47	CB	CYS	457	-22,442	25,067	4,260	1,00	30,42	A	C
NGUYÊN TỬ	48	SG	CYS	457	-22,270	26,868	4,126	1,00	33,48	A	S
NGUYÊN TỬ	49	N	ARG	458	-23,932	22,440	3,412	1,00	28,73	A	N
NGUYÊN TỬ	50	CA	ARG	458	-23,732	21,013	3,192	1,00	27,98	A	C
NGUYÊN TỬ	51	CB	ARG	458	-25,082	20,295	3,128	1,00	27,46	A	C
NGUYÊN TỬ	52	CG	ARG	458	-25,982	20,816	2,021	1,00	27,71	A	C
NGUYÊN TỬ	53	CD	ARG	458	-27,371	20,197	2,092	1,00	28,19	A	C
NGUYÊN TỬ	54	NE	ARG	458	-28,104	20,474	0,864	1,00	28,26	A	N
NGUYÊN TỬ	55	CZ	ARG	458	-28,211	19,619	-0,150	1,00	28,99	A	C
NGUYÊN TỬ	56	NH1	ARG	458	-28,891	19,965	-1,235	1,00	28,33	A	N
NGUYÊN TỬ	57	NH2	ARG	458	-27,651	18,416	-0,073	1,00	26,24	A	N
NGUYÊN TỬ	58	C	ARG	458	-22,969	20,809	1,889	1,00	26,26	A	C
NGUYÊN TỬ	59	O	ARG	458	-22,870	21,721	1,074	1,00	25,98	A	O
NGUYÊN TỬ	60	N	THR	459	-22,425	19,612	1,705	1,00	24,49	A	N
NGUYÊN TỬ	61	CA	THR	459	-21,655	19,296	0,520	1,00	24,90	A	C
NGUYÊN TỬ	62	CB	THR	459	-20,334	18,588	0,898	1,00	25,10	A	C
NGUYÊN TỬ	63	OG1	THR	459	-19,493	19,502	1,608	1,00	25,42	A	O
NGUYÊN TỬ	64	CG2	THR	459	-19,609	18,094	-0,344	1,00	22,93	A	C
NGUYÊN TỬ	65	C	THR	459	-22,476	18,383	-0,379	1,00	26,20	A	C
NGUYÊN TỬ	66	O	THR	459	-23,093	17,428	0,093	1,00	24,85	A	O
NGUYÊN TỬ	67	N	VAL	460	-22,493	18,690	-1,672	1,00	26,69	A	N
NGUYÊN TỬ	68	CA	VAL	460	-23,209	17,869	-2,637	1,00	27,29	A	C
NGUYÊN TỬ	69	CB	VAL	460	-24,313	18,676	-3,343	1,00	29,26	A	C
NGUYÊN TỬ	70	CG1	VAL	460	-24,981	17,823	-4,419	1,00	26,28	A	C
NGUYÊN TỬ	71	CG2	VAL	460	-25,339	19,146	-2,317	1,00	30,35	A	C
NGUYÊN TỬ	72	C	VAL	460	-22,264	17,321	-3,693	1,00	27,26	A	C
NGUYÊN TỬ	73	O	VAL	460	-21,661	18,078	-4,451	1,00	29,73	A	O
NGUYÊN TỬ	74	N	TRP	461	-22,140	16,001	-3,740	1,00	26,25	A	N

NGUYÊN TỬ	75	CA	TRP	461	-21,368	15,351	-4,788	1,00	26,76	A	C
NGUYÊN TỬ	76	CB	TRP	461	-20,764	14,038	-4,268	1,00	24,57	A	C
NGUYÊN TỬ	77	CG	TRP	461	-19,606	14,235	-3,334	1,00	24,74	A	C
NGUYÊN TỬ	78	CD2	TRP	461	-18,218	13,984	-3,613	1,00	24,43	A	C
NGUYÊN TỬ	79	CE2	TRP	461	-17,494	14,304	-2,447	1,00	25,75	A	C
NGUYÊN TỬ	80	CE3	TRP	461	-17,520	13,521	-4,736	1,00	26,44	A	C
NGUYÊN TỬ	81	CD1	TRP	461	-19,660	14,684	-2,046	1,00	23,71	A	C
NGUYÊN TỬ	82	NE1	TRP	461	-18,397	14,729	-1,507	1,00	25,76	A	N
NGUYÊN TỬ	83	CZ2	TRP	461	-16,103	14,176	-2,368	1,00	28,09	A	C
NGUYÊN TỬ	84	CZ3	TRP	461	-16,135	13,392	-4,657	1,00	27,37	A	C
NGUYÊN TỬ	85	CH2	TRP	461	-15,444	13,719	-3,480	1,00	26,66	A	C
NGUYÊN TỬ	86	C	TRP	461	-22,264	15,076	-5,998	1,00	27,35	A	C
NGUYÊN TỬ	87	O	TRP	461	-23,406	14,629	-5,850	1,00	26,99	A	O
NGUYÊN TỬ	88	N	SER	462	-21,745	15,364	-7,189	1,00	25,48	A	N
NGUYÊN TỬ	89	CA	SER	462	-22,428	15,031	-8,432	1,00	25,19	A	C
NGUYÊN TỬ	90	CB	SER	462	-21,732	15,698	-9,626	1,00	24,60	A	C
NGUYÊN TỬ	91	OG	SER	462	-20,463	15,099	-9,866	1,00	24,13	A	O
NGUYÊN TỬ	92	C	SER	462	-22,384	13,528	-8,627	1,00	24,96	A	C
NGUYÊN TỬ	93	O	SER	462	-21,641	12,835	-7,947	1,00	26,57	A	O
NGUYÊN TỬ	94	N	ALA	463	-23,176	13,030	-9,566	1,00	26,08	A	N
NGUYÊN TỬ	95	CA	ALA	463	-22,921	11,714	-10,139	1,00	27,25	A	C
NGUYÊN TỬ	96	CB	ALA	463	-24,042	11,351	-11,106	1,00	24,94	A	C
NGUYÊN TỬ	97	C	ALA	463	-21,578	11,774	-10,883	1,00	26,16	A	C
NGUYÊN TỬ	98	O	ALA	463	-21,131	12,849	-11,278	1,00	25,40	A	O
NGUYÊN TỬ	99	N	HIS	464	-20,939	10,625	-11,066	1,00	26,74	A	N
NGUYÊN TỬ	100	CA	HIS	464	-19,723	10,539	-11,873	1,00	29,13	A	C
NGUYÊN TỬ	101	CB	HIS	464	-19,297	9,073	-11,991	1,00	30,10	A	C
NGUYÊN TỬ	102	CG	HIS	464	-17,948	8,876	-12,610	1,00	31,56	A	C
NGUYÊN TỬ	103	CD2	HIS	464	-16,713	8,823	-12,055	1,00	30,82	A	C
NGUYÊN TỬ	104	ND1	HIS	464	-17,772	8,653	-13,959	1,00	32,23	A	N
NGUYÊN TỬ	105	CE1	HIS	464	-16,488	8,466	-14,208	1,00	31,96	A	C
NGUYÊN TỬ	106	NE2	HIS	464	-15,824	8,565	-13,068	1,00	31,64	A	N
NGUYÊN TỬ	107	C	HIS	464	-19,977	11,125	-13,272	1,00	29,91	A	C
NGUYÊN TỬ	108	O	HIS	464	-21,080	11,013	-13,804	1,00	32,59	A	O
NGUYÊN TỬ	109	N	SER	465	-18,959	11,738	-13,870	1,00	28,42	A	N
NGUYÊN TỬ	110	CA	SER	465	-19,143	12,475	-15,126	1,00	27,55	A	C
NGUYÊN TỬ	111	CB	SER	465	-17,936	13,372	-15,405	1,00	26,69	A	C
NGUYÊN TỬ	112	OG	SER	465	-16,774	12,600	-15,663	1,00	26,28	A	O
NGUYÊN TỬ	113	C	SER	465	-19,348	11,580	-16,337	1,00	27,89	A	C
NGUYÊN TỬ	114	O	SER	465	-19,898	12,012	-17,351	1,00	30,42	A	O
NGUYÊN TỬ	115	N	GLY	466	-18,890	10,340	-16,247	1,00	24,79	A	N
NGUYÊN TỬ	116	CA	GLY	466	-18,715	9,563	-17,457	1,00	22,23	A	C
NGUYÊN TỬ	117	C	GLY	466	-17,259	9,660	-17,871	1,00	25,15	A	C
NGUYÊN TỬ	118	O	GLY	466	-16,583	10,644	-17,547	1,00	22,33	A	O
NGUYÊN TỬ	119	N	PRO	467	-16,741	8,642	-18,574	1,00	25,86	A	N
NGUYÊN TỬ	120	CD	PRO	467	-17,448	7,387	-18,894	1,00	26,23	A	C
NGUYÊN TỬ	121	CA	PRO	467	-15,304	8,535	-18,831	1,00	24,52	A	C
NGUYÊN TỬ	122	CB	PRO	467	-15,085	7,030	-18,999	1,00	25,31	A	C
NGUYÊN TỬ	123	CG	PRO	467	-16,374	6,532	-19,524	1,00	24,11	A	C
NGUYÊN TỬ	124	C	PRO	467	-14,787	9,321	-20,029	1,00	24,85	A	C
NGUYÊN TỬ	125	O	PRO	467	-13,596	9,522	-20,152	1,00	25,40	A	O
NGUYÊN TỬ	126	N	THR	468	-15,660	9,762	-20,923	1,00	24,02	A	N
NGUYÊN TỬ	127	CA	THR	468	-15,174	10,270	-22,201	1,00	23,19	A	C
NGUYÊN TỬ	128	CB	THR	468	-16,305	10,341	-23,242	1,00	23,48	A	C
NGUYÊN TỬ	129	OG1	THR	468	-17,407	11,085	-22,706	1,00	23,61	A	O
NGUYÊN TỬ	130	CG2	THR	468	-16,766	8,946	-23,608	1,00	22,59	A	C
NGUYÊN TỬ	131	C	THR	468	-14,503	11,640	-22,087	1,00	24,90	A	C
NGUYÊN TỬ	132	O	THR	468	-14,594	12,310	-21,060	1,00	23,76	A	O
NGUYÊN TỬ	133	N	ARG	469	-13,832	12,044	-23,159	1,00	23,46	A	N
NGUYÊN TỬ	134	CA	ARG	469	-12,874	13,140	-23,115	1,00	24,59	A	C
NGUYÊN TỬ	135	CB	ARG	469	-12,178	13,250	-24,476	1,00	25,09	A	C
NGUYÊN TỬ	136	CG	ARG	469	-11,111	14,318	-24,558	1,00	26,25	A	C
NGUYÊN TỬ	137	CD	ARG	469	-10,439	14,323	-25,935	1,00	27,32	A	C
NGUYÊN TỬ	138	NE	ARG	469	-9,440	15,382	-26,040	1,00	27,17	A	N
NGUYÊN TỬ	139	CZ	ARG	469	-8,581	15,512	-27,046	1,00	25,09	A	C
NGUYÊN TỬ	140	NH1	ARG	469	-7,711	16,514	-27,044	1,00	24,35	A	N
NGUYÊN TỬ	141	NH2	ARG	469	-8,591	14,644	-28,047	1,00	23,06	A	N
NGUYÊN TỬ	142	C	ARG	469	-13,495	14,487	-22,736	1,00	25,75	A	C
NGUYÊN TỬ	143	O	ARG	469	-12,891	15,276	-22,009	1,00	23,47	A	O
NGUYÊN TỬ	144	N	MET	470	-14,698	14,759	-23,230	1,00	24,77	A	N
NGUYÊN TỬ	145	CA	MET	470	-15,328	16,047	-22,965	1,00	24,49	A	C
NGUYÊN TỬ	146	CB	MET	470	-15,904	16,621	-24,262	1,00	24,57	A	C
NGUYÊN TỬ	147	CG	MET	470	-15,563	18,079	-24,508	1,00	30,96	A	C
NGUYÊN TỬ	148	SD	MET	470	-13,788	18,409	-24,583	1,00	31,07	A	S
NGUYÊN TỬ	149	CE	MET	470	-13,271	17,434	-25,959	1,00	31,18	A	C
NGUYÊN TỬ	150	C	MET	470	-16,425	15,926	-21,908	1,00	24,68	A	C

NGUYÊN TỬ	151	O	MET	470	-17,226	16,848	-21,717	1,00	23,62	A	O
NGUYÊN TỬ	152	N	ALA	471	-16,459	14,789	-21,220	1,00	24,16	A	N
NGUYÊN TỬ	153	CA	ALA	471	-17,508	14,528	-20,238	1,00	24,20	A	C
NGUYÊN TỬ	154	CB	ALA	471	-17,371	13,119	-19,687	1,00	20,75	A	C
NGUYÊN TỬ	155	C	ALA	471	-17,452	15,537	-19,096	1,00	25,48	A	C
NGUYÊN TỬ	156	O	ALA	471	-16,372	15,975	-18,693	1,00	27,11	A	O
NGUYÊN TỬ	157	N	THR	472	-18,617	15,906	-18,578	1,00	24,57	A	N
NGUYÊN TỬ	158	CA	THR	472	-18,675	16,811	-17,437	1,00	24,16	A	C
NGUYÊN TỬ	159	CB	THR	472	-19,181	18,220	-17,836	1,00	24,01	A	C
NGUYÊN TỬ	160	OG1	THR	472	-20,548	18,134	-18,257	1,00	21,91	A	O
NGUYÊN TỬ	161	CG2	THR	472	-18,344	18,795	-18,970	1,00	18,59	A	C
NGUYÊN TỬ	162	C	THR	472	-19,620	16,260	-16,386	1,00	25,66	A	C
NGUYÊN TỬ	163	O	THR	472	-20,508	15,455	-16,690	1,00	24,53	A	O
NGUYÊN TỬ	164	N	ALA	473	-19,415	16,700	-15,147	1,00	25,24	A	N
NGUYÊN TỬ	165	CA	ALA	473	-20,319	16,393	-14,048	1,00	24,92	A	C
NGUYÊN TỬ	166	CB	ALA	473	-19,560	15,661	-12,946	1,00	24,30	A	C
NGUYÊN TỬ	167	C	ALA	473	-20,900	17,699	-13,513	1,00	25,27	A	C
NGUYÊN TỬ	168	O	ALA	473	-20,241	18,741	-13,556	1,00	24,13	A	O
NGUYÊN TỬ	169	N	ILE	474	-22,131	17,638	-13,012	1,00	24,89	A	N
NGUYÊN TỬ	170	CA	ILE	474	-22,819	18,815	-12,489	1,00	25,52	A	C
NGUYÊN TỬ	171	CB	ILE	474	-24,026	19,182	-13,365	1,00	29,25	A	C
NGUYÊN TỬ	172	CG2	ILE	474	-24,883	20,220	-12,662	1,00	32,52	A	C
NGUYÊN TỬ	173	CG1	ILE	474	-23,558	19,713	-14,721	1,00	33,35	A	C
NGUYÊN TỬ	174	CD1	ILE	474	-22,979	21,105	-14,661	1,00	33,21	A	C
NGUYÊN TỬ	175	C	ILE	474	-23,336	18,571	-11,069	1,00	26,48	A	C
NGUYÊN TỬ	176	O	ILE	474	-24,055	17,603	-10,823	1,00	26,94	A	O
NGUYÊN TỬ	177	N	ALA	475	-22,974	19,451	-10,140	1,00	25,26	A	N
NGUYÊN TỬ	178	CA	ALA	475	-23,580	19,452	-8,811	1,00	25,92	A	C
NGUYÊN TỬ	179	CB	ALA	475	-22,496	19,409	-7,732	1,00	23,88	A	C
NGUYÊN TỬ	180	C	ALA	475	-24,459	20,695	-8,635	1,00	26,91	A	C
NGUYÊN TỬ	181	O	ALA	475	-24,063	21,808	-8,998	1,00	25,49	A	O
NGUYÊN TỬ	182	N	ARG	476	-25,655	20,490	-8,091	1,00	28,07	A	N
NGUYÊN TỬ	183	CA	ARG	476	-26,642	21,558	-7,932	1,00	28,54	A	C
NGUYÊN TỬ	184	CB	ARG	476	-27,883	21,299	-8,792	1,00	30,18	A	C
NGUYÊN TỬ	185	CG	ARG	476	-27,672	21,375	-10,272	1,00	35,86	A	C
NGUYÊN TỬ	186	CD	ARG	476	-29,005	21,304	-11,004	1,00	38,60	A	C
NGUYÊN TỬ	187	NE	ARG	476	-28,838	21,409	-12,452	1,00	41,19	A	N
NGUYÊN TỬ	188	CZ	ARG	476	-28,492	20,389	-13,231	1,00	43,32	A	C
NGUYÊN TỬ	189	NH1	ARG	476	-28,277	19,191	-12,698	1,00	43,42	A	N
NGUYÊN TỬ	190	NH2	ARG	476	-28,356	20,562	-14,538	1,00	44,05	A	N
NGUYÊN TỬ	191	C	ARG	476	-27,093	21,615	-6,488	1,00	28,17	A	C
NGUYÊN TỬ	192	O	ARG	476	-27,077	20,608	-5,783	1,00	27,75	A	O
NGUYÊN TỬ	193	N	CYS	477	-27,519	22,797	-6,064	1,00	29,00	A	N
NGUYÊN TỬ	194	CA	CYS	477	-28,103	22,979	-4,745	1,00	29,17	A	C
NGUYÊN TỬ	195	C	CYS	477	-29,620	22,952	-4,848	1,00	30,65	A	C
NGUYÊN TỬ	196	O	CYS	477	-30,173	23,016	-5,947	1,00	31,16	A	O
NGUYÊN TỬ	197	CB	CYS	477	-27,664	24,316	-4,165	1,00	27,94	A	C
NGUYÊN TỬ	198	SG	CYS	477	-25,866	24,479	-3,959	1,00	30,04	A	S
NGUYÊN TỬ	199	N	ALA	478	-30,283	22,869	-3,699	1,00	30,57	A	N
NGUYÊN TỬ	200	CA	ALA	478	-31,742	22,922	-3,643	1,00	31,86	A	C
NGUYÊN TỬ	201	CB	ALA	478	-32,228	22,484	-2,260	1,00	29,25	A	C
NGUYÊN TỬ	202	C	ALA	478	-32,240	24,333	-3,949	1,00	32,09	A	C
NGUYÊN TỬ	203	O	ALA	478	-31,494	25,306	-3,847	1,00	31,96	A	O
NGUYÊN TỬ	204	N	PRO	479	-33,521	24,461	-4,322	1,00	32,78	A	N
NGUYÊN TỬ	205	CD	PRO	479	-34,502	23,383	-4,550	1,00	31,44	A	C
NGUYÊN TỬ	206	CA	PRO	479	-34,054	25,778	-4,691	1,00	32,40	A	C
NGUYÊN TỬ	207	CB	PRO	479	-35,515	25,486	-5,061	1,00	32,72	A	C
NGUYÊN TỬ	208	CG	PRO	479	-35,513	24,037	-5,458	1,00	31,86	A	C
NGUYÊN TỬ	209	C	PRO	479	-33,933	26,834	-3,592	1,00	32,60	A	C
NGUYÊN TỬ	210	O	PRO	479	-33,819	28,022	-3,884	1,00	32,64	A	O
NGUYÊN TỬ	211	N	ASP	480	-33,954	26,416	-2,331	1,00	31,47	A	N
NGUYÊN TỬ	212	CA	ASP	480	-33,879	27,384	-1,241	1,00	33,46	A	C
NGUYÊN TỬ	213	CB	ASP	480	-34,749	26,936	-0,057	1,00	35,16	A	C
NGUYÊN TỬ	214	CG	ASP	480	-34,300	25,610	0,537	1,00	36,44	A	C
NGUYÊN TỬ	215	OD1	ASP	480	-34,828	25,224	1,598	1,00	40,34	A	O
NGUYÊN TỬ	216	OD2	ASP	480	-33,419	24,954	-0,053	1,00	38,40	A	O
NGUYÊN TỬ	217	C	ASP	480	-32,449	27,623	-0,765	1,00	33,71	A	C
NGUYÊN TỬ	218	O	ASP	480	-32,222	28,295	0,246	1,00	35,25	A	O
NGUYÊN TỬ	219	N	GLU	481	-31,482	27,076	-1,492	1,00	32,10	A	N
NGUYÊN TỬ	220	CA	GLU	481	-30,087	27,191	-1,086	1,00	30,90	A	C
NGUYÊN TỬ	221	CB	GLU	481	-29,439	25,804	-1,016	1,00	30,17	A	C
NGUYÊN TỬ	222	CG	GLU	481	-30,038	24,890	0,041	1,00	30,22	A	C
NGUYÊN TỬ	223	CD	GLU	481	-29,692	23,425	-0,191	1,00	31,87	A	C
NGUYÊN TỬ	224	OE1	GLU	481	-29,930	22,602	0,717	1,00	30,65	A	O
NGUYÊN TỬ	225	OE2	GLU	481	-29,186	23,093	-1,285	1,00	33,77	A	O
NGUYÊN TỬ	226	C	GLU	481	-29,292	28,073	-2,031	1,00	29,33	A	C

NGUYÊN TỬ	227	O	GLU	481	-29,723	28,354	-3,146	1,00	30,27	A	O
NGUYÊN TỬ	228	N	GLU	482	-28,127	28,510	-1,569	1,00	29,51	A	N
NGUYÊN TỬ	229	CA	GLU	482	-27,176	29,220	-2,411	1,00	29,75	A	C
NGUYÊN TỬ	230	CB	GLU	482	-26,813	30,561	-1,777	1,00	30,90	A	C
NGUYÊN TỬ	231	CG	GLU	482	-27,965	31,542	-1,682	1,00	35,54	A	C
NGUYÊN TỬ	232	CD	GLU	482	-28,316	32,148	-3,031	1,00	38,85	A	C
NGUYÊN TỬ	233	OE1	GLU	482	-27,426	32,200	-3,911	1,00	39,06	A	O
NGUYÊN TỬ	234	OE2	GLU	482	-29,479	32,570	-3,212	1,00	39,52	A	O
NGUYÊN TỬ	235	C	GLU	482	-25,915	28,372	-2,558	1,00	29,76	A	C
NGUYÊN TỬ	236	O	GLU	482	-25,357	27,904	-1,569	1,00	28,44	A	O
NGUYÊN TỬ	237	N	LEU	483	-25,464	28,176	-3,790	1,00	27,98	A	N
NGUYÊN TỬ	238	CA	LEU	483	-24,174	27,546	-4,015	1,00	28,33	A	C
NGUYÊN TỬ	239	CB	LEU	483	-24,101	26,996	-5,442	1,00	27,55	A	C
NGUYÊN TỬ	240	CG	LEU	483	-22,796	26,296	-5,842	1,00	29,33	A	C
NGUYÊN TỬ	241	CD1	LEU	483	-23,075	25,330	-6,976	1,00	29,06	A	C
NGUYÊN TỬ	242	CD2	LEU	483	-21,746	27,326	-6,253	1,00	28,65	A	C
NGUYÊN TỬ	243	C	LEU	483	-23,078	28,585	-3,793	1,00	28,13	A	C
NGUYÊN TỬ	244	O	LEU	483	-22,993	29,566	-4,522	1,00	32,20	A	O
NGUYÊN TỬ	245	N	LEU	484	-22,240	28,367	-2,789	1,00	27,32	A	N
NGUYÊN TỬ	246	CA	LEU	484	-21,214	29,341	-2,437	1,00	26,58	A	C
NGUYÊN TỬ	247	CB	LEU	484	-21,172	29,546	-0,916	1,00	25,53	A	C
NGUYÊN TỬ	248	CG	LEU	484	-22,427	30,163	-0,281	1,00	27,36	A	C
NGUYÊN TỬ	249	CD1	LEU	484	-22,065	30,781	1,072	1,00	27,53	A	C
NGUYÊN TỬ	250	CD2	LEU	484	-23,013	31,234	-1,196	1,00	27,97	A	C
NGUYÊN TỬ	251	C	LEU	484	-19,829	28,953	-2,943	1,00	27,62	A	C
NGUYÊN TỬ	252	O	LEU	484	-18,926	29,793	-2,994	1,00	28,95	A	O
NGUYÊN TỬ	253	N	SER	485	-19,655	27,688	-3,317	1,00	25,70	A	N
NGUYÊN TỬ	254	CA	SER	485	-18,391	27,254	-3,908	1,00	27,74	A	C
NGUYÊN TỬ	255	CB	SER	485	-17,304	27,106	-2,836	1,00	26,49	A	C
NGUYÊN TỬ	256	OG	SER	485	-17,504	25,926	-2,068	1,00	28,56	A	O
NGUYÊN TỬ	257	C	SER	485	-18,522	25,934	-4,664	1,00	27,50	A	C
NGUYÊN TỬ	258	O	SER	485	-19,569	25,281	-4,643	1,00	25,09	A	O
NGUYÊN TỬ	259	N	CYS	486	-17,432	25,548	-5,315	1,00	26,66	A	N
NGUYÊN TỬ	260	CA	CYS	486	-17,457	24,490	-6,311	1,00	26,00	A	C
NGUYÊN TỬ	261	C	CYS	486	-16,047	23,934	-6,434	1,00	26,11	A	C
NGUYÊN TỬ	262	O	CYS	486	-15,097	24,677	-6,679	1,00	25,83	A	O
NGUYÊN TỬ	263	CB	CYS	486	-17,932	25,090	-7,632	1,00	25,13	A	C
NGUYÊN TỬ	264	SG	CYS	486	-17,774	24,120	-9,162	1,00	31,94	A	S
NGUYÊN TỬ	265	N	SER	487	-15,912	22,628	-6,243	1,00	25,42	A	N
NGUYÊN TỬ	266	CA	SER	487	-14,626	21,964	-6,403	1,00	24,57	A	C
NGUYÊN TỬ	267	CB	SER	487	-14,031	21,612	-5,029	1,00	24,64	A	C
NGUYÊN TỬ	268	OG	SER	487	-14,849	20,692	-4,324	1,00	27,88	A	O
NGUYÊN TỬ	269	C	SER	487	-14,828	20,704	-7,237	1,00	23,91	A	C
NGUYÊN TỬ	270	O	SER	487	-15,923	20,455	-7,734	1,00	22,75	A	O
NGUYÊN TỬ	271	N	SER	488	-13,776	19,916	-7,408	1,00	24,08	A	N
NGUYÊN TỬ	272	CA	SER	488	-13,883	18,706	-8,209	1,00	25,08	A	C
NGUYÊN TỬ	273	CB	SER	488	-13,664	19,015	-9,698	1,00	27,25	A	C
NGUYÊN TỬ	274	OG	SER	488	-12,416	19,654	-9,931	1,00	25,16	A	O
NGUYÊN TỬ	275	C	SER	488	-12,864	17,693	-7,743	1,00	27,25	A	C
NGUYÊN TỬ	276	O	SER	488	-11,940	18,027	-6,997	1,00	28,14	A	O
NGUYÊN TỬ	277	N	PHE	489	-13,033	16,453	-8,182	1,00	26,11	A	N
NGUYÊN TỬ	278	CA	PHE	489	-12,152	15,383	-7,757	1,00	26,68	A	C
NGUYÊN TỬ	279	CB	PHE	489	-12,680	14,754	-6,462	1,00	26,29	A	C
NGUYÊN TỬ	280	CG	PHE	489	-11,886	13,566	-5,992	1,00	28,17	A	C
NGUYÊN TỬ	281	CD1	PHE	489	-10,732	13,738	-5,241	1,00	28,05	A	C
NGUYÊN TỬ	282	CD2	PHE	489	-12,303	12,272	-6,291	1,00	28,40	A	C
NGUYÊN TỬ	283	CE1	PHE	489	-10,004	12,637	-4,793	1,00	29,69	A	C
NGUYÊN TỬ	284	CE2	PHE	489	-11,585	11,172	-5,849	1,00	29,13	A	C
NGUYÊN TỬ	285	CZ	PHE	489	-10,434	11,354	-5,099	1,00	30,06	A	C
NGUYÊN TỬ	286	C	PHE	489	-12,028	14,323	-8,837	1,00	27,40	A	C
NGUYÊN TỬ	287	O	PHE	489	-13,009	13,951	-9,471	1,00	28,37	A	O
NGUYÊN TỬ	288	N	SER	490	-10,807	13,846	-9,041	1,00	28,47	A	N
NGUYÊN TỬ	289	CA	SER	490	-10,561	12,663	-9,853	1,00	30,35	A	C
NGUYÊN TỬ	290	CB	SER	490	-9,863	13,056	-11,158	1,00	30,98	A	C
NGUYÊN TỬ	291	OG	SER	490	-9,257	11,933	-11,776	1,00	33,81	A	O
NGUYÊN TỬ	292	C	SER	490	-9,672	11,708	-9,066	1,00	31,89	A	C
NGUYÊN TỬ	293	O	SER	490	-8,751	12,144	-8,378	1,00	32,56	A	O
NGUYÊN TỬ	294	N	ARG	491	-9,941	10,412	-9,171	1,00	33,39	A	N
NGUYÊN TỬ	295	CA	ARG	491	-9,110	9,402	-8,515	1,00	36,40	A	C
NGUYÊN TỬ	296	CB	ARG	491	-9,709	8,007	-8,719	1,00	38,90	A	C
NGUYÊN TỬ	297	CG	ARG	491	-11,109	7,848	-8,166	1,00	45,81	A	C
NGUYÊN TỬ	298	CD	ARG	491	-11,268	6,514	-7,458	1,00	51,82	A	C
NGUYÊN TỬ	299	NE	ARG	491	-12,322	6,565	-6,448	1,00	56,98	A	N
NGUYÊN TỬ	300	CZ	ARG	491	-13,621	6,548	-6,731	1,00	58,08	A	C
NGUYÊN TỬ	301	NH1	ARG	491	-14,518	6,597	-5,753	1,00	58,30	A	N
NGUYÊN TỬ	302	NH2	ARG	491	-14,020	6,486	-7,995	1,00	57,04	A	N

NGUYÊN TỬ	303	C	ARG	491	-7,677	9,407	-9,050	1,00	35,22	A	C
NGUYÊN TỬ	304	O	ARG	491	-6,731	9,192	-8,305	1,00	35,69	A	O
NGUYÊN TỬ	305	N	SER	492	-7,533	9,654	-10,347	1,00	35,60	A	N
NGUYÊN TỬ	306	CA	SER	492	-6,246	9,550	-11,024	1,00	34,80	A	C
NGUYÊN TỬ	307	CB	SER	492	-6,459	9,060	-12,452	1,00	36,97	A	C
NGUYÊN TỬ	308	OG	SER	492	-7,242	9,997	-13,179	1,00	38,02	A	O
NGUYÊN TỬ	309	C	SER	492	-5,512	10,887	-11,068	1,00	35,54	A	C
NGUYÊN TỬ	310	O	SER	492	-4,295	10,932	-11,258	1,00	36,68	A	O
NGUYÊN TỬ	311	N	GLY	493	-6,254	11,977	-10,909	1,00	34,28	A	N
NGUYÊN TỬ	312	CA	GLY	493	-5,654	13,292	-11,037	1,00	32,69	A	C
NGUYÊN TỬ	313	C	GLY	493	-5,739	13,824	-12,456	1,00	31,91	A	C
NGUYÊN TỬ	314	O	GLY	493	-5,287	14,929	-12,739	1,00	32,88	A	O
NGUYÊN TỬ	315	N	LYS	494	-6,316	13,039	-13,357	1,00	31,63	A	N
NGUYÊN TỬ	316	CA	LYS	494	-6,506	13,492	-14,728	1,00	32,29	A	C
NGUYÊN TỬ	317	CB	LYS	494	-6,442	12,304	-15,693	1,00	34,42	A	C
NGUYÊN TỬ	318	CG	LYS	494	-5,080	11,622	-15,758	1,00	38,00	A	C
NGUYÊN TỬ	319	CD	LYS	494	-5,032	10,628	-16,909	1,00	39,72	A	C
NGUYÊN TỬ	320	CE	LYS	494	-3,648	10,029	-17,078	1,00	42,01	A	C
NGUYÊN TỬ	321	NZ	LYS	494	-3,585	9,143	-18,279	1,00	43,69	A	N
NGUYÊN TỬ	322	C	LYS	494	-7,844	14,213	-14,870	1,00	29,91	A	C
NGUYÊN TỬ	323	O	LYS	494	-8,870	13,604	-15,169	1,00	28,53	A	O
NGUYÊN TỬ	324	N	ARG	495	-7,815	15,523	-14,659	1,00	29,57	A	N
NGUYÊN TỬ	325	CA	ARG	495	-9,025	16,341	-14,669	1,00	28,53	A	C
NGUYÊN TỬ	326	CB	ARG	495	-9,558	16,492	-13,243	1,00	29,81	A	C
NGUYÊN TỬ	327	CG	ARG	495	-8,560	17,157	-12,306	1,00	31,40	A	C
NGUYÊN TỬ	328	CD	ARG	495	-9,082	17,315	-10,881	1,00	32,62	A	C
NGUYÊN TỬ	329	NE	ARG	495	-8,125	18,089	-10,096	1,00	34,88	A	N
NGUYÊN TỬ	330	CZ	ARG	495	-8,424	19,180	-9,400	1,00	34,47	A	C
NGUYÊN TỬ	331	NH1	ARG	495	-7,472	19,812	-8,733	1,00	35,19	A	N
NGUYÊN TỬ	332	NH2	ARG	495	-9,672	19,633	-9,355	1,00	34,89	A	N
NGUYÊN TỬ	333	C	ARG	495	-8,661	17,710	-15,225	1,00	27,43	A	C
NGUYÊN TỬ	334	O	ARG	495	-7,486	18,039	-15,349	1,00	27,93	A	O
NGUYÊN TỬ	335	N	ARG	496	-9,660	18,513	-15,564	1,00	26,03	A	N
NGUYÊN TỬ	336	CA	ARG	496	-9,376	19,877	-15,972	1,00	24,54	A	C
NGUYÊN TỬ	337	CB	ARG	496	-9,765	20,076	-17,436	1,00	24,73	A	C
NGUYÊN TỬ	338	CG	ARG	496	-8,775	19,429	-18,396	1,00	26,29	A	C
NGUYÊN TỬ	339	CD	ARG	496	-9,064	19,789	-19,843	1,00	25,61	A	C
NGUYÊN TỬ	340	NE	ARG	496	-10,117	18,950	-20,405	1,00	24,57	A	N
NGUYÊN TỬ	341	CZ	ARG	496	-10,601	19,095	-21,632	1,00	23,57	A	C
NGUYÊN TỬ	342	NH1	ARG	496	-10,130	20,048	-22,429	1,00	20,57	A	N
NGUYÊN TỬ	343	NH2	ARG	496	-11,555	18,287	-22,060	1,00	23,67	A	N
NGUYÊN TỬ	344	C	ARG	496	-10,052	20,921	-15,084	1,00	25,65	A	C
NGUYÊN TỬ	345	O	ARG	496	-10,266	22,062	-15,502	1,00	23,54	A	O
NGUYÊN TỬ	346	N	GLY	497	-10,375	20,531	-13,853	1,00	25,25	A	N
NGUYÊN TỬ	347	CA	GLY	497	-10,908	21,491	-12,900	1,00	25,50	A	C
NGUYÊN TỬ	348	C	GLY	497	-12,406	21,709	-13,026	1,00	25,22	A	C
NGUYÊN TỬ	349	O	GLY	497	-13,126	20,844	-13,524	1,00	24,92	A	O
NGUYÊN TỬ	350	N	GLU	498	-12,880	22,867	-12,574	1,00	25,28	A	N
NGUYÊN TỬ	351	CA	GLU	498	-14,313	23,099	-12,473	1,00	25,14	A	C
NGUYÊN TỬ	352	CB	GLU	498	-14,840	22,589	-11,122	1,00	25,47	A	C
NGUYÊN TỬ	353	CG	GLU	498	-14,497	23,467	-9,924	1,00	24,08	A	C
NGUYÊN TỬ	354	CD	GLU	498	-13,039	23,373	-9,504	1,00	27,78	A	C
NGUYÊN TỬ	355	OE1	GLU	498	-12,453	22,265	-9,526	1,00	27,03	A	O
NGUYÊN TỬ	356	OE2	GLU	498	-12,477	24,419	-9,139	1,00	30,19	A	O
NGUYÊN TỬ	357	C	GLU	498	-14,669	24,567	-12,640	1,00	26,49	A	C
NGUYÊN TỬ	358	O	GLU	498	-13,817	25,445	-12,521	1,00	26,93	A	O
NGUYÊN TỬ	359	N	ARG	499	-15,943	24,823	-12,911	1,00	27,54	A	N
NGUYÊN TỬ	360	CA	ARG	499	-16,427	26,180	-13,122	1,00	27,29	A	C
NGUYÊN TỬ	361	CB	ARG	499	-16,477	26,493	-14,615	1,00	27,26	A	C
NGUYÊN TỬ	362	CG	ARG	499	-16,999	27,879	-14,936	1,00	31,36	A	C
NGUYÊN TỬ	363	CD	ARG	499	-17,028	28,135	-16,438	1,00	29,97	A	C
NGUYÊN TỬ	364	NE	ARG	499	-17,154	29,562	-16,717	1,00	33,21	A	N
NGUYÊN TỬ	365	CZ	ARG	499	-16,543	30,183	-17,721	1,00	31,95	A	C
NGUYÊN TỬ	366	NH1	ARG	499	-16,710	31,487	-17,898	1,00	33,98	A	N
NGUYÊN TỬ	367	NH2	ARG	499	-15,767	29,498	-18,549	1,00	30,18	A	N
NGUYÊN TỬ	368	C	ARG	499	-17,818	26,349	-12,526	1,00	28,46	A	C
NGUYÊN TỬ	369	O	ARG	499	-18,652	25,445	-12,608	1,00	27,86	A	O
NGUYÊN TỬ	370	N	MET	500	-18,062	27,507	-11,921	1,00	28,00	A	N
NGUYÊN TỬ	371	CA	MET	500	-19,405	27,868	-11,492	1,00	28,68	A	C
NGUYÊN TỬ	372	CB	MET	500	-19,339	28,774	-10,259	1,00	29,36	A	C
NGUYÊN TỬ	373	CG	MET	500	-18,800	28,062	-9,033	1,00	31,43	A	C
NGUYÊN TỬ	374	SD	MET	500	-18,596	29,123	-7,594	1,00	35,65	A	S
NGUYÊN TỬ	375	CE	MET	500	-17,061	29,997	-8,031	1,00	30,13	A	C
NGUYÊN TỬ	376	C	MET	500	-20,118	28,578	-12,633	1,00	28,47	A	C
NGUYÊN TỬ	377	O	MET	500	-19,589	29,527	-13,213	1,00	27,47	A	O
NGUYÊN TỬ	378	N	GLU	501	-21,314	28,106	-12,965	1,00	29,85	A	N

NGUYÊN TỬ	379	CA	GLU	501	-22,059	28,656	-14,093	1,00	32,67	A	C
NGUYÊN TỬ	380	CB	GLU	501	-22,169	27,617	-15,222	1,00	30,99	A	C
NGUYÊN TỬ	381	CG	GLU	501	-20,816	27,155	-15,771	1,00	32,75	A	C
NGUYÊN TỬ	382	CD	GLU	501	-20,922	26,113	-16,886	1,00	32,72	A	C
NGUYÊN TỬ	383	OE1	GLU	501	-21,997	25,503	-17,053	1,00	28,58	A	O
NGUYÊN TỬ	384	OE2	GLU	501	-19,917	25,907	-17,603	1,00	36,53	A	O
NGUYÊN TỬ	385	C	GLU	501	-23,446	29,079	-13,633	1,00	35,03	A	C
NGUYÊN TỬ	386	O	GLU	501	-24,072	28,399	-12,823	1,00	33,00	A	O
NGUYÊN TỬ	387	N	ALA	502	-23,919	30,210	-14,145	1,00	39,39	A	N
NGUYÊN TỬ	388	CA	ALA	502	-25,231	30,722	-13,766	1,00	42,89	A	C
NGUYÊN TỬ	389	CB	ALA	502	-25,258	32,240	-13,896	1,00	41,99	A	C
NGUYÊN TỬ	390	C	ALA	502	-26,305	30,104	-14,647	1,00	46,27	A	C
NGUYÊN TỬ	391	O	ALA	502	-26,267	30,243	-15,868	1,00	47,27	A	O
NGUYÊN TỬ	392	N	GLN	503	-27,251	29,414	-14,015	1,00	49,35	A	N
NGUYÊN TỬ	393	CA	GLN	503	-28,385	28,808	-14,707	1,00	53,23	A	C
NGUYÊN TỬ	394	CB	GLN	503	-28,315	27,281	-14,636	1,00	53,57	A	C
NGUYÊN TỬ	395	CG	GLN	503	-27,190	26,633	-15,425	1,00	56,31	A	C
NGUYÊN TỬ	396	CD	GLN	503	-27,325	25,113	-15,471	1,00	56,99	A	C
NGUYÊN TỬ	397	OE1	GLN	503	-28,338	24,555	-15,041	1,00	57,97	A	O
NGUYÊN TỬ	398	NE2	GLN	503	-26,305	24,441	-15,991	1,00	56,50	A	N
NGUYÊN TỬ	399	C	GLN	503	-29,683	29,256	-14,048	1,00	55,13	A	C
NGUYÊN TỬ	400	O	GLN	503	-29,988	28,845	-12,927	1,00	56,06	A	O
NGUYÊN TỬ	401	N	GLY	504	-30,449	30,091	-14,744	1,00	56,99	A	N
NGUYÊN TỬ	402	CA	GLY	504	-31,757	30,473	-14,244	1,00	56,78	A	C
NGUYÊN TỬ	403	C	GLY	504	-31,704	31,096	-12,863	1,00	56,53	A	C
NGUYÊN TỬ	404	O	GLY	504	-32,463	30,711	-11,973	1,00	57,57	A	O
NGUYÊN TỬ	405	N	GLY	505	-30,799	32,055	-12,680	1,00	55,20	A	N
NGUYÊN TỬ	406	CA	GLY	505	-30,714	32,760	-11,416	1,00	53,52	A	C
NGUYÊN TỬ	407	C	GLY	505	-29,851	32,064	-10,381	1,00	53,23	A	C
NGUYÊN TỬ	408	O	GLY	505	-29,381	32,699	-9,437	1,00	53,62	A	O
NGUYÊN TỬ	409	N	LYS	506	-29,638	30,762	-10,548	1,00	50,84	A	N
NGUYÊN TỬ	410	CA	LYS	506	-28,827	29,998	-9,604	1,00	49,53	A	C
NGUYÊN TỬ	411	CB	LYS	506	-29,567	28,722	-9,183	1,00	51,74	A	C
NGUYÊN TỬ	412	CG	LYS	506	-30,536	28,905	-8,019	1,00	54,83	A	C
NGUYÊN TỬ	413	CD	LYS	506	-31,603	29,954	-8,324	1,00	59,19	A	C
NGUYÊN TỬ	414	CE	LYS	506	-32,608	30,090	-7,177	1,00	59,58	A	C
NGUYÊN TỬ	415	NZ	LYS	506	-33,329	28,812	-6,895	1,00	58,69	A	N
NGUYÊN TỬ	416	C	LYS	506	-27,464	29,627	-10,190	1,00	46,30	A	C
NGUYÊN TỬ	417	O	LYS	506	-27,327	29,456	-11,397	1,00	46,29	A	O
NGUYÊN TỬ	418	N	LEU	507	-26,459	29,504	-9,329	1,00	41,66	A	N
NGUYÊN TỬ	419	CA	LEU	507	-25,161	28,990	-9,749	1,00	36,60	A	C
NGUYÊN TỬ	420	CB	LEU	507	-24,042	29,594	-8,901	1,00	34,82	A	C
NGUYÊN TỬ	421	CG	LEU	507	-23,892	31,114	-8,941	1,00	35,36	A	C
NGUYÊN TỬ	422	CD1	LEU	507	-22,759	31,532	-8,016	1,00	35,13	A	C
NGUYÊN TỬ	423	CD2	LEU	507	-23,625	31,576	-10,363	1,00	30,11	A	C
NGUYÊN TỬ	424	C	LEU	507	-25,127	27,473	-9,623	1,00	34,72	A	C
NGUYÊN TỬ	425	O	LEU	507	-25,651	26,910	-8,657	1,00	33,92	A	O
NGUYÊN TỬ	426	N	VAL	508	-24,524	26,812	-10,607	1,00	31,44	A	N
NGUYÊN TỬ	427	CA	VAL	508	-24,238	25,392	-10,492	1,00	29,22	A	C
NGUYÊN TỬ	428	CB	VAL	508	-25,036	24,556	-11,505	1,00	31,89	A	C
NGUYÊN TỬ	429	CG1	VAL	508	-26,513	24,933	-11,437	1,00	30,81	A	C
NGUYÊN TỬ	430	CG2	VAL	508	-24,469	24,744	-12,895	1,00	29,53	A	C
NGUYÊN TỬ	431	C	VAL	508	-22,761	25,132	-10,724	1,00	28,89	A	C
NGUYÊN TỬ	432	O	VAL	508	-22,026	26,009	-11,192	1,00	26,64	A	O
NGUYÊN TỬ	433	N	CYS	509	-22,344	23,913	-10,401	1,00	26,50	A	N
NGUYÊN TỬ	434	CA	CYS	509	-20,943	23,519	-10,431	1,00	26,63	A	C
NGUYÊN TỬ	435	C	CYS	509	-20,710	22,485	-11,523	1,00	26,83	A	C
NGUYÊN TỬ	436	O	CYS	509	-21,233	21,372	-11,446	1,00	27,38	A	O
NGUYÊN TỬ	437	CB	CYS	509	-20,572	22,924	-9,076	1,00	27,35	A	C
NGUYÊN TỬ	438	SG	CYS	509	-18,841	22,425	-8,815	1,00	29,68	A	S
NGUYÊN TỬ	439	N	ARG	510	-19,921	22,847	-12,530	1,00	26,66	A	N
NGUYÊN TỬ	440	CA	ARG	510	-19,559	21,915	-13,600	1,00	25,83	A	C
NGUYÊN TỬ	441	CB	ARG	510	-19,838	22,546	-14,973	1,00	24,38	A	C
NGUYÊN TỬ	442	CG	ARG	510	-19,589	21,595	-16,148	1,00	26,06	A	C
NGUYÊN TỬ	443	CD	ARG	510	-19,798	22,278	-17,504	1,00	24,80	A	C
NGUYÊN TỬ	444	NE	ARG	510	-21,158	22,782	-17,661	1,00	25,36	A	N
NGUYÊN TỬ	445	CZ	ARG	510	-22,193	22,037	-18,049	1,00	28,22	A	C
NGUYÊN TỬ	446	NH1	ARG	510	-23,397	22,581	-18,166	1,00	26,65	A	N
NGUYÊN TỬ	447	NH2	ARG	510	-22,028	20,747	-18,320	1,00	24,05	A	N
NGUYÊN TỬ	448	C	ARG	510	-18,084	21,521	-13,518	1,00	25,64	A	C
NGUYÊN TỬ	449	O	ARG	510	-17,207	22,389	-13,530	1,00	27,40	A	O
NGUYÊN TỬ	450	N	ALA	511	-17,812	20,220	-13,439	1,00	24,50	A	N
NGUYÊN TỬ	451	CA	ALA	511	-16,436	19,712	-13,462	1,00	23,75	A	C
NGUYÊN TỬ	452	CB	ALA	511	-16,218	18,716	-12,321	1,00	23,65	A	C
NGUYÊN TỬ	453	C	ALA	511	-16,131	19,033	-14,794	1,00	24,97	A	C
NGUYÊN TỬ	454	O	ALA	511	-17,015	18,413	-15,387	1,00	23,22	A	O

NGUYÊN TỬ	455	N	HIS	512	-14,872	19,135	-15,233	1,00	24,16	A	N
NGUYÊN TỬ	456	CA	HIS	512	-14,435	18,679	-16,559	1,00	24,87	A	C
NGUYÊN TỬ	457	CB	HIS	512	-13,774	19,837	-17,323	1,00	25,25	A	C
NGUYÊN TỬ	458	CG	HIS	512	-14,711	20,953	-17,660	1,00	25,82	A	C
NGUYÊN TỬ	459	CD2	HIS	512	-14,982	22,115	-17,021	1,00	26,89	A	C
NGUYÊN TỬ	460	ND1	HIS	512	-15,507	20,939	-18,785	1,00	27,87	A	N
NGUYÊN TỬ	461	CE1	HIS	512	-16,229	22,046	-18,825	1,00	28,93	A	C
NGUYÊN TỬ	462	NE2	HIS	512	-15,929	22,776	-17,766	1,00	30,14	A	N
NGUYÊN TỬ	463	C	HIS	512	-13,440	17,518	-16,503	1,00	25,39	A	C
NGUYÊN TỬ	464	O	HIS	512	-12,452	17,570	-15,762	1,00	24,51	A	O
NGUYÊN TỬ	465	N	ASN	513	-13,688	16,491	-17,313	1,00	23,79	A	N
NGUYÊN TỬ	466	CA	ASN	513	-12,757	15,378	-17,459	1,00	24,72	A	C
NGUYÊN TỬ	467	CB	ASN	513	-13,447	14,196	-18,155	1,00	21,47	A	C
NGUYÊN TỬ	468	CG	ASN	513	-12,676	12,888	-17,998	1,00	25,11	A	C
NGUYÊN TỬ	469	OD1	ASN	513	-11,857	12,740	-17,087	1,00	26,09	A	O
NGUYÊN TỬ	470	ND2	ASN	513	-12,943	11,927	-18,887	1,00	20,32	A	N
NGUYÊN TỬ	471	C	ASN	513	-11,558	15,839	-18,285	1,00	23,06	A	C
NGUYÊN TỬ	472	O	ASN	513	-11,572	16,930	-18,843	1,00	23,76	A	O
NGUYÊN TỬ	473	N	ALA	514	-10,523	15,010	-18,359	1,00	23,46	A	N
NGUYÊN TỬ	474	CA	ALA	514	-9,342	15,331	-19,170	1,00	24,44	A	C
NGUYÊN TỬ	475	CB	ALA	514	-8,116	15,505	-18,268	1,00	21,96	A	C
NGUYÊN TỬ	476	C	ALA	514	-9,066	14,247	-20,203	1,00	24,29	A	C
NGUYÊN TỬ	477	O	ALA	514	-9,501	13,107	-20,041	1,00	24,54	A	O
NGUYÊN TỬ	478	N	PHE	515	-8,340	14,608	-21,261	1,00	25,86	A	N
NGUYÊN TỬ	479	CA	PHE	515	-7,806	13,632	-22,218	1,00	25,71	A	C
NGUYÊN TỬ	480	CB	PHE	515	-6,761	14,313	-23,116	1,00	27,88	A	C
NGUYÊN TỬ	481	CG	PHE	515	-6,124	13,397	-24,134	1,00	28,53	A	C
NGUYÊN TỬ	482	CD1	PHE	515	-6,818	13,006	-25,270	1,00	29,33	A	C
NGUYÊN TỬ	483	CD2	PHE	515	-4,827	12,936	-23,956	1,00	31,17	A	C
NGUYÊN TỬ	484	CE1	PHE	515	-6,234	12,171	-26,216	1,00	30,11	A	C
NGUYÊN TỬ	485	CE2	PHE	515	-4,231	12,098	-24,897	1,00	32,87	A	C
NGUYÊN TỬ	486	CZ	PHE	515	-4,936	11,714	-26,030	1,00	30,57	A	C
NGUYÊN TỬ	487	C	PHE	515	-7,170	12,473	-21,446	1,00	25,67	A	C
NGUYÊN TỬ	488	O	PHE	515	-6,333	12,692	-20,570	1,00	25,88	A	O
NGUYÊN TỬ	489	N	GLY	516	-7,589	11,247	-21,745	1,00	25,26	A	N
NGUYÊN TỬ	490	CA	GLY	516	-6,993	10,089	-21,095	1,00	25,89	A	C
NGUYÊN TỬ	491	C	GLY	516	-7,556	9,730	-19,725	1,00	28,02	A	C
NGUYÊN TỬ	492	O	GLY	516	-7,309	8,634	-19,228	1,00	29,41	A	O
NGUYÊN TỬ	493	N	GLY	517	-8,310	10,641	-19,112	1,00	27,77	A	N
NGUYÊN TỬ	494	CA	GLY	517	-8,722	10,457	-17,727	1,00	28,63	A	C
NGUYÊN TỬ	495	C	GLY	517	-9,944	9,571	-17,617	1,00	29,61	A	C
NGUYÊN TỬ	496	O	GLY	517	-10,494	9,178	-18,629	1,00	29,48	A	O
NGUYÊN TỬ	497	N	GLU	518	-10,385	9,246	-16,408	1,00	28,88	A	N
NGUYÊN TỬ	498	CA	GLU	518	-11,479	8,292	-16,278	1,00	30,08	A	C
NGUYÊN TỬ	499	CB	GLU	518	-11,096	7,152	-15,325	1,00	33,06	A	C
NGUYÊN TỬ	500	CG	GLU	518	-10,923	7,562	-13,883	1,00	41,55	A	C
NGUYÊN TỬ	501	CD	GLU	518	-9,561	8,160	-13,614	1,00	48,72	A	C
NGUYÊN TỬ	502	OE1	GLU	518	-8,719	8,183	-14,546	1,00	50,19	A	O
NGUYÊN TỬ	503	OE2	GLU	518	-9,332	8,607	-12,467	1,00	53,68	A	O
NGUYÊN TỬ	504	C	GLU	518	-12,779	8,931	-15,818	1,00	28,72	A	C
NGUYÊN TỬ	505	O	GLU	518	-13,720	8,233	-15,443	1,00	29,04	A	O
NGUYÊN TỬ	506	N	GLY	519	-12,836	10,257	-15,862	1,00	26,44	A	N
NGUYÊN TỬ	507	CA	GLY	519	-14,033	10,951	-15,430	1,00	25,94	A	C
NGUYÊN TỬ	508	C	GLY	519	-13,808	11,639	-14,099	1,00	25,37	A	C
NGUYÊN TỬ	509	O	GLY	519	-12,808	11,386	-13,429	1,00	24,07	A	O
NGUYÊN TỬ	510	N	VAL	520	-14,738	12,507	-13,715	1,00	24,24	A	N
NGUYÊN TỬ	511	CA	VAL	520	-14,545	13,374	-12,557	1,00	24,20	A	C
NGUYÊN TỬ	512	CB	VAL	520	-14,047	14,770	-12,988	1,00	25,35	A	C
NGUYÊN TỬ	513	CG1	VAL	520	-12,750	14,643	-13,781	1,00	23,64	A	C
NGUYÊN TỬ	514	CG2	VAL	520	-15,114	15,454	-13,824	1,00	21,19	A	C
NGUYÊN TỬ	515	C	VAL	520	-15,852	13,561	-11,800	1,00	24,80	A	C
NGUYÊN TỬ	516	O	VAL	520	-16,920	13,207	-12,302	1,00	25,48	A	O
NGUYÊN TỬ	517	N	TYR	521	-15,754	14,121	-10,596	1,00	23,24	A	N
NGUYÊN TỬ	518	CA	TYR	521	-16,922	14,530	-9,821	1,00	23,59	A	C
NGUYÊN TỬ	519	CB	TYR	521	-16,902	13,893	-8,430	1,00	24,30	A	C
NGUYÊN TỬ	520	CG	TYR	521	-16,985	12,392	-8,457	1,00	26,30	A	C
NGUYÊN TỬ	521	CD1	TYR	521	-15,833	11,620	-8,533	1,00	25,03	A	C
NGUYÊN TỬ	522	CE1	TYR	521	-15,901	10,243	-8,597	1,00	29,75	A	C
NGUYÊN TỬ	523	CD2	TYR	521	-18,216	11,746	-8,440	1,00	23,79	A	C
NGUYÊN TỬ	524	CE2	TYR	521	-18,296	10,368	-8,505	1,00	28,16	A	C
NGUYÊN TỬ	525	CZ	TYR	521	-17,133	9,624	-8,587	1,00	30,47	A	C
NGUYÊN TỬ	526	OH	TYR	521	-17,196	8,259	-8,694	1,00	35,15	A	O
NGUYÊN TỬ	527	C	TYR	521	-16,945	16,037	-9,650	1,00	23,08	A	C
NGUYÊN TỬ	528	O	TYR	521	-15,898	16,666	-9,504	1,00	22,54	A	O
NGUYÊN TỬ	529	N	ALA	522	-18,142	16,611	-9,660	1,00	23,04	A	N
NGUYÊN TỬ	530	CA	ALA	522	-18,314	18,005	-9,283	1,00	22,28	A	C

NGUYÊN TỬ	531	CB	ALA	522	-19,336	18,685	-10,201	1,00	23,30	A	C
NGUYÊN TỬ	532	C	ALA	522	-18,803	18,016	-7,843	1,00	23,52	A	C
NGUYÊN TỬ	533	O	ALA	522	-19,561	17,132	-7,431	1,00	22,23	A	O
NGUYÊN TỬ	534	N	ILE	523	-18,358	19,004	-7,074	1,00	23,74	A	N
NGUYÊN TỬ	535	CA	ILE	523	-18,714	19,078	-5,665	1,00	23,56	A	C
NGUYÊN TỬ	536	CB	ILE	523	-17,537	18,639	-4,779	1,00	26,23	A	C
NGUYÊN TỬ	537	CG2	ILE	523	-17,959	18,618	-3,306	1,00	21,95	A	C
NGUYÊN TỬ	538	CG1	ILE	523	-17,083	17,237	-5,193	1,00	24,93	A	C
NGUYÊN TỬ	539	CD1	ILE	523	-15,614	17,139	-5,452	1,00	24,24	A	C
NGUYÊN TỬ	540	C	ILE	523	-19,112	20,500	-5,303	1,00	26,24	A	C
NGUYÊN TỬ	541	O	ILE	523	-18,282	21,408	-5,298	1,00	28,35	A	O
NGUYÊN TỬ	542	N	ALA	524	-20,393	20,690	-5,013	1,00	24,72	A	N
NGUYÊN TỬ	543	CA	ALA	524	-20,902	22,004	-4,658	1,00	24,50	A	C
NGUYÊN TỬ	544	CB	ALA	524	-22,279	22,214	-5,295	1,00	23,50	A	C
NGUYÊN TỬ	545	C	ALA	524	-20,999	22,141	-3,140	1,00	24,77	A	C
NGUYÊN TỬ	546	O	ALA	524	-21,254	21,170	-2,435	1,00	26,27	A	O
NGUYÊN TỬ	547	N	ARG	525	-20,784	23,352	-2,646	1,00	26,08	A	N
NGUYÊN TỬ	548	CA	ARG	525	-21,076	23,684	-1,259	1,00	25,79	A	C
NGUYÊN TỬ	549	CB	ARG	525	-19,931	24,513	-0,678	1,00	26,10	A	C
NGUYÊN TỬ	550	CG	ARG	525	-19,969	24,682	0,825	1,00	27,35	A	C
NGUYÊN TỬ	551	CD	ARG	525	-19,724	23,367	1,575	1,00	26,86	A	C
NGUYÊN TỬ	552	NE	ARG	525	-19,572	23,634	3,001	1,00	26,08	A	N
NGUYÊN TỬ	553	CZ	ARG	525	-19,631	22,720	3,963	1,00	28,22	A	C
NGUYÊN TỬ	554	NH1	ARG	525	-19,480	23,097	5,225	1,00	24,72	A	N
NGUYÊN TỬ	555	NH2	ARG	525	-19,838	21,436	3,671	1,00	28,59	A	N
NGUYÊN TỬ	556	C	ARG	525	-22,374	24,492	-1,259	1,00	26,55	A	C
NGUYÊN TỬ	557	O	ARG	525	-22,457	25,555	-1,877	1,00	27,38	A	O
NGUYÊN TỬ	558	N	CYS	526	-23,393	23,973	-0,585	1,00	27,37	A	N
NGUYÊN TỬ	559	CA	CYS	526	-24,727	24,557	-0,635	1,00	27,20	A	C
NGUYÊN TỬ	560	C	CYS	526	-25,155	25,053	0,749	1,00	28,67	A	C
NGUYÊN TỬ	561	O	CYS	526	-25,183	24,282	1,709	1,00	27,15	A	O
NGUYÊN TỬ	562	CB	CYS	526	-25,722	23,512	-1,124	1,00	28,62	A	C
NGUYÊN TỬ	563	SG	CYS	526	-25,404	22,884	-2,801	1,00	28,40	A	S
NGUYÊN TỬ	564	N	CYS	527	-25,496	26,333	0,850	1,00	27,75	A	N
NGUYÊN TỬ	565	CA	CYS	527	-25,764	26,923	2,153	1,00	30,68	A	C
NGUYÊN TỬ	566	C	CYS	527	-27,111	27,637	2,230	1,00	30,03	A	C
NGUYÊN TỬ	567	O	CYS	527	-27,672	28,049	1,213	1,00	29,33	A	O
NGUYÊN TỬ	568	CB	CYS	527	-24,653	27,907	2,519	1,00	30,20	A	C
NGUYÊN TỬ	569	SG	CYS	527	-22,945	27,315	2,258	1,00	34,88	A	S
NGUYÊN TỬ	570	N	LEU	528	-27,626	27,777	3,448	1,00	31,45	A	N
NGUYÊN TỬ	571	CA	LEU	528	-28,801	28,604	3,688	1,00	33,88	A	C
NGUYÊN TỬ	572	CB	LEU	528	-29,615	28,058	4,862	1,00	31,33	A	C
NGUYÊN TỬ	573	CG	LEU	528	-30,103	26,630	4,633	1,00	31,88	A	C
NGUYÊN TỬ	574	CD1	LEU	528	-30,984	26,179	5,793	1,00	28,76	A	C
NGUYÊN TỬ	575	CD2	LEU	528	-30,858	26,576	3,317	1,00	29,32	A	C
NGUYÊN TỬ	576	C	LEU	528	-28,361	30,026	3,979	1,00	36,14	A	C
NGUYÊN TỬ	577	O	LEU	528	-27,762	30,311	5,014	1,00	36,49	A	O
NGUYÊN TỬ	578	N	LEU	529	-28,652	30,914	3,042	1,00	40,20	A	N
NGUYÊN TỬ	579	CA	LEU	529	-28,208	32,292	3,135	1,00	45,03	A	C
NGUYÊN TỬ	580	CB	LEU	529	-26,956	32,491	2,272	1,00	43,96	A	C
NGUYÊN TỬ	581	CG	LEU	529	-26,141	33,767	2,499	1,00	45,14	A	C
NGUYÊN TỬ	582	CD1	LEU	529	-25,404	33,667	3,822	1,00	45,34	A	C
NGUYÊN TỬ	583	CD2	LEU	529	-25,146	33,956	1,368	1,00	45,47	A	C
NGUYÊN TỬ	584	C	LEU	529	-29,348	33,181	2,638	1,00	48,10	A	C
NGUYÊN TỬ	585	O	LEU	529	-29,527	33,369	1,431	1,00	48,79	A	O
NGUYÊN TỬ	586	N	PRO	530	-30,144	33,726	3,570	1,00	48,91	A	N
NGUYÊN TỬ	587	CD	PRO	530	-29,972	33,547	5,021	1,00	48,98	A	C
NGUYÊN TỬ	588	CA	PRO	530	-31,254	34,638	3,259	1,00	50,42	A	C
NGUYÊN TỬ	589	CB	PRO	530	-31,955	34,819	4,603	1,00	49,24	A	C
NGUYÊN TỬ	590	CG	PRO	530	-30,872	34,610	5,604	1,00	50,12	A	C
NGUYÊN TỬ	591	C	PRO	530	-30,773	35,972	2,687	1,00	49,69	A	C
NGUYÊN TỬ	592	O	PRO	530	-29,729	36,488	3,080	1,00	48,57	A	O
NGUYÊN TỬ	593	N	GLN	531	-31,544	36,527	1,759	1,00	52,50	A	N
NGUYÊN TỬ	594	CA	GLN	531	-31,225	37,830	1,182	1,00	54,58	A	C
NGUYÊN TỬ	595	CB	GLN	531	-31,325	38,929	2,247	1,00	57,89	A	C
NGUYÊN TỬ	596	CG	GLN	531	-32,722	39,160	2,811	1,00	62,33	A	C
NGUYÊN TỬ	597	CD	GLN	531	-32,754	40,294	3,831	1,00	65,19	A	C
NGUYÊN TỬ	598	OE1	GLN	531	-32,220	41,381	3,590	1,00	66,51	A	O
NGUYÊN TỬ	599	NE2	GLN	531	-33,378	40,043	4,978	1,00	64,89	A	N
NGUYÊN TỬ	600	C	GLN	531	-29,820	37,843	0,586	1,00	53,73	A	C
NGUYÊN TỬ	601	O	GLN	531	-29,021	38,734	0,882	1,00	54,88	A	O
NGUYÊN TỬ	602	N	ALA	532	-29,518	36,858	-0,250	1,00	50,22	A	N
NGUYÊN TỬ	603	CA	ALA	532	-28,234	36,828	-0,933	1,00	48,20	A	C
NGUYÊN TỬ	604	CB	ALA	532	-27,514	35,525	-0,626	1,00	46,39	A	C
NGUYÊN TỬ	605	C	ALA	532	-28,404	36,991	-2,443	1,00	47,17	A	C
NGUYÊN TỬ	606	O	ALA	532	-29,324	36,432	-3,043	1,00	45,39	A	O

NGUYÊN TỬ	607	N	ASN	533	-27,520	37,772	-3,052	1,00	46,61	A	N
NGUYÊN TỬ	608	CA	ASN	533	-27,359	37,735	-4,500	1,00	45,24	A	C
NGUYÊN TỬ	609	CB	ASN	533	-27,689	39,097	-5,130	1,00	48,68	A	C
NGUYÊN TỬ	610	CG	ASN	533	-27,745	39,039	-6,657	1,00	52,76	A	C
NGUYÊN TỬ	611	OD1	ASN	533	-27,459	38,001	-7,259	1,00	55,43	A	O
NGUYÊN TỬ	612	ND2	ASN	533	-28,117	40,154	-7,286	1,00	54,40	A	N
NGUYÊN TỬ	613	C	ASN	533	-25,910	37,372	-4,781	1,00	42,36	A	C
NGUYÊN TỬ	614	O	ASN	533	-25,004	38,166	-4,540	1,00	41,25	A	O
NGUYÊN TỬ	615	N	CYS	534	-25,694	36,162	-5,278	1,00	40,03	A	N
NGUYÊN TỬ	616	CA	CYS	534	-24,346	35,706	-5,572	1,00	38,85	A	C
NGUYÊN TỬ	617	C	CYS	534	-24,139	35,637	-7,076	1,00	38,60	A	C
NGUYÊN TỬ	618	O	CYS	534	-25,031	35,215	-7,812	1,00	38,28	A	O
NGUYÊN TỬ	619	CB	CYS	534	-24,104	34,322	-4,980	1,00	38,71	A	C
NGUYÊN TỬ	620	SG	CYS	534	-24,229	34,143	-3,170	1,00	39,44	A	S
NGUYÊN TỬ	621	N	SER	535	-22,956	36,040	-7,525	1,00	35,57	A	N
NGUYÊN TỬ	622	CA	SER	535	-22,642	36,029	-8,943	1,00	35,87	A	C
NGUYÊN TỬ	623	CB	SER	535	-22,807	37,438	-9,523	1,00	34,93	A	C
NGUYÊN TỬ	624	OG	SER	535	-22,034	38,375	-8,795	1,00	37,31	A	O
NGUYÊN TỬ	625	C	SER	535	-21,220	35,528	-9,168	1,00	34,87	A	C
NGUYÊN TỬ	626	O	SER	535	-20,364	35,643	-8,287	1,00	34,76	A	O
NGUYÊN TỬ	627	N	VAL	536	-20,975	34,966	-10,347	1,00	32,81	A	N
NGUYÊN TỬ	628	CA	VAL	536	-19,659	34,444	-10,681	1,00	32,05	A	C
NGUYÊN TỬ	629	CB	VAL	536	-19,752	33,158	-11,524	1,00	33,02	A	C
NGUYÊN TỬ	630	CG1	VAL	536	-18,353	32,630	-11,817	1,00	31,62	A	C
NGUYÊN TỬ	631	CG2	VAL	536	-20,555	32,116	-10,787	1,00	37,22	A	C
NGUYÊN TỬ	632	C	VAL	536	-18,871	35,465	-11,479	1,00	32,35	A	C
NGUYÊN TỬ	633	O	VAL	536	-19,395	36,083	-12,406	1,00	32,68	A	O
NGUYÊN TỬ	634	N	HIS	537	-17,603	35,631	-11,129	1,00	32,15	A	N
NGUYÊN TỬ	635	CA	HIS	537	-16,743	36,550	-11,854	1,00	32,62	A	C
NGUYÊN TỬ	636	CB	HIS	537	-16,430	37,757	-10,974	1,00	32,90	A	C
NGUYÊN TỬ	637	CG	HIS	537	-17,657	38,492	-10,534	1,00	38,48	A	C
NGUYÊN TỬ	638	CD2	HIS	537	-18,536	38,238	-9,534	1,00	39,02	A	C
NGUYÊN TỬ	639	ND1	HIS	537	-18,153	39,587	-11,211	1,00	39,06	A	N
NGUYÊN TỬ	640	CE1	HIS	537	-19,285	39,973	-10,650	1,00	40,38	A	C
NGUYÊN TỬ	641	NE2	HIS	537	-19,540	39,171	-9,630	1,00	41,12	A	N
NGUYÊN TỬ	642	C	HIS	537	-15,482	35,829	-12,268	1,00	31,22	A	C
NGUYÊN TỬ	643	O	HIS	537	-14,825	35,197	-11,446	1,00	32,87	A	O
NGUYÊN TỬ	644	N	THR	538	-15,160	35,923	-13,553	1,00	30,02	A	N
NGUYÊN TỬ	645	CA	THR	538	-14,130	35,092	-14,162	1,00	28,85	A	C
NGUYÊN TỬ	646	CB	THR	538	-14,745	34,189	-15,259	1,00	30,20	A	C
NGUYÊN TỬ	647	OG1	THR	538	-15,658	33,264	-14,652	1,00	29,62	A	O
NGUYÊN TỬ	648	CG2	THR	538	-13,658	33,417	-16,011	1,00	26,80	A	C
NGUYÊN TỬ	649	C	THR	538	-13,027	35,934	-14,786	1,00	27,41	A	C
NGUYÊN TỬ	650	O	THR	538	-13,290	37,001	-15,330	1,00	26,94	A	O
NGUYÊN TỬ	651	N	ALA	539	-11,793	35,453	-14,704	1,00	26,67	A	N
NGUYÊN TỬ	652	CA	ALA	539	-10,713	36,017	-15,502	1,00	26,84	A	C
NGUYÊN TỬ	653	CB	ALA	539	-9,722	36,757	-14,617	1,00	27,43	A	C
NGUYÊN TỬ	654	C	ALA	539	-10,010	34,901	-16,258	1,00	27,34	A	C
NGUYÊN TỬ	655	O	ALA	539	-9,800	33,806	-15,727	1,00	29,03	A	O
NGUYÊN TỬ	656	N	PRO	540	-9,645	35,168	-17,518	1,00	25,34	A	N
NGUYÊN TỬ	657	CD	PRO	540	-9,835	36,482	-18,162	1,00	26,40	A	C
NGUYÊN TỬ	658	CA	PRO	540	-9,058	34,190	-18,434	1,00	25,56	A	C
NGUYÊN TỬ	659	CB	PRO	540	-9,227	34,841	-19,804	1,00	25,71	A	C
NGUYÊN TỬ	660	CG	PRO	540	-9,165	36,312	-19,505	1,00	27,40	A	C
NGUYÊN TỬ	661	C	PRO	540	-7,595	33,907	-18,126	1,00	27,52	A	C
NGUYÊN TỬ	662	O	PRO	540	-6,923	34,699	-17,463	1,00	27,04	A	O
NGUYÊN TỬ	663	N	PRO	541	-7,075	32,783	-18,636	1,00	27,53	A	N
NGUYÊN TỬ	664	CD	PRO	541	-7,795	31,778	-19,435	1,00	28,31	A	C
NGUYÊN TỬ	665	CA	PRO	541	-5,650	32,469	-18,522	1,00	29,94	A	C
NGUYÊN TỬ	666	CB	PRO	541	-5,458	31,318	-19,510	1,00	26,51	A	C
NGUYÊN TỬ	667	CG	PRO	541	-6,794	30,658	-19,562	1,00	28,03	A	C
NGUYÊN TỬ	668	C	PRO	541	-4,788	33,676	-18,875	1,00	32,23	A	C
NGUYÊN TỬ	669	O	PRO	541	-5,053	34,382	-19,848	1,00	30,35	A	O
NGUYÊN TỬ	670	N	ALA	542	-3,759	33,910	-18,070	1,00	35,43	A	N
NGUYÊN TỬ	671	CA	ALA	542	-2,864	35,034	-18,290	1,00	39,68	A	C
NGUYÊN TỬ	672	CB	ALA	542	-3,169	36,142	-17,298	1,00	41,32	A	C
NGUYÊN TỬ	673	C	ALA	542	-1,429	34,572	-18,125	1,00	41,82	A	C
NGUYÊN TỬ	674	O	ALA	542	-1,077	33,982	-17,108	1,00	43,83	A	O
NGUYÊN TỬ	675	N	GLU	543	-0,603	34,838	-19,125	1,00	44,83	A	N
NGUYÊN TỬ	676	CA	GLU	543	0,816	34,523	-19,033	1,00	48,00	A	C
NGUYÊN TỬ	677	CB	GLU	543	1,461	34,625	-20,418	1,00	52,56	A	C
NGUYÊN TỬ	678	CG	GLU	543	2,492	33,547	-20,715	1,00	57,96	A	C
NGUYÊN TỬ	679	CD	GLU	543	1,858	32,227	-21,120	1,00	61,23	A	C
NGUYÊN TỬ	680	OE1	GLU	543	1,824	31,303	-20,277	1,00	62,99	A	O
NGUYÊN TỬ	681	OE2	GLU	543	1,396	32,113	-22,283	1,00	63,66	A	O
NGUYÊN TỬ	682	C	GLU	543	1,463	35,530	-18,082	1,00	47,94	A	C

NGUYÊN TỬ	683	O	GLU	543	2,038	36,525	-18,520	1,00	49,36	A	O
NGUYÊN TỬ	684	N	ALA	544	1,359	35,274	-16,781	1,00	45,85	A	N
NGUYÊN TỬ	685	CA	ALA	544	1,827	36,223	-15,780	1,00	43,79	A	C
NGUYÊN TỬ	686	CB	ALA	544	0,678	37,126	-15,346	1,00	42,96	A	C
NGUYÊN TỬ	687	C	ALA	544	2,418	35,508	-14,564	1,00	44,20	A	C
NGUYÊN TỬ	688	O	ALA	544	1,998	34,402	-14,210	1,00	42,82	A	O
NGUYÊN TỬ	689	N	SER	545	3,392	36,148	-13,926	1,00	43,11	A	N
NGUYÊN TỬ	690	CA	SER	545	4,054	35,566	-12,767	1,00	42,80	A	C
NGUYÊN TỬ	691	CB	SER	545	5,198	36,469	-12,297	1,00	44,06	A	C
NGUYÊN TỬ	692	OG	SER	545	6,381	36,204	-13,028	1,00	49,18	A	O
NGUYÊN TỬ	693	C	SER	545	3,082	35,350	-11,621	1,00	40,42	A	C
NGUYÊN TỬ	694	O	SER	545	3,159	34,344	-10,917	1,00	41,59	A	O
NGUYÊN TỬ	695	N	MET	546	2,171	36,297	-11,435	1,00	37,26	A	N
NGUYÊN TỬ	696	CA	MET	546	1,224	36,224	-10,337	1,00	37,49	A	C
NGUYÊN TỬ	697	CB	MET	546	0,851	37,631	-9,869	1,00	36,04	A	C
NGUYÊN TỬ	698	CG	MET	546	1,973	38,326	-9,119	1,00	37,71	A	C
NGUYÊN TỬ	699	SD	MET	546	1,626	40,049	-8,851	1,00	38,80	A	S
NGUYÊN TỬ	700	CE	MET	546	2,137	40,710	-10,406	1,00	47,70	A	C
NGUYÊN TỬ	701	C	MET	546	-0,028	35,451	-10,718	1,00	37,16	A	C
NGUYÊN TỬ	702	O	MET	546	-1,076	35,596	-10,083	1,00	37,19	A	O
NGUYÊN TỬ	703	N	GLY	547	0,091	34,630	-11,757	1,00	36,79	A	N
NGUYÊN TỬ	704	CA	GLY	547	-0,994	33,747	-12,136	1,00	35,87	A	C
NGUYÊN TỬ	705	C	GLY	547	-2,212	34,481	-12,659	1,00	36,73	A	C
NGUYÊN TỬ	706	O	GLY	547	-2,119	35,599	-13,168	1,00	36,47	A	O
NGUYÊN TỬ	707	N	THR	548	-3,366	33,840	-12,536	1,00	35,43	A	N
NGUYÊN TỬ	708	CA	THR	548	-4,617	34,407	-13,017	1,00	35,74	A	C
NGUYÊN TỬ	709	CB	THR	548	-5,403	33,365	-13,841	1,00	37,13	A	C
NGUYÊN TỬ	710	OG1	THR	548	-4,580	32,892	-14,914	1,00	39,98	A	O
NGUYÊN TỬ	711	CG2	THR	548	-6,664	33,976	-14,416	1,00	38,25	A	C
NGUYÊN TỬ	712	C	THR	548	-5,442	34,817	-11,808	1,00	34,88	A	C
NGUYÊN TỬ	713	O	THR	548	-5,597	34,041	-10,866	1,00	36,02	A	O
NGUYÊN TỬ	714	N	ARG	549	-5,971	36,033	-11,831	1,00	33,45	A	N
NGUYÊN TỬ	715	CA	ARG	549	-6,562	36,607	-10,632	1,00	34,68	A	C
NGUYÊN TỬ	716	CB	ARG	549	-5,574	37,580	-9,975	1,00	34,64	A	C
NGUYÊN TỬ	717	CG	ARG	549	-4,158	37,005	-9,856	1,00	37,46	A	C
NGUYÊN TỬ	718	CD	ARG	549	-3,155	38,035	-9,350	1,00	35,98	A	C
NGUYÊN TỬ	719	NE	ARG	549	-3,201	38,159	-7,901	1,00	35,43	A	N
NGUYÊN TỬ	720	CZ	ARG	549	-2,454	37,440	-7,069	1,00	34,21	A	C
NGUYÊN TỬ	721	NH1	ARG	549	-2,566	37,618	-5,760	1,00	30,15	A	N
NGUYÊN TỬ	722	NH2	ARG	549	-1,593	36,545	-7,546	1,00	32,58	A	N
NGUYÊN TỬ	723	C	ARG	549	-7,859	37,329	-10,947	1,00	34,29	A	C
NGUYÊN TỬ	724	O	ARG	549	-7,990	37,968	-11,986	1,00	34,98	A	O
NGUYÊN TỬ	725	N	VAL	550	-8,818	37,221	-10,040	1,00	33,25	A	N
NGUYÊN TỬ	726	CA	VAL	550	-10,054	37,970	-10,147	1,00	33,71	A	C
NGUYÊN TỬ	727	CB	VAL	550	-11,130	37,161	-10,914	1,00	33,51	A	C
NGUYÊN TỬ	728	CG1	VAL	550	-11,547	35,936	-10,103	1,00	30,56	A	C
NGUYÊN TỬ	729	CG2	VAL	550	-12,329	38,043	-11,222	1,00	32,51	A	C
NGUYÊN TỬ	730	C	VAL	550	-10,530	38,244	-8,727	1,00	36,76	A	C
NGUYÊN TỬ	731	O	VAL	550	-10,261	37,460	-7,812	1,00	36,18	A	O
NGUYÊN TỬ	732	N	HIS	551	-11,222	39,358	-8,530	1,00	38,93	A	N
NGUYÊN TỬ	733	CA	HIS	551	-11,719	39,683	-7,200	1,00	43,33	A	C
NGUYÊN TỬ	734	CB	HIS	551	-10,779	40,675	-6,506	1,00	46,64	A	C
NGUYÊN TỬ	735	CG	HIS	551	-10,856	42,067	-7,050	1,00	52,46	A	C
NGUYÊN TỬ	736	CD2	HIS	551	-10,404	42,597	-8,212	1,00	54,58	A	C
NGUYÊN TỬ	737	ND1	HIS	551	-11,460	43,101	-6,365	1,00	54,96	A	N
NGUYÊN TỬ	738	CE1	HIS	551	-11,377	44,208	-7,082	1,00	56,62	A	C
NGUYÊN TỬ	739	NE2	HIS	551	-10,741	43,930	-8,207	1,00	57,00	A	N
NGUYÊN TỬ	740	C	HIS	551	-13,128	40,256	-7,262	1,00	43,49	A	C
NGUYÊN TỬ	741	O	HIS	551	-13,585	40,702	-8,313	1,00	42,88	A	O
NGUYÊN TỬ	742	N	CYS	552	-13,815	40,229	-6,128	1,00	44,34	A	N
NGUYÊN TỬ	743	CA	CYS	552	-15,158	40,771	-6,045	1,00	47,65	A	C
NGUYÊN TỬ	744	C	CYS	552	-15,074	42,292	-5,943	1,00	51,08	A	C
NGUYÊN TỬ	745	O	CYS	552	-14,612	42,830	-4,937	1,00	50,38	A	O
NGUYÊN TỬ	746	CB	CYS	552	-15,875	40,193	-4,824	1,00	44,92	A	C
NGUYÊN TỬ	747	SG	CYS	552	-15,982	38,371	-4,816	1,00	44,45	A	S
NGUYÊN TỬ	748	N	HIS	553	-15,518	42,979	-6,990	1,00	55,41	A	N
NGUYÊN TỬ	749	CA	HIS	553	-15,266	44,410	-7,120	1,00	60,41	A	C
NGUYÊN TỬ	750	CB	HIS	553	-14,882	44,748	-8,565	1,00	63,13	A	C
NGUYÊN TỬ	751	CG	HIS	553	-15,927	44,379	-9,572	1,00	68,52	A	C
NGUYÊN TỬ	752	CD2	HIS	553	-16,781	45,144	-10,294	1,00	70,80	A	C
NGUYÊN TỬ	753	ND1	HIS	553	-16,187	43,073	-9,932	1,00	71,80	A	N
NGUYÊN TỬ	754	CE1	HIS	553	-17,155	43,049	-10,831	1,00	71,80	A	C
NGUYÊN TỬ	755	NE2	HIS	553	-17,533	44,293	-11,068	1,00	72,09	A	N
NGUYÊN TỬ	756	C	HIS	553	-16,442	45,282	-6,685	1,00	60,90	A	C
NGUYÊN TỬ	757	O	HIS	553	-16,292	46,491	-6,524	1,00	62,29	A	O
NGUYÊN TỬ	758	N	GLN	554	-17,609	44,677	-6,497	1,00	61,02	A	N

NGUYÊN TỬ	759	CA	GLN	554	-18,792	45,442	-6,120	1,00	61,69	A	C
NGUYÊN TỬ	760	CB	GLN	554	-20,062	44,695	-6,527	1,00	62,40	A	C
NGUYÊN TỬ	761	CG	GLN	554	-20,209	44,514	-8,030	1,00	64,68	A	C
NGUYÊN TỬ	762	CD	GLN	554	-21,646	44,278	-8,452	1,00	66,14	A	C
NGUYÊN TỬ	763	OE1	GLN	554	-22,313	43,371	-7,952	1,00	66,12	A	O
NGUYÊN TỬ	764	NE2	GLN	554	-22,133	45,100	-9,379	1,00	66,69	A	N
NGUYÊN TỬ	765	C	GLN	554	-18,831	45,747	-4,628	1,00	61,75	A	C
NGUYÊN TỬ	766	O	GLN	554	-18,285	45,002	-3,813	1,00	61,46	A	O
NGUYÊN TỬ	767	N	GLN	555	-19,488	46,850	-4,281	1,00	61,73	A	N
NGUYÊN TỬ	768	CA	GLN	555	-19,517	47,338	-2,907	1,00	61,26	A	C
NGUYÊN TỬ	769	CB	GLN	555	-20,092	48,756	-2,869	1,00	64,04	A	C
NGUYÊN TỬ	770	CG	GLN	555	-19,903	49,452	-1,534	1,00	67,91	A	C
NGUYÊN TỬ	771	CD	GLN	555	-18,440	49,524	-1,132	1,00	71,48	A	C
NGUYÊN TỬ	772	OE1	GLN	555	-17,700	50,401	-1,586	1,00	73,49	A	O
NGUYÊN TỬ	773	NE2	GLN	555	-18,012	48,595	-0,279	1,00	71,05	A	N
NGUYÊN TỬ	774	C	GLN	555	-20,336	46,437	-1,984	1,00	59,47	A	C
NGUYÊN TỬ	775	O	GLN	555	-21,532	46,235	-2,199	1,00	58,75	A	O
NGUYÊN TỬ	776	N	GLY	556	-19,683	45,907	-0,953	1,00	57,33	A	N
NGUYÊN TỬ	777	CA	GLY	556	-20,378	45,081	0,019	1,00	55,06	A	C
NGUYÊN TỬ	778	C	GLY	556	-20,304	43,591	-0,268	1,00	53,72	A	C
NGUYÊN TỬ	779	O	GLY	556	-20,687	42,770	0,566	1,00	53,32	A	O
NGUYÊN TỬ	780	N	HIS	557	-19,809	43,233	-1,446	1,00	51,42	A	N
NGUYÊN TỬ	781	CA	HIS	557	-19,772	41,834	-1,841	1,00	49,50	A	C
NGUYÊN TỬ	782	CB	HIS	557	-19,655	41,721	-3,367	1,00	51,95	A	C
NGUYÊN TỬ	783	CG	HIS	557	-20,930	42,035	-4,092	1,00	56,53	A	C
NGUYÊN TỬ	784	CD2	HIS	557	-21,535	41,427	-5,141	1,00	56,76	A	C
NGUYÊN TỬ	785	ND1	HIS	557	-21,752	43,085	-3,733	1,00	57,67	A	N
NGUYÊN TỬ	786	CE1	HIS	557	-22,807	43,110	-4,528	1,00	55,39	A	C
NGUYÊN TỬ	787	NE2	HIS	557	-22,700	42,115	-5,391	1,00	58,10	A	N
NGUYÊN TỬ	788	C	HIS	557	-18,633	41,089	-1,151	1,00	45,78	A	C
NGUYÊN TỬ	789	O	HIS	557	-17,560	41,647	-0,920	1,00	45,56	A	O
NGUYÊN TỬ	790	N	VAL	558	-18,892	39,829	-0,812	1,00	41,36	A	N
NGUYÊN TỬ	791	CA	VAL	558	-17,934	38,982	-0,108	1,00	37,02	A	C
NGUYÊN TỬ	792	CB	VAL	558	-18,500	38,521	1,244	1,00	37,11	A	C
NGUYÊN TỬ	793	CG1	VAL	558	-17,454	37,737	1,998	1,00	37,46	A	C
NGUYÊN TỬ	794	CG2	VAL	558	-18,964	39,721	2,050	1,00	39,30	A	C
NGUYÊN TỬ	795	C	VAL	558	-17,628	37,736	-0,930	1,00	35,05	A	C
NGUYÊN TỬ	796	O	VAL	558	-18,538	37,112	-1,475	1,00	34,44	A	O
NGUYÊN TỬ	797	N	LEU	559	-16,351	37,373	-1,009	1,00	33,22	A	N
NGUYÊN TỬ	798	CA	LEU	559	-15,934	36,175	-1,732	1,00	31,06	A	C
NGUYÊN TỬ	799	CB	LEU	559	-14,440	36,250	-2,039	1,00	29,73	A	C
NGUYÊN TỬ	800	CG	LEU	559	-13,822	34,965	-2,596	1,00	29,66	A	C
NGUYÊN TỬ	801	CD1	LEU	559	-14,328	34,731	-4,025	1,00	27,03	A	C
NGUYÊN TỬ	802	CD2	LEU	559	-12,300	35,079	-2,575	1,00	28,88	A	C
NGUYÊN TỬ	803	C	LEU	559	-16,220	34,929	-0,892	1,00	31,01	A	C
NGUYÊN TỬ	804	O	LEU	559	-15,760	34,829	0,245	1,00	31,89	A	O
NGUYÊN TỬ	805	N	THR	560	-16,976	33,984	-1,447	1,00	28,29	A	N
NGUYÊN TỬ	806	CA	THR	560	-17,335	32,777	-0,707	1,00	27,77	A	C
NGUYÊN TỬ	807	CB	THR	560	-18,862	32,532	-0,728	1,00	27,86	A	C
NGUYÊN TỬ	808	OG1	THR	560	-19,302	32,333	-2,080	1,00	29,50	A	O
NGUYÊN TỬ	809	CG2	THR	560	-19,602	33,721	-0,117	1,00	24,95	A	C
NGUYÊN TỬ	810	C	THR	560	-16,649	31,518	-1,234	1,00	27,81	A	C
NGUYÊN TỬ	811	O	THR	560	-16,592	30,505	-0,544	1,00	27,32	A	O
NGUYÊN TỬ	812	N	GLY	561	-16,149	31,579	-2,465	1,00	28,51	A	N
NGUYÊN TỬ	813	CA	GLY	561	-15,529	30,415	-3,067	1,00	26,65	A	C
NGUYÊN TỬ	814	C	GLY	561	-14,728	30,746	-4,312	1,00	28,04	A	C
NGUYÊN TỬ	815	O	GLY	561	-15,044	31,696	-5,035	1,00	29,85	A	O
NGUYÊN TỬ	816	N	CYS	562	-13,684	29,960	-4,555	1,00	26,78	A	N
NGUYÊN TỬ	817	CA	CYS	562	-12,860	30,109	-5,745	1,00	28,08	A	C
NGUYÊN TỬ	818	C	CYS	562	-12,868	28,802	-6,535	1,00	28,91	A	C
NGUYÊN TỬ	819	O	CYS	562	-12,698	27,725	-5,965	1,00	29,35	A	O
NGUYÊN TỬ	820	CB	CYS	562	-11,414	30,444	-5,358	1,00	29,31	A	C
NGUYÊN TỬ	821	SG	CYS	562	-11,177	32,043	-4,523	1,00	30,67	A	S
NGUYÊN TỬ	822	N	SER	563	-13,060	28,903	-7,845	1,00	27,63	A	N
NGUYÊN TỬ	823	CA	SER	563	-12,994	27,741	-8,721	1,00	27,76	A	C
NGUYÊN TỬ	824	CB	SER	563	-14,372	27,442	-9,321	1,00	25,87	A	C
NGUYÊN TỬ	825	OG	SER	563	-15,267	26,932	-8,341	1,00	29,15	A	O
NGUYÊN TỬ	826	C	SER	563	-11,991	27,990	-9,839	1,00	27,56	A	C
NGUYÊN TỬ	827	O	SER	563	-11,673	29,137	-10,157	1,00	28,34	A	O
NGUYÊN TỬ	828	N	SER	564	-11,506	26,912	-10,440	1,00	26,93	A	N
NGUYÊN TỬ	829	CA	SER	564	-10,543	27,014	-11,531	1,00	28,10	A	C
NGUYÊN TỬ	830	CB	SER	564	-9,121	27,017	-10,960	1,00	28,82	A	C
NGUYÊN TỬ	831	OG	SER	564	-8,171	27,330	-11,957	1,00	33,70	A	O
NGUYÊN TỬ	832	C	SER	564	-10,697	25,845	-12,502	1,00	26,61	A	C
NGUYÊN TỬ	833	O	SER	564	-10,767	24,693	-12,083	1,00	27,41	A	O
NGUYÊN TỬ	834	N	HIS	565	-10,744	26,139	-13,797	1,00	26,38	A	N

NGUYÊN TỬ	835	CA	HIS	565	-10,647	25,098	-14,814	1,00	24,40	A	C
NGUYÊN TỬ	836	CB	HIS	565	-11,995	24,894	-15,510	1,00	23,27	A	C
NGUYÊN TỬ	837	CG	HIS	565	-12,271	25,882	-16,603	1,00	24,99	A	C
NGUYÊN TỬ	838	CD2	HIS	565	-12,022	25,831	-17,934	1,00	25,30	A	C
NGUYÊN TỬ	839	ND1	HIS	565	-12,881	27,096	-16,375	1,00	25,00	A	N
NGUYÊN TỬ	840	CE1	HIS	565	-12,994	27,752	-17,517	1,00	26,14	A	C
NGUYÊN TỬ	841	NE2	HIS	565	-12,480	27,006	-18,479	1,00	24,33	A	N
NGUYÊN TỬ	842	C	HIS	565	-9,589	25,467	-15,850	1,00	24,48	A	C
NGUYÊN TỬ	843	O	HIS	565	-9,282	26,640	-16,046	1,00	25,19	A	O
NGUYÊN TỬ	844	N	TRP	566	-9,029	24,463	-16,511	1,00	24,82	A	N
NGUYÊN TỬ	845	CA	TRP	566	-8,034	24,710	-17,547	1,00	25,49	A	C
NGUYÊN TỬ	846	CB	TRP	566	-6,618	24,503	-16,989	1,00	23,96	A	C
NGUYÊN TỬ	847	CG	TRP	566	-6,428	23,185	-16,298	1,00	24,74	A	C
NGUYÊN TỬ	848	CD2	TRP	566	-6,786	22,864	-14,944	1,00	24,42	A	C
NGUYÊN TỬ	849	CE2	TRP	566	-6,434	21,519	-14,729	1,00	23,95	A	C
NGUYÊN TỬ	850	CE3	TRP	566	-7,369	23,586	-13,896	1,00	25,18	A	C
NGUYÊN TỬ	851	CD1	TRP	566	-5,886	22,051	-16,828	1,00	23,05	A	C
NGUYÊN TỬ	852	NE1	TRP	566	-5,887	21,046	-15,894	1,00	23,71	A	N
NGUYÊN TỬ	853	CZ2	TRP	566	-6,648	20,877	-13,508	1,00	25,70	A	C
NGUYÊN TỬ	854	CZ3	TRP	566	-7,578	22,951	-12,688	1,00	24,87	A	C
NGUYÊN TỬ	855	CH2	TRP	566	-7,220	21,608	-12,503	1,00	25,51	A	C
NGUYÊN TỬ	856	C	TRP	566	-8,267	23,796	-18,746	1,00	25,03	A	C
NGUYÊN TỬ	857	O	TRP	566	-8,687	22,645	-18,595	1,00	24,33	A	O
NGUYÊN TỬ	858	N	GLU	567	-7,990	24,318	-19,934	1,00	24,46	A	N
NGUYÊN TỬ	859	CA	GLU	567	-8,361	23,645	-21,170	1,00	25,18	A	C
NGUYÊN TỬ	860	CB	GLU	567	-8,547	24,685	-22,274	1,00	24,46	A	C
NGUYÊN TỬ	861	CG	GLU	567	-8,779	24,101	-23,646	1,00	24,68	A	C
NGUYÊN TỬ	862	CD	GLU	567	-9,514	25,058	-24,557	1,00	25,49	A	C
NGUYÊN TỬ	863	OE1	GLU	567	-10,669	25,420	-24,233	1,00	26,55	A	O
NGUYÊN TỬ	864	OE2	GLU	567	-8,939	25,449	-25,596	1,00	28,35	A	O
NGUYÊN TỬ	865	C	GLU	567	-7,333	22,608	-21,604	1,00	26,33	A	C
NGUYÊN TỬ	866	O	GLU	567	-7,683	21,517	-22,072	1,00	25,57	A	O
NGUYÊN TỬ	867	N	VAL	568	-6,063	22,953	-21,453	1,00	26,79	A	N
NGUYÊN TỬ	868	CA	VAL	568	-4,991	22,112	-21,955	1,00	29,50	A	C
NGUYÊN TỬ	869	CB	VAL	568	-3,874	22,974	-22,571	1,00	28,46	A	C
NGUYÊN TỬ	870	CG1	VAL	568	-2,660	22,109	-22,901	1,00	28,66	A	C
NGUYÊN TỬ	871	CG2	VAL	568	-4,402	23,646	-23,842	1,00	24,39	A	C
NGUYÊN TỬ	872	C	VAL	568	-4,428	21,223	-20,853	1,00	32,48	A	C
NGUYÊN TỬ	873	O	VAL	568	-3,985	21,710	-19,818	1,00	31,74	A	O
NGUYÊN TỬ	874	N	GLU	569	-4,465	19,914	-21,080	1,00	36,29	A	N
NGUYÊN TỬ	875	CA	GLU	569	-4,108	18,953	-20,047	1,00	41,85	A	C
NGUYÊN TỬ	876	CB	GLU	569	-4,360	17,520	-20,538	1,00	36,99	A	C
NGUYÊN TỬ	877	CG	GLU	569	-5,837	17,124	-20,604	1,00	31,58	A	C
NGUYÊN TỬ	878	CD	GLU	569	-6,534	17,605	-21,868	1,00	30,99	A	C
NGUYÊN TỬ	879	OE1	GLU	569	-7,728	17,286	-22,050	1,00	31,44	A	O
NGUYÊN TỬ	880	OE2	GLU	569	-5,893	18,299	-22,687	1,00	28,21	A	O
NGUYÊN TỬ	881	C	GLU	569	-2,653	19,114	-19,603	1,00	48,32	A	C
NGUYÊN TỬ	882	O	GLU	569	-1,767	19,363	-20,424	1,00	47,22	A	O
NGUYÊN TỬ	883	N	ASP	570	-2,439	18,957	-18,295	1,00	55,96	A	N
NGUYÊN TỬ	884	CA	ASP	570	-1,185	19,278	-17,608	1,00	63,65	A	C
NGUYÊN TỬ	885	CB	ASP	570	0,027	18,894	-18,464	1,00	66,25	A	C
NGUYÊN TỬ	886	CG	ASP	570	0,493	17,475	-18,207	1,00	69,76	A	C
NGUYÊN TỬ	887	OD1	ASP	570	0,436	17,039	-17,035	1,00	72,02	A	O
NGUYÊN TỬ	888	OD2	ASP	570	0,915	16,798	-19,172	1,00	69,99	A	O
NGUYÊN TỬ	889	C	ASP	570	-1,107	20,757	-17,236	1,00	67,13	A	C
NGUYÊN TỬ	890	O	ASP	570	-0,426	21,538	-17,903	1,00	68,92	A	O
NGUYÊN TỬ	891	N	LEU	571	-1,802	21,130	-16,161	1,00	69,67	A	N
NGUYÊN TỬ	892	CA	LEU	571	-1,922	22,532	-15,760	1,00	72,16	A	C
NGUYÊN TỬ	893	CB	LEU	571	-2,990	22,691	-14,664	1,00	71,90	A	C
NGUYÊN TỬ	894	CG	LEU	571	-2,707	22,122	-13,265	1,00	71,59	A	C
NGUYÊN TỬ	895	CD1	LEU	571	-3,756	22,633	-12,289	1,00	70,61	A	C
NGUYÊN TỬ	896	CD2	LEU	571	-2,709	20,598	-13,304	1,00	72,02	A	C
NGUYÊN TỬ	897	C	LEU	571	-0,591	23,094	-15,259	1,00	73,82	A	C
NGUYÊN TỬ	898	O	LEU	571	-0,554	24,116	-14,566	1,00	75,52	A	O
NGUYÊN TỬ	899	N	PRO	577	4,838	27,651	-10,922	1,00	57,36	A	N
NGUYÊN TỬ	900	CD	PRO	577	6,223	27,162	-11,012	1,00	59,08	A	C
NGUYÊN TỬ	901	CA	PRO	577	4,535	28,186	-9,587	1,00	56,03	A	C
NGUYÊN TỬ	902	CB	PRO	577	5,864	28,077	-8,836	1,00	56,74	A	C
NGUYÊN TỬ	903	CG	PRO	577	6,621	27,019	-9,563	1,00	58,87	A	C
NGUYÊN TỬ	904	C	PRO	577	4,057	29,627	-9,671	1,00	53,74	A	C
NGUYÊN TỬ	905	O	PRO	577	4,654	30,445	-10,365	1,00	55,21	A	O
NGUYÊN TỬ	906	N	VAL	578	2,983	29,931	-8,956	1,00	49,44	A	N
NGUYÊN TỬ	907	CA	VAL	578	2,397	31,260	-9,002	1,00	46,13	A	C
NGUYÊN TỬ	908	CB	VAL	578	0,859	31,179	-8,897	1,00	45,53	A	C
NGUYÊN TỬ	909	CG1	VAL	578	0,260	32,570	-8,892	1,00	45,46	A	C
NGUYÊN TỬ	910	CG2	VAL	578	0,308	30,370	-10,057	1,00	47,41	A	C

NGUYÊN TỬ	911	C	VAL	578	2,933	32,114	-7,859	1,00	43,82	A	C
NGUYÊN TỬ	912	O	VAL	578	2,958	31,671	-6,707	1,00	43,37	A	O
NGUYÊN TỬ	913	N	LEU	579	3,365	33,331	-8,180	1,00	38,55	A	N
NGUYÊN TỬ	914	CA	LEU	579	3,764	34,284	-7,150	1,00	36,58	A	C
NGUYÊN TỬ	915	CB	LEU	579	4,586	35,429	-7,753	1,00	35,06	A	C
NGUYÊN TỬ	916	CG	LEU	579	5,926	35,086	-8,408	1,00	35,00	A	C
NGUYÊN TỬ	917	CD1	LEU	579	6,668	36,379	-8,730	1,00	34,09	A	C
NGUYÊN TỬ	918	CD2	LEU	579	6,758	34,216	-7,480	1,00	32,12	A	C
NGUYÊN TỬ	919	C	LEU	579	2,524	34,856	-6,475	1,00	35,58	A	C
NGUYÊN TỬ	920	O	LEU	579	1,469	34,997	-7,101	1,00	35,13	A	O
NGUYÊN TỬ	921	N	ARG	580	2,658	35,196	-5,198	1,00	35,00	A	N
NGUYÊN TỬ	922	CA	ARG	580	1,539	35,720	-4,426	1,00	36,48	A	C
NGUYÊN TỬ	923	CB	ARG	580	1,224	37,154	-4,863	1,00	36,24	A	C
NGUYÊN TỬ	924	CG	ARG	580	2,223	38,184	-4,355	1,00	38,98	A	C
NGUYÊN TỬ	925	CD	ARG	580	2,105	39,507	-5,099	1,00	38,47	A	C
NGUYÊN TỬ	926	NE	ARG	580	2,801	40,584	-4,399	1,00	38,42	A	N
NGUYÊN TỬ	927	CZ	ARG	580	3,303	41,662	-4,993	1,00	38,63	A	C
NGUYÊN TỬ	928	NH1	ARG	580	3,917	42,593	-4,272	1,00	35,39	A	N
NGUYÊN TỬ	929	NH2	ARG	580	3,196	41,807	-6,311	1,00	35,21	A	N
NGUYÊN TỬ	930	C	ARG	580	0,299	34,839	-4,585	1,00	36,61	A	C
NGUYÊN TỬ	931	O	ARG	580	-0,789	35,326	-4,901	1,00	36,06	A	O
NGUYÊN TỬ	932	N	PRO	581	0,453	33,528	-4,351	1,00	37,30	A	N
NGUYÊN TỬ	933	CD	PRO	581	1,638	32,925	-3,717	1,00	36,85	A	C
NGUYÊN TỬ	934	CA	PRO	581	-0,611	32,544	-4,578	1,00	39,33	A	C
NGUYÊN TỬ	935	CB	PRO	581	0,051	31,211	-4,242	1,00	40,31	A	C
NGUYÊN TỬ	936	CG	PRO	581	1,147	31,569	-3,284	1,00	39,56	A	C
NGUYÊN TỬ	937	C	PRO	581	-1,849	32,795	-3,724	1,00	40,74	A	C
NGUYÊN TỬ	938	O	PRO	581	-2,935	32,322	-4,048	1,00	41,03	A	O
NGUYÊN TỬ	939	N	ARG	582	-1,684	33,538	-2,633	1,00	41,34	A	N
NGUYÊN TỬ	940	CA	ARG	582	-2,821	33,930	-1,809	1,00	43,35	A	C
NGUYÊN TỬ	941	CB	ARG	582	-2,391	34,085	-0,346	1,00	44,09	A	C
NGUYÊN TỬ	942	CG	ARG	582	-1,819	32,811	0,257	1,00	48,45	A	C
NGUYÊN TỬ	943	CD	ARG	582	-0,916	33,106	1,448	1,00	52,04	A	C
NGUYÊN TỬ	944	NE	ARG	582	-0,250	31,901	1,942	1,00	55,65	A	N
NGUYÊN TỬ	945	CZ	ARG	582	0,862	31,392	1,419	1,00	58,45	A	C
NGUYÊN TỬ	946	NH1	ARG	582	1,396	30,291	1,935	1,00	59,76	A	N
NGUYÊN TỬ	947	NH2	ARG	582	1,442	31,979	0,378	1,00	59,55	A	N
NGUYÊN TỬ	948	C	ARG	582	-3,411	35,243	-2,315	1,00	44,15	A	C
NGUYÊN TỬ	949	O	ARG	582	-2,684	36,190	-2,612	1,00	45,85	A	O
NGUYÊN TỬ	950	N	GLY	583	-4,731	35,301	-2,412	1,00	43,03	A	N
NGUYÊN TỬ	951	CA	GLY	583	-5,352	36,495	-2,937	1,00	44,47	A	C
NGUYÊN TỬ	952	C	GLY	583	-5,441	37,589	-1,896	1,00	47,04	A	C
NGUYÊN TỬ	953	O	GLY	583	-5,458	37,320	-0,696	1,00	47,38	A	O
NGUYÊN TỬ	954	N	GLN	584	-5,491	38,833	-2,355	1,00	47,91	A	N
NGUYÊN TỬ	955	CA	GLN	584	-5,956	39,915	-1,513	1,00	50,00	A	C
NGUYÊN TỬ	956	CB	GLN	584	-5,981	41,225	-2,302	1,00	54,25	A	C
NGUYÊN TỬ	957	CG	GLN	584	-4,604	41,807	-2,565	1,00	60,44	A	C
NGUYÊN TỬ	958	CD	GLN	584	-3,902	42,226	-1,286	1,00	65,17	A	C
NGUYÊN TỬ	959	OE1	GLN	584	-4,440	43,010	-0,499	1,00	68,24	A	O
NGUYÊN TỬ	960	NE2	GLN	584	-2,697	41,703	-1,068	1,00	66,44	A	N
NGUYÊN TỬ	961	C	GLN	584	-7,361	39,548	-1,057	1,00	49,41	A	C
NGUYÊN TỬ	962	O	GLN	584	-8,005	38,675	-1,640	1,00	48,96	A	O
NGUYÊN TỬ	963	N	PRO	585	-7,858	40,204	-0,002	1,00	49,04	A	N
NGUYÊN TỬ	964	CD	PRO	585	-7,320	41,365	0,727	1,00	48,81	A	C
NGUYÊN TỬ	965	CA	PRO	585	-9,199	39,834	0,453	1,00	47,47	A	C
NGUYÊN TỬ	966	CB	PRO	585	-9,475	40,806	1,602	1,00	48,68	A	C
NGUYÊN TỬ	967	CG	PRO	585	-8,538	41,942	1,384	1,00	49,88	A	C
NGUYÊN TỬ	968	C	PRO	585	-10,210	39,955	-0,677	1,00	45,46	A	C
NGUYÊN TỬ	969	O	PRO	585	-10,194	40,922	-1,441	1,00	45,47	A	O
NGUYÊN TỬ	970	N	ASN	586	-11,073	38,953	-0,784	1,00	42,42	A	N
NGUYÊN TỬ	971	CA	ASN	586	-12,076	38,905	-1,836	1,00	39,41	A	C
NGUYÊN TỬ	972	CB	ASN	586	-12,928	40,174	-1,818	1,00	39,50	A	C
NGUYÊN TỬ	973	CG	ASN	586	-13,822	40,255	-0,595	1,00	43,25	A	C
NGUYÊN TỬ	974	OD1	ASN	586	-14,272	39,236	-0,072	1,00	39,56	A	O
NGUYÊN TỬ	975	ND2	ASN	586	-14,080	41,473	-0,128	1,00	44,78	A	N
NGUYÊN TỬ	976	C	ASN	586	-11,481	38,706	-3,226	1,00	36,56	A	C
NGUYÊN TỬ	977	O	ASN	586	-12,121	39,032	-4,222	1,00	37,07	A	O
NGUYÊN TỬ	978	N	GLN	587	-10,266	38,163	-3,287	1,00	34,14	A	N
NGUYÊN TỬ	979	CA	GLN	587	-9,629	37,824	-4,563	1,00	33,02	A	C
NGUYÊN TỬ	980	CB	GLN	587	-8,337	38,631	-4,731	1,00	34,05	A	C
NGUYÊN TỬ	981	CG	GLN	587	-7,551	38,349	-6,005	1,00	34,28	A	C
NGUYÊN TỬ	982	CD	GLN	587	-6,272	39,189	-6,099	1,00	37,58	A	C
NGUYÊN TỬ	983	OE1	GLN	587	-6,142	40,061	-6,966	1,00	36,43	A	O
NGUYÊN TỬ	984	NE2	GLN	587	-5,328	38,927	-5,204	1,00	34,03	A	N
NGUYÊN TỬ	985	C	GLN	587	-9,316	36,325	-4,660	1,00	32,64	A	C
NGUYÊN TỬ	986	O	GLN	587	-8,899	35,712	-3,679	1,00	31,40	A	O

NGUYÊN TỬ	987	N	CYS	588	-9,523	35,750	-5,847	1,00	29,94	A	N
NGUYÊN TỬ	988	CA	CYS	588	-9,140	34,368	-6,138	1,00	29,32	A	C
NGUYÊN TỬ	989	C	CYS	588	-7,901	34,316	-7,018	1,00	28,74	A	C
NGUYÊN TỬ	990	O	CYS	588	-7,692	35,196	-7,850	1,00	30,51	A	O
NGUYÊN TỬ	991	CB	CYS	588	-10,256	33,644	-6,880	1,00	28,96	A	C
NGUYÊN TỬ	992	SG	CYS	588	-11,771	33,388	-5,926	1,00	34,01	A	S
NGUYÊN TỬ	993	N	VAL	589	-7,106	33,263	-6,866	1,00	27,74	A	N
NGUYÊN TỬ	994	CA	VAL	589	-5,879	33,123	-7,644	1,00	28,03	A	C
NGUYÊN TỬ	995	CB	VAL	589	-4,644	33,387	-6,752	1,00	28,90	A	C
NGUYÊN TỬ	996	CG1	VAL	589	-3,364	33,266	-7,568	1,00	28,12	A	C
NGUYÊN TỬ	997	CG2	VAL	589	-4,750	34,780	-6,123	1,00	29,60	A	C
NGUYÊN TỬ	998	C	VAL	589	-5,761	31,728	-8,273	1,00	29,72	A	C
NGUYÊN TỬ	999	O	VAL	589	-5,867	30,718	-7,580	1,00	29,20	A	O
NGUYÊN TỬ	1000	N	GLY	590	-5,540	31,679	-9,585	1,00	29,03	A	N
NGUYÊN TỬ	1001	CA	GLY	590	-5,365	30,401	-10,255	1,00	29,41	A	C
NGUYÊN TỬ	1002	C	GLY	590	-4,067	30,331	-11,037	1,00	30,32	A	C
NGUYÊN TỬ	1003	O	GLY	590	-3,375	31,335	-11,179	1,00	31,55	A	O
NGUYÊN TỬ	1004	N	HIS	591	-3,732	29,151	-11,549	1,00	31,69	A	N
NGUYÊN TỬ	1005	CA	HIS	591	-2,535	28,989	-12,367	1,00	34,04	A	C
NGUYÊN TỬ	1006	CB	HIS	591	-2,343	27,516	-12,727	1,00	36,27	A	C
NGUYÊN TỬ	1007	CG	HIS	591	-2,045	26,649	-11,546	1,00	44,11	A	C
NGUYÊN TỬ	1008	CD2	HIS	591	-2,848	25,856	-10,796	1,00	46,70	A	C
NGUYÊN TỬ	1009	ND1	HIS	591	-0,788	26,561	-10,986	1,00	46,49	A	N
NGUYÊN TỬ	1010	CE1	HIS	591	-0,830	25,754	-9,940	1,00	46,26	A	C
NGUYÊN TỬ	1011	NE2	HIS	591	-2,069	25,313	-9,803	1,00	49,17	A	N
NGUYÊN TỬ	1012	C	HIS	591	-2,614	29,830	-13,640	1,00	34,21	A	C
NGUYÊN TỬ	1013	O	HIS	591	-3,699	30,211	-14,077	1,00	32,59	A	O
NGUYÊN TỬ	1014	N	ARG	592	-1,464	30,125	-14,234	1,00	33,67	A	N
NGUYÊN TỬ	1015	CA	ARG	592	-1,443	31,006	-15,393	1,00	36,88	A	C
NGUYÊN TỬ	1016	CB	ARG	592	-0,004	31,430	-15,716	1,00	39,26	A	C
NGUYÊN TỬ	1017	CG	ARG	592	0,995	30,303	-15,710	1,00	45,79	A	C
NGUYÊN TỬ	1018	CD	ARG	592	2,258	30,690	-16,456	1,00	50,53	A	C
NGUYÊN TỬ	1019	NE	ARG	592	3,009	31,749	-15,787	1,00	53,30	A	N
NGUYÊN TỬ	1020	CZ	ARG	592	3,575	32,773	-16,420	1,00	55,13	A	C
NGUYÊN TỬ	1021	NH1	ARG	592	4,247	33,693	-15,740	1,00	55,24	A	N
NGUYÊN TỬ	1022	NH2	ARG	592	3,465	32,879	-17,738	1,00	57,78	A	N
NGUYÊN TỬ	1023	C	ARG	592	-2,112	30,410	-16,634	1,00	35,10	A	C
NGUYÊN TỬ	1024	O	ARG	592	-2,566	31,149	-17,506	1,00	35,39	A	O
NGUYÊN TỬ	1025	N	GLU	593	-2,192	29,084	-16,709	1,00	34,62	A	N
NGUYÊN TỬ	1026	CA	GLU	593	-2,877	28,428	-17,823	1,00	33,78	A	C
NGUYÊN TỬ	1027	CB	GLU	593	-2,181	27,120	-18,189	1,00	36,33	A	C
NGUYÊN TỬ	1028	CG	GLU	593	-0,983	27,299	-19,098	1,00	46,12	A	C
NGUYÊN TỬ	1029	CD	GLU	593	0,219	27,845	-18,362	1,00	52,97	A	C
NGUYÊN TỬ	1030	OE1	GLU	593	0,553	27,303	-17,284	1,00	55,60	A	O
NGUYÊN TỬ	1031	OE2	GLU	593	0,828	28,818	-18,861	1,00	57,96	A	O
NGUYÊN TỬ	1032	C	GLU	593	-4,350	28,135	-17,558	1,00	32,11	A	C
NGUYÊN TỬ	1033	O	GLU	593	-5,019	27,525	-18,388	1,00	29,63	A	O
NGUYÊN TỬ	1034	N	ALA	594	-4,855	28,559	-16,406	1,00	28,88	A	N
NGUYÊN TỬ	1035	CA	ALA	594	-6,236	28,267	-16,046	1,00	28,39	A	C
NGUYÊN TỬ	1036	CB	ALA	594	-6,283	27,571	-14,687	1,00	26,56	A	C
NGUYÊN TỬ	1037	C	ALA	594	-7,092	29,528	-16,018	1,00	28,13	A	C
NGUYÊN TỬ	1038	O	ALA	594	-6,584	30,637	-15,843	1,00	28,06	A	O
NGUYÊN TỬ	1039	N	SER	595	-8,396	29,358	-16,197	1,00	25,46	A	N
NGUYÊN TỬ	1040	CA	SER	595	-9,335	30,416	-15,844	1,00	25,16	A	C
NGUYÊN TỬ	1041	CB	SER	595	-10,656	30,226	-16,588	1,00	24,79	A	C
NGUYÊN TỬ	1042	OG	SER	595	-10,490	30,436	-17,976	1,00	27,76	A	O
NGUYÊN TỬ	1043	C	SER	595	-9,580	30,372	-14,338	1,00	24,98	A	C
NGUYÊN TỬ	1044	O	SER	595	-9,479	29,312	-13,720	1,00	24,48	A	O
NGUYÊN TỬ	1045	N	ILE	596	-9,891	31,524	-13,752	1,00	25,25	A	N
NGUYÊN TỬ	1046	CA	ILE	596	-10,212	31,601	-12,333	1,00	25,69	A	C
NGUYÊN TỬ	1047	CB	ILE	596	-9,165	32,467	-11,577	1,00	27,15	A	C
NGUYÊN TỬ	1048	CG2	ILE	596	-9,259	33,923	-12,023	1,00	29,13	A	C
NGUYÊN TỬ	1049	CG1	ILE	596	-9,375	32,349	-10,067	1,00	26,07	A	C
NGUYÊN TỬ	1050	CD1	ILE	596	-8,902	31,029	-9,490	1,00	24,57	A	C
NGUYÊN TỬ	1051	C	ILE	596	-11,619	32,192	-12,154	1,00	24,88	A	C
NGUYÊN TỬ	1052	O	ILE	596	-12,005	33,135	-12,849	1,00	24,39	A	O
NGUYÊN TỬ	1053	N	HIS	597	-12,385	31,613	-11,235	1,00	23,51	A	N
NGUYÊN TỬ	1054	CA	HIS	597	-13,795	31,956	-11,062	1,00	22,95	A	C
NGUYÊN TỬ	1055	CB	HIS	597	-14,689	30,798	-11,522	1,00	23,62	A	C
NGUYÊN TỬ	1056	CG	HIS	597	-14,325	30,238	-12,863	1,00	22,44	A	C
NGUYÊN TỬ	1057	CD2	HIS	597	-13,774	29,053	-13,213	1,00	25,26	A	C
NGUYÊN TỬ	1058	ND1	HIS	597	-14,579	30,904	-14,042	1,00	23,06	A	N
NGUYÊN TỬ	1059	CE1	HIS	597	-14,206	30,152	-15,063	1,00	23,37	A	C
NGUYÊN TỬ	1060	NE2	HIS	597	-13,715	29,022	-14,588	1,00	24,84	A	N
NGUYÊN TỬ	1061	C	HIS	597	-14,076	32,224	-9,586	1,00	25,18	A	C
NGUYÊN TỬ	1062	O	HIS	597	-13,767	31,394	-8,735	1,00	25,64	A	O

NGUYÊN TỬ	1063	N	ALA	598	-14,672	33,373	-9,289	1,00	25,15	A	N
NGUYÊN TỬ	1064	CA	ALA	598	-14,969	33,749	-7,909	1,00	26,23	A	C
NGUYÊN TỬ	1065	CB	ALA	598	-14,384	35,114	-7,606	1,00	23,97	A	C
NGUYÊN TỬ	1066	C	ALA	598	-16,472	33,778	-7,680	1,00	27,18	A	C
NGUYÊN TỬ	1067	O	ALA	598	-17,224	34,295	-8,508	1,00	27,20	A	O
NGUYÊN TỬ	1068	N	SER	599	-16,907	33,223	-6,556	1,00	26,97	A	N
NGUYÊN TỬ	1069	CA	SER	599	-18,286	33,395	-6,133	1,00	29,40	A	C
NGUYÊN TỬ	1070	CB	SER	599	-18,775	32,168	-5,376	1,00	30,19	A	C
NGUYÊN TỬ	1071	OG	SER	599	-20,054	32,417	-4,826	1,00	33,89	A	O
NGUYÊN TỬ	1072	C	SER	599	-18,387	34,618	-5,232	1,00	30,33	A	C
NGUYÊN TỬ	1073	O	SER	599	-17,861	34,629	-4,120	1,00	31,52	A	O
NGUYÊN TỬ	1074	N	CYS	600	-19,064	35,646	-5,728	1,00	32,35	A	N
NGUYÊN TỬ	1075	CA	CYS	600	-19,170	36,923	-5,036	1,00	35,21	A	C
NGUYÊN TỬ	1076	C	CYS	600	-20,606	37,142	-4,591	1,00	36,07	A	C
NGUYÊN TỬ	1077	O	CYS	600	-21,520	37,174	-5,413	1,00	35,83	A	O
NGUYÊN TỬ	1078	CB	CYS	600	-18,744	38,055	-5,971	1,00	35,88	A	C
NGUYÊN TỬ	1079	SG	CYS	600	-17,010	37,951	-6,513	1,00	39,28	A	S
NGUYÊN TỬ	1080	N	CYS	601	-20,816	37,282	-3,289	1,00	38,47	A	N
NGUYÊN TỬ	1081	CA	CYS	601	-22,175	37,408	-2,790	1,00	40,53	A	C
NGUYÊN TỬ	1082	C	CYS	601	-22,415	38,723	-2,079	1,00	42,20	A	C
NGUYÊN TỬ	1083	O	CYS	601	-21,636	39,141	-1,218	1,00	40,46	A	O
NGUYÊN TỬ	1084	CB	CYS	601	-22,511	36,277	-1,832	1,00	40,11	A	C
NGUYÊN TỬ	1085	SG	CYS	601	-22,373	34,577	-2,469	1,00	41,58	A	S
NGUYÊN TỬ	1086	N	HIS	602	-23,510	39,369	-2,453	1,00	44,38	A	N
NGUYÊN TỬ	1087	CA	HIS	602	-24,081	40,418	-1,637	1,00	47,94	A	C
NGUYÊN TỬ	1088	CB	HIS	602	-24,858	41,399	-2,518	1,00	51,93	A	C
NGUYÊN TỬ	1089	CG	HIS	602	-25,222	42,674	-1,826	1,00	58,56	A	C
NGUYÊN TỬ	1090	CD2	HIS	602	-24,451	43,620	-1,237	1,00	60,81	A	C
NGUYÊN TỬ	1091	ND1	HIS	602	-26,526	43,095	-1,678	1,00	60,77	A	N
NGUYÊN TỬ	1092	CE1	HIS	602	-26,543	44,246	-1,028	1,00	62,59	A	C
NGUYÊN TỬ	1093	NE2	HIS	602	-25,297	44,587	-0,749	1,00	62,85	A	N
NGUYÊN TỬ	1094	C	HIS	602	-25,017	39,713	-0,661	1,00	48,23	A	C
NGUYÊN TỬ	1095	O	HIS	602	-26,025	39,129	-1,063	1,00	45,88	A	O
NGUYÊN TỬ	1096	N	ALA	603	-24,661	39,746	0,619	1,00	49,87	A	N
NGUYÊN TỬ	1097	CA	ALA	603	-25,450	39,089	1,653	1,00	52,49	A	C
NGUYÊN TỬ	1098	CB	ALA	603	-25,006	37,647	1,804	1,00	50,93	A	C
NGUYÊN TỬ	1099	C	ALA	603	-25,287	39,829	2,975	1,00	53,94	A	C
NGUYÊN TỬ	1100	O	ALA	603	-24,183	39,934	3,507	1,00	55,03	A	O
NGUYÊN TỬ	1101	N	PRO	604	-26,394	40,340	3,530	1,00	55,31	A	N
NGUYÊN TỬ	1102	CD	PRO	604	-27,775	40,052	3,105	1,00	56,68	A	C
NGUYÊN TỬ	1103	CA	PRO	604	-26,349	41,196	4,721	1,00	55,19	A	C
NGUYÊN TỬ	1104	CB	PRO	604	-27,808	41,600	4,931	1,00	56,90	A	C
NGUYÊN TỬ	1105	CG	PRO	604	-28,600	40,510	4,278	1,00	57,49	A	C
NGUYÊN TỬ	1106	C	PRO	604	-25,762	40,507	5,951	1,00	53,84	A	C
NGUYÊN TỬ	1107	O	PRO	604	-26,291	39,504	6,429	1,00	53,50	A	O
NGUYÊN TỬ	1108	N	GLY	605	-24,664	41,058	6,459	1,00	51,66	A	N
NGUYÊN TỬ	1109	CA	GLY	605	-24,084	40,547	7,683	1,00	49,75	A	C
NGUYÊN TỬ	1110	C	GLY	605	-23,181	39,350	7,466	1,00	49,32	A	C
NGUYÊN TỬ	1111	O	GLY	605	-22,695	38,750	8,426	1,00	49,78	A	O
NGUYÊN TỬ	1112	N	LEU	606	-22,951	38,991	6,209	1,00	47,32	A	N
NGUYÊN TỬ	1113	CA	LEU	606	-22,048	37,888	5,914	1,00	45,14	A	C
NGUYÊN TỬ	1114	CB	LEU	606	-22,319	37,334	4,516	1,00	46,10	A	C
NGUYÊN TỬ	1115	CG	LEU	606	-21,432	36,150	4,128	1,00	46,60	A	C
NGUYÊN TỬ	1116	CD1	LEU	606	-21,603	35,038	5,146	1,00	45,47	A	C
NGUYÊN TỬ	1117	CD2	LEU	606	-21,794	35,665	2,731	1,00	47,85	A	C
NGUYÊN TỬ	1118	C	LEU	606	-20,599	38,351	6,015	1,00	43,35	A	C
NGUYÊN TỬ	1119	O	LEU	606	-20,226	39,381	5,460	1,00	42,73	A	O
NGUYÊN TỬ	1120	N	GLU	607	-19,792	37,584	6,737	1,00	41,82	A	N
NGUYÊN TỬ	1121	CA	GLU	607	-18,388	37,913	6,949	1,00	41,58	A	C
NGUYÊN TỬ	1122	CB	GLU	607	-18,194	38,408	8,390	1,00	43,33	A	C
NGUYÊN TỬ	1123	CG	GLU	607	-16,751	38,685	8,788	1,00	48,75	A	C
NGUYÊN TỬ	1124	CD	GLU	607	-16,585	38,939	10,289	1,00	52,26	A	C
NGUYÊN TỬ	1125	OE1	GLU	607	-17,466	38,528	11,082	1,00	53,24	A	O
NGUYÊN TỬ	1126	OE2	GLU	607	-15,564	39,548	10,675	1,00	52,44	A	O
NGUYÊN TỬ	1127	C	GLU	607	-17,541	36,659	6,699	1,00	40,02	A	C
NGUYÊN TỬ	1128	O	GLU	607	-17,845	35,587	7,217	1,00	39,94	A	O
NGUYÊN TỬ	1129	N	CYS	608	-16,483	36,786	5,905	1,00	38,50	A	N
NGUYÊN TỬ	1130	CA	CYS	608	-15,634	35,635	5,616	1,00	38,05	A	C
NGUYÊN TỬ	1131	C	CYS	608	-14,154	35,926	5,793	1,00	38,09	A	C
NGUYÊN TỬ	1132	O	CYS	608	-13,724	37,076	5,752	1,00	38,32	A	O
NGUYÊN TỬ	1133	CB	CYS	608	-15,861	35,139	4,192	1,00	36,34	A	C
NGUYÊN TỬ	1134	SG	CYS	608	-17,584	34,811	3,711	1,00	38,54	A	S
NGUYÊN TỬ	1135	N	LYS	609	-13,381	34,864	5,981	1,00	37,60	A	N
NGUYÊN TỬ	1136	CA	LYS	609	-11,938	34,967	6,132	1,00	37,54	A	C
NGUYÊN TỬ	1137	CB	LYS	609	-11,566	35,070	7,611	1,00	36,16	A	C
NGUYÊN TỬ	1138	CG	LYS	609	-11,789	33,783	8,375	1,00	39,02	A	C

NGUYÊN TỬ	1139	CD	LYS	609	-11,435	33,924	9,849	1,00	42,30	A	C
NGUYÊN TỬ	1140	CE	LYS	609	-11,847	32,676	10,614	1,00	42,81	A	C
NGUYÊN TỬ	1141	NZ	LYS	609	-11,420	32,722	12,039	1,00	44,87	A	N
NGUYÊN TỬ	1142	C	LYS	609	-11,309	33,710	5,538	1,00	37,29	A	C
NGUYÊN TỬ	1143	O	LYS	609	-12,004	32,728	5,264	1,00	37,32	A	O
NGUYÊN TỬ	1144	N	VAL	610	-9,995	33,742	5,351	1,00	36,83	A	N
NGUYÊN TỬ	1145	CA	VAL	610	-9,284	32,629	4,743	1,00	36,94	A	C
NGUYÊN TỬ	1146	CB	VAL	610	-8,484	33,091	3,511	1,00	37,85	A	C
NGUYÊN TỬ	1147	CG1	VAL	610	-7,745	31,913	2,902	1,00	38,22	A	C
NGUYÊN TỬ	1148	CG2	VAL	610	-9,423	33,721	2,488	1,00	37,85	A	C
NGUYÊN TỬ	1149	C	VAL	610	-8,323	31,984	5,729	1,00	37,80	A	C
NGUYÊN TỬ	1150	O	VAL	610	-7,599	32,675	6,446	1,00	38,87	A	O
NGUYÊN TỬ	1151	N	LYS	611	-8,330	30,655	5,761	1,00	37,56	A	N
NGUYÊN TỬ	1152	CA	LYS	611	-7,388	29,883	6,568	1,00	38,62	A	C
NGUYÊN TỬ	1153	CB	LYS	611	-8,116	29,133	7,684	1,00	38,63	A	C
NGUYÊN TỬ	1154	CG	LYS	611	-8,917	30,008	8,625	1,00	42,75	A	C
NGUYÊN TỬ	1155	CD	LYS	611	-9,432	29,193	9,793	1,00	42,52	A	C
NGUYÊN TỬ	1156	CE	LYS	611	-8,336	28,291	10,342	1,00	44,58	A	C
NGUYÊN TỬ	1157	NZ	LYS	611	-8,782	27,548	11,559	1,00	48,18	A	N
NGUYÊN TỬ	1158	C	LYS	611	-6,718	28,865	5,664	1,00	39,23	A	C
NGUYÊN TỬ	1159	O	LYS	611	-7,365	28,288	4,791	1,00	39,27	A	O
NGUYÊN TỬ	1160	N	GLU	612	-5,429	28,632	5,874	1,00	39,16	A	N
NGUYÊN TỬ	1161	CA	GLU	612	-4,726	27,624	5,094	1,00	42,41	A	C
NGUYÊN TỬ	1162	CB	GLU	612	-3,867	28,295	4,025	1,00	44,71	A	C
NGUYÊN TỬ	1163	CG	GLU	612	-2,809	29,235	4,571	1,00	49,08	A	C
NGUYÊN TỬ	1164	CD	GLU	612	-2,008	29,896	3,465	1,00	53,20	A	C
NGUYÊN TỬ	1165	OE1	GLU	612	-2,592	30,697	2,699	1,00	54,07	A	O
NGUYÊN TỬ	1166	OE2	GLU	612	-0,796	29,609	3,360	1,00	53,71	A	O
NGUYÊN TỬ	1167	C	GLU	612	-3,853	26,736	5,970	1,00	42,48	A	C
NGUYÊN TỬ	1168	O	GLU	612	-3,592	27,058	7,127	1,00	43,10	A	O
NGUYÊN TỬ	1169	N	HIS	613	-3,414	25,613	5,415	1,00	41,33	A	N
NGUYÊN TỬ	1170	CA	HIS	613	-2,438	24,758	6,074	1,00	42,62	A	C
NGUYÊN TỬ	1171	CB	HIS	613	-3,140	23,783	7,025	1,00	44,30	A	C
NGUYÊN TỬ	1172	CG	HIS	613	-2,222	22,782	7,658	1,00	44,52	A	C
NGUYÊN TỬ	1173	CD2	HIS	613	-1,137	22,941	8,453	1,00	44,27	A	C
NGUYÊN TỬ	1174	ND1	HIS	613	-2,381	21,421	7,498	1,00	45,05	A	N
NGUYÊN TỬ	1175	CE1	HIS	613	-1,435	20,786	8,167	1,00	43,50	A	C
NGUYÊN TỬ	1176	NE2	HIS	613	-0,667	21,685	8,755	1,00	44,92	A	N
NGUYÊN TỬ	1177	C	HIS	613	-1,677	23,994	5,003	1,00	44,32	A	C
NGUYÊN TỬ	1178	O	HIS	613	-2,277	23,299	4,183	1,00	44,33	A	O
NGUYÊN TỬ	1179	N	GLY	614	-0,356	24,142	5,000	1,00	45,57	A	N
NGUYÊN TỬ	1180	CA	GLY	614	0,460	23,465	4,010	1,00	46,92	A	C
NGUYÊN TỬ	1181	C	GLY	614	1,295	22,352	4,609	1,00	48,04	A	C
NGUYÊN TỬ	1182	O	GLY	614	1,660	22,402	5,779	1,00	48,09	A	O
NGUYÊN TỬ	1183	N	ILE	615	1,594	21,342	3,801	1,00	50,58	A	N
NGUYÊN TỬ	1184	CA	ILE	615	2,451	20,237	4,214	1,00	53,77	A	C
NGUYÊN TỬ	1185	CB	ILE	615	1,643	18,935	4,407	1,00	55,20	A	C
NGUYÊN TỬ	1186	CG2	ILE	615	2,575	17,774	4,701	1,00	54,79	A	C
NGUYÊN TỬ	1187	CG1	ILE	615	0,648	19,109	5,551	1,00	55,97	A	C
NGUYÊN TỬ	1188	CD1	ILE	615	1,290	19,599	6,820	1,00	58,58	A	C
NGUYÊN TỬ	1189	C	ILE	615	3,505	19,996	3,143	1,00	55,43	A	C
NGUYÊN TỬ	1190	O	ILE	615	3,203	20,011	1,950	1,00	55,42	A	O
NGUYÊN TỬ	1191	N	PRO	616	4,762	19,778	3,559	1,00	57,06	A	N
NGUYÊN TỬ	1192	CD	PRO	616	5,226	19,885	4,952	1,00	57,57	A	C
NGUYÊN TỬ	1193	CA	PRO	616	5,878	19,575	2,627	1,00	58,08	A	C
NGUYÊN TỬ	1194	CB	PRO	616	7,100	19,486	3,541	1,00	58,83	A	C
NGUYÊN TỬ	1195	CG	PRO	616	6,684	20,196	4,792	1,00	58,90	A	C
NGUYÊN TỬ	1196	C	PRO	616	5,717	18,322	1,768	1,00	58,68	A	C
NGUYÊN TỬ	1197	O	PRO	616	5,755	18,392	0,540	1,00	59,30	A	O
NGUYÊN TỬ	1198	N	ALA	617	5,539	17,177	2,420	1,00	58,67	A	N
NGUYÊN TỬ	1199	CA	ALA	617	5,396	15,915	1,704	1,00	60,47	A	C
NGUYÊN TỬ	1200	CB	ALA	617	6,581	15,005	2,006	1,00	60,68	A	C
NGUYÊN TỬ	1201	C	ALA	617	4,097	15,227	2,095	1,00	60,64	A	C
NGUYÊN TỬ	1202	O	ALA	617	4,096	14,273	2,876	1,00	60,93	A	O
NGUYÊN TỬ	1203	N	PRO	618	2,971	15,696	1,541	1,00	60,54	A	N
NGUYÊN TỬ	1204	CD	PRO	618	2,883	16,645	0,417	1,00	60,69	A	C
NGUYÊN TỬ	1205	CA	PRO	618	1,660	15,169	1,929	1,00	60,60	A	C
NGUYÊN TỬ	1206	CB	PRO	618	0,679	15,977	1,079	1,00	60,68	A	C
NGUYÊN TỬ	1207	CG	PRO	618	1,485	16,442	-0,093	1,00	61,12	A	C
NGUYÊN TỬ	1208	C	PRO	618	1,557	13,669	1,673	1,00	60,54	A	C
NGUYÊN TỬ	1209	O	PRO	618	1,962	13,178	0,621	1,00	60,46	A	O
NGUYÊN TỬ	1210	N	GLN	619	1,017	12,947	2,647	1,00	61,08	A	N
NGUYÊN TỬ	1211	CA	GLN	619	0,972	11,493	2,585	1,00	62,08	A	C
NGUYÊN TỬ	1212	CB	GLN	619	1,260	10,902	3,963	1,00	64,75	A	C
NGUYÊN TỬ	1213	CG	GLN	619	2,736	10,820	4,294	1,00	69,13	A	C
NGUYÊN TỬ	1214	CD	GLN	619	3,405	9,620	3,650	1,00	72,41	A	C

NGUYÊN TỬ	1215	OE1	GLN	619	4,597	9,381	3,844	1,00	75,41	A O
NGUYÊN TỬ	1216	NE2	GLN	619	2,636	8,855	2,879	1,00	73,28	A N
NGUYÊN TỬ	1217	C	GLN	619	-0,366	10,974	2,082	1,00	60,67	A C
NGUYÊN TỬ	1218	O	GLN	619	-0,690	9,795	2,248	1,00	61,39	A O
NGUYÊN TỬ	1219	N	GLY	620	-1,140	11,858	1,463	1,00	58,38	A N
NGUYÊN TỬ	1220	CA	GLY	620	-2,412	11,446	0,902	1,00	55,08	A C
NGUYÊN TỬ	1221	C	GLY	620	-3,476	12,526	0,959	1,00	52,97	A C
NGUYÊN TỬ	1222	O	GLY	620	-4,332	12,608	0,076	1,00	52,81	A O
NGUYÊN TỬ	1223	N	GLN	621	-3,433	13,353	1,998	1,00	49,05	A N
NGUYÊN TỬ	1224	CA	GLN	621	-4,334	14,486	2,084	1,00	46,66	A C
NGUYÊN TỬ	1225	CB	GLN	621	-5,715	14,040	2,571	1,00	48,24	A C
NGUYÊN TỬ	1226	CG	GLN	621	-5,783	13,670	4,038	1,00	50,90	A C
NGUYÊN TỬ	1227	CD	GLN	621	-7,187	13,283	4,471	1,00	52,62	A C
NGUYÊN TỬ	1228	OE1	GLN	621	-8,035	12,943	3,645	1,00	53,23	A O
NGUYÊN TỬ	1229	NE2	GLN	621	-7,440	13,338	5,774	1,00	53,97	A N
NGUYÊN TỬ	1230	C	GLN	621	-3,793	15,570	2,998	1,00	44,42	A C
NGUYÊN TỬ	1231	O	GLN	621	-2,991	15,310	3,894	1,00	43,84	A O
NGUYÊN TỬ	1232	N	VAL	622	-4,230	16,795	2,742	1,00	41,31	A N
NGUYÊN TỬ	1233	CA	VAL	622	-3,895	17,932	3,576	1,00	38,86	A C
NGUYÊN TỬ	1234	CB	VAL	622	-3,022	18,943	2,814	1,00	37,61	A C
NGUYÊN TỬ	1235	CG1	VAL	622	-2,539	20,029	3,759	1,00	39,32	A C
NGUYÊN TỬ	1236	CG2	VAL	622	-1,858	18,234	2,162	1,00	38,06	A C
NGUYÊN TỬ	1237	C	VAL	622	-5,216	18,597	3,935	1,00	38,57	A C
NGUYÊN TỬ	1238	O	VAL	622	-6,068	18,804	3,068	1,00	38,51	A O
NGUYÊN TỬ	1239	N	THR	623	-5,392	18,926	5,207	1,00	35,77	A N
NGUYÊN TỬ	1240	CA	THR	623	-6,656	19,479	5,664	1,00	33,79	A C
NGUYÊN TỬ	1241	CB	THR	623	-7,387	18,504	6,604	1,00	34,25	A C
NGUYÊN TỬ	1242	OG1	THR	623	-6,629	18,345	7,810	1,00	33,79	A O
NGUYÊN TỬ	1243	CG2	THR	623	-7,559	17,148	5,932	1,00	33,56	A C
NGUYÊN TỬ	1244	C	THR	623	-6,457	20,786	6,407	1,00	33,76	A C
NGUYÊN TỬ	1245	O	THR	623	-5,388	21,040	6,968	1,00	33,37	A O
NGUYÊN TỬ	1246	N	VAL	624	-7,495	21,615	6,401	1,00	32,04	A N
NGUYÊN TỬ	1247	CA	VAL	624	-7,583	22,747	7,310	1,00	31,45	A C
NGUYÊN TỬ	1248	CB	VAL	624	-6,990	24,032	6,674	1,00	32,64	A C
NGUYÊN TỬ	1249	CG1	VAL	624	-7,790	24,431	5,446	1,00	31,89	A C
NGUYÊN TỬ	1250	CG2	VAL	624	-6,973	25,161	7,699	1,00	31,91	A C
NGUYÊN TỬ	1251	C	VAL	624	-9,058	22,959	7,630	1,00	33,28	A C
NGUYÊN TỬ	1252	O	VAL	624	-9,925	22,714	6,789	1,00	32,07	A O
NGUYÊN TỬ	1253	N	ALA	625	-9,346	23,392	8,852	1,00	33,71	A N
NGUYÊN TỬ	1254	CA	ALA	625	-10,723	23,491	9,305	1,00	35,41	A C
NGUYÊN TỬ	1255	CB	ALA	625	-10,971	22,492	10,434	1,00	33,24	A C
NGUYÊN TỬ	1256	C	ALA	625	-11,060	24,900	9,768	1,00	37,55	A C
NGUYÊN TỬ	1257	O	ALA	625	-10,185	25,646	10,200	1,00	38,33	A O
NGUYÊN TỬ	1258	N	CYS	626	-12,335	25,262	9,661	1,00	39,75	A N
NGUYÊN TỬ	1259	CA	CYS	626	-12,840	26,477	10,286	1,00	41,17	A C
NGUYÊN TỬ	1260	C	CYS	626	-13,170	26,144	11,743	1,00	43,54	A C
NGUYÊN TỬ	1261	O	CYS	626	-13,781	25,110	12,024	1,00	44,60	A O
NGUYÊN TỬ	1262	CB	CYS	626	-14,110	26,959	9,575	1,00	39,19	A C
NGUYÊN TỬ	1263	SG	CYS	626	-13,999	27,167	7,765	1,00	41,43	A S
NGUYÊN TỬ	1264	N	GLU	627	-12,770	27,010	12,669	1,00	45,20	A N
NGUYÊN TỬ	1265	CA	GLU	627	-13,077	26,793	14,085	1,00	47,32	A C
NGUYÊN TỬ	1266	CB	GLU	627	-12,212	27,696	14,966	1,00	47,58	A C
NGUYÊN TỬ	1267	CG	GLU	627	-12,348	29,175	14,660	1,00	49,95	A C
NGUYÊN TỬ	1268	CD	GLU	627	-11,403	29,627	13,566	1,00	52,51	A C
NGUYÊN TỬ	1269	OE1	GLU	627	-10,990	30,804	13,592	1,00	55,13	A O
NGUYÊN TỬ	1270	OE2	GLU	627	-11,071	28,810	12,681	1,00	52,16	A O
NGUYÊN TỬ	1271	C	GLU	627	-14,551	27,072	14,362	1,00	47,35	A C
NGUYÊN TỬ	1272	O	GLU	627	-15,252	27,648	13,522	1,00	46,45	A O
NGUYÊN TỬ	1273	N	GLU	628	-15,022	26,665	15,538	1,00	47,46	A N
NGUYÊN TỬ	1274	CA	GLU	628	-16,438	26,788	15,857	1,00	48,46	A C
NGUYÊN TỬ	1275	CB	GLU	628	-16,740	26,197	17,243	1,00	53,92	A C
NGUYÊN TỬ	1276	CG	GLU	628	-16,323	27,076	18,415	1,00	59,91	A C
NGUYÊN TỬ	1277	CD	GLU	628	-16,746	26,502	19,765	1,00	63,80	A C
NGUYÊN TỬ	1278	OE1	GLU	628	-16,934	27,291	20,719	1,00	63,78	A O
NGUYÊN TỬ	1279	OE2	GLU	628	-16,889	25,264	19,873	1,00	66,46	A O
NGUYÊN TỬ	1280	C	GLU	628	-16,840	28,257	15,815	1,00	46,20	A C
NGUYÊN TỬ	1281	O	GLU	628	-16,043	29,141	16,132	1,00	46,72	A O
NGUYÊN TỬ	1282	N	GLY	629	-18,077	28,513	15,410	1,00	42,69	A N
NGUYÊN TỬ	1283	CA	GLY	629	-18,499	29,878	15,171	1,00	40,02	A C
NGUYÊN TỬ	1284	C	GLY	629	-18,411	30,246	13,700	1,00	39,40	A C
NGUYÊN TỬ	1285	O	GLY	629	-19,083	31,173	13,250	1,00	40,26	A O
NGUYÊN TỬ	1286	N	TRP	630	-17,582	29,526	12,947	1,00	37,59	A N
NGUYÊN TỬ	1287	CA	TRP	630	-17,418	29,790	11,515	1,00	35,74	A C
NGUYÊN TỬ	1288	CB	TRP	630	-15,966	30,140	11,191	1,00	33,84	A C
NGUYÊN TỬ	1289	CG	TRP	630	-15,498	31,408	11,807	1,00	36,54	A C
NGUYÊN TỬ	1290	CD2	TRP	630	-15,352	32,675	11,155	1,00	36,10	A C

NGUYÊN TỬ	1291	CE2	TRP	630	-14,864	33,585	12,118	1,00	38,43	A	C
NGUYÊN TỬ	1292	CE3	TRP	630	-15,584	33,130	9,853	1,00	36,07	A	C
NGUYÊN TỬ	1293	CD1	TRP	630	-15,104	31,595	13,105	1,00	37,06	A	C
NGUYÊN TỬ	1294	NE1	TRP	630	-14,721	32,900	13,297	1,00	36,65	A	N
NGUYÊN TỬ	1295	CZ2	TRP	630	-14,607	34,923	11,818	1,00	36,82	A	C
NGUYÊN TỬ	1296	CZ3	TRP	630	-15,328	34,455	9,556	1,00	37,24	A	C
NGUYÊN TỬ	1297	CH2	TRP	630	-14,844	35,338	10,535	1,00	37,91	A	C
NGUYÊN TỬ	1298	C	TRP	630	-17,821	28,570	10,701	1,00	35,13	A	C
NGUYÊN TỬ	1299	O	TRP	630	-17,703	27,434	11,165	1,00	35,66	A	O
NGUYÊN TỬ	1300	N	THR	631	-18,285	28,804	9,481	1,00	32,78	A	N
NGUYÊN TỬ	1301	CA	THR	631	-18,715	27,711	8,626	1,00	31,14	A	C
NGUYÊN TỬ	1302	CB	THR	631	-20,210	27,847	8,289	1,00	31,87	A	C
NGUYÊN TỬ	1303	OG1	THR	631	-20,961	27,895	9,508	1,00	28,32	A	O
NGUYÊN TỬ	1304	CG2	THR	631	-20,686	26,666	7,452	1,00	28,98	A	C
NGUYÊN TỬ	1305	C	THR	631	-17,900	27,686	7,337	1,00	30,23	A	C
NGUYÊN TỬ	1306	O	THR	631	-17,683	28,714	6,708	1,00	29,72	A	O
NGUYÊN TỬ	1307	N	LEU	632	-17,443	26,502	6,956	1,00	29,92	A	N
NGUYÊN TỬ	1308	CA	LEU	632	-16,662	26,336	5,739	1,00	28,80	A	C
NGUYÊN TỬ	1309	CB	LEU	632	-16,011	24,954	5,746	1,00	27,20	A	C
NGUYÊN TỬ	1310	CG	LEU	632	-15,186	24,597	4,510	1,00	30,81	A	C
NGUYÊN TỬ	1311	CD1	LEU	632	-14,066	25,609	4,346	1,00	30,24	A	C
NGUYÊN TỬ	1312	CD2	LEU	632	-14,624	23,184	4,657	1,00	31,20	A	C
NGUYÊN TỬ	1313	C	LEU	632	-17,550	26,493	4,498	1,00	28,43	A	C
NGUYÊN TỬ	1314	O	LEU	632	-18,496	25,727	4,309	1,00	28,53	A	O
NGUYÊN TỬ	1315	N	THR	633	-17,256	27,486	3,660	1,00	26,00	A	N
NGUYÊN TỬ	1316	CA	THR	633	-18,047	27,692	2,449	1,00	27,86	A	C
NGUYÊN TỬ	1317	CB	THR	633	-18,520	29,168	2,306	1,00	27,33	A	C
NGUYÊN TỬ	1318	OG1	THR	633	-17,382	30,024	2,156	1,00	25,74	A	O
NGUYÊN TỬ	1319	CG2	THR	633	-19,320	29,598	3,530	1,00	23,90	A	C
NGUYÊN TỬ	1320	C	THR	633	-17,271	27,309	1,188	1,00	29,32	A	C
NGUYÊN TỬ	1321	O	THR	633	-17,864	26,985	0,160	1,00	29,29	A	O
NGUYÊN TỬ	1322	N	GLY	634	-15,946	27,352	1,267	1,00	29,44	A	N
NGUYÊN TỬ	1323	CA	GLY	634	-15,131	27,078	0,096	1,00	29,46	A	C
NGUYÊN TỬ	1324	C	GLY	634	-13,850	26,344	0,437	1,00	29,50	A	C
NGUYÊN TỬ	1325	O	GLY	634	-13,244	26,581	1,485	1,00	30,22	A	O
NGUYÊN TỬ	1326	N	CYS	635	-13,432	25,453	-0,454	1,00	28,04	A	N
NGUYÊN TỬ	1327	CA	CYS	635	-12,296	24,581	-0,190	1,00	28,82	A	C
NGUYÊN TỬ	1328	C	CYS	635	-11,526	24,342	-1,477	1,00	29,22	A	C
NGUYÊN TỬ	1329	O	CYS	635	-12,107	23,936	-2,477	1,00	29,78	A	O
NGUYÊN TỬ	1330	CB	CYS	635	-12,798	23,252	0,372	1,00	27,17	A	C
NGUYÊN TỬ	1331	SG	CYS	635	-11,559	21,934	0,583	1,00	31,95	A	S
NGUYÊN TỬ	1332	N	SER	636	-10,222	24,593	-1,449	1,00	29,87	A	N
NGUYÊN TỬ	1333	CA	SER	636	-9,392	24,423	-2,635	1,00	31,98	A	C
NGUYÊN TỬ	1334	CB	SER	636	-9,557	25,623	-3,567	1,00	30,53	A	C
NGUYÊN TỬ	1335	OG	SER	636	-9,043	26,792	-2,957	1,00	32,60	A	O
NGUYÊN TỬ	1336	C	SER	636	-7,916	24,274	-2,276	1,00	33,39	A	C
NGUYÊN TỬ	1337	O	SER	636	-7,526	24,394	-1,113	1,00	33,25	A	O
NGUYÊN TỬ	1338	N	ALA	637	-7,099	24,011	-3,289	1,00	35,31	A	N
NGUYÊN TỬ	1339	CA	ALA	637	-5,653	23,970	-3,117	1,00	37,57	A	C
NGUYÊN TỬ	1340	CB	ALA	637	-5,063	22,828	-3,937	1,00	35,81	A	C
NGUYÊN TỬ	1341	C	ALA	637	-5,038	25,296	-3,554	1,00	38,81	A	C
NGUYÊN TỬ	1342	O	ALA	637	-5,468	25,899	-4,537	1,00	39,80	A	O
NGUYÊN TỬ	1343	N	LEU	638	-4,036	25,746	-2,811	1,00	40,54	A	N
NGUYÊN TỬ	1344	CA	LEU	638	-3,236	26,893	-3,216	1,00	41,27	A	C
NGUYÊN TỬ	1345	CB	LEU	638	-2,161	27,171	-2,163	1,00	41,30	A	C
NGUYÊN TỬ	1346	CG	LEU	638	-1,633	28,595	-1,974	1,00	43,45	A	C
NGUYÊN TỬ	1347	CD1	LEU	638	-2,751	29,509	-1,502	1,00	43,30	A	C
NGUYÊN TỬ	1348	CD2	LEU	638	-0,505	28,577	-0,952	1,00	44,32	A	C
NGUYÊN TỬ	1349	C	LEU	638	-2,583	26,506	-4,536	1,00	43,36	A	C
NGUYÊN TỬ	1350	O	LEU	638	-2,027	25,415	-4,665	1,00	43,89	A	O
NGUYÊN TỬ	1351	N	PRO	639	-2,654	27,386	-5,541	1,00	44,54	A	N
NGUYÊN TỬ	1352	CD	PRO	639	-3,210	28,751	-5,535	1,00	42,27	A	C
NGUYÊN TỬ	1353	CA	PRO	639	-2,072	27,020	-6,838	1,00	45,55	A	C
NGUYÊN TỬ	1354	CB	PRO	639	-2,528	28,144	-7,764	1,00	44,15	A	C
NGUYÊN TỬ	1355	CG	PRO	639	-2,731	29,322	-6,849	1,00	44,46	A	C
NGUYÊN TỬ	1356	C	PRO	639	-0,551	26,924	-6,745	1,00	48,67	A	C
NGUYÊN TỬ	1357	O	PRO	639	0,128	27,928	-6,530	1,00	49,10	A	O
NGUYÊN TỬ	1358	N	GLY	640	-0,021	25,714	-6,895	1,00	52,08	A	N
NGUYÊN TỬ	1359	CA	GLY	640	1,417	25,517	-6,809	1,00	55,68	A	C
NGUYÊN TỬ	1360	C	GLY	640	1,913	24,533	-7,849	1,00	58,10	A	C
NGUYÊN TỬ	1361	O	GLY	640	1,201	24,233	-8,802	1,00	58,79	A	O
NGUYÊN TỬ	1362	N	THR	641	3,129	24,025	-7,679	1,00	61,04	A	N
NGUYÊN TỬ	1363	CA	THR	641	3,606	22,939	-8,532	1,00	64,61	A	C
NGUYÊN TỬ	1364	CB	THR	641	5,134	22,731	-8,392	1,00	65,87	A	C
NGUYÊN TỬ	1365	OG1	THR	641	5,489	22,650	-7,006	1,00	67,03	A	O
NGUYÊN TỬ	1366	CG2	THR	641	5,888	23,877	-9,048	1,00	66,73	A	C

NGUYÊN TỬ	1367	C	THR	641	2,883	21,653	-8,152	1,00	66,27	A	C
NGUYÊN TỬ	1368	O	THR	641	3,336	20,548	-8,461	1,00	67,72	A	O
NGUYÊN TỬ	1369	N	SER	642	1,740	21,824	-7,492	1,00	67,29	A	N
NGUYÊN TỬ	1370	CA	SER	642	0,977	20,732	-6,901	1,00	66,68	A	C
NGUYÊN TỬ	1371	CB	SER	642	-0,227	21,301	-6,138	1,00	68,50	A	C
NGUYÊN TỬ	1372	OG	SER	642	0,163	22,269	-5,174	1,00	65,92	A	O
NGUYÊN TỬ	1373	C	SER	642	0,480	19,719	-7,927	1,00	66,01	A	C
NGUYÊN TỬ	1374	O	SER	642	0,079	20,081	-9,031	1,00	66,17	A	O
NGUYÊN TỬ	1375	N	HIS	643	0,507	18,445	-7,548	1,00	65,59	A	N
NGUYÊN TỬ	1376	CA	HIS	643	-0,260	17,419	-8,250	1,00	63,85	A	C
NGUYÊN TỬ	1377	CB	HIS	643	0,565	16,134	-8,445	1,00	68,67	A	C
NGUYÊN TỬ	1378	CG	HIS	643	2,049	16,339	-8,398	1,00	73,45	A	C
NGUYÊN TỬ	1379	CD2	HIS	643	2,830	17,348	-8,853	1,00	75,15	A	C
NGUYÊN TỬ	1380	ND1	HIS	643	2,905	15,423	-7,823	1,00	75,08	A	N
NGUYÊN TỬ	1381	CE1	HIS	643	4,148	15,859	-7,925	1,00	76,32	A	C
NGUYÊN TỬ	1382	NE2	HIS	643	4,130	17,025	-8,546	1,00	76,69	A	N
NGUYÊN TỬ	1383	C	HIS	643	-1,461	17,099	-7,368	1,00	59,62	A	C
NGUYÊN TỬ	1384	O	HIS	643	-1,347	16,321	-6,418	1,00	61,00	A	O
NGUYÊN TỬ	1385	N	VAL	644	-2,606	17,697	-7,672	1,00	53,01	A	N
NGUYÊN TỬ	1386	CA	VAL	644	-3,775	17,546	-6,813	1,00	47,88	A	C
NGUYÊN TỬ	1387	CB	VAL	644	-4,312	18,931	-6,395	1,00	48,74	A	C
NGUYÊN TỬ	1388	CG1	VAL	644	-5,721	18,813	-5,835	1,00	46,18	A	C
NGUYÊN TỬ	1389	CG2	VAL	644	-3,379	19,535	-5,359	1,00	46,52	A	C
NGUYÊN TỬ	1390	C	VAL	644	-4,894	16,729	-7,456	1,00	44,30	A	C
NGUYÊN TỬ	1391	O	VAL	644	-5,270	16,973	-8,605	1,00	41,49	A	O
NGUYÊN TỬ	1392	N	LEU	645	-5,416	15,756	-6,711	1,00	39,48	A	N
NGUYÊN TỬ	1393	CA	LEU	645	-6,514	14,921	-7,198	1,00	35,69	A	C
NGUYÊN TỬ	1394	CB	LEU	645	-6,636	13,646	-6,359	1,00	34,50	A	C
NGUYÊN TỬ	1395	CG	LEU	645	-5,395	12,749	-6,310	1,00	33,63	A	C
NGUYÊN TỬ	1396	CD1	LEU	645	-5,668	11,520	-5,449	1,00	29,01	A	C
NGUYÊN TỬ	1397	CD2	LEU	645	-5,014	12,337	-7,722	1,00	32,25	A	C
NGUYÊN TỬ	1398	C	LEU	645	-7,820	15,699	-7,120	1,00	33,69	A	C
NGUYÊN TỬ	1399	O	LEU	645	-8,741	15,482	-7,911	1,00	33,63	A	O
NGUYÊN TỬ	1400	N	GLY	646	-7,889	16,615	-6,164	1,00	30,73	A	N
NGUYÊN TỬ	1401	CA	GLY	646	-9,099	17,387	-5,980	1,00	29,59	A	C
NGUYÊN TỬ	1402	C	GLY	646	-9,210	17,891	-4,559	1,00	29,58	A	C
NGUYÊN TỬ	1403	O	GLY	646	-8,271	17,766	-3,767	1,00	29,34	A	O
NGUYÊN TỬ	1404	N	ALA	647	-10,362	18,466	-4,238	1,00	27,24	A	N
NGUYÊN TỬ	1405	CA	ALA	647	-10,592	19,040	-2,927	1,00	26,99	A	C
NGUYÊN TỬ	1406	CB	ALA	647	-10,043	20,453	-2,878	1,00	23,24	A	C
NGUYÊN TỬ	1407	C	ALA	647	-12,091	19,044	-2,660	1,00	27,99	A	C
NGUYÊN TỬ	1408	O	ALA	647	-12,898	19,142	-3,590	1,00	26,92	A	O
NGUYÊN TỬ	1409	N	TYR	648	-12,462	18,923	-1,391	1,00	26,93	A	N
NGUYÊN TỬ	1410	CA	TYR	648	-13,865	18,949	-1,011	1,00	28,19	A	C
NGUYÊN TỬ	1411	CB	TYR	648	-14,535	17,621	-1,373	1,00	27,10	A	C
NGUYÊN TỬ	1412	CG	TYR	648	-13,744	16,397	-0,960	1,00	29,81	A	C
NGUYÊN TỬ	1413	CD1	TYR	648	-13,822	15,899	0,336	1,00	28,83	A	C
NGUYÊN TỬ	1414	CE1	TYR	648	-13,090	14,788	0,725	1,00	30,03	A	C
NGUYÊN TỬ	1415	CD2	TYR	648	-12,912	15,747	-1,862	1,00	29,05	A	C
NGUYÊN TỬ	1416	CE2	TYR	648	-12,179	14,635	-1,486	1,00	32,30	A	C
NGUYÊN TỬ	1417	CZ	TYR	648	-12,272	14,160	-0,187	1,00	31,60	A	C
NGUYÊN TỬ	1418	OH	TYR	648	-11,544	13,057	0,195	1,00	33,44	A	O
NGUYÊN TỬ	1419	C	TYR	648	-14,021	19,210	0,477	1,00	30,20	A	C
NGUYÊN TỬ	1420	O	TYR	648	-13,126	18,905	1,272	1,00	30,34	A	O
NGUYÊN TỬ	1421	N	ALA	649	-15,166	19,768	0,851	1,00	28,57	A	N
NGUYÊN TỬ	1422	CA	ALA	649	-15,455	20,020	2,251	1,00	29,86	A	C
NGUYÊN TỬ	1423	CB	ALA	649	-16,394	21,210	2,380	1,00	28,48	A	C
NGUYÊN TỬ	1424	C	ALA	649	-16,083	18,783	2,884	1,00	32,30	A	C
NGUYÊN TỬ	1425	O	ALA	649	-16,920	18,115	2,276	1,00	33,16	A	O
NGUYÊN TỬ	1426	N	VAL	650	-15,653	18,469	4,101	1,00	33,30	A	N
NGUYÊN TỬ	1427	CA	VAL	650	-16,356	17,509	4,939	1,00	33,70	A	C
NGUYÊN TỬ	1428	CB	VAL	650	-15,487	16,269	5,234	1,00	34,68	A	C
NGUYÊN TỬ	1429	CG1	VAL	650	-16,177	15,385	6,257	1,00	35,80	A	C
NGUYÊN TỬ	1430	CG2	VAL	650	-15,251	15,487	3,954	1,00	33,77	A	C
NGUYÊN TỬ	1431	C	VAL	650	-16,683	18,220	6,242	1,00	33,54	A	C
NGUYÊN TỬ	1432	O	VAL	650	-15,784	18,580	7,005	1,00	34,44	A	O
NGUYÊN TỬ	1433	N	ASP	651	-17,970	18,436	6,484	1,00	32,32	A	N
NGUYÊN TỬ	1434	CA	ASP	651	-18,396	19,313	7,560	1,00	33,07	A	C
NGUYÊN TỬ	1435	CB	ASP	651	-18,048	18,692	8,914	1,00	34,55	A	C
NGUYÊN TỬ	1436	CG	ASP	651	-18,678	17,316	9,101	1,00	37,44	A	C
NGUYÊN TỬ	1437	OD1	ASP	651	-19,927	17,218	9,110	1,00	36,19	A	O
NGUYÊN TỬ	1438	OD2	ASP	651	-17,925	16,328	9,235	1,00	39,42	A	O
NGUYÊN TỬ	1439	C	ASP	651	-17,696	20,658	7,382	1,00	33,97	A	C
NGUYÊN TỬ	1440	O	ASP	651	-17,885	21,319	6,360	1,00	34,64	A	O
NGUYÊN TỬ	1441	N	ASN	652	-16,884	21,060	8,357	1,00	32,48	A	N
NGUYÊN TỬ	1442	CA	ASN	652	-16,196	22,346	8,273	1,00	32,00	A	C

NGUYÊN TỬ	1443	CB	ASN	652	-16,502	23,197	9,511	1,00	32,46	A	C
NGUYÊN TỬ	1444	CG	ASN	652	-17,927	23,747	9,500	1,00	35,25	A	C
NGUYÊN TỬ	1445	OD1	ASN	652	-18,527	23,930	8,433	1,00	32,30	A	O
NGUYÊN TỬ	1446	ND2	ASN	652	-18,474	24,010	10,687	1,00	33,95	A	N
NGUYÊN TỬ	1447	C	ASN	652	-14,693	22,176	8,102	1,00	31,47	A	C
NGUYÊN TỬ	1448	O	ASN	652	-13,908	23,057	8,451	1,00	30,18	A	O
NGUYÊN TỬ	1449	N	THR	653	-14,309	21,033	7,544	1,00	29,69	A	N
NGUYÊN TỬ	1450	CA	THR	653	-12,921	20,746	7,225	1,00	28,78	A	C
NGUYÊN TỬ	1451	CB	THR	653	-12,510	19,372	7,809	1,00	27,92	A	C
NGUYÊN TỬ	1452	OG1	THR	653	-12,589	19,425	9,237	1,00	29,55	A	O
NGUYÊN TỬ	1453	CG2	THR	653	-11,095	19,004	7,395	1,00	28,75	A	C
NGUYÊN TỬ	1454	C	THR	653	-12,712	20,726	5,707	1,00	28,67	A	C
NGUYÊN TỬ	1455	O	THR	653	-13,452	20,061	4,978	1,00	29,58	A	O
NGUYÊN TỬ	1456	N	CYS	654	-11,705	21,454	5,236	1,00	28,76	A	N
NGUYÊN TỬ	1457	CA	CYS	654	-11,330	21,421	3,827	1,00	27,76	A	C
NGUYÊN TỬ	1458	C	CYS	654	-10,320	20,324	3,598	1,00	28,97	A	C
NGUYÊN TỬ	1459	O	CYS	654	-9,254	20,321	4,215	1,00	31,24	A	O
NGUYÊN TỬ	1460	CB	CYS	654	-10,709	22,750	3,399	1,00	28,74	A	C
NGUYÊN TỬ	1461	SG	CYS	654	-10,081	22,798	1,685	1,00	32,18	A	S
NGUYÊN TỬ	1462	N	VAL	655	-10,649	19,402	2,700	1,00	28,34	A	N
NGUYÊN TỬ	1463	CA	VAL	655	-9,761	18,299	2,378	1,00	28,21	A	C
NGUYÊN TỬ	1464	CB	VAL	655	-10,500	16,944	2,459	1,00	28,71	A	C
NGUYÊN TỬ	1465	CG1	VAL	655	-9,552	15,821	2,103	1,00	28,30	A	C
NGUYÊN TỬ	1466	CG2	VAL	655	-11,058	16,734	3,851	1,00	29,74	A	C
NGUYÊN TỬ	1467	C	VAL	655	-9,187	18,455	0,971	1,00	29,61	A	C
NGUYÊN TỬ	1468	O	VAL	655	-9,929	18,520	-0,011	1,00	29,60	A	O
NGUYÊN TỬ	1469	N	VAL	656	-7,864	18,520	0,877	1,00	29,42	A	N
NGUYÊN TỬ	1470	CA	VAL	656	-7,199	18,432	-0,411	1,00	29,18	A	C
NGUYÊN TỬ	1471	CB	VAL	656	-6,140	19,550	-0,579	1,00	29,20	A	C
NGUYÊN TỬ	1472	CG1	VAL	656	-5,368	19,352	-1,887	1,00	23,76	A	C
NGUYÊN TỬ	1473	CG2	VAL	656	-6,827	20,915	-0,575	1,00	25,50	A	C
NGUYÊN TỬ	1474	C	VAL	656	-6,526	17,075	-0,522	1,00	30,76	A	C
NGUYÊN TỬ	1475	O	VAL	656	-5,797	16,663	0,376	1,00	29,50	A	O
NGUYÊN TỬ	1476	N	ARG	657	-6,787	16,378	-1,625	1,00	33,71	A	N
NGUYÊN TỬ	1477	CA	ARG	657	-6,201	15,062	-1,863	1,00	35,25	A	C
NGUYÊN TỬ	1478	CB	ARG	657	-7,260	14,100	-2,409	1,00	35,66	A	C
NGUYÊN TỬ	1479	CG	ARG	657	-8,393	13,791	-1,438	1,00	37,10	A	C
NGUYÊN TỬ	1480	CD	ARG	657	-8,058	12,606	-0,541	1,00	37,52	A	C
NGUYÊN TỬ	1481	NE	ARG	657	-7,781	11,393	-1,310	1,00	36,14	A	N
NGUYÊN TỬ	1482	CZ	ARG	657	-8,701	10,489	-1,637	1,00	39,36	A	C
NGUYÊN TỬ	1483	NH1	ARG	657	-8,358	9,416	-2,339	1,00	39,27	A	N
NGUYÊN TỬ	1484	NH2	ARG	657	-9,966	10,655	-1,264	1,00	38,06	A	N
NGUYÊN TỬ	1485	C	ARG	657	-5,048	15,166	-2,848	1,00	37,95	A	C
NGUYÊN TỬ	1486	O	ARG	657	-5,200	15,678	-3,960	1,00	37,69	A	O
NGUYÊN TỬ	1487	N	SER	658	-3,888	14,673	-2,433	1,00	41,37	A	N
NGUYÊN TỬ	1488	CA	SER	658	-2,685	14,742	-3,254	1,00	44,93	A	C
NGUYÊN TỬ	1489	CB	SER	658	-1,502	15,192	-2,397	1,00	45,44	A	C
NGUYÊN TỬ	1490	OG	SER	658	-1,412	14,401	-1,223	1,00	50,04	A	O
NGUYÊN TỬ	1491	C	SER	658	-2,392	13,378	-3,858	1,00	46,73	A	C
NGUYÊN TỬ	1492	O	SER	658	-2,864	12,358	-3,357	1,00	45,37	A	O
NGUYÊN TỬ	1493	N	ARG	659	-1,617	13,356	-4,936	1,00	50,91	A	N
NGUYÊN TỬ	1494	CA	ARG	659	-1,109	12,095	-5,457	1,00	56,06	A	C
NGUYÊN TỬ	1495	CB	ARG	659	-0,700	12,236	-6,920	1,00	60,94	A	C
NGUYÊN TỬ	1496	CG	ARG	659	0,009	11,001	-7,473	1,00	66,87	A	C
NGUYÊN TỬ	1497	CD	ARG	659	-0,801	9,724	-7,244	1,00	70,25	A	C
NGUYÊN TỬ	1498	NE	ARG	659	-0,729	9,250	-5,863	1,00	73,87	A	N
NGUYÊN TỬ	1499	CZ	ARG	659	-1,329	8,148	-5,418	1,00	75,97	A	C
NGUYÊN TỬ	1500	NH1	ARG	659	-2,049	7,400	-6,247	1,00	76,24	A	N
NGUYÊN TỬ	1501	NH2	ARG	659	-1,212	7,792	-4,144	1,00	76,11	A	N
NGUYÊN TỬ	1502	C	ARG	659	0,091	11,633	-4,643	1,00	57,33	A	C
NGUYÊN TỬ	1503	O	ARG	659	-0,051	10,845	-3,709	1,00	59,34	A	O
NGUYÊN TỬ	1504	N	GLU	670	5,942	19,173	-5,234	1,00	59,80	A	N
NGUYÊN TỬ	1505	CA	GLU	670	6,378	19,330	-3,843	1,00	59,19	A	C
NGUYÊN TỬ	1506	CB	GLU	670	7,326	20,523	-3,727	1,00	60,88	A	C
NGUYÊN TỬ	1507	CG	GLU	670	8,652	20,204	-3,026	1,00	65,12	A	C
NGUYÊN TỬ	1508	CD	GLU	670	8,570	20,256	-1,508	1,00	68,07	A	C
NGUYÊN TỬ	1509	OE1	GLU	670	7,987	21,220	-0,974	1,00	68,75	A	O
NGUYÊN TỬ	1510	OE2	GLU	670	9,101	19,341	-0,839	1,00	70,08	A	O
NGUYÊN TỬ	1511	C	GLU	670	5,291	19,476	-2,765	1,00	57,96	A	C
NGUYÊN TỬ	1512	O	GLU	670	4,489	18,567	-2,544	1,00	56,88	A	O
NGUYÊN TỬ	1513	N	ALA	671	5,273	20,628	-2,089	1,00	55,53	A	N
NGUYÊN TỬ	1514	CA	ALA	671	4,300	20,874	-1,013	1,00	52,14	A	C
NGUYÊN TỬ	1515	CB	ALA	671	4,729	22,075	-0,160	1,00	50,35	A	C
NGUYÊN TỬ	1516	C	ALA	671	2,878	21,110	-1,532	1,00	50,50	A	C
NGUYÊN TỬ	1517	O	ALA	671	2,685	21,547	-2,660	1,00	49,31	A	O
NGUYÊN TỬ	1518	N	VAL	672	1,892	20,811	-0,689	1,00	48,22	A	N

NGUYÊN TỬ	1519	CA	VAL	672	0,485	21,038	-0,993	1,00	46,40	A	C
NGUYÊN TỬ	1520	CB	VAL	672	-0,264	19,700	-1,175	1,00	46,60	A	C
NGUYÊN TỬ	1521	CG1	VAL	672	-1,765	19,925	-1,123	1,00	45,09	A	C
NGUYÊN TỬ	1522	CG2	VAL	672	0,127	19,068	-2,500	1,00	45,84	A	C
NGUYÊN TỬ	1523	C	VAL	672	-0,164	21,812	0,140	1,00	44,64	A	C
NGUYÊN TỬ	1524	O	VAL	672	-0,012	21,458	1,308	1,00	44,63	A	O
NGUYÊN TỬ	1525	N	THR	673	-0,876	22,878	-0,205	1,00	42,97	A	N
NGUYÊN TỬ	1526	CA	THR	673	-1,535	23,695	0,803	1,00	42,42	A	C
NGUYÊN TỬ	1527	CB	THR	673	-1,014	25,151	0,769	1,00	41,83	A	C
NGUYÊN TỬ	1528	OG1	THR	673	0,405	25,156	0,961	1,00	43,57	A	O
NGUYÊN TỬ	1529	CG2	THR	673	-1,654	25,968	1,874	1,00	43,03	A	C
NGUYÊN TỬ	1530	C	THR	673	-3,052	23,693	0,609	1,00	40,73	A	C
NGUYÊN TỬ	1531	O	THR	673	-3,554	23,941	-0,491	1,00	40,35	A	O
NGUYÊN TỬ	1532	N	ALA	674	-3,775	23,401	1,684	1,00	37,65	A	N
NGUYÊN TỬ	1533	CA	ALA	674	-5,228	23,453	1,651	1,00	36,09	A	C
NGUYÊN TỬ	1534	CB	ALA	674	-5,809	22,404	2,589	1,00	32,65	A	C
NGUYÊN TỬ	1535	C	ALA	674	-5,700	24,848	2,054	1,00	35,70	A	C
NGUYÊN TỬ	1536	O	ALA	674	-5,196	25,433	3,014	1,00	35,06	A	O
NGUYÊN TỬ	1537	N	VAL	675	-6,669	25,378	1,313	1,00	33,36	A	N
NGUYÊN TỬ	1538	CA	VAL	675	-7,155	26,732	1,554	1,00	31,12	A	C
NGUYÊN TỬ	1539	CB	VAL	675	-6,893	27,646	0,344	1,00	32,06	A	C
NGUYÊN TỬ	1540	CG1	VAL	675	-7,362	29,057	0,648	1,00	30,35	A	C
NGUYÊN TỬ	1541	CG2	VAL	675	-5,423	27,625	-0,015	1,00	31,11	A	C
NGUYÊN TỬ	1542	C	VAL	675	-8,652	26,721	1,814	1,00	32,06	A	C
NGUYÊN TỬ	1543	O	VAL	675	-9,436	26,300	0,962	1,00	33,53	A	O
NGUYÊN TỬ	1544	N	ALA	676	-9,046	27,191	2,991	1,00	31,39	A	N
NGUYÊN TỬ	1545	CA	ALA	676	-10,446	27,210	3,369	1,00	31,28	A	C
NGUYÊN TỬ	1546	CB	ALA	676	-10,631	26,537	4,731	1,00	30,37	A	C
NGUYÊN TỬ	1547	C	ALA	676	-10,965	28,638	3,425	1,00	32,21	A	C
NGUYÊN TỬ	1548	O	ALA	676	-10,342	29,513	4,026	1,00	32,29	A	O
NGUYÊN TỬ	1549	N	ILE	677	-12,112	28,871	2,799	1,00	30,97	A	N
NGUYÊN TỬ	1550	CA	ILE	677	-12,853	30,098	3,046	1,00	31,18	A	C
NGUYÊN TỬ	1551	CB	ILE	677	-13,511	30,625	1,755	1,00	30,16	A	C
NGUYÊN TỬ	1552	CG2	ILE	677	-14,405	31,810	2,071	1,00	28,01	A	C
NGUYÊN TỬ	1553	CG1	ILE	677	-12,424	31,014	0,749	1,00	29,28	A	C
NGUYÊN TỬ	1554	CD1	ILE	677	-12,949	31,276	-0,653	1,00	31,33	A	C
NGUYÊN TỬ	1555	C	ILE	677	-13,925	29,812	4,094	1,00	32,12	A	C
NGUYÊN TỬ	1556	O	ILE	677	-14,759	28,916	3,925	1,00	29,55	A	O
NGUYÊN TỬ	1557	N	CYS	678	-13,880	30,576	5,181	1,00	33,00	A	N
NGUYÊN TỬ	1558	CA	CYS	678	-14,780	30,386	6,316	1,00	34,13	A	C
NGUYÊN TỬ	1559	C	CYS	678	-15,661	31,617	6,478	1,00	33,65	A	C
NGUYÊN TỬ	1560	O	CYS	678	-15,180	32,744	6,384	1,00	33,63	A	O
NGUYÊN TỬ	1561	CB	CYS	678	-13,966	30,179	7,594	1,00	35,39	A	C
NGUYÊN TỬ	1562	SG	CYS	678	-12,794	28,787	7,523	1,00	37,76	A	S
NGUYÊN TỬ	1563	N	CYS	679	-16,949	31,412	6,718	1,00	33,05	A	N
NGUYÊN TỬ	1564	CA	CYS	679	-17,842	32,547	6,892	1,00	36,46	A	C
NGUYÊN TỬ	1565	C	CYS	679	-18,750	32,419	8,113	1,00	39,97	A	C
NGUYÊN TỬ	1566	O	CYS	679	-18,970	31,324	8,639	1,00	37,89	A	O
NGUYÊN TỬ	1567	CB	CYS	679	-18,712	32,734	5,658	1,00	36,27	A	C
NGUYÊN TỬ	1568	SG	CYS	679	-17,854	32,830	4,054	1,00	36,27	A	S
NGUYÊN TỬ	1569	N	ARG	680	-19,282	33,556	8,547	1,00	43,34	A	N
NGUYÊN TỬ	1570	CA	ARG	680	-20,257	33,591	9,630	1,00	48,28	A	C
NGUYÊN TỬ	1571	CB	ARG	680	-19,547	33,641	10,983	1,00	47,10	A	C
NGUYÊN TỬ	1572	CG	ARG	680	-18,769	34,919	11,195	1,00	50,25	A	C
NGUYÊN TỬ	1573	CD	ARG	680	-18,249	35,029	12,610	1,00	50,93	A	C
NGUYÊN TỬ	1574	NE	ARG	680	-17,474	36,250	12,786	1,00	53,09	A	N
NGUYÊN TỬ	1575	CZ	ARG	680	-16,716	36,504	13,846	1,00	53,83	A	C
NGUYÊN TỬ	1576	NH1	ARG	680	-16,043	37,645	13,919	1,00	54,26	A	N
NGUYÊN TỬ	1577	NH2	ARG	680	-16,629	35,617	14,829	1,00	53,05	A	N
NGUYÊN TỬ	1578	C	ARG	680	-21,146	34,820	9,479	1,00	49,82	A	C
NGUYÊN TỬ	1579	O	ARG	680	-20,924	35,657	8,600	1,00	49,14	A	O
NGUYÊN TỬ	1580	N	SER	681	-22,152	34,917	10,339	1,00	53,31	A	N
NGUYÊN TỬ	1581	CA	SER	681	-23,029	36,083	10,378	1,00	58,05	A	C
NGUYÊN TỬ	1582	CB	SER	681	-24,423	35,673	10,837	1,00	58,41	A	C
NGUYÊN TỬ	1583	OG	SER	681	-24,392	35,272	12,195	1,00	60,93	A	O
NGUYÊN TỬ	1584	C	SER	681	-22,486	37,127	11,346	1,00	59,77	A	C
NGUYÊN TỬ	1585	O	SER	681	-21,714	36,806	12,248	1,00	60,55	A	O
NGUYÊN TỬ	1586	N	ARG	682	-22,896	38,375	11,154	1,00	62,76	A	N
NGUYÊN TỬ	1587	CA	ARG	682	-22,616	39,429	12,122	1,00	66,03	A	C
NGUYÊN TỬ	1588	CB	ARG	682	-21,647	40,448	11,528	1,00	68,33	A	C
NGUYÊN TỬ	1589	CG	ARG	682	-20,316	39,874	11,085	1,00	71,05	A	C
NGUYÊN TỬ	1590	CD	ARG	682	-19,510	40,941	10,368	1,00	73,61	A	C
NGUYÊN TỬ	1591	NE	ARG	682	-20,383	41,861	9,641	1,00	76,11	A	N
NGUYÊN TỬ	1592	CZ	ARG	682	-19,966	42,729	8,723	1,00	76,34	A	C
NGUYÊN TỬ	1593	NH1	ARG	682	-20,839	43,523	8,117	1,00	74,95	A	N
NGUYÊN TỬ	1594	NH2	ARG	682	-18,678	42,801	8,409	1,00	77,06	A	N

NGUYÊN TỬ	1595	C	ARG	682	-23,909	40,138	12,514	1,00	66,85	A	C
NGUYÊN TỬ	1596	O	ARG	682	-24,947	39,865	11,873	1,00	67,78	A	O
NGUYÊN TỬ	1597	OXT	ARG	682	-23,867	40,966	13,448	1,00	68,38	A	O
TER	1598		ARG	682						A	
NGUYÊN TỬ	3134	CB	ALA	-2	-22,599	17,038	-50,667	1,00	30,97	L1	C
NGUYÊN TỬ	3135	C	ALA	-2	-20,735	18,001	-49,294	1,00	31,14	L1	C
NGUYÊN TỬ	3136	O	ALA	-2	-19,631	17,468	-49,156	1,00	30,83	L1	O
NGUYÊN TỬ	3137	N	ALA	-2	-20,438	17,670	-51,719	1,00	31,98	L1	N
NGUYÊN TỬ	3138	CA	ALA	-2	-21,422	18,028	-50,655	1,00	32,78	L1	C
NGUYÊN TỬ	3139	N	LEU	-1	-21,382	18,582	-48,290	1,00	30,72	L1	N
NGUYÊN TỬ	3140	CA	LEU	-1	-20,904	18,443	-46,923	1,00	31,40	L1	C
NGUYÊN TỬ	3141	CB	LEU	-1	-20,620	19,810	-46,300	1,00	30,42	L1	C
NGUYÊN TỬ	3142	CG	LEU	-1	-20,062	19,746	-44,872	1,00	32,48	L1	C
NGUYÊN TỬ	3143	CD1	LEU	-1	-18,735	19,007	-44,874	1,00	32,58	L1	C
NGUYÊN TỬ	3144	CD2	LEU	-1	-19,875	21,146	-44,314	1,00	31,47	L1	C
NGUYÊN TỬ	3145	C	LEU	-1	-21,939	17,701	-46,090	1,00	32,90	L1	C
NGUYÊN TỬ	3146	O	LEU	-1	-23,076	18,154	-45,930	1,00	31,46	L1	O
NGUYÊN TỬ	3147	N	GLN	1	-21,543	16,551	-45,565	1,00	32,45	L1	N
NGUYÊN TỬ	3148	CA	GLN	1	-22,440	15,769	-44,739	1,00	36,30	L1	C
NGUYÊN TỬ	3149	CB	GLN	1	-22,229	14,271	-45,006	1,00	39,00	L1	C
NGUYÊN TỬ	3150	CG	GLN	1	-23,162	13,354	-44,229	1,00	46,21	L1	C
NGUYÊN TỬ	3151	CD	GLN	1	-23,290	11,970	-44,857	1,00	51,70	L1	C
NGUYÊN TỬ	3152	OE1	GLN	1	-24,374	11,383	-44,867	1,00	55,34	L1	O
NGUYÊN TỬ	3153	NE2	GLN	1	-22,185	11,444	-45,384	1,00	50,89	L1	N
NGUYÊN TỬ	3154	C	GLN	1	-22,148	16,113	-43,282	1,00	36,73	L1	C
NGUYÊN TỬ	3155	O	GLN	1	-21,038	15,904	-42,801	1,00	39,33	L1	O
NGUYÊN TỬ	3156	N	SER	2	-23,143	16,660	-42,592	1,00	34,09	L1	N
NGUYÊN TỬ	3157	CA	SER	2	-22,984	17,045	-41,200	1,00	32,26	L1	C
NGUYÊN TỬ	3158	CB	SER	2	-23,663	18,394	-40,951	1,00	33,35	L1	C
NGUYÊN TỬ	3159	OG	SER	2	-22,995	19,426	-41,660	1,00	36,24	L1	O
NGUYÊN TỬ	3160	C	SER	2	-23,579	15,975	-40,290	1,00	31,17	L1	C
NGUYÊN TỬ	3161	O	SER	2	-24,551	15,314	-40,651	1,00	29,93	L1	O
NGUYÊN TỬ	3162	N	VAL	3	-22,990	15,806	-39,111	1,00	29,66	L1	N
NGUYÊN TỬ	3163	CA	VAL	3	-23,345	14,692	-38,242	1,00	27,57	L1	C
NGUYÊN TỬ	3164	CB	VAL	3	-22,173	14,325	-37,304	1,00	26,77	L1	C
NGUYÊN TỬ	3165	CG1	VAL	3	-22,604	13,235	-36,328	1,00	20,64	L1	C
NGUYÊN TỬ	3166	CG2	VAL	3	-20,970	13,859	-38,135	1,00	24,71	L1	C
NGUYÊN TỬ	3167	C	VAL	3	-24,573	14,995	-37,403	1,00	28,78	L1	C
NGUYÊN TỬ	3168	O	VAL	3	-25,360	14,102	-37,110	1,00	29,90	L1	O
NGUYÊN TỬ	3169	N	LEU	4	-24,736	16,256	-37,013	1,00	28,16	L1	N
NGUYÊN TỬ	3170	CA	LEU	4	-25,909	16,661	-36,239	1,00	28,07	L1	C
NGUYÊN TỬ	3171	CB	LEU	4	-25,540	17,780	-35,261	1,00	25,10	L1	C
NGUYÊN TỬ	3172	CG	LEU	4	-24,396	17,481	-34,289	1,00	27,51	L1	C
NGUYÊN TỬ	3173	CD1	LEU	4	-24,060	18,739	-33,483	1,00	27,28	L1	C
NGUYÊN TỬ	3174	CD2	LEU	4	-24,793	16,341	-33,367	1,00	27,59	L1	C
NGUYÊN TỬ	3175	C	LEU	4	-26,996	17,146	-37,190	1,00	26,91	L1	C
NGUYÊN TỬ	3176	O	LEU	4	-26,701	17,620	-38,282	1,00	25,87	L1	O
NGUYÊN TỬ	3177	N	THR	5	-28,251	17,031	-36,777	1,00	27,45	L1	N
NGUYÊN TỬ	3178	CA	THR	5	-29,365	17,405	-37,650	1,00	29,69	L1	C
NGUYÊN TỬ	3179	CB	THR	5	-30,419	16,281	-37,709	1,00	30,65	L1	C
NGUYÊN TỬ	3180	OG1	THR	5	-29,813	15,091	-38,227	1,00	32,80	L1	O
NGUYÊN TỬ	3181	CG2	THR	5	-31,584	16,682	-38,615	1,00	30,25	L1	C
NGUYÊN TỬ	3182	C	THR	5	-30,062	18,693	-37,216	1,00	29,39	L1	C
NGUYÊN TỬ	3183	O	THR	5	-30,597	18,773	-36,113	1,00	28,74	L1	O
NGUYÊN TỬ	3184	N	GLN	6	-30,048	19,696	-38,093	1,00	27,91	L1	N
NGUYÊN TỬ	3185	CA	GLN	6	-30,806	20,929	-37,885	1,00	28,70	L1	C
NGUYÊN TỬ	3186	CB	GLN	6	-29,889	22,159	-37,866	1,00	26,66	L1	C
NGUYÊN TỬ	3187	CG	GLN	6	-28,913	22,258	-36,721	1,00	24,05	L1	C
NGUYÊN TỬ	3188	CD	GLN	6	-28,010	23,468	-36,872	1,00	25,09	L1	C
NGUYÊN TỬ	3189	OE1	GLN	6	-26,843	23,341	-37,243	1,00	27,47	L1	O
NGUYÊN TỬ	3190	NE2	GLN	6	-28,548	24,652	-36,597	1,00	22,42	L1	N
NGUYÊN TỬ	3191	C	GLN	6	-31,770	21,109	-39,044	1,00	28,56	L1	C
NGUYÊN TỬ	3192	O	GLN	6	-31,475	20,719	-40,170	1,00	27,37	L1	O
NGUYÊN TỬ	3193	N	PRO	7	-32,921	21,745	-38,789	1,00	30,02	L1	N
NGUYÊN TỬ	3194	CD	PRO	7	-33,416	22,218	-37,483	1,00	30,00	L1	C
NGUYÊN TỬ	3195	CA	PRO	7	-33,756	22,206	-39,904	1,00	29,84	L1	C
NGUYÊN TỬ	3196	CB	PRO	7	-34,944	22,876	-39,215	1,00	30,46	L1	C
NGUYÊN TỬ	3197	CG	PRO	7	-34,421	23,278	-37,859	1,00	31,08	L1	C
NGUYÊN TỬ	3198	C	PRO	7	-32,961	23,186	-40,761	1,00	30,79	L1	C
NGUYÊN TỬ	3199	O	PRO	7	-32,206	24,007	-40,242	1,00	30,95	L1	O
NGUYÊN TỬ	3200	N	PRO	8	-33,113	23,100	-42,087	1,00	29,99	L1	N
NGUYÊN TỬ	3201	CD	PRO	8	-33,901	22,060	-42,767	1,00	29,60	L1	C
NGUYÊN TỬ	3202	CA	PRO	8	-32,380	23,946	-43,036	1,00	30,24	L1	C
NGUYÊN TỬ	3203	CB	PRO	8	-32,755	23,369	-44,404	1,00	30,10	L1	C
NGUYÊN TỬ	3204	CG	PRO	8	-33,254	21,990	-44,113	1,00	31,61	L1	C
NGUYÊN TỬ	3205	C	PRO	8	-32,747	25,428	-42,928	1,00	31,73	L1	C

NGUYÊN TỬ	3206	O	PRO	8	-31,943	26,308	-43,258	1,00	31,46	L1	O
NGUYÊN TỬ	3207	N	SER	9	-33,960	25,707	-42,467	1,00	30,72	L1	N
NGUYÊN TỬ	3208	CA	SER	9	-34,446	27,080	-42,450	1,00	32,53	L1	C
NGUYÊN TỬ	3209	CB	SER	9	-35,043	27,456	-43,808	1,00	35,18	L1	C
NGUYÊN TỬ	3210	OG	SER	9	-36,252	26,743	-44,038	1,00	39,78	L1	O
NGUYÊN TỬ	3211	C	SER	9	-35,494	27,298	-41,382	1,00	32,20	L1	C
NGUYÊN TỬ	3212	O	SER	9	-36,151	26,359	-40,933	1,00	32,14	L1	O
NGUYÊN TỬ	3213	N	ALA	10	-35,637	28,556	-40,982	1,00	32,09	L1	N
NGUYÊN TỬ	3214	CA	ALA	10	-36,668	28,970	-40,049	1,00	30,01	L1	C
NGUYÊN TỬ	3215	CB	ALA	10	-36,196	28,744	-38,611	1,00	29,34	L1	C
NGUYÊN TỬ	3216	C	ALA	10	-36,943	30,453	-40,294	1,00	31,41	L1	C
NGUYÊN TỬ	3217	O	ALA	10	-36,162	31,139	-40,958	1,00	31,03	L1	O
NGUYÊN TỬ	3218	N	SER	11	-38,058	30,946	-39,770	1,00	30,95	L1	N
NGUYÊN TỬ	3219	CA	SER	11	-38,366	32,364	-39,876	1,00	33,18	L1	C
NGUYÊN TỬ	3220	CB	SER	11	-39,055	32,667	-41,205	1,00	31,83	L1	C
NGUYÊN TỬ	3221	OG	SER	11	-40,290	31,985	-41,292	1,00	34,06	L1	O
NGUYÊN TỬ	3222	C	SER	11	-39,255	32,810	-38,731	1,00	33,60	L1	C
NGUYÊN TỬ	3223	O	SER	11	-40,016	32,023	-38,175	1,00	34,21	L1	O
NGUYÊN TỬ	3224	N	GLY	12	-39,143	34,084	-38,379	1,00	33,24	L1	N
NGUYÊN TỬ	3225	CA	GLY	12	-39,983	34,638	-37,344	1,00	34,06	L1	C
NGUYÊN TỬ	3226	C	GLY	12	-40,221	36,111	-37,594	1,00	34,78	L1	C
NGUYÊN TỬ	3227	O	GLY	12	-39,510	36,738	-38,377	1,00	35,73	L1	O
NGUYÊN TỬ	3228	N	THR	13	-41,224	36,664	-36,926	1,00	35,43	L1	N
NGUYÊN TỬ	3229	CA	THR	13	-41,545	38,077	-37,055	1,00	35,76	L1	C
NGUYÊN TỬ	3230	CB	THR	13	-43,057	38,299	-36,915	1,00	37,03	L1	C
NGUYÊN TỬ	3231	OG1	THR	13	-43,732	37,621	-37,980	1,00	40,63	L1	O
NGUYÊN TỬ	3232	CG2	THR	13	-43,389	39,781	-36,959	1,00	38,80	L1	C
NGUYÊN TỬ	3233	C	THR	13	-40,834	38,834	-35,949	1,00	34,79	L1	C
NGUYÊN TỬ	3234	O	THR	13	-40,768	38,358	-34,817	1,00	33,06	L1	O
NGUYÊN TỬ	3235	N	PRO	14	-40,295	40,024	-36,261	1,00	33,81	L1	N
NGUYÊN TỬ	3236	CD	PRO	14	-40,243	40,682	-37,579	1,00	33,59	L1	C
NGUYÊN TỬ	3237	CA	PRO	14	-39,678	40,845	-35,213	1,00	35,17	L1	C
NGUYÊN TỬ	3238	CB	PRO	14	-39,510	42,210	-35,881	1,00	35,17	L1	C
NGUYÊN TỬ	3239	CG	PRO	14	-39,338	41,880	-37,339	1,00	32,62	L1	C
NGUYÊN TỬ	3240	C	PRO	14	-40,562	40,904	-33,970	1,00	37,04	L1	C
NGUYÊN TỬ	3241	O	PRO	14	-41,788	40,939	-34,076	1,00	36,13	L1	O
NGUYÊN TỬ	3242	N	GLY	15	-39,933	40,880	-32,798	1,00	37,53	L1	N
NGUYÊN TỬ	3243	CA	GLY	15	-40,684	40,885	-31,554	1,00	37,21	L1	C
NGUYÊN TỬ	3244	C	GLY	15	-41,091	39,514	-31,044	1,00	37,71	L1	C
NGUYÊN TỬ	3245	O	GLY	15	-41,394	39,354	-29,864	1,00	39,10	L1	O
NGUYÊN TỬ	3246	N	GLN	16	-41,101	38,515	-31,918	1,00	38,28	L1	N
NGUYÊN TỬ	3247	CA	GLN	16	-41,542	37,184	-31,514	1,00	39,95	L1	C
NGUYÊN TỬ	3248	CB	GLN	16	-42,263	36,488	-32,673	1,00	42,22	L1	C
NGUYÊN TỬ	3249	CG	GLN	16	-43,514	37,217	-33,166	1,00	49,57	L1	C
NGUYÊN TỬ	3250	CD	GLN	16	-44,608	37,318	-32,108	1,00	53,19	L1	C
NGUYÊN TỬ	3251	OE1	GLN	16	-45,367	36,371	-31,889	1,00	55,70	L1	O
NGUYÊN TỬ	3252	NE2	GLN	16	-44,693	38,472	-31,449	1,00	53,13	L1	N
NGUYÊN TỬ	3253	C	GLN	16	-40,393	36,301	-31,017	1,00	39,30	L1	C
NGUYÊN TỬ	3254	O	GLN	16	-39,232	36,715	-30,998	1,00	36,61	L1	O
NGUYÊN TỬ	3255	N	ARG	17	-40,743	35,085	-30,608	1,00	39,04	L1	N
NGUYÊN TỬ	3256	CA	ARG	17	-39,782	34,093	-30,142	1,00	40,32	L1	C
NGUYÊN TỬ	3257	CB	ARG	17	-40,225	33,551	-28,779	1,00	40,01	L1	C
NGUYÊN TỬ	3258	CG	ARG	17	-39,384	32,406	-28,239	1,00	43,34	L1	C
NGUYÊN TỬ	3259	CD	ARG	17	-39,923	31,930	-26,898	1,00	41,71	L1	C
NGUYÊN TỬ	3260	NE	ARG	17	-39,086	30,906	-26,277	1,00	43,61	L1	N
NGUYÊN TỬ	3261	CZ	ARG	17	-39,155	29,610	-26,565	1,00	43,68	L1	C
NGUYÊN TỬ	3262	NH1	ARG	17	-40,019	29,178	-27,471	1,00	44,38	L1	N
NGUYÊN TỬ	3263	NH2	ARG	17	-38,376	28,740	-25,933	1,00	43,92	L1	N
NGUYÊN TỬ	3264	C	ARG	17	-39,697	32,949	-31,148	1,00	39,25	L1	C
NGUYÊN TỬ	3265	O	ARG	17	-40,722	32,397	-31,548	1,00	40,22	L1	O
NGUYÊN TỬ	3266	N	VAL	18	-38,480	32,601	-31,562	1,00	38,21	L1	N
NGUYÊN TỬ	3267	CA	VAL	18	-38,269	31,428	-32,410	1,00	36,63	L1	C
NGUYÊN TỬ	3268	CB	VAL	18	-37,688	31,814	-33,790	1,00	37,42	L1	C
NGUYÊN TỬ	3269	CG1	VAL	18	-38,642	32,740	-34,510	1,00	37,93	L1	C
NGUYÊN TỬ	3270	CG2	VAL	18	-36,331	32,479	-33,624	1,00	37,49	L1	C
NGUYÊN TỬ	3271	C	VAL	18	-37,320	30,430	-31,755	1,00	36,06	L1	C
NGUYÊN TỬ	3272	O	VAL	18	-36,493	30,800	-30,918	1,00	37,18	L1	O
NGUYÊN TỬ	3273	N	THR	19	-37,447	29,161	-32,127	1,00	34,19	L1	N
NGUYÊN TỬ	3274	CA	THR	19	-36,532	28,148	-31,635	1,00	33,85	L1	C
NGUYÊN TỬ	3275	CB	THR	19	-37,231	27,152	-30,699	1,00	34,73	L1	C
NGUYÊN TỬ	3276	OG1	THR	19	-38,256	26,459	-31,422	1,00	36,14	L1	O
NGUYÊN TỬ	3277	CG2	THR	19	-37,839	27,875	-29,510	1,00	36,05	L1	C
NGUYÊN TỬ	3278	C	THR	19	-35,932	27,367	-32,788	1,00	33,77	L1	C
NGUYÊN TỬ	3279	O	THR	19	-36,581	27,136	-33,804	1,00	34,31	L1	O
NGUYÊN TỬ	3280	N	ILE	20	-34,680	26,964	-32,627	1,00	32,67	L1	N
NGUYÊN TỬ	3281	CA	ILE	20	-34,013	26,136	-33,619	1,00	30,93	L1	C

NGUYÊN TỬ	3282	CB	ILE	20	-32,856	26,902	-34,267	1,00	30,89	L1	C
NGUYÊN TỬ	3283	CG2	ILE	20	-32,090	25,991	-35,202	1,00	32,28	L1	C
NGUYÊN TỬ	3284	CG1	ILE	20	-33,410	28,121	-35,010	1,00	31,02	L1	C
NGUYÊN TỬ	3285	CD1	ILE	20	-32,348	29,096	-35,461	1,00	29,96	L1	C
NGUYÊN TỬ	3286	C	ILE	20	-33,479	24,902	-32,912	1,00	29,12	L1	C
NGUYÊN TỬ	3287	O	ILE	20	-32,825	25,007	-31,877	1,00	27,11	L1	O
NGUYÊN TỬ	3288	N	SER	21	-33,772	23,731	-33,460	1,00	28,13	L1	N
NGUYÊN TỬ	3289	CA	SER	21	-33,418	22,493	-32,791	1,00	27,04	L1	C
NGUYÊN TỬ	3290	CB	SER	21	-34,577	21,503	-32,857	1,00	28,51	L1	C
NGUYÊN TỬ	3291	OG	SER	21	-34,646	20,916	-34,144	1,00	36,31	L1	O
NGUYÊN TỬ	3292	C	SER	21	-32,183	21,856	-33,404	1,00	27,38	L1	C
NGUYÊN TỬ	3293	O	SER	21	-31,850	22,087	-34,576	1,00	26,13	L1	O
NGUYÊN TỬ	3294	N	CYS	22	-31,514	21,040	-32,599	1,00	26,91	L1	N
NGUYÊN TỬ	3295	CA	CYS	22	-30,300	20,349	-33,012	1,00	28,14	L1	C
NGUYÊN TỬ	3296	C	CYS	22	-30,378	18,953	-32,407	1,00	27,39	L1	C
NGUYÊN TỬ	3297	O	CYS	22	-30,482	18,805	-31,191	1,00	26,72	L1	O
NGUYÊN TỬ	3298	CB	CYS	22	-29,078	21,109	-32,470	1,00	28,78	L1	C
NGUYÊN TỬ	3299	SG	CYS	22	-27,428	20,365	-32,716	1,00	33,98	L1	S
NGUYÊN TỬ	3300	N	SER	23	-30,349	17,926	-33,246	1,00	26,59	L1	N
NGUYÊN TỬ	3301	CA	SER	23	-30,434	16,574	-32,722	1,00	29,26	L1	C
NGUYÊN TỬ	3302	CB	SER	23	-31,691	15,875	-33,244	1,00	30,37	L1	C
NGUYÊN TỬ	3303	OG	SER	23	-31,715	15,896	-34,653	1,00	40,04	L1	O
NGUYÊN TỬ	3304	C	SER	23	-29,202	15,750	-33,053	1,00	27,58	L1	C
NGUYÊN TỬ	3305	O	SER	23	-28,689	15,783	-34,171	1,00	25,14	L1	O
NGUYÊN TỬ	3306	N	GLY	24	-28,734	15,017	-32,049	1,00	27,83	L1	N
NGUYÊN TỬ	3307	CA	GLY	24	-27,548	14,204	-32,195	1,00	28,19	L1	C
NGUYÊN TỬ	3308	C	GLY	24	-27,832	12,832	-31,632	1,00	29,00	L1	C
NGUYÊN TỬ	3309	O	GLY	24	-28,902	12,268	-31,867	1,00	29,40	L1	O
NGUYÊN TỬ	3310	N	SER	25	-26,886	12,291	-30,878	1,00	26,84	L1	N
NGUYÊN TỬ	3311	CA	SER	25	-27,045	10,942	-30,372	1,00	27,01	L1	C
NGUYÊN TỬ	3312	CB	SER	25	-26,747	9,938	-31,478	1,00	26,36	L1	C
NGUYÊN TỬ	3313	OG	SER	25	-25,400	10,061	-31,879	1,00	26,75	L1	O
NGUYÊN TỬ	3314	C	SER	25	-26,113	10,705	-29,209	1,00	26,30	L1	C
NGUYÊN TỬ	3315	O	SER	25	-25,447	11,629	-28,746	1,00	27,16	L1	O
NGUYÊN TỬ	3316	N	SER	26	-26,066	9,462	-28,742	1,00	25,37	L1	N
NGUYÊN TỬ	3317	CA	SER	26	-25,345	9,137	-27,522	1,00	25,52	L1	C
NGUYÊN TỬ	3318	CB	SER	26	-25,588	7,678	-27,143	1,00	26,57	L1	C
NGUYÊN TỬ	3319	OG	SER	26	-25,038	6,804	-28,119	1,00	32,72	L1	O
NGUYÊN TỬ	3320	C	SER	26	-23,847	9,390	-27,673	1,00	25,31	L1	C
NGUYÊN TỬ	3321	O	SER	26	-23,153	9,613	-26,688	1,00	26,31	L1	O
NGUYÊN TỬ	3322	N	SER	27	-23,347	9,362	-28,904	1,00	25,12	L1	N
NGUYÊN TỬ	3323	CA	SER	27	-21,916	9,549	-29,129	1,00	23,38	L1	C
NGUYÊN TỬ	3324	CB	SER	27	-21,495	8,948	-30,472	1,00	22,37	L1	C
NGUYÊN TỬ	3325	OG	SER	27	-21,943	9,746	-31,551	1,00	24,28	L1	O
NGUYÊN TỬ	3326	C	SER	27	-21,521	11,023	-29,085	1,00	24,26	L1	C
NGUYÊN TỬ	3327	O	SER	27	-20,342	11,342	-28,959	1,00	23,93	L1	O
NGUYÊN TỬ	3328	N	ASN	28	-22,497	11,926	-29,195	1,00	23,53	L1	N
NGUYÊN TỬ	3329	CA	ASN	28	-22,197	13,345	-29,020	1,00	23,52	L1	C
NGUYÊN TỬ	3330	CB	ASN	28	-22,302	14,111	-30,361	1,00	21,17	L1	C
NGUYÊN TỬ	3331	CG	ASN	28	-23,467	13,656	-31,228	1,00	23,34	L1	C
NGUYÊN TỬ	3332	OD1	ASN	28	-24,629	13,895	-30,908	1,00	23,92	L1	O
NGUYÊN TỬ	3333	ND2	ASN	28	-23,154	13,009	-32,345	1,00	21,27	L1	N
NGUYÊN TỬ	3334	C	ASN	28	-23,028	14,033	-27,937	1,00	23,95	L1	C
NGUYÊN TỬ	3335	O	ASN	28	-22,578	14,156	-26,799	1,00	25,36	L1	O
NGUYÊN TỬ	3336	N	ILE	29	-24,230	14,486	-28,267	1,00	24,55	L1	N
NGUYÊN TỬ	3337	CA	ILE	29	-24,995	15,263	-27,300	1,00	24,06	L1	C
NGUYÊN TỬ	3338	CB	ILE	29	-26,300	15,799	-27,929	1,00	26,12	L1	C
NGUYÊN TỬ	3339	CG2	ILE	29	-27,128	16,554	-26,883	1,00	21,66	L1	C
NGUYÊN TỬ	3340	CG1	ILE	29	-25,951	16,716	-29,103	1,00	21,86	L1	C
NGUYÊN TỬ	3341	CD1	ILE	29	-27,146	17,356	-29,766	1,00	26,70	L1	C
NGUYÊN TỬ	3342	C	ILE	29	-25,313	14,456	-26,040	1,00	25,43	L1	C
NGUYÊN TỬ	3343	O	ILE	29	-25,448	15,021	-24,956	1,00	24,34	L1	O
NGUYÊN TỬ	3344	N	GLY	30	-25,401	13,134	-26,170	1,00	25,71	L1	N
NGUYÊN TỬ	3345	CA	GLY	30	-25,640	12,301	-25,000	1,00	25,17	L1	C
NGUYÊN TỬ	3346	C	GLY	30	-24,619	12,467	-23,875	1,00	28,74	L1	C
NGUYÊN TỬ	3347	O	GLY	30	-24,952	12,284	-22,702	1,00	28,98	L1	O
NGUYÊN TỬ	3348	N	SER	31	-23,376	12,806	-24,217	1,00	26,07	L1	N
NGUYÊN TỬ	3349	CA	SER	31	-22,342	13,023	-23,207	1,00	25,52	L1	C
NGUYÊN TỬ	3350	CB	SER	31	-21,104	12,176	-23,511	1,00	25,93	L1	C
NGUYÊN TỬ	3351	OG	SER	31	-21,357	10,799	-23,314	1,00	27,84	L1	O
NGUYÊN TỬ	3352	C	SER	31	-21,905	14,484	-23,092	1,00	26,39	L1	C
NGUYÊN TỬ	3353	O	SER	31	-21,490	14,925	-22,022	1,00	25,97	L1	O
NGUYÊN TỬ	3354	N	ASN	32	-21,991	15,227	-24,192	1,00	25,12	L1	N
NGUYÊN TỬ	3355	CA	ASN	32	-21,240	16,471	-24,316	1,00	25,92	L1	C
NGUYÊN TỬ	3356	CB	ASN	32	-20,279	16,342	-25,494	1,00	22,78	L1	C
NGUYÊN TỬ	3357	CG	ASN	32	-19,380	15,133	-25,362	1,00	25,36	L1	C

NGUYÊN TỬ	3358	OD1	ASN	32	-18,840	14,864	-24,284	1,00	24,71	L1	O
NGUYÊN TỬ	3359	ND2	ASN	32	-19,220	14,387	-26,451	1,00	23,92	L1	N
NGUYÊN TỬ	3360	C	ASN	32	-22,087	17,742	-24,445	1,00	26,14	L1	C
NGUYÊN TỬ	3361	O	ASN	32	-23,258	17,697	-24,833	1,00	26,61	L1	O
NGUYÊN TỬ	3362	N	THR	33	-21,477	18,873	-24,106	1,00	25,64	L1	N
NGUYÊN TỬ	3363	CA	THR	33	-22,153	20,167	-24,125	1,00	25,44	L1	C
NGUYÊN TỬ	3364	CB	THR	33	-21,272	21,272	-23,484	1,00	26,18	L1	C
NGUYÊN TỬ	3365	OG1	THR	33	-20,054	21,407	-24,231	1,00	27,99	L1	O
NGUYÊN TỬ	3366	CG2	THR	33	-20,937	20,925	-22,040	1,00	25,80	L1	C
NGUYÊN TỬ	3367	C	THR	33	-22,478	20,589	-25,553	1,00	24,65	L1	C
NGUYÊN TỬ	3368	O	THR	33	-21,778	20,220	-26,492	1,00	23,55	L1	O
NGUYÊN TỬ	3369	N	VAL	34	-23,542	21,367	-25,713	1,00	22,97	L1	N
NGUYÊN TỬ	3370	CA	VAL	34	-23,901	21,889	-27,024	1,00	20,22	L1	C
NGUYÊN TỬ	3371	CB	VAL	34	-25,422	21,766	-27,273	1,00	20,79	L1	C
NGUYÊN TỬ	3372	CG1	VAL	34	-25,765	22,309	-28,640	1,00	17,13	L1	C
NGUYÊN TỬ	3373	CG2	VAL	34	-25,849	20,303	-27,162	1,00	18,86	L1	C
NGUYÊN TỬ	3374	C	VAL	34	-23,497	23,349	-27,126	1,00	20,72	L1	C
NGUYÊN TỬ	3375	O	VAL	34	-23,588	24,092	-26,153	1,00	20,35	L1	O
NGUYÊN TỬ	3376	N	ASN	35	-23,062	23,760	-28,311	1,00	21,11	L1	N
NGUYÊN TỬ	3377	CA	ASN	35	-22,553	25,104	-28,515	1,00	20,37	L1	C
NGUYÊN TỬ	3378	CB	ASN	35	-21,028	25,068	-28,673	1,00	20,30	L1	C
NGUYÊN TỬ	3379	CG	ASN	35	-20,345	24,360	-27,513	1,00	20,02	L1	C
NGUYÊN TỬ	3380	OD1	ASN	35	-20,061	24,968	-26,477	1,00	20,69	L1	O
NGUYÊN TỬ	3381	ND2	ASN	35	-20,092	23,069	-27,675	1,00	18,74	L1	N
NGUYÊN TỬ	3382	C	ASN	35	-23,190	25,664	-29,765	1,00	23,63	L1	C
NGUYÊN TỬ	3383	O	ASN	35	-23,363	24,943	-30,750	1,00	25,23	L1	O
NGUYÊN TỬ	3384	N	TRP	36	-23,535	26,950	-29,728	1,00	24,33	L1	N
NGUYÊN TỬ	3385	CA	TRP	36	-24,249	27,581	-30,828	1,00	23,53	L1	C
NGUYÊN TỬ	3386	CB	TRP	36	-25,637	28,023	-30,361	1,00	24,65	L1	C
NGUYÊN TỬ	3387	CG	TRP	36	-26,565	26,884	-30,058	1,00	23,30	L1	C
NGUYÊN TỬ	3388	CD2	TRP	36	-27,466	26,254	-30,973	1,00	21,45	L1	C
NGUYÊN TỬ	3389	CE2	TRP	36	-28,163	25,261	-30,257	1,00	22,89	L1	C
NGUYÊN TỬ	3390	CE3	TRP	36	-27,754	26,436	-32,330	1,00	24,38	L1	C
NGUYÊN TỬ	3391	CD1	TRP	36	-26,744	26,264	-28,853	1,00	22,85	L1	C
NGUYÊN TỬ	3392	NE1	TRP	36	-27,706	25,284	-28,965	1,00	22,07	L1	N
NGUYÊN TỬ	3393	CZ2	TRP	36	-29,131	24,452	-30,853	1,00	23,37	L1	C
NGUYÊN TỬ	3394	CZ3	TRP	36	-28,718	25,630	-32,920	1,00	24,94	L1	C
NGUYÊN TỬ	3395	CH2	TRP	36	-29,393	24,652	-32,181	1,00	23,94	L1	C
NGUYÊN TỬ	3396	C	TRP	36	-23,492	28,783	-31,393	1,00	24,76	L1	C
NGUYÊN TỬ	3397	O	TRP	36	-22,862	29,539	-30,651	1,00	24,29	L1	O
NGUYÊN TỬ	3398	N	TYR	37	-23,580	28,950	-32,710	1,00	23,23	L1	N
NGUYÊN TỬ	3399	CA	TYR	37	-22,890	30,017	-33,419	1,00	25,41	L1	C
NGUYÊN TỬ	3400	CB	TYR	37	-21,710	29,444	-34,223	1,00	23,97	L1	C
NGUYÊN TỬ	3401	CG	TYR	37	-20,751	28,674	-33,348	1,00	24,70	L1	C
NGUYÊN TỬ	3402	CD1	TYR	37	-21,020	27,357	-32,993	1,00	23,14	L1	C
NGUYÊN TỬ	3403	CE1	TYR	37	-20,220	26,679	-32,095	1,00	24,44	L1	C
NGUYÊN TỬ	3404	CD2	TYR	37	-19,639	29,291	-32,789	1,00	21,55	L1	C
NGUYÊN TỬ	3405	CE2	TYR	37	-18,826	28,618	-31,887	1,00	23,33	L1	C
NGUYÊN TỬ	3406	CZ	TYR	37	-19,127	27,312	-31,541	1,00	23,69	L1	C
NGUYÊN TỬ	3407	OH	TYR	37	-18,359	26,638	-30,618	1,00	20,32	L1	O
NGUYÊN TỬ	3408	C	TYR	37	-23,845	30,737	-34,360	1,00	26,66	L1	C
NGUYÊN TỬ	3409	O	TYR	37	-24,741	30,131	-34,946	1,00	27,88	L1	O
NGUYÊN TỬ	3410	N	GLN	38	-23,640	32,040	-34,492	1,00	26,80	L1	N
NGUYÊN TỬ	3411	CA	GLN	38	-24,395	32,858	-35,423	1,00	28,14	L1	C
NGUYÊN TỬ	3412	CB	GLN	38	-24,986	34,053	-34,674	1,00	29,55	L1	C
NGUYÊN TỬ	3413	CG	GLN	38	-25,560	35,128	-35,559	1,00	29,51	L1	C
NGUYÊN TỬ	3414	CD	GLN	38	-25,992	36,335	-34,764	1,00	32,32	L1	C
NGUYÊN TỬ	3415	OE1	GLN	38	-25,167	37,159	-34,364	1,00	32,45	L1	O
NGUYÊN TỬ	3416	NE2	GLN	38	-27,292	36,449	-34,526	1,00	31,43	L1	N
NGUYÊN TỬ	3417	C	GLN	38	-23,428	33,339	-36,497	1,00	27,48	L1	C
NGUYÊN TỬ	3418	O	GLN	38	-22,313	33,746	-36,181	1,00	27,04	L1	O
NGUYÊN TỬ	3419	N	GLN	39	-23,839	33,284	-37,760	1,00	27,49	L1	N
NGUYÊN TỬ	3420	CA	GLN	39	-22,977	33,751	-38,838	1,00	28,01	L1	C
NGUYÊN TỬ	3421	CB	GLN	39	-22,396	32,569	-39,630	1,00	28,56	L1	C
NGUYÊN TỬ	3422	CG	GLN	39	-21,371	33,003	-40,684	1,00	25,91	L1	C
NGUYÊN TỬ	3423	CD	GLN	39	-20,727	31,842	-41,412	1,00	26,00	L1	C
NGUYÊN TỬ	3424	OE1	GLN	39	-21,345	30,791	-41,602	1,00	25,62	L1	O
NGUYÊN TỬ	3425	NE2	GLN	39	-19,476	32,028	-41,832	1,00	22,22	L1	N
NGUYÊN TỬ	3426	C	GLN	39	-23,697	34,682	-39,800	1,00	29,88	L1	C
NGUYÊN TỬ	3427	O	GLN	39	-24,718	34,318	-40,387	1,00	28,22	L1	O
NGUYÊN TỬ	3428	N	LEU	40	-23,143	35,881	-39,957	1,00	32,04	L1	N
NGUYÊN TỬ	3429	CA	LEU	40	-23,601	36,838	-40,957	1,00	34,34	L1	C
NGUYÊN TỬ	3430	CB	LEU	40	-23,473	38,267	-40,418	1,00	33,92	L1	C
NGUYÊN TỬ	3431	CG	LEU	40	-24,221	38,579	-39,117	1,00	37,04	L1	C
NGUYÊN TỬ	3432	CD1	LEU	40	-23,977	40,031	-38,729	1,00	38,63	L1	C
NGUYÊN TỬ	3433	CD2	LEU	40	-25,711	38,328	-39,297	1,00	37,35	L1	C

NGUYÊN TỬ	3434	C	LEU	40	-22,765	36,686	-42,226	1,00	36,40	L1	C
NGUYÊN TỬ	3435	O	LEU	40	-21,658	36,142	-42,194	1,00	35,68	L1	O
NGUYÊN TỬ	3436	N	PRO	41	-23,285	37,167	-43,366	1,00	38,85	L1	N
NGUYÊN TỬ	3437	CD	PRO	41	-24,597	37,818	-43,534	1,00	38,64	L1	C
NGUYÊN TỬ	3438	CA	PRO	41	-22,597	36,981	-44,651	1,00	38,77	L1	C
NGUYÊN TỬ	3439	CB	PRO	41	-23,531	37,655	-45,659	1,00	40,02	L1	C
NGUYÊN TỬ	3440	CG	PRO	41	-24,884	37,619	-45,000	1,00	38,99	L1	C
NGUYÊN TỬ	3441	C	PRO	41	-21,197	37,590	-44,668	1,00	38,74	L1	C
NGUYÊN TỬ	3442	O	PRO	41	-20,978	38,690	-44,162	1,00	38,74	L1	O
NGUYÊN TỬ	3443	N	GLY	42	-20,248	36,856	-45,236	1,00	38,68	L1	N
NGUYÊN TỬ	3444	CA	GLY	42	-18,901	37,375	-45,382	1,00	40,14	L1	C
NGUYÊN TỬ	3445	C	GLY	42	-18,135	37,520	-44,080	1,00	40,18	L1	C
NGUYÊN TỬ	3446	O	GLY	42	-17,077	38,147	-44,042	1,00	41,17	L1	O
NGUYÊN TỬ	3447	N	THR	43	-18,655	36,941	-43,007	1,00	37,47	L1	N
NGUYÊN TỬ	3448	CA	THR	43	-17,972	37,040	-41,732	1,00	36,70	L1	C
NGUYÊN TỬ	3449	CB	THR	43	-18,660	38,090	-40,841	1,00	38,93	L1	C
NGUYÊN TỬ	3450	OG1	THR	43	-17,927	38,239	-39,619	1,00	44,97	L1	O
NGUYÊN TỬ	3451	CG2	THR	43	-20,073	37,673	-40,529	1,00	40,28	L1	C
NGUYÊN TỬ	3452	C	THR	43	-17,898	35,692	-41,007	1,00	33,58	L1	C
NGUYÊN TỬ	3453	O	THR	43	-18,693	34,787	-41,268	1,00	32,26	L1	O
NGUYÊN TỬ	3454	N	ALA	44	-16,924	35,556	-40,114	1,00	29,37	L1	N
NGUYÊN TỬ	3455	CA	ALA	44	-16,748	34,320	-39,368	1,00	29,17	L1	C
NGUYÊN TỬ	3456	CB	ALA	44	-15,469	34,376	-38,542	1,00	24,98	L1	C
NGUYÊN TỬ	3457	C	ALA	44	-17,944	34,104	-38,453	1,00	28,88	L1	C
NGUYÊN TỬ	3458	O	ALA	44	-18,588	35,057	-38,022	1,00	28,39	L1	O
NGUYÊN TỬ	3459	N	PRO	45	-18,249	32,839	-38,139	1,00	28,41	L1	N
NGUYÊN TỬ	3460	CD	PRO	45	-17,620	31,619	-38,670	1,00	26,65	L1	C
NGUYÊN TỬ	3461	CA	PRO	45	-19,282	32,538	-37,143	1,00	27,06	L1	C
NGUYÊN TỬ	3462	CB	PRO	45	-19,254	31,013	-37,036	1,00	25,83	L1	C
NGUYÊN TỬ	3463	CG	PRO	45	-18,623	30,552	-38,310	1,00	27,18	L1	C
NGUYÊN TỬ	3464	C	PRO	45	-18,922	33,199	-35,818	1,00	28,11	L1	C
NGUYÊN TỬ	3465	O	PRO	45	-17,745	33,412	-35,520	1,00	29,04	L1	O
NGUYÊN TỬ	3466	N	LYS	46	-19,934	33,527	-35,029	1,00	27,77	L1	N
NGUYÊN TỬ	3467	CA	LYS	46	-19,718	34,126	-33,720	1,00	29,30	L1	C
NGUYÊN TỬ	3468	CB	LYS	46	-20,324	35,529	-33,693	1,00	30,36	L1	C
NGUYÊN TỬ	3469	CG	LYS	46	-20,595	36,080	-32,309	1,00	35,69	L1	C
NGUYÊN TỬ	3470	CD	LYS	46	-21,447	37,342	-32,398	1,00	38,46	L1	C
NGUYÊN TỬ	3471	CE	LYS	46	-21,611	38,008	-31,040	1,00	41,17	L1	C
NGUYÊN TỬ	3472	NZ	LYS	46	-22,445	39,245	-31,131	1,00	43,66	L1	N
NGUYÊN TỬ	3473	C	LYS	46	-20,366	33,249	-32,654	1,00	27,70	L1	C
NGUYÊN TỬ	3474	O	LYS	46	-21,527	32,869	-32,784	1,00	28,72	L1	O
NGUYÊN TỬ	3475	N	LEU	47	-19,611	32,927	-31,609	1,00	25,77	L1	N
NGUYÊN TỬ	3476	CA	LEU	47	-20,108	32,072	-30,530	1,00	26,00	L1	C
NGUYÊN TỬ	3477	CB	LEU	47	-18,971	31,738	-29,556	1,00	22,43	L1	C
NGUYÊN TỬ	3478	CG	LEU	47	-19,368	30,964	-28,294	1,00	24,81	L1	C
NGUYÊN TỬ	3479	CD1	LEU	47	-19,762	29,550	-28,680	1,00	20,56	L1	C
NGUYÊN TỬ	3480	CD2	LEU	47	-18,207	30,937	-27,298	1,00	22,63	L1	C
NGUYÊN TỬ	3481	C	LEU	47	-21,233	32,770	-29,772	1,00	26,08	L1	C
NGUYÊN TỬ	3482	O	LEU	47	-21,056	33,895	-29,312	1,00	25,15	L1	O
NGUYÊN TỬ	3483	N	LEU	48	-22,376	32,097	-29,642	1,00	26,83	L1	N
NGUYÊN TỬ	3484	CA	LEU	48	-23,540	32,643	-28,934	1,00	28,45	L1	C
NGUYÊN TỬ	3485	CB	LEU	48	-24,814	32,464	-29,763	1,00	30,33	L1	C
NGUYÊN TỬ	3486	CG	LEU	48	-25,021	33,275	-31,042	1,00	35,48	L1	C
NGUYÊN TỬ	3487	CD1	LEU	48	-26,383	32,926	-31,613	1,00	35,81	L1	C
NGUYÊN TỬ	3488	CD2	LEU	48	-24,938	34,774	-30,756	1,00	34,18	L1	C
NGUYÊN TỬ	3489	C	LEU	48	-23,757	31,955	-27,589	1,00	27,72	L1	C
NGUYÊN TỬ	3490	O	LEU	48	-24,070	32,598	-26,588	1,00	27,24	L1	O
NGUYÊN TỬ	3491	N	ILE	49	-23,608	30,636	-27,590	1,00	27,22	L1	N
NGUYÊN TỬ	3492	CA	ILE	49	-23,903	29,810	-26,428	1,00	23,99	L1	C
NGUYÊN TỬ	3493	CB	ILE	49	-25,270	29,109	-26,590	1,00	23,11	L1	C
NGUYÊN TỬ	3494	CG2	ILE	49	-25,514	28,171	-25,427	1,00	23,24	L1	C
NGUYÊN TỬ	3495	CG1	ILE	49	-26,387	30,153	-26,717	1,00	25,09	L1	C
NGUYÊN TỬ	3496	CD1	ILE	49	-26,846	30,741	-25,395	1,00	26,07	L1	C
NGUYÊN TỬ	3497	C	ILE	49	-22,830	28,738	-26,293	1,00	24,62	L1	C
NGUYÊN TỬ	3498	O	ILE	49	-22,472	28,077	-27,272	1,00	25,83	L1	O
NGUYÊN TỬ	3499	N	TYR	50	-22,314	28,558	-25,085	1,00	25,53	L1	N
NGUYÊN TỬ	3500	CA	TYR	50	-21,466	27,403	-24,811	1,00	26,67	L1	C
NGUYÊN TỬ	3501	CB	TYR	50	-20,003	27,833	-24,628	1,00	25,70	L1	C
NGUYÊN TỬ	3502	CG	TYR	50	-19,748	28,688	-23,408	1,00	26,62	L1	C
NGUYÊN TỬ	3503	CD1	TYR	50	-19,874	30,068	-23,466	1,00	26,79	L1	C
NGUYÊN TỬ	3504	CE1	TYR	50	-19,645	30,858	-22,343	1,00	28,90	L1	C
NGUYÊN TỬ	3505	CD2	TYR	50	-19,383	28,110	-22,196	1,00	26,72	L1	C
NGUYÊN TỬ	3506	CE2	TYR	50	-19,153	28,882	-21,071	1,00	28,12	L1	C
NGUYÊN TỬ	3507	CZ	TYR	50	-19,288	30,258	-21,148	1,00	30,76	L1	C
NGUYÊN TỬ	3508	OH	TYR	50	-19,085	31,030	-20,026	1,00	29,96	L1	O
NGUYÊN TỬ	3509	C	TYR	50	-21,976	26,697	-23,563	1,00	25,84	L1	C

NGUYÊN TỬ	3510	O	TYR	50	-22,784	27,251	-22,821	1,00	24,72	L1	O
NGUYÊN TỬ	3511	N	SER	51	-21,518	25,470	-23,343	1,00	26,19	L1	N
NGUYÊN TỬ	3512	CA	SER	51	-21,971	24,688	-22,198	1,00	26,90	L1	C
NGUYÊN TỬ	3513	CB	SER	51	-21,436	25,284	-20,896	1,00	27,94	L1	C
NGUYÊN TỬ	3514	OG	SER	51	-20,133	24,813	-20,626	1,00	31,95	L1	O
NGUYÊN TỬ	3515	C	SER	51	-23,494	24,628	-22,129	1,00	24,91	L1	C
NGUYÊN TỬ	3516	O	SER	51	-24,080	24,808	-21,060	1,00	22,95	L1	O
NGUYÊN TỬ	3517	N	ASN	52	-24,122	24,384	-23,275	1,00	24,45	L1	N
NGUYÊN TỬ	3518	CA	ASN	52	-25,571	24,212	-23,351	1,00	25,66	L1	C
NGUYÊN TỬ	3519	CB	ASN	52	-26,051	23,237	-22,270	1,00	24,57	L1	C
NGUYÊN TỬ	3520	CG	ASN	52	-25,501	21,835	-22,463	1,00	25,41	L1	C
NGUYÊN TỬ	3521	OD1	ASN	52	-25,299	21,383	-23,589	1,00	26,77	L1	O
NGUYÊN TỬ	3522	ND2	ASN	52	-25,251	21,143	-21,361	1,00	25,99	L1	N
NGUYÊN TỬ	3523	C	ASN	52	-26,350	25,520	-23,224	1,00	24,22	L1	C
NGUYÊN TỬ	3524	O	ASN	52	-27,273	25,767	-23,999	1,00	24,09	L1	O
NGUYÊN TỬ	3525	N	ASN	53	-25,982	26,351	-22,251	1,00	25,54	L1	N
NGUYÊN TỬ	3526	CA	ASN	53	-26,821	27,482	-21,875	1,00	27,46	L1	C
NGUYÊN TỬ	3527	CB	ASN	53	-27,830	27,038	-20,811	1,00	27,71	L1	C
NGUYÊN TỬ	3528	CG	ASN	53	-27,154	26,453	-19,570	1,00	33,27	L1	C
NGUYÊN TỬ	3529	OD1	ASN	53	-26,023	26,819	-19,226	1,00	32,11	L1	O
NGUYÊN TỬ	3530	ND2	ASN	53	-27,846	25,537	-18,894	1,00	32,47	L1	N
NGUYÊN TỬ	3531	C	ASN	53	-26,064	28,712	-21,374	1,00	28,20	L1	C
NGUYÊN TỬ	3532	O	ASN	53	-26,664	29,601	-20,766	1,00	26,89	L1	O
NGUYÊN TỬ	3533	N	GLN	54	-24,758	28,772	-21,625	1,00	27,94	L1	N
NGUYÊN TỬ	3534	CA	GLN	54	-23,949	29,907	-21,182	1,00	26,56	L1	C
NGUYÊN TỬ	3535	CB	GLN	54	-22,620	29,410	-20,599	1,00	27,00	L1	C
NGUYÊN TỬ	3536	CG	GLN	54	-22,772	28,528	-19,362	1,00	26,24	L1	C
NGUYÊN TỬ	3537	CD	GLN	54	-23,496	29,231	-18,222	1,00	29,64	L1	C
NGUYÊN TỬ	3538	OE1	GLN	54	-22,973	30,174	-17,630	1,00	28,40	L1	O
NGUYÊN TỬ	3539	NE2	GLN	54	-24,708	28,774	-17,914	1,00	26,55	L1	N
NGUYÊN TỬ	3540	C	GLN	54	-23,670	30,923	-22,294	1,00	28,39	L1	C
NGUYÊN TỬ	3541	O	GLN	54	-23,343	30,557	-23,424	1,00	27,97	L1	O
NGUYÊN TỬ	3542	N	ARG	55	-23,797	32,205	-21,971	1,00	27,97	L1	N
NGUYÊN TỬ	3543	CA	ARG	55	-23,526	33,247	-22,952	1,00	31,26	L1	C
NGUYÊN TỬ	3544	CB	ARG	55	-24,612	34,327	-22,897	1,00	31,77	L1	C
NGUYÊN TỬ	3545	CG	ARG	55	-25,921	33,916	-23,551	1,00	35,02	L1	C
NGUYÊN TỬ	3546	CD	ARG	55	-27,002	34,966	-23,340	1,00	37,92	L1	C
NGUYÊN TỬ	3547	NE	ARG	55	-27,466	34,997	-21,956	1,00	40,09	L1	N
NGUYÊN TỬ	3548	CZ	ARG	55	-27,186	35,969	-21,093	1,00	42,88	L1	C
NGUYÊN TỬ	3549	NH1	ARG	55	-26,442	37,003	-21,471	1,00	42,75	L1	N
NGUYÊN TỬ	3550	NH2	ARG	55	-27,642	35,900	-19,845	1,00	42,31	L1	N
NGUYÊN TỬ	3551	C	ARG	55	-22,160	33,892	-22,755	1,00	31,34	L1	C
NGUYÊN TỬ	3552	O	ARG	55	-21,785	34,257	-21,647	1,00	30,63	L1	O
NGUYÊN TỬ	3553	N	PRO	56	-21,396	34,041	-23,842	1,00	32,93	L1	N
NGUYÊN TỬ	3554	CD	PRO	56	-21,569	33,417	-25,162	1,00	30,73	L1	C
NGUYÊN TỬ	3555	CA	PRO	56	-20,205	34,891	-23,787	1,00	33,81	L1	C
NGUYÊN TỬ	3556	CB	PRO	56	-19,605	34,772	-25,188	1,00	33,09	L1	C
NGUYÊN TỬ	3557	CG	PRO	56	-20,196	33,528	-25,754	1,00	33,61	L1	C
NGUYÊN TỬ	3558	C	PRO	56	-20,632	36,322	-23,485	1,00	36,31	L1	C
NGUYÊN TỬ	3559	O	PRO	56	-21,763	36,721	-23,787	1,00	36,25	L1	O
NGUYÊN TỬ	3560	N	SER	57	-19,731	37,084	-22,881	1,00	37,50	L1	N
NGUYÊN TỬ	3561	CA	SER	57	-19,946	38,507	-22,683	1,00	41,08	L1	C
NGUYÊN TỬ	3562	CB	SER	57	-18,687	39,139	-22,080	1,00	42,30	L1	C
NGUYÊN TỬ	3563	OG	SER	57	-18,841	40,537	-21,919	1,00	48,81	L1	O
NGUYÊN TỬ	3564	C	SER	57	-20,259	39,151	-24,033	1,00	42,62	L1	C
NGUYÊN TỬ	3565	O	SER	57	-19,583	38,883	-25,028	1,00	41,85	L1	O
NGUYÊN TỬ	3566	N	GLY	58	-21,290	39,990	-24,068	1,00	43,59	L1	N
NGUYÊN TỬ	3567	CA	GLY	58	-21,639	40,665	-25,308	1,00	44,33	L1	C
NGUYÊN TỬ	3568	C	GLY	58	-22,635	39,902	-26,160	1,00	44,22	L1	C
NGUYÊN TỬ	3569	O	GLY	58	-22,762	40,154	-27,362	1,00	46,95	L1	O
NGUYÊN TỬ	3570	N	VAL	59	-23,329	38,949	-25,545	1,00	41,84	L1	N
NGUYÊN TỬ	3571	CA	VAL	59	-24,456	38,284	-26,187	1,00	38,40	L1	C
NGUYÊN TỬ	3572	CB	VAL	59	-24,213	36,759	-26,312	1,00	37,83	L1	C
NGUYÊN TỬ	3573	CG1	VAL	59	-25,456	36,073	-26,854	1,00	35,01	L1	C
NGUYÊN TỬ	3574	CG2	VAL	59	-23,019	36,494	-27,223	1,00	34,54	L1	C
NGUYÊN TỬ	3575	C	VAL	59	-25,710	38,523	-25,353	1,00	37,89	L1	C
NGUYÊN TỬ	3576	O	VAL	59	-25,750	38,195	-24,172	1,00	36,97	L1	O
NGUYÊN TỬ	3577	N	PRO	60	-26,753	39,099	-25,967	1,00	38,59	L1	N
NGUYÊN TỬ	3578	CD	PRO	60	-26,783	39,481	-27,387	1,00	38,95	L1	C
NGUYÊN TỬ	3579	CA	PRO	60	-28,000	39,460	-25,281	1,00	39,12	L1	C
NGUYÊN TỬ	3580	CB	PRO	60	-28,852	40,083	-26,384	1,00	38,57	L1	C
NGUYÊN TỬ	3581	CG	PRO	60	-27,881	40,495	-27,428	1,00	40,32	L1	C
NGUYÊN TỬ	3582	C	PRO	60	-28,694	38,251	-24,657	1,00	39,92	L1	C
NGUYÊN TỬ	3583	O	PRO	60	-28,709	37,162	-25,238	1,00	40,29	L1	O
NGUYÊN TỬ	3584	N	ASP	61	-29,281	38,449	-23,482	1,00	38,79	L1	N
NGUYÊN TỬ	3585	CA	ASP	61	-29,944	37,362	-22,780	1,00	39,81	L1	C

NGUYÊN TỬ	3586	CB	ASP	61	-30,266	37,774	-21,339	1,00	46,00	L1	C
NGUYÊN TỬ	3587	CG	ASP	61	-31,094	39,054	-21,258	1,00	50,76	L1	C
NGUYÊN TỬ	3588	OD1	ASP	61	-31,389	39,489	-20,123	1,00	53,85	L1	O
NGUYÊN TỬ	3589	OD2	ASP	61	-31,446	39,624	-22,317	1,00	52,25	L1	O
NGUYÊN TỬ	3590	C	ASP	61	-31,213	36,868	-23,467	1,00	37,81	L1	C
NGUYÊN TỬ	3591	O	ASP	61	-31,837	35,917	-23,004	1,00	39,35	L1	O
NGUYÊN TỬ	3592	N	ARG	62	-31,601	37,495	-24,571	1,00	36,57	L1	N
NGUYÊN TỬ	3593	CA	ARG	62	-32,735	36,985	-25,332	1,00	35,73	L1	C
NGUYÊN TỬ	3594	CB	ARG	62	-33,302	38,073	-26,248	1,00	36,98	L1	C
NGUYÊN TỬ	3595	CG	ARG	62	-32,312	38,621	-27,243	1,00	40,00	L1	C
NGUYÊN TỬ	3596	CD	ARG	62	-32,835	39,889	-27,898	1,00	40,98	L1	C
NGUYÊN TỬ	3597	NE	ARG	62	-31,860	40,430	-28,836	1,00	38,44	L1	N
NGUYÊN TỬ	3598	CZ	ARG	62	-31,799	40,077	-30,111	1,00	36,96	L1	C
NGUYÊN TỬ	3599	NH1	ARG	62	-32,664	39,193	-30,580	1,00	37,84	L1	N
NGUYÊN TỬ	3600	NH2	ARG	62	-30,870	40,589	-30,905	1,00	36,03	L1	N
NGUYÊN TỬ	3601	C	ARG	62	-32,342	35,752	-26,153	1,00	34,56	L1	C
NGUYÊN TỬ	3602	O	ARG	62	-33,199	35,055	-26,687	1,00	32,53	L1	O
NGUYÊN TỬ	3603	N	PHE	63	-31,041	35,489	-26,248	1,00	34,16	L1	N
NGUYÊN TỬ	3604	CA	PHE	63	-30,561	34,192	-26,738	1,00	33,82	L1	C
NGUYÊN TỬ	3605	CB	PHE	63	-29,210	34,345	-27,436	1,00	31,07	L1	C
NGUYÊN TỬ	3606	CG	PHE	63	-29,272	35,142	-28,706	1,00	31,60	L1	C
NGUYÊN TỬ	3607	CD1	PHE	63	-29,616	34,535	-29,903	1,00	30,71	L1	C
NGUYÊN TỬ	3608	CD2	PHE	63	-28,977	36,496	-28,703	1,00	31,31	L1	C
NGUYÊN TỬ	3609	CE1	PHE	63	-29,664	35,262	-31,074	1,00	32,32	L1	C
NGUYÊN TỬ	3610	CE2	PHE	63	-29,023	37,231	-29,875	1,00	33,14	L1	C
NGUYÊN TỬ	3611	CZ	PHE	63	-29,367	36,612	-31,062	1,00	33,35	L1	C
NGUYÊN TỬ	3612	C	PHE	63	-30,404	33,236	-25,564	1,00	33,18	L1	C
NGUYÊN TỬ	3613	O	PHE	63	-29,770	33,576	-24,568	1,00	34,53	L1	O
NGUYÊN TỬ	3614	N	SER	64	-30,982	32,046	-25,676	1,00	31,90	L1	N
NGUYÊN TỬ	3615	CA	SER	64	-30,829	31,042	-24,633	1,00	31,99	L1	C
NGUYÊN TỬ	3616	CB	SER	64	-31,984	31,139	-23,627	1,00	33,55	L1	C
NGUYÊN TỬ	3617	OG	SER	64	-33,196	30,648	-24,176	1,00	34,69	L1	O
NGUYÊN TỬ	3618	C	SER	64	-30,777	29,638	-25,226	1,00	30,65	L1	C
NGUYÊN TỬ	3619	O	SER	64	-31,400	29,360	-26,247	1,00	32,44	L1	O
NGUYÊN TỬ	3620	N	GLY	65	-30,029	28,750	-24,581	1,00	30,08	L1	N
NGUYÊN TỬ	3621	CA	GLY	65	-29,917	27,396	-25,086	1,00	28,03	L1	C
NGUYÊN TỬ	3622	C	GLY	65	-30,418	26,371	-24,097	1,00	28,41	L1	C
NGUYÊN TỬ	3623	O	GLY	65	-30,419	26,609	-22,893	1,00	28,15	L1	O
NGUYÊN TỬ	3624	N	SER	66	-30,854	25,223	-24,603	1,00	29,78	L1	N
NGUYÊN TỬ	3625	CA	SER	66	-31,205	24,113	-23,730	1,00	29,50	L1	C
NGUYÊN TỬ	3626	CB	SER	66	-32,708	24,111	-23,439	1,00	30,04	L1	C
NGUYÊN TỬ	3627	OG	SER	66	-33,461	23,989	-24,632	1,00	33,58	L1	O
NGUYÊN TỬ	3628	C	SER	66	-30,792	22,782	-24,337	1,00	29,31	L1	C
NGUYÊN TỬ	3629	O	SER	66	-30,605	22,661	-25,551	1,00	28,96	L1	O
NGUYÊN TỬ	3630	N	LYS	67	-30,636	21,790	-23,472	1,00	29,49	L1	N
NGUYÊN TỬ	3631	CA	LYS	67	-30,268	20,448	-23,886	1,00	31,34	L1	C
NGUYÊN TỬ	3632	CB	LYS	67	-28,789	20,182	-23,587	1,00	29,79	L1	C
NGUYÊN TỬ	3633	CG	LYS	67	-28,422	18,700	-23,598	1,00	30,92	L1	C
NGUYÊN TỬ	3634	CD	LYS	67	-26,945	18,480	-23,271	1,00	31,59	L1	C
NGUYÊN TỬ	3635	CE	LYS	67	-26,665	17,014	-22,974	1,00	31,18	L1	C
NGUYÊN TỬ	3636	NZ	LYS	67	-25,207	16,754	-22,808	1,00	32,99	L1	N
NGUYÊN TỬ	3637	C	LYS	67	-31,123	19,451	-23,119	1,00	32,11	L1	C
NGUYÊN TỬ	3638	O	LYS	67	-31,355	19,614	-21,921	1,00	33,29	L1	O
NGUYÊN TỬ	3639	N	SER	68	-31,591	18,420	-23,808	1,00	32,41	L1	N
NGUYÊN TỬ	3640	CA	SER	68	-32,289	17,334	-23,137	1,00	33,97	L1	C
NGUYÊN TỬ	3641	CB	SER	68	-33,788	17,624	-23,098	1,00	35,12	L1	C
NGUYÊN TỬ	3642	OG	SER	68	-34,481	16,551	-22,492	1,00	39,24	L1	O
NGUYÊN TỬ	3643	C	SER	68	-32,038	16,010	-23,851	1,00	32,19	L1	C
NGUYÊN TỬ	3644	O	SER	68	-32,356	15,861	-25,027	1,00	31,42	L1	O
NGUYÊN TỬ	3645	N	GLY	69	-31,470	15,046	-23,134	1,00	31,82	L1	N
NGUYÊN TỬ	3646	CA	GLY	69	-31,165	13,768	-23,750	1,00	30,65	L1	C
NGUYÊN TỬ	3647	C	GLY	69	-30,148	13,927	-24,865	1,00	31,46	L1	C
NGUYÊN TỬ	3648	O	GLY	69	-29,026	14,364	-24,623	1,00	31,98	L1	O
NGUYÊN TỬ	3649	N	THR	70	-30,531	13,572	-26,087	1,00	30,21	L1	N
NGUYÊN TỬ	3650	CA	THR	70	-29,627	13,705	-27,221	1,00	29,74	L1	C
NGUYÊN TỬ	3651	CB	THR	70	-29,517	12,384	-28,011	1,00	31,03	L1	C
NGUYÊN TỬ	3652	OG1	THR	70	-30,813	11,994	-28,472	1,00	32,35	L1	O
NGUYÊN TỬ	3653	CG2	THR	70	-28,934	11,269	-27,126	1,00	26,28	L1	C
NGUYÊN TỬ	3654	C	THR	70	-30,040	14,820	-28,179	1,00	29,23	L1	C
NGUYÊN TỬ	3655	O	THR	70	-29,630	14,837	-29,336	1,00	28,90	L1	O
NGUYÊN TỬ	3656	N	SER	71	-30,841	15,759	-27,687	1,00	28,99	L1	N
NGUYÊN TỬ	3657	CA	SER	71	-31,244	16,908	-28,486	1,00	27,69	L1	C
NGUYÊN TỬ	3658	CB	SER	71	-32,719	16,795	-28,860	1,00	29,27	L1	C
NGUYÊN TỬ	3659	OG	SER	71	-32,874	15,835	-29,886	1,00	38,45	L1	O
NGUYÊN TỬ	3660	C	SER	71	-31,003	18,208	-27,745	1,00	24,99	L1	C
NGUYÊN TỬ	3661	O	SER	71	-30,824	18,208	-26,535	1,00	25,72	L1	O

NGUYÊN TỬ	3662	N	ALA	72	-30,995	19,315	-28,480	1,00	23,94	L1	N
NGUYÊN TỬ	3663	CA	ALA	72	-30,769	20,626	-27,884	1,00	26,16	L1	C
NGUYÊN TỬ	3664	CB	ALA	72	-29,272	20,976	-27,903	1,00	22,79	L1	C
NGUYÊN TỬ	3665	C	ALA	72	-31,555	21,669	-28,654	1,00	26,58	L1	C
NGUYÊN TỬ	3666	O	ALA	72	-32,062	21,396	-29,742	1,00	26,75	L1	O
NGUYÊN TỬ	3667	N	SER	73	-31,645	22,872	-28,102	1,00	28,14	L1	N
NGUYÊN TỬ	3668	CA	SER	73	-32,438	23,910	-28,745	1,00	29,91	L1	C
NGUYÊN TỬ	3669	CB	SER	73	-33,900	23,788	-28,305	1,00	30,18	L1	C
NGUYÊN TỬ	3670	OG	SER	73	-34,699	24,715	-29,010	1,00	37,35	L1	O
NGUYÊN TỬ	3671	C	SER	73	-31,926	25,313	-28,453	1,00	28,74	L1	C
NGUYÊN TỬ	3672	O	SER	73	-31,501	25,613	-27,337	1,00	30,53	L1	O
NGUYÊN TỬ	3673	N	LEU	74	-31,955	26,161	-29,472	1,00	29,11	L1	N
NGUYÊN TỬ	3674	CA	LEU	74	-31,628	27,574	-29,321	1,00	31,29	L1	C
NGUYÊN TỬ	3675	CB	LEU	74	-30,694	28,029	-30,449	1,00	28,58	L1	C
NGUYÊN TỬ	3676	CG	LEU	74	-30,226	29,483	-30,412	1,00	29,48	L1	C
NGUYÊN TỬ	3677	CD1	LEU	74	-29,347	29,689	-29,201	1,00	29,08	L1	C
NGUYÊN TỬ	3678	CD2	LEU	74	-29,464	29,827	-31,694	1,00	28,84	L1	C
NGUYÊN TỬ	3679	C	LEU	74	-32,931	28,366	-29,384	1,00	32,05	L1	C
NGUYÊN TỬ	3680	O	LEU	74	-33,707	28,221	-30,327	1,00	31,82	L1	O
NGUYÊN TỬ	3681	N	ALA	75	-33,176	29,194	-28,376	1,00	31,88	L1	N
NGUYÊN TỬ	3682	CA	ALA	75	-34,368	30,028	-28,374	1,00	32,47	L1	C
NGUYÊN TỬ	3683	CB	ALA	75	-35,148	29,833	-27,077	1,00	32,36	L1	C
NGUYÊN TỬ	3684	C	ALA	75	-33,952	31,479	-28,520	1,00	32,90	L1	C
NGUYÊN TỬ	3685	O	ALA	75	-33,072	31,955	-27,803	1,00	33,92	L1	O
NGUYÊN TỬ	3686	N	ILE	76	-34,575	32,175	-29,462	1,00	33,40	L1	N
NGUYÊN TỬ	3687	CA	ILE	76	-34,331	33,597	-29,635	1,00	34,46	L1	C
NGUYÊN TỬ	3688	CB	ILE	76	-33,824	33,906	-31,058	1,00	34,25	L1	C
NGUYÊN TỬ	3689	CG2	ILE	76	-33,403	35,370	-31,155	1,00	32,73	L1	C
NGUYÊN TỬ	3690	CG1	ILE	76	-32,626	33,014	-31,393	1,00	35,86	L1	C
NGUYÊN TỬ	3691	CD1	ILE	76	-32,170	33,122	-32,847	1,00	35,68	L1	C
NGUYÊN TỬ	3692	C	ILE	76	-35,648	34,331	-29,410	1,00	36,20	L1	C
NGUYÊN TỬ	3693	O	ILE	76	-36,586	34,210	-30,204	1,00	35,91	L1	O
NGUYÊN TỬ	3694	N	SER	77	-35,722	35,082	-28,319	1,00	36,94	L1	N
NGUYÊN TỬ	3695	CA	SER	77	-36,907	35,878	-28,038	1,00	38,93	L1	C
NGUYÊN TỬ	3696	CB	SER	77	-37,273	35,777	-26,555	1,00	39,60	L1	C
NGUYÊN TỬ	3697	OG	SER	77	-36,215	36,242	-25,739	1,00	42,81	L1	O
NGUYÊN TỬ	3698	C	SER	77	-36,655	37,331	-28,424	1,00	39,07	L1	C
NGUYÊN TỬ	3699	O	SER	77	-35,503	37,756	-28,574	1,00	37,94	L1	O
NGUYÊN TỬ	3700	N	GLY	78	-37,733	38,089	-28,600	1,00	37,57	L1	N
NGUYÊN TỬ	3701	CA	GLY	78	-37,585	39,485	-28,966	1,00	35,79	L1	C
NGUYÊN TỬ	3702	C	GLY	78	-36,839	39,619	-30,276	1,00	35,60	L1	C
NGUYÊN TỬ	3703	O	GLY	78	-35,946	40,458	-30,423	1,00	33,98	L1	O
NGUYÊN TỬ	3704	N	LEU	79	-37,212	38,781	-31,236	1,00	35,78	L1	N
NGUYÊN TỬ	3705	CA	LEU	79	-36,506	38,703	-32,506	1,00	35,73	L1	C
NGUYÊN TỬ	3706	CB	LEU	79	-37,290	37,812	-33,468	1,00	36,94	L1	C
NGUYÊN TỬ	3707	CG	LEU	79	-36,602	37,311	-34,738	1,00	37,13	L1	C
NGUYÊN TỬ	3708	CD1	LEU	79	-35,333	36,537	-34,392	1,00	34,89	L1	C
NGUYÊN TỬ	3709	CD2	LEU	79	-37,583	36,423	-35,490	1,00	37,56	L1	C
NGUYÊN TỬ	3710	C	LEU	79	-36,301	40,082	-33,124	1,00	36,83	L1	C
NGUYÊN TỬ	3711	O	LEU	79	-37,241	40,872	-33,244	1,00	36,62	L1	O
NGUYÊN TỬ	3712	N	GLN	80	-35,064	40,362	-33,519	1,00	37,09	L1	N
NGUYÊN TỬ	3713	CA	GLN	80	-34,739	41,593	-34,221	1,00	38,15	L1	C
NGUYÊN TỬ	3714	CB	GLN	80	-33,738	42,405	-33,403	1,00	42,19	L1	C
NGUYÊN TỬ	3715	CG	GLN	80	-34,200	42,669	-31,979	1,00	49,70	L1	C
NGUYÊN TỬ	3716	CD	GLN	80	-33,230	43,539	-31,213	1,00	56,13	L1	C
NGUYÊN TỬ	3717	OE1	GLN	80	-32,224	43,999	-31,764	1,00	58,59	L1	O
NGUYÊN TỬ	3718	NE2	GLN	80	-33,520	43,772	-29,932	1,00	58,28	L1	N
NGUYÊN TỬ	3719	C	GLN	80	-34,154	41,270	-35,592	1,00	38,49	L1	C
NGUYÊN TỬ	3720	O	GLN	80	-33,627	40,177	-35,811	1,00	36,48	L1	O
NGUYÊN TỬ	3721	N	SER	81	-34,243	42,220	-36,516	1,00	36,90	L1	N
NGUYÊN TỬ	3722	CA	SER	81	-33,800	41,975	-37,881	1,00	38,24	L1	C
NGUYÊN TỬ	3723	CB	SER	81	-34,135	43,181	-38,771	1,00	37,34	L1	C
NGUYÊN TỬ	3724	OG	SER	81	-33,438	44,336	-38,346	1,00	41,79	L1	O
NGUYÊN TỬ	3725	C	SER	81	-32,298	41,661	-37,959	1,00	38,41	L1	C
NGUYÊN TỬ	3726	O	SER	81	-31,857	40,977	-38,876	1,00	39,41	L1	O
NGUYÊN TỬ	3727	N	GLU	82	-31,518	42,156	-37,001	1,00	37,61	L1	N
NGUYÊN TỬ	3728	CA	GLU	82	-30,085	41,857	-36,964	1,00	37,59	L1	C
NGUYÊN TỬ	3729	CB	GLU	82	-29,382	42,649	-35,855	1,00	41,17	L1	C
NGUYÊN TỬ	3730	CG	GLU	82	-29,697	44,126	-35,838	1,00	50,54	L1	C
NGUYÊN TỬ	3731	CD	GLU	82	-31,072	44,404	-35,270	1,00	53,17	L1	C
NGUYÊN TỬ	3732	OE1	GLU	82	-31,236	44,292	-34,036	1,00	57,55	L1	O
NGUYÊN TỬ	3733	OE2	GLU	82	-31,986	44,727	-36,057	1,00	56,15	L1	O
NGUYÊN TỬ	3734	C	GLU	82	-29,860	40,370	-36,706	1,00	34,12	L1	C
NGUYÊN TỬ	3735	O	GLU	82	-28,765	39,862	-36,899	1,00	31,06	L1	O
NGUYÊN TỬ	3736	N	ASP	83	-30,898	39,681	-36,250	1,00	31,15	L1	N
NGUYÊN TỬ	3737	CA	ASP	83	-30,779	38,265	-35,941	1,00	30,79	L1	C

NGUYÊN TỬ	3738	CB	ASP	83	-31,877	37,843	-34,962	1,00	30,65	L1	C
NGUYÊN TỬ	3739	CG	ASP	83	-31,797	38,587	-33,644	1,00	32,56	L1	C
NGUYÊN TỬ	3740	OD1	ASP	83	-30,697	39,067	-33,289	1,00	34,97	L1	O
NGUYÊN TỬ	3741	OD2	ASP	83	-32,834	38,692	-32,961	1,00	31,83	L1	O
NGUYÊN TỬ	3742	C	ASP	83	-30,846	37,395	-37,194	1,00	29,63	L1	C
NGUYÊN TỬ	3743	O	ASP	83	-30,649	36,188	-37,113	1,00	28,37	L1	O
NGUYÊN TỬ	3744	N	GLU	84	-31,121	38,002	-38,348	1,00	29,00	L1	N
NGUYÊN TỬ	3745	CA	GLU	84	-31,189	37,234	-39,588	1,00	30,03	L1	C
NGUYÊN TỬ	3746	CB	GLU	84	-31,730	38,088	-40,741	1,00	30,22	L1	C
NGUYÊN TỬ	3747	CG	GLU	84	-31,723	37,358	-42,089	1,00	31,01	L1	C
NGUYÊN TỬ	3748	CD	GLU	84	-32,799	37,846	-43,050	1,00	35,95	L1	C
NGUYÊN TỬ	3749	OE1	GLU	84	-32,515	37,939	-44,265	1,00	37,52	L1	O
NGUYÊN TỬ	3750	OE2	GLU	84	-33,930	38,132	-42,598	1,00	36,88	L1	O
NGUYÊN TỬ	3751	C	GLU	84	-29,800	36,714	-39,948	1,00	30,69	L1	C
NGUYÊN TỬ	3752	O	GLU	84	-28,873	37,496	-40,160	1,00	31,59	L1	O
NGUYÊN TỬ	3753	N	ALA	85	-29,663	35,394	-40,021	1,00	29,97	L1	N
NGUYÊN TỬ	3754	CA	ALA	85	-28,345	34,780	-40,110	1,00	28,04	L1	C
NGUYÊN TỬ	3755	CB	ALA	85	-27,499	35,206	-38,915	1,00	28,83	L1	C
NGUYÊN TỬ	3756	C	ALA	85	-28,440	33,265	-40,153	1,00	27,69	L1	C
NGUYÊN TỬ	3757	O	ALA	85	-29,522	32,692	-39,988	1,00	24,83	L1	O
NGUYÊN TỬ	3758	N	ASP	86	-27,293	32,625	-40,377	1,00	28,83	L1	N
NGUYÊN TỬ	3759	CA	ASP	86	-27,171	31,173	-40,263	1,00	27,36	L1	C
NGUYÊN TỬ	3760	CB	ASP	86	-26,098	30,653	-41,224	1,00	30,73	L1	C
NGUYÊN TỬ	3761	CG	ASP	86	-26,494	30,794	-42,683	1,00	32,29	L1	C
NGUYÊN TỬ	3762	OD1	ASP	86	-27,659	30,501	-43,017	1,00	36,16	L1	O
NGUYÊN TỬ	3763	OD2	ASP	86	-25,639	31,194	-43,497	1,00	33,33	L1	O
NGUYÊN TỬ	3764	C	ASP	86	-26,775	30,813	-38,835	1,00	26,79	L1	C
NGUYÊN TỬ	3765	O	ASP	86	-25,899	31,451	-38,245	1,00	26,47	L1	O
NGUYÊN TỬ	3766	N	TYR	87	-27,419	29,789	-38,286	1,00	25,78	L1	N
NGUYÊN TỬ	3767	CA	TYR	87	-27,113	29,317	-36,946	1,00	26,34	L1	C
NGUYÊN TỬ	3768	CB	TYR	87	-28,346	29,450	-36,043	1,00	26,23	L1	C
NGUYÊN TỬ	3769	CG	TYR	87	-28,702	30,888	-35,752	1,00	25,63	L1	C
NGUYÊN TỬ	3770	CD1	TYR	87	-29,451	31,636	-36,656	1,00	26,80	L1	C
NGUYÊN TỬ	3771	CE1	TYR	87	-29,708	32,973	-36,434	1,00	27,24	L1	C
NGUYÊN TỬ	3772	CD2	TYR	87	-28,228	31,520	-34,612	1,00	25,13	L1	C
NGUYÊN TỬ	3773	CE2	TYR	87	-28,479	32,856	-34,378	1,00	26,81	L1	C
NGUYÊN TỬ	3774	CZ	TYR	87	-29,216	33,579	-35,292	1,00	27,91	L1	C
NGUYÊN TỬ	3775	OH	TYR	87	-29,448	34,914	-35,069	1,00	28,02	L1	O
NGUYÊN TỬ	3776	C	TYR	87	-26,642	27,870	-36,983	1,00	27,87	L1	C
NGUYÊN TỬ	3777	O	TYR	87	-27,238	27,031	-37,662	1,00	28,78	L1	O
NGUYÊN TỬ	3778	N	TYR	88	-25,568	27,592	-36,247	1,00	26,11	L1	N
NGUYÊN TỬ	3779	CA	TYR	88	-24,955	26,271	-36,230	1,00	23,64	L1	C
NGUYÊN TỬ	3780	CB	TYR	88	-23,557	26,328	-36,853	1,00	22,55	L1	C
NGUYÊN TỬ	3781	CG	TYR	88	-23,532	26,659	-38,331	1,00	22,94	L1	C
NGUYÊN TỬ	3782	CD1	TYR	88	-23,269	27,953	-38,768	1,00	23,36	L1	C
NGUYÊN TỬ	3783	CE1	TYR	88	-23,236	28,260	-40,115	1,00	22,59	L1	C
NGUYÊN TỬ	3784	CD2	TYR	88	-23,763	25,679	-39,286	1,00	22,71	L1	C
NGUYÊN TỬ	3785	CE2	TYR	88	-23,732	25,977	-40,645	1,00	22,56	L1	C
NGUYÊN TỬ	3786	CZ	TYR	88	-23,467	27,270	-41,051	1,00	23,14	L1	C
NGUYÊN TỬ	3787	OH	TYR	88	-23,430	27,581	-42,399	1,00	23,24	L1	O
NGUYÊN TỬ	3788	C	TYR	88	-24,835	25,759	-34,803	1,00	24,19	L1	C
NGUYÊN TỬ	3789	O	TYR	88	-24,509	26,525	-33,887	1,00	23,05	L1	O
NGUYÊN TỬ	3790	N	CYS	89	-25,087	24,466	-34,613	1,00	23,34	L1	N
NGUYÊN TỬ	3791	CA	CYS	89	-24,701	23,808	-33,371	1,00	24,76	L1	C
NGUYÊN TỬ	3792	C	CYS	89	-23,428	22,986	-33,551	1,00	24,26	L1	C
NGUYÊN TỬ	3793	O	CYS	89	-23,127	22,513	-34,644	1,00	24,97	L1	O
NGUYÊN TỬ	3794	CB	CYS	89	-25,829	22,909	-32,844	1,00	24,95	L1	C
NGUYÊN TỬ	3795	SG	CYS	89	-26,482	21,652	-33,993	1,00	29,02	L1	S
NGUYÊN TỬ	3796	N	ALA	90	-22,684	22,824	-32,467	1,00	22,28	L1	N
NGUYÊN TỬ	3797	CA	ALA	90	-21,419	22,115	-32,511	1,00	21,93	L1	C
NGUYÊN TỬ	3798	CB	ALA	90	-20,279	23,103	-32,663	1,00	21,85	L1	C
NGUYÊN TỬ	3799	C	ALA	90	-21,262	21,320	-31,229	1,00	22,39	L1	C
NGUYÊN TỬ	3800	O	ALA	90	-21,575	21,813	-30,139	1,00	23,97	L1	O
NGUYÊN TỬ	3801	N	VAL	91	-20,790	20,087	-31,365	1,00	21,91	L1	N
NGUYÊN TỬ	3802	CA	VAL	91	-20,699	19,158	-30,241	1,00	22,14	L1	C
NGUYÊN TỬ	3803	CB	VAL	91	-21,992	18,315	-30,112	1,00	22,24	L1	C
NGUYÊN TỬ	3804	CG1	VAL	91	-21,908	17,407	-28,898	1,00	18,74	L1	C
NGUYÊN TỬ	3805	CG2	VAL	91	-23,211	19,238	-30,019	1,00	19,37	L1	C
NGUYÊN TỬ	3806	C	VAL	91	-19,530	18,209	-30,487	1,00	23,31	L1	C
NGUYÊN TỬ	3807	O	VAL	91	-19,298	17,798	-31,619	1,00	24,62	L1	O
NGUYÊN TỬ	3808	N	TRP	92	-18,792	17,864	-29,436	1,00	22,18	L1	N
NGUYÊN TỬ	3809	CA	TRP	92	-17,749	16,857	-29,566	1,00	21,63	L1	C
NGUYÊN TỬ	3810	CB	TRP	92	-16,850	16,862	-28,331	1,00	20,72	L1	C
NGUYÊN TỬ	3811	CG	TRP	92	-15,604	16,033	-28,480	1,00	24,87	L1	C
NGUYÊN TỬ	3812	CD2	TRP	92	-14,339	16,463	-29,011	1,00	23,79	L1	C
NGUYÊN TỬ	3813	CE2	TRP	92	-13,453	15,372	-28,914	1,00	24,92	L1	C

NGUYÊN TỬ	3814	CE3	TRP	92	-13,874	17,663	-29,556	1,00	24,00	L1	C
NGUYÊN TỬ	3815	CD1	TRP	92	-15,435	14,735	-28,100	1,00	24,13	L1	C
NGUYÊN TỬ	3816	NE1	TRP	92	-14,147	14,331	-28,356	1,00	26,35	L1	N
NGUYÊN TỬ	3817	CZ2	TRP	92	-12,125	15,443	-29,339	1,00	25,22	L1	C
NGUYÊN TỬ	3818	CZ3	TRP	92	-12,551	17,734	-29,981	1,00	27,22	L1	C
NGUYÊN TỬ	3819	CH2	TRP	92	-11,694	16,629	-29,868	1,00	26,53	L1	C
NGUYÊN TỬ	3820	C	TRP	92	-18,378	15,470	-29,739	1,00	22,42	L1	C
NGUYÊN TỬ	3821	O	TRP	92	-19,333	15,120	-29,053	1,00	21,21	L1	O
NGUYÊN TỬ	3822	N	ASP	93	-17,838	14,684	-30,661	1,00	22,63	L1	N
NGUYÊN TỬ	3823	CA	ASP	93	-18,303	13,316	-30,847	1,00	22,79	L1	C
NGUYÊN TỬ	3824	CB	ASP	93	-18,629	13,054	-32,312	1,00	22,67	L1	C
NGUYÊN TỬ	3825	CG	ASP	93	-19,345	11,732	-32,517	1,00	24,52	L1	C
NGUYÊN TỬ	3826	OD1	ASP	93	-20,593	11,733	-32,528	1,00	24,55	L1	O
NGUYÊN TỬ	3827	OD2	ASP	93	-18,662	10,695	-32,662	1,00	24,78	L1	O
NGUYÊN TỬ	3828	C	ASP	93	-17,234	12,338	-30,393	1,00	23,59	L1	C
NGUYÊN TỬ	3829	O	ASP	93	-16,085	12,430	-30,815	1,00	21,15	L1	O
NGUYÊN TỬ	3830	N	ASP	94	-17,622	11,396	-29,541	1,00	22,22	L1	N
NGUYÊN TỬ	3831	CA	ASP	94	-16,672	10,480	-28,931	1,00	23,56	L1	C
NGUYÊN TỬ	3832	CB	ASP	94	-17,222	10,010	-27,579	1,00	22,41	L1	C
NGUYÊN TỬ	3833	CG	ASP	94	-17,423	11,162	-26,610	1,00	25,03	L1	C
NGUYÊN TỬ	3834	OD1	ASP	94	-16,432	11,869	-26,310	1,00	24,18	L1	O
NGUYÊN TỬ	3835	OD2	ASP	94	-18,567	11,367	-26,153	1,00	23,82	L1	O
NGUYÊN TỬ	3836	C	ASP	94	-16,291	9,279	-29,803	1,00	22,66	L1	C
NGUYÊN TỬ	3837	O	ASP	94	-15,337	8,576	-29,498	1,00	23,33	L1	O
NGUYÊN TỬ	3838	N	SER	95	-17,027	9,043	-30,885	1,00	23,45	L1	N
NGUYÊN TỬ	3839	CA	SER	95	-16,663	7,979	-31,821	1,00	22,75	L1	C
NGUYÊN TỬ	3840	CB	SER	95	-17,913	7,348	-32,444	1,00	21,53	L1	C
NGUYÊN TỬ	3841	OG	SER	95	-18,715	6,725	-31,450	1,00	19,78	L1	O
NGUYÊN TỬ	3842	C	SER	95	-15,762	8,524	-32,918	1,00	24,04	L1	C
NGUYÊN TỬ	3843	O	SER	95	-14,806	7,867	-33,329	1,00	24,34	L1	O
NGUYÊN TỬ	3844	N	LEU	96	-16,060	9,736	-33,374	1,00	22,90	L1	N
NGUYÊN TỬ	3845	CA	LEU	96	-15,206	10,427	-34,328	1,00	23,33	L1	C
NGUYÊN TỬ	3846	CB	LEU	96	-16,022	11,480	-35,076	1,00	25,43	L1	C
NGUYÊN TỬ	3847	CG	LEU	96	-17,131	10,906	-35,962	1,00	26,90	L1	C
NGUYÊN TỬ	3848	CD1	LEU	96	-18,143	11,991	-36,285	1,00	23,29	L1	C
NGUYÊN TỬ	3849	CD2	LEU	96	-16,522	10,341	-37,226	1,00	27,63	L1	C
NGUYÊN TỬ	3850	C	LEU	96	-14,008	11,093	-33,644	1,00	23,40	L1	C
NGUYÊN TỬ	3851	O	LEU	96	-13,029	11,442	-34,300	1,00	22,31	L1	O
NGUYÊN TỬ	3852	N	ASN	97	-14,094	11,267	-32,327	1,00	21,76	L1	N
NGUYÊN TỬ	3853	CA	ASN	97	-13,032	11,919	-31,564	1,00	23,62	L1	C
NGUYÊN TỬ	3854	CB	ASN	97	-11,765	11,064	-31,594	1,00	23,22	L1	C
NGUYÊN TỬ	3855	CG	ASN	97	-11,961	9,742	-30,897	1,00	25,94	L1	C
NGUYÊN TỬ	3856	OD1	ASN	97	-12,281	9,698	-29,701	1,00	24,63	L1	O
NGUYÊN TỬ	3857	ND2	ASN	97	-11,794	8,651	-31,637	1,00	27,24	L1	N
NGUYÊN TỬ	3858	C	ASN	97	-12,719	13,326	-32,054	1,00	24,97	L1	C
NGUYÊN TỬ	3859	O	ASN	97	-11,554	13,677	-32,290	1,00	24,92	L1	O
NGUYÊN TỬ	3860	N	GLY	98	-13,764	14,134	-32,199	1,00	21,90	L1	N
NGUYÊN TỬ	3861	CA	GLY	98	-13,575	15,504	-32,632	1,00	23,01	L1	C
NGUYÊN TỬ	3862	C	GLY	98	-14,900	16,223	-32,796	1,00	22,94	L1	C
NGUYÊN TỬ	3863	O	GLY	98	-15,961	15,660	-32,516	1,00	19,38	L1	O
NGUYÊN TỬ	3864	N	TRP	99	-14,835	17,465	-33,258	1,00	21,48	L1	N
NGUYÊN TỬ	3865	CA	TRP	99	-16,017	18,309	-33,354	1,00	21,80	L1	C
NGUYÊN TỬ	3866	CB	TRP	99	-15,602	19,784	-33,485	1,00	20,41	L1	C
NGUYÊN TỬ	3867	CG	TRP	99	-15,097	20,349	-32,201	1,00	21,29	L1	C
NGUYÊN TỬ	3868	CD2	TRP	99	-15,887	20,731	-31,070	1,00	20,83	L1	C
NGUYÊN TỬ	3869	CE2	TRP	99	-14,993	21,130	-30,052	1,00	21,78	L1	C
NGUYÊN TỬ	3870	CE3	TRP	99	-17,264	20,773	-30,819	1,00	21,01	L1	C
NGUYÊN TỬ	3871	CD1	TRP	99	-13,792	20,533	-31,838	1,00	20,69	L1	C
NGUYÊN TỬ	3872	NE1	TRP	99	-13,721	21,000	-30,548	1,00	18,42	L1	N
NGUYÊN TỬ	3873	CZ2	TRP	99	-15,429	21,565	-28,797	1,00	21,72	L1	C
NGUYÊN TỬ	3874	CZ3	TRP	99	-17,701	21,207	-29,572	1,00	24,75	L1	C
NGUYÊN TỬ	3875	CH2	TRP	99	-16,782	21,597	-28,575	1,00	23,40	L1	C
NGUYÊN TỬ	3876	C	TRP	99	-16,896	17,915	-34,530	1,00	21,60	L1	C
NGUYÊN TỬ	3877	O	TRP	99	-16,411	17,673	-35,640	1,00	20,77	L1	O
NGUYÊN TỬ	3878	N	VAL	100	-18,196	17,843	-34,280	1,00	21,15	L1	N
NGUYÊN TỬ	3879	CA	VAL	100	-19,155	17,745	-35,366	1,00	20,99	L1	C
NGUYÊN TỬ	3880	CB	VAL	100	-19,959	16,412	-35,299	1,00	21,63	L1	C
NGUYÊN TỬ	3881	CG1	VAL	100	-19,013	15,237	-35,493	1,00	18,33	L1	C
NGUYÊN TỬ	3882	CG2	VAL	100	-20,685	16,283	-33,965	1,00	20,08	L1	C
NGUYÊN TỬ	3883	C	VAL	100	-20,094	18,945	-35,310	1,00	22,73	L1	C
NGUYÊN TỬ	3884	O	VAL	100	-20,206	19,604	-34,271	1,00	21,19	L1	O
NGUYÊN TỬ	3885	N	PHE	101	-20,731	19,244	-36,439	1,00	23,17	L1	N
NGUYÊN TỬ	3886	CA	PHE	101	-21,625	20,393	-36,556	1,00	24,04	L1	C
NGUYÊN TỬ	3887	CB	PHE	101	-21,052	21,421	-37,538	1,00	23,68	L1	C
NGUYÊN TỬ	3888	CG	PHE	101	-19,847	22,175	-37,015	1,00	25,65	L1	C
NGUYÊN TỬ	3889	CD1	PHE	101	-18,558	21,762	-37,330	1,00	25,40	L1	C

NGUYÊN TỬ	3890	CD2	PHE	101	-20,005	23,323	-36,253	1,00	25,22	L1	C
NGUYÊN TỬ	3891	CE1	PHE	101	-17,449	22,484	-36,900	1,00	27,16	L1	C
NGUYÊN TỬ	3892	CE2	PHE	101	-18,899	24,053	-35,818	1,00	26,53	L1	C
NGUYÊN TỬ	3893	CZ	PHE	101	-17,621	23,632	-36,144	1,00	25,47	L1	C
NGUYÊN TỬ	3894	C	PHE	101	-22,995	19,944	-37,060	1,00	24,46	L1	C
NGUYÊN TỬ	3895	O	PHE	101	-23,134	18,856	-37,620	1,00	25,98	L1	O
NGUYÊN TỬ	3896	N	GLY	102	-24,006	20,782	-36,856	1,00	24,12	L1	N
NGUYÊN TỬ	3897	CA	GLY	102	-25,261	20,601	-37,560	1,00	23,71	L1	C
NGUYÊN TỬ	3898	C	GLY	102	-25,108	21,230	-38,930	1,00	24,83	L1	C
NGUYÊN TỬ	3899	O	GLY	102	-24,139	21,951	-39,169	1,00	25,59	L1	O
NGUYÊN TỬ	3900	N	GLY	103	-26,049	20,974	-39,831	1,00	24,86	L1	N
NGUYÊN TỬ	3901	CA	GLY	103	-25,923	21,487	-41,188	1,00	23,32	L1	C
NGUYÊN TỬ	3902	C	GLY	103	-26,218	22,973	-41,301	1,00	23,92	L1	C
NGUYÊN TỬ	3903	O	GLY	103	-26,063	23,565	-42,365	1,00	23,16	L1	O
NGUYÊN TỬ	3904	N	GLY	104	-26,637	23,590	-40,205	1,00	24,09	L1	N
NGUYÊN TỬ	3905	CA	GLY	104	-26,940	25,010	-40,247	1,00	25,44	L1	C
NGUYÊN TỬ	3906	C	GLY	104	-28,406	25,294	-40,535	1,00	26,46	L1	C
NGUYÊN TỬ	3907	O	GLY	104	-29,032	24,613	-41,348	1,00	25,23	L1	O
NGUYÊN TỬ	3908	N	THR	105	-28,951	26,296	-39,850	1,00	27,15	L1	N
NGUYÊN TỬ	3909	CA	THR	105	-30,313	26,762	-40,080	1,00	27,11	L1	C
NGUYÊN TỬ	3910	CB	THR	105	-31,161	26,699	-38,801	1,00	26,94	L1	C
NGUYÊN TỬ	3911	OG1	THR	105	-31,235	25,348	-38,335	1,00	25,27	L1	O
NGUYÊN TỬ	3912	CG2	THR	105	-32,574	27,229	-39,074	1,00	27,18	L1	C
NGUYÊN TỬ	3913	C	THR	105	-30,275	28,220	-40,511	1,00	28,67	L1	C
NGUYÊN TỬ	3914	O	THR	105	-29,776	29,072	-39,770	1,00	28,70	L1	O
NGUYÊN TỬ	3915	N	LYS	106	-30,811	28,511	-41,693	1,00	27,94	L1	N
NGUYÊN TỬ	3916	CA	LYS	106	-30,958	29,895	-42,132	1,00	27,78	L1	C
NGUYÊN TỬ	3917	CB	LYS	106	-31,076	29,959	-43,660	1,00	30,73	L1	C
NGUYÊN TỬ	3918	CG	LYS	106	-31,292	31,370	-44,224	1,00	34,36	L1	C
NGUYÊN TỬ	3919	CD	LYS	106	-31,505	31,327	-45,743	1,00	40,73	L1	C
NGUYÊN TỬ	3920	CE	LYS	106	-32,204	32,589	-46,269	1,00	43,20	L1	C
NGUYÊN TỬ	3921	NZ	LYS	106	-31,412	33,828	-45,992	1,00	43,79	L1	N
NGUYÊN TỬ	3922	C	LYS	106	-32,204	30,506	-41,492	1,00	28,25	L1	C
NGUYÊN TỬ	3923	O	LYS	106	-33,324	30,102	-41,790	1,00	27,19	L1	O
NGUYÊN TỬ	3924	N	LEU	107	-32,002	31,476	-40,606	1,00	28,39	L1	N
NGUYÊN TỬ	3925	CA	LEU	107	-33,115	32,167	-39,965	1,00	29,11	L1	C
NGUYÊN TỬ	3926	CB	LEU	107	-32,759	32,529	-38,524	1,00	27,84	L1	C
NGUYÊN TỬ	3927	CG	LEU	107	-33,833	33,302	-37,750	1,00	30,76	L1	C
NGUYÊN TỬ	3928	CD1	LEU	107	-35,095	32,460	-37,646	1,00	28,82	L1	C
NGUYÊN TỬ	3929	CD2	LEU	107	-33,320	33,665	-36,364	1,00	29,24	L1	C
NGUYÊN TỬ	3930	C	LEU	107	-33,438	33,440	-40,731	1,00	29,95	L1	C
NGUYÊN TỬ	3931	O	LEU	107	-32,583	34,313	-40,881	1,00	30,14	L1	O
NGUYÊN TỬ	3932	N	THR	108	-34,668	33,544	-41,222	1,00	29,24	L1	N
NGUYÊN TỬ	3933	CA	THR	108	-35,124	34,781	-41,835	1,00	29,21	L1	C
NGUYÊN TỬ	3934	CB	THR	108	-35,949	34,519	-43,118	1,00	30,64	L1	C
NGUYÊN TỬ	3935	OG1	THR	108	-35,126	33,888	-44,107	1,00	30,87	L1	O
NGUYÊN TỬ	3936	CG2	THR	108	-36,482	35,837	-43,686	1,00	30,92	L1	C
NGUYÊN TỬ	3937	C	THR	108	-35,993	35,535	-40,840	1,00	29,75	L1	C
NGUYÊN TỬ	3938	O	THR	108	-36,920	34,973	-40,257	1,00	29,93	L1	O
NGUYÊN TỬ	3939	N	VAL	109	-35,685	36,808	-40,637	1,00	30,82	L1	N
NGUYÊN TỬ	3940	CA	VAL	109	-36,549	37,666	-39,837	1,00	31,06	L1	C
NGUYÊN TỬ	3941	CB	VAL	109	-35,720	38,675	-39,012	1,00	29,89	L1	C
NGUYÊN TỬ	3942	CG1	VAL	109	-36,636	39,619	-38,253	1,00	31,03	L1	C
NGUYÊN TỬ	3943	CG2	VAL	109	-34,827	37,922	-38,043	1,00	30,10	L1	C
NGUYÊN TỬ	3944	C	VAL	109	-37,469	38,404	-40,803	1,00	30,26	L1	C
NGUYÊN TỬ	3945	O	VAL	109	-37,037	39,294	-41,537	1,00	28,33	L1	O
NGUYÊN TỬ	3946	N	LEU	110	-38,737	38,007	-40,808	1,00	29,80	L1	N
NGUYÊN TỬ	3947	CA	LEU	110	-39,672	38,430	-41,844	1,00	30,88	L1	C
NGUYÊN TỬ	3948	CB	LEU	110	-41,047	37,813	-41,571	1,00	29,96	L1	C
NGUYÊN TỬ	3949	CG	LEU	110	-41,036	36,279	-41,536	1,00	29,38	L1	C
NGUYÊN TỬ	3950	CD1	LEU	110	-42,338	35,739	-40,950	1,00	28,86	L1	C
NGUYÊN TỬ	3951	CD2	LEU	110	-40,828	35,757	-42,938	1,00	22,82	L1	C
NGUYÊN TỬ	3952	C	LEU	110	-39,779	39,950	-41,934	1,00	30,13	L1	C
NGUYÊN TỬ	3953	O	LEU	110	-40,124	40,616	-40,962	1,00	30,33	L1	O
NGUYÊN TỬ	3954	N	GLY	111	-39,468	40,486	-43,110	1,00	31,70	L1	N
NGUYÊN TỬ	3955	CA	GLY	111	-39,525	41,923	-43,327	1,00	32,20	L1	C
NGUYÊN TỬ	3956	C	GLY	111	-40,510	42,285	-44,428	1,00	33,43	L1	C
NGUYÊN TỬ	3957	O	GLY	111	-40,689	43,461	-44,768	1,00	35,10	L1	O
NGUYÊN TỬ	3958	N	GLN	112	-41,150	41,266	-44,990	1,00	33,16	L1	N
NGUYÊN TỬ	3959	CA	GLN	112	-42,217	41,465	-45,964	1,00	36,01	L1	C
NGUYÊN TỬ	3960	CB	GLN	112	-41,627	41,718	-47,354	1,00	37,16	L1	C
NGUYÊN TỬ	3961	CG	GLN	112	-40,857	40,542	-47,931	1,00	37,31	L1	C
NGUYÊN TỬ	3962	CD	GLN	112	-40,276	40,863	-49,291	1,00	38,17	L1	C
NGUYÊN TỬ	3963	OE1	GLN	112	-40,967	40,775	-50,306	1,00	40,76	L1	O
NGUYÊN TỬ	3964	NE2	GLN	112	-39,004	41,243	-49,320	1,00	35,15	L1	N
NGUYÊN TỬ	3965	C	GLN	112	-43,097	40,219	-45,984	1,00	36,50	L1	C

NGUYÊN TỬ	3966	O	GLN	112	-42,783	39,228	-45,333	1,00	35,56	L1	O
NGUYÊN TỬ	3967	N	PRO	113	-44,224	40,263	-46,714	1,00	37,98	L1	N
NGUYÊN TỬ	3968	CD	PRO	113	-44,796	41,426	-47,415	1,00	38,44	L1	C
NGUYÊN TỬ	3969	CA	PRO	113	-45,108	39,091	-46,789	1,00	38,56	L1	C
NGUYÊN TỬ	3970	CB	PRO	113	-46,269	39,566	-47,669	1,00	38,32	L1	C
NGUYÊN TỬ	3971	CG	PRO	113	-46,248	41,057	-47,550	1,00	38,11	L1	C
NGUYÊN TỬ	3972	C	PRO	113	-44,401	37,887	-47,403	1,00	39,28	L1	C
NGUYÊN TỬ	3973	O	PRO	113	-43,603	38,037	-48,330	1,00	38,01	L1	O
NGUYÊN TỬ	3974	N	LYS	114	-44,698	36,697	-46,891	1,00	39,70	L1	N
NGUYÊN TỬ	3975	CA	LYS	114	-44,209	35,472	-47,515	1,00	43,10	L1	C
NGUYÊN TỬ	3976	CB	LYS	114	-44,646	34,243	-46,708	1,00	41,99	L1	C
NGUYÊN TỬ	3977	CG	LYS	114	-44,031	34,182	-45,310	1,00	44,06	L1	C
NGUYÊN TỬ	3978	CD	LYS	114	-44,233	32,820	-44,646	1,00	44,49	L1	C
NGUYÊN TỬ	3979	CE	LYS	114	-43,571	32,774	-43,276	1,00	46,38	L1	C
NGUYÊN TỬ	3980	NZ	LYS	114	-43,874	31,518	-42,529	1,00	47,56	L1	N
NGUYÊN TỬ	3981	C	LYS	114	-44,754	35,387	-48,937	1,00	44,55	L1	C
NGUYÊN TỬ	3982	O	LYS	114	-45,889	35,782	-49,192	1,00	45,57	L1	O
NGUYÊN TỬ	3983	N	ALA	115	-43,936	34,889	-49,861	1,00	45,01	L1	N
NGUYÊN TỬ	3984	CA	ALA	115	-44,316	34,830	-51,267	1,00	45,57	L1	C
NGUYÊN TỬ	3985	CB	ALA	115	-43,751	36,038	-52,015	1,00	43,32	L1	C
NGUYÊN TỬ	3986	C	ALA	115	-43,831	33,540	-51,920	1,00	47,27	L1	C
NGUYÊN TỬ	3987	O	ALA	115	-42,635	33,236	-51,918	1,00	47,27	L1	O
NGUYÊN TỬ	3988	N	ALA	116	-44,774	32,789	-52,478	1,00	47,90	L1	N
NGUYÊN TỬ	3989	CA	ALA	116	-44,469	31,572	-53,213	1,00	48,80	L1	C
NGUYÊN TỬ	3990	CB	ALA	116	-45,758	30,823	-53,533	1,00	49,49	L1	C
NGUYÊN TỬ	3991	C	ALA	116	-43,724	31,904	-54,500	1,00	49,45	L1	C
NGUYÊN TỬ	3992	O	ALA	116	-43,989	32,922	-55,139	1,00	49,52	L1	O
NGUYÊN TỬ	3993	N	PRO	117	-42,779	31,038	-54,892	1,00	50,68	L1	N
NGUYÊN TỬ	3994	CD	PRO	117	-42,512	29,768	-54,194	1,00	50,62	L1	C
NGUYÊN TỬ	3995	CA	PRO	117	-41,904	31,218	-56,055	1,00	52,06	L1	C
NGUYÊN TỬ	3996	CB	PRO	117	-40,870	30,110	-55,897	1,00	52,12	L1	C
NGUYÊN TỬ	3997	CG	PRO	117	-41,594	29,043	-55,141	1,00	51,66	L1	C
NGUYÊN TỬ	3998	C	PRO	117	-42,639	31,105	-57,385	1,00	53,83	L1	C
NGUYÊN TỬ	3999	O	PRO	117	-43,584	30,327	-57,518	1,00	53,40	L1	O
NGUYÊN TỬ	4000	N	SER	118	-42,193	31,884	-58,366	1,00	56,36	L1	N
NGUYÊN TỬ	4001	CA	SER	118	-42,597	31,679	-59,755	1,00	59,62	L1	C
NGUYÊN TỬ	4002	CB	SER	118	-42,568	33,003	-60,526	1,00	60,11	L1	C
NGUYÊN TỬ	4003	OG	SER	118	-43,416	33,970	-59,935	1,00	62,95	L1	O
NGUYÊN TỬ	4004	C	SER	118	-41,621	30,703	-60,406	1,00	60,93	L1	C
NGUYÊN TỬ	4005	O	SER	118	-40,406	30,854	-60,272	1,00	61,04	L1	O
NGUYÊN TỬ	4006	N	VAL	119	-42,152	29,708	-61,110	1,00	62,70	L1	N
NGUYÊN TỬ	4007	CA	VAL	119	-41,313	28,719	-61,779	1,00	64,16	L1	C
NGUYÊN TỬ	4008	CB	VAL	119	-41,591	27,300	-61,236	1,00	63,53	L1	C
NGUYÊN TỬ	4009	CG1	VAL	119	-40,704	26,287	-61,945	1,00	63,21	L1	C
NGUYÊN TỬ	4010	CG2	VAL	119	-41,344	27,263	-59,737	1,00	64,05	L1	C
NGUYÊN TỬ	4011	C	VAL	119	-41,522	28,715	-63,293	1,00	65,49	L1	C
NGUYÊN TỬ	4012	O	VAL	119	-42,626	28,471	-63,779	1,00	65,80	L1	O
NGUYÊN TỬ	4013	N	THR	120	-40,450	28,987	-64,032	1,00	67,43	L1	N
NGUYÊN TỬ	4014	CA	THR	120	-40,470	28,914	-65,490	1,00	68,73	L1	C
NGUYÊN TỬ	4015	CB	THR	120	-40,051	30,262	-66,117	1,00	68,82	L1	C
NGUYÊN TỬ	4016	OG1	THR	120	-40,923	31,298	-65,648	1,00	68,76	L1	O
NGUYÊN TỬ	4017	CG2	THR	120	-40,125	30,192	-67,636	1,00	68,58	L1	C
NGUYÊN TỬ	4018	C	THR	120	-39,510	27,820	-65,971	1,00	69,56	L1	C
NGUYÊN TỬ	4019	O	THR	120	-38,316	27,856	-65,669	1,00	69,35	L1	O
NGUYÊN TỬ	4020	N	LEU	121	-40,036	26,853	-66,720	1,00	70,38	L1	N
NGUYÊN TỬ	4021	CA	LEU	121	-39,257	25,683	-67,122	1,00	70,76	L1	C
NGUYÊN TỬ	4022	CB	LEU	121	-39,920	24,411	-66,594	1,00	70,00	L1	C
NGUYÊN TỬ	4023	CG	LEU	121	-39,202	23,105	-66,926	1,00	69,81	L1	C
NGUYÊN TỬ	4024	CD1	LEU	121	-37,857	23,072	-66,219	1,00	69,72	L1	C
NGUYÊN TỬ	4025	CD2	LEU	121	-40,061	21,928	-66,496	1,00	70,35	L1	C
NGUYÊN TỬ	4026	C	LEU	121	-39,087	25,565	-68,637	1,00	71,13	L1	C
NGUYÊN TỬ	4027	O	LEU	121	-40,058	25,372	-69,368	1,00	70,75	L1	O
NGUYÊN TỬ	4028	N	PHE	122	-37,846	25,663	-69,101	1,00	71,79	L1	N
NGUYÊN TỬ	4029	CA	PHE	122	-37,547	25,537	-70,523	1,00	73,09	L1	C
NGUYÊN TỬ	4030	CB	PHE	122	-36,521	26,591	-70,944	1,00	72,54	L1	C
NGUYÊN TỬ	4031	CG	PHE	122	-37,013	28,004	-70,821	1,00	72,59	L1	C
NGUYÊN TỬ	4032	CD1	PHE	122	-36,678	28,777	-69,722	1,00	72,06	L1	C
NGUYÊN TỬ	4033	CD2	PHE	122	-37,803	28,564	-71,813	1,00	72,99	L1	C
NGUYÊN TỬ	4034	CE1	PHE	122	-37,121	30,084	-69,613	1,00	73,02	L1	C
NGUYÊN TỬ	4035	CE2	PHE	122	-38,250	29,873	-71,711	1,00	72,95	L1	C
NGUYÊN TỬ	4036	CZ	PHE	122	-37,908	30,633	-70,610	1,00	72,77	L1	C
NGUYÊN TỬ	4037	C	PHE	122	-37,009	24,149	-70,864	1,00	74,17	L1	C
NGUYÊN TỬ	4038	O	PHE	122	-36,059	23,669	-70,243	1,00	74,07	L1	O
NGUYÊN TỬ	4039	N	PRO	123	-37,618	23,485	-71,861	1,00	74,99	L1	N
NGUYÊN TỬ	4040	CD	PRO	123	-38,879	23,887	-72,509	1,00	75,22	L1	C
NGUYÊN TỬ	4041	CA	PRO	123	-37,079	22,243	-72,430	1,00	74,86	L1	C

NGUYÊN TỬ	4042	CB	PRO	123	-38,219	21,728	-73,305	1,00	74,82	L1	C
NGUYÊN TỬ	4043	CG	PRO	123	-38,970	22,961	-73,693	1,00	75,30	L1	C
NGUYÊN TỬ	4044	C	PRO	123	-35,808	22,515	-73,238	1,00	74,68	L1	C
NGUYÊN TỬ	4045	O	PRO	123	-35,491	23,666	-73,542	1,00	74,38	L1	O
NGUYÊN TỬ	4046	N	PRO	124	-35,061	21,456	-73,591	1,00	75,00	L1	N
NGUYÊN TỬ	4047	CD	PRO	124	-35,268	20,052	-73,198	1,00	74,86	L1	C
NGUYÊN TỬ	4048	CA	PRO	124	-33,841	21,625	-74,390	1,00	74,74	L1	C
NGUYÊN TỬ	4049	CB	PRO	124	-33,309	20,199	-74,545	1,00	74,36	L1	C
NGUYÊN TỬ	4050	CG	PRO	124	-33,908	19,446	-73,404	1,00	74,67	L1	C
NGUYÊN TỬ	4051	C	PRO	124	-34,141	22,267	-75,742	1,00	74,62	L1	C
NGUYÊN TỬ	4052	O	PRO	124	-35,135	21,934	-76,387	1,00	74,35	L1	O
NGUYÊN TỬ	4053	N	SER	125	-33,284	23,189	-76,167	1,00	74,96	L1	N
NGUYÊN TỬ	4054	CA	SER	125	-33,440	23,813	-77,475	1,00	75,14	L1	C
NGUYÊN TỬ	4055	CB	SER	125	-32,533	25,043	-77,591	1,00	73,75	L1	C
NGUYÊN TỬ	4056	OG	SER	125	-31,171	24,709	-77,395	1,00	72,15	L1	O
NGUYÊN TỬ	4057	C	SER	125	-33,095	22,801	-78,563	1,00	76,50	L1	C
NGUYÊN TỬ	4058	O	SER	125	-32,531	21,743	-78,282	1,00	76,63	L1	O
NGUYÊN TỬ	4059	N	SER	126	-33,446	23,120	-79,804	1,00	77,77	L1	N
NGUYÊN TỬ	4060	CA	SER	126	-33,135	22,240	-80,924	1,00	78,66	L1	C
NGUYÊN TỬ	4061	CB	SER	126	-33,941	22,651	-82,160	1,00	79,08	L1	C
NGUYÊN TỬ	4062	OG	SER	126	-35,334	22,551	-81,917	1,00	79,83	L1	O
NGUYÊN TỬ	4063	C	SER	126	-31,641	22,294	-81,235	1,00	78,82	L1	C
NGUYÊN TỬ	4064	O	SER	126	-31,039	21,288	-81,610	1,00	78,71	L1	O
NGUYÊN TỬ	4065	N	GLU	127	-31,051	23,474	-81,063	1,00	79,12	L1	N
NGUYÊN TỬ	4066	CA	GLU	127	-29,627	23,677	-81,312	1,00	80,10	L1	C
NGUYÊN TỬ	4067	CB	GLU	127	-29,247	25,144	-81,071	1,00	80,24	L1	C
NGUYÊN TỬ	4068	CG	GLU	127	-29,826	26,127	-82,078	1,00	81,24	L1	C
NGUYÊN TỬ	4069	CD	GLU	127	-31,272	26,496	-81,787	1,00	82,17	L1	C
NGUYÊN TỬ	4070	OE1	GLU	127	-31,928	25,788	-80,993	1,00	82,13	L1	O
NGUYÊN TỬ	4071	OE2	GLU	127	-31,754	27,499	-82,356	1,00	81,88	L1	O
NGUYÊN TỬ	4072	C	GLU	127	-28,763	22,786	-80,424	1,00	80,55	L1	C
NGUYÊN TỬ	4073	O	GLU	127	-27,606	22,516	-80,742	1,00	80,88	L1	O
NGUYÊN TỬ	4074	N	GLU	128	-29,326	22,335	-79,308	1,00	81,34	L1	N
NGUYÊN TỬ	4075	CA	GLU	128	-28,570	21,553	-78,339	1,00	82,00	L1	C
NGUYÊN TỬ	4076	CB	GLU	128	-28,967	21,953	-76,911	1,00	82,28	L1	C
NGUYÊN TỬ	4077	CG	GLU	128	-28,026	21,427	-75,834	1,00	81,82	L1	C
NGUYÊN TỬ	4078	CD	GLU	128	-28,481	21,778	-74,430	1,00	81,09	L1	C
NGUYÊN TỬ	4079	OE1	GLU	128	-27,643	21,730	-73,505	1,00	79,98	L1	O
NGUYÊN TỬ	4080	OE2	GLU	128	-29,674	22,099	-74,251	1,00	81,48	L1	O
NGUYÊN TỬ	4081	C	GLU	128	-28,794	20,057	-78,539	1,00	82,27	L1	C
NGUYÊN TỬ	4082	O	GLU	128	-27,845	19,273	-78,510	1,00	81,56	L1	O
NGUYÊN TỬ	4083	N	LEU	129	-30,047	19,664	-78,746	1,00	82,77	L1	N
NGUYÊN TỬ	4084	CA	LEU	129	-30,367	18,262	-78,984	1,00	83,70	L1	C
NGUYÊN TỬ	4085	CB	LEU	129	-31,860	18,099	-79,282	1,00	83,20	L1	C
NGUYÊN TỬ	4086	CG	LEU	129	-32,808	18,383	-78,116	1,00	83,28	L1	C
NGUYÊN TỬ	4087	CD1	LEU	129	-34,253	18,198	-78,557	1,00	82,64	L1	C
NGUYÊN TỬ	4088	CD2	LEU	129	-32,476	17,449	-76,965	1,00	83,46	L1	C
NGUYÊN TỬ	4089	C	LEU	129	-29,544	17,733	-80,154	1,00	84,66	L1	C
NGUYÊN TỬ	4090	O	LEU	129	-29,147	16,567	-80,172	1,00	84,88	L1	O
NGUYÊN TỬ	4091	N	GLN	130	-29,286	18,602	-81,127	1,00	85,33	L1	N
NGUYÊN TỬ	4092	CA	GLN	130	-28,463	18,242	-82,275	1,00	86,17	L1	C
NGUYÊN TỬ	4093	CB	GLN	130	-28,619	19,281	-83,390	1,00	86,49	L1	C
NGUYÊN TỬ	4094	CG	GLN	130	-28,015	20,639	-83,063	1,00	86,88	L1	C
NGUYÊN TỬ	4095	CD	GLN	130	-28,181	21,640	-84,191	1,00	87,75	L1	C
NGUYÊN TỬ	4096	OE1	GLN	130	-27,319	22,496	-84,409	1,00	87,18	L1	O
NGUYÊN TỬ	4097	NE2	GLN	130	-29,292	21,540	-84,915	1,00	86,91	L1	N
NGUYÊN TỬ	4098	C	GLN	130	-26,997	18,152	-81,863	1,00	86,31	L1	C
NGUYÊN TỬ	4099	O	GLN	130	-26,260	17,289	-82,342	1,00	87,49	L1	O
NGUYÊN TỬ	4100	N	ALA	131	-26,581	19,046	-80,971	1,00	85,27	L1	N
NGUYÊN TỬ	4101	CA	ALA	131	-25,210	19,055	-80,478	1,00	84,10	L1	C
NGUYÊN TỬ	4102	CB	ALA	131	-24,918	20,373	-79,770	1,00	83,24	L1	C
NGUYÊN TỬ	4103	C	ALA	131	-24,971	17,882	-79,528	1,00	83,51	L1	C
NGUYÊN TỬ	4104	O	ALA	131	-23,918	17,792	-78,894	1,00	83,48	L1	O
NGUYÊN TỬ	4105	N	ASN	132	-25,959	16,994	-79,433	1,00	82,74	L1	N
NGUYÊN TỬ	4106	CA	ASN	132	-25,842	15,767	-78,649	1,00	82,64	L1	C
NGUYÊN TỬ	4107	CB	ASN	132	-24,526	15,054	-78,983	1,00	82,71	L1	C
NGUYÊN TỬ	4108	CG	ASN	132	-24,503	13,611	-78,508	1,00	82,60	L1	C
NGUYÊN TỬ	4109	OD1	ASN	132	-25,549	12,972	-78,367	1,00	81,48	L1	O
NGUYÊN TỬ	4110	ND2	ASN	132	-23,304	13,090	-78,261	1,00	81,72	L1	N
NGUYÊN TỬ	4111	C	ASN	132	-25,920	16,049	-77,146	1,00	82,67	L1	C
NGUYÊN TỬ	4112	O	ASN	132	-25,553	15,209	-76,322	1,00	82,72	L1	O
NGUYÊN TỬ	4113	N	LYS	133	-26,400	17,241	-76,801	1,00	82,45	L1	N
NGUYÊN TỬ	4114	CA	LYS	133	-26,575	17,639	-75,408	1,00	81,60	L1	C
NGUYÊN TỬ	4115	CB	LYS	133	-25,705	18,861	-75,100	1,00	81,98	L1	C
NGUYÊN TỬ	4116	CG	LYS	133	-24,278	18,755	-75,616	1,00	82,82	L1	C
NGUYÊN TỬ	4117	CD	LYS	133	-23,379	18,012	-74,641	1,00	84,05	L1	C

NGUYÊN TỬ	4118	CE	LYS	133	-22,792	18,960	-73,604	1,00	85,60	L1	C
NGUYÊN TỬ	4119	NZ	LYS	133	-21,971	20,039	-74,232	1,00	85,73	L1	N
NGUYÊN TỬ	4120	C	LYS	133	-28,044	17,979	-75,156	1,00	81,04	L1	C
NGUYÊN TỬ	4121	O	LYS	133	-28,780	18,307	-76,087	1,00	81,66	L1	O
NGUYÊN TỬ	4122	N	ALA	134	-28,469	17,900	-73,900	1,00	79,38	L1	N
NGUYÊN TỬ	4123	CA	ALA	134	-29,825	18,294	-73,537	1,00	77,97	L1	C
NGUYÊN TỬ	4124	CB	ALA	134	-30,769	17,107	-73,687	1,00	77,34	L1	C
NGUYÊN TỬ	4125	C	ALA	134	-29,882	18,839	-72,110	1,00	77,09	L1	C
NGUYÊN TỬ	4126	O	ALA	134	-29,587	18,126	-71,147	1,00	76,45	L1	O
NGUYÊN TỬ	4127	N	THR	135	-30,262	20,107	-71,983	1,00	75,44	L1	N
NGUYÊN TỬ	4128	CA	THR	135	-30,332	20,765	-70,682	1,00	73,38	L1	C
NGUYÊN TỬ	4129	CB	THR	135	-29,333	21,937	-70,590	1,00	72,52	L1	C
NGUYÊN TỬ	4130	OG1	THR	135	-28,001	21,455	-70,806	1,00	71,97	L1	O
NGUYÊN TỬ	4131	CG2	THR	135	-29,414	22,596	-69,221	1,00	71,78	L1	C
NGUYÊN TỬ	4132	C	THR	135	-31,724	21,320	-70,404	1,00	72,81	L1	C
NGUYÊN TỬ	4133	O	THR	135	-32,213	22,186	-71,131	1,00	72,54	L1	O
NGUYÊN TỬ	4134	N	LEU	136	-32,358	20,824	-69,346	1,00	71,97	L1	N
NGUYÊN TỬ	4135	CA	LEU	136	-33,573	21,446	-68,833	1,00	71,28	L1	C
NGUYÊN TỬ	4136	CB	LEU	136	-34,423	20,421	-68,076	1,00	70,86	L1	C
NGUYÊN TỬ	4137	CG	LEU	136	-35,265	19,454	-68,911	1,00	70,08	L1	C
NGUYÊN TỬ	4138	CD1	LEU	136	-34,370	18,679	-69,858	1,00	70,16	L1	C
NGUYÊN TỬ	4139	CD2	LEU	136	-36,016	18,507	-67,992	1,00	69,02	L1	C
NGUYÊN TỬ	4140	C	LEU	136	-33,208	22,601	-67,901	1,00	71,09	L1	C
NGUYÊN TỬ	4141	O	LEU	136	-32,394	22,441	-66,987	1,00	71,21	L1	O
NGUYÊN TỬ	4142	N	VAL	137	-33,808	23,764	-68,141	1,00	69,73	L1	N
NGUYÊN TỬ	4143	CA	VAL	137	-33,551	24,943	-67,321	1,00	67,62	L1	C
NGUYÊN TỬ	4144	CB	VAL	137	-33,154	26,153	-68,190	1,00	67,33	L1	C
NGUYÊN TỬ	4145	CG1	VAL	137	-32,927	27,370	-67,311	1,00	65,83	L1	C
NGUYÊN TỬ	4146	CG2	VAL	137	-31,901	25,830	-68,989	1,00	67,16	L1	C
NGUYÊN TỬ	4147	C	VAL	137	-34,783	25,317	-66,509	1,00	66,67	L1	C
NGUYÊN TỬ	4148	O	VAL	137	-35,820	25,671	-67,067	1,00	66,72	L1	O
NGUYÊN TỬ	4149	N	CYS	138	-34,662	25,230	-65,188	1,00	65,71	L1	N
NGUYÊN TỬ	4150	CA	CYS	138	-35,747	25,611	-64,290	1,00	63,89	L1	C
NGUYÊN TỬ	4151	C	CYS	138	-35,386	26,893	-63,559	1,00	62,65	L1	C
NGUYÊN TỬ	4152	O	CYS	138	-34,407	26,939	-62,812	1,00	62,18	L1	O
NGUYÊN TỬ	4153	CB	CYS	138	-36,011	24,507	-63,268	1,00	64,16	L1	C
NGUYÊN TỬ	4154	SG	CYS	138	-37,540	24,736	-62,308	1,00	64,86	L1	S
NGUYÊN TỬ	4155	N	LEU	139	-36,182	27,933	-63,775	1,00	61,05	L1	N
NGUYÊN TỬ	4156	CA	LEU	139	-35,925	29,224	-63,156	1,00	59,25	L1	C
NGUYÊN TỬ	4157	CB	LEU	139	-35,920	30,313	-64,223	1,00	59,69	L1	C
NGUYÊN TỬ	4158	CG	LEU	139	-34,894	30,039	-65,322	1,00	60,35	L1	C
NGUYÊN TỬ	4159	CD1	LEU	139	-34,880	31,188	-66,302	1,00	61,08	L1	C
NGUYÊN TỬ	4160	CD2	LEU	139	-33,518	29,850	-64,700	1,00	60,90	L1	C
NGUYÊN TỬ	4161	C	LEU	139	-36,957	29,540	-62,078	1,00	57,87	L1	C
NGUYÊN TỬ	4162	O	LEU	139	-38,167	29,469	-62,317	1,00	57,52	L1	O
NGUYÊN TỬ	4163	N	ILE	140	-36,462	29,888	-60,893	1,00	55,44	L1	N
NGUYÊN TỬ	4164	CA	ILE	140	-37,306	30,104	-59,723	1,00	52,95	L1	C
NGUYÊN TỬ	4165	CB	ILE	140	-36,927	29,123	-58,601	1,00	52,69	L1	C
NGUYÊN TỬ	4166	CG2	ILE	140	-38,000	29,115	-57,525	1,00	50,12	L1	C
NGUYÊN TỬ	4167	CG1	ILE	140	-36,764	27,717	-59,185	1,00	51,28	L1	C
NGUYÊN TỬ	4168	CD1	ILE	140	-35,977	26,778	-58,301	1,00	51,25	L1	C
NGUYÊN TỬ	4169	C	ILE	140	-37,097	31,531	-59,230	1,00	52,13	L1	C
NGUYÊN TỬ	4170	O	ILE	140	-35,985	31,912	-58,874	1,00	51,51	L1	O
NGUYÊN TỬ	4171	N	SER	141	-38,165	32,321	-59,214	1,00	52,05	L1	N
NGUYÊN TỬ	4172	CA	SER	141	-38,045	33,739	-58,892	1,00	51,89	L1	C
NGUYÊN TỬ	4173	CB	SER	141	-38,136	34,569	-60,176	1,00	52,46	L1	C
NGUYÊN TỬ	4174	OG	SER	141	-39,277	34,202	-60,934	1,00	55,32	L1	O
NGUYÊN TỬ	4175	C	SER	141	-39,086	34,235	-57,889	1,00	50,72	L1	C
NGUYÊN TỬ	4176	O	SER	141	-40,109	33,583	-57,661	1,00	50,55	L1	O
NGUYÊN TỬ	4177	N	ASP	142	-38,802	35,387	-57,285	1,00	48,87	L1	N
NGUYÊN TỬ	4178	CA	ASP	142	-39,777	36,103	-56,470	1,00	47,69	L1	C
NGUYÊN TỬ	4179	CB	ASP	142	-40,938	36,587	-57,342	1,00	48,13	L1	C
NGUYÊN TỬ	4180	CG	ASP	142	-40,522	37,671	-58,310	1,00	47,87	L1	C
NGUYÊN TỬ	4181	OD1	ASP	142	-40,884	37,580	-59,500	1,00	49,98	L1	O
NGUYÊN TỬ	4182	OD2	ASP	142	-39,832	38,615	-57,879	1,00	48,34	L1	O
NGUYÊN TỬ	4183	C	ASP	142	-40,339	35,310	-55,298	1,00	46,46	L1	C
NGUYÊN TỬ	4184	O	ASP	142	-41,513	35,458	-54,958	1,00	47,09	L1	O
NGUYÊN TỬ	4185	N	PHE	143	-39,521	34,467	-54,678	1,00	45,07	L1	N
NGUYÊN TỬ	4186	CA	PHE	143	-39,969	33,806	-53,462	1,00	43,57	L1	C
NGUYÊN TỬ	4187	CB	PHE	143	-39,638	32,304	-53,483	1,00	45,13	L1	C
NGUYÊN TỬ	4188	CG	PHE	143	-38,186	31,989	-53,738	1,00	46,48	L1	C
NGUYÊN TỬ	4189	CD1	PHE	143	-37,335	31,673	-52,686	1,00	46,51	L1	C
NGUYÊN TỬ	4190	CD2	PHE	143	-37,684	31,963	-55,032	1,00	46,16	L1	C
NGUYÊN TỬ	4191	CE1	PHE	143	-36,010	31,334	-52,919	1,00	45,94	L1	C
NGUYÊN TỬ	4192	CE2	PHE	143	-36,360	31,626	-55,273	1,00	46,80	L1	C
NGUYÊN TỬ	4193	CZ	PHE	143	-35,522	31,310	-54,217	1,00	46,20	L1	C

NGUYÊN TỬ	4194	C	PHE	143	-39,377	34,465	-52,230	1,00	41,63	L1	C
NGUYÊN TỬ	4195	O	PHE	143	-38,354	35,150	-52,311	1,00	39,49	L1	O
NGUYÊN TỬ	4196	N	TYR	144	-40,050	34,280	-51,098	1,00	39,96	L1	N
NGUYÊN TỬ	4197	CA	TYR	144	-39,596	34,830	-49,827	1,00	40,17	L1	C
NGUYÊN TỬ	4198	CB	TYR	144	-39,838	36,343	-49,777	1,00	37,41	L1	C
NGUYÊN TỬ	4199	CG	TYR	144	-39,404	36,963	-48,468	1,00	36,24	L1	C
NGUYÊN TỬ	4200	CD1	TYR	144	-40,278	37,034	-47,386	1,00	33,84	L1	C
NGUYÊN TỬ	4201	CE1	TYR	144	-39,873	37,566	-46,176	1,00	32,19	L1	C
NGUYÊN TỬ	4202	CD2	TYR	144	-38,111	37,445	-48,300	1,00	34,26	L1	C
NGUYÊN TỬ	4203	CE2	TYR	144	-37,698	37,978	-47,095	1,00	32,36	L1	C
NGUYÊN TỬ	4204	CZ	TYR	144	-38,582	38,038	-46,038	1,00	31,01	L1	C
NGUYÊN TỬ	4205	OH	TYR	144	-38,180	38,588	-44,844	1,00	32,81	L1	O
NGUYÊN TỬ	4206	C	TYR	144	-40,340	34,158	-48,680	1,00	40,52	L1	C
NGUYÊN TỬ	4207	O	TYR	144	-41,560	34,011	-48,728	1,00	42,86	L1	O
NGUYÊN TỬ	4208	N	PRO	145	-39,615	33,740	-47,633	1,00	40,04	L1	N
NGUYÊN TỬ	4209	CD	PRO	145	-40,238	33,151	-46,436	1,00	39,62	L1	C
NGUYÊN TỬ	4210	CA	PRO	145	-38,156	33,852	-47,500	1,00	41,17	L1	C
NGUYÊN TỬ	4211	CB	PRO	145	-37,875	33,348	-46,080	1,00	40,22	L1	C
NGUYÊN TỬ	4212	CG	PRO	145	-39,073	32,561	-45,692	1,00	39,21	L1	C
NGUYÊN TỬ	4213	C	PRO	145	-37,354	33,086	-48,555	1,00	43,02	L1	C
NGUYÊN TỬ	4214	O	PRO	145	-37,912	32,315	-49,340	1,00	42,96	L1	O
NGUYÊN TỬ	4215	N	GLY	146	-36,041	33,310	-48,569	1,00	44,40	L1	N
NGUYÊN TỬ	4216	CA	GLY	146	-35,200	32,759	-49,618	1,00	46,46	L1	C
NGUYÊN TỬ	4217	C	GLY	146	-34,687	31,351	-49,356	1,00	48,24	L1	C
NGUYÊN TỬ	4218	O	GLY	146	-33,481	31,137	-49,233	1,00	47,83	L1	O
NGUYÊN TỬ	4219	N	ALA	147	-35,603	30,389	-49,279	1,00	49,04	L1	N
NGUYÊN TỬ	4220	CA	ALA	147	-35,233	28,992	-49,084	1,00	50,76	L1	C
NGUYÊN TỬ	4221	CB	ALA	147	-35,225	28,657	-47,597	1,00	48,27	L1	C
NGUYÊN TỬ	4222	C	ALA	147	-36,193	28,063	-49,825	1,00	52,27	L1	C
NGUYÊN TỬ	4223	O	ALA	147	-37,394	28,034	-49,544	1,00	54,27	L1	O
NGUYÊN TỬ	4224	N	VAL	148	-35,658	27,302	-50,773	1,00	52,98	L1	N
NGUYÊN TỬ	4225	CA	VAL	148	-36,448	26,317	-51,504	1,00	53,70	L1	C
NGUYÊN TỬ	4226	CB	VAL	148	-36,780	26,809	-52,935	1,00	52,32	L1	C
NGUYÊN TỬ	4227	CG1	VAL	148	-37,632	28,061	-52,872	1,00	51,32	L1	C
NGUYÊN TỬ	4228	CG2	VAL	148	-35,495	27,084	-53,698	1,00	50,98	L1	C
NGUYÊN TỬ	4229	C	VAL	148	-35,704	24,990	-51,615	1,00	54,30	L1	C
NGUYÊN TỬ	4230	O	VAL	148	-34,493	24,927	-51,415	1,00	53,75	L1	O
NGUYÊN TỬ	4231	N	THR	149	-36,442	23,930	-51,928	1,00	55,67	L1	N
NGUYÊN TỬ	4232	CA	THR	149	-35,835	22,680	-52,369	1,00	56,75	L1	C
NGUYÊN TỬ	4233	CB	THR	149	-36,112	21,540	-51,373	1,00	56,63	L1	C
NGUYÊN TỬ	4234	OG1	THR	149	-37,519	21,462	-51,115	1,00	55,86	L1	O
NGUYÊN TỬ	4235	CG2	THR	149	-35,364	21,780	-50,071	1,00	55,91	L1	C
NGUYÊN TỬ	4236	C	THR	149	-36,392	22,294	-53,734	1,00	58,18	L1	C
NGUYÊN TỬ	4237	O	THR	149	-37,597	22,400	-53,977	1,00	58,23	L1	O
NGUYÊN TỬ	4238	N	VAL	150	-35,510	21,849	-54,623	1,00	59,58	L1	N
NGUYÊN TỬ	4239	CA	VAL	150	-35,909	21,510	-55,983	1,00	62,22	L1	C
NGUYÊN TỬ	4240	CB	VAL	150	-35,024	22,235	-57,015	1,00	62,03	L1	C
NGUYÊN TỬ	4241	CG1	VAL	150	-35,498	21,913	-58,422	1,00	62,67	L1	C
NGUYÊN TỬ	4242	CG2	VAL	150	-35,063	23,732	-56,768	1,00	62,69	L1	C
NGUYÊN TỬ	4243	C	VAL	150	-35,833	20,008	-56,248	1,00	63,79	L1	C
NGUYÊN TỬ	4244	O	VAL	150	-34,762	19,401	-56,166	1,00	64,56	L1	O
NGUYÊN TỬ	4245	N	ALA	151	-36,978	19,414	-56,566	1,00	64,58	L1	N
NGUYÊN TỬ	4246	CA	ALA	151	-37,034	18,014	-56,964	1,00	65,49	L1	C
NGUYÊN TỬ	4247	CB	ALA	151	-38,086	17,282	-56,144	1,00	64,19	L1	C
NGUYÊN TỬ	4248	C	ALA	151	-37,364	17,913	-58,450	1,00	66,84	L1	C
NGUYÊN TỬ	4249	O	ALA	151	-38,276	18,580	-58,939	1,00	67,66	L1	O
NGUYÊN TỬ	4250	N	TRP	152	-36,613	17,084	-59,167	1,00	67,84	L1	N
NGUYÊN TỬ	4251	CA	TRP	152	-36,882	16,842	-60,579	1,00	69,16	L1	C
NGUYÊN TỬ	4252	CB	TRP	152	-35,579	16,851	-61,380	1,00	67,01	L1	C
NGUYÊN TỬ	4253	CG	TRP	152	-34,968	18,213	-61,549	1,00	64,07	L1	C
NGUYÊN TỬ	4254	CD2	TRP	152	-35,151	19,103	-62,658	1,00	62,91	L1	C
NGUYÊN TỬ	4255	CE2	TRP	152	-34,345	20,235	-62,422	1,00	62,02	L1	C
NGUYÊN TỬ	4256	CE3	TRP	152	-35,916	19,050	-63,829	1,00	62,20	L1	C
NGUYÊN TỬ	4257	CD1	TRP	152	-34,088	18,827	-60,707	1,00	62,61	L1	C
NGUYÊN TỬ	4258	NE1	TRP	152	-33,707	20,042	-61,225	1,00	61,78	L1	N
NGUYÊN TỬ	4259	CZ2	TRP	152	-34,281	21,304	-63,313	1,00	61,34	L1	C
NGUYÊN TỬ	4260	CZ3	TRP	152	-35,850	20,113	-64,714	1,00	61,43	L1	C
NGUYÊN TỬ	4261	CH2	TRP	152	-35,038	21,224	-64,451	1,00	61,91	L1	C
NGUYÊN TỬ	4262	C	TRP	152	-37,579	15,500	-60,751	1,00	71,64	L1	C
NGUYÊN TỬ	4263	O	TRP	152	-37,339	14,564	-59,985	1,00	71,81	L1	O
NGUYÊN TỬ	4264	N	LYS	153	-38,440	15,407	-61,759	1,00	73,83	L1	N
NGUYÊN TỬ	4265	CA	LYS	153	-39,267	14,221	-61,939	1,00	76,53	L1	C
NGUYÊN TỬ	4266	CB	LYS	153	-40,708	14,532	-61,520	1,00	77,51	L1	C
NGUYÊN TỬ	4267	CG	LYS	153	-41,453	13,361	-60,900	1,00	78,87	L1	C
NGUYÊN TỬ	4268	CD	LYS	153	-41,399	13,407	-59,376	1,00	79,45	L1	C
NGUYÊN TỬ	4269	CE	LYS	153	-39,981	13,219	-58,855	1,00	80,16	L1	C

NGUYÊN TỬ	4270	NZ	LYS	153	-39,927	13,194	-57,366	1,00	79,77	L1	N
NGUYÊN TỬ	4271	C	LYS	153	-39,243	13,737	-63,389	1,00	77,70	L1	C
NGUYÊN TỬ	4272	O	LYS	153	-39,608	14,475	-64,304	1,00	77,96	L1	O
NGUYÊN TỬ	4273	N	ALA	154	-38,809	12,495	-63,590	1,00	79,25	L1	N
NGUYÊN TỬ	4274	CA	ALA	154	-38,815	11,880	-64,917	1,00	80,39	L1	C
NGUYÊN TỬ	4275	CB	ALA	154	-37,575	11,013	-65,098	1,00	79,94	L1	C
NGUYÊN TỬ	4276	C	ALA	154	-40,075	11,035	-65,085	1,00	81,09	L1	C
NGUYÊN TỬ	4277	O	ALA	154	-40,234	10,008	-64,426	1,00	80,56	L1	O
NGUYÊN TỬ	4278	N	ASP	155	-40,962	11,470	-65,976	1,00	82,58	L1	N
NGUYÊN TỬ	4279	CA	ASP	155	-42,319	10,933	-66,034	1,00	84,19	L1	C
NGUYÊN TỬ	4280	CB	ASP	155	-42,302	9,446	-66,414	1,00	85,20	L1	C
NGUYÊN TỬ	4281	CG	ASP	155	-42,034	9,222	-67,893	1,00	86,13	L1	C
NGUYÊN TỬ	4282	OD1	ASP	155	-42,635	9,939	-68,723	1,00	85,84	L1	O
NGUYÊN TỬ	4283	OD2	ASP	155	-41,225	8,326	-68,225	1,00	86,10	L1	O
NGUYÊN TỬ	4284	C	ASP	155	-42,981	11,105	-64,673	1,00	84,53	L1	C
NGUYÊN TỬ	4285	O	ASP	155	-43,575	12,144	-64,388	1,00	84,90	L1	O
NGUYÊN TỬ	4286	N	SER	156	-42,866	10,081	-63,834	1,00	84,79	L1	N
NGUYÊN TỬ	4287	CA	SER	156	-43,383	10,136	-62,472	1,00	84,82	L1	C
NGUYÊN TỬ	4288	CB	SER	156	-44,545	9,154	-62,310	1,00	85,15	L1	C
NGUYÊN TỬ	4289	OG	SER	156	-45,527	9,358	-63,312	1,00	85,88	L1	O
NGUYÊN TỬ	4290	C	SER	156	-42,270	9,777	-61,495	1,00	84,72	L1	C
NGUYÊN TỬ	4291	O	SER	156	-42,374	10,029	-60,295	1,00	84,40	L1	O
NGUYÊN TỬ	4292	N	SER	157	-41,205	9,182	-62,023	1,00	84,73	L1	N
NGUYÊN TỬ	4293	CA	SER	157	-40,101	8,708	-61,198	1,00	84,69	L1	C
NGUYÊN TỬ	4294	CB	SER	157	-39,301	7,635	-61,946	1,00	84,54	L1	C
NGUYÊN TỬ	4295	OG	SER	157	-40,079	6,469	-62,163	1,00	84,37	L1	O
NGUYÊN TỬ	4296	C	SER	157	-39,169	9,843	-60,796	1,00	84,54	L1	C
NGUYÊN TỬ	4297	O	SER	157	-38,933	10,776	-61,565	1,00	83,92	L1	O
NGUYÊN TỬ	4298	N	PRO	158	-38,631	9,773	-59,571	1,00	84,51	L1	N
NGUYÊN TỬ	4299	CD	PRO	158	-39,055	8,832	-58,521	1,00	84,52	L1	C
NGUYÊN TỬ	4300	CA	PRO	158	-37,633	10,728	-59,079	1,00	84,62	L1	C
NGUYÊN TỬ	4301	CB	PRO	158	-37,393	10,286	-57,635	1,00	84,58	L1	C
NGUYÊN TỬ	4302	CG	PRO	158	-38,625	9,522	-57,263	1,00	84,46	L1	C
NGUYÊN TỬ	4303	C	PRO	158	-36,352	10,680	-59,909	1,00	84,68	L1	C
NGUYÊN TỬ	4304	O	PRO	158	-35,918	9,607	-60,333	1,00	84,90	L1	O
NGUYÊN TỬ	4305	N	VAL	159	-35,753	11,844	-60,141	1,00	84,33	L1	N
NGUYÊN TỬ	4306	CA	VAL	159	-34,479	11,919	-60,847	1,00	83,83	L1	C
NGUYÊN TỬ	4307	CB	VAL	159	-34,463	13,086	-61,860	1,00	84,04	L1	C
NGUYÊN TỬ	4308	CG1	VAL	159	-33,084	13,210	-62,492	1,00	83,62	L1	C
NGUYÊN TỬ	4309	CG2	VAL	159	-35,516	12,857	-62,931	1,00	83,67	L1	C
NGUYÊN TỬ	4310	C	VAL	159	-33,328	12,110	-59,864	1,00	83,32	L1	C
NGUYÊN TỬ	4311	O	VAL	159	-33,329	13,042	-59,060	1,00	83,25	L1	O
NGUYÊN TỬ	4312	N	LYS	160	-32,345	11,221	-59,937	1,00	82,48	L1	N
NGUYÊN TỬ	4313	CA	LYS	160	-31,199	11,284	-59,040	1,00	81,67	L1	C
NGUYÊN TỬ	4314	CB	LYS	160	-30,533	9,905	-58,947	1,00	81,53	L1	C
NGUYÊN TỬ	4315	CG	LYS	160	-31,408	8,839	-58,305	1,00	81,07	L1	C
NGUYÊN TỬ	4316	CD	LYS	160	-31,257	7,491	-58,997	1,00	80,52	L1	C
NGUYÊN TỬ	4317	CE	LYS	160	-32,249	6,480	-58,440	1,00	80,19	L1	C
NGUYÊN TỬ	4318	NZ	LYS	160	-32,296	5,224	-59,240	1,00	80,25	L1	N
NGUYÊN TỬ	4319	C	LYS	160	-30,180	12,328	-59,499	1,00	80,59	L1	C
NGUYÊN TỬ	4320	O	LYS	160	-30,155	13,449	-58,990	1,00	80,48	L1	O
NGUYÊN TỬ	4321	N	ALA	161	-29,352	11,958	-60,472	1,00	78,88	L1	N
NGUYÊN TỬ	4322	CA	ALA	161	-28,194	12,764	-60,839	1,00	76,98	L1	C
NGUYÊN TỬ	4323	CB	ALA	161	-27,015	11,855	-61,163	1,00	77,49	L1	C
NGUYÊN TỬ	4324	C	ALA	161	-28,471	13,694	-62,014	1,00	75,33	L1	C
NGUYÊN TỬ	4325	O	ALA	161	-29,578	13,719	-62,554	1,00	74,70	L1	O
NGUYÊN TỬ	4326	N	GLY	162	-27,450	14,455	-62,400	1,00	73,68	L1	N
NGUYÊN TỬ	4327	CA	GLY	162	-27,592	15,404	-63,490	1,00	71,48	L1	C
NGUYÊN TỬ	4328	C	GLY	162	-28,113	16,746	-63,013	1,00	70,15	L1	C
NGUYÊN TỬ	4329	O	GLY	162	-28,263	17,681	-63,802	1,00	69,01	L1	O
NGUYÊN TỬ	4330	N	VAL	163	-28,383	16,839	-61,713	1,00	69,08	L1	N
NGUYÊN TỬ	4331	CA	VAL	163	-29,013	18,020	-61,132	1,00	67,56	L1	C
NGUYÊN TỬ	4332	CB	VAL	163	-29,963	17,627	-59,978	1,00	67,21	L1	C
NGUYÊN TỬ	4333	CG1	VAL	163	-30,631	18,868	-59,406	1,00	66,89	L1	C
NGUYÊN TỬ	4334	CG2	VAL	163	-31,006	16,642	-60,477	1,00	66,02	L1	C
NGUYÊN TỬ	4335	C	VAL	163	-27,986	19,019	-60,601	1,00	66,76	L1	C
NGUYÊN TỬ	4336	O	VAL	163	-27,082	18,659	-59,846	1,00	65,41	L1	O
NGUYÊN TỬ	4337	N	GLU	164	-28,139	20,277	-61,000	1,00	66,54	L1	N
NGUYÊN TỬ	4338	CA	GLU	164	-27,250	21,345	-60,551	1,00	66,37	L1	C
NGUYÊN TỬ	4339	CB	GLU	164	-26,269	21,708	-61,667	1,00	67,88	L1	C
NGUYÊN TỬ	4340	CG	GLU	164	-24,859	21,983	-61,192	1,00	69,70	L1	C
NGUYÊN TỬ	4341	CD	GLU	164	-24,073	20,712	-60,971	1,00	70,76	L1	C
NGUYÊN TỬ	4342	OE1	GLU	164	-23,934	20,298	-59,801	1,00	71,18	L1	O
NGUYÊN TỬ	4343	OE2	GLU	164	-23,597	20,127	-61,969	1,00	71,13	L1	O
NGUYÊN TỬ	4344	C	GLU	164	-28,076	22,577	-60,174	1,00	64,94	L1	C
NGUYÊN TỬ	4345	O	GLU	164	-28,643	23,243	-61,041	1,00	64,32	L1	O

NGUYÊN TỬ	4346	N	THR	165	-28,140	22,876	-58,881	1,00	62,91	L1	N
NGUYÊN TỬ	4347	CA	THR	165	-28,991	23,957	-58,391	1,00	61,09	L1	C
NGUYÊN TỬ	4348	CB	THR	165	-30,086	23,418	-57,441	1,00	60,86	L1	C
NGUYÊN TỬ	4349	OG1	THR	165	-30,918	22,485	-58,144	1,00	60,45	L1	O
NGUYÊN TỬ	4350	CG2	THR	165	-30,947	24,560	-56,915	1,00	59,22	L1	C
NGUYÊN TỬ	4351	C	THR	165	-28,192	25,025	-57,649	1,00	59,97	L1	C
NGUYÊN TỬ	4352	O	THR	165	-27,360	24,714	-56,795	1,00	60,22	L1	O
NGUYÊN TỬ	4353	N	THR	166	-28,455	26,286	-57,973	1,00	57,86	L1	N
NGUYÊN TỬ	4354	CA	THR	166	-27,779	27,393	-57,312	1,00	57,52	L1	C
NGUYÊN TỬ	4355	CB	THR	166	-27,989	28,715	-58,071	1,00	57,94	L1	C
NGUYÊN TỬ	4356	OG1	THR	166	-29,386	29,037	-58,088	1,00	56,92	L1	O
NGUYÊN TỬ	4357	CG2	THR	166	-27,471	28,599	-59,496	1,00	57,35	L1	C
NGUYÊN TỬ	4358	C	THR	166	-28,276	27,600	-55,883	1,00	56,25	L1	C
NGUYÊN TỬ	4359	O	THR	166	-29,303	27,052	-55,475	1,00	55,75	L1	O
NGUYÊN TỬ	4360	N	THR	167	-27,536	28,400	-55,127	1,00	54,65	L1	N
NGUYÊN TỬ	4361	CA	THR	167	-28,032	28,910	-53,860	1,00	54,27	L1	C
NGUYÊN TỬ	4362	CB	THR	167	-26,877	29,393	-52,963	1,00	54,52	L1	C
NGUYÊN TỬ	4363	OG1	THR	167	-26,172	30,451	-53,623	1,00	53,89	L1	O
NGUYÊN TỬ	4364	CG2	THR	167	-25,909	28,250	-52,680	1,00	54,44	L1	C
NGUYÊN TỬ	4365	C	THR	167	-28,949	30,089	-54,161	1,00	53,66	L1	C
NGUYÊN TỬ	4366	O	THR	167	-28,730	30,829	-55,121	1,00	52,20	L1	O
NGUYÊN TỬ	4367	N	PRO	168	-29,998	30,273	-53,351	1,00	54,17	L1	N
NGUYÊN TỬ	4368	CD	PRO	168	-30,507	29,340	-52,331	1,00	53,81	L1	C
NGUYÊN TỬ	4369	CA	PRO	168	-30,894	31,418	-53,544	1,00	53,90	L1	C
NGUYÊN TỬ	4370	CB	PRO	168	-31,944	31,238	-52,450	1,00	53,59	L1	C
NGUYÊN TỬ	4371	CG	PRO	168	-31,945	29,761	-52,185	1,00	54,66	L1	C
NGUYÊN TỬ	4372	C	PRO	168	-30,153	32,748	-53,427	1,00	53,20	L1	C
NGUYÊN TỬ	4373	O	PRO	168	-29,358	32,942	-52,511	1,00	54,37	L1	O
NGUYÊN TỬ	4374	N	SER	169	-30,413	33,654	-54,363	1,00	52,86	L1	N
NGUYÊN TỬ	4375	CA	SER	169	-29,782	34,971	-54,360	1,00	52,56	L1	C
NGUYÊN TỬ	4376	CB	SER	169	-28,984	35,169	-55,647	1,00	51,77	L1	C
NGUYÊN TỬ	4377	OG	SER	169	-29,775	34,846	-56,779	1,00	53,89	L1	O
NGUYÊN TỬ	4378	C	SER	169	-30,821	36,083	-54,224	1,00	52,72	L1	C
NGUYÊN TỬ	4379	O	SER	169	-31,943	35,962	-54,716	1,00	51,23	L1	O
NGUYÊN TỬ	4380	N	LYS	170	-30,440	37,167	-53,556	1,00	53,95	L1	N
NGUYÊN TỬ	4381	CA	LYS	170	-31,375	38,246	-53,266	1,00	55,76	L1	C
NGUYÊN TỬ	4382	CB	LYS	170	-30,868	39,080	-52,086	1,00	57,25	L1	C
NGUYÊN TỬ	4383	CG	LYS	170	-31,817	40,193	-51,657	1,00	59,84	L1	C
NGUYÊN TỬ	4384	CD	LYS	170	-31,307	40,916	-50,417	1,00	60,88	L1	C
NGUYÊN TỬ	4385	CE	LYS	170	-31,110	39,953	-49,254	1,00	63,31	L1	C
NGUYÊN TỬ	4386	NZ	LYS	170	-32,375	39,253	-48,887	1,00	65,05	L1	N
NGUYÊN TỬ	4387	C	LYS	170	-31,590	39,147	-54,478	1,00	55,79	L1	C
NGUYÊN TỬ	4388	O	LYS	170	-30,646	39,745	-54,992	1,00	56,34	L1	O
NGUYÊN TỬ	4389	N	GLN	171	-32,839	39,240	-54,927	1,00	55,98	L1	N
NGUYÊN TỬ	4390	CA	GLN	171	-33,200	40,121	-56,032	1,00	56,08	L1	C
NGUYÊN TỬ	4391	CB	GLN	171	-34,559	39,716	-56,610	1,00	54,88	L1	C
NGUYÊN TỬ	4392	CG	GLN	171	-34,622	38,299	-57,149	1,00	55,49	L1	C
NGUYÊN TỬ	4393	CD	GLN	171	-36,046	37,850	-57,439	1,00	56,91	L1	C
NGUYÊN TỬ	4394	OE1	GLN	171	-36,271	36,805	-58,053	1,00	56,50	L1	O
NGUYÊN TỬ	4395	NE2	GLN	171	-37,018	38,643	-56,995	1,00	56,59	L1	N
NGUYÊN TỬ	4396	C	GLN	171	-33,263	41,575	-55,567	1,00	57,33	L1	C
NGUYÊN TỬ	4397	O	GLN	171	-32,982	41,882	-54,407	1,00	58,32	L1	O
NGUYÊN TỬ	4398	N	SER	172	-33,637	42,465	-56,481	1,00	57,40	L1	N
NGUYÊN TỬ	4399	CA	SER	172	-33,736	43,889	-56,178	1,00	57,00	L1	C
NGUYÊN TỬ	4400	CB	SER	172	-33,911	44,682	-57,473	1,00	57,43	L1	C
NGUYÊN TỬ	4401	OG	SER	172	-34,948	44,123	-58,263	1,00	58,48	L1	O
NGUYÊN TỬ	4402	C	SER	172	-34,900	44,183	-55,233	1,00	56,38	L1	C
NGUYÊN TỬ	4403	O	SER	172	-34,776	45,001	-54,322	1,00	57,23	L1	O
NGUYÊN TỬ	4404	N	ASN	173	-36,026	43,511	-55,454	1,00	54,81	L1	N
NGUYÊN TỬ	4405	CA	ASN	173	-37,207	43,684	-54,613	1,00	52,81	L1	C
NGUYÊN TỬ	4406	CB	ASN	173	-38,442	43,191	-55,356	1,00	53,01	L1	C
NGUYÊN TỬ	4407	CG	ASN	173	-38,286	41,770	-55,848	1,00	54,06	L1	C
NGUYÊN TỬ	4408	OD1	ASN	173	-37,432	41,027	-55,364	1,00	54,19	L1	O
NGUYÊN TỬ	4409	ND2	ASN	173	-39,108	41,383	-56,816	1,00	54,46	L1	N
NGUYÊN TỬ	4410	C	ASN	173	-37,062	42,919	-53,298	1,00	52,76	L1	C
NGUYÊN TỬ	4411	O	ASN	173	-38,020	42,770	-52,540	1,00	51,62	L1	O
NGUYÊN TỬ	4412	N	ASN	174	-35,858	42,423	-53,042	1,00	52,25	L1	N
NGUYÊN TỬ	4413	CA	ASN	174	-35,560	41,753	-51,788	1,00	50,29	L1	C
NGUYÊN TỬ	4414	CB	ASN	174	-35,930	42,661	-50,615	1,00	53,67	L1	C
NGUYÊN TỬ	4415	CG	ASN	174	-34,994	43,848	-50,488	1,00	55,99	L1	C
NGUYÊN TỬ	4416	OD1	ASN	174	-33,839	43,694	-50,091	1,00	58,37	L1	O
NGUYÊN TỬ	4417	ND2	ASN	174	-35,483	45,037	-50,830	1,00	56,42	L1	N
NGUYÊN TỬ	4418	C	ASN	174	-36,253	40,402	-51,654	1,00	48,00	L1	C
NGUYÊN TỬ	4419	O	ASN	174	-36,163	39,755	-50,611	1,00	45,22	L1	O
NGUYÊN TỬ	4420	N	LYS	175	-36,944	39,977	-52,709	1,00	46,20	L1	N
NGUYÊN TỬ	4421	CA	LYS	175	-37,315	38,574	-52,844	1,00	45,58	L1	C

NGUYÊN TỬ	4422	CB	LYS	175	-38,486	38,410	-53,819	1,00	44,39	L1	C
NGUYÊN TỬ	4423	CG	LYS	175	-39,801	39,024	-53,348	1,00	44,61	L1	C
NGUYÊN TỬ	4424	CD	LYS	175	-40,991	38,369	-54,048	1,00	44,52	L1	C
NGUYÊN TỬ	4425	CE	LYS	175	-42,325	38,951	-53,593	1,00	44,60	L1	C
NGUYÊN TỬ	4426	NZ	LYS	175	-42,567	40,326	-54,117	1,00	43,73	L1	N
NGUYÊN TỬ	4427	C	LYS	175	-36,095	37,812	-53,359	1,00	46,51	L1	C
NGUYÊN TỬ	4428	O	LYS	175	-35,042	38,404	-53,590	1,00	46,31	L1	O
NGUYÊN TỬ	4429	N	TYR	176	-36,229	36,503	-53,535	1,00	47,57	L1	N
NGUYÊN TỬ	4430	CA	TYR	176	-35,092	35,680	-53,940	1,00	49,06	L1	C
NGUYÊN TỬ	4431	CB	TYR	176	-34,766	34,665	-52,847	1,00	47,73	L1	C
NGUYÊN TỬ	4432	CG	TYR	176	-34,098	35,252	-51,631	1,00	48,77	L1	C
NGUYÊN TỬ	4433	CD1	TYR	176	-32,771	34,961	-51,345	1,00	49,57	L1	C
NGUYÊN TỬ	4434	CE1	TYR	176	-32,160	35,455	-50,210	1,00	51,42	L1	C
NGUYÊN TỬ	4435	CD2	TYR	176	-34,799	36,066	-50,743	1,00	48,10	L1	C
NGUYÊN TỬ	4436	CE2	TYR	176	-34,193	36,568	-49,600	1,00	48,23	L1	C
NGUYÊN TỬ	4437	CZ	TYR	176	-32,871	36,255	-49,339	1,00	50,96	L1	C
NGUYÊN TỬ	4438	OH	TYR	176	-32,247	36,721	-48,202	1,00	51,85	L1	O
NGUYÊN TỬ	4439	C	TYR	176	-35,296	34,936	-55,260	1,00	50,28	L1	C
NGUYÊN TỬ	4440	O	TYR	176	-36,421	34,615	-55,648	1,00	50,45	L1	O
NGUYÊN TỬ	4441	N	ALA	177	-34,186	34,658	-55,937	1,00	50,51	L1	N
NGUYÊN TỬ	4442	CA	ALA	177	-34,201	33,888	-57,170	1,00	52,09	L1	C
NGUYÊN TỬ	4443	CB	ALA	177	-33,844	34,784	-58,352	1,00	50,29	L1	C
NGUYÊN TỬ	4444	C	ALA	177	-33,212	32,731	-57,074	1,00	53,43	L1	C
NGUYÊN TỬ	4445	O	ALA	177	-32,246	32,784	-56,307	1,00	52,69	L1	O
NGUYÊN TỬ	4446	N	ALA	178	-33,459	31,689	-57,861	1,00	54,62	L1	N
NGUYÊN TỬ	4447	CA	ALA	178	-32,601	30,513	-57,875	1,00	55,83	L1	C
NGUYÊN TỬ	4448	CB	ALA	178	-33,021	29,550	-56,773	1,00	55,75	L1	C
NGUYÊN TỬ	4449	C	ALA	178	-32,690	29,825	-59,230	1,00	56,94	L1	C
NGUYÊN TỬ	4450	O	ALA	178	-33,667	29,995	-59,958	1,00	56,28	L1	O
NGUYÊN TỬ	4451	N	SER	179	-31,662	29,052	-59,563	1,00	58,47	L1	N
NGUYÊN TỬ	4452	CA	SER	179	-31,650	28,281	-60,800	1,00	59,49	L1	C
NGUYÊN TỬ	4453	CB	SER	179	-30,569	28,812	-61,742	1,00	58,95	L1	C
NGUYÊN TỬ	4454	OG	SER	179	-30,847	30,142	-62,130	1,00	60,29	L1	O
NGUYÊN TỬ	4455	C	SER	179	-31,395	26,805	-60,520	1,00	60,01	L1	C
NGUYÊN TỬ	4456	O	SER	179	-30,626	26,455	-59,625	1,00	60,02	L1	O
NGUYÊN TỬ	4457	N	SER	180	-32,050	25,943	-61,290	1,00	60,42	L1	N
NGUYÊN TỬ	4458	CA	SER	180	-31,746	24,520	-61,264	1,00	61,35	L1	C
NGUYÊN TỬ	4459	CB	SER	180	-32,836	23,755	-60,509	1,00	60,80	L1	C
NGUYÊN TỬ	4460	OG	SER	180	-32,458	22,404	-60,306	1,00	59,95	L1	O
NGUYÊN TỬ	4461	C	SER	180	-31,637	23,994	-62,690	1,00	62,30	L1	C
NGUYÊN TỬ	4462	O	SER	180	-32,556	24,150	-63,493	1,00	61,67	L1	O
NGUYÊN TỬ	4463	N	TYR	181	-30,505	23,376	-63,003	1,00	63,90	L1	N
NGUYÊN TỬ	4464	CA	TYR	181	-30,283	22,822	-64,332	1,00	64,83	L1	C
NGUYÊN TỬ	4465	CB	TYR	181	-28,971	23,354	-64,904	1,00	63,82	L1	C
NGUYÊN TỬ	4466	CG	TYR	181	-28,972	24,844	-65,154	1,00	64,75	L1	C
NGUYÊN TỬ	4467	CD1	TYR	181	-28,789	25,744	-64,112	1,00	64,15	L1	C
NGUYÊN TỬ	4468	CE1	TYR	181	-28,756	27,107	-64,346	1,00	65,10	L1	C
NGUYÊN TỬ	4469	CD2	TYR	181	-29,127	25,350	-66,439	1,00	63,88	L1	C
NGUYÊN TỬ	4470	CE2	TYR	181	-29,096	26,708	-66,682	1,00	63,92	L1	C
NGUYÊN TỬ	4471	CZ	TYR	181	-28,908	27,583	-65,634	1,00	65,26	L1	C
NGUYÊN TỬ	4472	OH	TYR	181	-28,850	28,934	-65,881	1,00	65,71	L1	O
NGUYÊN TỬ	4473	C	TYR	181	-30,244	21,302	-64,290	1,00	66,15	L1	C
NGUYÊN TỬ	4474	O	TYR	181	-29,520	20,712	-63,486	1,00	66,57	L1	O
NGUYÊN TỬ	4475	N	LEU	182	-31,030	20,668	-65,152	1,00	67,55	L1	N
NGUYÊN TỬ	4476	CA	LEU	182	-30,982	19,217	-65,284	1,00	69,82	L1	C
NGUYÊN TỬ	4477	CB	LEU	182	-32,388	18,618	-65,181	1,00	69,84	L1	C
NGUYÊN TỬ	4478	CG	LEU	182	-32,470	17,116	-65,479	1,00	70,75	L1	C
NGUYÊN TỬ	4479	CD1	LEU	182	-31,428	16,367	-64,653	1,00	70,11	L1	C
NGUYÊN TỬ	4480	CD2	LEU	182	-33,870	16,602	-65,179	1,00	70,49	L1	C
NGUYÊN TỬ	4481	C	LEU	182	-30,351	18,814	-66,613	1,00	70,96	L1	C
NGUYÊN TỬ	4482	O	LEU	182	-30,884	19,117	-67,683	1,00	71,15	L1	O
NGUYÊN TỬ	4483	N	SER	183	-29,214	18,131	-66,536	1,00	71,50	L1	N
NGUYÊN TỬ	4484	CA	SER	183	-28,553	17,619	-67,728	1,00	71,86	L1	C
NGUYÊN TỬ	4485	CB	SER	183	-27,033	17,734	-67,584	1,00	71,20	L1	C
NGUYÊN TỬ	4486	OG	SER	183	-26,626	19,092	-67,550	1,00	70,56	L1	O
NGUYÊN TỬ	4487	C	SER	183	-28,937	16,166	-67,964	1,00	72,44	L1	C
NGUYÊN TỬ	4488	O	SER	183	-28,869	15,339	-67,057	1,00	72,17	L1	O
NGUYÊN TỬ	4489	N	LEU	184	-29,353	15,865	-69,188	1,00	73,34	L1	N
NGUYÊN TỬ	4490	CA	LEU	184	-29,605	14,489	-69,591	1,00	74,57	L1	C
NGUYÊN TỬ	4491	CB	LEU	184	-31,074	14,125	-69,346	1,00	74,23	L1	C
NGUYÊN TỬ	4492	CG	LEU	184	-32,149	15,157	-69,697	1,00	73,95	L1	C
NGUYÊN TỬ	4493	CD1	LEU	184	-32,186	15,392	-71,194	1,00	74,22	L1	C
NGUYÊN TỬ	4494	CD2	LEU	184	-33,496	14,657	-69,211	1,00	73,72	L1	C
NGUYÊN TỬ	4495	C	LEU	184	-29,243	14,299	-71,060	1,00	75,82	L1	C
NGUYÊN TỬ	4496	O	LEU	184	-29,060	15,273	-71,791	1,00	75,56	L1	O
NGUYÊN TỬ	4497	N	THR	185	-29,124	13,047	-71,489	1,00	77,26	L1	N

NGUYÊN TỬ	4498	CA	THR	185	-28,787	12,766	-72,878	1,00	78,90	L1	C
NGUYÊN TỬ	4499	CB	THR	185	-28,252	11,321	-73,056	1,00	79,12	L1	C
NGUYÊN TỬ	4500	OG1	THR	185	-29,259	10,378	-72,664	1,00	79,12	L1	O
NGUYÊN TỬ	4501	CG2	THR	185	-27,001	11,109	-72,210	1,00	78,20	L1	C
NGUYÊN TỬ	4502	C	THR	185	-30,023	12,955	-73,748	1,00	79,76	L1	C
NGUYÊN TỬ	4503	O	THR	185	-31,148	12,692	-73,313	1,00	79,50	L1	O
NGUYÊN TỬ	4504	N	PRO	186	-29,828	13,420	-74,992	1,00	80,66	L1	N
NGUYÊN TỬ	4505	CD	PRO	186	-28,522	13,709	-75,608	1,00	80,61	L1	C
NGUYÊN TỬ	4506	CA	PRO	186	-30,939	13,701	-75,908	1,00	81,88	L1	C
NGUYÊN TỬ	4507	CB	PRO	186	-30,240	14,073	-77,215	1,00	81,41	L1	C
NGUYÊN TỬ	4508	CG	PRO	186	-28,889	14,557	-76,788	1,00	80,92	L1	C
NGUYÊN TỬ	4509	C	PRO	186	-31,843	12,485	-76,068	1,00	83,38	L1	C
NGUYÊN TỬ	4510	O	PRO	186	-33,050	12,612	-76,280	1,00	83,33	L1	O
NGUYÊN TỬ	4511	N	GLU	187	-31,242	11,305	-75,955	1,00	84,89	L1	N
NGUYÊN TỬ	4512	CA	GLU	187	-31,967	10,050	-76,094	1,00	86,26	L1	C
NGUYÊN TỬ	4513	CB	GLU	187	-30,988	8,872	-76,050	1,00	86,44	L1	C
NGUYÊN TỬ	4514	CG	GLU	187	-29,896	8,924	-77,117	1,00	87,62	L1	C
NGUYÊN TỬ	4515	CD	GLU	187	-28,843	9,992	-76,843	1,00	88,12	L1	C
NGUYÊN TỬ	4516	OE1	GLU	187	-28,057	9,823	-75,886	1,00	88,36	L1	O
NGUYÊN TỬ	4517	OE2	GLU	187	-28,800	10,996	-77,587	1,00	87,80	L1	O
NGUYÊN TỬ	4518	C	GLU	187	-33,007	9,900	-74,987	1,00	86,75	L1	C
NGUYÊN TỬ	4519	O	GLU	187	-34,201	9,762	-75,260	1,00	87,11	L1	O
NGUYÊN TỬ	4520	N	GLN	188	-32,551	9,938	-73,738	1,00	86,85	L1	N
NGUYÊN TỬ	4521	CA	GLN	188	-33,449	9,776	-72,601	1,00	86,86	L1	C
NGUYÊN TỬ	4522	CB	GLN	188	-32,645	9,606	-71,310	1,00	86,25	L1	C
NGUYÊN TỬ	4523	CG	GLN	188	-31,628	10,699	-71,052	1,00	86,47	L1	C
NGUYÊN TỬ	4524	CD	GLN	188	-30,730	10,378	-69,873	1,00	86,63	L1	C
NGUYÊN TỬ	4525	OE1	GLN	188	-29,527	10,641	-69,901	1,00	86,47	L1	O
NGUYÊN TỬ	4526	NE2	GLN	188	-31,312	9,802	-68,828	1,00	86,42	L1	N
NGUYÊN TỬ	4527	C	GLN	188	-34,415	10,951	-72,466	1,00	87,03	L1	C
NGUYÊN TỬ	4528	O	GLN	188	-35,455	10,836	-71,817	1,00	86,87	L1	O
NGUYÊN TỬ	4529	N	TRP	189	-34,072	12,078	-73,085	1,00	86,98	L1	N
NGUYÊN TỬ	4530	CA	TRP	189	-34,980	13,220	-73,142	1,00	87,11	L1	C
NGUYÊN TỬ	4531	CB	TRP	189	-34,300	14,398	-73,847	1,00	87,05	L1	C
NGUYÊN TỬ	4532	CG	TRP	189	-35,253	15,455	-74,337	1,00	87,49	L1	C
NGUYÊN TỬ	4533	CD2	TRP	189	-36,222	16,172	-73,558	1,00	87,50	L1	C
NGUYÊN TỬ	4534	CE2	TRP	189	-36,888	17,056	-74,430	1,00	87,06	L1	C
NGUYÊN TỬ	4535	CE3	TRP	189	-36,590	16,151	-72,208	1,00	87,12	L1	C
NGUYÊN TỬ	4536	CD1	TRP	189	-35,371	15,923	-75,615	1,00	87,14	L1	C
NGUYÊN TỬ	4537	NE1	TRP	189	-36,351	16,885	-75,679	1,00	87,03	L1	N
NGUYÊN TỬ	4538	CZ2	TRP	189	-37,900	17,911	-73,998	1,00	87,27	L1	C
NGUYÊN TỬ	4539	CZ3	TRP	189	-37,597	17,000	-71,781	1,00	87,07	L1	C
NGUYÊN TỬ	4540	CH2	TRP	189	-38,239	17,868	-72,673	1,00	87,37	L1	C
NGUYÊN TỬ	4541	C	TRP	189	-36,256	12,839	-73,886	1,00	87,39	L1	C
NGUYÊN TỬ	4542	O	TRP	189	-37,366	13,094	-73,416	1,00	86,90	L1	O
NGUYÊN TỬ	4543	N	LYS	190	-36,086	12,216	-75,047	1,00	88,13	L1	N
NGUYÊN TỬ	4544	CA	LYS	190	-37,209	11,865	-75,910	1,00	88,58	L1	C
NGUYÊN TỬ	4545	CB	LYS	190	-36,711	11,657	-77,343	1,00	88,28	L1	C
NGUYÊN TỬ	4546	CG	LYS	190	-35,788	12,759	-77,847	1,00	87,78	L1	C
NGUYÊN TỬ	4547	CD	LYS	190	-36,571	13,950	-78,371	1,00	87,40	L1	C
NGUYÊN TỬ	4548	CE	LYS	190	-37,307	13,602	-79,657	1,00	86,94	L1	C
NGUYÊN TỬ	4549	NZ	LYS	190	-38,075	14,758	-80,198	1,00	86,22	L1	N
NGUYÊN TỬ	4550	C	LYS	190	-37,917	10,600	-75,423	1,00	88,94	L1	C
NGUYÊN TỬ	4551	O	LYS	190	-39,079	10,361	-75,756	1,00	88,78	L1	O
NGUYÊN TỬ	4552	N	SER	191	-37,212	9,797	-74,631	1,00	89,21	L1	N
NGUYÊN TỬ	4553	CA	SER	191	-37,719	8,494	-74,213	1,00	89,73	L1	C
NGUYÊN TỬ	4554	CB	SER	191	-36,556	7,586	-73,801	1,00	90,11	L1	C
NGUYÊN TỬ	4555	OG	SER	191	-35,907	8,073	-72,639	1,00	90,61	L1	O
NGUYÊN TỬ	4556	C	SER	191	-38,728	8,582	-73,068	1,00	89,98	L1	C
NGUYÊN TỬ	4557	O	SER	191	-39,285	7,567	-72,645	1,00	89,77	L1	O
NGUYÊN TỬ	4558	N	HIS	192	-38,957	9,790	-72,561	1,00	90,04	L1	N
NGUYÊN TỬ	4559	CA	HIS	192	-39,911	9,986	-71,474	1,00	89,79	L1	C
NGUYÊN TỬ	4560	CB	HIS	192	-39,214	10,625	-70,268	1,00	89,58	L1	C
NGUYÊN TỬ	4561	CG	HIS	192	-38,255	9,712	-69,569	1,00	89,63	L1	C
NGUYÊN TỬ	4562	CD2	HIS	192	-36,938	9,472	-69,776	1,00	89,30	L1	C
NGUYÊN TỬ	4563	ND1	HIS	192	-38,625	8,915	-68,506	1,00	89,88	L1	N
NGUYÊN TỬ	4564	CE1	HIS	192	-37,578	8,225	-68,089	1,00	89,37	L1	C
NGUYÊN TỬ	4565	NE2	HIS	192	-36,541	8,545	-68,843	1,00	89,09	L1	N
NGUYÊN TỬ	4566	C	HIS	192	-41,093	10,850	-71,906	1,00	89,78	L1	C
NGUYÊN TỬ	4567	O	HIS	192	-40,961	11,703	-72,785	1,00	89,72	L1	O
NGUYÊN TỬ	4568	N	ARG	193	-42,246	10,620	-71,282	1,00	89,66	L1	N
NGUYÊN TỬ	4569	CA	ARG	193	-43,456	11,380	-71,583	1,00	89,47	L1	C
NGUYÊN TỬ	4570	CB	ARG	193	-44,650	10,806	-70,812	1,00	90,32	L1	C
NGUYÊN TỬ	4571	CG	ARG	193	-45,282	9,593	-71,468	1,00	91,88	L1	C
NGUYÊN TỬ	4572	CD	ARG	193	-45,834	9,961	-72,836	1,00	93,71	L1	C
NGUYÊN TỬ	4573	NE	ARG	193	-46,143	8,787	-73,648	1,00	94,98	L1	N

NGUYÊN TỬ	4574	CZ	ARG	193	-46,579	8,844	-74,904	1,00	95,50	L1	C
NGUYÊN TỬ	4575	NH1	ARG	193	-46,834	7,725	-75,570	1,00	95,39	L1	N
NGUYÊN TỬ	4576	NH2	ARG	193	-46,761	10,020	-75,492	1,00	95,47	L1	N
NGUYÊN TỬ	4577	C	ARG	193	-43,300	12,862	-71,251	1,00	88,54	L1	C
NGUYÊN TỬ	4578	O	ARG	193	-43,756	13,724	-72,004	1,00	88,43	L1	O
NGUYÊN TỬ	4579	N	SER	194	-42,658	13,150	-70,121	1,00	87,52	L1	N
NGUYÊN TỬ	4580	CA	SER	194	-42,402	14,528	-69,707	1,00	85,86	L1	C
NGUYÊN TỬ	4581	CB	SER	194	-43,723	15,262	-69,446	1,00	85,32	L1	C
NGUYÊN TỬ	4582	OG	SER	194	-44,394	14,726	-68,318	1,00	83,93	L1	O
NGUYÊN TỬ	4583	C	SER	194	-41,537	14,584	-68,450	1,00	84,95	L1	C
NGUYÊN TỬ	4584	O	SER	194	-41,534	13,653	-67,643	1,00	84,18	L1	O
NGUYÊN TỬ	4585	N	TYR	195	-40,803	15,684	-68,298	1,00	83,96	L1	N
NGUYÊN TỬ	4586	CA	TYR	195	-40,034	15,947	-67,085	1,00	82,58	L1	C
NGUYÊN TỬ	4587	CB	TYR	195	-38,584	16,284	-67,439	1,00	82,92	L1	C
NGUYÊN TỬ	4588	CG	TYR	195	-37,729	15,078	-67,748	1,00	83,66	L1	C
NGUYÊN TỬ	4589	CD1	TYR	195	-36,938	14,495	-66,765	1,00	83,87	L1	C
NGUYÊN TỬ	4590	CE1	TYR	195	-36,145	13,398	-67,042	1,00	84,28	L1	C
NGUYÊN TỬ	4591	CD2	TYR	195	-37,703	14,526	-69,023	1,00	83,62	L1	C
NGUYÊN TỬ	4592	CE2	TYR	195	-36,911	13,428	-69,311	1,00	83,74	L1	C
NGUYÊN TỬ	4593	CZ	TYR	195	-36,134	12,869	-68,317	1,00	84,20	L1	C
NGUYÊN TỬ	4594	OH	TYR	195	-35,332	11,786	-68,600	1,00	84,08	L1	O
NGUYÊN TỬ	4595	C	TYR	195	-40,646	17,101	-66,300	1,00	81,49	L1	C
NGUYÊN TỬ	4596	O	TYR	195	-41,169	18,050	-66,886	1,00	81,16	L1	O
NGUYÊN TỬ	4597	N	SER	196	-40,576	17,016	-64,973	1,00	80,07	L1	N
NGUYÊN TỬ	4598	CA	SER	196	-41,152	18,040	-64,106	1,00	78,68	L1	C
NGUYÊN TỬ	4599	CB	SER	196	-42,303	17,454	-63,284	1,00	79,05	L1	C
NGUYÊN TỬ	4600	OG	SER	196	-43,396	17,099	-64,113	1,00	80,30	L1	O
NGUYÊN TỬ	4601	C	SER	196	-40,127	18,660	-63,159	1,00	77,25	L1	C
NGUYÊN TỬ	4602	O	SER	196	-39,337	17,952	-62,530	1,00	76,71	L1	O
NGUYÊN TỬ	4603	N	CYS	197	-40,153	19,987	-63,063	1,00	75,59	L1	N
NGUYÊN TỬ	4604	CA	CYS	197	-39,390	20,701	-62,046	1,00	73,09	L1	C
NGUYÊN TỬ	4605	C	CYS	197	-40,296	21,060	-60,876	1,00	72,59	L1	C
NGUYÊN TỬ	4606	O	CYS	197	-41,221	21,859	-61,020	1,00	72,65	L1	O
NGUYÊN TỬ	4607	CB	CYS	197	-38,786	21,979	-62,628	1,00	71,16	L1	C
NGUYÊN TỬ	4608	SG	CYS	197	-37,815	22,934	-61,416	1,00	69,32	L1	S
NGUYÊN TỬ	4609	N	GLN	198	-40,027	20,466	-59,718	1,00	71,96	L1	N
NGUYÊN TỬ	4610	CA	GLN	198	-40,866	20,671	-58,542	1,00	71,74	L1	C
NGUYÊN TỬ	4611	CB	GLN	198	-41,277	19,321	-57,952	1,00	73,01	L1	C
NGUYÊN TỬ	4612	CG	GLN	198	-41,917	18,376	-58,954	1,00	74,84	L1	C
NGUYÊN TỬ	4613	CD	GLN	198	-42,165	16,997	-58,373	1,00	76,39	L1	C
NGUYÊN TỬ	4614	OE1	GLN	198	-41,697	16,676	-57,277	1,00	75,67	L1	O
NGUYÊN TỬ	4615	NE2	GLN	198	-42,903	16,171	-59,107	1,00	77,19	L1	N
NGUYÊN TỬ	4616	C	GLN	198	-40,140	21,493	-57,479	1,00	70,00	L1	C
NGUYÊN TỬ	4617	O	GLN	198	-39,145	21,045	-56,905	1,00	70,10	L1	O
NGUYÊN TỬ	4618	N	VAL	199	-40,647	22,694	-57,217	1,00	67,33	L1	N
NGUYÊN TỬ	4619	CA	VAL	199	-40,060	23,570	-56,210	1,00	64,63	L1	C
NGUYÊN TỬ	4620	CB	VAL	199	-39,894	25,006	-56,750	1,00	63,62	L1	C
NGUYÊN TỬ	4621	CG1	VAL	199	-39,232	25,880	-55,700	1,00	62,58	L1	C
NGUYÊN TỬ	4622	CG2	VAL	199	-39,072	24,990	-58,029	1,00	62,84	L1	C
NGUYÊN TỬ	4623	C	VAL	199	-40,942	23,618	-54,969	1,00	63,15	L1	C
NGUYÊN TỬ	4624	O	VAL	199	-42,132	23,908	-55,059	1,00	62,70	L1	O
NGUYÊN TỬ	4625	N	THR	200	-40,359	23,331	-53,810	1,00	62,14	L1	N
NGUYÊN TỬ	4626	CA	THR	200	-41,100	23,436	-52,558	1,00	62,84	L1	C
NGUYÊN TỬ	4627	CB	THR	200	-40,974	22,147	-51,712	1,00	63,21	L1	C
NGUYÊN TỬ	4628	OG1	THR	200	-41,466	21,029	-52,461	1,00	63,77	L1	O
NGUYÊN TỬ	4629	CG2	THR	200	-41,785	22,272	-50,429	1,00	62,81	L1	C
NGUYÊN TỬ	4630	C	THR	200	-40,611	24,623	-51,732	1,00	62,22	L1	C
NGUYÊN TỬ	4631	O	THR	200	-39,409	24,821	-51,559	1,00	62,43	L1	O
NGUYÊN TỬ	4632	N	HIS	201	-41,558	25,409	-51,229	1,00	61,86	L1	N
NGUYÊN TỬ	4633	CA	HIS	201	-41,251	26,622	-50,481	1,00	61,76	L1	C
NGUYÊN TỬ	4634	CB	HIS	201	-41,224	27,826	-51,428	1,00	61,02	L1	C
NGUYÊN TỬ	4635	CG	HIS	201	-41,179	29,150	-50,729	1,00	59,75	L1	C
NGUYÊN TỬ	4636	CD2	HIS	201	-40,135	29,901	-50,306	1,00	59,40	L1	C
NGUYÊN TỬ	4637	ND1	HIS	201	-42,316	29,863	-50,415	1,00	59,04	L1	N
NGUYÊN TỬ	4638	CE1	HIS	201	-41,974	30,998	-49,830	1,00	58,23	L1	C
NGUYÊN TỬ	4639	NE2	HIS	201	-40,657	31,046	-49,752	1,00	58,22	L1	N
NGUYÊN TỬ	4640	C	HIS	201	-42,299	26,843	-49,398	1,00	62,27	L1	C
NGUYÊN TỬ	4641	O	HIS	201	-43,491	26,934	-49,690	1,00	62,33	L1	O
NGUYÊN TỬ	4642	N	GLU	203	-41,849	26,928	-48,149	1,00	63,08	L1	N
NGUYÊN TỬ	4643	CA	GLU	203	-42,749	27,081	-47,009	1,00	64,31	L1	C
NGUYÊN TỬ	4644	CB	GLU	203	-43,440	28,447	-47,050	1,00	64,10	L1	C
NGUYÊN TỬ	4645	CG	GLU	203	-42,490	29,628	-46,933	1,00	64,37	L1	C
NGUYÊN TỬ	4646	CD	GLU	203	-41,781	29,682	-45,593	1,00	66,35	L1	C
NGUYÊN TỬ	4647	OE1	GLU	203	-40,533	29,779	-45,584	1,00	66,23	L1	O
NGUYÊN TỬ	4648	OE2	GLU	203	-42,471	29,629	-44,549	1,00	66,40	L1	O
NGUYÊN TỬ	4649	C	GLU	203	-43,800	25,978	-46,978	1,00	65,33	L1	C

NGUYÊN TỬ	4650	O	GLU	203	-44,909	26,183	-46,490	1,00	65,44	L1	O
NGUYÊN TỬ	4651	N	GLY	203	-43,448	24,810	-47,507	1,00	66,98	L1	N
NGUYÊN TỬ	4652	CA	GLY	203	-44,328	23,660	-47,415	1,00	69,40	L1	C
NGUYÊN TỬ	4653	C	GLY	203	-45,215	23,457	-48,631	1,00	71,29	L1	C
NGUYÊN TỬ	4654	O	GLY	203	-45,869	22,422	-48,761	1,00	71,55	L1	O
NGUYÊN TỬ	4655	N	SER	204	-45,240	24,440	-49,523	1,00	72,19	L1	N
NGUYÊN TỬ	4656	CA	SER	204	-46,079	24,371	-50,711	1,00	73,00	L1	C
NGUYÊN TỬ	4657	CB	SER	204	-46,931	25,638	-50,821	1,00	74,04	L1	C
NGUYÊN TỬ	4658	OG	SER	204	-47,605	25,699	-52,068	1,00	75,31	L1	O
NGUYÊN TỬ	4659	C	SER	204	-45,237	24,200	-51,974	1,00	73,53	L1	C
NGUYÊN TỬ	4660	O	SER	204	-44,322	24,983	-52,231	1,00	74,09	L1	O
NGUYÊN TỬ	4661	N	THR	205	-45,555	23,174	-52,760	1,00	73,50	L1	N
NGUYÊN TỬ	4662	CA	THR	205	-44,801	22,864	-53,971	1,00	72,84	L1	C
NGUYÊN TỬ	4663	CB	THR	205	-44,781	21,345	-54,243	1,00	73,16	L1	C
NGUYÊN TỬ	4664	OG1	THR	205	-44,142	20,669	-53,153	1,00	72,97	L1	O
NGUYÊN TỬ	4665	CG2	THR	205	-44,031	21,044	-55,533	1,00	73,27	L1	C
NGUYÊN TỬ	4666	C	THR	205	-45,392	23,558	-55,193	1,00	72,59	L1	C
NGUYÊN TỬ	4667	O	THR	205	-46,586	23,445	-55,465	1,00	72,07	L1	O
NGUYÊN TỬ	4668	N	VAL	206	-44,548	24,280	-55,923	1,00	72,50	L1	N
NGUYÊN TỬ	4669	CA	VAL	206	-44,934	24,850	-57,208	1,00	73,02	L1	C
NGUYÊN TỬ	4670	CB	VAL	206	-44,562	26,341	-57,302	1,00	72,13	L1	C
NGUYÊN TỬ	4671	CG1	VAL	206	-44,947	26,890	-58,666	1,00	70,61	L1	C
NGUYÊN TỬ	4672	CG2	VAL	206	-45,257	27,117	-56,201	1,00	71,61	L1	C
NGUYÊN TỬ	4673	C	VAL	206	-44,207	24,092	-58,310	1,00	74,77	L1	C
NGUYÊN TỬ	4674	O	VAL	206	-42,994	23,893	-58,240	1,00	74,80	L1	O
NGUYÊN TỬ	4675	N	GLU	207	-44,952	23,671	-59,326	1,00	76,39	L1	N
NGUYÊN TỬ	4676	CA	GLU	207	-44,438	22,716	-60,298	1,00	77,74	L1	C
NGUYÊN TỬ	4677	CB	GLU	207	-45,033	21,335	-60,011	1,00	78,83	L1	C
NGUYÊN TỬ	4678	CG	GLU	207	-44,608	20,244	-60,973	1,00	81,28	L1	C
NGUYÊN TỬ	4679	CD	GLU	207	-45,153	18,886	-60,574	1,00	82,80	L1	C
NGUYÊN TỬ	4680	OE1	GLU	207	-45,501	18,710	-59,386	1,00	84,12	L1	O
NGUYÊN TỬ	4681	OE2	GLU	207	-45,235	17,995	-61,445	1,00	83,95	L1	O
NGUYÊN TỬ	4682	C	GLU	207	-44,744	23,126	-61,735	1,00	77,99	L1	C
NGUYÊN TỬ	4683	O	GLU	207	-45,837	23,603	-62,040	1,00	77,18	L1	O
NGUYÊN TỬ	4684	N	LYS	208	-43,765	22,941	-62,615	1,00	78,59	L1	N
NGUYÊN TỬ	4685	CA	LYS	208	-43,973	23,134	-64,043	1,00	79,79	L1	C
NGUYÊN TỬ	4686	CB	LYS	208	-43,289	24,418	-64,515	1,00	79,80	L1	C
NGUYÊN TỬ	4687	CG	LYS	208	-43,911	25,692	-63,961	1,00	80,02	L1	C
NGUYÊN TỬ	4688	CD	LYS	208	-45,400	25,764	-64,266	1,00	79,10	L1	C
NGUYÊN TỬ	4689	CE	LYS	208	-45,956	27,147	-63,964	1,00	79,03	L1	C
NGUYÊN TỬ	4690	NZ	LYS	208	-45,344	28,191	-64,835	1,00	77,78	L1	N
NGUYÊN TỬ	4691	C	LYS	208	-43,433	21,941	-64,823	1,00	80,92	L1	C
NGUYÊN TỬ	4692	O	LYS	208	-42,413	21,356	-64,454	1,00	80,76	L1	O
NGUYÊN TỬ	4693	N	THR	209	-44,125	21,584	-65,900	1,00	82,27	L1	N
NGUYÊN TỬ	4694	CA	THR	209	-43,779	20,402	-66,679	1,00	83,34	L1	C
NGUYÊN TỬ	4695	CB	THR	209	-44,889	19,335	-66,582	1,00	83,02	L1	C
NGUYÊN TỬ	4696	OG1	THR	209	-45,127	19,012	-65,207	1,00	82,81	L1	O
NGUYÊN TỬ	4697	CG2	THR	209	-44,482	18,071	-67,327	1,00	82,62	L1	C
NGUYÊN TỬ	4698	C	THR	209	-43,566	20,749	-68,151	1,00	85,00	L1	C
NGUYÊN TỬ	4699	O	THR	209	-44,209	21,653	-68,687	1,00	85,03	L1	O
NGUYÊN TỬ	4700	N	VAL	210	-42,652	20,029	-68,793	1,00	86,55	L1	N
NGUYÊN TỬ	4701	CA	VAL	210	-42,468	20,124	-70,236	1,00	87,92	L1	C
NGUYÊN TỬ	4702	CB	VAL	210	-41,190	20,918	-70,590	1,00	87,63	L1	C
NGUYÊN TỬ	4703	CG1	VAL	210	-41,310	22,347	-70,085	1,00	87,34	L1	C
NGUYÊN TỬ	4704	CG2	VAL	210	-39,970	20,240	-69,988	1,00	87,16	L1	C
NGUYÊN TỬ	4705	C	VAL	210	-42,372	18,728	-70,848	1,00	89,44	L1	C
NGUYÊN TỬ	4706	O	VAL	210	-41,880	17,794	-70,212	1,00	89,28	L1	O
NGUYÊN TỬ	4707	N	ALA	211	-42,851	18,591	-72,081	1,00	91,11	L1	N
NGUYÊN TỬ	4708	CA	ALA	211	-42,826	17,311	-72,782	1,00	92,64	L1	C
NGUYÊN TỬ	4709	CB	ALA	211	-44,206	17,004	-73,356	1,00	92,29	L1	C
NGUYÊN TỬ	4710	C	ALA	211	-41,785	17,331	-73,897	1,00	93,85	L1	C
NGUYÊN TỬ	4711	O	ALA	211	-41,449	18,392	-74,424	1,00	94,16	L1	O
NGUYÊN TỬ	4712	N	PRO	212	-41,265	16,151	-74,273	1,00	95,11	L1	N
NGUYÊN TỬ	4713	CD	PRO	212	-41,685	14,830	-73,774	1,00	95,23	L1	C
NGUYÊN TỬ	4714	CA	PRO	212	-40,227	16,043	-75,306	1,00	95,91	L1	C
NGUYÊN TỬ	4715	CB	PRO	212	-39,882	14,553	-75,318	1,00	95,62	L1	C
NGUYÊN TỬ	4716	CG	PRO	212	-41,095	13,880	-74,776	1,00	95,26	L1	C
NGUYÊN TỬ	4717	C	PRO	212	-40,691	16,540	-76,672	1,00	96,68	L1	C
NGUYÊN TỬ	4718	O	PRO	212	-39,878	16,917	-77,520	1,00	96,58	L1	O
NGUYÊN TỬ	4719	N	THR	213	-42,005	16,543	-76,872	1,00	97,41	L1	N
NGUYÊN TỬ	4720	CA	THR	213	-42,600	16,998	-78,123	1,00	98,13	L1	C
NGUYÊN TỬ	4721	CB	THR	213	-44,081	16,575	-78,209	1,00	98,19	L1	C
NGUYÊN TỬ	4722	OG1	THR	213	-44,792	17,076	-77,068	1,00	97,41	L1	O
NGUYÊN TỬ	4723	CG2	THR	213	-44,195	15,056	-78,248	1,00	98,19	L1	C
NGUYÊN TỬ	4724	C	THR	213	-42,504	18,516	-78,277	1,00	98,77	L1	C
NGUYÊN TỬ	4725	O	THR	213	-41,782	19,146	-77,474	1,00	99,20	L1	O

```
NGUYÊN TỬ   4726  OXT THR   213      -43,142  19,057 -79,208  1,00 99,08       L1   O
TER    4727       THR   213                                          L1
NGUYÊN TỬ   4728  CB  GLN     1      -10,333  41,335 -26,837  1,00 58,55       H1   C
NGUYÊN TỬ   4729  CG  GLN     1      -11,368  41,133 -27,931  1,00 61,95       H1   C
NGUYÊN TỬ   4730  CD  GLN     1      -12,786  41,172 -27,394  1,00 64,59       H1   C
NGUYÊN TỬ   4731  OE1 GLN     1      -13,725  40,692 -28,034  1,00 66,92       H1   O
NGUYÊN TỬ   4732  NE2 GLN     1      -12,949  41,749 -26,209  1,00 65,52       H1   N
NGUYÊN TỬ   4733  C   GLN     1       -8,067  40,598 -27,611  1,00 51,02       H1   C
NGUYÊN TỬ   4734  O   GLN     1       -6,978  40,491 -27,047  1,00 50,88       H1   O
NGUYÊN TỬ   4735  N   GLN     1       -9,151  42,604 -28,597  1,00 56,41       H1   N
NGUYÊN TỬ   4736  CA  GLN     1       -8,969  41,799 -27,352  1,00 54,79       H1   C
NGUYÊN TỬ   4737  N   VAL     2       -8,528  39,693 -28,465  1,00 46,33       H1   N
NGUYÊN TỬ   4738  CA  VAL     2       -7,658  38,679 -29,042  1,00 40,97       H1   C
NGUYÊN TỬ   4739  CB  VAL     2       -8,026  37,266 -28,541  1,00 40,66       H1   C
NGUYÊN TỬ   4740  CG1 VAL     2       -7,187  36,223 -29,261  1,00 37,87       H1   C
NGUYÊN TỬ   4741  CG2 VAL     2       -7,800  37,175 -27,041  1,00 39,09       H1   C
NGUYÊN TỬ   4742  C   VAL     2       -7,831  38,737 -30,551  1,00 40,14       H1   C
NGUYÊN TỬ   4743  O   VAL     2       -8,948  38,863 -31,050  1,00 39,38       H1   O
NGUYÊN TỬ   4744  N   GLN     3       -6,730  38,672 -31,285  1,00 38,15       H1   N
NGUYÊN TỬ   4745  CA  GLN     3       -6,836  38,657 -32,733  1,00 37,80       H1   C
NGUYÊN TỬ   4746  CB  GLN     3       -6,288  39,951 -33,340  1,00 41,11       H1   C
NGUYÊN TỬ   4747  CG  GLN     3       -6,598  40,078 -34,830  1,00 48,63       H1   C
NGUYÊN TỬ   4748  CD  GLN     3       -5,966  41,299 -35,480  1,00 54,48       H1   C
NGUYÊN TỬ   4749  OE1 GLN     3       -5,933  41,412 -36,710  1,00 56,23       H1   O
NGUYÊN TỬ   4750  NE2 GLN     3       -5,461  42,221 -34,658  1,00 55,22       H1   N
NGUYÊN TỬ   4751  C   GLN     3       -6,097  37,475 -33,315  1,00 34,51       H1   C
NGUYÊN TỬ   4752  O   GLN     3       -4,950  37,209 -32,960  1,00 34,76       H1   O
NGUYÊN TỬ   4753  N   LEU     4       -6,774  36,764 -34,206  1,00 31,16       H1   N
NGUYÊN TỬ   4754  CA  LEU     4       -6,152  35,706 -34,983  1,00 30,62       H1   C
NGUYÊN TỬ   4755  CB  LEU     4       -7,036  34,455 -34,966  1,00 26,45       H1   C
NGUYÊN TỬ   4756  CG  LEU     4       -6,920  33,556 -33,728  1,00 27,80       H1   C
NGUYÊN TỬ   4757  CD1 LEU     4       -7,145  34,374 -32,449  1,00 25,47       H1   C
NGUYÊN TỬ   4758  CD2 LEU     4       -7,930  32,423 -33,831  1,00 26,22       H1   C
NGUYÊN TỬ   4759  C   LEU     4       -5,943  36,200 -36,419  1,00 32,23       H1   C
NGUYÊN TỬ   4760  O   LEU     4       -6,899  36,554 -37,120  1,00 31,55       H1   O
NGUYÊN TỬ   4761  N   GLN     5       -4,683  36,229 -36,840  1,00 31,02       H1   N
NGUYÊN TỬ   4762  CA  GLN     5       -4,307  36,758 -38,144  1,00 31,99       H1   C
NGUYÊN TỬ   4763  CB  GLN     5       -3,168  37,772 -37,976  1,00 35,77       H1   C
NGUYÊN TỬ   4764  CG  GLN     5       -2,719  38,446 -39,262  1,00 41,14       H1   C
NGUYÊN TỬ   4765  CD  GLN     5       -3,830  39,250 -39,904  1,00 45,66       H1   C
NGUYÊN TỬ   4766  OE1 GLN     5       -3,749  39,625 -41,073  1,00 48,29       H1   O
NGUYÊN TỬ   4767  NE2 GLN     5       -4,881  39,519 -39,137  1,00 48,64       H1   N
NGUYÊN TỬ   4768  C   GLN     5       -3,863  35,614 -39,050  1,00 29,87       H1   C
NGUYÊN TỬ   4769  O   GLN     5       -2,974  34,842 -38,690  1,00 31,50       H1   O
NGUYÊN TỬ   4770  N   GLN     6       -4,482  35,509 -40,221  1,00 28,29       H1   N
NGUYÊN TỬ   4771  CA  GLN     6       -4,243  34,377 -41,117  1,00 30,55       H1   C
NGUYÊN TỬ   4772  CB  GLN     6       -5,564  33,740 -41,540  1,00 29,81       H1   C
NGUYÊN TỬ   4773  CG  GLN     6       -6,344  33,071 -40,433  1,00 30,43       H1   C
NGUYÊN TỬ   4774  CD  GLN     6       -7,562  32,345 -40,972  1,00 28,63       H1   C
NGUYÊN TỬ   4775  OE1 GLN     6       -8,691  32,631 -40,580  1,00 30,41       H1   O
NGUYÊN TỬ   4776  NE2 GLN     6       -7,336  31,408 -41,882  1,00 26,47       H1   N
NGUYÊN TỬ   4777  C   GLN     6       -3,511  34,800 -42,376  1,00 30,75       H1   C
NGUYÊN TỬ   4778  O   GLN     6       -3,696  35,916 -42,858  1,00 32,04       H1   O
NGUYÊN TỬ   4779  N   TRP     7       -2,695  33,904 -42,918  1,00 28,95       H1   N
NGUYÊN TỬ   4780  CA  TRP     7       -2,211  34,076 -44,278  1,00 28,90       H1   C
NGUYÊN TỬ   4781  CB  TRP     7       -0,966  34,976 -44,301  1,00 28,68       H1   C
NGUYÊN TỬ   4782  CG  TRP     7        0,236  34,402 -43,598  1,00 27,66       H1   C
NGUYÊN TỬ   4783  CD2 TRP     7        0,704  34,740 -42,286  1,00 25,98       H1   C
NGUYÊN TỬ   4784  CE2 TRP     7        1,888  34,010 -42,063  1,00 27,69       H1   C
NGUYÊN TỬ   4785  CE3 TRP     7        0,238  35,594 -41,282  1,00 26,98       H1   C
NGUYÊN TỬ   4786  CD1 TRP     7        1,128  33,499 -44,101  1,00 27,44       H1   C
NGUYÊN TỬ   4787  NE1 TRP     7        2,126  33,258 -43,185  1,00 28,36       H1   N
NGUYÊN TỬ   4788  CZ2 TRP     7        2,612  34,109 -40,880  1,00 28,83       H1   C
NGUYÊN TỬ   4789  CZ3 TRP     7        0,956  35,692 -40,111  1,00 28,53       H1   C
NGUYÊN TỬ   4790  CH2 TRP     7        2,132  34,955 -39,917  1,00 30,19       H1   C
NGUYÊN TỬ   4791  C   TRP     7       -1,899  32,733 -44,923  1,00 28,22       H1   C
NGUYÊN TỬ   4792  O   TRP     7       -2,070  31,681 -44,307  1,00 28,99       H1   O
NGUYÊN TỬ   4793  N   GLY     8       -1,432  32,783 -46,166  1,00 28,35       H1   N
NGUYÊN TỬ   4794  CA  GLY     8       -1,234  31,575 -46,945  1,00 26,37       H1   C
NGUYÊN TỬ   4795  C   GLY     8       -1,920  31,683 -48,295  1,00 27,33       H1   C
NGUYÊN TỬ   4796  O   GLY     8       -2,925  32,386 -48,444  1,00 27,76       H1   O
NGUYÊN TỬ   4797  N   ALA     9       -1,377  30,984 -49,282  1,00 27,19       H1   N
NGUYÊN TỬ   4798  CA  ALA     9       -1,887  31,057 -50,646  1,00 28,12       H1   C
NGUYÊN TỬ   4799  CB  ALA     9       -0,828  30,527 -51,619  1,00 27,62       H1   C
NGUYÊN TỬ   4800  C   ALA     9       -3,179  30,253 -50,791  1,00 28,31       H1   C
NGUYÊN TỬ   4801  O   ALA     9       -3,233  29,079 -50,431  1,00 28,12       H1   O
```

NGUYÊN TỬ	4802	N	GLY	10	-4,212	30,888	-51,330	1,00	29,12	H1	N
NGUYÊN TỬ	4803	CA	GLY	10	-5,493	30,222	-51,479	1,00	30,10	H1	C
NGUYÊN TỬ	4804	C	GLY	10	-5,820	29,691	-52,871	1,00	32,33	H1	C
NGUYÊN TỬ	4805	O	GLY	10	-6,659	28,798	-53,005	1,00	32,38	H1	O
NGUYÊN TỬ	4806	N	LEU	11	-5,177	30,221	-53,909	1,00	31,52	H1	N
NGUYÊN TỬ	4807	CA	LEU	11	-5,494	29,799	-55,275	1,00	33,59	H1	C
NGUYÊN TỬ	4808	CB	LEU	11	-5,308	30,959	-56,255	1,00	36,39	H1	C
NGUYÊN TỬ	4809	CG	LEU	11	-5,584	30,620	-57,725	1,00	40,88	H1	C
NGUYÊN TỬ	4810	CD1	LEU	11	-6,969	29,990	-57,844	1,00	43,73	H1	C
NGUYÊN TỬ	4811	CD2	LEU	11	-5,491	31,877	-58,586	1,00	40,70	H1	C
NGUYÊN TỬ	4812	C	LEU	11	-4,626	28,629	-55,697	1,00	34,18	H1	C
NGUYÊN TỬ	4813	O	LEU	11	-3,429	28,787	-55,936	1,00	35,52	H1	O
NGUYÊN TỬ	4814	N	LEU	12	-5,232	27,448	-55,785	1,00	34,06	H1	N
NGUYÊN TỬ	4815	CA	LEU	12	-4,470	26,219	-55,974	1,00	33,09	H1	C
NGUYÊN TỬ	4816	CB	LEU	12	-4,533	25,358	-54,711	1,00	34,00	H1	C
NGUYÊN TỬ	4817	CG	LEU	12	-4,079	25,990	-53,395	1,00	35,02	H1	C
NGUYÊN TỬ	4818	CD1	LEU	12	-4,057	24,931	-52,297	1,00	33,56	H1	C
NGUYÊN TỬ	4819	CD2	LEU	12	-2,698	26,606	-53,580	1,00	36,04	H1	C
NGUYÊN TỬ	4820	C	LEU	12	-4,979	25,401	-57,147	1,00	33,61	H1	C
NGUYÊN TỬ	4821	O	LEU	12	-6,129	25,542	-57,566	1,00	34,76	H1	O
NGUYÊN TỬ	4822	N	LYS	13	-4,115	24,542	-57,671	1,00	33,61	H1	N
NGUYÊN TỬ	4823	CA	LYS	13	-4,533	23,537	-58,638	1,00	35,02	H1	C
NGUYÊN TỬ	4824	CB	LYS	13	-3,558	23,486	-59,813	1,00	35,86	H1	C
NGUYÊN TỬ	4825	CG	LYS	13	-3,544	24,732	-60,671	1,00	39,05	H1	C
NGUYÊN TỬ	4826	CD	LYS	13	-2,763	24,491	-61,952	0,50	41,55	H1	C
NGUYÊN TỬ	4827	CE	LYS	13	-2,408	25,800	-62,627	1,00	44,69	H1	C
NGUYÊN TỬ	4828	NZ	LYS	13	-1,530	26,633	-61,750	1,00	48,57	H1	N
NGUYÊN TỬ	4829	C	LYS	13	-4,584	22,171	-57,967	1,00	35,21	H1	C
NGUYÊN TỬ	4830	O	LYS	13	-3,887	21,924	-56,983	1,00	37,52	H1	O
NGUYÊN TỬ	4831	N	PRO	14	-5,405	21,258	-58,499	1,00	34,61	H1	N
NGUYÊN TỬ	4832	CD	PRO	14	-6,318	21,454	-59,638	1,00	34,09	H1	C
NGUYÊN TỬ	4833	CA	PRO	14	-5,476	19,894	-57,969	1,00	34,50	H1	C
NGUYÊN TỬ	4834	CB	PRO	14	-6,368	19,169	-58,974	1,00	34,26	H1	C
NGUYÊN TỬ	4835	CG	PRO	14	-7,214	20,257	-59,557	1,00	33,95	H1	C
NGUYÊN TỬ	4836	C	PRO	14	-4,093	19,253	-57,854	1,00	34,86	H1	C
NGUYÊN TỬ	4837	O	PRO	14	-3,222	19,493	-58,690	1,00	35,81	H1	O
NGUYÊN TỬ	4838	N	SER	15	-3,914	18,455	-56,803	1,00	34,00	H1	N
NGUYÊN TỬ	4839	CA	SER	15	-2,684	17,718	-56,515	1,00	34,80	H1	C
NGUYÊN TỬ	4840	CB	SER	15	-1,999	17,245	-57,805	1,00	35,51	H1	C
NGUYÊN TỬ	4841	OG	SER	15	-1,036	18,192	-58,234	1,00	38,11	H1	O
NGUYÊN TỬ	4842	C	SER	15	-1,694	18,534	-55,684	1,00	34,51	H1	C
NGUYÊN TỬ	4843	O	SER	15	-0,761	17,980	-55,099	1,00	35,24	H1	O
NGUYÊN TỬ	4844	N	GLU	16	-1,901	19,845	-55,622	1,00	34,15	H1	N
NGUYÊN TỬ	4845	CA	GLU	16	-1,018	20,705	-54,845	1,00	34,52	H1	C
NGUYÊN TỬ	4846	CB	GLU	16	-1,183	22,164	-55,283	1,00	36,08	H1	C
NGUYÊN TỬ	4847	CG	GLU	16	-0,552	22,478	-56,646	1,00	41,58	H1	C
NGUYÊN TỬ	4848	CD	GLU	16	-0,918	23,864	-57,160	1,00	44,69	H1	C
NGUYÊN TỬ	4849	OE1	GLU	16	-1,573	24,626	-56,423	1,00	44,93	H1	O
NGUYÊN TỬ	4850	OE2	GLU	16	-0,555	24,193	-58,309	1,00	49,52	H1	O
NGUYÊN TỬ	4851	C	GLU	16	-1,256	20,583	-53,338	1,00	34,67	H1	C
NGUYÊN TỬ	4852	O	GLU	16	-2,252	20,008	-52,898	1,00	32,76	H1	O
NGUYÊN TỬ	4853	N	THR	17	-0,319	21,120	-52,559	1,00	33,99	H1	N
NGUYÊN TỬ	4854	CA	THR	17	-0,421	21,165	-51,104	1,00	32,35	H1	C
NGUYÊN TỬ	4855	CB	THR	17	0,928	20,860	-50,447	1,00	31,91	H1	C
NGUYÊN TỬ	4856	OG1	THR	17	1,289	19,505	-50,722	1,00	35,50	H1	O
NGUYÊN TỬ	4857	CG2	THR	17	0,853	21,073	-48,940	1,00	31,69	H1	C
NGUYÊN TỬ	4858	C	THR	17	-0,867	22,539	-50,627	1,00	31,96	H1	C
NGUYÊN TỬ	4859	O	THR	17	-0,296	23,554	-51,024	1,00	31,96	H1	O
NGUYÊN TỬ	4860	N	LEU	18	-1,889	22,565	-49,774	1,00	29,65	H1	N
NGUYÊN TỬ	4861	CA	LEU	18	-2,355	23,812	-49,179	1,00	28,49	H1	C
NGUYÊN TỬ	4862	CB	LEU	18	-3,841	23,720	-48,831	1,00	27,90	H1	C
NGUYÊN TỬ	4863	CG	LEU	18	-4,387	24,865	-47,973	1,00	27,75	H1	C
NGUYÊN TỬ	4864	CD1	LEU	18	-4,433	26,133	-48,808	1,00	28,48	H1	C
NGUYÊN TỬ	4865	CD2	LEU	18	-5,784	24,520	-47,467	1,00	27,32	H1	C
NGUYÊN TỬ	4866	C	LEU	18	-1,557	24,086	-47,914	1,00	29,31	H1	C
NGUYÊN TỬ	4867	O	LEU	18	-1,324	23,183	-47,105	1,00	29,34	H1	O
NGUYÊN TỬ	4868	N	SER	19	-1,138	25,332	-47,740	1,00	28,71	H1	N
NGUYÊN TỬ	4869	CA	SER	19	-0,342	25,693	-46,580	1,00	28,95	H1	C
NGUYÊN TỬ	4870	CB	SER	19	1,136	25,745	-46,969	1,00	29,72	H1	C
NGUYÊN TỬ	4871	OG	SER	19	1,927	26,134	-45,861	1,00	37,84	H1	O
NGUYÊN TỬ	4872	C	SER	19	-0,790	27,032	-46,000	1,00	28,99	H1	C
NGUYÊN TỬ	4873	O	SER	19	-0,614	28,084	-46,611	1,00	30,84	H1	O
NGUYÊN TỬ	4874	N	LEU	20	-1,384	26,985	-44,814	1,00	28,20	H1	N
NGUYÊN TỬ	4875	CA	LEU	20	-1,932	28,179	-44,193	1,00	26,04	H1	C
NGUYÊN TỬ	4876	CB	LEU	20	-3,447	28,056	-44,050	1,00	25,36	H1	C
NGUYÊN TỬ	4877	CG	LEU	20	-4,265	27,889	-45,334	1,00	26,53	H1	C

NGUYÊN TỬ	4878	CD1	LEU	20	-5,744	27,831	-44,970	1,00	23,87	H1	C
NGUYÊN TỬ	4879	CD2	LEU	20	-3,999	29,053	-46,288	1,00	25,15	H1	C
NGUYÊN TỬ	4880	C	LEU	20	-1,308	28,376	-42,825	1,00	25,77	H1	C
NGUYÊN TỬ	4881	O	LEU	20	-0,850	27,427	-42,197	1,00	26,14	H1	O
NGUYÊN TỬ	4882	N	THR	21	-1,299	29,618	-42,365	1,00	26,29	H1	N
NGUYÊN TỬ	4883	CA	THR	21	-0,685	29,947	-41,093	1,00	27,57	H1	C
NGUYÊN TỬ	4884	CB	THR	21	0,691	30,616	-41,314	1,00	28,87	H1	C
NGUYÊN TỬ	4885	OG1	THR	21	1,536	29,733	-42,072	1,00	30,29	H1	O
NGUYÊN TỬ	4886	CG2	THR	21	1,348	30,928	-39,988	1,00	26,32	H1	C
NGUYÊN TỬ	4887	C	THR	21	-1,599	30,897	-40,332	1,00	27,47	H1	C
NGUYÊN TỬ	4888	O	THR	21	-2,294	31,715	-40,930	1,00	26,74	H1	O
NGUYÊN TỬ	4889	N	CYS	22	-1,606	30,778	-39,011	1,00	28,77	H1	N
NGUYÊN TỬ	4890	CA	CYS	22	-2,393	31,675	-38,175	1,00	29,72	H1	C
NGUYÊN TỬ	4891	C	CYS	22	-1,469	32,192	-37,082	1,00	30,55	H1	C
NGUYÊN TỬ	4892	O	CYS	22	-0,752	31,411	-36,456	1,00	30,73	H1	O
NGUYÊN TỬ	4893	CB	CYS	22	-3,564	30,899	-37,565	1,00	30,30	H1	C
NGUYÊN TỬ	4894	SG	CYS	22	-4,786	31,772	-36,524	1,00	31,82	H1	S
NGUYÊN TỬ	4895	N	ALA	23	-1,481	33,504	-36,864	1,00	29,76	H1	N
NGUYÊN TỬ	4896	CA	ALA	23	-0,725	34,101	-35,771	1,00	31,19	H1	C
NGUYÊN TỬ	4897	CB	ALA	23	0,187	35,216	-36,298	1,00	31,06	H1	C
NGUYÊN TỬ	4898	C	ALA	23	-1,684	34,662	-34,732	1,00	29,91	H1	C
NGUYÊN TỬ	4899	O	ALA	23	-2,677	35,300	-35,075	1,00	29,39	H1	O
NGUYÊN TỬ	4900	N	VAL	24	-1,375	34,429	-33,462	1,00	29,49	H1	N
NGUYÊN TỬ	4901	CA	VAL	24	-2,243	34,855	-32,375	1,00	29,62	H1	C
NGUYÊN TỬ	4902	CB	VAL	24	-2,415	33,717	-31,352	1,00	28,75	H1	C
NGUYÊN TỬ	4903	CG1	VAL	24	-3,211	34,202	-30,149	1,00	28,80	H1	C
NGUYÊN TỬ	4904	CG2	VAL	24	-3,112	32,543	-32,015	1,00	26,06	H1	C
NGUYÊN TỬ	4905	C	VAL	24	-1,708	36,095	-31,663	1,00	31,01	H1	C
NGUYÊN TỬ	4906	O	VAL	24	-0,566	36,118	-31,206	1,00	32,54	H1	O
NGUYÊN TỬ	4907	N	TYR	25	-2,543	37,124	-31,567	1,00	31,55	H1	N
NGUYÊN TỬ	4908	CA	TYR	25	-2,175	38,336	-30,848	1,00	32,59	H1	C
NGUYÊN TỬ	4909	CB	TYR	25	-2,177	39,527	-31,807	1,00	34,98	H1	C
NGUYÊN TỬ	4910	CG	TYR	25	-1,229	39,346	-32,968	1,00	36,34	H1	C
NGUYÊN TỬ	4911	CD1	TYR	25	-1,704	39,045	-34,236	1,00	37,36	H1	C
NGUYÊN TỬ	4912	CE1	TYR	25	-0,838	38,843	-35,297	1,00	40,15	H1	C
NGUYÊN TỬ	4913	CD2	TYR	25	0,144	39,445	-32,788	1,00	38,49	H1	C
NGUYÊN TỬ	4914	CE2	TYR	25	1,020	39,243	-33,843	1,00	40,50	H1	C
NGUYÊN TỬ	4915	CZ	TYR	25	0,523	38,942	-35,093	1,00	40,26	H1	C
NGUYÊN TỬ	4916	OH	TYR	25	1,389	38,726	-36,142	1,00	44,41	H1	O
NGUYÊN TỬ	4917	C	TYR	25	-3,129	38,594	-29,689	1,00	32,47	H1	C
NGUYÊN TỬ	4918	O	TYR	25	-4,289	38,942	-29,896	1,00	32,98	H1	O
NGUYÊN TỬ	4919	N	GLY	26	-2,637	38,415	-28,468	1,00	31,79	H1	N
NGUYÊN TỬ	4920	CA	GLY	26	-3,465	38,647	-27,296	1,00	32,41	H1	C
NGUYÊN TỬ	4921	C	GLY	26	-3,828	37,380	-26,537	1,00	32,65	H1	C
NGUYÊN TỬ	4922	O	GLY	26	-3,801	36,279	-27,093	1,00	31,74	H1	O
NGUYÊN TỬ	4923	N	GLY	27	-4,167	37,539	-25,259	1,00	32,32	H1	N
NGUYÊN TỬ	4924	CA	GLY	27	-4,515	36,399	-24,431	1,00	30,56	H1	C
NGUYÊN TỬ	4925	C	GLY	27	-3,347	35,444	-24,311	1,00	31,96	H1	C
NGUYÊN TỬ	4926	O	GLY	27	-2,258	35,738	-24,791	1,00	33,98	H1	O
NGUYÊN TỬ	4927	N	SER	28	-3,570	34,297	-23,677	1,00	31,00	H1	N
NGUYÊN TỬ	4928	CA	SER	28	-2,546	33,261	-23,580	1,00	29,78	H1	C
NGUYÊN TỬ	4929	CB	SER	28	-2,782	32,397	-22,340	1,00	27,61	H1	C
NGUYÊN TỬ	4930	OG	SER	28	-2,050	31,184	-22,424	1,00	29,12	H1	O
NGUYÊN TỬ	4931	C	SER	28	-2,535	32,367	-24,815	1,00	29,77	H1	C
NGUYÊN TỬ	4932	O	SER	28	-3,569	32,152	-25,442	1,00	31,74	H1	O
NGUYÊN TỬ	4933	N	PHE	29	-1,365	31,836	-25,153	1,00	28,60	H1	N
NGUYÊN TỬ	4934	CA	PHE	29	-1,246	30,952	-26,301	1,00	28,86	H1	C
NGUYÊN TỬ	4935	CB	PHE	29	0,048	31,229	-27,077	1,00	28,06	H1	C
NGUYÊN TỬ	4936	CG	PHE	29	0,202	30,383	-28,307	1,00	26,67	H1	C
NGUYÊN TỬ	4937	CD1	PHE	29	-0,550	30,638	-29,436	1,00	28,66	H1	C
NGUYÊN TỬ	4938	CD2	PHE	29	1,081	29,317	-28,327	1,00	27,57	H1	C
NGUYÊN TỬ	4939	CE1	PHE	29	-0,431	29,841	-30,559	1,00	29,40	H1	C
NGUYÊN TỬ	4940	CE2	PHE	29	1,205	28,518	-29,442	1,00	27,25	H1	C
NGUYÊN TỬ	4941	CZ	PHE	29	0,452	28,778	-30,560	1,00	28,48	H1	C
NGUYÊN TỬ	4942	C	PHE	29	-1,260	29,506	-25,851	1,00	28,91	H1	C
NGUYÊN TỬ	4943	O	PHE	29	-1,893	28,653	-26,483	1,00	31,89	H1	O
NGUYÊN TỬ	4944	N	SER	30	-0,566	29,226	-24,755	1,00	27,90	H1	N
NGUYÊN TỬ	4945	CA	SER	30	-0,390	27,849	-24,311	1,00	29,14	H1	C
NGUYÊN TỬ	4946	CB	SER	30	0,850	27,734	-23,418	1,00	31,78	H1	C
NGUYÊN TỬ	4947	OG	SER	30	0,687	28,470	-22,221	1,00	36,30	H1	O
NGUYÊN TỬ	4948	C	SER	30	-1,612	27,295	-23,574	1,00	27,44	H1	C
NGUYÊN TỬ	4949	O	SER	30	-1,699	26,097	-23,340	1,00	26,60	H1	O
NGUYÊN TỬ	4950	N	ALA	31	-2,558	28,163	-23,227	1,00	27,53	H1	N
NGUYÊN TỬ	4951	CA	ALA	31	-3,706	27,760	-22,413	1,00	27,10	H1	C
NGUYÊN TỬ	4952	CB	ALA	31	-4,175	28,937	-21,580	1,00	23,65	H1	C
NGUYÊN TỬ	4953	C	ALA	31	-4,888	27,190	-23,211	1,00	27,46	H1	C

NGUYÊN TỬ	4954	O	ALA	31	-5,917	26,850	-22,633	1,00	28,90	H1	O
NGUYÊN TỬ	4955	N	TYR	32	-4,743	27,091	-24,527	1,00	26,48	H1	N
NGUYÊN TỬ	4956	CA	TYR	32	-5,864	26,726	-25,396	1,00	25,86	H1	C
NGUYÊN TỬ	4957	CB	TYR	32	-6,393	27,962	-26,132	1,00	24,51	H1	C
NGUYÊN TỬ	4958	CG	TYR	32	-6,878	29,066	-25,223	1,00	27,00	H1	C
NGUYÊN TỬ	4959	CD1	TYR	32	-6,062	30,146	-24,912	1,00	27,70	H1	C
NGUYÊN TỬ	4960	CE1	TYR	32	-6,510	31,167	-24,086	1,00	27,16	H1	C
NGUYÊN TỬ	4961	CD2	TYR	32	-8,161	29,034	-24,681	1,00	25,53	H1	C
NGUYÊN TỬ	4962	CE2	TYR	32	-8,616	30,045	-23,857	1,00	25,30	H1	C
NGUYÊN TỬ	4963	CZ	TYR	32	-7,790	31,109	-23,564	1,00	26,69	H1	C
NGUYÊN TỬ	4964	OH	TYR	32	-8,250	32,131	-22,771	1,00	28,27	H1	O
NGUYÊN TỬ	4965	C	TYR	32	-5,486	25,688	-26,440	1,00	24,12	H1	C
NGUYÊN TỬ	4966	O	TYR	32	-4,327	25,601	-26,856	1,00	24,09	H1	O
NGUYÊN TỬ	4967	N	TYR	33	-6,471	24,917	-26,887	1,00	22,70	H1	N
NGUYÊN TỬ	4968	CA	TYR	33	-6,348	24,241	-28,173	1,00	22,68	H1	C
NGUYÊN TỬ	4969	CB	TYR	33	-7,374	23,116	-28,298	1,00	22,31	H1	C
NGUYÊN TỬ	4970	CG	TYR	33	-7,016	21,898	-27,492	1,00	21,33	H1	C
NGUYÊN TỬ	4971	CD1	TYR	33	-6,239	20,893	-28,042	1,00	20,79	H1	C
NGUYÊN TỬ	4972	CE1	TYR	33	-5,886	19,783	-27,311	1,00	22,09	H1	C
NGUYÊN TỬ	4973	CD2	TYR	33	-7,440	21,758	-26,173	1,00	22,16	H1	C
NGUYÊN TỬ	4974	CE2	TYR	33	-7,092	20,642	-25,429	1,00	23,42	H1	C
NGUYÊN TỬ	4975	CZ	TYR	33	-6,311	19,659	-26,010	1,00	23,95	H1	C
NGUYÊN TỬ	4976	OH	TYR	33	-5,941	18,549	-25,298	1,00	23,94	H1	O
NGUYÊN TỬ	4977	C	TYR	33	-6,554	25,244	-29,299	1,00	22,45	H1	C
NGUYÊN TỬ	4978	O	TYR	33	-7,292	26,218	-29,155	1,00	22,76	H1	O
NGUYÊN TỬ	4979	N	TRP	34	-5,887	25,002	-30,417	1,00	22,98	H1	N
NGUYÊN TỬ	4980	CA	TRP	34	-6,012	25,859	-31,582	1,00	23,60	H1	C
NGUYÊN TỬ	4981	CB	TRP	34	-4,650	26,490	-31,885	1,00	23,80	H1	C
NGUYÊN TỬ	4982	CG	TRP	34	-4,247	27,427	-30,790	1,00	23,49	H1	C
NGUYÊN TỬ	4983	CD2	TRP	34	-4,745	28,749	-30,577	1,00	22,41	H1	C
NGUYÊN TỬ	4984	CE2	TRP	34	-4,165	29,227	-29,385	1,00	25,04	H1	C
NGUYÊN TỬ	4985	CE3	TRP	34	-5,629	29,578	-31,280	1,00	23,05	H1	C
NGUYÊN TỬ	4986	CD1	TRP	34	-3,402	27,165	-29,752	1,00	24,44	H1	C
NGUYÊN TỬ	4987	NE1	TRP	34	-3,347	28,240	-28,900	1,00	23,72	H1	N
NGUYÊN TỬ	4988	CZ2	TRP	34	-4,442	30,495	-28,879	1,00	21,78	H1	C
NGUYÊN TỬ	4989	CZ3	TRP	34	-5,900	30,833	-30,777	1,00	21,48	H1	C
NGUYÊN TỬ	4990	CH2	TRP	34	-5,309	31,280	-29,587	1,00	22,95	H1	C
NGUYÊN TỬ	4991	C	TRP	34	-6,530	25,048	-32,766	1,00	21,45	H1	C
NGUYÊN TỬ	4992	O	TRP	34	-5,988	23,987	-33,070	1,00	21,93	H1	O
NGUYÊN TỬ	4993	N	ASN	35	-7,578	25,556	-33,420	1,00	19,88	H1	N
NGUYÊN TỬ	4994	CA	ASN	35	-8,355	24,785	-34,392	1,00	20,46	H1	C
NGUYÊN TỬ	4995	CB	ASN	35	-9,841	24,803	-34,021	1,00	20,89	H1	C
NGUYÊN TỬ	4996	CG	ASN	35	-10,101	24,285	-32,627	1,00	23,23	H1	C
NGUYÊN TỬ	4997	OD1	ASN	35	-10,302	23,087	-32,428	1,00	24,03	H1	O
NGUYÊN TỬ	4998	ND2	ASN	35	-10,099	25,185	-31,650	1,00	22,85	H1	N
NGUYÊN TỬ	4999	C	ASN	35	-8,236	25,315	-35,810	1,00	20,87	H1	C
NGUYÊN TỬ	5000	O	ASN	35	-8,048	26,505	-36,019	1,00	23,07	H1	O
NGUYÊN TỬ	5001	N	TRP	36	-8,377	24,418	-36,782	1,00	22,36	H1	N
NGUYÊN TỬ	5002	CA	TRP	36	-8,702	24,801	-38,152	1,00	22,05	H1	C
NGUYÊN TỬ	5003	CB	TRP	36	-7,658	24,246	-39,121	1,00	22,90	H1	C
NGUYÊN TỬ	5004	CG	TRP	36	-6,318	24,938	-39,025	1,00	25,04	H1	C
NGUYÊN TỬ	5005	CD2	TRP	36	-5,956	26,193	-39,619	1,00	22,07	H1	C
NGUYÊN TỬ	5006	CE2	TRP	36	-4,612	26,439	-39,284	1,00	24,03	H1	C
NGUYÊN TỬ	5007	CE3	TRP	36	-6,639	27,129	-40,403	1,00	22,32	H1	C
NGUYÊN TỬ	5008	CD1	TRP	36	-5,208	24,490	-38,370	1,00	20,33	H1	C
NGUYÊN TỬ	5009	NE1	TRP	36	-4,179	25,385	-38,521	1,00	23,82	H1	N
NGUYÊN TỬ	5010	CZ2	TRP	36	-3,933	27,587	-39,706	1,00	23,84	H1	C
NGUYÊN TỬ	5011	CZ3	TRP	36	-5,968	28,266	-40,821	1,00	24,79	H1	C
NGUYÊN TỬ	5012	CH2	TRP	36	-4,627	28,486	-40,471	1,00	24,85	H1	C
NGUYÊN TỬ	5013	C	TRP	36	-10,087	24,261	-38,517	1,00	22,80	H1	C
NGUYÊN TỬ	5014	O	TRP	36	-10,434	23,122	-38,193	1,00	21,90	H1	O
NGUYÊN TỬ	5015	N	ILE	37	-10,871	25,094	-39,187	1,00	22,71	H1	N
NGUYÊN TỬ	5016	CA	ILE	37	-12,244	24,773	-39,554	1,00	21,18	H1	C
NGUYÊN TỬ	5017	CB	ILE	37	-13,232	25,478	-38,591	1,00	22,23	H1	C
NGUYÊN TỬ	5018	CG2	ILE	37	-14,669	25,262	-39,039	1,00	20,06	H1	C
NGUYÊN TỬ	5019	CG1	ILE	37	-13,024	24,950	-37,171	1,00	21,40	H1	C
NGUYÊN TỬ	5020	CD1	ILE	37	-13,704	25,776	-36,102	1,00	20,52	H1	C
NGUYÊN TỬ	5021	C	ILE	37	-12,445	25,310	-40,966	1,00	23,40	H1	C
NGUYÊN TỬ	5022	O	ILE	37	-11,964	26,395	-41,285	1,00	23,50	H1	O
NGUYÊN TỬ	5023	N	ARG	38	-13,134	24,571	-41,827	1,00	22,17	H1	N
NGUYÊN TỬ	5024	CA	ARG	38	-13,417	25,120	-43,151	1,00	23,30	H1	C
NGUYÊN TỬ	5025	CB	ARG	38	-12,680	24,328	-44,237	1,00	22,10	H1	C
NGUYÊN TỬ	5026	CG	ARG	38	-13,113	22,886	-44,372	1,00	24,22	H1	C
NGUYÊN TỬ	5027	CD	ARG	38	-12,272	22,174	-45,418	1,00	23,06	H1	C
NGUYÊN TỬ	5028	NE	ARG	38	-12,792	20,840	-45,694	1,00	23,01	H1	N
NGUYÊN TỬ	5029	CZ	ARG	38	-12,283	20,000	-46,587	1,00	22,72	H1	C

NGUYÊN TỬ	5030	NH1	ARG	38	-11,212	20,337	-47,310	1,00	18,87	H1	N
NGUYÊN TỬ	5031	NH2	ARG	38	-12,875	18,832	-46,782	1,00	20,60	H1	N
NGUYÊN TỬ	5032	C	ARG	38	-14,906	25,185	-43,469	1,00	23,88	H1	C
NGUYÊN TỬ	5033	O	ARG	38	-15,720	24,482	-42,863	1,00	23,72	H1	O
NGUYÊN TỬ	5034	N	GLN	39	-15,256	26,055	-44,411	1,00	24,72	H1	N
NGUYÊN TỬ	5035	CA	GLN	39	-16,638	26,222	-44,829	1,00	24,67	H1	C
NGUYÊN TỬ	5036	CB	GLN	39	-17,224	27,509	-44,238	1,00	25,79	H1	C
NGUYÊN TỬ	5037	CG	GLN	39	-18,684	27,793	-44,635	1,00	27,90	H1	C
NGUYÊN TỬ	5038	CD	GLN	39	-19,318	28,866	-43,757	1,00	29,29	H1	C
NGUYÊN TỬ	5039	OE1	GLN	39	-18,788	29,966	-43,633	1,00	32,06	H1	O
NGUYÊN TỬ	5040	NE2	GLN	39	-20,447	28,545	-43,141	1,00	28,85	H1	N
NGUYÊN TỬ	5041	C	GLN	39	-16,690	26,288	-46,345	1,00	25,97	H1	C
NGUYÊN TỬ	5042	O	GLN	39	-16,266	27,270	-46,947	1,00	25,21	H1	O
NGUYÊN TỬ	5043	N	PRO	40	-17,213	25,233	-46,981	1,00	26,39	H1	N
NGUYÊN TỬ	5044	CD	PRO	40	-17,750	24,017	-46,345	1,00	28,52	H1	C
NGUYÊN TỬ	5045	CA	PRO	40	-17,377	25,213	-48,433	1,00	29,08	H1	C
NGUYÊN TỬ	5046	CB	PRO	40	-17,779	23,768	-48,731	1,00	27,66	H1	C
NGUYÊN TỬ	5047	CG	PRO	40	-18,437	23,304	-47,485	1,00	28,54	H1	C
NGUYÊN TỬ	5048	C	PRO	40	-18,448	26,219	-48,836	1,00	32,62	H1	C
NGUYÊN TỬ	5049	O	PRO	40	-19,359	26,516	-48,061	1,00	32,18	H1	O
NGUYÊN TỬ	5050	N	PRO	41	-18,345	26,766	-50,053	1,00	36,33	H1	N
NGUYÊN TỬ	5051	CD	PRO	41	-17,406	26,340	-51,105	1,00	37,35	H1	C
NGUYÊN TỬ	5052	CA	PRO	41	-19,204	27,872	-50,494	1,00	37,78	H1	C
NGUYÊN TỬ	5053	CB	PRO	41	-18,839	28,044	-51,969	1,00	39,57	H1	C
NGUYÊN TỬ	5054	CG	PRO	41	-17,449	27,484	-52,074	1,00	40,10	H1	C
NGUYÊN TỬ	5055	C	PRO	41	-20,687	27,568	-50,307	1,00	38,36	H1	C
NGUYÊN TỬ	5056	O	PRO	41	-21,165	26,510	-50,704	1,00	37,50	H1	O
NGUYÊN TỬ	5057	N	GLY	42	-21,406	28,497	-49,682	1,00	40,85	H1	N
NGUYÊN TỬ	5058	CA	GLY	42	-22,837	28,332	-49,499	1,00	43,07	H1	C
NGUYÊN TỬ	5059	C	GLY	42	-23,227	27,130	-48,653	1,00	44,02	H1	C
NGUYÊN TỬ	5060	O	GLY	42	-24,360	26,657	-48,727	1,00	44,58	H1	O
NGUYÊN TỬ	5061	N	LYS	43	-22,297	26,634	-47,842	1,00	42,75	H1	N
NGUYÊN TỬ	5062	CA	LYS	43	-22,551	25,440	-47,046	1,00	41,76	H1	C
NGUYÊN TỬ	5063	CB	LYS	43	-21,778	24,254	-47,627	1,00	44,31	H1	C
NGUYÊN TỬ	5064	CG	LYS	43	-22,140	23,962	-49,074	1,00	48,96	H1	C
NGUYÊN TỬ	5065	CD	LYS	43	-22,254	22,468	-49,324	1,00	51,38	H1	C
NGUYÊN TỬ	5066	CE	LYS	43	-23,015	22,187	-50,617	1,00	54,57	H1	C
NGUYÊN TỬ	5067	NZ	LYS	43	-22,406	22,886	-51,784	1,00	54,57	H1	N
NGUYÊN TỬ	5068	C	LYS	43	-22,171	25,647	-45,590	1,00	37,71	H1	C
NGUYÊN TỬ	5069	O	LYS	43	-21,889	26,766	-45,175	1,00	40,41	H1	O
NGUYÊN TỬ	5070	N	GLY	44	-22,160	24,562	-44,823	1,00	32,46	H1	N
NGUYÊN TỬ	5071	CA	GLY	44	-21,927	24,654	-43,393	1,00	28,89	H1	C
NGUYÊN TỬ	5072	C	GLY	44	-20,473	24,575	-42,949	1,00	28,33	H1	C
NGUYÊN TỬ	5073	O	GLY	44	-19,570	25,015	-43,654	1,00	28,78	H1	O
NGUYÊN TỬ	5074	N	LEU	45	-20,251	24,004	-41,770	1,00	26,37	H1	N
NGUYÊN TỬ	5075	CA	LEU	45	-18,938	24,020	-41,139	1,00	24,45	H1	C
NGUYÊN TỬ	5076	CB	LEU	45	-19,024	24,701	-39,766	1,00	23,45	H1	C
NGUYÊN TỬ	5077	CG	LEU	45	-19,498	26,154	-39,752	1,00	24,17	H1	C
NGUYÊN TỬ	5078	CD1	LEU	45	-19,692	26,636	-38,323	1,00	20,49	H1	C
NGUYÊN TỬ	5079	CD2	LEU	45	-18,471	27,012	-40,474	1,00	23,06	H1	C
NGUYÊN TỬ	5080	C	LEU	45	-18,379	22,616	-40,965	1,00	22,98	H1	C
NGUYÊN TỬ	5081	O	LEU	45	-19,101	21,689	-40,600	1,00	21,96	H1	O
NGUYÊN TỬ	5082	N	GLU	46	-17,081	22,475	-41,208	1,00	22,29	H1	N
NGUYÊN TỬ	5083	CA	GLU	46	-16,397	21,199	-41,044	1,00	22,11	H1	C
NGUYÊN TỬ	5084	CB	GLU	46	-16,060	20,609	-42,416	1,00	21,07	H1	C
NGUYÊN TỬ	5085	CG	GLU	46	-15,392	19,253	-42,342	1,00	23,85	H1	C
NGUYÊN TỬ	5086	CD	GLU	46	-15,117	18,646	-43,711	1,00	26,12	H1	C
NGUYÊN TỬ	5087	OE1	GLU	46	-15,068	19,390	-44,714	1,00	25,34	H1	O
NGUYÊN TỬ	5088	OE2	GLU	46	-14,947	17,414	-43,779	1,00	28,37	H1	O
NGUYÊN TỬ	5089	C	GLU	46	-15,112	21,411	-40,245	1,00	22,69	H1	C
NGUYÊN TỬ	5090	O	GLU	46	-14,246	22,188	-40,643	1,00	22,85	H1	O
NGUYÊN TỬ	5091	N	TRP	47	-14,994	20,727	-39,113	1,00	23,32	H1	N
NGUYÊN TỬ	5092	CA	TRP	47	-13,810	20,853	-38,271	1,00	24,50	H1	C
NGUYÊN TỬ	5093	CB	TRP	47	-14,124	20,356	-36,862	1,00	23,99	H1	C
NGUYÊN TỬ	5094	CG	TRP	47	-12,985	20,457	-35,899	1,00	23,86	H1	C
NGUYÊN TỬ	5095	CD2	TRP	47	-12,225	19,369	-35,357	1,00	23,15	H1	C
NGUYÊN TỬ	5096	CE2	TRP	47	-11,346	19,912	-34,401	1,00	22,05	H1	C
NGUYÊN TỬ	5097	CE3	TRP	47	-12,209	17,986	-35,584	1,00	22,33	H1	C
NGUYÊN TỬ	5098	CD1	TRP	47	-12,536	21,586	-35,276	1,00	23,05	H1	C
NGUYÊN TỬ	5099	NE1	TRP	47	-11,555	21,268	-34,373	1,00	23,21	H1	N
NGUYÊN TỬ	5100	CZ2	TRP	47	-10,461	19,124	-33,665	1,00	20,75	H1	C
NGUYÊN TỬ	5101	CZ3	TRP	47	-11,326	17,200	-34,852	1,00	20,87	H1	C
NGUYÊN TỬ	5102	CH2	TRP	47	-10,467	17,774	-33,903	1,00	23,70	H1	C
NGUYÊN TỬ	5103	C	TRP	47	-12,687	20,020	-38,872	1,00	24,58	H1	C
NGUYÊN TỬ	5104	O	TRP	47	-12,877	18,849	-39,176	1,00	23,77	H1	O
NGUYÊN TỬ	5105	N	ILE	48	-11,519	20,626	-39,042	1,00	24,78	H1	N

NGUYÊN TỬ	5106	CA	ILE	48	-10,389	19,929	-39,647	1,00	24,00	H1	C
NGUYÊN TỬ	5107	CB	ILE	48	-9,526	20,913	-40,481	1,00	24,53	H1	C
NGUYÊN TỬ	5108	CG2	ILE	48	-8,285	20,196	-41,038	1,00	24,01	H1	C
NGUYÊN TỬ	5109	CG1	ILE	48	-10,383	21,502	-41,611	1,00	23,41	H1	C
NGUYÊN TỬ	5110	CD1	ILE	48	-9,698	22,583	-42,429	1,00	24,34	H1	C
NGUYÊN TỬ	5111	C	ILE	48	-9,530	19,259	-38,575	1,00	23,04	H1	C
NGUYÊN TỬ	5112	O	ILE	48	-9,181	18,080	-38,689	1,00	21,34	H1	O
NGUYÊN TỬ	5113	N	GLY	49	-9,207	20,011	-37,528	1,00	22,63	H1	N
NGUYÊN TỬ	5114	CA	GLY	49	-8,387	19,476	-36,459	1,00	21,49	H1	C
NGUYÊN TỬ	5115	C	GLY	49	-7,929	20,562	-35,502	1,00	22,86	H1	C
NGUYÊN TỬ	5116	O	GLY	49	-8,258	21,733	-35,679	1,00	22,27	H1	O
NGUYÊN TỬ	5117	N	GLU	50	-7,166	20,164	-34,490	1,00	22,34	H1	N
NGUYÊN TỬ	5118	CA	GLU	50	-6,673	21,078	-33,469	1,00	23,19	H1	C
NGUYÊN TỬ	5119	CB	GLU	50	-7,577	21,023	-32,234	1,00	23,22	H1	C
NGUYÊN TỬ	5120	CG	GLU	50	-7,510	19,674	-31,530	1,00	20,57	H1	C
NGUYÊN TỬ	5121	CD	GLU	50	-8,512	19,538	-30,396	1,00	23,89	H1	C
NGUYÊN TỬ	5122	OE1	GLU	50	-9,378	20,428	-30,251	1,00	22,86	H1	O
NGUYÊN TỬ	5123	OE2	GLU	50	-8,438	18,533	-29,656	1,00	20,61	H1	O
NGUYÊN TỬ	5124	C	GLU	50	-5,257	20,664	-33,053	1,00	25,41	H1	C
NGUYÊN TỬ	5125	O	GLU	50	-4,799	19,559	-33,349	1,00	26,68	H1	O
NGUYÊN TỬ	5126	N	ILE	51	-4,577	21,549	-32,340	1,00	25,24	H1	N
NGUYÊN TỬ	5127	CA	ILE	51	-3,275	21,223	-31,780	1,00	25,42	H1	C
NGUYÊN TỬ	5128	CB	ILE	51	-2,151	21,625	-32,768	1,00	25,30	H1	C
NGUYÊN TỬ	5129	CG2	ILE	51	-2,110	23,145	-32,919	1,00	20,77	H1	C
NGUYÊN TỬ	5130	CG1	ILE	51	-0,805	21,091	-32,288	1,00	25,23	H1	C
NGUYÊN TỬ	5131	CD1	ILE	51	0,268	21,133	-33,364	1,00	26,63	H1	C
NGUYÊN TỬ	5132	C	ILE	51	-3,150	22,023	-30,492	1,00	25,89	H1	C
NGUYÊN TỬ	5133	O	ILE	51	-3,846	23,019	-30,318	1,00	25,01	H1	O
NGUYÊN TỬ	5134	N	ASN	52	-2,294	21,585	-29,575	1,00	27,77	H1	N
NGUYÊN TỬ	5135	CA	ASN	52	-1,924	22,442	-28,456	1,00	28,51	H1	C
NGUYÊN TỬ	5136	CB	ASN	52	-2,366	21,828	-27,119	1,00	31,18	H1	C
NGUYÊN TỬ	5137	CG	ASN	52	-1,642	20,539	-26,785	1,00	33,23	H1	C
NGUYÊN TỬ	5138	OD1	ASN	52	-0,514	20,307	-27,221	1,00	37,24	H1	O
NGUYÊN TỬ	5139	ND2	ASN	52	-2,294	19,688	-25,999	1,00	34,97	H1	N
NGUYÊN TỬ	5140	C	ASN	52	-0,423	22,706	-28,463	1,00	29,67	H1	C
NGUYÊN TỬ	5141	O	ASN	52	0,293	22,205	-29,327	1,00	29,70	H1	O
NGUYÊN TỬ	5142	N	HIS	53	0,047	23,497	-27,505	1,00	30,65	H1	N
NGUYÊN TỬ	5143	CA	HIS	53	1,391	24,059	-27,565	1,00	34,02	H1	C
NGUYÊN TỬ	5144	CB	HIS	53	1,597	25,058	-26,431	1,00	36,59	H1	C
NGUYÊN TỬ	5145	CG	HIS	53	1,574	24,427	-25,077	1,00	41,39	H1	C
NGUYÊN TỬ	5146	CD2	HIS	53	0,542	24,090	-24,268	1,00	42,73	H1	C
NGUYÊN TỬ	5147	ND1	HIS	53	2,719	24,025	-24,425	1,00	44,09	H1	N
NGUYÊN TỬ	5148	CE1	HIS	53	2,393	23,465	-23,273	1,00	43,74	H1	C
NGUYÊN TỬ	5149	NE2	HIS	53	1,077	23,492	-23,154	1,00	44,27	H1	N
NGUYÊN TỬ	5150	C	HIS	53	2,473	22,990	-27,475	1,00	34,37	H1	C
NGUYÊN TỬ	5151	O	HIS	53	3,621	23,241	-27,819	1,00	34,24	H1	O
NGUYÊN TỬ	5152	N	SER	54	2,115	21,805	-26,999	1,00	34,17	H1	N
NGUYÊN TỬ	5153	CA	SER	54	3,103	20,752	-26,852	1,00	34,95	H1	C
NGUYÊN TỬ	5154	CB	SER	54	2,728	19,819	-25,708	1,00	37,13	H1	C
NGUYÊN TỬ	5155	OG	SER	54	1,673	18,955	-26,090	1,00	44,66	H1	O
NGUYÊN TỬ	5156	C	SER	54	3,207	19,960	-28,140	1,00	35,47	H1	C
NGUYÊN TỬ	5157	O	SER	54	4,033	19,058	-28,255	1,00	37,27	H1	O
NGUYÊN TỬ	5158	N	GLY	55	2,360	20,291	-29,110	1,00	33,32	H1	N
NGUYÊN TỬ	5159	CA	GLY	55	2,456	19,646	-30,407	1,00	33,10	H1	C
NGUYÊN TỬ	5160	C	GLY	55	1,537	18,459	-30,649	1,00	30,70	H1	C
NGUYÊN TỬ	5161	O	GLY	55	1,519	17,913	-31,744	1,00	31,90	H1	O
NGUYÊN TỬ	5162	N	ARG	56	0,770	18,047	-29,647	1,00	31,34	H1	N
NGUYÊN TỬ	5163	CA	ARG	56	-0,181	16,959	-29,860	1,00	31,52	H1	C
NGUYÊN TỬ	5164	CB	ARG	56	-0,674	16,399	-28,520	1,00	33,02	H1	C
NGUYÊN TỬ	5165	CG	ARG	56	-1,671	15,245	-28,675	1,00	39,22	H1	C
NGUYÊN TỬ	5166	CD	ARG	56	-1,844	14,428	-27,393	1,00	41,40	H1	C
NGUYÊN TỬ	5167	NE	ARG	56	-2,188	15,260	-26,239	1,00	44,28	H1	N
NGUYÊN TỬ	5168	CZ	ARG	56	-3,363	15,858	-26,069	1,00	45,93	H1	C
NGUYÊN TỬ	5169	NH1	ARG	56	-4,318	15,722	-26,983	1,00	45,10	H1	N
NGUYÊN TỬ	5170	NH2	ARG	56	-3,584	16,588	-24,980	1,00	46,47	H1	N
NGUYÊN TỬ	5171	C	ARG	56	-1,376	17,427	-30,702	1,00	29,42	H1	C
NGUYÊN TỬ	5172	O	ARG	56	-1,861	18,544	-30,547	1,00	29,24	H1	O
NGUYÊN TỬ	5173	N	THR	57	-1,844	16,560	-31,590	1,00	27,46	H1	N
NGUYÊN TỬ	5174	CA	THR	57	-2,908	16,912	-32,518	1,00	28,02	H1	C
NGUYÊN TỬ	5175	CB	THR	57	-2,401	16,915	-33,974	1,00	26,99	H1	C
NGUYÊN TỬ	5176	OG1	THR	57	-1,806	15,646	-34,267	1,00	28,13	H1	O
NGUYÊN TỬ	5177	CG2	THR	57	-1,384	18,032	-34,194	1,00	24,99	H1	C
NGUYÊN TỬ	5178	C	THR	57	-4,097	15,956	-32,442	1,00	27,51	H1	C
NGUYÊN TỬ	5179	O	THR	57	-3,968	14,814	-31,996	1,00	24,38	H1	O
NGUYÊN TỬ	5180	N	ASP	58	-5,252	16,447	-32,882	1,00	26,49	H1	N
NGUYÊN TỬ	5181	CA	ASP	58	-6,422	15,606	-33,141	1,00	26,22	H1	C

NGUYÊN TỬ	5182	CB	ASP	58	-7,491	15,830	-32,064	1,00	26,18	H1	C
NGUYÊN TỬ	5183	CG	ASP	58	-6,973	15,585	-30,655	1,00	25,96	H1	C
NGUYÊN TỬ	5184	OD1	ASP	58	-6,604	14,436	-30,349	1,00	28,58	H1	O
NGUYÊN TỬ	5185	OD2	ASP	58	-6,941	16,538	-29,849	1,00	25,89	H1	O
NGUYÊN TỬ	5186	C	ASP	58	-6,985	16,012	-34,506	1,00	25,72	H1	C
NGUYÊN TỬ	5187	O	ASP	58	-7,107	17,200	-34,795	1,00	24,91	H1	O
NGUYÊN TỬ	5188	N	TYR	59	-7,326	15,035	-35,339	1,00	25,29	H1	N
NGUYÊN TỬ	5189	CA	TYR	59	-7,818	15,326	-36,681	1,00	25,55	H1	C
NGUYÊN TỬ	5190	CB	TYR	59	-6,882	14,740	-37,743	1,00	24,54	H1	C
NGUYÊN TỬ	5191	CG	TYR	59	-5,476	15,296	-37,709	1,00	27,17	H1	C
NGUYÊN TỬ	5192	CD1	TYR	59	-5,247	16,653	-37,827	1,00	25,11	H1	C
NGUYÊN TỬ	5193	CE1	TYR	59	-3,971	17,167	-37,782	1,00	28,62	H1	C
NGUYÊN TỬ	5194	CD2	TYR	59	-4,378	14,458	-37,550	1,00	28,77	H1	C
NGUYÊN TỬ	5195	CE2	TYR	59	-3,091	14,966	-37,510	1,00	29,01	H1	C
NGUYÊN TỬ	5196	CZ	TYR	59	-2,895	16,324	-37,622	1,00	28,28	H1	C
NGUYÊN TỬ	5197	OH	TYR	59	-1,624	16,855	-37,546	1,00	29,69	H1	O
NGUYÊN TỬ	5198	C	TYR	59	-9,217	14,774	-36,912	1,00	26,93	H1	C
NGUYÊN TỬ	5199	O	TYR	59	-9,610	13,775	-36,306	1,00	25,54	H1	O
NGUYÊN TỬ	5200	N	ASN	60	-9,960	15,435	-37,795	1,00	25,64	H1	N
NGUYÊN TỬ	5201	CA	ASN	60	-11,180	14,866	-38,339	1,00	27,20	H1	C
NGUYÊN TỬ	5202	CB	ASN	60	-11,914	15,908	-39,193	1,00	27,87	H1	C
NGUYÊN TỬ	5203	CG	ASN	60	-13,295	15,439	-39,636	1,00	29,92	H1	C
NGUYÊN TỬ	5204	OD1	ASN	60	-13,552	14,242	-39,734	1,00	27,12	H1	O
NGUYÊN TỬ	5205	ND2	ASN	60	-14,191	16,388	-39,906	1,00	27,79	H1	N
NGUYÊN TỬ	5206	C	ASN	60	-10,766	13,682	-39,211	1,00	28,06	H1	C
NGUYÊN TỬ	5207	O	ASN	60	-9,900	13,815	-40,076	1,00	26,75	H1	O
NGUYÊN TỬ	5208	N	PRO	61	-11,383	12,509	-38,988	1,00	28,60	H1	N
NGUYÊN TỬ	5209	CD	PRO	61	-12,379	12,272	-37,929	1,00	28,36	H1	C
NGUYÊN TỬ	5210	CA	PRO	61	-11,103	11,288	-39,750	1,00	28,67	H1	C
NGUYÊN TỬ	5211	CB	PRO	61	-12,156	10,300	-39,243	1,00	30,97	H1	C
NGUYÊN TỬ	5212	CG	PRO	61	-12,471	10,774	-37,878	1,00	31,87	H1	C
NGUYÊN TỬ	5213	C	PRO	61	-11,199	11,489	-41,254	1,00	29,49	H1	C
NGUYÊN TỬ	5214	O	PRO	61	-10,505	10,830	-42,016	1,00	30,22	H1	O
NGUYÊN TỬ	5215	N	SER	62	-12,064	12,402	-41,682	1,00	29,86	H1	N
NGUYÊN TỬ	5216	CA	SER	62	-12,310	12,593	-43,105	1,00	30,55	H1	C
NGUYÊN TỬ	5217	CB	SER	62	-13,540	13,472	-43,307	1,00	30,58	H1	C
NGUYÊN TỬ	5218	OG	SER	62	-13,283	14,785	-42,854	1,00	31,57	H1	O
NGUYÊN TỬ	5219	C	SER	62	-11,117	13,242	-43,799	1,00	31,98	H1	C
NGUYÊN TỬ	5220	O	SER	62	-11,054	13,280	-45,026	1,00	32,06	H1	O
NGUYÊN TỬ	5221	N	LEU	63	-10,180	13,763	-43,010	1,00	30,93	H1	N
NGUYÊN TỬ	5222	CA	LEU	63	-9,039	14,489	-43,558	1,00	31,13	H1	C
NGUYÊN TỬ	5223	CB	LEU	63	-9,206	15,987	-43,293	1,00	29,01	H1	C
NGUYÊN TỬ	5224	CG	LEU	63	-10,329	16,656	-44,092	1,00	31,66	H1	C
NGUYÊN TỬ	5225	CD1	LEU	63	-10,593	18,044	-43,535	1,00	28,33	H1	C
NGUYÊN TỬ	5226	CD2	LEU	63	-9,939	16,731	-45,575	1,00	28,56	H1	C
NGUYÊN TỬ	5227	C	LEU	63	-7,703	14,006	-42,988	1,00	30,49	H1	C
NGUYÊN TỬ	5228	O	LEU	63	-6,640	14,416	-43,451	1,00	30,14	H1	O
NGUYÊN TỬ	5229	N	LYS	64	-7,773	13,133	-41,989	1,00	30,11	H1	N
NGUYÊN TỬ	5230	CA	LYS	64	-6,602	12,670	-41,257	1,00	32,57	H1	C
NGUYÊN TỬ	5231	CB	LYS	64	-7,007	11,514	-40,337	1,00	36,89	H1	C
NGUYÊN TỬ	5232	CG	LYS	64	-5,877	10,924	-39,511	1,00	40,28	H1	C
NGUYÊN TỬ	5233	CD	LYS	64	-6,349	9,706	-38,706	1,00	44,49	H1	C
NGUYÊN TỬ	5234	CE	LYS	64	-6,817	10,078	-37,290	1,00	48,41	H1	C
NGUYÊN TỬ	5235	NZ	LYS	64	-8,133	10,801	-37,258	1,00	48,82	H1	N
NGUYÊN TỬ	5236	C	LYS	64	-5,443	12,229	-42,153	1,00	34,71	H1	C
NGUYÊN TỬ	5237	O	LYS	64	-4,282	12,504	-41,851	1,00	34,00	H1	O
NGUYÊN TỬ	5238	N	SER	65	-5,753	11,547	-43,254	1,00	35,63	H1	N
NGUYÊN TỬ	5239	CA	SER	65	-4,709	10,978	-44,099	1,00	38,29	H1	C
NGUYÊN TỬ	5240	CB	SER	65	-5,299	9,924	-45,043	1,00	39,24	H1	C
NGUYÊN TỬ	5241	OG	SER	65	-6,082	10,525	-46,065	1,00	44,72	H1	O
NGUYÊN TỬ	5242	C	SER	65	-3,961	12,035	-44,916	1,00	39,01	H1	C
NGUYÊN TỬ	5243	O	SER	65	-2,842	11,793	-45,378	1,00	39,10	H1	O
NGUYÊN TỬ	5244	N	ARG	66	-4,573	13,204	-45,089	1,00	37,26	H1	N
NGUYÊN TỬ	5245	CA	ARG	66	-3,992	14,240	-45,937	1,00	35,64	H1	C
NGUYÊN TỬ	5246	CB	ARG	66	-5,018	14,691	-46,983	1,00	34,32	H1	C
NGUYÊN TỬ	5247	CG	ARG	66	-5,552	13,575	-47,868	1,00	35,93	H1	C
NGUYÊN TỬ	5248	CD	ARG	66	-6,867	13,993	-48,513	1,00	35,14	H1	C
NGUYÊN TỬ	5249	NE	ARG	66	-6,689	15,244	-49,224	1,00	34,04	H1	N
NGUYÊN TỬ	5250	CZ	ARG	66	-7,614	16,185	-49,375	1,00	32,60	H1	C
NGUYÊN TỬ	5251	NH1	ARG	66	-8,833	16,046	-48,867	1,00	24,54	H1	N
NGUYÊN TỬ	5252	NH2	ARG	66	-7,296	17,285	-50,040	1,00	30,85	H1	N
NGUYÊN TỬ	5253	C	ARG	66	-3,495	15,462	-45,157	1,00	35,29	H1	C
NGUYÊN TỬ	5254	O	ARG	66	-2,810	16,320	-45,713	1,00	36,20	H1	O
NGUYÊN TỬ	5255	N	VAL	67	-3,848	15,549	-43,878	1,00	33,06	H1	N
NGUYÊN TỬ	5256	CA	VAL	67	-3,663	16,787	-43,132	1,00	32,98	H1	C
NGUYÊN TỬ	5257	CB	VAL	67	-4,944	17,169	-42,347	1,00	34,24	H1	C

NGUYÊN TỬ	5258	CG1	VAL	67	-4,725	18,471	-41,600	1,00	36,90	H1	C
NGUYÊN TỬ	5259	CG2	VAL	67	-6,107	17,326	-43,297	1,00	38,06	H1	C
NGUYÊN TỬ	5260	C	VAL	67	-2,513	16,725	-42,137	1,00	30,38	H1	C
NGUYÊN TỬ	5261	O	VAL	67	-2,260	15,693	-41,525	1,00	29,73	H1	O
NGUYÊN TỬ	5262	N	THR	68	-1,824	17,847	-41,978	1,00	29,72	H1	N
NGUYÊN TỬ	5263	CA	THR	68	-0,890	18,021	-40,878	1,00	31,21	H1	C
NGUYÊN TỬ	5264	CB	THR	68	0,581	17,868	-41,333	1,00	32,80	H1	C
NGUYÊN TỬ	5265	OG1	THR	68	0,773	16,575	-41,917	1,00	36,87	H1	O
NGUYÊN TỬ	5266	CG2	THR	68	1,521	18,003	-40,141	1,00	33,68	H1	C
NGUYÊN TỬ	5267	C	THR	68	-1,067	19,413	-40,291	1,00	31,32	H1	C
NGUYÊN TỬ	5268	O	THR	68	-1,042	20,420	-41,011	1,00	31,21	H1	O
NGUYÊN TỬ	5269	N	ILE	69	-1,255	19,466	-38,980	1,00	27,82	H1	N
NGUYÊN TỬ	5270	CA	ILE	69	-1,280	20,733	-38,274	1,00	26,11	H1	C
NGUYÊN TỬ	5271	CB	ILE	69	-2,548	20,844	-37,404	1,00	22,50	H1	C
NGUYÊN TỬ	5272	CG2	ILE	69	-2,490	22,088	-36,539	1,00	21,71	H1	C
NGUYÊN TỬ	5273	CG1	ILE	69	-3,786	20,862	-38,309	1,00	22,12	H1	C
NGUYÊN TỬ	5274	CD1	ILE	69	-5,111	20,739	-37,559	1,00	19,06	H1	C
NGUYÊN TỬ	5275	C	ILE	69	-0,034	20,796	-37,399	1,00	26,90	H1	C
NGUYÊN TỬ	5276	O	ILE	69	0,344	19,808	-36,763	1,00	26,17	H1	O
NGUYÊN TỬ	5277	N	SER	70	0,620	21,950	-37,386	1,00	26,96	H1	N
NGUYÊN TỬ	5278	CA	SER	70	1,825	22,112	-36,590	1,00	29,41	H1	C
NGUYÊN TỬ	5279	CB	SER	70	3,066	22,082	-37,490	1,00	29,33	H1	C
NGUYÊN TỬ	5280	OG	SER	70	2,970	23,059	-38,508	1,00	34,80	H1	O
NGUYÊN TỬ	5281	C	SER	70	1,753	23,419	-35,829	1,00	29,15	H1	C
NGUYÊN TỬ	5282	O	SER	70	0,891	24,257	-36,096	1,00	29,52	H1	O
NGUYÊN TỬ	5283	N	VAL	71	2,647	23,588	-34,864	1,00	30,15	H1	N
NGUYÊN TỬ	5284	CA	VAL	71	2,617	24,776	-34,029	1,00	30,65	H1	C
NGUYÊN TỬ	5285	CB	VAL	71	1,970	24,461	-32,653	1,00	30,44	H1	C
NGUYÊN TỬ	5286	CG1	VAL	71	2,819	23,450	-31,900	1,00	28,16	H1	C
NGUYÊN TỬ	5287	CG2	VAL	71	1,804	25,744	-31,842	1,00	32,12	H1	C
NGUYÊN TỬ	5288	C	VAL	71	4,026	25,320	-33,813	1,00	31,95	H1	C
NGUYÊN TỬ	5289	O	VAL	71	4,994	24,564	-33,722	1,00	30,74	H1	O
NGUYÊN TỬ	5290	N	ASP	72	4,134	26,639	-33,743	1,00	33,49	H1	N
NGUYÊN TỬ	5291	CA	ASP	72	5,392	27,289	-33,405	1,00	35,48	H1	C
NGUYÊN TỬ	5292	CB	ASP	72	5,876	28,143	-34,582	1,00	38,44	H1	C
NGUYÊN TỬ	5293	CG	ASP	72	7,211	28,814	-34,310	1,00	40,69	H1	C
NGUYÊN TỬ	5294	OD1	ASP	72	7,609	28,903	-33,131	1,00	41,96	H1	O
NGUYÊN TỬ	5295	OD2	ASP	72	7,865	29,252	-35,279	1,00	43,43	H1	O
NGUYÊN TỬ	5296	C	ASP	72	5,139	28,165	-32,187	1,00	35,14	H1	C
NGUYÊN TỬ	5297	O	ASP	72	4,727	29,317	-32,316	1,00	33,42	H1	O
NGUYÊN TỬ	5298	N	THR	73	5,376	27,614	-31,002	1,00	36,86	H1	N
NGUYÊN TỬ	5299	CA	THR	73	5,012	28,306	-29,774	1,00	40,27	H1	C
NGUYÊN TỬ	5300	CB	THR	73	5,158	27,390	-28,545	1,00	41,47	H1	C
NGUYÊN TỬ	5301	OG1	THR	73	6,539	27,065	-28,356	1,00	44,90	H1	O
NGUYÊN TỬ	5302	CG2	THR	73	4,360	26,103	-28,740	1,00	38,24	H1	C
NGUYÊN TỬ	5303	C	THR	73	5,877	29,541	-29,569	1,00	40,62	H1	C
NGUYÊN TỬ	5304	O	THR	73	5,410	30,547	-29,039	1,00	41,80	H1	O
NGUYÊN TỬ	5305	N	SER	74	7,133	29,475	-29,998	1,00	41,71	H1	N
NGUYÊN TỬ	5306	CA	SER	74	8,024	30,617	-29,833	1,00	42,42	H1	C
NGUYÊN TỬ	5307	CB	SER	74	9,418	30,313	-30,403	1,00	42,23	H1	C
NGUYÊN TỬ	5308	OG	SER	74	9,455	30,467	-31,811	1,00	45,59	H1	O
NGUYÊN TỬ	5309	C	SER	74	7,423	31,820	-30,542	1,00	41,31	H1	C
NGUYÊN TỬ	5310	O	SER	74	7,602	32,959	-30,111	1,00	43,56	H1	O
NGUYÊN TỬ	5311	N	LYS	75	6,692	31,562	-31,622	1,00	40,07	H1	N
NGUYÊN TỬ	5312	CA	LYS	75	6,081	32,635	-32,402	1,00	37,23	H1	C
NGUYÊN TỬ	5313	CB	LYS	75	6,283	32,381	-33,894	1,00	40,70	H1	C
NGUYÊN TỬ	5314	CG	LYS	75	7,640	32,786	-34,430	1,00	42,41	H1	C
NGUYÊN TỬ	5315	CD	LYS	75	7,552	33,046	-35,925	1,00	45,61	H1	C
NGUYÊN TỬ	5316	CE	LYS	75	8,933	33,131	-36,550	1,00	48,78	H1	C
NGUYÊN TỬ	5317	NZ	LYS	75	9,706	31,882	-36,306	1,00	49,50	H1	N
NGUYÊN TỬ	5318	C	LYS	75	4,591	32,813	-32,129	1,00	34,20	H1	C
NGUYÊN TỬ	5319	O	LYS	75	3,958	33,725	-32,673	1,00	31,98	H1	O
NGUYÊN TỬ	5320	N	LYS	76	4,031	31,939	-31,298	1,00	31,53	H1	N
NGUYÊN TỬ	5321	CA	LYS	76	2,583	31,894	-31,099	1,00	30,16	H1	C
NGUYÊN TỬ	5322	CB	LYS	76	2,129	33,120	-30,301	1,00	31,13	H1	C
NGUYÊN TỬ	5323	CG	LYS	76	2,773	33,203	-28,914	1,00	32,98	H1	C
NGUYÊN TỬ	5324	CD	LYS	76	2,476	34,526	-28,236	1,00	35,35	H1	C
NGUYÊN TỬ	5325	CE	LYS	76	3,315	34,711	-26,976	1,00	42,53	H1	C
NGUYÊN TỬ	5326	NZ	LYS	76	3,033	33,680	-25,934	1,00	45,06	H1	N
NGUYÊN TỬ	5327	C	LYS	76	1,867	31,830	-32,451	1,00	28,30	H1	C
NGUYÊN TỬ	5328	O	LYS	76	1,027	32,664	-32,773	1,00	26,79	H1	O
NGUYÊN TỬ	5329	N	GLN	77	2,234	30,837	-33,248	1,00	28,03	H1	N
NGUYÊN TỬ	5330	CA	GLN	77	1,610	30,613	-34,544	1,00	30,21	H1	C
NGUYÊN TỬ	5331	CB	GLN	77	2,528	31,065	-35,685	1,00	29,25	H1	C
NGUYÊN TỬ	5332	CG	GLN	77	2,730	32,565	-35,778	1,00	32,24	H1	C
NGUYÊN TỬ	5333	CD	GLN	77	3,757	32,963	-36,834	1,00	31,77	H1	C

NGUYÊN TỬ	5334	OE1	GLN	77	4,144	34,126	-36,922	1,00	35,74	H1	O
NGUYÊN TỬ	5335	NE2	GLN	77	4,198	32,002	-37,634	1,00	28,74	H1	N
NGUYÊN TỬ	5336	C	GLN	77	1,353	29,124	-34,680	1,00	29,69	H1	C
NGUYÊN TỬ	5337	O	GLN	77	2,085	28,307	-34,119	1,00	31,84	H1	O
NGUYÊN TỬ	5338	N	PHE	78	0,313	28,767	-35,417	1,00	28,53	H1	N
NGUYÊN TỬ	5339	CA	PHE	78	0,149	27,385	-35,817	1,00	28,21	H1	C
NGUYÊN TỬ	5340	CB	PHE	78	-0,842	26,658	-34,888	1,00	28,77	H1	C
NGUYÊN TỬ	5341	CG	PHE	78	-2,240	27,200	-34,928	1,00	28,71	H1	C
NGUYÊN TỬ	5342	CD1	PHE	78	-3,272	26,444	-35,469	1,00	28,64	H1	C
NGUYÊN TỬ	5343	CD2	PHE	78	-2,531	28,452	-34,412	1,00	28,33	H1	C
NGUYÊN TỬ	5344	CE1	PHE	78	-4,568	26,928	-35,494	1,00	28,19	H1	C
NGUYÊN TỬ	5345	CE2	PHE	78	-3,824	28,941	-34,434	1,00	28,05	H1	C
NGUYÊN TỬ	5346	CZ	PHE	78	-4,844	28,177	-34,978	1,00	27,78	H1	C
NGUYÊN TỬ	5347	C	PHE	78	-0,291	27,334	-37,267	1,00	26,74	H1	C
NGUYÊN TỬ	5348	O	PHE	78	-0,746	28,329	-37,820	1,00	26,40	H1	O
NGUYÊN TỬ	5349	N	SER	79	-0,121	26,173	-37,884	1,00	26,74	H1	N
NGUYÊN TỬ	5350	CA	SER	79	-0,190	26,058	-39,332	1,00	28,66	H1	C
NGUYÊN TỬ	5351	CB	SER	79	1,217	25,906	-39,911	1,00	26,94	H1	C
NGUYÊN TỬ	5352	OG	SER	79	1,991	27,059	-39,670	1,00	37,18	H1	O
NGUYÊN TỬ	5353	C	SER	79	-1,019	24,857	-39,751	1,00	27,22	H1	C
NGUYÊN TỬ	5354	O	SER	79	-1,198	23,915	-38,982	1,00	28,89	H1	O
NGUYÊN TỬ	5355	N	LEU	80	-1,492	24,899	-40,988	1,00	28,24	H1	N
NGUYÊN TỬ	5356	CA	LEU	80	-2,221	23,797	-41,595	1,00	28,21	H1	C
NGUYÊN TỬ	5357	CB	LEU	80	-3,657	24,228	-41,873	1,00	27,82	H1	C
NGUYÊN TỬ	5358	CG	LEU	80	-4,499	23,249	-42,689	1,00	29,21	H1	C
NGUYÊN TỬ	5359	CD1	LEU	80	-4,684	21,959	-41,906	1,00	25,31	H1	C
NGUYÊN TỬ	5360	CD2	LEU	80	-5,843	23,888	-43,000	1,00	29,81	H1	C
NGUYÊN TỬ	5361	C	LEU	80	-1,560	23,383	-42,910	1,00	29,34	H1	C
NGUYÊN TỬ	5362	O	LEU	80	-1,283	24,224	-43,764	1,00	29,99	H1	O
NGUYÊN TỬ	5363	N	LYS	81	-1,315	22,088	-43,072	1,00	30,34	H1	N
NGUYÊN TỬ	5364	CA	LYS	81	-0,952	21,543	-44,372	1,00	32,50	H1	C
NGUYÊN TỬ	5365	CB	LYS	81	0,433	20,888	-44,315	1,00	36,42	H1	C
NGUYÊN TỬ	5366	CG	LYS	81	1,585	21,867	-44,454	1,00	43,74	H1	C
NGUYÊN TỬ	5367	CD	LYS	81	2,892	21,145	-44,778	1,00	47,76	H1	C
NGUYÊN TỬ	5368	CE	LYS	81	3,901	22,096	-45,405	1,00	48,81	H1	C
NGUYÊN TỬ	5369	NZ	LYS	81	3,752	23,471	-44,859	1,00	49,14	H1	N
NGUYÊN TỬ	5370	C	LYS	81	-1,976	20,514	-44,830	1,00	32,18	H1	C
NGUYÊN TỬ	5371	O	LYS	81	-2,286	19,568	-44,102	1,00	32,47	H1	O
NGUYÊN TỬ	5372	N	LEU	82	-2,493	20,694	-46,041	1,00	31,45	H1	N
NGUYÊN TỬ	5373	CA	LEU	82	-3,388	19,708	-46,642	1,00	31,74	H1	C
NGUYÊN TỬ	5374	CB	LEU	82	-4,777	20,322	-46,853	1,00	29,16	H1	C
NGUYÊN TỬ	5375	CG	LEU	82	-5,901	19,419	-47,374	1,00	29,44	H1	C
NGUYÊN TỬ	5376	CD1	LEU	82	-6,172	18,295	-46,380	1,00	26,17	H1	C
NGUYÊN TỬ	5377	CD2	LEU	82	-7,163	20,251	-47,579	1,00	27,84	H1	C
NGUYÊN TỬ	5378	C	LEU	82	-2,815	19,252	-47,980	1,00	31,38	H1	C
NGUYÊN TỬ	5379	O	LEU	82	-2,719	20,049	-48,913	1,00	30,59	H1	O
NGUYÊN TỬ	5380	N	ASN	83	-2,439	17,976	-48,068	1,00	33,35	H1	N
NGUYÊN TỬ	5381	CA	ASN	83	-1,862	17,403	-49,294	1,00	34,64	H1	C
NGUYÊN TỬ	5382	CB	ASN	83	-1,143	16,079	-48,999	1,00	37,82	H1	C
NGUYÊN TỬ	5383	CG	ASN	83	-0,053	16,223	-47,975	1,00	43,06	H1	C
NGUYÊN TỬ	5384	OD1	ASN	83	0,637	17,244	-47,924	1,00	45,32	H1	O
NGUYÊN TỬ	5385	ND2	ASN	83	0,114	15,198	-47,141	1,00	42,01	H1	N
NGUYÊN TỬ	5386	C	ASN	83	-2,907	17,112	-50,368	1,00	34,00	H1	C
NGUYÊN TỬ	5387	O	ASN	83	-4,092	16,917	-50,066	1,00	31,80	H1	O
NGUYÊN TỬ	5388	N	SER	84	-2,437	17,067	-51,616	1,00	32,98	H1	N
NGUYÊN TỬ	5389	CA	SER	84	-3,175	16,485	-52,733	1,00	32,51	H1	C
NGUYÊN TỬ	5390	CB	SER	84	-3,226	14,963	-52,596	1,00	33,13	H1	C
NGUYÊN TỬ	5391	OG	SER	84	-1,930	14,422	-52,419	1,00	37,34	H1	O
NGUYÊN TỬ	5392	C	SER	84	-4,594	17,013	-52,848	1,00	32,10	H1	C
NGUYÊN TỬ	5393	O	SER	84	-5,544	16,235	-52,918	1,00	32,45	H1	O
NGUYÊN TỬ	5394	N	VAL	85	-4,737	18,331	-52,870	1,00	30,78	H1	N
NGUYÊN TỬ	5395	CA	VAL	85	-6,054	18,939	-52,891	1,00	31,67	H1	C
NGUYÊN TỬ	5396	CB	VAL	85	-5,955	20,468	-52,767	1,00	31,43	H1	C
NGUYÊN TỬ	5397	CG1	VAL	85	-5,392	20,841	-51,400	1,00	31,90	H1	C
NGUYÊN TỬ	5398	CG2	VAL	85	-5,072	21,019	-53,869	1,00	31,67	H1	C
NGUYÊN TỬ	5399	C	VAL	85	-6,815	18,589	-54,164	1,00	32,60	H1	C
NGUYÊN TỬ	5400	O	VAL	85	-6,214	18,241	-55,180	1,00	34,22	H1	O
NGUYÊN TỬ	5401	N	THR	86	-8,142	18,659	-54,090	1,00	31,22	H1	N
NGUYÊN TỬ	5402	CA	THR	86	-8,995	18,603	-55,275	1,00	31,00	H1	C
NGUYÊN TỬ	5403	CB	THR	86	-9,725	17,249	-55,400	1,00	31,98	H1	C
NGUYÊN TỬ	5404	OG1	THR	86	-10,653	17,102	-54,316	1,00	34,46	H1	O
NGUYÊN TỬ	5405	CG2	THR	86	-8,725	16,091	-55,368	1,00	32,26	H1	C
NGUYÊN TỬ	5406	C	THR	86	-10,038	19,709	-55,152	1,00	30,48	H1	C
NGUYÊN TỬ	5407	O	THR	86	-10,059	20,439	-54,162	1,00	30,01	H1	O
NGUYÊN TỬ	5408	N	ALA	87	-10,904	19,836	-56,150	1,00	28,60	H1	N
NGUYÊN TỬ	5409	CA	ALA	87	-11,891	20,908	-56,145	1,00	29,42	H1	C

NGUYÊN TỬ	5410	CB	ALA	87	-12,797	20,806	-57,386	1,00	25,14	H1	C
NGUYÊN TỬ	5411	C	ALA	87	-12,734	20,876	-54,871	1,00	27,88	H1	C
NGUYÊN TỬ	5412	O	ALA	87	-13,204	21,908	-54,415	1,00	29,57	H1	O
NGUYÊN TỬ	5413	N	ALA	88	-12,915	19,689	-54,301	1,00	26,65	H1	N
NGUYÊN TỬ	5414	CA	ALA	88	-13,753	19,515	-53,115	1,00	26,47	H1	C
NGUYÊN TỬ	5415	CB	ALA	88	-14,045	18,023	-52,907	1,00	22,83	H1	C
NGUYÊN TỬ	5416	C	ALA	88	-13,147	20,115	-51,834	1,00	27,55	H1	C
NGUYÊN TỬ	5417	O	ALA	88	-13,818	20,204	-50,800	1,00	25,90	H1	O
NGUYÊN TỬ	5418	N	ASP	89	-11,879	20,514	-51,896	1,00	26,38	H1	N
NGUYÊN TỬ	5419	CA	ASP	89	-11,249	21,202	-50,773	1,00	26,18	H1	C
NGUYÊN TỬ	5420	CB	ASP	89	-9,752	20,899	-50,735	1,00	24,35	H1	C
NGUYÊN TỬ	5421	CG	ASP	89	-9,462	19,433	-50,473	1,00	25,95	H1	C
NGUYÊN TỬ	5422	OD1	ASP	89	-9,997	18,882	-49,486	1,00	26,03	H1	O
NGUYÊN TỬ	5423	OD2	ASP	89	-8,704	18,831	-51,262	1,00	25,18	H1	O
NGUYÊN TỬ	5424	C	ASP	89	-11,461	22,712	-50,844	1,00	25,45	H1	C
NGUYÊN TỬ	5425	O	ASP	89	-11,031	23,446	-49,960	1,00	25,56	H1	O
NGUYÊN TỬ	5426	N	THR	90	-12,124	23,169	-51,901	1,00	24,03	H1	N
NGUYÊN TỬ	5427	CA	THR	90	-12,500	24,572	-52,021	1,00	22,80	H1	C
NGUYÊN TỬ	5428	CB	THR	90	-13,279	24,808	-53,327	1,00	23,31	H1	C
NGUYÊN TỬ	5429	OG1	THR	90	-12,440	24,464	-54,434	1,00	23,59	H1	O
NGUYÊN TỬ	5430	CG2	THR	90	-13,720	26,278	-53,458	1,00	22,37	H1	C
NGUYÊN TỬ	5431	C	THR	90	-13,363	24,994	-50,833	1,00	23,24	H1	C
NGUYÊN TỬ	5432	O	THR	90	-14,360	24,342	-50,512	1,00	23,24	H1	O
NGUYÊN TỬ	5433	N	ALA	91	-12,975	26,083	-50,178	1,00	22,25	H1	N
NGUYÊN TỬ	5434	CA	ALA	91	-13,673	26,534	-48,978	1,00	22,73	H1	C
NGUYÊN TỬ	5435	CB	ALA	91	-13,718	25,406	-47,943	1,00	18,43	H1	C
NGUYÊN TỬ	5436	C	ALA	91	-12,982	27,757	-48,378	1,00	24,17	H1	C
NGUYÊN TỬ	5437	O	ALA	91	-11,855	28,094	-48,755	1,00	25,58	H1	O
NGUYÊN TỬ	5438	N	VAL	92	-13,663	28,420	-47,447	1,00	23,43	H1	N
NGUYÊN TỬ	5439	CA	VAL	92	-13,002	29,380	-46,575	1,00	23,10	H1	C
NGUYÊN TỬ	5440	CB	VAL	92	-13,983	30,477	-46,087	1,00	24,14	H1	C
NGUYÊN TỬ	5441	CG1	VAL	92	-13,263	31,430	-45,147	1,00	23,43	H1	C
NGUYÊN TỬ	5442	CG2	VAL	92	-14,535	31,260	-47,281	1,00	23,45	H1	C
NGUYÊN TỬ	5443	C	VAL	92	-12,436	28,627	-45,372	1,00	24,98	H1	C
NGUYÊN TỬ	5444	O	VAL	92	-13,160	27,903	-44,675	1,00	26,01	H1	O
NGUYÊN TỬ	5445	N	TYR	93	-11,137	28,779	-45,143	1,00	23,58	H1	N
NGUYÊN TỬ	5446	CA	TYR	93	-10,479	28,124	-44,019	1,00	23,55	H1	C
NGUYÊN TỬ	5447	CB	TYR	93	-9,135	27,537	-44,471	1,00	20,25	H1	C
NGUYÊN TỬ	5448	CG	TYR	93	-9,272	26,302	-45,342	1,00	20,65	H1	C
NGUYÊN TỬ	5449	CD1	TYR	93	-8,895	25,048	-44,871	1,00	19,71	H1	C
NGUYÊN TỬ	5450	CE1	TYR	93	-9,047	23,911	-45,651	1,00	20,45	H1	C
NGUYÊN TỬ	5451	CD2	TYR	93	-9,804	26,385	-46,620	1,00	21,99	H1	C
NGUYÊN TỬ	5452	CE2	TYR	93	-9,964	25,250	-47,412	1,00	21,69	H1	C
NGUYÊN TỬ	5453	CZ	TYR	93	-9,583	24,020	-46,918	1,00	21,47	H1	C
NGUYÊN TỬ	5454	OH	TYR	93	-9,757	22,894	-47,687	1,00	24,56	H1	O
NGUYÊN TỬ	5455	C	TYR	93	-10,263	29,110	-42,869	1,00	24,76	H1	C
NGUYÊN TỬ	5456	O	TYR	93	-9,700	30,190	-43,064	1,00	26,10	H1	O
NGUYÊN TỬ	5457	N	TYR	94	-10,719	28,735	-41,676	1,00	22,97	H1	N
NGUYÊN TỬ	5458	CA	TYR	94	-10,583	29,576	-40,489	1,00	23,93	H1	C
NGUYÊN TỬ	5459	CB	TYR	94	-11,946	29,821	-39,846	1,00	22,58	H1	C
NGUYÊN TỬ	5460	CG	TYR	94	-12,952	30,548	-40,702	1,00	25,89	H1	C
NGUYÊN TỬ	5461	CD1	TYR	94	-12,938	31,936	-40,801	1,00	25,89	H1	C
NGUYÊN TỬ	5462	CE1	TYR	94	-13,908	32,614	-41,531	1,00	25,38	H1	C
NGUYÊN TỬ	5463	CD2	TYR	94	-13,962	29,850	-41,365	1,00	26,81	H1	C
NGUYÊN TỬ	5464	CE2	TYR	94	-14,935	30,516	-42,095	1,00	25,75	H1	C
NGUYÊN TỬ	5465	CZ	TYR	94	-14,906	31,897	-42,172	1,00	27,48	H1	C
NGUYÊN TỬ	5466	OH	TYR	94	-15,889	32,561	-42,874	1,00	28,03	H1	O
NGUYÊN TỬ	5467	C	TYR	94	-9,691	28,908	-39,446	1,00	24,14	H1	C
NGUYÊN TỬ	5468	O	TYR	94	-9,695	27,681	-39,310	1,00	22,75	H1	O
NGUYÊN TỬ	5469	N	CYS	95	-8,938	29,716	-38,705	1,00	24,10	H1	N
NGUYÊN TỬ	5470	CA	CYS	95	-8,466	29,294	-37,395	1,00	25,55	H1	C
NGUYÊN TỬ	5471	C	CYS	95	-9,410	29,829	-36,338	1,00	25,49	H1	C
NGUYÊN TỬ	5472	O	CYS	95	-10,104	30,819	-36,560	1,00	24,75	H1	O
NGUYÊN TỬ	5473	CB	CYS	95	-7,034	29,781	-37,107	1,00	27,36	H1	C
NGUYÊN TỬ	5474	SG	CYS	95	-6,561	31,491	-37,539	1,00	31,48	H1	S
NGUYÊN TỬ	5475	N	ALA	96	-9,439	29,157	-35,192	1,00	24,09	H1	N
NGUYÊN TỬ	5476	CA	ALA	96	-10,354	29,504	-34,117	1,00	22,01	H1	C
NGUYÊN TỬ	5477	CB	ALA	96	-11,730	28,887	-34,380	1,00	20,76	H1	C
NGUYÊN TỬ	5478	C	ALA	96	-9,782	28,977	-32,813	1,00	22,32	H1	C
NGUYÊN TỬ	5479	O	ALA	96	-9,166	27,910	-32,775	1,00	22,28	H1	O
NGUYÊN TỬ	5480	N	ARG	97	-9,997	29,723	-31,739	1,00	22,97	H1	N
NGUYÊN TỬ	5481	CA	ARG	97	-9,439	29,355	-30,450	1,00	22,39	H1	C
NGUYÊN TỬ	5482	CB	ARG	97	-9,076	30,614	-29,668	1,00	22,09	H1	C
NGUYÊN TỬ	5483	CG	ARG	97	-8,510	30,352	-28,276	1,00	21,83	H1	C
NGUYÊN TỬ	5484	CD	ARG	97	-8,172	31,672	-27,581	1,00	23,69	H1	C
NGUYÊN TỬ	5485	NE	ARG	97	-9,342	32,258	-26,927	1,00	23,06	H1	N

NGUYÊN TỬ	5486	CZ	ARG	97	-9,273	33,201	-25,993	1,00	26,31	H1	C
NGUYÊN TỬ	5487	NH1	ARG	97	-8,090	33,668	-25,613	1,00	26,46	H1	N
NGUYÊN TỬ	5488	NH2	ARG	97	-10,379	33,662	-25,422	1,00	23,30	H1	N
NGUYÊN TỬ	5489	C	ARG	97	-10,426	28,533	-29,636	1,00	24,53	H1	C
NGUYÊN TỬ	5490	O	ARG	97	-11,632	28,801	-29,658	1,00	22,12	H1	O
NGUYÊN TỬ	5491	N	GLY	98	-9,905	27,537	-28,921	1,00	22,25	H1	N
NGUYÊN TỬ	5492	CA	GLY	98	-10,606	27,020	-27,760	1,00	23,81	H1	C
NGUYÊN TỬ	5493	C	GLY	98	-11,259	25,658	-27,913	1,00	23,68	H1	C
NGUYÊN TỬ	5494	O	GLY	98	-11,391	25,128	-29,023	1,00	23,49	H1	O
NGUYÊN TỬ	5495	N	GLN	99	-11,668	25,095	-26,780	1,00	22,67	H1	N
NGUYÊN TỬ	5496	CA	GLN	99	-12,293	23,780	-26,749	1,00	23,45	H1	C
NGUYÊN TỬ	5497	CB	GLN	99	-11,253	22,706	-26,419	1,00	22,97	H1	C
NGUYÊN TỬ	5498	CG	GLN	99	-11,774	21,269	-26,560	1,00	20,76	H1	C
NGUYÊN TỬ	5499	CD	GLN	99	-10,690	20,232	-26,328	1,00	22,06	H1	C
NGUYÊN TỬ	5500	OE1	GLN	99	-10,482	19,768	-25,202	1,00	22,02	H1	O
NGUYÊN TỬ	5501	NE2	GLN	99	-9,992	19,860	-27,395	1,00	21,38	H1	N
NGUYÊN TỬ	5502	C	GLN	99	-13,436	23,724	-25,725	1,00	24,22	H1	C
NGUYÊN TỬ	5503	O	GLN	99	-14,550	23,329	-26,056	1,00	24,28	H1	O
NGUYÊN TỬ	5504	N	LEU	100	-13,161	24,117	-24,485	1,00	23,64	H1	N
NGUYÊN TỬ	5505	CA	LEU	100	-14,182	24,086	-23,448	1,00	24,07	H1	C
NGUYÊN TỬ	5506	CB	LEU	100	-13,543	24,137	-22,055	1,00	23,74	H1	C
NGUYÊN TỬ	5507	CG	LEU	100	-12,653	22,935	-21,697	1,00	23,65	H1	C
NGUYÊN TỬ	5508	CD1	LEU	100	-12,218	23,039	-20,250	1,00	21,96	H1	C
NGUYÊN TỬ	5509	CD2	LEU	100	-13,409	21,629	-21,918	1,00	22,57	H1	C
NGUYÊN TỬ	5510	C	LEU	100	-15,133	25,257	-23,642	1,00	26,71	H1	C
NGUYÊN TỬ	5511	O	LEU	100	-16,334	25,145	-23,386	1,00	27,08	H1	O
NGUYÊN TỬ	5512	N	VAL	101	-14,591	26,380	-24,104	1,00	26,05	H1	N
NGUYÊN TỬ	5513	CA	VAL	101	-15,413	27,446	-24,665	1,00	26,77	H1	C
NGUYÊN TỬ	5514	CB	VAL	101	-15,146	28,799	-23,957	1,00	25,01	H1	C
NGUYÊN TỬ	5515	CG1	VAL	101	-16,083	29,869	-24,501	1,00	25,38	H1	C
NGUYÊN TỬ	5516	CG2	VAL	101	-15,361	28,646	-22,453	1,00	24,75	H1	C
NGUYÊN TỬ	5517	C	VAL	101	-15,034	27,530	-26,141	1,00	26,59	H1	C
NGUYÊN TỬ	5518	O	VAL	101	-14,149	28,290	-26,528	1,00	26,80	H1	O
NGUYÊN TỬ	5519	N	PRO	102	-15,687	26,710	-26,980	1,00	25,65	H1	N
NGUYÊN TỬ	5520	CD	PRO	102	-16,834	25,848	-26,646	1,00	23,49	H1	C
NGUYÊN TỬ	5521	CA	PRO	102	-15,148	26,427	-28,315	1,00	23,89	H1	C
NGUYÊN TỬ	5522	CB	PRO	102	-15,863	25,141	-28,729	1,00	23,18	H1	C
NGUYÊN TỬ	5523	CG	PRO	102	-17,147	25,158	-27,954	1,00	25,40	H1	C
NGUYÊN TỬ	5524	C	PRO	102	-15,315	27,542	-29,339	1,00	24,72	H1	C
NGUYÊN TỬ	5525	O	PRO	102	-16,411	28,061	-29,550	1,00	24,05	H1	O
NGUYÊN TỬ	5526	N	PHE	103	-14,206	27,900	-29,974	1,00	22,69	H1	N
NGUYÊN TỬ	5527	CA	PHE	103	-14,223	28,841	-31,080	1,00	22,97	H1	C
NGUYÊN TỬ	5528	CB	PHE	103	-15,059	28,262	-32,240	1,00	20,62	H1	C
NGUYÊN TỬ	5529	CG	PHE	103	-14,912	26,755	-32,412	1,00	21,68	H1	C
NGUYÊN TỬ	5530	CD1	PHE	103	-16,005	25,970	-32,759	1,00	17,84	H1	C
NGUYÊN TỬ	5531	CD2	PHE	103	-13,693	26,125	-32,185	1,00	19,12	H1	C
NGUYÊN TỬ	5532	CE1	PHE	103	-15,888	24,595	-32,868	1,00	19,25	H1	C
NGUYÊN TỬ	5533	CE2	PHE	103	-13,565	24,745	-32,294	1,00	17,07	H1	C
NGUYÊN TỬ	5534	CZ	PHE	103	-14,666	23,978	-32,634	1,00	18,07	H1	C
NGUYÊN TỬ	5535	C	PHE	103	-14,781	30,195	-30,619	1,00	23,73	H1	C
NGUYÊN TỬ	5536	O	PHE	103	-15,712	30,724	-31,217	1,00	24,85	H1	O
NGUYÊN TỬ	5537	N	ASP	104	-14,215	30,752	-29,548	1,00	24,65	H1	N
NGUYÊN TỬ	5538	CA	ASP	104	-14,669	32,050	-29,069	1,00	24,76	H1	C
NGUYÊN TỬ	5539	CB	ASP	104	-14,406	32,217	-27,563	1,00	25,91	H1	C
NGUYÊN TỬ	5540	CG	ASP	104	-12,945	32,005	-27,175	1,00	30,36	H1	C
NGUYÊN TỬ	5541	OD1	ASP	104	-12,122	31,635	-28,036	1,00	31,12	H1	O
NGUYÊN TỬ	5542	OD2	ASP	104	-12,619	32,212	-25,987	1,00	28,71	H1	O
NGUYÊN TỬ	5543	C	ASP	104	-14,021	33,180	-29,856	1,00	27,29	H1	C
NGUYÊN TỬ	5544	O	ASP	104	-14,586	34,262	-29,971	1,00	27,52	H1	O
NGUYÊN TỬ	5545	N	TYR	105	-12,841	32,920	-30,411	1,00	26,93	H1	N
NGUYÊN TỬ	5546	CA	TYR	105	-12,227	33,847	-31,355	1,00	26,35	H1	C
NGUYÊN TỬ	5547	CB	TYR	105	-10,971	34,479	-30,743	1,00	25,73	H1	C
NGUYÊN TỬ	5548	CG	TYR	105	-11,278	35,498	-29,675	1,00	28,28	H1	C
NGUYÊN TỬ	5549	CD1	TYR	105	-11,345	35,133	-28,334	1,00	26,26	H1	C
NGUYÊN TỬ	5550	CE1	TYR	105	-11,661	36,060	-27,359	1,00	27,70	H1	C
NGUYÊN TỬ	5551	CD2	TYR	105	-11,534	36,825	-30,012	1,00	29,38	H1	C
NGUYÊN TỬ	5552	CE2	TYR	105	-11,855	37,756	-29,044	1,00	29,45	H1	C
NGUYÊN TỬ	5553	CZ	TYR	105	-11,918	37,368	-27,722	1,00	29,50	H1	C
NGUYÊN TỬ	5554	OH	TYR	105	-12,255	38,299	-26,766	1,00	32,67	H1	O
NGUYÊN TỬ	5555	C	TYR	105	-11,869	33,131	-32,657	1,00	25,43	H1	C
NGUYÊN TỬ	5556	O	TYR	105	-11,426	31,982	-32,641	1,00	24,81	H1	O
NGUYÊN TỬ	5557	N	TRP	106	-12,065	33,826	-33,774	1,00	24,15	H1	N
NGUYÊN TỬ	5558	CA	TRP	106	-11,831	33,273	-35,106	1,00	25,25	H1	C
NGUYÊN TỬ	5559	CB	TRP	106	-13,145	33,160	-35,879	1,00	21,93	H1	C
NGUYÊN TỬ	5560	CG	TRP	106	-14,111	32,140	-35,362	1,00	22,83	H1	C
NGUYÊN TỬ	5561	CD2	TRP	106	-14,605	30,995	-36,072	1,00	21,41	H1	C

NGUYÊN TỬ	5562	CE2	TRP	106	-15,566	30,379	-35,250	1,00	20,48	H1	C
NGUYÊN TỬ	5563	CE3	TRP	106	-14,328	30,437	-37,326	1,00	20,75	H1	C
NGUYÊN TỬ	5564	CD1	TRP	106	-14,767	32,164	-34,170	1,00	19,87	H1	C
NGUYÊN TỬ	5565	NE1	TRP	106	-15,646	31,112	-34,095	1,00	22,85	H1	N
NGUYÊN TỬ	5566	CZ2	TRP	106	-16,258	29,229	-35,637	1,00	20,26	H1	C
NGUYÊN TỬ	5567	CZ3	TRP	106	-15,015	29,297	-37,711	1,00	20,27	H1	C
NGUYÊN TỬ	5568	CH2	TRP	106	-15,970	28,705	-36,868	1,00	23,31	H1	C
NGUYÊN TỬ	5569	C	TRP	106	-10,902	34,181	-35,906	1,00	27,18	H1	C
NGUYÊN TỬ	5570	O	TRP	106	-10,923	35,400	-35,741	1,00	26,73	H1	O
NGUYÊN TỬ	5571	N	GLY	107	-10,114	33,587	-36,797	1,00	27,12	H1	N
NGUYÊN TỬ	5572	CA	GLY	107	-9,418	34,377	-37,797	1,00	27,10	H1	C
NGUYÊN TỬ	5573	C	GLY	107	-10,379	34,963	-38,822	1,00	28,57	H1	C
NGUYÊN TỬ	5574	O	GLY	107	-11,583	34,686	-38,790	1,00	27,48	H1	O
NGUYÊN TỬ	5575	N	GLN	108	-9,852	35,771	-39,737	1,00	28,26	H1	N
NGUYÊN TỬ	5576	CA	GLN	108	-10,680	36,424	-40,743	1,00	30,59	H1	C
NGUYÊN TỬ	5577	CB	GLN	108	-9,980	37,684	-41,275	1,00	33,27	H1	C
NGUYÊN TỬ	5578	CG	GLN	108	-8,939	37,432	-42,371	1,00	36,99	H1	C
NGUYÊN TỬ	5579	CD	GLN	108	-7,566	37,046	-41,831	1,00	42,07	H1	C
NGUYÊN TỬ	5580	OE1	GLN	108	-7,395	36,782	-40,633	1,00	42,16	H1	O
NGUYÊN TỬ	5581	NE2	GLN	108	-6,577	37,012	-42,720	1,00	40,22	H1	N
NGUYÊN TỬ	5582	C	GLN	108	-10,976	35,464	-41,895	1,00	30,47	H1	C
NGUYÊN TỬ	5583	O	GLN	108	-11,868	35,710	-42,707	1,00	31,09	H1	O
NGUYÊN TỬ	5584	N	GLY	109	-10,223	34,369	-41,953	1,00	29,81	H1	N
NGUYÊN TỬ	5585	CA	GLY	109	-10,492	33,323	-42,923	1,00	29,09	H1	C
NGUYÊN TỬ	5586	C	GLY	109	-9,718	33,498	-44,216	1,00	28,69	H1	C
NGUYÊN TỬ	5587	O	GLY	109	-9,425	34,618	-44,619	1,00	28,50	H1	O
NGUYÊN TỬ	5588	N	THR	110	-9,386	32,389	-44,866	1,00	28,50	H1	N
NGUYÊN TỬ	5589	CA	THR	110	-8,682	32,431	-46,139	1,00	28,41	H1	C
NGUYÊN TỬ	5590	CB	THR	110	-7,285	31,793	-46,021	1,00	29,01	H1	C
NGUYÊN TỬ	5591	OG1	THR	110	-6,522	32,494	-45,034	1,00	32,03	H1	O
NGUYÊN TỬ	5592	CG2	THR	110	-6,554	31,856	-47,356	1,00	29,38	H1	C
NGUYÊN TỬ	5593	C	THR	110	-9,476	31,669	-47,193	1,00	29,43	H1	C
NGUYÊN TỬ	5594	O	THR	110	-9,712	30,471	-47,053	1,00	27,15	H1	O
NGUYÊN TỬ	5595	N	LEU	111	-9,890	32,364	-48,246	1,00	29,78	H1	N
NGUYÊN TỬ	5596	CA	LEU	111	-10,616	31,723	-49,328	1,00	29,48	H1	C
NGUYÊN TỬ	5597	CB	LEU	111	-11,234	32,766	-50,258	1,00	31,55	H1	C
NGUYÊN TỬ	5598	CG	LEU	111	-11,853	32,182	-51,537	1,00	36,06	H1	C
NGUYÊN TỬ	5599	CD1	LEU	111	-13,054	31,310	-51,180	1,00	35,44	H1	C
NGUYÊN TỬ	5600	CD2	LEU	111	-12,272	33,308	-52,470	1,00	33,87	H1	C
NGUYÊN TỬ	5601	C	LEU	111	-9,659	30,839	-50,109	1,00	30,13	H1	C
NGUYÊN TỬ	5602	O	LEU	111	-8,661	31,308	-50,664	1,00	30,30	H1	O
NGUYÊN TỬ	5603	N	VAL	112	-9,953	29,547	-50,129	1,00	28,78	H1	N
NGUYÊN TỬ	5604	CA	VAL	112	-9,134	28,603	-50,862	1,00	27,19	H1	C
NGUYÊN TỬ	5605	CB	VAL	112	-8,700	27,434	-49,964	1,00	27,32	H1	C
NGUYÊN TỬ	5606	CG1	VAL	112	-7,986	26,383	-50,793	1,00	26,80	H1	C
NGUYÊN TỬ	5607	CG2	VAL	112	-7,788	27,951	-48,857	1,00	25,55	H1	C
NGUYÊN TỬ	5608	C	VAL	112	-9,934	28,071	-52,039	1,00	28,91	H1	C
NGUYÊN TỬ	5609	O	VAL	112	-11,012	27,493	-51,867	1,00	26,37	H1	O
NGUYÊN TỬ	5610	N	THR	113	-9,405	28,288	-53,237	1,00	28,59	H1	N
NGUYÊN TỬ	5611	CA	THR	113	-10,076	27,865	-54,457	1,00	31,25	H1	C
NGUYÊN TỬ	5612	CB	THR	113	-10,365	29,071	-55,379	1,00	30,80	H1	C
NGUYÊN TỬ	5613	OG1	THR	113	-11,220	29,992	-54,691	1,00	33,89	H1	O
NGUYÊN TỬ	5614	CG2	THR	113	-11,064	28,623	-56,658	1,00	32,74	H1	C
NGUYÊN TỬ	5615	C	THR	113	-9,190	26,868	-55,183	1,00	31,51	H1	C
NGUYÊN TỬ	5616	O	THR	113	-8,041	27,163	-55,506	1,00	32,27	H1	O
NGUYÊN TỬ	5617	N	VAL	114	-9,721	25,674	-55,406	1,00	32,99	H1	N
NGUYÊN TỬ	5618	CA	VAL	114	-8,990	24,643	-56,122	1,00	34,40	H1	C
NGUYÊN TỬ	5619	CB	VAL	114	-8,865	23,356	-55,288	1,00	32,69	H1	C
NGUYÊN TỬ	5620	CG1	VAL	114	-8,002	22,346	-56,026	1,00	30,00	H1	C
NGUYÊN TỬ	5621	CG2	VAL	114	-8,294	23,671	-53,916	1,00	32,66	H1	C
NGUYÊN TỬ	5622	C	VAL	114	-9,745	24,305	-57,401	1,00	37,41	H1	C
NGUYÊN TỬ	5623	O	VAL	114	-10,881	23,828	-57,349	1,00	37,23	H1	O
NGUYÊN TỬ	5624	N	SER	115	-9,119	24,564	-58,544	1,00	39,18	H1	N
NGUYÊN TỬ	5625	CA	SER	115	-9,668	24,115	-59,813	1,00	44,39	H1	C
NGUYÊN TỬ	5626	CB	SER	115	-10,785	25,059	-60,277	1,00	45,61	H1	C
NGUYÊN TỬ	5627	OG	SER	115	-10,365	25,884	-61,347	1,00	45,98	H1	O
NGUYÊN TỬ	5628	C	SER	115	-8,586	24,014	-60,881	1,00	46,47	H1	C
NGUYÊN TỬ	5629	O	SER	115	-7,543	24,667	-60,796	1,00	45,73	H1	O
NGUYÊN TỬ	5630	N	SER	116	-8,841	23,177	-61,880	1,00	49,79	H1	N
NGUYÊN TỬ	5631	CA	SER	116	-7,891	22,949	-62,961	1,00	53,39	H1	C
NGUYÊN TỬ	5632	CB	SER	116	-7,763	21,450	-63,230	1,00	52,69	H1	C
NGUYÊN TỬ	5633	OG	SER	116	-9,040	20,871	-63,434	1,00	54,43	H1	O
NGUYÊN TỬ	5634	C	SER	116	-8,348	23,658	-64,230	1,00	55,63	H1	C
NGUYÊN TỬ	5635	O	SER	116	-7,679	23,595	-65,261	1,00	57,09	H1	O
NGUYÊN TỬ	5636	N	ALA	117	-9,491	24,332	-64,146	1,00	57,80	H1	N
NGUYÊN TỬ	5637	CA	ALA	117	-10,149	24,878	-65,329	1,00	60,79	H1	C

NGUYÊN TỬ	5638	CB	ALA	117	-11,572	25,305	-64,983	1,00	60,52	H1	C
NGUYÊN TỬ	5639	C	ALA	117	-9,391	26,049	-65,946	1,00	62,07	H1	C
NGUYÊN TỬ	5640	O	ALA	117	-8,832	26,890	-65,240	1,00	62,18	H1	O
NGUYÊN TỬ	5641	N	SER	118	-9,380	26,095	-67,274	1,00	64,43	H1	N
NGUYÊN TỬ	5642	CA	SER	118	-8,766	27,201	-67,996	1,00	65,80	H1	C
NGUYÊN TỬ	5643	CB	SER	118	-7,636	26,692	-68,890	1,00	66,05	H1	C
NGUYÊN TỬ	5644	OG	SER	118	-6,810	27,764	-69,309	1,00	68,87	H1	O
NGUYÊN TỬ	5645	C	SER	118	-9,807	27,920	-68,845	1,00	65,94	H1	C
NGUYÊN TỬ	5646	O	SER	118	-10,856	27,358	-69,164	1,00	65,51	H1	O
NGUYÊN TỬ	5647	N	THR	119	-9,505	29,161	-69,211	1,00	66,97	H1	N
NGUYÊN TỬ	5648	CA	THR	119	-10,462	30,027	-69,893	1,00	67,67	H1	C
NGUYÊN TỬ	5649	CB	THR	119	-9,775	31,297	-70,430	1,00	67,99	H1	C
NGUYÊN TỬ	5650	OG1	THR	119	-9,195	32,026	-69,339	1,00	68,98	H1	O
NGUYÊN TỬ	5651	CG2	THR	119	-10,784	32,181	-71,146	1,00	67,51	H1	C
NGUYÊN TỬ	5652	C	THR	119	-11,167	29,336	-71,054	1,00	67,83	H1	C
NGUYÊN TỬ	5653	O	THR	119	-10,543	28,631	-71,848	1,00	67,72	H1	O
NGUYÊN TỬ	5654	N	LYS	120	-12,477	29,546	-71,141	1,00	67,80	H1	N
NGUYÊN TỬ	5655	CA	LYS	120	-13,282	28,985	-72,217	1,00	68,20	H1	C
NGUYÊN TỬ	5656	CB	LYS	120	-13,685	27,545	-71,889	1,00	67,62	H1	C
NGUYÊN TỬ	5657	CG	LYS	120	-14,595	26,908	-72,931	1,00	67,51	H1	C
NGUYÊN TỬ	5658	CD	LYS	120	-15,178	25,590	-72,436	1,00	69,11	H1	C
NGUYÊN TỬ	5659	CE	LYS	120	-16,168	25,004	-73,437	1,00	69,25	H1	C
NGUYÊN TỬ	5660	NZ	LYS	120	-17,270	25,956	-73,782	1,00	70,85	H1	N
NGUYÊN TỬ	5661	C	LYS	120	-14,537	29,824	-72,432	1,00	69,04	H1	C
NGUYÊN TỬ	5662	O	LYS	120	-15,329	30,023	-71,508	1,00	69,38	H1	O
NGUYÊN TỬ	5663	N	GLY	121	-14,715	30,308	-73,659	1,00	69,06	H1	N
NGUYÊN TỬ	5664	CA	GLY	121	-15,886	31,102	-73,982	1,00	68,10	H1	C
NGUYÊN TỬ	5665	C	GLY	121	-17,159	30,283	-73,922	1,00	68,13	H1	C
NGUYÊN TỬ	5666	O	GLY	121	-17,129	29,061	-74,089	1,00	67,67	H1	O
NGUYÊN TỬ	5667	N	PRO	122	-18,303	30,936	-73,678	1,00	67,96	H1	N
NGUYÊN TỬ	5668	CD	PRO	122	-18,403	32,385	-73,433	1,00	67,50	H1	C
NGUYÊN TỬ	5669	CA	PRO	122	-19,596	30,260	-73,523	1,00	68,40	H1	C
NGUYÊN TỬ	5670	CB	PRO	122	-20,492	31,337	-72,925	1,00	68,31	H1	C
NGUYÊN TỬ	5671	CG	PRO	122	-19,885	32,622	-73,381	1,00	68,44	H1	C
NGUYÊN TỬ	5672	C	PRO	122	-20,173	29,701	-74,819	1,00	69,03	H1	C
NGUYÊN TỬ	5673	O	PRO	122	-19,899	30,207	-75,906	1,00	69,06	H1	O
NGUYÊN TỬ	5674	N	SER	123	-20,972	28,649	-74,688	1,00	69,50	H1	N
NGUYÊN TỬ	5675	CA	SER	123	-21,822	28,187	-75,776	1,00	70,46	H1	C
NGUYÊN TỬ	5676	CB	SER	123	-21,828	26,658	-75,823	1,00	70,16	H1	C
NGUYÊN TỬ	5677	OG	SER	123	-22,886	26,177	-76,631	1,00	70,42	H1	O
NGUYÊN TỬ	5678	C	SER	123	-23,238	28,708	-75,532	1,00	71,61	H1	C
NGUYÊN TỬ	5679	O	SER	123	-23,796	28,518	-74,450	1,00	71,85	H1	O
NGUYÊN TỬ	5680	N	VAL	124	-23,814	29,366	-76,536	1,00	71,93	H1	N
NGUYÊN TỬ	5681	CA	VAL	124	-25,099	30,039	-76,368	1,00	71,46	H1	C
NGUYÊN TỬ	5682	CB	VAL	124	-25,035	31,486	-76,898	1,00	70,79	H1	C
NGUYÊN TỬ	5683	CG1	VAL	124	-26,356	32,191	-76,640	1,00	69,89	H1	C
NGUYÊN TỬ	5684	CG2	VAL	124	-23,886	32,233	-76,236	1,00	68,40	H1	C
NGUYÊN TỬ	5685	C	VAL	124	-26,244	29,313	-77,073	1,00	72,64	H1	C
NGUYÊN TỬ	5686	O	VAL	124	-26,151	28,983	-78,255	1,00	73,01	H1	O
NGUYÊN TỬ	5687	N	PHE	125	-27,324	29,071	-76,338	1,00	73,89	H1	N
NGUYÊN TỬ	5688	CA	PHE	125	-28,510	28,431	-76,894	1,00	75,85	H1	C
NGUYÊN TỬ	5689	CB	PHE	125	-28,723	27,062	-76,247	1,00	76,97	H1	C
NGUYÊN TỬ	5690	CG	PHE	125	-27,641	26,071	-76,557	1,00	78,42	H1	C
NGUYÊN TỬ	5691	CD1	PHE	125	-27,704	25,293	-77,702	1,00	78,83	H1	C
NGUYÊN TỬ	5692	CD2	PHE	125	-26,560	25,916	-75,704	1,00	78,71	H1	C
NGUYÊN TỬ	5693	CE1	PHE	125	-26,712	24,380	-77,992	1,00	79,49	H1	C
NGUYÊN TỬ	5694	CE2	PHE	125	-25,564	25,004	-75,987	1,00	79,38	H1	C
NGUYÊN TỬ	5695	CZ	PHE	125	-25,639	24,235	-77,134	1,00	80,12	H1	C
NGUYÊN TỬ	5696	C	PHE	125	-29,749	29,292	-76,671	1,00	77,12	H1	C
NGUYÊN TỬ	5697	O	PHE	125	-29,803	30,084	-75,731	1,00	76,96	H1	O
NGUYÊN TỬ	5698	N	PRO	126	-30,760	29,151	-77,543	1,00	78,18	H1	N
NGUYÊN TỬ	5699	CD	PRO	126	-30,705	28,371	-78,793	1,00	78,12	H1	C
NGUYÊN TỬ	5700	CA	PRO	126	-32,048	29,838	-77,388	1,00	78,24	H1	C
NGUYÊN TỬ	5701	CB	PRO	126	-32,641	29,793	-78,789	1,00	77,98	H1	C
NGUYÊN TỬ	5702	CG	PRO	126	-32,099	28,522	-79,358	1,00	77,57	H1	C
NGUYÊN TỬ	5703	C	PRO	126	-32,951	29,136	-76,376	1,00	78,94	H1	C
NGUYÊN TỬ	5704	O	PRO	126	-33,020	27,909	-76,344	1,00	78,95	H1	O
NGUYÊN TỬ	5705	N	LEU	127	-33,643	29,918	-75,555	1,00	80,12	H1	N
NGUYÊN TỬ	5706	CA	LEU	127	-34,690	29,378	-74,695	1,00	81,26	H1	C
NGUYÊN TỬ	5707	CB	LEU	127	-34,451	29,790	-73,239	1,00	80,50	H1	C
NGUYÊN TỬ	5708	CG	LEU	127	-33,138	29,323	-72,604	1,00	79,91	H1	C
NGUYÊN TỬ	5709	CD1	LEU	127	-33,050	29,821	-71,171	1,00	79,12	H1	C
NGUYÊN TỬ	5710	CD2	LEU	127	-33,061	27,806	-72,647	1,00	79,76	H1	C
NGUYÊN TỬ	5711	C	LEU	127	-36,039	29,905	-75,174	1,00	82,39	H1	C
NGUYÊN TỬ	5712	O	LEU	127	-36,562	30,883	-74,639	1,00	82,90	H1	O
NGUYÊN TỬ	5713	N	ALA	128	-36,595	29,247	-76,187	1,00	83,36	H1	N

NGUYÊN TỬ	5714	CA	ALA	128	-37,769	29,753	-76,891	1,00	84,32	H1	C
NGUYÊN TỬ	5715	CB	ALA	128	-37,982	28,959	-78,174	1,00	84,16	H1	C
NGUYÊN TỬ	5716	C	ALA	128	-39,031	29,711	-76,036	1,00	85,07	H1	C
NGUYÊN TỬ	5717	O	ALA	128	-39,252	28,766	-75,275	1,00	85,35	H1	O
NGUYÊN TỬ	5718	N	PRO	129	-39,884	30,740	-76,164	1,00	85,56	H1	N
NGUYÊN TỬ	5719	CD	PRO	129	-39,691	31,851	-77,113	1,00	85,77	H1	C
NGUYÊN TỬ	5720	CA	PRO	129	-41,121	30,890	-75,387	1,00	85,80	H1	C
NGUYÊN TỬ	5721	CB	PRO	129	-41,604	32,293	-75,747	1,00	85,81	H1	C
NGUYÊN TỬ	5722	CG	PRO	129	-41,019	32,555	-77,094	1,00	86,05	H1	C
NGUYÊN TỬ	5723	C	PRO	129	-42,175	29,827	-75,697	1,00	86,17	H1	C
NGUYÊN TỬ	5724	O	PRO	129	-42,318	29,391	-76,840	1,00	85,88	H1	O
NGUYÊN TỬ	5725	N	SER	130	-42,911	29,421	-74,667	1,00	86,84	H1	N
NGUYÊN TỬ	5726	CA	SER	130	-43,963	28,421	-74,816	1,00	87,43	H1	C
NGUYÊN TỬ	5727	CB	SER	130	-44,385	27,890	-73,441	1,00	87,92	H1	C
NGUYÊN TỬ	5728	OG	SER	130	-43,298	27,275	-72,771	1,00	88,97	H1	O
NGUYÊN TỬ	5729	C	SER	130	-45,175	29,014	-75,531	1,00	87,44	H1	C
NGUYÊN TỬ	5730	O	SER	130	-45,780	28,371	-76,391	1,00	87,06	H1	O
NGUYÊN TỬ	5731	N	GLY	136	-50,193	34,409	-68,488	1,00	99,67	H1	N
NGUYÊN TỬ	5732	CA	GLY	136	-51,016	34,123	-69,648	1,00	99,80	H1	C
NGUYÊN TỬ	5733	C	GLY	136	-51,050	35,272	-70,638	1,00	100,02	H1	C
NGUYÊN TỬ	5734	O	GLY	136	-51,114	35,055	-71,850	1,00	100,03	H1	O
NGUYÊN TỬ	5735	N	GLY	137	-51,007	36,498	-70,123	1,00	99,85	H1	N
NGUYÊN TỬ	5736	CA	GLY	137	-50,995	37,666	-70,986	1,00	99,13	H1	C
NGUYÊN TỬ	5737	C	GLY	137	-49,608	37,961	-71,527	1,00	98,66	H1	C
NGUYÊN TỬ	5738	O	GLY	137	-49,456	38,642	-72,542	1,00	98,56	H1	O
NGUYÊN TỬ	5739	N	THR	138	-48,591	37,446	-70,842	1,00	98,05	H1	N
NGUYÊN TỬ	5740	CA	THR	138	-47,209	37,602	-71,282	1,00	96,71	H1	C
NGUYÊN TỬ	5741	CB	THR	138	-46,393	38,445	-70,280	1,00	96,65	H1	C
NGUYÊN TỬ	5742	OG1	THR	138	-46,424	37,817	-68,991	1,00	96,53	H1	O
NGUYÊN TỬ	5743	CG2	THR	138	-46,967	39,851	-70,175	1,00	95,98	H1	C
NGUYÊN TỬ	5744	C	THR	138	-46,526	36,247	-71,444	1,00	95,56	H1	C
NGUYÊN TỬ	5745	O	THR	138	-46,947	35,250	-70,853	1,00	95,36	H1	O
NGUYÊN TỬ	5746	N	ALA	139	-45,472	36,220	-72,253	1,00	94,21	H1	N
NGUYÊN TỬ	5747	CA	ALA	139	-44,659	35,022	-72,418	1,00	92,92	H1	C
NGUYÊN TỬ	5748	CB	ALA	139	-44,780	34,497	-73,846	1,00	93,04	H1	C
NGUYÊN TỬ	5749	C	ALA	139	-43,202	35,339	-72,095	1,00	91,71	H1	C
NGUYÊN TỬ	5750	O	ALA	139	-42,713	36,430	-72,395	1,00	91,15	H1	O
NGUYÊN TỬ	5751	N	ALA	140	-42,513	34,383	-71,480	1,00	90,37	H1	N
NGUYÊN TỬ	5752	CA	ALA	140	-41,123	34,582	-71,092	1,00	88,70	H1	C
NGUYÊN TỬ	5753	CB	ALA	140	-40,928	34,187	-69,634	1,00	89,09	H1	C
NGUYÊN TỬ	5754	C	ALA	140	-40,178	33,783	-71,982	1,00	87,42	H1	C
NGUYÊN TỬ	5755	O	ALA	140	-40,491	32,667	-72,400	1,00	86,82	H1	O
NGUYÊN TỬ	5756	N	LEU	141	-39,020	34,368	-72,267	1,00	86,13	H1	N
NGUYÊN TỬ	5757	CA	LEU	141	-38,002	33,722	-73,084	1,00	85,33	H1	C
NGUYÊN TỬ	5758	CB	LEU	141	-38,303	33,941	-74,572	1,00	85,25	H1	C
NGUYÊN TỬ	5759	CG	LEU	141	-38,499	35,376	-75,081	1,00	85,32	H1	C
NGUYÊN TỬ	5760	CD1	LEU	141	-37,162	36,103	-75,165	1,00	84,61	H1	C
NGUYÊN TỬ	5761	CD2	LEU	141	-39,154	35,334	-76,453	1,00	85,35	H1	C
NGUYÊN TỬ	5762	C	LEU	141	-36,621	34,275	-72,741	1,00	85,01	H1	C
NGUYÊN TỬ	5763	O	LEU	141	-36,496	35,396	-72,247	1,00	85,36	H1	O
NGUYÊN TỬ	5764	N	GLY	142	-35,587	33,484	-73,001	1,00	83,90	H1	N
NGUYÊN TỬ	5765	CA	GLY	142	-34,233	33,941	-72,752	1,00	83,19	H1	C
NGUYÊN TỬ	5766	C	GLY	142	-33,231	33,175	-73,589	1,00	82,79	H1	C
NGUYÊN TỬ	5767	O	GLY	142	-33,609	32,491	-74,539	1,00	83,09	H1	O
NGUYÊN TỬ	5768	N	CYS	143	-31,952	33,289	-73,248	1,00	82,17	H1	N
NGUYÊN TỬ	5769	CA	CYS	143	-30,940	32,465	-73,890	1,00	81,85	H1	C
NGUYÊN TỬ	5770	C	CYS	143	-29,954	31,864	-72,882	1,00	80,13	H1	C
NGUYÊN TỬ	5771	O	CYS	143	-29,537	32,518	-71,925	1,00	79,94	H1	O
NGUYÊN TỬ	5772	CB	CYS	143	-30,204	33,270	-74,974	1,00	83,41	H1	C
NGUYÊN TỬ	5773	SG	CYS	143	-28,939	34,449	-74,400	1,00	87,73	H1	S
NGUYÊN TỬ	5774	N	LEU	144	-29,601	30,602	-73,109	1,00	78,24	H1	N
NGUYÊN TỬ	5775	CA	LEU	144	-28,826	29,808	-72,161	1,00	75,92	H1	C
NGUYÊN TỬ	5776	CB	LEU	144	-29,286	28,349	-72,233	1,00	75,88	H1	C
NGUYÊN TỬ	5777	CG	LEU	144	-28,506	27,285	-71,462	1,00	76,15	H1	C
NGUYÊN TỬ	5778	CD1	LEU	144	-28,543	27,594	-69,977	1,00	76,40	H1	C
NGUYÊN TỬ	5779	CD2	LEU	144	-29,115	25,915	-71,739	1,00	75,59	H1	C
NGUYÊN TỬ	5780	C	LEU	144	-27,329	29,895	-72,449	1,00	74,33	H1	C
NGUYÊN TỬ	5781	O	LEU	144	-26,890	29,633	-73,566	1,00	74,67	H1	O
NGUYÊN TỬ	5782	N	VAL	145	-26,549	30,260	-71,436	1,00	72,28	H1	N
NGUYÊN TỬ	5783	CA	VAL	145	-25,103	30,401	-71,591	1,00	70,90	H1	C
NGUYÊN TỬ	5784	CB	VAL	145	-24,623	31,746	-71,003	1,00	69,27	H1	C
NGUYÊN TỬ	5785	CG1	VAL	145	-23,127	31,873	-71,147	1,00	69,00	H1	C
NGUYÊN TỬ	5786	CG2	VAL	145	-25,319	32,894	-71,705	1,00	68,74	H1	C
NGUYÊN TỬ	5787	C	VAL	145	-24,358	29,254	-70,899	1,00	71,16	H1	C
NGUYÊN TỬ	5788	O	VAL	145	-24,173	29,269	-69,680	1,00	71,43	H1	O
NGUYÊN TỬ	5789	N	LYS	146	-23,927	28,266	-71,684	1,00	70,62	H1	N

NGUYÊN TỬ	5790	CA	LYS	146	-23,358	27,031	-71,141	1,00	70,17	H1	C
NGUYÊN TỬ	5791	CB	LYS	146	-23,870	25,819	-71,925	1,00	71,40	H1	C
NGUYÊN TỬ	5792	CG	LYS	146	-25,286	25,393	-71,583	1,00	74,93	H1	C
NGUYÊN TỬ	5793	CD	LYS	146	-25,822	24,395	-72,605	1,00	78,01	H1	C
NGUYÊN TỬ	5794	CE	LYS	146	-24,948	23,146	-72,701	1,00	79,46	H1	C
NGUYÊN TỬ	5795	NZ	LYS	146	-25,126	22,233	-71,534	1,00	80,50	H1	N
NGUYÊN TỬ	5796	C	LYS	146	-21,831	26,988	-71,127	1,00	68,82	H1	C
NGUYÊN TỬ	5797	O	LYS	146	-21,173	27,538	-72,011	1,00	68,87	H1	O
NGUYÊN TỬ	5798	N	ASP	147	-21,286	26,330	-70,106	1,00	66,87	H1	N
NGUYÊN TỬ	5799	CA	ASP	147	-19,906	25,850	-70,110	1,00	64,95	H1	C
NGUYÊN TỬ	5800	CB	ASP	147	-19,759	24,720	-71,129	1,00	64,08	H1	C
NGUYÊN TỬ	5801	CG	ASP	147	-20,730	23,582	-70,877	1,00	65,39	H1	C
NGUYÊN TỬ	5802	OD1	ASP	147	-20,976	23,252	-69,697	1,00	64,41	H1	O
NGUYÊN TỬ	5803	OD2	ASP	147	-21,250	23,015	-71,862	1,00	66,30	H1	O
NGUYÊN TỬ	5804	C	ASP	147	-18,857	26,920	-70,390	1,00	64,29	H1	C
NGUYÊN TỬ	5805	O	ASP	147	-18,121	26,829	-71,368	1,00	64,65	H1	O
NGUYÊN TỬ	5806	N	TYR	148	-18,775	27,925	-69,527	1,00	63,41	H1	N
NGUYÊN TỬ	5807	CA	TYR	148	-17,760	28,956	-69,687	1,00	63,64	H1	C
NGUYÊN TỬ	5808	CB	TYR	148	-18,411	30,291	-70,061	1,00	63,45	H1	C
NGUYÊN TỬ	5809	CG	TYR	148	-19,292	30,886	-68,984	1,00	62,08	H1	C
NGUYÊN TỬ	5810	CD1	TYR	148	-18,787	31,813	-68,081	1,00	61,94	H1	C
NGUYÊN TỬ	5811	CE1	TYR	148	-19,594	32,383	-67,112	1,00	61,63	H1	C
NGUYÊN TỬ	5812	CD2	TYR	148	-20,632	30,539	-68,887	1,00	62,19	H1	C
NGUYÊN TỬ	5813	CE2	TYR	148	-21,448	31,103	-67,920	1,00	62,61	H1	C
NGUYÊN TỬ	5814	CZ	TYR	148	-20,923	32,024	-67,037	1,00	61,07	H1	C
NGUYÊN TỬ	5815	OH	TYR	148	-21,731	32,594	-66,082	1,00	61,02	H1	O
NGUYÊN TỬ	5816	C	TYR	148	-16,920	29,126	-68,425	1,00	64,03	H1	C
NGUYÊN TỬ	5817	O	TYR	148	-17,296	28,664	-67,348	1,00	63,78	H1	O
NGUYÊN TỬ	5818	N	PHE	149	-15,777	29,788	-68,572	1,00	64,42	H1	N
NGUYÊN TỬ	5819	CA	PHE	149	-14,897	30,073	-67,446	1,00	65,06	H1	C
NGUYÊN TỬ	5820	CB	PHE	149	-14,209	28,787	-66,972	1,00	63,77	H1	C
NGUYÊN TỬ	5821	CG	PHE	149	-13,335	28,979	-65,765	1,00	62,58	H1	C
NGUYÊN TỬ	5822	CD1	PHE	149	-12,012	29,371	-65,904	1,00	61,56	H1	C
NGUYÊN TỬ	5823	CD2	PHE	149	-13,843	28,789	-64,489	1,00	62,08	H1	C
NGUYÊN TỬ	5824	CE1	PHE	149	-11,210	29,576	-64,795	1,00	60,99	H1	C
NGUYÊN TỬ	5825	CE2	PHE	149	-13,047	28,992	-63,373	1,00	62,34	H1	C
NGUYÊN TỬ	5826	CZ	PHE	149	-11,727	29,386	-63,527	1,00	61,88	H1	C
NGUYÊN TỬ	5827	C	PHE	149	-13,844	31,092	-67,865	1,00	66,30	H1	C
NGUYÊN TỬ	5828	O	PHE	149	-13,365	31,069	-68,998	1,00	67,25	H1	O
NGUYÊN TỬ	5829	N	PRO	150	-13,473	32,006	-66,955	1,00	67,74	H1	N
NGUYÊN TỬ	5830	CD	PRO	150	-12,274	32,850	-67,107	1,00	67,53	H1	C
NGUYÊN TỬ	5831	CA	PRO	150	-14,104	32,195	-65,645	1,00	68,63	H1	C
NGUYÊN TỬ	5832	CB	PRO	150	-13,037	32,928	-64,841	1,00	67,62	H1	C
NGUYÊN TỬ	5833	CG	PRO	150	-12,295	33,712	-65,866	1,00	67,46	H1	C
NGUYÊN TỬ	5834	C	PRO	150	-15,389	33,010	-65,742	1,00	70,45	H1	C
NGUYÊN TỬ	5835	O	PRO	150	-16,077	32,997	-66,764	1,00	71,47	H1	O
NGUYÊN TỬ	5836	N	GLU	151	-15,700	33,719	-64,663	1,00	71,80	H1	N
NGUYÊN TỬ	5837	CA	GLU	151	-16,743	34,734	-64,676	1,00	72,52	H1	C
NGUYÊN TỬ	5838	CB	GLU	151	-17,550	34,681	-63,378	1,00	72,76	H1	C
NGUYÊN TỬ	5839	CG	GLU	151	-18,290	33,376	-63,155	1,00	74,07	H1	C
NGUYÊN TỬ	5840	CD	GLU	151	-19,458	33,535	-62,204	1,00	74,56	H1	C
NGUYÊN TỬ	5841	OE1	GLU	151	-20,618	33,454	-62,665	1,00	74,92	H1	O
NGUYÊN TỬ	5842	OE2	GLU	151	-19,216	33,745	-60,997	1,00	73,75	H1	O
NGUYÊN TỬ	5843	C	GLU	151	-16,079	36,099	-64,806	1,00	73,24	H1	C
NGUYÊN TỬ	5844	O	GLU	151	-14,868	36,227	-64,624	1,00	72,62	H1	O
NGUYÊN TỬ	5845	N	PRO	152	-16,867	37,142	-65,113	1,00	74,62	H1	N
NGUYÊN TỬ	5846	CD	PRO	152	-16,420	38,539	-64,959	1,00	74,59	H1	C
NGUYÊN TỬ	5847	CA	PRO	152	-18,292	37,070	-65,452	1,00	75,10	H1	C
NGUYÊN TỬ	5848	CB	PRO	152	-18,849	38,361	-64,867	1,00	75,76	H1	C
NGUYÊN TỬ	5849	CG	PRO	152	-17,712	39,337	-65,029	1,00	75,41	H1	C
NGUYÊN TỬ	5850	C	PRO	152	-18,556	36,968	-66,952	1,00	75,76	H1	C
NGUYÊN TỬ	5851	O	PRO	152	-17,630	36,989	-67,761	1,00	75,62	H1	O
NGUYÊN TỬ	5852	N	VAL	153	-19,830	36,854	-67,312	1,00	76,74	H1	N
NGUYÊN TỬ	5853	CA	VAL	153	-20,266	37,125	-68,676	1,00	78,44	H1	C
NGUYÊN TỬ	5854	CB	VAL	153	-20,722	35,836	-69,410	1,00	78,41	H1	C
NGUYÊN TỬ	5855	CG1	VAL	153	-19,573	34,848	-69,489	1,00	78,22	H1	C
NGUYÊN TỬ	5856	CG2	VAL	153	-21,909	35,219	-68,700	1,00	78,16	H1	C
NGUYÊN TỬ	5857	C	VAL	153	-21,428	38,114	-68,651	1,00	79,27	H1	C
NGUYÊN TỬ	5858	O	VAL	153	-22,353	37,981	-67,848	1,00	79,85	H1	O
NGUYÊN TỬ	5859	N	THR	154	-21,367	39,111	-69,528	1,00	79,67	H1	N
NGUYÊN TỬ	5860	CA	THR	154	-22,408	40,130	-69,613	1,00	79,68	H1	C
NGUYÊN TỬ	5861	CB	THR	154	-21,808	41,505	-69,963	1,00	79,51	H1	C
NGUYÊN TỬ	5862	OG1	THR	154	-21,139	41,422	-71,228	1,00	79,48	H1	O
NGUYÊN TỬ	5863	CG2	THR	154	-20,811	41,945	-68,897	1,00	78,20	H1	C
NGUYÊN TỬ	5864	C	THR	154	-23,417	39,754	-70,693	1,00	80,21	H1	C
NGUYÊN TỬ	5865	O	THR	154	-23,034	39,413	-71,812	1,00	80,43	H1	O

NGUYÊN TỬ	5866	N	VAL	155	-24,703	39,813	-70,359	1,00	80,71	H1	N
NGUYÊN TỬ	5867	CA	VAL	155	-25,752	39,518	-71,330	1,00	81,00	H1	C
NGUYÊN TỬ	5868	CB	VAL	155	-26,580	38,284	-70,910	1,00	80,93	H1	C
NGUYÊN TỬ	5869	CG1	VAL	155	-27,614	37,965	-71,979	1,00	80,65	H1	C
NGUYÊN TỬ	5870	CG2	VAL	155	-25,666	37,094	-70,689	1,00	81,15	H1	C
NGUYÊN TỬ	5871	C	VAL	155	-26,701	40,702	-71,503	1,00	81,78	H1	C
NGUYÊN TỬ	5872	O	VAL	155	-27,351	41,139	-70,551	1,00	81,71	H1	O
NGUYÊN TỬ	5873	N	SER	156	-26,772	41,216	-72,727	1,00	82,68	H1	N
NGUYÊN TỬ	5874	CA	SER	156	-27,654	42,334	-73,046	1,00	83,16	H1	C
NGUYÊN TỬ	5875	CB	SER	156	-26,847	43,473	-73,674	1,00	83,30	H1	C
NGUYÊN TỬ	5876	OG	SER	156	-27,652	44,620	-73,878	1,00	84,63	H1	O
NGUYÊN TỬ	5877	C	SER	156	-28,739	41,868	-74,014	1,00	83,16	H1	C
NGUYÊN TỬ	5878	O	SER	156	-28,596	40,831	-74,658	1,00	82,89	H1	O
NGUYÊN TỬ	5879	N	TRP	157	-29,825	42,627	-74,110	1,00	83,58	H1	N
NGUYÊN TỬ	5880	CA	TRP	157	-30,919	42,259	-75,001	1,00	84,15	H1	C
NGUYÊN TỬ	5881	CB	TRP	157	-32,180	41,952	-74,188	1,00	83,42	H1	C
NGUYÊN TỬ	5882	CG	TRP	157	-32,120	40,627	-73,494	1,00	83,40	H1	C
NGUYÊN TỬ	5883	CD2	TRP	157	-32,489	39,355	-74,042	1,00	83,53	H1	C
NGUYÊN TỬ	5884	CE2	TRP	157	-32,248	38,386	-73,047	1,00	83,19	H1	C
NGUYÊN TỬ	5885	CE3	TRP	157	-33,000	38,941	-75,277	1,00	83,42	H1	C
NGUYÊN TỬ	5886	CD1	TRP	157	-31,684	40,385	-72,224	1,00	83,06	H1	C
NGUYÊN TỬ	5887	NE1	TRP	157	-31,757	39,040	-71,947	1,00	82,93	H1	N
NGUYÊN TỬ	5888	CZ2	TRP	157	-32,498	37,030	-73,250	1,00	83,39	H1	C
NGUYÊN TỬ	5889	CZ3	TRP	157	-33,247	37,594	-75,476	1,00	83,62	H1	C
NGUYÊN TỬ	5890	CH2	TRP	157	-32,997	36,655	-74,468	1,00	83,34	H1	C
NGUYÊN TỬ	5891	C	TRP	157	-31,219	43,334	-76,041	1,00	84,76	H1	C
NGUYÊN TỬ	5892	O	TRP	157	-31,410	44,505	-75,706	1,00	84,03	H1	O
NGUYÊN TỬ	5893	N	ASN	158	-31,260	42,921	-77,306	1,00	85,58	H1	N
NGUYÊN TỬ	5894	CA	ASN	158	-31,495	43,842	-78,411	1,00	86,37	H1	C
NGUYÊN TỬ	5895	CB	ASN	158	-32,946	44,331	-78,389	1,00	86,40	H1	C
NGUYÊN TỬ	5896	CG	ASN	158	-33,946	43,196	-78,553	1,00	87,21	H1	C
NGUYÊN TỬ	5897	OD1	ASN	158	-33,691	42,224	-79,268	1,00	86,86	H1	O
NGUYÊN TỬ	5898	ND2	ASN	158	-35,091	43,315	-77,889	1,00	86,97	H1	N
NGUYÊN TỬ	5899	C	ASN	158	-30,536	45,026	-78,315	1,00	86,98	H1	C
NGUYÊN TỬ	5900	O	ASN	158	-30,939	46,183	-78,439	1,00	86,86	H1	O
NGUYÊN TỬ	5901	N	SER	159	-29,264	44,717	-78,077	1,00	87,36	H1	N
NGUYÊN TỬ	5902	CA	SER	159	-28,203	45,716	-78,013	1,00	87,62	H1	C
NGUYÊN TỬ	5903	CB	SER	159	-27,970	46,322	-79,398	1,00	87,30	H1	C
NGUYÊN TỬ	5904	OG	SER	159	-27,479	45,341	-80,297	1,00	86,83	H1	O
NGUYÊN TỬ	5905	C	SER	159	-28,471	46,822	-76,999	1,00	87,96	H1	C
NGUYÊN TỬ	5906	O	SER	159	-27,791	47,849	-76,998	1,00	87,94	H1	O
NGUYÊN TỬ	5907	N	GLY	160	-29,459	46,608	-76,136	1,00	88,50	H1	N
NGUYÊN TỬ	5908	CA	GLY	160	-29,716	47,551	-75,062	1,00	88,84	H1	C
NGUYÊN TỬ	5909	C	GLY	160	-31,108	48,150	-75,103	1,00	88,98	H1	C
NGUYÊN TỬ	5910	O	GLY	160	-31,570	48,731	-74,120	1,00	88,61	H1	O
NGUYÊN TỬ	5911	N	ALA	161	-31,779	48,006	-76,242	1,00	89,24	H1	N
NGUYÊN TỬ	5912	CA	ALA	161	-33,105	48,585	-76,430	1,00	89,63	H1	C
NGUYÊN TỬ	5913	CB	ALA	161	-33,569	48,373	-77,868	1,00	89,23	H1	C
NGUYÊN TỬ	5914	C	ALA	161	-34,112	47,971	-75,461	1,00	89,76	H1	C
NGUYÊN TỬ	5915	O	ALA	161	-35,083	48,619	-75,067	1,00	89,81	H1	O
NGUYÊN TỬ	5916	N	LEU	162	-33,874	46,718	-75,084	1,00	89,21	H1	N
NGUYÊN TỬ	5917	CA	LEU	162	-34,769	46,006	-74,182	1,00	88,42	H1	C
NGUYÊN TỬ	5918	CB	LEU	162	-35,189	44,673	-74,806	1,00	87,77	H1	C
NGUYÊN TỬ	5919	CG	LEU	162	-36,018	43,738	-73,923	1,00	87,40	H1	C
NGUYÊN TỬ	5920	CD1	LEU	162	-37,267	44,456	-73,439	1,00	86,87	H1	C
NGUYÊN TỬ	5921	CD2	LEU	162	-36,384	42,491	-74,710	1,00	86,79	H1	C
NGUYÊN TỬ	5922	C	LEU	162	-34,106	45,753	-72,833	1,00	88,21	H1	C
NGUYÊN TỬ	5923	O	LEU	162	-33,176	44,954	-72,727	1,00	88,43	H1	O
NGUYÊN TỬ	5924	N	THR	163	-34,591	46,441	-71,804	1,00	87,73	H1	N
NGUYÊN TỬ	5925	CA	THR	163	-34,069	46,270	-70,453	1,00	87,13	H1	C
NGUYÊN TỬ	5926	CB	THR	163	-33,414	47,569	-69,937	1,00	87,76	H1	C
NGUYÊN TỬ	5927	OG1	THR	163	-34,374	48,634	-69,962	1,00	88,69	H1	O
NGUYÊN TỬ	5928	CG2	THR	163	-32,218	47,946	-70,804	1,00	87,58	H1	C
NGUYÊN TỬ	5929	C	THR	163	-35,194	45,880	-69,503	1,00	86,16	H1	C
NGUYÊN TỬ	5930	O	THR	163	-34,957	45,286	-68,449	1,00	85,76	H1	O
NGUYÊN TỬ	5931	N	SER	164	-36,420	46,216	-69,888	1,00	84,83	H1	N
NGUYÊN TỬ	5932	CA	SER	164	-37,584	45,961	-69,052	1,00	83,71	H1	C
NGUYÊN TỬ	5933	CB	SER	164	-38,737	46,877	-69,475	1,00	84,14	H1	C
NGUYÊN TỬ	5934	OG	SER	164	-39,855	46,731	-68,616	1,00	84,04	H1	O
NGUYÊN TỬ	5935	C	SER	164	-38,016	44,500	-69,149	1,00	82,36	H1	C
NGUYÊN TỬ	5936	O	SER	164	-38,185	43,962	-70,244	1,00	82,47	H1	O
NGUYÊN TỬ	5937	N	GLY	165	-38,193	43,864	-67,995	1,00	80,97	H1	N
NGUYÊN TỬ	5938	CA	GLY	165	-38,616	42,476	-67,972	1,00	79,30	H1	C
NGUYÊN TỬ	5939	C	GLY	165	-37,452	41,504	-68,016	1,00	78,12	H1	C
NGUYÊN TỬ	5940	O	GLY	165	-37,651	40,294	-68,120	1,00	77,82	H1	O
NGUYÊN TỬ	5941	N	VAL	166	-36,233	42,030	-67,935	1,00	76,72	H1	N

NGUYÊN TỬ	5942	CA	VAL	166	-35,037	41,205	-68,040	1,00	75,81	H1	C
NGUYÊN TỬ	5943	CB	VAL	166	-33,905	41,954	-68,770	1,00	75,90	H1	C
NGUYÊN TỬ	5944	CG1	VAL	166	-32,673	41,070	-68,856	1,00	75,62	H1	C
NGUYÊN TỬ	5945	CG2	VAL	166	-34,365	42,364	-70,161	1,00	75,64	H1	C
NGUYÊN TỬ	5946	C	VAL	166	-34,526	40,775	-66,670	1,00	75,14	H1	C
NGUYÊN TỬ	5947	O	VAL	166	-34,253	41,610	-65,809	1,00	75,37	H1	O
NGUYÊN TỬ	5948	N	HIS	167	-34,396	39,466	-66,480	1,00	73,47	H1	N
NGUYÊN TỬ	5949	CA	HIS	167	-33,935	38,911	-65,214	1,00	72,00	H1	C
NGUYÊN TỬ	5950	CB	HIS	167	-35,057	38,090	-64,569	1,00	72,27	H1	C
NGUYÊN TỬ	5951	CG	HIS	167	-34,777	37,683	-63,155	1,00	72,47	H1	C
NGUYÊN TỬ	5952	CD2	HIS	167	-33,696	37,887	-62,363	1,00	72,15	H1	C
NGUYÊN TỬ	5953	ND1	HIS	167	-35,684	36,981	-62,390	1,00	71,80	H1	N
NGUYÊN TỬ	5954	CE1	HIS	167	-35,176	36,771	-61,189	1,00	71,72	H1	C
NGUYÊN TỬ	5955	NE2	HIS	167	-33,971	37,311	-61,147	1,00	72,50	H1	N
NGUYÊN TỬ	5956	C	HIS	167	-32,708	38,028	-65,438	1,00	70,88	H1	C
NGUYÊN TỬ	5957	O	HIS	167	-32,783	37,008	-66,121	1,00	69,91	H1	O
NGUYÊN TỬ	5958	N	THR	168	-31,581	38,424	-64,855	1,00	70,00	H1	N
NGUYÊN TỬ	5959	CA	THR	168	-30,335	37,687	-65,027	1,00	68,86	H1	C
NGUYÊN TỬ	5960	CB	THR	168	-29,156	38,650	-65,269	1,00	69,61	H1	C
NGUYÊN TỬ	5961	OG1	THR	168	-29,449	39,489	-66,394	1,00	70,62	H1	O
NGUYÊN TỬ	5962	CG2	THR	168	-27,878	37,867	-65,548	1,00	69,75	H1	C
NGUYÊN TỬ	5963	C	THR	168	-30,026	36,826	-63,803	1,00	67,17	H1	C
NGUYÊN TỬ	5964	O	THR	168	-29,731	37,344	-62,727	1,00	67,02	H1	O
NGUYÊN TỬ	5965	N	PHE	169	-30,093	35,510	-63,979	1,00	64,86	H1	N
NGUYÊN TỬ	5966	CA	PHE	169	-29,878	34,576	-62,881	1,00	62,90	H1	C
NGUYÊN TỬ	5967	CB	PHE	169	-30,615	33,263	-63,150	1,00	62,05	H1	C
NGUYÊN TỬ	5968	CG	PHE	169	-32,108	33,400	-63,176	1,00	62,68	H1	C
NGUYÊN TỬ	5969	CD1	PHE	169	-32,748	33,972	-64,266	1,00	62,88	H1	C
NGUYÊN TỬ	5970	CD2	PHE	169	-32,877	32,943	-62,118	1,00	62,49	H1	C
NGUYÊN TỬ	5971	CE1	PHE	169	-34,128	34,086	-64,299	1,00	62,61	H1	C
NGUYÊN TỬ	5972	CE2	PHE	169	-34,257	33,053	-62,144	1,00	62,55	H1	C
NGUYÊN TỬ	5973	CZ	PHE	169	-34,884	33,625	-63,237	1,00	62,31	H1	C
NGUYÊN TỬ	5974	C	PHE	169	-28,398	34,290	-62,683	1,00	61,96	H1	C
NGUYÊN TỬ	5975	O	PHE	169	-27,663	34,061	-63,645	1,00	61,82	H1	O
NGUYÊN TỬ	5976	N	PRO	170	-27,942	34,294	-61,421	1,00	60,72	H1	N
NGUYÊN TỬ	5977	CD	PRO	170	-28,702	34,746	-60,244	1,00	60,03	H1	C
NGUYÊN TỬ	5978	CA	PRO	170	-26,555	33,964	-61,078	1,00	59,89	H1	C
NGUYÊN TỬ	5979	CB	PRO	170	-26,526	34,083	-59,554	1,00	59,29	H1	C
NGUYÊN TỬ	5980	CG	PRO	170	-27,618	35,058	-59,246	1,00	59,11	H1	C
NGUYÊN TỬ	5981	C	PRO	170	-26,132	32,576	-61,561	1,00	59,02	H1	C
NGUYÊN TỬ	5982	O	PRO	170	-26,948	31,653	-61,647	1,00	57,43	H1	O
NGUYÊN TỬ	5983	N	ALA	171	-24,847	32,440	-61,873	1,00	58,34	H1	N
NGUYÊN TỬ	5984	CA	ALA	171	-24,329	31,229	-62,496	1,00	58,50	H1	C
NGUYÊN TỬ	5985	CB	ALA	171	-22,955	31,503	-63,094	1,00	57,77	H1	C
NGUYÊN TỬ	5986	C	ALA	171	-24,243	30,066	-61,517	1,00	58,57	H1	C
NGUYÊN TỬ	5987	O	ALA	171	-24,030	30,259	-60,320	1,00	57,67	H1	O
NGUYÊN TỬ	5988	N	VAL	172	-24,415	28,855	-62,035	1,00	58,56	H1	N
NGUYÊN TỬ	5989	CA	VAL	172	-24,118	27,654	-61,268	1,00	59,16	H1	C
NGUYÊN TỬ	5990	CB	VAL	172	-25,148	26,538	-61,553	1,00	58,86	H1	C
NGUYÊN TỬ	5991	CG1	VAL	172	-25,070	26,114	-63,011	1,00	59,09	H1	C
NGUYÊN TỬ	5992	CG2	VAL	172	-24,898	25,353	-60,632	1,00	60,06	H1	C
NGUYÊN TỬ	5993	C	VAL	172	-22,721	27,157	-61,641	1,00	59,63	H1	C
NGUYÊN TỬ	5994	O	VAL	172	-22,304	27,266	-62,796	1,00	59,35	H1	O
NGUYÊN TỬ	5995	N	LEU	173	-21,990	26,631	-60,663	1,00	59,79	H1	N
NGUYÊN TỬ	5996	CA	LEU	173	-20,688	26,032	-60,937	1,00	60,87	H1	C
NGUYÊN TỬ	5997	CB	LEU	173	-19,698	26,348	-59,811	1,00	59,98	H1	C
NGUYÊN TỬ	5998	CG	LEU	173	-18,205	26,413	-60,167	1,00	60,10	H1	C
NGUYÊN TỬ	5999	CD1	LEU	173	-17,376	26,202	-58,905	1,00	57,51	H1	C
NGUYÊN TỬ	6000	CD2	LEU	173	-17,858	25,356	-61,201	1,00	58,71	H1	C
NGUYÊN TỬ	6001	C	LEU	173	-20,879	24,528	-61,041	1,00	61,60	H1	C
NGUYÊN TỬ	6002	O	LEU	173	-21,379	23,897	-60,110	1,00	62,78	H1	O
NGUYÊN TỬ	6003	N	GLN	174	-20,482	23,956	-62,172	1,00	62,51	H1	N
NGUYÊN TỬ	6004	CA	GLN	174	-20,744	22,547	-62,446	1,00	63,92	H1	C
NGUYÊN TỬ	6005	CB	GLN	174	-21,044	22,352	-63,929	1,00	65,18	H1	C
NGUYÊN TỬ	6006	CG	GLN	174	-22,139	23,256	-64,450	1,00	67,24	H1	C
NGUYÊN TỬ	6007	CD	GLN	174	-22,385	23,065	-65,928	1,00	69,04	H1	C
NGUYÊN TỬ	6008	OE1	GLN	174	-23,070	22,125	-66,337	1,00	70,60	H1	O
NGUYÊN TỬ	6009	NE2	GLN	174	-21,823	23,953	-66,741	1,00	68,01	H1	N
NGUYÊN TỬ	6010	C	GLN	174	-19,565	21,672	-62,050	1,00	63,96	H1	C
NGUYÊN TỬ	6011	O	GLN	174	-18,445	22,159	-61,895	1,00	64,54	H1	O
NGUYÊN TỬ	6012	N	SER	175	-19,820	20,376	-61,896	1,00	63,64	H1	N
NGUYÊN TỬ	6013	CA	SER	175	-18,777	19,438	-61,501	1,00	63,62	H1	C
NGUYÊN TỬ	6014	CB	SER	175	-19,346	18,016	-61,407	1,00	64,57	H1	C
NGUYÊN TỬ	6015	OG	SER	175	-19,975	17,626	-62,616	1,00	66,59	H1	O
NGUYÊN TỬ	6016	C	SER	175	-17,610	19,464	-62,481	1,00	63,00	H1	C
NGUYÊN TỬ	6017	O	SER	175	-16,541	18,926	-62,197	1,00	64,06	H1	O

NGUYÊN TỬ	6018	N	SER	176	-17,816	20,095	-63,632	1,00	61,79	H1	N
NGUYÊN TỬ	6019	CA	SER	176	-16,776	20,187	-64,650	1,00	60,10	H1	C
NGUYÊN TỬ	6020	CB	SER	176	-17,399	20,418	-66,025	1,00	59,94	H1	C
NGUYÊN TỬ	6021	OG	SER	176	-17,863	21,752	-66,150	1,00	60,80	H1	O
NGUYÊN TỬ	6022	C	SER	176	-15,806	21,323	-64,355	1,00	59,39	H1	C
NGUYÊN TỬ	6023	O	SER	176	-14,733	21,398	-64,951	1,00	59,39	H1	O
NGUYÊN TỬ	6024	N	GLY	177	-16,191	22,211	-63,443	1,00	57,70	H1	N
NGUYÊN TỬ	6025	CA	GLY	177	-15,384	23,389	-63,176	1,00	56,90	H1	C
NGUYÊN TỬ	6026	C	GLY	177	-15,778	24,550	-64,068	1,00	56,87	H1	C
NGUYÊN TỬ	6027	O	GLY	177	-15,157	25,614	-64,043	1,00	56,89	H1	O
NGUYÊN TỬ	6028	N	LEU	178	-16,822	24,345	-64,860	1,00	56,63	H1	N
NGUYÊN TỬ	6029	CA	LEU	178	-17,298	25,370	-65,778	1,00	57,28	H1	C
NGUYÊN TỬ	6030	CB	LEU	178	-17,436	24,786	-67,188	1,00	57,13	H1	C
NGUYÊN TỬ	6031	CG	LEU	178	-16,115	24,423	-67,872	1,00	56,25	H1	C
NGUYÊN TỬ	6032	CD1	LEU	178	-16,387	23,798	-69,230	1,00	55,52	H1	C
NGUYÊN TỬ	6033	CD2	LEU	178	-15,268	25,675	-68,017	1,00	56,22	H1	C
NGUYÊN TỬ	6034	C	LEU	178	-18,631	25,959	-65,328	1,00	57,07	H1	C
NGUYÊN TỬ	6035	O	LEU	178	-19,428	25,295	-64,665	1,00	55,79	H1	O
NGUYÊN TỬ	6036	N	TYR	179	-18,864	27,213	-65,697	1,00	57,71	H1	N
NGUYÊN TỬ	6037	CA	TYR	179	-20,064	27,921	-65,280	1,00	59,38	H1	C
NGUYÊN TỬ	6038	CB	TYR	179	-19,725	29,378	-64,961	1,00	58,68	H1	C
NGUYÊN TỬ	6039	CG	TYR	179	-18,831	29,558	-63,754	1,00	58,53	H1	C
NGUYÊN TỬ	6040	CD1	TYR	179	-19,346	29,474	-62,465	1,00	58,26	H1	C
NGUYÊN TỬ	6041	CE1	TYR	179	-18,540	29,680	-61,356	1,00	58,61	H1	C
NGUYÊN TỬ	6042	CD2	TYR	179	-17,482	29,849	-63,904	1,00	57,93	H1	C
NGUYÊN TỬ	6043	CE2	TYR	179	-16,667	30,058	-62,803	1,00	58,41	H1	C
NGUYÊN TỬ	6044	CZ	TYR	179	-17,200	29,974	-61,531	1,00	58,60	H1	C
NGUYÊN TỬ	6045	OH	TYR	179	-16,394	30,195	-60,438	1,00	56,00	H1	O
NGUYÊN TỬ	6046	C	TYR	179	-21,174	27,877	-66,328	1,00	60,05	H1	C
NGUYÊN TỬ	6047	O	TYR	179	-20,914	27,891	-67,531	1,00	59,38	H1	O
NGUYÊN TỬ	6048	N	SER	180	-22,413	27,819	-65,852	1,00	61,78	H1	N
NGUYÊN TỬ	6049	CA	SER	180	-23,589	27,990	-66,698	1,00	64,17	H1	C
NGUYÊN TỬ	6050	CB	SER	180	-24,290	26,646	-66,917	1,00	63,61	H1	C
NGUYÊN TỬ	6051	OG	SER	180	-23,501	25,775	-67,708	1,00	65,69	H1	O
NGUYÊN TỬ	6052	C	SER	180	-24,554	28,960	-66,024	1,00	65,91	H1	C
NGUYÊN TỬ	6053	O	SER	180	-24,671	28,979	-64,797	1,00	65,96	H1	O
NGUYÊN TỬ	6054	N	HIS	181	-25,242	29,768	-66,823	1,00	67,43	H1	N
NGUYÊN TỬ	6055	CA	HIS	181	-26,293	30,625	-66,290	1,00	69,34	H1	C
NGUYÊN TỬ	6056	CB	HIS	181	-25,689	31,850	-65,606	1,00	70,05	H1	C
NGUYÊN TỬ	6057	CG	HIS	181	-25,466	33,009	-66,524	1,00	70,38	H1	C
NGUYÊN TỬ	6058	CD2	HIS	181	-24,413	33,336	-67,309	1,00	70,89	H1	C
NGUYÊN TỬ	6059	ND1	HIS	181	-26,387	34,023	-66,676	1,00	70,55	H1	N
NGUYÊN TỬ	6060	CE1	HIS	181	-25,909	34,927	-67,513	1,00	71,32	H1	C
NGUYÊN TỬ	6061	NE2	HIS	181	-24,713	34,533	-67,911	1,00	71,85	H1	N
NGUYÊN TỬ	6062	C	HIS	181	-27,264	31,075	-67,371	1,00	70,14	H1	C
NGUYÊN TỬ	6063	O	HIS	181	-26,990	30,942	-68,564	1,00	69,87	H1	O
NGUYÊN TỬ	6064	N	SER	182	-28,402	31,609	-66,941	1,00	71,10	H1	N
NGUYÊN TỬ	6065	CA	SER	182	-29,458	32,010	-67,859	1,00	70,94	H1	C
NGUYÊN TỬ	6066	CB	SER	182	-30,702	31,146	-67,636	1,00	70,38	H1	C
NGUYÊN TỬ	6067	OG	SER	182	-30,418	29,774	-67,830	1,00	68,38	H1	O
NGUYÊN TỬ	6068	C	SER	182	-29,827	33,479	-67,688	1,00	71,53	H1	C
NGUYÊN TỬ	6069	O	SER	182	-29,763	34,023	-66,584	1,00	71,22	H1	O
NGUYÊN TỬ	6070	N	SER	183	-30,205	34,114	-68,794	1,00	72,30	H1	N
NGUYÊN TỬ	6071	CA	SER	183	-30,900	35,396	-68,757	1,00	72,41	H1	C
NGUYÊN TỬ	6072	CB	SER	183	-30,111	36,456	-69,525	1,00	71,36	H1	C
NGUYÊN TỬ	6073	OG	SER	183	-30,820	37,682	-69,569	1,00	69,72	H1	O
NGUYÊN TỬ	6074	C	SER	183	-32,276	35,227	-69,388	1,00	73,63	H1	C
NGUYÊN TỬ	6075	O	SER	183	-32,414	34,573	-70,421	1,00	73,54	H1	O
NGUYÊN TỬ	6076	N	VAL	184	-33,294	35,809	-68,762	1,00	75,17	H1	N
NGUYÊN TỬ	6077	CA	VAL	184	-34,658	35,702	-69,269	1,00	76,46	H1	C
NGUYÊN TỬ	6078	CB	VAL	184	-35,491	34,712	-68,424	1,00	76,29	H1	C
NGUYÊN TỬ	6079	CG1	VAL	184	-36,949	34,751	-68,852	1,00	76,19	H1	C
NGUYÊN TỬ	6080	CG2	VAL	184	-34,941	33,311	-68,594	1,00	76,69	H1	C
NGUYÊN TỬ	6081	C	VAL	184	-35,378	37,045	-69,300	1,00	77,45	H1	C
NGUYÊN TỬ	6082	O	VAL	184	-35,375	37,793	-68,320	1,00	77,46	H1	O
NGUYÊN TỬ	6083	N	VAL	185	-35,992	37,345	-70,439	1,00	78,31	H1	N
NGUYÊN TỬ	6084	CA	VAL	185	-36,816	38,538	-70,572	1,00	78,79	H1	C
NGUYÊN TỬ	6085	CB	VAL	185	-36,362	39,400	-71,778	1,00	78,96	H1	C
NGUYÊN TỬ	6086	CG1	VAL	185	-36,360	38,566	-73,049	1,00	78,89	H1	C
NGUYÊN TỬ	6087	CG2	VAL	185	-37,281	40,601	-71,931	1,00	79,45	H1	C
NGUYÊN TỬ	6088	C	VAL	185	-38,281	38,151	-70,743	1,00	78,60	H1	C
NGUYÊN TỬ	6089	O	VAL	185	-38,632	37,366	-71,624	1,00	77,83	H1	O
NGUYÊN TỬ	6090	N	THR	186	-39,132	38,696	-69,880	1,00	79,19	H1	N
NGUYÊN TỬ	6091	CA	THR	186	-40,571	38,499	-69,998	1,00	80,16	H1	C
NGUYÊN TỬ	6092	CB	THR	186	-41,244	38,482	-68,609	1,00	80,16	H1	C
NGUYÊN TỬ	6093	OG1	THR	186	-40,924	39,689	-67,907	1,00	80,54	H1	O

NGUYÊN TỬ	6094	CG2	THR	186	-40,761	37,290	-67,796	1,00	80,44	H1	C
NGUYÊN TỬ	6095	C	THR	186	-41,172	39,627	-70,833	1,00	80,74	H1	C
NGUYÊN TỬ	6096	O	THR	186	-41,107	40,798	-70,455	1,00	79,91	H1	O
NGUYÊN TỬ	6097	N	VAL	187	-41,750	39,268	-71,975	1,00	82,12	H1	N
NGUYÊN TỬ	6098	CA	VAL	187	-42,248	40,258	-72,923	1,00	83,45	H1	C
NGUYÊN TỬ	6099	CB	VAL	187	-41,451	40,210	-74,246	1,00	83,13	H1	C
NGUYÊN TỬ	6100	CG1	VAL	187	-39,975	40,456	-73,975	1,00	82,39	H1	C
NGUYÊN TỬ	6101	CG2	VAL	187	-41,662	38,869	-74,933	1,00	82,96	H1	C
NGUYÊN TỬ	6102	C	VAL	187	-43,726	40,048	-73,239	1,00	84,60	H1	C
NGUYÊN TỬ	6103	O	VAL	187	-44,303	39,012	-72,906	1,00	83,97	H1	O
NGUYÊN TỬ	6104	N	PRO	188	-44,357	41,041	-73,886	1,00	86,10	H1	N
NGUYÊN TỬ	6105	CD	PRO	188	-43,802	42,380	-74,148	1,00	86,23	H1	C
NGUYÊN TỬ	6106	CA	PRO	188	-45,756	40,939	-74,316	1,00	87,32	H1	C
NGUYÊN TỬ	6107	CB	PRO	188	-46,050	42,313	-74,919	1,00	87,01	H1	C
NGUYÊN TỬ	6108	CG	PRO	188	-45,028	43,220	-74,315	1,00	86,99	H1	C
NGUYÊN TỬ	6109	C	PRO	188	-45,950	39,825	-75,339	1,00	88,92	H1	C
NGUYÊN TỬ	6110	O	PRO	188	-45,245	39,772	-76,347	1,00	89,36	H1	O
NGUYÊN TỬ	6111	N	SER	189	-46,908	38,940	-75,080	1,00	90,12	H1	N
NGUYÊN TỬ	6112	CA	SER	189	-47,239	37,889	-76,033	1,00	91,74	H1	C
NGUYÊN TỬ	6113	CB	SER	189	-48,429	37,067	-75,529	1,00	91,44	H1	C
NGUYÊN TỬ	6114	OG	SER	189	-48,108	36,379	-74,333	1,00	91,54	H1	O
NGUYÊN TỬ	6115	C	SER	189	-47,584	38,513	-77,382	1,00	93,06	H1	C
NGUYÊN TỬ	6116	O	SER	189	-47,261	37,962	-78,436	1,00	93,63	H1	O
NGUYÊN TỬ	6117	N	SER	190	-48,233	39,673	-77,334	1,00	94,02	H1	N
NGUYÊN TỬ	6118	CA	SER	190	-48,654	40,386	-78,536	1,00	94,90	H1	C
NGUYÊN TỬ	6119	CB	SER	190	-49,228	41,754	-78,159	1,00	94,23	H1	C
NGUYÊN TỬ	6120	OG	SER	190	-50,258	41,630	-77,192	1,00	94,02	H1	O
NGUYÊN TỬ	6121	C	SER	190	-47,498	40,582	-79,512	1,00	95,63	H1	C
NGUYÊN TỬ	6122	O	SER	190	-47,679	40,497	-80,727	1,00	95,93	H1	O
NGUYÊN TỬ	6123	N	SER	191	-46,311	40,845	-78,974	1,00	96,22	H1	N
NGUYÊN TỬ	6124	CA	SER	191	-45,161	41,202	-79,796	1,00	96,93	H1	C
NGUYÊN TỬ	6125	CB	SER	191	-44,210	42,100	-79,002	1,00	97,27	H1	C
NGUYÊN TỬ	6126	OG	SER	191	-44,862	43,293	-78,596	1,00	97,43	H1	O
NGUYÊN TỬ	6127	C	SER	191	-44,405	39,981	-80,314	1,00	97,19	H1	C
NGUYÊN TỬ	6128	O	SER	191	-43,393	40,116	-81,003	1,00	96,64	H1	O
NGUYÊN TỬ	6129	N	LEU	192	-44,895	38,792	-79,982	1,00	97,72	H1	N
NGUYÊN TỬ	6130	CA	LEU	192	-44,297	37,561	-80,489	1,00	98,54	H1	C
NGUYÊN TỬ	6131	CB	LEU	192	-44,718	36,367	-79,626	1,00	98,53	H1	C
NGUYÊN TỬ	6132	CG	LEU	192	-44,246	36,361	-78,170	1,00	98,25	H1	C
NGUYÊN TỬ	6133	CD1	LEU	192	-44,734	35,095	-77,483	1,00	98,23	H1	C
NGUYÊN TỬ	6134	CD2	LEU	192	-42,727	36,446	-78,118	1,00	97,62	H1	C
NGUYÊN TỬ	6135	C	LEU	192	-44,719	37,323	-81,935	1,00	98,79	H1	C
NGUYÊN TỬ	6136	O	LEU	192	-45,907	37,187	-82,232	1,00	98,91	H1	O
NGUYÊN TỬ	6137	N	GLY	193	-43,738	37,272	-82,831	1,00	98,91	H1	N
NGUYÊN TỬ	6138	CA	GLY	193	-44,034	37,097	-84,241	1,00	99,03	H1	C
NGUYÊN TỬ	6139	C	GLY	193	-43,844	38,374	-85,037	1,00	98,92	H1	C
NGUYÊN TỬ	6140	O	GLY	193	-43,566	38,330	-86,236	1,00	98,95	H1	O
NGUYÊN TỬ	6141	N	THR	194	-43,995	39,515	-84,373	1,00	98,94	H1	N
NGUYÊN TỬ	6142	CA	THR	194	-43,785	40,808	-85,018	1,00	98,85	H1	C
NGUYÊN TỬ	6143	CB	THR	194	-45,009	41,738	-84,838	1,00	98,60	H1	C
NGUYÊN TỬ	6144	OG1	THR	194	-45,217	41,997	-83,444	1,00	98,43	H1	O
NGUYÊN TỬ	6145	CG2	THR	194	-46,257	41,093	-85,424	1,00	98,49	H1	C
NGUYÊN TỬ	6146	C	THR	194	-42,556	41,508	-84,446	1,00	98,74	H1	C
NGUYÊN TỬ	6147	O	THR	194	-42,136	42,554	-84,944	1,00	98,84	H1	O
NGUYÊN TỬ	6148	N	GLN	195	-41,986	40,928	-83,394	1,00	98,32	H1	N
NGUYÊN TỬ	6149	CA	GLN	195	-40,809	41,500	-82,750	1,00	97,95	H1	C
NGUYÊN TỬ	6150	CB	GLN	195	-41,181	42,046	-81,368	1,00	97,62	H1	C
NGUYÊN TỬ	6151	CG	GLN	195	-40,009	42,597	-80,572	1,00	97,74	H1	C
NGUYÊN TỬ	6152	CD	GLN	195	-39,320	43,757	-81,265	1,00	98,15	H1	C
NGUYÊN TỬ	6153	OE1	GLN	195	-38,732	43,594	-82,335	1,00	98,48	H1	O
NGUYÊN TỬ	6154	NE2	GLN	195	-39,387	44,936	-80,656	1,00	97,92	H1	N
NGUYÊN TỬ	6155	C	GLN	195	-39,694	40,465	-82,615	1,00	97,59	H1	C
NGUYÊN TỬ	6156	O	GLN	195	-39,919	39,356	-82,127	1,00	97,42	H1	O
NGUYÊN TỬ	6157	N	THR	196	-38,493	40,832	-83,052	1,00	96,87	H1	N
NGUYÊN TỬ	6158	CA	THR	196	-37,335	39,951	-82,936	1,00	96,09	H1	C
NGUYÊN TỬ	6159	CB	THR	196	-36,406	40,071	-84,167	1,00	96,10	H1	C
NGUYÊN TỬ	6160	OG1	THR	196	-35,943	41,421	-84,292	1,00	96,22	H1	O
NGUYÊN TỬ	6161	CG2	THR	196	-37,146	39,672	-85,434	1,00	95,59	H1	C
NGUYÊN TỬ	6162	C	THR	196	-36,526	40,270	-81,681	1,00	95,48	H1	C
NGUYÊN TỬ	6163	O	THR	196	-36,262	41,434	-81,375	1,00	95,11	H1	O
NGUYÊN TỬ	6164	N	TYR	197	-36,137	39,225	-80,958	1,00	94,60	H1	N
NGUYÊN TỬ	6165	CA	TYR	197	-35,347	39,389	-79,745	1,00	93,36	H1	C
NGUYÊN TỬ	6166	CB	TYR	197	-36,104	38,817	-78,545	1,00	93,41	H1	C
NGUYÊN TỬ	6167	CG	TYR	197	-37,457	39,455	-78,317	1,00	92,83	H1	C
NGUYÊN TỬ	6168	CD1	TYR	197	-38,628	38,773	-78,621	1,00	92,54	H1	C
NGUYÊN TỬ	6169	CE1	TYR	197	-39,867	39,354	-78,419	1,00	92,56	H1	C

NGUYÊN TỬ	6170	CD2	TYR	197	-37,561	40,741	-77,801	1,00	92,54	H1	C
NGUYÊN TỬ	6171	CE2	TYR	197	-38,794	41,331	-77,596	1,00	92,67	H1	C
NGUYÊN TỬ	6172	CZ	TYR	197	-39,945	40,633	-77,907	1,00	92,86	H1	C
NGUYÊN TỬ	6173	OH	TYR	197	-41,175	41,221	-77,710	1,00	92,25	H1	O
NGUYÊN TỬ	6174	C	TYR	197	-34,000	38,690	-79,888	1,00	92,48	H1	C
NGUYÊN TỬ	6175	O	TYR	197	-33,937	37,498	-80,190	1,00	92,42	H1	O
NGUYÊN TỬ	6176	N	ILE	198	-32,925	39,441	-79,670	1,00	91,09	H1	N
NGUYÊN TỬ	6177	CA	ILE	198	-31,577	38,901	-79,783	1,00	89,67	H1	C
NGUYÊN TỬ	6178	CB	ILE	198	-30,846	39,489	-81,011	1,00	89,35	H1	C
NGUYÊN TỬ	6179	CG2	ILE	198	-29,408	38,996	-81,045	1,00	89,56	H1	C
NGUYÊN TỬ	6180	CG1	ILE	198	-31,579	39,091	-82,295	1,00	88,73	H1	C
NGUYÊN TỬ	6181	CD1	ILE	198	-30,918	39,598	-83,560	1,00	87,61	H1	C
NGUYÊN TỬ	6182	C	ILE	198	-30,760	39,201	-78,530	1,00	89,23	H1	C
NGUYÊN TỬ	6183	O	ILE	198	-30,556	40,362	-78,170	1,00	88,50	H1	O
NGUYÊN TỬ	6184	N	CYS	199	-30,292	38,145	-77,870	1,00	88,78	H1	N
NGUYÊN TỬ	6185	CA	CYS	199	-29,523	38,287	-76,640	1,00	87,96	H1	C
NGUYÊN TỬ	6186	C	CYS	199	-28,039	38,438	-76,971	1,00	87,57	H1	C
NGUYÊN TỬ	6187	O	CYS	199	-27,521	37,774	-77,868	1,00	87,15	H1	O
NGUYÊN TỬ	6188	CB	CYS	199	-29,752	37,069	-75,731	1,00	87,80	H1	C
NGUYÊN TỬ	6189	SG	CYS	199	-28,628	35,661	-76,005	1,00	86,80	H1	S
NGUYÊN TỬ	6190	N	ASN	200	-27,363	39,323	-76,247	1,00	87,80	H1	N
NGUYÊN TỬ	6191	CA	ASN	200	-26,000	39,714	-76,593	1,00	87,93	H1	C
NGUYÊN TỬ	6192	CB	ASN	200	-25,917	41,235	-76,743	1,00	88,63	H1	C
NGUYÊN TỬ	6193	CG	ASN	200	-27,051	41,801	-77,577	1,00	89,36	H1	C
NGUYÊN TỬ	6194	OD1	ASN	200	-27,673	42,794	-77,201	1,00	89,44	H1	O
NGUYÊN TỬ	6195	ND2	ASN	200	-27,326	41,171	-78,716	1,00	89,25	H1	N
NGUYÊN TỬ	6196	C	ASN	200	-24,999	39,254	-75,539	1,00	87,45	H1	C
NGUYÊN TỬ	6197	O	ASN	200	-24,758	39,948	-74,550	1,00	87,13	H1	O
NGUYÊN TỬ	6198	N	VAL	201	-24,408	38,086	-75,766	1,00	86,80	H1	N
NGUYÊN TỬ	6199	CA	VAL	201	-23,438	37,526	-74,835	1,00	85,93	H1	C
NGUYÊN TỬ	6200	CB	VAL	201	-23,413	35,987	-74,926	1,00	85,26	H1	C
NGUYÊN TỬ	6201	CG1	VAL	201	-22,441	35,421	-73,907	1,00	85,22	H1	C
NGUYÊN TỬ	6202	CG2	VAL	201	-24,809	35,433	-74,698	1,00	84,35	H1	C
NGUYÊN TỬ	6203	C	VAL	201	-22,038	38,062	-75,121	1,00	85,88	H1	C
NGUYÊN TỬ	6204	O	VAL	201	-21,636	38,188	-76,277	1,00	85,83	H1	O
NGUYÊN TỬ	6205	N	ASN	202	-21,302	38,382	-74,062	1,00	86,08	H1	N
NGUYÊN TỬ	6206	CA	ASN	202	-19,929	38,856	-74,196	1,00	86,41	H1	C
NGUYÊN TỬ	6207	CB	ASN	202	-19,897	40,388	-74,196	1,00	86,12	H1	C
NGUYÊN TỬ	6208	CG	ASN	202	-18,503	40,945	-74,437	1,00	86,38	H1	C
NGUYÊN TỬ	6209	OD1	ASN	202	-17,597	40,226	-74,860	1,00	86,49	H1	O
NGUYÊN TỬ	6210	ND2	ASN	202	-18,327	42,234	-74,168	1,00	86,34	H1	N
NGUYÊN TỬ	6211	C	ASN	202	-19,063	38,322	-73,056	1,00	86,59	H1	C
NGUYÊN TỬ	6212	O	ASN	202	-19,273	38,666	-71,893	1,00	86,68	H1	O
NGUYÊN TỬ	6213	N	HIS	203	-18,089	37,483	-73,397	1,00	87,00	H1	N
NGUYÊN TỬ	6214	CA	HIS	203	-17,166	36,934	-72,409	1,00	87,34	H1	C
NGUYÊN TỬ	6215	CB	HIS	203	-17,108	35,409	-72,537	1,00	88,04	H1	C
NGUYÊN TỬ	6216	CG	HIS	203	-16,304	34,741	-71,465	1,00	89,65	H1	C
NGUYÊN TỬ	6217	CD2	HIS	203	-16,174	35,015	-70,145	1,00	90,06	H1	C
NGUYÊN TỬ	6218	ND1	HIS	203	-15,509	33,641	-71,707	1,00	89,81	H1	N
NGUYÊN TỬ	6219	CE1	HIS	203	-14,923	33,267	-70,583	1,00	89,71	H1	C
NGUYÊN TỬ	6220	NE2	HIS	203	-15,310	34,084	-69,620	1,00	90,14	H1	N
NGUYÊN TỬ	6221	C	HIS	203	-15,772	37,524	-72,603	1,00	87,37	H1	C
NGUYÊN TỬ	6222	O	HIS	203	-14,946	36,961	-73,318	1,00	87,61	H1	O
NGUYÊN TỬ	6223	N	LYS	204	-15,517	38,656	-71,953	1,00	87,39	H1	N
NGUYÊN TỬ	6224	CA	LYS	204	-14,282	39,411	-72,154	1,00	87,67	H1	C
NGUYÊN TỬ	6225	CB	LYS	204	-14,296	40,671	-71,281	1,00	87,25	H1	C
NGUYÊN TỬ	6226	CG	LYS	204	-15,279	41,733	-71,759	1,00	88,05	H1	C
NGUYÊN TỬ	6227	CD	LYS	204	-15,674	42,676	-70,637	1,00	88,66	H1	C
NGUYÊN TỬ	6228	CE	LYS	204	-14,453	43,279	-69,965	1,00	89,19	H1	C
NGUYÊN TỬ	6229	NZ	LYS	204	-14,820	44,035	-68,736	1,00	90,12	H1	N
NGUYÊN TỬ	6230	C	LYS	204	-12,996	38,621	-71,903	1,00	87,80	H1	C
NGUYÊN TỬ	6231	O	LYS	204	-11,983	38,852	-72,566	1,00	88,12	H1	O
NGUYÊN TỬ	6232	N	PRO	205	-13,013	37,683	-70,940	1,00	87,81	H1	N
NGUYÊN TỬ	6233	CD	PRO	205	-14,006	37,497	-69,868	1,00	87,68	H1	C
NGUYÊN TỬ	6234	CA	PRO	205	-11,854	36,799	-70,763	1,00	87,47	H1	C
NGUYÊN TỬ	6235	CB	PRO	205	-12,254	35,915	-69,583	1,00	87,20	H1	C
NGUYÊN TỬ	6236	CG	PRO	205	-13,239	36,737	-68,825	1,00	86,89	H1	C
NGUYÊN TỬ	6237	C	PRO	205	-11,542	35,975	-72,012	1,00	87,26	H1	C
NGUYÊN TỬ	6238	O	PRO	205	-10,378	35,786	-72,369	1,00	86,44	H1	O
NGUYÊN TỬ	6239	N	SER	206	-12,589	35,492	-72,673	1,00	87,15	H1	N
NGUYÊN TỬ	6240	CA	SER	206	-12,432	34,595	-73,812	1,00	87,33	H1	C
NGUYÊN TỬ	6241	CB	SER	206	-13,477	33,480	-73,738	1,00	86,84	H1	C
NGUYÊN TỬ	6242	OG	SER	206	-13,303	32,540	-74,781	1,00	87,39	H1	O
NGUYÊN TỬ	6243	C	SER	206	-12,559	35,326	-75,150	1,00	87,95	H1	C
NGUYÊN TỬ	6244	O	SER	206	-12,301	34,749	-76,209	1,00	87,21	H1	O
NGUYÊN TỬ	6245	N	ASN	207	-12,955	36,594	-75,095	1,00	88,68	H1	N

NGUYÊN TỬ	6246	CA	ASN	207	-13,253	37,365	-76,299	1,00	88,90	H1	C
NGUYÊN TỬ	6247	CB	ASN	207	-11,971	37,647	-77,088	1,00	89,10	H1	C
NGUYÊN TỬ	6248	CG	ASN	207	-11,180	38,808	-76,515	1,00	89,83	H1	C
NGUYÊN TỬ	6249	OD1	ASN	207	-10,011	39,004	-76,850	1,00	90,22	H1	O
NGUYÊN TỬ	6250	ND2	ASN	207	-11,816	39,587	-75,645	1,00	90,17	H1	N
NGUYÊN TỬ	6251	C	ASN	207	-14,260	36,641	-77,185	1,00	88,67	H1	C
NGUYÊN TỬ	6252	O	ASN	207	-14,192	36,717	-78,411	1,00	88,61	H1	O
NGUYÊN TỬ	6253	N	THR	208	-15,189	35,933	-76,551	1,00	88,73	H1	N
NGUYÊN TỬ	6254	CA	THR	208	-16,290	35,300	-77,264	1,00	88,95	H1	C
NGUYÊN TỬ	6255	CB	THR	208	-16,700	33,971	-76,593	1,00	88,70	H1	C
NGUYÊN TỬ	6256	OG1	THR	208	-15,581	33,075	-76,577	1,00	88,37	H1	O
NGUYÊN TỬ	6257	CG2	THR	208	-17,850	33,323	-77,350	1,00	87,89	H1	C
NGUYÊN TỬ	6258	C	THR	208	-17,492	36,238	-77,271	1,00	89,54	H1	C
NGUYÊN TỬ	6259	O	THR	208	-18,310	36,221	-76,352	1,00	89,28	H1	O
NGUYÊN TỬ	6260	N	LYS	209	-17,586	37,059	-78,312	1,00	90,21	H1	N
NGUYÊN TỬ	6261	CA	LYS	209	-18,681	38,012	-78,445	1,00	90,36	H1	C
NGUYÊN TỬ	6262	CB	LYS	209	-18,158	39,319	-79,049	1,00	90,46	H1	C
NGUYÊN TỬ	6263	CG	LYS	209	-18,875	40,570	-78,568	1,00	91,30	H1	C
NGUYÊN TỬ	6264	CD	LYS	209	-20,221	40,752	-79,256	1,00	92,32	H1	C
NGUYÊN TỬ	6265	CE	LYS	209	-20,057	41,171	-80,713	1,00	92,31	H1	C
NGUYÊN TỬ	6266	NZ	LYS	209	-21,372	41,397	-81,382	1,00	91,57	H1	N
NGUYÊN TỬ	6267	C	LYS	209	-19,748	37,396	-79,347	1,00	90,48	H1	C
NGUYÊN TỬ	6268	O	LYS	209	-19,498	37,130	-80,523	1,00	91,28	H1	O
NGUYÊN TỬ	6269	N	VAL	210	-20,934	37,163	-78,790	1,00	90,31	H1	N
NGUYÊN TỬ	6270	CA	VAL	210	-21,966	36,387	-79,474	1,00	90,33	H1	C
NGUYÊN TỬ	6271	CB	VAL	210	-22,164	35,008	-78,792	1,00	90,01	H1	C
NGUYÊN TỬ	6272	CG1	VAL	210	-23,304	34,246	-79,450	1,00	88,87	H1	C
NGUYÊN TỬ	6273	CG2	VAL	210	-20,880	34,200	-78,879	1,00	89,86	H1	C
NGUYÊN TỬ	6274	C	VAL	210	-23,311	37,106	-79,519	1,00	90,85	H1	C
NGUYÊN TỬ	6275	O	VAL	210	-23,579	38,000	-78,715	1,00	90,85	H1	O
NGUYÊN TỬ	6276	N	ASP	211	-24,146	36,715	-80,477	1,00	91,03	H1	N
NGUYÊN TỬ	6277	CA	ASP	211	-25,536	37,151	-80,526	1,00	91,23	H1	C
NGUYÊN TỬ	6278	CB	ASP	211	-25,698	38,294	-81,532	1,00	91,67	H1	C
NGUYÊN TỬ	6279	CG	ASP	211	-24,793	39,472	-81,228	1,00	92,43	H1	C
NGUYÊN TỬ	6280	OD1	ASP	211	-25,173	40,317	-80,391	1,00	92,57	H1	O
NGUYÊN TỬ	6281	OD2	ASP	211	-23,699	39,552	-81,828	1,00	92,96	H1	O
NGUYÊN TỬ	6282	C	ASP	211	-26,416	35,975	-80,940	1,00	91,08	H1	C
NGUYÊN TỬ	6283	O	ASP	211	-26,143	35,305	-81,935	1,00	91,24	H1	O
NGUYÊN TỬ	6284	N	LYS	212	-27,466	35,720	-80,168	1,00	90,73	H1	N
NGUYÊN TỬ	6285	CA	LYS	212	-28,407	34,659	-80,501	1,00	90,77	H1	C
NGUYÊN TỬ	6286	CB	LYS	212	-28,410	33,585	-79,410	1,00	90,14	H1	C
NGUYÊN TỬ	6287	CG	LYS	212	-29,376	32,438	-79,673	1,00	89,67	H1	C
NGUYÊN TỬ	6288	CD	LYS	212	-29,021	31,683	-80,949	1,00	89,85	H1	C
NGUYÊN TỬ	6289	CE	LYS	212	-27,672	30,983	-80,831	1,00	89,83	H1	C
NGUYÊN TỬ	6290	NZ	LYS	212	-27,417	30,051	-81,967	1,00	89,22	H1	N
NGUYÊN TỬ	6291	C	LYS	212	-29,810	35,226	-80,668	1,00	91,33	H1	C
NGUYÊN TỬ	6292	O	LYS	212	-30,237	36,091	-79,902	1,00	91,11	H1	O
NGUYÊN TỬ	6293	N	LYS	213	-30,523	34,732	-81,674	1,00	91,62	H1	N
NGUYÊN TỬ	6294	CA	LYS	213	-31,861	35,221	-81,977	1,00	92,18	H1	C
NGUYÊN TỬ	6295	CB	LYS	213	-32,032	35,352	-83,494	1,00	92,88	H1	C
NGUYÊN TỬ	6296	CG	LYS	213	-33,204	36,218	-83,933	1,00	93,56	H1	C
NGUYÊN TỬ	6297	CD	LYS	213	-33,200	36,412	-85,446	1,00	93,60	H1	C
NGUYÊN TỬ	6298	CE	LYS	213	-34,314	37,347	-85,896	1,00	93,91	H1	C
NGUYÊN TỬ	6299	NZ	LYS	213	-34,365	37,479	-87,380	1,00	92,57	H1	N
NGUYÊN TỬ	6300	C	LYS	213	-32,893	34,253	-81,415	1,00	92,17	H1	C
NGUYÊN TỬ	6301	O	LYS	213	-32,933	33,085	-81,799	1,00	92,12	H1	O
NGUYÊN TỬ	6302	N	VAL	214	-33,723	34,739	-80,501	1,00	92,74	H1	N
NGUYÊN TỬ	6303	CA	VAL	214	-34,723	33,891	-79,869	1,00	93,76	H1	C
NGUYÊN TỬ	6304	CB	VAL	214	-34,883	34,231	-78,370	1,00	93,57	H1	C
NGUYÊN TỬ	6305	CG1	VAL	214	-35,835	33,241	-77,709	1,00	92,68	H1	C
NGUYÊN TỬ	6306	CG2	VAL	214	-33,524	34,212	-77,684	1,00	93,40	H1	C
NGUYÊN TỬ	6307	C	VAL	214	-36,075	34,044	-80,557	1,00	94,58	H1	C
NGUYÊN TỬ	6308	O	VAL	214	-36,666	35,126	-80,559	1,00	94,67	H1	O
NGUYÊN TỬ	6309	N	GLU	215	-36,556	32,952	-81,141	1,00	95,50	H1	N
NGUYÊN TỬ	6310	CA	GLU	215	-37,829	32,956	-81,850	1,00	96,61	H1	C
NGUYÊN TỬ	6311	CB	GLU	215	-37,591	32,750	-83,347	1,00	97,66	H1	C
NGUYÊN TỬ	6312	CG	GLU	215	-36,659	33,777	-83,970	1,00	99,30	H1	C
NGUYÊN TỬ	6313	CD	GLU	215	-36,464	33,561	-85,458	1,00	100,39	H1	C
NGUYÊN TỬ	6314	OE1	GLU	215	-35,937	34,475	-86,128	1,00	100,64	H1	O
NGUYÊN TỬ	6315	OE2	GLU	215	-36,841	32,477	-85,956	1,00	101,04	H1	O
NGUYÊN TỬ	6316	C	GLU	215	-38,735	31,853	-81,313	1,00	96,73	H1	C
NGUYÊN TỬ	6317	O	GLU	215	-38,263	30,886	-80,717	1,00	96,90	H1	O
NGUYÊN TỬ	6318	N	PRO	216	-40,053	31,989	-81,519	1,00	97,02	H1	N
NGUYÊN TỬ	6319	CD	PRO	216	-40,692	33,162	-82,139	1,00	96,97	H1	C
NGUYÊN TỬ	6320	CA	PRO	216	-41,045	31,022	-81,032	1,00	97,59	H1	C
NGUYÊN TỬ	6321	CB	PRO	216	-42,376	31,602	-81,507	1,00	97,22	H1	C

NGUYÊN TỬ	6322	CG	PRO	216	-42,109	33,068	-81,652	1,00 97,02	H1	C
NGUYÊN TỬ	6323	C	PRO	216	-40,819	29,603	-81,553	1,00 98,15	H1	C
NGUYÊN TỬ	6324	O	PRO	216	-40,189	29,404	-82,591	1,00 97,93	H1	O
NGUYÊN TỬ	6325	N	LYS	217	-41,343	28,624	-80,821	1,00 99,25	H1	N
NGUYÊN TỬ	6326	CA	LYS	217	-41,133	27,213	-81,137	1,00100,54	H1	C
NGUYÊN TỬ	6327	CB	LYS	217	-41,567	26,340	-79,954	1,00100,87	H1	C
NGUYÊN TỬ	6328	CG	LYS	217	-40,832	26,634	-78,652	1,00101,66	H1	C
NGUYÊN TỬ	6329	CD	LYS	217	-41,398	25,815	-77,496	1,00101,93	H1	C
NGUYÊN TỬ	6330	CE	LYS	217	-40,737	26,185	-76,173	1,00102,31	H1	C
NGUYÊN TỬ	6331	NZ	LYS	217	-41,369	25,499	-75,006	1,00101,76	H1	N
NGUYÊN TỬ	6332	C	LYS	217	-41,892	26,784	-82,392	1,00100,93	H1	C
NGUYÊN TỬ	6333	O	LYS	217	-42,770	25,901	-82,277	1,00101,08	H1	O
NGUYÊN TỬ	6334	OXT	LYS	217	-41,600	27,333	-83,476	1,00101,13	H1	O
TER	6335		LYS	217					H1	

KẾT THÚC

YÊU CẦU BẢO HỘ

1. Protein liên kết kháng nguyên trung hòa được phân lập mà liên kết với protein PCSK9 chứa trình tự axit amin của SEQ ID NO: 1, trong đó protein liên kết kháng nguyên trung hòa này chứa:

polypeptit chuỗi nặng chứa các vùng quyết định bổ thể (CDR) sau: CDR1 chuỗi nặng mà là CDR1 trong SEQ ID NO: 49; CDR2 chuỗi nặng mà là CDR2 trong SEQ ID NO: 49; CDR3 chuỗi nặng mà là CDR3 trong SEQ ID NO: 49 và polypeptit chuỗi nhẹ chứa các CDR sau: CDR1 chuỗi nhẹ mà là CDR1 trong SEQ ID NO: 23; CDR2 chuỗi nhẹ mà là CDR2 trong SEQ ID NO: 23; và CDR3 chuỗi nhẹ mà là CDR3 trong SEQ ID NO: 23.

2. Protein liên kết kháng nguyên trung hòa được phân lập theo điểm 1, trong đó protein liên kết kháng nguyên này là protein liên kết kháng nguyên trung hòa cạnh tranh LDLR.

3. Dược phẩm chứa ít nhất một protein liên kết kháng nguyên theo điểm 1 và tá dược dược dụng.

4. Protein liên kết kháng nguyên trung hòa được phân lập theo điểm 1, trong đó polypeptit chuỗi nặng chứa cả ba trình tự axit amin sau: SEQ ID NO: 308, SEQ ID NO: 175 và SEQ ID NO: 180.

5. Protein liên kết kháng nguyên trung hòa được phân lập theo điểm 1, trong đó polypeptit chuỗi nặng chứa cả ba trình tự axit amin sau: SEQ ID NO: 368, SEQ ID NO: 175 và SEQ ID NO: 180.

6. Protein liên kết kháng nguyên trung hòa được phân lập theo điểm 1, trong đó polypeptit chuỗi nhẹ chứa cả ba trình tự axit amin sau: SEQ ID NO: 158, SEQ ID NO: 162 và SEQ ID NO: 395.

7. Protein liên kết kháng nguyên trung hòa được phân lập theo điểm 6, trong đó polypeptit chuỗi nặng chứa cả ba trình tự axit amin sau: SEQ ID NO: 308, SEQ ID NO: 175 và SEQ ID NO: 180.

8. Protein liên kết kháng nguyên trung hòa được phân lập theo điểm 6, trong đó polypeptit chuỗi nặng chứa cả ba trình tự axit amin sau: SEQ ID NO: 368, SEQ ID NO: 175 và SEQ ID NO: 180.

9. Protein liên kết kháng nguyên trung hòa được phân lập theo điểm 1, trong đó polypeptit chuỗi nhẹ chứa: CDR1 chứa SEQ ID NO: 158, CDR2 chứa SEQ ID NO: 162 và CDR3 chứa SEQ ID NO: 395.

10. Protein liên kết kháng nguyên trung hòa được phân lập theo điểm 1, trong đó polypeptit chuỗi nặng chứa: CDR1 chứa SEQ ID NO: 308, CDR2 chứa SEQ ID NO: 175 và CDR3 chứa SEQ ID NO: 180.

11. Protein liên kết kháng nguyên trung hòa được phân lập theo điểm 1, trong đó polypeptit chuỗi nặng chứa: CDR1 chứa SEQ ID NO: 368, CDR2 chứa SEQ ID NO: 175 và CDR3 chứa SEQ ID NO: 180.

12. Protein liên kết kháng nguyên trung hòa được phân lập theo điểm 10, trong đó polypeptit chuỗi nhẹ chứa: CDR1 chứa SEQ ID NO: 158, CDR2 chứa SEQ ID NO: 162 và CDR3 chứa SEQ ID NO: 395.

13. Protein liên kết kháng nguyên trung hòa được phân lập theo điểm 11, trong đó polypeptit chuỗi nhẹ chứa: CDR1 chứa SEQ ID NO: 158, CDR2 chứa SEQ ID NO: 162 và CDR3 chứa SEQ ID NO: 395.

14. Protein liên kết kháng nguyên trung hòa được phân lập theo điểm 1, trong đó polypeptit chuỗi nặng chứa SEQ ID NO:49 và polypeptit chuỗi nhẹ chứa SEQ ID NO: 23.

15. Protein liên kết kháng nguyên trung hòa được phân lập theo điểm 1, trong đó mỗi CDR được xác định theo phương pháp xác định Kabat, phương pháp xác định Chothia, dạng kết hợp của phương pháp xác định Kabat và phương pháp xác định Chothia, phương pháp xác định AbM hoặc phương pháp xác định tiếp xúc của CDR.

16. Protein liên kết kháng nguyên trung hòa được phân lập theo điểm 15, trong đó mỗi CDR được xác định theo phương pháp xác định CDR Kabat.

17. Protein liên kết kháng nguyên trung hòa được phân lập theo điểm 15, trong đó mỗi CDR được xác định theo phương pháp xác định CDR Chothia.

18. Protein liên kết kháng nguyên trung hòa được phân lập theo điểm 15, trong đó mỗi CDR được xác định theo dạng kết hợp của phương pháp xác định Kabat và phương pháp xác định Chothia.

19. Kháng thể đơn dòng của người trung hòa được phân lập mà liên kết với protein PCSK9 chứa:

polypeptit chuỗi nặng chứa các vùng quyết định bổ thể (CDR) sau: CDR1 chuỗi nặng mà là CDR1 trong SEQ ID NO: 49; CDR2 chuỗi nặng mà là CDR2 trong SEQ ID NO: 49; CDR3 chuỗi nặng mà là CDR3 trong SEQ ID NO: 49; và

polypeptit chuỗi nhẹ chứa các CDR sau: CDR1 chuỗi nhẹ mà là CDR1 trong SEQ ID NO: 23; CDR2 chuỗi nhẹ mà là CDR2 trong SEQ ID NO: 23; và CDR3 chuỗi nhẹ mà là CDR3 trong SEQ ID NO: 23,

trong đó mỗi CDR được xác định theo phương pháp xác định CDR Kabat.

20. Kháng thể đơn dòng của người trung hòa được phân lập theo điểm 19, trong đó polypeptit chuỗi nặng chứa cả ba trình tự axit amin sau: SEQ ID NO: 308, SEQ ID NO: 175 và SEQ ID NO: 180.

21. Kháng thể đơn dòng của người trung hòa được phân lập theo điểm 19, trong đó polypeptit chuỗi nặng chứa cả ba trình tự axit amin sau: SEQ ID NO: 368, SEQ ID NO: 175 và SEQ ID NO: 180.

22. Kháng thể đơn dòng của người trung hòa được phân lập theo điểm 19, trong đó polypeptit chuỗi nhẹ chứa cả ba trình tự sau: SEQ ID NO: 158, SEQ ID NO: 162 và SEQ ID NO: 395.

23. Kháng thể đơn dòng của người trung hòa được phân lập theo điểm 21, trong đó polypeptit chuỗi nhẹ chứa cả ba trình tự sau: SEQ ID NO: 158, SEQ ID NO: 162 và SEQ ID NO: 395.

24. Kháng thể đơn dòng của người trung hòa được phân lập theo điểm 19, trong đó polypeptit chuỗi nặng chứa SEQ ID NO: 49 và polypeptit chuỗi nhẹ chứa SEQ ID NO: 23.

25. Kháng thể đơn dòng của người trung hòa được phân lập mà liên kết với protein PCSK9 chứa:

polypeptit chuỗi nặng chứa:

trình tự axit amin của SEQ ID NO: 180;

trình tự axit amin của SEQ ID NO: 175; và

trình tự axit amin của SEQ ID NO: 308; và

polypeptit chuỗi nhẹ chứa:

trình tự axit amin của SEQ ID NO: 395;

trình tự axit amin của SEQ ID NO: 162; và

trình tự axit amin của SEQ ID NO: 158.

26. Kháng thể đơn dòng của người trung hòa được phân lập mà liên kết với protein PCSK9 chứa:

polypeptit chuỗi nặng chứa các vùng quyết định bổ thể (CDR) sau: CDR1 chuỗi nặng mà là CDR1 trong SEQ ID NO: 308 hoặc CDR1 trong SEQ ID NO:368; CDR2 chuỗi nặng mà là CDR2 trong SEQ ID NO: 175; CDR3 chuỗi nặng mà là CDR3 trong SEQ ID NO: 180; và

polypeptit chuỗi nhẹ chứa các CDR sau: CDR1 chuỗi nhẹ mà là CDR1 trong SEQ ID NO: 158; CDR2 chuỗi nhẹ mà là CDR2 trong SEQ ID NO: 162; và CDR3 chuỗi nhẹ mà là CDR3 trong SEQ ID NO: 395.

27. Kháng thể đơn dòng của người trung hòa được phân lập mà liên kết với protein PCSK9 chứa:

polypeptit chuỗi nặng chứa các vùng quyết định bổ thể (CDR) sau: CDR1 chuỗi nặng mà là CDR1 trong SEQ ID NO: 49; CDR2 chuỗi nặng mà là CDR2 trong SEQ ID NO: 49; CDR3 chuỗi nặng mà là CDR3 trong SEQ ID NO: 49, trong đó polypeptit chuỗi nặng này chứa:

trình tự axit amin của SEQ ID NO: 180;

trình tự axit amin của SEQ ID NO: 175; và

trình tự axit amin của SEQ ID NO: 308; và

polypeptit chuỗi nhẹ chứa các CDR sau: CDR1 chuỗi nhẹ mà là CDR1 trong SEQ ID NO: 23; CDR2 chuỗi nhẹ mà là CDR2 trong SEQ ID NO: 23; và CDR3 chuỗi nhẹ mà là CDR3 trong SEQ ID NO: 23, trong đó polypeptit chuỗi nhẹ này chứa:

trình tự axit amin của SEQ ID NO: 395;

trình tự axit amin của SEQ ID NO: 162; và

trình tự axit amin của SEQ ID NO: 158.

28. Protein liên kết kháng nguyên trung hòa được phân lập theo điểm bất kỳ trong số các điểm từ 1 đến 2 và từ 4 đến 18, trong đó protein liên kết kháng nguyên này chứa:

(a) miền biến đổi chuỗi nhẹ chứa trình tự axit amin của SEQ ID NO: 23 và miền biến đổi chuỗi nặng chứa trình tự axit amin của SEQ ID NO: 49; hoặc

(b) miền biến đổi chuỗi nhẹ chứa trình tự axit amin của SEQ ID NO: 23, trong đó gốc thứ nhất là axit glutamic thay vì glutamin và miền biến đổi chuỗi nặng chứa trình tự axit amin của SEQ ID NO: 49, trong đó gốc thứ nhất là axit glutamic thay vì glutamin.

29. Protein liên kết kháng nguyên trung hòa được phân lập theo điểm bất kỳ trong số các điểm từ 1 đến 2 và từ 4 đến 18, trong đó protein liên kết kháng nguyên này còn chứa gốc glyxin tại đầu cùng C của miền biến đổi chuỗi nhẹ.

30. Protein liên kết kháng nguyên trung hòa được phân lập theo điểm bất kỳ trong số các điểm từ 1 đến 2 và từ 4 đến 18, trong đó protein liên kết kháng nguyên này còn chứa:

(a) trình tự cố định chuỗi nhẹ của SEQ ID NO: 156;

(b) trình tự cố định chuỗi nhẹ của SEQ ID NO: 157;

(c) trình tự cố định chuỗi nặng của SEQ ID NO: 154;

(d) trình tự cố định chuỗi nặng của SEQ ID NO: 155;

(e) trình tự cố định chuỗi nhẹ của SEQ ID NO: 156 và trình tự cố định chuỗi nặng của SEQ ID NO: 154,

(f) trình tự cố định chuỗi nhẹ của SEQ ID NO: 157 và trình tự cố định chuỗi nặng của SEQ ID NO: 154;

(g) trình tự cố định chuỗi nhẹ của SEQ ID NO: 156 và trình tự cố định chuỗi nặng của SEQ ID NO: 155; hoặc

(h) trình tự cố định chuỗi nhẹ của SEQ ID NO: 157 và trình tự cố định chuỗi nặng của SEQ ID NO: 155.

31. Kháng thể đơn dòng của người trung hòa được phân lập theo điểm bất kỳ trong số các điểm từ 19 đến 27, trong đó kháng thể đơn dòng này chứa:

(a) miền biến đổi chuỗi nhẹ chứa trình tự axit amin của SEQ ID NO: 23 và miền biến đổi chuỗi nặng chứa trình tự axit amin của SEQ ID NO: 49; hoặc

(b) miền biến đổi chuỗi nhẹ chứa trình tự axit amin của SEQ ID NO: 23, trong đó gốc thứ nhất là axit glutamic thay vì glutamin và miền biến đổi chuỗi nặng chứa trình tự axit amin của SEQ ID NO: 49, trong đó gốc thứ nhất là axit glutamic thay vì glutamin.

32. Kháng thể đơn dòng của người trung hòa được phân lập theo điểm bất kỳ trong số các điểm từ 19 đến 27, trong đó kháng thể đơn dòng này còn chứa gốc glyxin tại đầu cùng C của miền biến đổi chuỗi nhẹ.

33. Kháng thể đơn dòng của người trung hòa được phân lập theo điểm bất kỳ trong số các điểm từ 19 đến 27, trong đó kháng thể đơn dòng này còn chứa:

(a) trình tự cố định chuỗi nhẹ của SEQ ID NO: 156;

(b) trình tự cố định chuỗi nhẹ của SEQ ID NO: 157;

(c) trình tự cố định chuỗi nặng của SEQ ID NO: 154;

(d) trình tự cố định chuỗi nặng của SEQ ID NO: 155;

(e) trình tự cố định chuỗi nhẹ của SEQ ID NO: 156 và trình tự cố định chuỗi nặng của SEQ ID NO: 154,

(f) trình tự cố định chuỗi nhẹ của SEQ ID NO: 157 và trình tự cố định chuỗi nặng của SEQ ID NO: 154;

(g) trình tự cố định chuỗi nhẹ của SEQ ID NO: 156 và trình tự cố định chuỗi nặng của SEQ ID NO: 155; hoặc

(h) trình tự cố định chuỗi nhẹ của SEQ ID NO: 157 và trình tự cố định chuỗi nặng của SEQ ID NO: 155.

34. Phân tử axit nucleic mã hóa protein liên kết kháng nguyên như được xác định theo điểm bất kỳ trong số các điểm từ 1 đến 2, 4 đến 18 hoặc từ 28 đến 30.

35. Phân tử axit nucleic mã hóa kháng thể đơn dòng của người trung hòa được phân lập theo điểm bất kỳ trong số các điểm từ 19 đến 27 hoặc từ 31 đến 33.

36. Vectơ biểu hiện tái tổ hợp chứa phân tử axit nucleic theo điểm 34 hoặc 35.

37. Tế bào chủ chứa vectơ theo điểm 36.

38. Tế bào lai có khả năng tạo ra protein liên kết kháng nguyên như được xác định theo điểm bất kỳ trong số các điểm từ 1 đến 2, 4 đến 18 hoặc từ 28 đến 30.

39. Tế bào lai có khả năng tạo ra kháng thể đơn dòng của người trung hòa được phân lập theo điểm bất kỳ trong số các điểm từ 19 đến 27 hoặc từ 31 đến 33.

DANH MỤC TRÌNH TỰ

<110> Jackson, Simon Mark
Walker, Nigel P.C.
Piper, Derek E.
Shan, Bei
Shen, Wenyan
Chan, Joyce Chi Yee
King, Chadwick Terence
Ketchem, Randal Robert
Mehlin, Christopher
Carabeo, Teresa
Cao, Qiong

<120> PROTEIN LIÊN KẾT KHÁNG NGUYÊN TRUNG HÒA ĐƯỢC PHÂN LẬP LIÊN KẾT VỚI PROPROTEIN CONVERTAZA SUBTILISIN KEXIN TYP 9 (PCSK9) VÀ DƯỢC PHẨM CHỨA PROTEIN NÀY

<130> APMOL.003C6

<140> 13/494,912
<141> 2012-06-12

<150> US 12/474,176
<151> 2009-05-28

<150> US 12/197,093
<151> 2008-08-22

<150> US 61/086,133
<151> 2008-08-04

<150> US 61/010,630
<151> 2008-01-09

<150> US 61/008,965
<151> 2007-12-21

<150> US 60/957,668
<151> 2007-08-23

<160> 575

<170> FastSEQ dùng cho Windows phiên bản 4.0

<210> 1
<211> 662
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 1
Gln Glu Asp Glu Asp Gly Asp Tyr Glu Glu Leu Val Leu Ala Leu Arg

```
 1               5                  10                  15
Ser Glu Glu Asp Gly Leu Ala Glu Ala Pro Glu His Gly Thr Thr Ala
            20                  25                  30
Thr Phe His Arg Cys Ala Lys Asp Pro Trp Arg Leu Pro Gly Thr Tyr
        35                  40                  45
Val Val Val Leu Lys Glu Glu Thr His Leu Ser Gln Ser Glu Arg Thr
    50                  55                  60
Ala Arg Arg Leu Gln Ala Gln Ala Ala Arg Arg Gly Tyr Leu Thr Lys
65                  70                  75                  80
Ile Leu His Val Phe His Gly Leu Leu Pro Gly Phe Leu Val Lys Met
                85                  90                  95
Ser Gly Asp Leu Leu Glu Leu Ala Leu Lys Leu Pro His Val Asp Tyr
            100                 105                 110
Ile Glu Glu Asp Ser Ser Val Phe Ala Gln Ser Ile Pro Trp Asn Leu
        115                 120                 125
Glu Arg Ile Thr Pro Pro Arg Tyr Arg Ala Asp Glu Tyr Gln Pro Pro
    130                 135                 140
Asp Gly Gly Ser Leu Val Glu Val Tyr Leu Leu Asp Thr Ser Ile Gln
145                 150                 155                 160
Ser Asp His Arg Glu Ile Glu Gly Arg Val Met Val Thr Asp Phe Glu
                165                 170                 175
Asn Val Pro Glu Glu Asp Gly Thr Arg Phe His Arg Gln Ala Ser Lys
            180                 185                 190
Cys Asp Ser His Gly Thr His Leu Ala Gly Val Val Ser Gly Arg Asp
        195                 200                 205
Ala Gly Val Ala Lys Gly Ala Ser Met Arg Ser Leu Arg Val Leu Asn
    210                 215                 220
Cys Gln Gly Lys Gly Thr Val Ser Gly Thr Leu Ile Gly Leu Glu Phe
225                 230                 235                 240
Ile Arg Lys Ser Gln Leu Val Gln Pro Val Gly Pro Leu Val Val Leu
                245                 250                 255
Leu Pro Leu Ala Gly Gly Tyr Ser Arg Val Leu Asn Ala Ala Cys Gln
            260                 265                 270
Arg Leu Ala Arg Ala Gly Val Val Leu Val Thr Ala Ala Gly Asn Phe
        275                 280                 285
Arg Asp Asp Ala Cys Leu Tyr Ser Pro Ala Ser Ala Pro Glu Val Ile
    290                 295                 300
Thr Val Gly Ala Thr Asn Ala Gln Asp Gln Pro Val Thr Leu Gly Thr
305                 310                 315                 320
Leu Gly Thr Asn Phe Gly Arg Cys Val Asp Leu Phe Ala Pro Gly Glu
                325                 330                 335
Asp Ile Ile Gly Ala Ser Ser Asp Cys Ser Thr Cys Phe Val Ser Gln
            340                 345                 350
Ser Gly Thr Ser Gln Ala Ala Ala His Val Ala Gly Ile Ala Ala Met
        355                 360                 365
Met Leu Ser Ala Glu Pro Glu Leu Thr Leu Ala Glu Leu Arg Gln Arg
    370                 375                 380
Leu Ile His Phe Ser Ala Lys Asp Val Ile Asn Glu Ala Trp Phe Pro
385                 390                 395                 400
Glu Asp Gln Arg Val Leu Thr Pro Asn Leu Val Ala Ala Leu Pro Pro
                405                 410                 415
Ser Thr His Gly Ala Gly Trp Gln Leu Phe Cys Arg Thr Val Trp Ser
            420                 425                 430
Ala His Ser Gly Pro Thr Arg Met Ala Thr Ala Ile Ala Arg Cys Ala
        435                 440                 445
Pro Asp Glu Glu Leu Leu Ser Cys Ser Ser Phe Ser Arg Ser Gly Lys
    450                 455                 460
```

```
Arg Arg Gly Glu Arg Met Glu Ala Gln Gly Gly Lys Leu Val Cys Arg
465                 470                 475                 480
Ala His Asn Ala Phe Gly Gly Glu Gly Val Tyr Ala Ile Ala Arg Cys
                485                 490                 495
Cys Leu Leu Pro Gln Ala Asn Cys Ser Val His Thr Ala Pro Pro Ala
            500                 505                 510
Glu Ala Ser Met Gly Thr Arg Val His Cys His Gln Gln Gly His Val
        515                 520                 525
Leu Thr Gly Cys Ser Ser His Trp Glu Val Glu Asp Leu Gly Thr His
    530                 535                 540
Lys Pro Pro Val Leu Arg Pro Arg Gly Gln Pro Asn Gln Cys Val Gly
545                 550                 555                 560
His Arg Glu Ala Ser Ile His Ala Ser Cys Cys His Ala Pro Gly Leu
                565                 570                 575
Glu Cys Lys Val Lys Glu His Gly Ile Pro Ala Pro Gln Gly Gln Val
            580                 585                 590
Thr Val Ala Cys Glu Glu Gly Trp Thr Leu Thr Gly Cys Ser Ala Leu
        595                 600                 605
Pro Gly Thr Ser His Val Leu Gly Ala Tyr Ala Val Asp Asn Thr Cys
    610                 615                 620
Val Val Arg Ser Arg Asp Val Ser Thr Thr Gly Ser Thr Ser Glu Glu
625                 630                 635                 640
Ala Val Thr Ala Val Ala Ile Cys Cys Arg Ser Arg His Leu Ala Gln
                645                 650                 655
Ala Ser Gln Glu Leu Gln
            660
```

<210> 2
<211> 2076
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 2

```
atgggcaccg tcagctccag gcggtcctgg tggccgctgc cactgctgct gctgctgctg 60
ctgctcctgg gtcccgcggg cgcccgtgcg caggaggacg aggacggcga ctacgaggag 120
ctggtgctag ccttgcgctc cgaggaggac ggcctggccg aagcacccga gcacggaacc 180
acagccacct tccaccgctg cgccaaggat ccgtggaggt tgcctggcac ctacgtggtg 240
gtgctgaagg aggagaccca cctctcgcag tcagagcgca ctgcccgccg cctgcaggcc 300
caggctgccc gccggggata cctcaccaag atcctgcatg tcttccatgg ccttcttcct 360
ggcttcctgg tgaagatgag tggcgacctg ctggagctgg ccttgaagtt gccccatgtc 420
gactacatcg aggaggactc ctctgtcttt gcccagagca tcccgtggaa cctggagcgg 480
attacccctc cgcggtaccg ggcggatgaa taccagcccc ccgacggagg cagcctggtg 540
gaggtgtatc tcctagacac cagcatacag agtgaccacc gggaaatcga gggcagggtc 600
atggtcaccg acttcgagaa tgtgcccgag gaggacggga cccgcttcca cagacaggcc 660
agcaagtgtg acagtcatgg cacccacctg gcaggggtgg tcagcggccg ggatgccggc 720
gtggccaagg gtgccagcat gcgcagcctg cgcgtgctca actgccaagg gaagggcacg 780
gttagcggca ccctcatagg cctggagttt attcggaaaa gccagctggt ccagcctgtg 840
gggccactgg tggtgctgct gcccctggcg ggtgggtaca gccgcgtcct caacgccgcc 900
tgccagcgcc tggcgagggc tggggtcgtg ctggtcaccg ctgccggcaa cttccgggac 960
gatgcctgcc tctactcccc agcctcagct cccgaggtca tcacagttgg ggccaccaat 1020
gcccaggacc agccggtgac cctggggact ttggggacca actttggccg ctgtgtggac 1080
ctctttgccc caggggagga catcattggt gcctccagcg actgcagcac ctgctttgtg 1140
tcacagagtg ggacatcaca ggctgctgcc cacgtggctg gcattgcagc catgatgctg 1200
tctgccgagc cggagctcac cctggccgag ttgaggcaga gactgatcca cttctctgcc 1260
aaagatgtca tcaatgaggc ctggttccct gaggaccagc gggtactgac ccccaacctg 1320
gtggccgccc tgcccccag cacccatggg gcaggttggc agctgttttg caggactgtg 1380
tggtcagcac actcggggcc tacacggatg gccacagcca tcgcccgctg cgccccagat 1440
```

gaggagctgc tgagctgctc cagtttctcc aggagtggga agcggcgggg cgagcgcatg 1500
gaggcccaag ggggcaagct ggtctgccgg gcccacaacg cttttggggg tgagggtgtc 1560
tacgccattg ccaggtgctg cctgctaccc caggccaact gcagcgtcca cacagctcca 1620
ccagctgagg ccagcatggg gacccgtgtc cactgccacc aacagggcca cgtcctcaca 1680
ggctgcagct cccactggga ggtggaggac cttggcaccc acaagccgcc tgtgctgagg 1740
ccacgaggtc agcccaacca gtgcgtgggc cacagggagg ccagcatcca cgcttcctgc 1800
tgccatgccc caggtctgga atgcaaagtc aaggagcatg gaatcccggc ccctcagggg 1860
caggtgaccg tggcctgcga ggagggctgg accctgactg gctgcagcgc cctccctggg 1920
acctcccacg tcctgggggc ctacgccgta gacaacacgt gtgtagtcag gagccgggac 1980
gtcagcacta caggcagcac cagcgaagag gccgtgacag ccgttgccat ctgctgccgg 2040
agccggcacc tggcgcaggc ctcccaggag ctccag 2076

<210> 3
<211> 692
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 3
Met Gly Thr Val Ser Ser Arg Arg Ser Trp Trp Pro Leu Pro Leu Leu
 1   5   10   15
Leu Leu Leu Leu Leu Leu Leu Gly Pro Ala Gly Ala Arg Ala Gln Glu
            20   25   30
Asp Glu Asp Gly Asp Tyr Glu Glu Leu Val Leu Ala Leu Arg Ser Glu
        35   40   45
Glu Asp Gly Leu Ala Glu Ala Pro Glu His Gly Thr Thr Ala Thr Phe
    50   55   60
His Arg Cys Ala Lys Asp Pro Trp Arg Leu Pro Gly Thr Tyr Val Val
65   70   75   80
Val Leu Lys Glu Glu Thr His Leu Ser Gln Ser Glu Arg Thr Ala Arg
                85   90   95
Arg Leu Gln Ala Gln Ala Ala Arg Arg Gly Tyr Leu Thr Lys Ile Leu
            100   105   110
His Val Phe His Gly Leu Leu Pro Gly Phe Leu Val Lys Met Ser Gly
        115   120   125
Asp Leu Leu Glu Leu Ala Leu Lys Leu Pro His Val Asp Tyr Ile Glu
    130   135   140
Glu Asp Ser Ser Val Phe Ala Gln Ser Ile Pro Trp Asn Leu Glu Arg
145   150   155   160
Ile Thr Pro Pro Arg Tyr Arg Ala Asp Glu Tyr Gln Pro Pro Asp Gly
                165   170   175
Gly Ser Leu Val Glu Val Tyr Leu Leu Asp Thr Ser Ile Gln Ser Asp
            180   185   190
His Arg Glu Ile Glu Gly Arg Val Met Val Thr Asp Phe Glu Asn Val
        195   200   205
Pro Glu Glu Asp Gly Thr Arg Phe His Arg Gln Ala Ser Lys Cys Asp
    210   215   220
Ser His Gly Thr His Leu Ala Gly Val Val Ser Gly Arg Asp Ala Gly
225   230   235   240
Val Ala Lys Gly Ala Ser Met Arg Ser Leu Arg Val Leu Asn Cys Gln
                245   250   255
Gly Lys Gly Thr Val Ser Gly Thr Leu Ile Gly Leu Glu Phe Ile Arg
            260   265   270
Lys Ser Gln Leu Val Gln Pro Val Gly Pro Leu Val Val Leu Leu Pro
        275   280   285
Leu Ala Gly Gly Tyr Ser Arg Val Leu Asn Ala Ala Cys Gln Arg Leu
    290   295   300
Ala Arg Ala Gly Val Val Leu Val Thr Ala Ala Gly Asn Phe Arg Asp

```
305                 310                 315                 320
Asp Ala Cys Leu Tyr Ser Pro Ala Ser Ala Pro Glu Val Ile Thr Val
                325                 330                 335
Gly Ala Thr Asn Ala Gln Asp Gln Pro Val Thr Leu Gly Thr Leu Gly
            340                 345                 350
Thr Asn Phe Gly Arg Cys Val Asp Leu Phe Ala Pro Gly Glu Asp Ile
        355                 360                 365
Ile Gly Ala Ser Ser Asp Cys Ser Thr Cys Phe Val Ser Gln Ser Gly
    370                 375                 380
Thr Ser Gln Ala Ala Ala His Val Ala Gly Ile Ala Ala Met Met Leu
385                 390                 395                 400
Ser Ala Glu Pro Glu Leu Thr Leu Ala Glu Leu Arg Gln Arg Leu Ile
                405                 410                 415
His Phe Ser Ala Lys Asp Val Ile Asn Glu Ala Trp Phe Pro Glu Asp
            420                 425                 430
Gln Arg Val Leu Thr Pro Asn Leu Val Ala Ala Leu Pro Pro Ser Thr
        435                 440                 445
His Gly Ala Gly Trp Gln Leu Phe Cys Arg Thr Val Trp Ser Ala His
    450                 455                 460
Ser Gly Pro Thr Arg Met Ala Thr Ala Ile Ala Arg Cys Ala Pro Asp
465                 470                 475                 480
Glu Glu Leu Leu Ser Cys Ser Ser Phe Ser Arg Ser Gly Lys Arg Arg
                485                 490                 495
Gly Glu Arg Met Glu Ala Gln Gly Gly Lys Leu Val Cys Arg Ala His
            500                 505                 510
Asn Ala Phe Gly Gly Glu Gly Val Tyr Ala Ile Ala Arg Cys Cys Leu
        515                 520                 525
Leu Pro Gln Ala Asn Cys Ser Val His Thr Ala Pro Pro Ala Glu Ala
    530                 535                 540
Ser Met Gly Thr Arg Val His Cys His Gln Gln Gly His Val Leu Thr
545                 550                 555                 560
Gly Cys Ser Ser His Trp Glu Val Glu Asp Leu Gly Thr His Lys Pro
                565                 570                 575
Pro Val Leu Arg Pro Arg Gly Gln Pro Asn Gln Cys Val Gly His Arg
            580                 585                 590
Glu Ala Ser Ile His Ala Ser Cys Cys His Ala Pro Gly Leu Glu Cys
        595                 600                 605
Lys Val Lys Glu His Gly Ile Pro Ala Pro Gln Gly Gln Val Thr Val
    610                 615                 620
Ala Cys Glu Glu Gly Trp Thr Leu Thr Gly Cys Ser Ala Leu Pro Gly
625                 630                 635                 640
Thr Ser His Val Leu Gly Ala Tyr Ala Val Asp Asn Thr Cys Val Val
                645                 650                 655
Arg Ser Arg Asp Val Ser Thr Thr Gly Ser Thr Ser Glu Glu Ala Val
            660                 665                 670
Thr Ala Val Ala Ile Cys Cys Arg Ser Arg His Leu Ala Gln Ala Ser
        675                 680                 685
Gln Glu Leu Gln
    690
```

<210> 4
<211> 112
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 4
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly

```
 1               5                  10                  15
Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Leu His Ser
            20                  25                  30
Asn Gly Tyr Asn Tyr Leu Asp Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
        35                  40                  45
Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Gly Ser Asn Arg Ala Ser Gly Val Pro
    50                  55                  60
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65                  70                  75                  80
Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Met Gln Ala
                85                  90                  95
Leu Gln Thr Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
            100                 105                 110
```

<210> 5
<211> 112
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 5

```
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1               5                  10                  15
Glu Pro Pro Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Leu His Ser
            20                  25                  30
Asn Gly Tyr Asn Phe Leu Asn Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
        35                  40                  45
Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Gly Ser His Arg Ala Ser Gly Val Pro
    50                  55                  60
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Glu Ile
65                  70                  75                  80
Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Met Gln Val
                85                  90                  95
Leu Gln Thr Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
            100                 105                 110
```

<210> 6
<211> 107
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 6

```
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
 1               5                  10                  15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
        35                  40                  45
Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65                  70                  75                  80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Pro Leu
                85                  90                  95
Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
            100                 105
```

<210> 7

<211> 107
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 7
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
 1   5   10   15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Arg Ile Ser Asn Tyr
            20   25   30
Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Ile Ala Pro Lys Leu Leu Ile
        35   40   45
Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50   55   60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser
65   70   75   80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Pro Leu
                85   90   95
Ile Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
            100   105

<210> 8
<211> 107
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 8
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
 1   5   10   15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Tyr
            20   25   30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
        35   40   45
Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50   55   60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65   70   75   80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Pro Ile
                85   90   95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys
            100   105

<210> 9
<211> 107
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 9
Asp Ile Leu Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
 1   5   10   15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Tyr
            20   25   30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Val Leu Ile
        35   40   45
Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50   55   60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asn Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr Ser Ser Pro Ile
85 90 95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys
100 105

<210> 10
<211> 107
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 10
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ile Tyr
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Tyr Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Ala Ala Ala Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr Ser Ala Pro Ile
85 90 95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys
100 105

<210> 11
<211> 111
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 11
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln
1 5 10 15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ala Gly
20 25 30
Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu
35 40 45
Leu Ile Tyr Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe
50 55 60
Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu
65 70 75 80
Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr Asp Ser Ser
85 90 95
Leu Ser Gly Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105 110

<210> 12
<211> 111
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 12
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln
1 5 10 15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ala Gly

```
            20                  25                  30
Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu
        35                  40                  45
Leu Ile Ser Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu
65                  70                  75                  80
Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr Asp Ser Ser
                85                  90                  95
Leu Ser Gly Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100                 105                 110

<210> 13
<211> 111
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 13
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln
 1               5                  10                  15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ala His
            20                  25                  30
Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln Gln Val Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu
        35                  40                  45
Leu Ile Tyr Gly Asn Thr Tyr Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu
65                  70                  75                  80
Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr Asp Asn Ser
                85                  90                  95
Leu Ser Gly Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100                 105                 110

<210> 14
<211> 108
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 14
Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln
 1               5                  10                  15
Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr
            20                  25                  30
Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu
        35                  40                  45
Met Ile Tyr Glu Val Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu
65                  70                  75                  80
Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Tyr Thr Ser Ser
                85                  90                  95
Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100                 105

<210> 15
<211> 109
<212> PRT
```

<213> Homo sapiens

<400> 15
Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln
 1   5   10   15
Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Arg Tyr
            20   25   30
Asn Ser Val Ser Trp Tyr Gln His His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Val
        35   40   45
Met Ile Tyr Glu Val Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Ser Thr Arg Phe
    50   55   60
Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu
65   70   75   80
Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Tyr Thr Ser Ser
                85   90   95
Ser Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100   105

<210> 16
<211> 109
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 16
Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln
 1   5   10   15
Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr
            20   25   30
Asn Ser Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Pro Pro Lys Leu
        35   40   45
Met Ile Tyr Glu Val Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Ser Ile Arg Phe
    50   55   60
Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu
65   70   75   80
Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Ser Ser Tyr Thr Ser Thr
                85   90   95
Ser Met Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100   105

<210> 17
<211> 109
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 17
Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln
 1   5   10   15
Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr
            20   25   30
Asn Ser Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Pro Pro Lys Leu
        35   40   45
Met Ile Tyr Glu Val Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Ser Ile Arg Phe
    50   55   60
Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu
65   70   75   80
Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Ser Ser Tyr Thr Ser Thr
                85   90   95

```
Ser Met Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100                 105

<210> 18
<211> 109
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 18
Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln
 1               5                  10                  15
Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr
            20                  25                  30
Asn Ser Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Pro Pro Lys Leu
        35                  40                  45
Met Ile Tyr Glu Val Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu
65                  70                  75                  80
Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Ser Ser Tyr Thr Ser Thr
                85                  90                  95
Ser Met Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Ala Val Leu
            100                 105

<210> 19
<211> 109
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 19
Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln
 1               5                  10                  15
Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr
            20                  25                  30
Asn Ser Val Ser Trp Tyr Gln Gln Tyr Pro Gly Lys Pro Pro Lys Leu
        35                  40                  45
Lys Ile Tyr Glu Val Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu
65                  70                  75                  80
Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Ser Ser Tyr Thr Ser Thr
                85                  90                  95
Ser Met Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100                 105

<210> 20
<211> 109
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 20
Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln
 1               5                  10                  15
Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr
            20                  25                  30
Asn Ser Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Pro Pro Lys Leu
        35                  40                  45
```

```
Met Ile Tyr Glu Val Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu
65                  70                  75                  80
Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Ser Ser Tyr Thr Ser Thr
                85                  90                  95
Ser Met Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100                 105
```

<210> 21
<211> 109
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 21

```
Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln
 1               5                  10                  15
Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr
            20                  25                  30
Asn Ser Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Pro Pro Lys Leu
        35                  40                  45
Met Ile Tyr Glu Val Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu
65                  70                  75                  80
Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Ser Ser Tyr Thr Ser Thr
                85                  90                  95
Ser Met Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100                 105
```

<210> 22
<211> 109
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 22

```
Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln
 1               5                  10                  15
Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Asn Ser Asp Val Gly Gly Tyr
            20                  25                  30
Asn Ser Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Pro Pro Lys Leu
        35                  40                  45
Met Ile Tyr Glu Val Ser Asn Arg Pro Ser Gly Ile Ser Asn Arg Phe
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu
65                  70                  75                  80
Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Ser Ser Tyr Thr Ser Thr
                85                  90                  95
Ser Met Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100                 105
```

<210> 23
<211> 109
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 23

```
Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln
 1               5                  10                  15
Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr
            20                  25                  30
Asn Ser Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu
        35                  40                  45
Met Ile Tyr Glu Val Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu
65                  70                  75                  80
Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Asn Ser Tyr Thr Ser Thr
                85                  90                  95
Ser Met Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100                 105
```

<210> 24
<211> 109
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 24

```
Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln
 1               5                  10                  15
Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Ala Tyr
            20                  25                  30
Asn Ser Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Arg
        35                  40                  45
Met Ile Tyr Glu Val Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu
65                  70                  75                  80
Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Tyr Thr Ser Thr
                85                  90                  95
Asn Met Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100                 105
```

<210> 25
<211> 108
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 25

```
Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln
 1               5                  10                  15
Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr
            20                  25                  30
Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu
        35                  40                  45
Met Ile Tyr Glu Val Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu
65                  70                  75                  80
Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Tyr Thr Ser Ser
                85                  90                  95
Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100                 105
```

<210> 26
<211> 109
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 26
Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln
 1   5   10   15
Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr
            20   25   30
Asn Ser Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu
        35   40   45
Met Ile Tyr Glu Val Thr Asn Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe
    50   55   60
Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu
65   70   75   80
Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Asn Ser Tyr Thr Ser Thr
                85   90   95
Ser Met Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100   105

<210> 27
<211> 108
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 27
Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln
 1   5   10   15
Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Ser Tyr
            20   25   30
Asn Leu Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu
        35   40   45
Met Ile Tyr Glu Gly Ser Lys Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe
    50   55   60
Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu
65   70   75   80
Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Cys Ser Tyr Ala Gly Ser
                85   90   95
Ser Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100   105

<210> 28
<211> 110
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 28
Leu Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln
 1   5   10   15
Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Asn Tyr
            20   25   30
Asn Leu Val Ser Trp Tyr Gln Gln Tyr Ser Gly Lys Ala Pro Lys Leu
        35   40   45
Met Ile Tyr Glu Val Ser Lys Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe
    50   55   60
Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu

```
65                  70                  75                  80
Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Cys Ser Tyr Ala Gly Ser
                85                  90                  95
Ser Thr Leu Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100                 105                 110

<210> 29
<211> 108
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 29
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
 1               5                  10                  15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn
            20                  25                  30
Thr Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
        35                  40                  45
Ile Tyr Ser Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
    50                  55                  60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
65                  70                  75                  80
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu
                85                  90                  95
Asn Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100                 105

<210> 30
<211> 109
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 30
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
 1               5                  10                  15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Lys
            20                  25                  30
Thr Val Asn Trp Tyr Gln Gln Val Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
        35                  40                  45
Ile Tyr Arg Asn Asn Gln Arg Pro Leu Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
    50                  55                  60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
65                  70                  75                  80
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu
                85                  90                  95
Asn Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100                 105

<210> 31
<211> 109
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 31
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Pro Pro Gly Gln
 1               5                  10                  15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn
```

```
            20                  25                  30
Thr Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
        35                  40                  45
Ile Tyr Ser Asn Asn Arg Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
    50                  55                  60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
65                  70                  75                  80
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu
                85                  90                  95
Asn Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100                 105
```

<210> 32
<211> 110
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 32

```
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
 1               5                  10                  15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn
            20                  25                  30
Thr Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
        35                  40                  45
Ile Tyr Ser Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
    50                  55                  60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
65                  70                  75                  80
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Trp Asp Asp Ser Leu
                85                  90                  95
Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100                 105                 110
```

<210> 33
<211> 109
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 33

```
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
 1               5                  10                  15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Lys
            20                  25                  30
Thr Val Asn Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
        35                  40                  45
Ile Tyr Ser Asn Asn Arg Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
    50                  55                  60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
65                  70                  75                  80
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu
                85                  90                  95
Asn Trp Val Phe Gly Ala Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100                 105
```

<210> 34
<211> 110
<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 34
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln
 1   5   10   15
Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
            20   25   30
Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
        35   40   45
Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
    50   55   60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65   70   75   80
Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
                85   90   95
Ser Ala Tyr Val Phe Gly Thr Gly Thr Lys Val Thr Val Leu
            100   105   110

<210> 35
<211> 110
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 35
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln
 1   5   10   15
Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
            20   25   30
Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
        35   40   45
Ile Tyr Asp Tyr Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
    50   55   60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65   70   75   80
Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
                85   90   95
Ser Ala Tyr Val Phe Gly Thr Gly Thr Arg Val Thr Val Leu
            100   105   110

<210> 36
<211> 110
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 36
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln
 1   5   10   15
Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
            20   25   30
Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
        35   40   45
Ile Tyr Asp Tyr Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
    50   55   60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65   70   75   80
Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
                85   90   95

```
Ser Gly Tyr Val Phe Gly Thr Gly Thr Arg Val Thr Val Leu
            100                 105                 110

<210> 37
<211> 110
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 37
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln
 1               5                  10                  15
Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
            20                  25                  30
Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
        35                  40                  45
Ile Tyr Asp Tyr Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
    50                  55                  60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65                  70                  75                  80
Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
                85                  90                  95
Ser Ser Tyr Val Phe Gly Thr Gly Thr Arg Val Thr Val Leu
            100                 105                 110

<210> 38
<211> 110
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 38
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln
 1               5                  10                  15
Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
            20                  25                  30
Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
        35                  40                  45
Ile Tyr Asp Tyr Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
    50                  55                  60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65                  70                  75                  80
Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
                85                  90                  95
Ser Gly Tyr Val Phe Gly Thr Gly Thr Arg Val Thr Val Leu
            100                 105                 110

<210> 39
<211> 110
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 39
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Thr Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln
 1               5                  10                  15
Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
            20                  25                  30
Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
        35                  40                  45
```

```
Ile Tyr Asp Tyr Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
    50                  55                  60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65                  70                  75                  80
Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
                85                  90                  95
Ser Gly Tyr Val Phe Gly Thr Gly Thr Arg Val Thr Val Leu
            100                 105                 110
```

<210> 40
<211> 110
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 40

```
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln
 1               5                  10                  15
Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
            20                  25                  30
Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
        35                  40                  45
Ile Tyr Asp Ser Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
    50                  55                  60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Asp Ile Thr Gly Leu Gln
65                  70                  75                  80
Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
                85                  90                  95
Ser Ala Tyr Val Phe Gly Thr Gly Thr Lys Val Thr Val Leu
            100                 105                 110
```

<210> 41
<211> 110
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 41

```
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln
 1               5                  10                  15
Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn
            20                  25                  30
Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
        35                  40                  45
Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
    50                  55                  60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65                  70                  75                  80
Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
                85                  90                  95
Ser Ala Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100                 105                 110
```

<210> 42
<211> 110
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 42

```
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln
 1               5                  10                  15
Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Asn Ser Asn Ile Gly Asn Asn
            20                  25                  30
Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
        35                  40                  45
Ile Tyr Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
    50                  55                  60
Gly Ser Asn Ser Gly Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Thr Gly Leu Gln
65                  70                  75                  80
Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu
                85                  90                  95
Ser Ala Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100                 105                 110
```

<210> 43
<211> 107
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 43

```
Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln
 1               5                  10                  15
Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Lys Leu Gly Asp Lys Tyr Ala
            20                  25                  30
Cys Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Val Leu Val Ile Tyr
        35                  40                  45
Gln Asp Ser Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser
    50                  55                  60
Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met
65                  70                  75                  80
Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Ala Val
                85                  90                  95
Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100                 105
```

<210> 44
<211> 106
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 44

```
Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln
 1               5                  10                  15
Thr Ala Arg Ile Thr Cys Ser Gly Asp Lys Leu Gly Asp Lys Tyr Ala
            20                  25                  30
Cys Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Val Leu Val Ile Tyr
        35                  40                  45
Gln Asn Thr Lys Trp Pro Leu Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser
    50                  55                  60
Lys Ser Gly Asn Thr Val Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met
65                  70                  75                  80
Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val
                85                  90                  95
Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100                 105
```

<210> 45
<211> 116
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 45
Gln Pro Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Ala Ser Leu Gly Ala
 1   5   10   15
Ser Val Thr Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser Gly Tyr Ser Asn Tyr Lys
            20   25   30
Val Asp Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Lys Gly Pro Arg Phe Val Met
        35   40   45
Arg Val Gly Thr Gly Gly Ile Val Gly Ser Lys Gly Asp Gly Ile Pro
    50   55   60
Asp Arg Phe Ser Val Leu Gly Ser Gly Leu Asn Arg Tyr Leu Thr Ile
65   70   75   80
Lys Asn Ile Gln Glu Glu Asp Glu Ser Asp Tyr His Cys Gly Ala Asp
                85   90   95
His Gly Ser Gly Ser Asn Phe Val Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys
            100   105   110
Leu Thr Val Leu
        115

<210> 46
<211> 116
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 46
Gln Pro Val Leu Thr Gln Pro Leu Phe Ala Ser Ala Ser Leu Gly Ala
 1   5   10   15
Ser Val Thr Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser Gly Tyr Ser Ser Tyr Glu
            20   25   30
Val Asp Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Lys Gly Pro Arg Phe Val Met
        35   40   45
Arg Val Asp Thr Gly Gly Ile Val Gly Ser Lys Gly Glu Gly Ile Pro
    50   55   60
Asp Arg Phe Ser Val Leu Gly Ser Gly Leu Asn Arg Tyr Leu Thr Ile
65   70   75   80
Lys Asn Ile Gln Glu Glu Asp Glu Ser Asp Tyr His Cys Gly Ala Asp
                85   90   95
His Gly Ser Gly Thr Asn Phe Val Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys
            100   105   110
Leu Thr Val Leu
        115

<210> 47
<211> 114
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 47
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
 1   5   10   15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
            20   25   30
Gly Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

```
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Ser Ala Tyr Asn Gly Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Leu
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Thr Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Arg Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val
            100                 105                 110
Ser Ser
```

<210> 48
<211> 115
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 48

```
Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
 1               5                  10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Pro Leu Thr Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Ser Ala Tyr Asn Gly Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Val
    50                  55                  60
Gln Gly Ser Val Thr Met Thr Thr Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Arg Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr
            100                 105                 110
Val Ser Ser
        115
```

<210> 49
<211> 115
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 49

```
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
 1               5                  10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Leu Thr Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Val Ser Phe Tyr Asn Gly Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Leu
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Gly Thr Met Thr Thr Asp Pro Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Arg Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr
            100                 105                 110
Val Ser Ser
        115
```

<210> 50
<211> 115
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 50
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Leu Thr Ser Tyr
20 25 30
Gly Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Val Ser Phe Tyr Asn Gly Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Leu
50 55 60
Gln Gly Arg Gly Thr Met Thr Thr Asp Pro Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Arg Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr
100 105 110
Val Ser Ser
115

<210> 51
<211> 115
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 51
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Leu Thr Ser Tyr
20 25 30
Gly Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Ser Phe Tyr Asn Gly Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Val
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Thr Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Arg Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr
100 105 110
Val Ser Ser
115

<210> 52
<211> 115
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 52
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Arg Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Leu Thr Ser Tyr
20 25 30

```
Gly Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Ser Val Tyr Asn Gly Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Val
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Thr Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Arg Ser Leu Ser Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr
            100                 105                 110
Val Ser Ser
        115
```

<210> 53
<211> 115
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 53

```
Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
 1               5                  10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Leu Thr Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Ser Phe Tyr Asn Gly Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Val
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Thr Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Arg Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr
            100                 105                 110
Val Ser Ser
        115
```

<210> 54
<211> 115
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 54

```
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
 1               5                  10                  15
Ser Leu Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Leu Thr Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Ser Ala Tyr Asn Gly Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Val
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Thr Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Val Arg Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr
            100                 105                 110
Val Ser Ser
```

115

<210> 55
<211> 115
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 55
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Pro Leu Thr Ser Tyr
20 25 30
Gly Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Ser Ala Tyr Asn Gly Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Val
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Thr Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Arg Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr
100 105 110
Val Ser Ser
115

<210> 56
<211> 115
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 56
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Leu Thr Ser Tyr
20 25 30
Gly Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Ser Ala Tyr Asn Gly Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Val
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Thr Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Arg Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr
100 105 110
Val Ser Ser
115

<210> 57
<211> 115
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 57
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Ser Tyr

```
            20                  25                  30
Gly Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Val Ser Ala Tyr Asn Gly Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Thr Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Arg Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Tyr Val Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr
            100                 105                 110
Val Ser Ser
        115
```

<210> 58
<211> 115
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 58

```
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
 1               5                  10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Pro Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Ser Ala Tyr Asn Gly Asn Thr Asn Tyr Ala Glu Lys Leu
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Thr Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Val Arg Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Phe Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Tyr Val Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr
            100                 105                 110
Val Ser Ser
        115
```

<210> 59
<211> 113
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 59

```
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
 1               5                  10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Ser Ala Tyr Asn Gly Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Leu
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Thr Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Arg Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Tyr Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser
            100                 105                 110
```

Ser

<210> 60
<211> 115
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 60
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30
Gly Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Ser Thr Tyr Asn Gly Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Val
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Thr Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Arg Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Tyr Thr Arg Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr
100 105 110
Val Ser Ser
115

<210> 61
<211> 116
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 61
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Asn Ile Lys Gln Asp Gly Ser Glu Lys Tyr Tyr Val Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asn Trp Gly Ala Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met Val
100 105 110
Thr Val Ser Ser
115

<210> 62
<211> 119
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 62
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

```
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Arg Tyr
            20                  25                  30
Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Asn Ile Lys His Asp Gly Ser Glu Lys Tyr Tyr Val Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Glu Ser Asn Trp Gly Phe Ala Phe Asp Val Trp Gly His Gly
            100                 105                 110
Thr Met Val Thr Val Ser Ser
        115
```

<210> 63
<211> 116
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 63

```
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
 1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Asn Ile Lys Gln Asp Gly Ser Glu Lys Tyr Tyr Val Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asn Trp Gly Ala Phe Asp Ile Trp Gly Gln Gly Thr Met Val
            100                 105                 110
Thr Val Ser Ser
        115
```

<210> 64
<211> 119
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 64

```
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
 1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Val Val Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Asn Ile Lys Gln Asp Gly Ser Glu Lys Tyr Tyr Val Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Glu Ser Asn Trp Gly Phe Ala Phe Asp Ile Trp Gly Gln Gly
```

```
            100                 105                 110
Thr Met Val Thr Val Ser Ser
        115
```

<210> 65
<211> 119
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 65

```
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
 1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Leu Thr Phe Ser Asn Phe
            20                  25                  30
Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Asn Ile Lys Gln Asp Gly Ser Glu Lys Tyr Tyr Val Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Ser Cys
                85                  90                  95
Thr Arg Glu Ser Asn Trp Gly Phe Ala Phe Asp Ile Trp Gly Gln Gly
            100                 105                 110
Thr Met Val Thr Val Ser Ser
        115
```

<210> 66
<211> 123
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 66

```
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
 1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Ser Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ser Ser Ile Ser Ser Ser Ser Ser Ser Tyr Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Tyr Thr Ala Phe Asp Val
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 67
<211> 123
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 67

```
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
```

```
 1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Ser Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ser Ser Ile Ser Ser Ser Ser Ser Tyr Ile Ser Tyr Ala Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Tyr Asp Phe Trp Ser Ala Tyr Tyr Asp Ala Phe Asp Val
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 68
<211> 112
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 68

```
Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
 1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Ala Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ser Ala Ile Ser Gly Ser Gly Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Lys Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
            100                 105                 110
```

<210> 69
<211> 117
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 69

```
Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
 1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Ala Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ser Thr Ile Ser Gly Ser Gly Gly Arg Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Lys Glu Val Gly Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu
            100                 105                 110
```

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 70
<211> 117
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 70
Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Ala Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ser Ala Ile Ser Gly Ser Gly Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Lys Val Leu Met Val Tyr Ala Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu
100 105 110
Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 71
<211> 121
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 71
Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ser Thr Ile Ser Gly Ser Gly Asp Asn Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Lys Lys Phe Val Leu Met Val Tyr Ala Met Leu Asp Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 72
<211> 121
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 72
Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

```
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ser Thr Ile Ser Gly Ser Gly Gly Asn Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Lys Lys Phe Val Leu Met Val Tyr Ala Met Leu Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 73
<211> 116
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 73

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
 1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val
            100                 105                 110
Thr Val Ser Ser
        115
```

<210> 74
<211> 123
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 74

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
 1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asp Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Glu Thr Gly Pro Leu Lys Leu Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val
```

```
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
        115                 120

<210> 75
<211> 116
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 75
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
 1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Ile Ala Ala Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val
            100                 105                 110
Thr Val Ser Ser
        115

<210> 76
<211> 122
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 76
Gln Val His Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
 1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Ser Phe
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Leu Ile Trp Ser Asp Gly Ser Asp Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Ala Ile Ala Ala Leu Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp
            100                 105                 110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
        115                 120

<210> 77
<211> 122
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 77
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
```

```
 1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Phe
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Leu Ile Trp Asn Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Ala Ile Ala Ala Leu Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp
            100                 105                 110
Gly His Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 78
<211> 122
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 78

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
 1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Phe
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Leu Ile Trp Asn Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Ala Ile Ala Ala Leu Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp
            100                 105                 110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 79
<211> 122
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 79

```
Gln Val His Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
 1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Ser Phe
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Leu Ile Trp Ser Asp Gly Ser Asp Glu Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
```

Ala Arg Ala Ile Ala Ala Leu Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp
100 105 110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 80
<211> 122
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 80
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Phe
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Leu Ile Trp Asn Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Ala Ile Ala Ala Leu Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp
100 105 110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 81
<211> 122
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 81
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Ile Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Arg Gly Gly Leu Ala Ala Arg Pro Gly Gly Met Asp Val Trp
100 105 110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 82
<211> 122
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 82

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
 1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Ile Ala Val Ala Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp
            100                 105                 110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 83
<211> 122
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 83

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
 1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Arg Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Leu Ile Trp His Asp Gly Ser Asn Thr Tyr Tyr Val Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Ile Ala Val Ala Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp
            100                 105                 110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 84
<211> 117
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 84

```
Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln
 1               5                  10                  15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Gly
            20                  25                  30
Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln His Pro Gly Lys Gly Leu Glu
        35                  40                  45
Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser
    50                  55                  60
Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe
65                  70                  75                  80
Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
```

```
                85                  90                  95
Cys Ala Arg Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr
            100                 105                 110
Val Thr Val Ser Ser
        115
```

<210> 85
<211> 122
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 85

```
Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln
 1               5                  10                  15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser
            20                  25                  30
Asp Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln His Pro Gly Lys Gly Leu Glu
        35                  40                  45
Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser
    50                  55                  60
Leu Lys Ser Arg Ile Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Leu Phe
65                  70                  75                  80
Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
                85                  90                  95
Cys Ala Arg Gly Gly Val Thr Thr Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Val Trp
            100                 105                 110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 86
<211> 120
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 86

```
Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln
 1               5                  10                  15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Gly
            20                  25                  30
Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln His Pro Gly Lys Gly Leu Glu
        35                  40                  45
Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser
    50                  55                  60
Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe
65                  70                  75                  80
Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
                85                  90                  95
Cys Ala Arg Glu Asp Thr Ala Met Val Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln
            100                 105                 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 87
<211> 121
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 87
Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln
1 5 10 15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Gly
20 25 30
Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln His Pro Gly Lys Gly Leu Glu
35 40 45
Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Asn Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser
50 55 60
Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe
65 70 75 80
Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
85 90 95
Cys Ala Arg Glu Asp Thr Ala Met Val Pro Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 88
<211> 115
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 88
Gln Val Gln Leu Gln Gln Trp Gly Ala Gly Leu Leu Lys Pro Ser Glu
1 5 10 15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Val Tyr Gly Gly Ser Phe Ser Gly Tyr
20 25 30
Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45
Gly Glu Ile Asn His Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys
50 55 60
Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu
65 70 75 80
Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
85 90 95
Arg Gly Gln Leu Val Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr
100 105 110
Val Ser Ser
115

<210> 89
<211> 116
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 89
Gln Val Gln Leu Gln Gln Trp Gly Ala Gly Leu Leu Lys Pro Ser Glu
1 5 10 15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Val Tyr Gly Gly Ser Phe Ser Ala Tyr
20 25 30
Tyr Trp Asn Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45
Gly Glu Ile Asn His Ser Gly Arg Thr Asp Tyr Asn Pro Ser Leu Lys
50 55 60
Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Lys Gln Phe Ser Leu
65 70 75 80

```
Lys Leu Asn Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
                85                  90                  95
Arg Gly Gln Leu Val Pro Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val
            100                 105                 110
Thr Val Ser Ser
        115
```

<210> 90
<211> 115
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 90

```
Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln
 1               5                  10                  15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Ile Ser Gly Asp Ser Val Ser Ser Asn
            20                  25                  30
Ser Ala Ala Trp Asn Trp Ile Arg Gln Ser Pro Ser Arg Gly Leu Glu
        35                  40                  45
Trp Leu Gly Arg Thr Tyr Tyr Arg Ser Lys Trp Tyr Asn Asp Tyr Ala
    50                  55                  60
Val Ser Val Lys Ser Arg Ile Thr Ile Asn Pro Asp Thr Ser Lys Asn
65                  70                  75                  80
Gln Phe Ser Leu Gln Leu Asn Ser Val Thr Pro Glu Asp Thr Ala Val
                85                  90                  95
Tyr Tyr Cys Ala Arg Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr
            100                 105                 110
Val Ser Ser
        115
```

<210> 91
<211> 121
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 91

```
Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln
 1               5                  10                  15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Ile Ser Gly Asp Ser Val Ser Ser Asn
            20                  25                  30
Ser Ala Ala Trp Asn Trp Ile Arg Gln Ser Pro Ser Arg Gly Leu Glu
        35                  40                  45
Trp Leu Gly Arg Thr Tyr Tyr Arg Ser Lys Trp Tyr Lys Asn Tyr Ser
    50                  55                  60
Val Ser Val Lys Ser Arg Ile Thr Ile Asn Pro Asp Thr Ser Lys Asn
65                  70                  75                  80
Gln Phe Ser Leu Gln Leu Asn Ser Val Thr Pro Gly Asp Thr Ala Val
                85                  90                  95
Tyr Tyr Cys Ala Arg Gly Gly Pro Thr Ala Ala Phe Asp Tyr Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 92
<211> 345
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 92
cagattcagc tggtgcagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggtta ccccttgacc agctatggta tcagctgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcagcgctt acaatggtaa cacaaactat 180
gcacagaagg tccagggcag cgtcaccatg accacagaca catccacgag cacagtctac 240
atggagctga ggagcctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggctac 300
ggtatggacg tctggggcca agggaccacg gtcaccgtct cctct 345

<210> 93
<211> 327
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 93
cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tctgggtctc ctggacagtc gatcaccatc 60
tcctgcactg gaaccagcag tgacgttggt ggttataact ctgtctcctg gtaccaacag 120
tacccaggca aacccccccaa actcaagatt tatgaggtca gtaatcggcc ctcaggggtt 180
tctaatcgct tctctggctc caagtctggc aacacggcct ccctgaccat ctctgggctc 240
caggctgagg acgaggctga ttatttctgc agctcatata caagcaccag catggtcttc 300
ggcggaggga ccaagctgac cgtccta 327

<210> 94
<211> 345
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 94
caggttcagc tggtgcagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggtta caccttaacc agctatggta tcagctgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg gtcagttttt ataatggtaa cacaaactat 180
gcacagaagc tccagggcag aggcaccatg accacagacc catccacgag cacagcctac 240
atggagctga ggagcctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggctac 300
ggtatggacg tctggggcca agggaccacg gtcaccgtct cctct 345

<210> 95
<211> 327
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 95
cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tctgggtctc ctggacagtc gatcaccatc 60
tcctgcactg gaaccagcag tgacgttggt ggttataact ctgtctcctg gtaccaacag 120
cacccaggca aagcccccaa actcatgatt tatgaggtca gtaatcggcc ctcaggggtt 180
tctaatcgct tctctggctc caagtctggc aacacggcct ccctgaccat ctctgggctc 240
caggctgagg acgaggctga ttattactgc aattcatata caagcaccag catggtattc 300
ggcggaggga ccaagctgac cgtccta 327

<210> 96
<211> 345
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 96
caggttcagc tggtgcagtc tggagctgaa gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggtta caccttgacc agctatggta tcagctgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcagctttt acaatggtaa cacaaactat 180

gcacagaagg tccagggcag agtcaccatg accacagaca catccacgag cacagtctac 240
atggagctga ggagcctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggctac 300
ggtatggacg tctggggcca agggaccacg gtcaccgtct cctct 345

<210> 97
<211> 327
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 97
cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tctgggtctc ctggacagtc gatcaccatc 60
tcctgcactg gaaccagcag tgacgttggt ggttataact ctgtctcctg gtaccaacag 120
cacccaggca aacccccaa actcatgatt tatgaggtca gtaatcggcc ctcaggggtt 180
tctattcgct tctctggctc caagtctggc aacacggcct ccctgaccat ctctgggctc 240
caggctgagg acgaggctga ttatttctgc agctcatata caagcaccag catggtcttc 300
ggcggaggga ccaagctgac cgtccta 327

<210> 98
<211> 345
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 98
cagattcagc tggtgcagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggtta caccttgacc agctatggta tcagctgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcagctttt acaatggtaa cacaaactat 180
gcacagaagg tccagggcag agtcaccatg accacagaca catccacgag cacagtctac 240
atggagctga ggagcctgag atctgacgac acggccgtgt atttctgtgc gagaggttac 300
ggtatggacg tctggggcca agggaccacg gtcaccgtct cctca 345

<210> 99
<211> 327
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 99
cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tctgggtctc ctggacagtc gatcaccatc 60
tcctgcactg gaaccagcag tgacgttggt ggttataact ctgtctcgtg gtaccaacag 120
cacccaggca aacccccaa actcatgatt tatgaggtca gtaatcggcc ctcaggggtt 180
tctaatcgct tctctggctc caagtctggc aacacggcct ccctgaccat ctctgggctc 240
caggctgagg acgaggctga ttatttctgc agctcatata caagcaccag catggtcttc 300
ggcggaggga ccaagctggc cgtccta 327

<210> 100
<211> 345
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 100
caggttcagc tggtgcagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggtta caccttaacc agctatggta tcagctgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg gtcagttttt ataatggtaa cacaaactat 180
gcacagaagc tccagggcag aggcaccatg accacagacc catccacgag cacagcctac 240
atggagctga ggagcctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggctac 300
ggtatggacg tctggggcca agggaccacg gtcaccgtct cctca 345

<210> 101

<211> 327
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 101
cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tctgggtctc ctggacagtc gatcaccatc 60
tcctgcactg gaaccagcag tgacgttggt ggttataact ctgtctcctg gtaccaacag 120
cacccaggca aagcccccaa actcatgatt tatgaggtca ctaatcggcc ctcaggggtt 180
tctaatcgct tctctggctc caagtctggc aacacggcct ccctgaccat ctctgggctc 240
caggctgagg acgaggctga ttattactgc aactcatata caagcaccag catggtgttc 300
ggcggaggga ccaagctgac cgtccta 327

<210> 102
<211> 363
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 102
caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcacagac cctgtccctc 60
acctgcactg tctctggtgg ctccatcagc agtggtggtt actactggag ctggatccgc 120
cagcacccag ggaagggcct ggagtggatt gggtacatat ataacagtgg gagcacctac 180
tacaacccgt ccctcaagag tcgagttacc atatcagtag acacgtctaa gaaccagttc 240
tccctgaagc tgagctctgt gactgccgcg gacacggccg tgtattactg tgcgagagag 300
gatacagcta tggttcctta ctttgactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 103
<211> 333
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 103
cagtctgtac tgacgcagcc gccctcagtg tctggggccc agggcagag ggtcaccatc 60
tcctgcactg ggagcagctc caacatcggg gcacattatg atgtgcactg gtaccagcag 120
gttccaggaa cagcccccaa actcctcatc tatggtaaca cctatcggcc ctcaggggtc 180
cctgaccgat tctctggctc caagtctggc acctcagcct ccctggccat cactgggctc 240
caggctgagg atgaggctga ttattactgc cagtcctatg acaacagcct gagtggtgtg 300
gtattcggcg gagggaccaa gctgaccgtc cta 333

<210> 104
<211> 366
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 104
caggtgcacc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcaac agctttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcactt atctggtctg atggaagtga tgaatactat 180
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagccata 300
gcagccctct actactacta cggtatggac gtctggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360
tcctca 366

<210> 105
<211> 330
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 105
cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60
tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccagcagctc 120
ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gactataata agcgaccctc agggattcct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240
actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctgag tgcttatgtc 300
ttcggaactg ggaccagggt caccgtccta 330

<210> 106
<211> 366
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 106
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagc agctttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcactt atatggaatg atggaagtaa taaatactat 180
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagccata 300
gcagccctct actactacta cggtatggac gtctggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360
tcctca 366

<210> 107
<211> 330
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 107
cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60
tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccagcagctc 120
ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gactataata agcgaccctc agggattcct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240
actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagtctgag tggttatgtc 300
ttcggaactg ggaccagggt caccgtccta 330

<210> 108
<211> 366
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 108
caggtgcacc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcaac agctttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcactt atatggtctg atggaagtga taaatactat 180
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagccata 300
gcagccctct actactacta cggtatggac gtctggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360
tcctca 366

<210> 109
<211> 330
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 109
cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60

tcctgctctg gaagcagttc caacattggg aataattttg tatcctggta ccagcagttc 120
ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gactataata agcgaccctc agggattcct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240
actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctgag ttcttatgtc 300
ttcggaactg ggaccagggt caccgtccta 330

<210> 110
<211> 366
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 110
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagc agctttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcactt atatggaatg atggaagtaa taaatactat 180
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagccata 300
gcagccctct actactacta cggtatggac gtctggggcc acgggaccac ggtcaccgtc 360
tcctca 366

<210> 111
<211> 330
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 111
cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60
tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccagcagctc 120
ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gactataata agcgaccctc agggattcct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240
actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctgag tggttatgtc 300
ttcggaactg ggaccagggt caccgtccta 330

<210> 112
<211> 366
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 112
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagc agctttggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcactt atatggaatg atggaagtaa taaatactat 180
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagccata 300
gcagccctct actactacta cggtatggac gtctggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360
tcctca 366

<210> 113
<211> 330
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 113
cagtctgtgt tgacgcagcc gcccacagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60
tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccagcagctc 120
ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gactataata agcgaccctc agggattcct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240

actggggacg aggccgatta ctactgcgga acatgggata gcagcctgag tggttatgtc 300
ttcggaactg ggaccagggt caccgtccta 330

<210> 114
<211> 366
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 114
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagg agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcactt atatggcatg atggaagtaa tacatactat 180
gtagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagaggtata 300
gcagtggctt actactacta cggtatggac gtctggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360
tcctca 366

<210> 115
<211> 330
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 115
cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60
tcctgctctg gaagcagctc caacattggg aataattttg tatcctggta ccagcagctc 120
ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacagtaata agcgaccctc agggattcct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacg tcagccaccc tggacatcac cggactccag 240
actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctgag tgcttatgtt 300
ttcggaactg ggaccaaggt caccgtccta 330

<210> 116
<211> 363
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 116
gaggtgcagc tgttggagtc tgggggaggc ttggtacagc ctgggggggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cctctggatt cacctttagc agctatgcca tgaactgggt ccgccaggct 120
ccagggaagg ggctggagtg ggtctcaact attagtggta gtggtgataa cacatactac 180
gcagactccg tgaagggccg gttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggccgtat attactgtgc gaaaaagttt 300
gtactaatgg tgtatgctat gcttgactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 117
<211> 321
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 117
gacatcctga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgttggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca gagcattagc agttatttaa attggtatca gcagaaacca 120
gggaaagccc ctaaggtcct gatctatgct gcctccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180
aggttcagtg gcagtggatc tgggacagat ttcactctca ccatcaacag tctgcaacct 240
gaagattttg caacttacta ctgtcaacag agttacagtt cccccatcac cttcggccaa 300
gggacacgac tggagattaa a 321

<210> 118
<211> 363
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 118
gaggtgcagc tgttggagtc tgggggaggc ttggtacagc cgggggggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cctctggatt cacctttagc agctatgcca tgaactgggt ccgccaggct 120
ccagggaagg ggctggagtg ggtctcaact attagtggta gtggtggtaa cacatactac 180
gcagactccg tgaagggccg gttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggccgtat attactgtgc gaaaaagttt 300
gtactaatgg tgtatgctat gcttgactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 119
<211> 321
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 119
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctatctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca gagcattagc atctatttaa attggtatca gcagaagcca 120
gggaaagccc cttacctcct gatctatgct gcagccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca 180
aggttcagtg gcagtggatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag tctgcaacct 240
gaagattttg caacttacta ctgtcaacag agttacagtg cccccatcac cttcggccaa 300
gggacacgac tggagattaa a 321

<210> 120
<211> 345
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 120
caggttcagc tggtgcagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggggcctc actgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggtta cagtttgacc agctatggta tcagctgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcagcgctt acaatggtaa cacaaactat 180
gcacagaagg tccagggcag agtcaccatg accacagaca catccacgag cacagtctac 240
atggaggtga ggagtctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggctac 300
ggtatggacg tctggggcca agggaccacg gtcaccgtct cctca 345

<210> 121
<211> 327
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 121
cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tctgggtctc ctggacagtc gatcaccatc 60
tcctgcactg gaaccagcag tgacgttggt ggttataact ctgtctcctg gtaccaacag 120
cacccaggca aacccccaa actcatgatt tatgaggtca gtaatcggcc ctcaggggtt 180
tctaatcgct tctctggctc caagtctggc aatacggcct ccctgaccat ctctgggctc 240
caggctgagg acgaggctga ttatttctgc agctcatata caagcaccag catggtcttc 300
ggcggaggga ccaagctgac cgtccta 327

<210> 122
<211> 345
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 122
caggttcagc tggtgcagtc tggagctgag gtgaagaggc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggtta caccttgacc agctatggta tcagctgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcagcgttt acaatggtaa cacaaactat 180
gcacagaagg tccagggcag agtcaccatg accacagaca catccacgag cacagtctac 240
atggagctga ggagcctgag ctctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggctac 300
ggtatggacg tctggggcca agggaccacg gtcaccgtct cctca 345

<210> 123
<211> 327
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 123
cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tctgggtctc ctggacagtc gatcaccatc 60
tcctgcactg gaaccagcag tgacgttggt ggttataact ctgtctcctg gtaccaacag 120
cacccaggca aacccccaa actcatgatt tatgaggtca gtaatcggcc ctcaggggtt 180
tctattcgct tctctggctc caagtctggc aacacggcct ccctgaccat ctctgggctc 240
caggctgagg acgaggctga ttatttctgc agctcatata caagcaccag catggtcttc 300
ggcggaggga ccaagctgac cgtccta 327

<210> 124
<211> 345
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 124
caggttcagc tggtgcagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggtta ccccttgacc agctatggta tcagctgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcagcgctt acaatggtaa cacaaactat 180
gcacagaagg tccagggcag agtcaccatg accacagaca catccacgag cacagtctac 240
atggagttga ggagcctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggctac 300
ggtatggacg tctggggcca agggaccacg gtcaccgtct cctca 345

<210> 125
<211> 327
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 125
cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tctgggtctc ctggacagtc gatcaccatc 60
tcctgcactg gaaccagcag tgacgttggt ggttataact ctgtctcctg gtaccaacag 120
cacccaggca aacccccaa actcatgatt tatgaggtca gtaatcggcc ctcaggggtt 180
tctaatcgct tctctggctc caagtctggc aatacggcct ccctgaccat ctctgggctc 240
caggctgagg acgaggctga ttatttctgc agctcatata caagcaccag catggtcttc 300
ggcggaggga ccaagctgac cgtccta 327

<210> 126
<211> 345
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 126
caggttcagt tggtgcagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggtta cgccttgacc agctatggta tcagctgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcagcgctt acaatggtaa cacaaactat 180

gcacagaagg tccagggcag agtcaccatg accacagaca catccacgag cacagtctac 240
atggagctga ggagcctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggctac 300
ggtatggacg tctggggcca agggaccacg gtcaccgtct cctca 345

<210> 127
<211> 327
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 127
cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tctgggtctc ctggacagtc gatcaccatc 60
tcctgcactg gaaccaacag tgacgttggt ggttataact ctgtctcctg gtaccaacag 120
cacccaggca aacccccaa actcatgatt tatgaggtca gtaatcggcc ctcagggatt 180
tctaatcgct tctctggctc caagtctggc aacacggcct ccctgaccat ctctgggctc 240
caggctgagg acgaggctga ttatttctgc agctcatata caagcaccag catggtcttc 300
ggcggaggga ccaagctgac cgtccta 327

<210> 128
<211> 345
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 128
caggttcagc tggtgcagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggtta cagctttacc agctatggta tcagctgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg gtcagcgctt acaatggtaa cacaaactat 180
gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accacagaca catccacgag cacagcctac 240
atggaactga ggagcctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggctac 300
gttatggacg tctggggcca agggaccacg gtcaccgtct cctca 345

<210> 129
<211> 327
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 129
cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtt tctgggtctc ctggacagtc gatcaccatc 60
tcctgcactg gaaccagcag tgacgttggt gcttataact ctgtctcctg gtaccaacag 120
cacccaggca aagccccaa acgcatgatt tatgaggtca gtaatcggcc ctcaggggtt 180
tctaatcgct tctctggctc caagtctggc aacacggcct ccctgaccat ctctgggctc 240
caggctgagg acgaggctga ttattactgc agctcatata caagcaccaa catggtattc 300
ggcggaggga ccaagctgac cgtccta 327

<210> 130
<211> 363
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 130
caggtacagt tgcagcagtc aggtccagga ctggtgaagc cctcgcagac cctctcactc 60
acctgtgcca tctccgggga cagtgtctct agcaacagtg ctgcttggaa ctggatcagg 120
cagtccccat cgagaggcct tgagtggctg ggaaggacat actacaggtc caagtggtat 180
aaaaattatt cagtatctgt gaaaagtcga ataaccatca acccagacac atccaagaac 240
cagttctctc tgcaactgaa ctctgtgact cccggggaca cggctgtgta ttactgtgca 300
agaggggggc caactgctgc ttttgactac tggggccagg gaaccctggt caccgtctcc 360
tca 363

<210> 131
<211> 330
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 131
ctttctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tctgggtctc ctggacagtc gatcaccatc 60
tcctgcactg gaaccagcag tgatgttggg aattataacc ttgtctcctg gtaccaacag 120
tattcaggca aagcccccaa actcatgatt tatgaggtca gtaagcggcc ctcaggggtt 180
tctaatcgct tctctggctc caagtctggc aacacggcct ccctgacaat ctctgggctc 240
caggctgagg acgaggctga ttattactgc tgctcatatg caggtagtag cactttggtt 300
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 132
<211> 357
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 132
gaggtgcagt tggtggagtc tgggggaggc ttggtccagc ctgggggGTC cctgagactc 60
tcctgtgtag tctctggatt cacctttagt agctattgga tgagctgggt ccgccaggct 120
ccagggaagg ggctggagtg ggtggccaac ataaagcaag atggaagtga gaaatactat 180
gtggactctg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca acgccaagaa ctcactgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtat attactgtgc gagagagtca 300
aactggggat ttgcttttga tatctggggc caagggacaa tggtcaccgt ctcttca 357

<210> 133
<211> 327
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 133
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagcagctc caacatcgga agtaagactg taaactggta ccaacaggtc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat aggaataatc agcggccctt aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc tggccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta ttattgtgca gcatgggatg acagcctgaa ttgggtgttc 300
ggcggaggga ccaagctgac cgtccta 327

<210> 134
<211> 357
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 134
gaggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc ttggtccagc ctgggggGTC cctgagactc 60
tcctgtgcag cctctggatt cacctttagt cgctattgga tgagctgggt ccgccaggct 120
ccagggaagg ggctggagtg ggtggccaac ataaagcatg atggaagtga gaaatactat 180
gtggactctg tgaagggccg attcaccatt tccagagaca acgccaagaa ctcactgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagagtca 300
aactggggat ttgcttttga tgtctggggc cacgggacaa tggtcaccgt ctcttca 357

<210> 135
<211> 327
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 135
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggcccc ccggacagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagcagctc caacatcgga agtaatactg taaactggta ccagcagctc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat agtaataatc ggcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc tggccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta ttactgtgca gcatgggatg acagcctgaa ttgggtgttc 300
ggcggaggga ccaagctgac cgtccta 327

<210> 136
<211> 351
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 136
gaggtgcagc tgttggagtc tgggggaggc ttggtacagc ctgggggGTC cctgagactc 60
tcctgtgcag cctctggatt cacctttagc agctatgcca tgagctgggt ccgccaggct 120
ccagggaagg ggctggagtg ggtctcaact attagtggta gtggtggtag gacatattac 180
gcagactccg tgaagggccg gttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggccgtat attactgtgc gaaagaagtt 300
ggcagtccct ttgactactg gggccaggga accctggtca ccgtctcctc a 351

<210> 137
<211> 330
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 137
cagtctgtgt tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60
tcctgctctg gaagcaactc caacattggg aataattatg tatcctggta ccagcagctc 120
ccaggaacag cccccaaact cctcatttat gacaataata agcgaccctc agggattcct 180
gaccgattct ctggctccaa ctctggcacg tcagccaccc tgggcatcac cggactccag 240
actggggacg aggccgatta ttactgcgga acatgggata gcagcctgag tgctgtggta 300
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 138
<211> 366
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 138
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcaatt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacactgtat 240
cttcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gaggaggggg 300
ggtctggcag ctcgtccggg cggtatggac gtctggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360
tcctca 366

<210> 139
<211> 318
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 139
tcctatgagc tgactcagcc accctcagtg tctgtgtccc caggacagac agccagaatc 60
acctgctctg gagataaatt gggggataaa tatgcttgct ggtatcagca gaaaccaggc 120
cagtcccctg tgctggtcat ctatcaaaat accaagtggc ccttagggat ccctgagcga 180

ttctctggct ccaagtctgg gaacacagtc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 240
gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gacagcagca ctgtggtatt cggcggaggg 300
accaagctga ccgtccta 318

<210> 140
<211> 366
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 140
caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcacagac cctgtccctc 60
acctgcactg tctctggtgg ctccatcagc agtagtgatt actactggag ctggatccgc 120
cagcacccag ggaagggcct ggagtggatt gggtacatct attacagtgg gagcacctac 180
tacaacccgt ccctcaagag tcgaattacc atatcagtag acacgtctaa gaacctgttc 240
tccctgaagt tgagctctgt gactgccgcg gacacggccg tgtattactg tgcgagaggg 300
ggggtgacta cgtactacta cgctatggac gtctggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360
tcctca 366

<210> 141
<211> 321
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 141
gacatacaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcaagtca gcgcattagc aactatttaa gttggtatct gcagaaacca 120
gggattgccc ctaagctcct gatctatgct gcatccagtt tgcagagtgg ggtcccatca 180
aggttcagtg gcagtggatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag tctgcaatct 240
gaagattttg caacttacta ctgtcaacag agttacagta ccccgctcat tttcggcgga 300
gggaccaagg tggagatcaa a 321

<210> 142
<211> 369
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 142
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtga taaatactat 180
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagagact 300
ggtcccttga aactctacta ctacggtatg gacgtctggg gccaagggac cacggtcacc 360
gtctcctca 369

<210> 143
<211> 336
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 143
gatattgtga tgactcagtc tccactctcc ctgtccgtca cccctggaga gccgccctcc 60
atctcctgca ggtctagtca gagcctcctg catagtaatg gatacaactt tttgaattgg 120
tacctgcaga agccagggca gtctccacaa ctcctgatct atttgggttc tcatcgggcc 180
tccggggtcc ctgacaggtt cagtggcagt ggatcaggca cagattttac actggaaatc 240
agcagagtgg aggctgagga tgttggggtt tattactgca tgcaagttct acaaactcca 300
ttcactttcg gccctgggac caaagtggat atcaaa 336

<210> 144
<211> 357
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 144
gaggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc ttggtccagc ctgggggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cctctggact cacctttagt aacttttgga tgagctgggt ccgccaggct 120
ccagggaagg ggctggagtg ggtggccaac ataaagcaag atggaagtga gaaatactat 180
gtggactctg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca acgccaagaa ttcactgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attcctgtac gagagagtca 300
aactggggat ttgcttttga tatctggggc caagggacaa tggtcaccgt ctcttca 357

<210> 145
<211> 327
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 145
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagcagctc caacatcgga agtaaaactg taaactggta ccagcagttc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat agtaataatc ggcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc tggccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta ttactgtgca gcatgggatg acagcctgaa ttgggtgttc 300
ggcgcaggga ccaagctgac cgtccta 327

<210> 146
<211> 345
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 146
caggttcagc tggtgcagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggtta cacctttacc agctatggta tcagctgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcagcactt acaatggtaa cacaaactat 180
gcacagaagg tccagggcag agtcaccatg accacagaca catccacgag cacagcctac 240
atggagctga ggagcctgag atctgacgac acggccgttt attactgtgc gagagggtat 300
actcgggact actggggcca gggaaccctg gtcaccgtct cctca 345

<210> 147
<211> 348
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 147
cagcctgtgc tgactcagcc acttttgca tcagcctccc tgggagcctc ggtcacactc 60
acctgcaccc tgagcagcgg ctacagtagt tatgaagtgg actggtatca gcagagacca 120
gggaagggcc cccggtttgt catgcgagtg gacactggtg ggattgtggg atccaagggg 180
gaaggcatcc ctgatcgctt ctcagttttg ggctcaggcc tgaatcggta tctgaccatc 240
aagaacatcc aggaagagga tgagagtgac taccactgtg gggcagacca tggcagtggg 300
accaacttcg tggtggtatt cggcggaggg accaagctga ccgtccta 348

<210> 148
<211> 348
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 148
caggtgcagc tacagcagtg gggcgcagga ctgttgaagc cttcggagac cctgtccctc 60
acctgcgctg tctatggtgg gtccttcagt gcgtactact ggaactggat ccgccagccc 120
ccagggaagg ggctggagtg gattggggaa atcaatcata gtggaagaac cgactacaac 180
ccgtccctca agagtcgagt caccatatca gtagacacgt ccaagaagca gttctccctg 240
aagctgaact ctgtgaccgc cgcggacacg gctgtgtatt actgtgcgag agggcagctc 300
gtccccttg actactgggg ccagggaacc ctggtcaccg tctcttca 348

<210> 149
<211> 330
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 149
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagcagctc caacatcgga agtaatactg taaattggta tcagcaactc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat agtaataatc agcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc tggccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta ttactgtgca gtatgggatg acagcctgaa tggttgggtg 300
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 150
<211> 345
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 150
caggttcagc tggtgcagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggtta cacctttccc agctatggta tcagctgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcagcgctt acaatggtaa cacaaactat 180
gcagagaagc tccagggcag agtcaccatg accacagaca catccacgag cacagcctac 240
atggaggtga ggagcctgag atctgacgac acggccgtgt tttactgtgc gagaggctac 300
gttatggacg tctggggcca agggaccacg gtcaccgtct cctct 345

<210> 151
<211> 327
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 151
cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tctgggtctc ctggacagtc gatcaccatc 60
tcctgcactg gaaccagcag tgacgttggt cgttataatt ctgtctcctg gtaccaacac 120
cacccaggca aagcccccaa agtcatgatt tatgaggtca gtaatcggcc ctcaggggtt 180
tctactcgct tctctggctc caagtctggc aacacggcct ccctgaccat ctctgggctc 240
caggctgagg acgaggctga ttattactgc agctcatata caagcagcag cgttgtattc 300
ggcggaggga ccaaactgac cgtccta 327

<210> 152
<211> 369
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 152
gaggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc ctggtcaagc ctgggggggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt agctatagca tgaactgggt ccgccaggct 120
ccagggaagg ggctggagtg ggtctcatcc attagtagta gtagtagtta catttcctac 180

gcagactcag tgaagggccg attcaccatc tccagagaca acgccaagaa ctcactgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt atttctgtgc gagagattac 300
gatttttgga gtgcttacta tgatgctttt gatgtctggg gccaagggac aatggtcacc 360
gtctcttca 369

<210> 153
<211> 333
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 153
cagtctgtgc tgacgcagcc gccctcagtg tctggggccc cagggcagag ggtcaccatc 60
tcctgcactg ggagcagctc caacatcggg gcaggttatg atgtacactg gtaccagcag 120
cttccaggaa cagcccccaa actcctcatc tctggtaaca gcaatcggcc ctcaggggtc 180
cctgaccgat tctctggctc caagtctggc acctcagcct ccctggccat cactgggctc 240
caggctgagg atgaggctga ttattactgc cagtcctatg acagcagcct gagtggttcg 300
gtattcggcg gagggaccaa gctgaccgtc cta 333

<210> 154
<211> 326
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 154
Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg
1 5 10 15
Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr
20 25 30
Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser
35 40 45
Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser
50 55 60
Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Asn Phe Gly Thr Gln Thr
65 70 75 80
Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys
85 90 95
Thr Val Glu Arg Lys Cys Cys Val Glu Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro
100 105 110
Pro Val Ala Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp
115 120 125
Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp
130 135 140
Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly
145 150 155 160
Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn
165 170 175
Ser Thr Phe Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Val His Gln Asp Trp
180 185 190
Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro
195 200 205
Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Thr Lys Gly Gln Pro Arg Glu
210 215 220
Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn
225 230 235 240
Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile
245 250 255
Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr

```
            260                 265                 270
Thr Pro Pro Met Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys
        275                 280                 285
Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys
    290                 295                 300
Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu
305                 310                 315                 320
Ser Leu Ser Pro Gly Lys
                325
```

<210> 155
<211> 327
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 155

```
Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg
 1               5                  10                  15
Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr
            20                  25                  30
Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser
        35                  40                  45
Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser
    50                  55                  60
Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr
65                  70                  75                  80
Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys
                85                  90                  95
Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Ser Cys Pro Ala Pro
            100                 105                 110
Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys
        115                 120                 125
Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val
    130                 135                 140
Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp
145                 150                 155                 160
Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe
                165                 170                 175
Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp
            180                 185                 190
Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu
        195                 200                 205
Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg
    210                 215                 220
Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys
225                 230                 235                 240
Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp
                245                 250                 255
Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys
            260                 265                 270
Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser
        275                 280                 285
Arg Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser
    290                 295                 300
Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser
305                 310                 315                 320
Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
```

325

<210> 156
<211> 105
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 156
Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu
1 5 10 15
Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe
20 25 30
Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val
35 40 45
Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys
50 55 60
Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser
65 70 75 80
His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu
85 90 95
Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser
100 105

<210> 157
<211> 106
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 157
Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln
1 5 10 15
Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr
20 25 30
Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser
35 40 45
Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr
50 55 60
Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys
65 70 75 80
His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro
85 90 95
Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
100 105

<210> 158
<211> 14
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 158
Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Ser Val Ser
1 5 10

<210> 159
<211> 14
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 159
Thr Gly Thr Asn Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Ser Val Ser
 1   5   10

<210> 160
<211> 14
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 160
Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Ala Tyr Asn Ser Val Ser
 1   5   10

<210> 161
<211> 14
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 161
Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Arg Tyr Asn Ser Val Ser
 1   5   10

<210> 162
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 162
Glu Val Ser Asn Arg Pro Ser
 1   5

<210> 163
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 163
Glu Val Thr Asn Arg Pro Ser
 1   5

<210> 164
<211> 9
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 164
Ser Ser Tyr Thr Ser Thr Ser Met Val
 1   5

<210> 165
<211> 9
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 165
Asn Ser Tyr Thr Ser Thr Ser Met Val

1 5

<210> 166
<211> 9
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 166
Ser Ser Tyr Thr Ser Thr Asn Met Val
1 5

<210> 167
<211> 9
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 167
Ser Ser Tyr Thr Ser Ser Ser Val Val
1 5

<210> 168
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 168
Gly Tyr Pro Leu Thr Ser Tyr Gly Ile Ser
1 5 10

<210> 169
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 169
Gly Tyr Ser Leu Thr Ser Tyr Gly Ile Ser
1 5 10

<210> 170
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 170
Gly Tyr Ala Leu Thr Ser Tyr Gly Ile Ser
1 5 10

<210> 171
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 171
Gly Tyr Thr Leu Thr Ser Tyr Gly Ile Ser
1 5 10

<210> 172

<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 172
Gly Tyr Ser Phe Thr Ser Tyr Gly Ile Ser
 1   5   10

<210> 173
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 173
Gly Tyr Thr Phe Pro Ser Tyr Gly Ile Ser
 1   5   10

<210> 174
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 174
Trp Ile Ser Ala Tyr Asn Gly Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Val Gln
 1   5   10   15
Gly

<210> 175
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 175
Trp Val Ser Phe Tyr Asn Gly Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Leu Gln
 1   5   10   15
Gly

<210> 176
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 176
Trp Ile Ser Phe Tyr Asn Gly Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Val Gln
 1   5   10   15
Gly

<210> 177
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 177
Trp Ile Ser Val Tyr Asn Gly Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Val Gln

1 5 10 15
Gly

<210> 178
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 178
Trp Val Ser Ala Tyr Asn Gly Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15
Gly

<210> 179
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 179
Trp Ile Ser Ala Tyr Asn Gly Asn Thr Asn Tyr Ala Glu Lys Leu Gln
1 5 10 15
Gly

<210> 180
<211> 6
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 180
Gly Tyr Gly Met Asp Val
1 5

<210> 181
<211> 6
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 181
Gly Tyr Val Met Asp Val
1 5

<210> 182
<211> 13
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 182
Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe Val Ser
1 5 10

<210> 183
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 183
Asp Tyr Asn Lys Arg Pro Ser
1 5

<210> 184
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 184
Asp Ser Asn Lys Arg Pro Ser
1 5

<210> 185
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 185
Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Ser Gly Tyr Val
1 5 10

<210> 186
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 186
Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Ser Ala Tyr Val
1 5 10

<210> 187
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 187
Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Ser Ser Tyr Val
1 5 10

<210> 188
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 188
Gly Phe Thr Phe Ser Ser Phe Gly Met His
1 5 10

<210> 189
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 189
Gly Phe Thr Phe Asn Ser Phe Gly Met His

1 5 10

<210> 190
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 190
Gly Phe Thr Phe Arg Ser Tyr Gly Met His
1 5 10

<210> 191
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 191
Leu Ile Trp Asn Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
1 5 10 15
Gly

<210> 192
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 192
Leu Ile Trp Ser Asp Gly Ser Asp Glu Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
1 5 10 15
Gly

<210> 193
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 193
Leu Ile Trp Ser Asp Gly Ser Asp Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
1 5 10 15
Gly

<210> 194
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 194
Leu Ile Trp His Asp Gly Ser Asn Thr Tyr Tyr Val Asp Ser Val Lys
1 5 10 15
Gly

<210> 195
<211> 13

<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 195
Ala Ile Ala Ala Leu Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val
 1   5   10

<210> 196
<211> 13
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 196
Gly Ile Ala Val Ala Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val
 1   5   10

<210> 197
<211> 13
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 197
Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Thr Val Asn
 1   5   10

<210> 198
<211> 13
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 198
Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Lys Thr Val Asn
 1   5   10

<210> 199
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 199
Ser Asn Asn Arg Arg Pro Ser
 1   5

<210> 200
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 200
Arg Asn Asn Gln Arg Pro Leu
 1   5

<210> 201
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 201
Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu Asn Trp Val
 1   5   10

<210> 202
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 202
Gly Phe Thr Phe Ser Arg Tyr Trp Met Ser
 1   5   10

<210> 203
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 203
Gly Leu Thr Phe Ser Asn Phe Trp Met Ser
 1   5   10

<210> 204
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 204
Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr Trp Met Ser
 1   5   10

<210> 205
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 205
Asn Ile Lys His Asp Gly Ser Glu Lys Tyr Tyr Val Asp Ser Val Lys
 1   5   10   15
Gly

<210> 206
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 206
Asn Ile Lys Gln Asp Gly Ser Glu Lys Tyr Tyr Val Asp Ser Val Lys
 1   5   10   15
Gly

<210> 207
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 207
Glu Ser Asn Trp Gly Phe Ala Phe Asp Val
 1   5   10

<210> 208
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 208
Glu Ser Asn Trp Gly Phe Ala Phe Asp Ile
 1   5   10

<210> 209
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 209
Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Tyr Leu Asn
 1   5   10

<210> 210
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 210
Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ile Tyr Leu Asn
 1   5   10

<210> 211
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 211
Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser
 1   5

<210> 212
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 212
Ala Ala Ala Ser Leu Gln Ser
 1   5

<210> 213
<211> 9
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 213
Gln Gln Ser Tyr Ser Ser Pro Ile Thr

1 5

<210> 214
<211> 9
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 214
Gln Gln Ser Tyr Ser Ala Pro Ile Thr
1 5

<210> 215
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 215
Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr Ala Met Asn
1 5 10

<210> 216
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 216
Thr Ile Ser Gly Ser Gly Asp Asn Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
1 5 10 15
Gly

<210> 217
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 217
Thr Ile Ser Gly Ser Gly Gly Asn Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
1 5 10 15
Gly

<210> 218
<211> 12
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 218
Lys Phe Val Leu Met Val Tyr Ala Met Leu Asp Tyr
1 5 10

<210> 219
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 219

Arg Ala Ser Gln Arg Ile Ser Asn Tyr Leu Ser
1 5 10

<210> 220
<211> 16
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 220
Arg Ser Ser Gln Ser Leu Leu His Ser Asn Gly Tyr Asn Phe Leu Asn
1 5 10 15

<210> 221
<211> 14
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 221
Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Asn Tyr Asn Leu Val Ser
1 5 10

<210> 222
<211> 14
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 222
Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ala Gly Tyr Asp Val His
1 5 10

<210> 223
<211> 14
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 223
Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ala His Tyr Asp Val His
1 5 10

<210> 224
<211> 13
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 224
Ser Gly Ser Asn Ser Asn Ile Gly Asn Asn Tyr Val Ser
1 5 10

<210> 225
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 225
Ser Gly Asp Lys Leu Gly Asp Lys Tyr Ala Cys
1 5 10

<210> 226
<211> 12
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 226
Thr Leu Ser Ser Gly Tyr Ser Ser Tyr Glu Val Asp
 1   5   10

<210> 227
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 227
Leu Gly Ser His Arg Ala Ser
 1   5

<210> 228
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 228
Glu Val Ser Lys Arg Pro Ser
 1   5

<210> 229
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 229
Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser
 1   5

<210> 230
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 230
Gly Asn Thr Tyr Arg Pro Ser
 1   5

<210> 231
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 231
Ser Asn Asn Gln Arg Pro Ser
 1   5

<210> 232
<211> 7
<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 232
Asp Asn Asn Lys Arg Pro Ser
 1   5

<210> 233
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 233
Gln Asn Thr Lys Trp Pro Leu
 1   5

<210> 234
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 234
Val Asp Thr Gly Gly Ile Val
 1   5

<210> 235
<211> 9
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 235
Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Pro Leu Ile
 1   5

<210> 236
<211> 9
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 236
Met Gln Val Leu Gln Thr Pro Phe Thr
 1   5

<210> 237
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 237
Cys Ser Tyr Ala Gly Ser Ser Thr Leu Val
 1   5   10

<210> 238
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 238

Gln Ser Tyr Asp Ser Ser Leu Ser Gly Ser Val
1 5 10

<210> 239
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 239
Gln Ser Tyr Asp Asn Ser Leu Ser Gly Val Val
1 5 10

<210> 240
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 240
Ala Val Trp Asp Asp Ser Leu Asn Gly Trp Val
1 5 10

<210> 241
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 241
Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Ser Ala Val Val
1 5 10

<210> 242
<211> 9
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 242
Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val
1 5

<210> 243
<211> 18
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 243
Ser Asp Tyr His Cys Gly Ala Asp His Gly Ser Gly Thr Asn Phe Val
1 5 10 15
Val Val

<210> 244
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 244
Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Gly Ile Ser

1 5 10

<210> 245
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 245
Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr Ala Met Ser
1 5 10

<210> 246
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 246
Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr Gly Met His
1 5 10

<210> 247
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 247
Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr Ser Met Asn
1 5 10

<210> 248
<211> 12
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 248
Gly Gly Ser Ile Ser Ser Gly Gly Tyr Tyr Trp Ser
1 5 10

<210> 249
<211> 12
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 249
Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser Asp Tyr Tyr Trp Ser
1 5 10

<210> 250
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 250
Gly Gly Ser Phe Ser Ala Tyr Tyr Trp Asn
1 5 10

<210> 251

<211> 12
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 251
Gly Asp Ser Val Ser Ser Asn Ser Ala Ala Trp Asn
 1   5   10

<210> 252
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 252
Trp Ile Ser Thr Tyr Asn Gly Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Val Gln
 1   5   10   15
Gly

<210> 253
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 253
Thr Ile Ser Gly Ser Gly Gly Arg Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
 1   5   10   15
Gly

<210> 254
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 254
Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asp Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
 1   5   10   15
Gly

<210> 255
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 255
Ile Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
 1   5   10   15
Gly

<210> 256
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 256
Ser Ile Ser Ser Ser Ser Ser Tyr Ile Ser Tyr Ala Asp Ser Val Lys
1 5 10 15
Gly

<210> 257
<211> 16
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 257
Tyr Ile Tyr Asn Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser
1 5 10 15

<210> 258
<211> 16
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 258
Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser
1 5 10 15

<210> 259
<211> 16
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 259
Glu Ile Asn His Ser Gly Arg Thr Asp Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser
1 5 10 15

<210> 260
<211> 18
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 260
Arg Thr Tyr Tyr Arg Ser Lys Trp Tyr Lys Asn Tyr Ser Val Ser Val
1 5 10 15
Lys Ser

<210> 261
<211> 6
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 261
Gly Tyr Thr Arg Asp Tyr
1 5

<210> 262
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 262
Glu Val Gly Ser Pro Phe Asp Tyr
 1   5

<210> 263
<211> 14
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 263
Glu Thr Gly Pro Leu Lys Leu Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val
 1   5   10

<210> 264
<211> 13
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 264
Arg Gly Gly Leu Ala Ala Arg Pro Gly Gly Met Asp Val
 1   5   10

<210> 265
<211> 14
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 265
Asp Tyr Asp Phe Trp Ser Ala Tyr Tyr Asp Ala Phe Asp Val
 1   5   10

<210> 266
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 266
Glu Asp Thr Ala Met Val Pro Tyr Phe Asp Tyr
 1   5   10

<210> 267
<211> 12
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 267
Gly Gly Val Thr Thr Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Val
 1   5   10

<210> 268
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 268
Gly Gln Leu Val Pro Phe Asp Tyr

```
 1               5

<210> 269
<211> 9
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 269
Gly Gly Pro Thr Ala Ala Phe Asp Tyr
 1               5

<210> 270
<211> 109
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 270
Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln
 1               5                  10                  15
Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr
            20                  25                  30
Asn Ser Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu
        35                  40                  45
Met Ile Tyr Glu Val Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Phe Asn Arg Phe
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu
65                  70                  75                  80
Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Asn Ser Tyr Thr Ser Thr
                85                  90                  95
Ser Met Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100                 105

<210> 271
<211> 109
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 271
Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Phe Gly Ser Pro Gly Gln
 1               5                  10                  15
Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Ala Tyr
            20                  25                  30
Asn Ser Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Arg
        35                  40                  45
Met Ile Tyr Glu Val Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu
65                  70                  75                  80
Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Tyr Thr Ser Thr
                85                  90                  95
Asn Met Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100                 105

<210> 272
<211> 109
<212> PRT
<213> Homo sapiens
```

<400> 272
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Pro Pro Gly Gln
 1   5   10   15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn
            20   25   30
Thr Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
        35   40   45
Ile Tyr Ser Asn Asn Arg Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
    50   55   60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
65   70   75   80
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu
                85   90   95
Asn Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100   105

<210> 273
<211> 109
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 273
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Pro Pro Gly Gln
 1   5   10   15
Arg Val Thr Ile Phe Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn
            20   25   30
Thr Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
        35   40   45
Ile Tyr Ser Asn Asn Arg Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
    50   55   60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
65   70   75   80
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu
                85   90   95
Asn Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100   105

<210> 274
<211> 106
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 274
Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln
 1   5   10   15
Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Lys Leu Gly Asp Lys Tyr Ala
            20   25   30
Cys Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Val Leu Val Ile Tyr
        35   40   45
Gln Asp Ser Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser
    50   55   60
Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met
65   70   75   80
Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val
                85   90   95
Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105

<210> 275
<211> 106
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 275
Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln
1 5 10 15
Thr Ala Arg Ile Thr Cys Ser Gly Asp Lys Leu Gly Asp Lys Tyr Ala
20 25 30
Cys Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Val Leu Val Ile Tyr
35 40 45
Gln Asn Thr Lys Trp Pro Leu Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser
50 55 60
Lys Ser Gly Asn Thr Val Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met
65 70 75 80
Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Val Val
85 90 95
Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105

<210> 276
<211> 107
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 276
Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln
1 5 10 15
Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Lys Leu Gly Asp Lys Tyr Ala
20 25 30
Cys Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Val Leu Val Ile Tyr
35 40 45
Gln Asp Ser Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser
50 55 60
Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met
65 70 75 80
Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Ala Val
85 90 95
Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105

<210> 277
<211> 107
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 277
Ser Tyr Glu Leu Ile Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln
1 5 10 15
Thr Ala Ser Ile Thr Cys Ser Gly Asp Lys Leu Gly Asp Lys Tyr Ala
20 25 30
Cys Trp Tyr Gln Arg Lys Pro Gly Gln Ser Pro Ile Leu Val Ile Tyr
35 40 45
Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser

```
    50                  55                  60
Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met
65                  70                  75                  80
Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Ala Val
                85                  90                  95
Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100                 105
```

<210> 278
<211> 120
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 278

```
Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu
 1               5                  10                  15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Thr Tyr
            20                  25                  30
Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
        35                  40                  45
Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys
    50                  55                  60
Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu
65                  70                  75                  80
Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
                85                  90                  95
Arg Gly Ser Tyr Ser Ser Gly Trp Phe Glu Phe Asp Tyr Trp Gly Gln
            100                 105                 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 279
<211> 12
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 279

```
Thr Leu Ser Ser Gly Tyr Ser Ser Tyr Glu Val Asp
 1               5                  10
```

<210> 280
<211> 12
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 280

```
Val Asp Thr Gly Gly Ile Val Gly Ser Lys Gly Glu
 1               5                  10
```

<210> 281
<211> 13
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 281

```
Gly Ala Asp His Gly Ser Gly Thr Asn Phe Val Val Val
 1               5                  10
```

<210> 282
<211> 22
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 282
Gln Pro Val Leu Thr Gln Pro Leu Phe Ala Ser Ala Ser Leu Gly Ala
 1   5   10   15
Ser Val Thr Leu Thr Cys
            20

<210> 283
<211> 15
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 283
Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Lys Gly Pro Arg Phe Val Met Arg
 1   5   10   15

<210> 284
<211> 32
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 284
Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Val Leu Gly Ser Gly Leu Asn Arg Tyr
 1   5   10   15
Leu Thr Ile Lys Asn Ile Gln Glu Glu Asp Glu Ser Asp Tyr His Cys
            20   25   30

<210> 285
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 285
Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
 1   5   10

<210> 286
<211> 108
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 286
Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln
 1   5   10   15
Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Arg Tyr
            20   25   30
Asn Ser Val Ser Trp Tyr Gln His His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Val
        35   40   45
Met Ile Tyr Glu Val Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Ser Thr Arg Phe
    50   55   60
Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu
65   70   75   80

```
Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Tyr Thr Ser Ser
                85                  90                  95
Ser Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val
            100                 105

<210> 287
<211> 108
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 287
Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln
 1               5                  10                  15
Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr
            20                  25                  30
Asn Ser Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Pro Pro Lys Leu
        35                  40                  45
Met Ile Tyr Glu Val Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Ser Ile Arg Phe
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu
65                  70                  75                  80
Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Ser Ser Tyr Thr Ser Thr
                85                  90                  95
Ser Met Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val
            100                 105

<210> 288
<211> 108
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 288
Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln
 1               5                  10                  15
Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Asn Ser Asp Val Gly Gly Tyr
            20                  25                  30
Asn Ser Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Pro Pro Lys Leu
        35                  40                  45
Met Ile Tyr Glu Val Ser Asn Arg Pro Ser Gly Ile Ser Asn Arg Phe
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu
65                  70                  75                  80
Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Ser Ser Tyr Thr Ser Thr
                85                  90                  95
Ser Met Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val
            100                 105

<210> 289
<211> 122
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 289
Gln Val His Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
 1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Phe
            20                  25                  30
```

```
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Leu Ile Trp Asn Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Ala Ile Ala Ala Leu Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp
            100                 105                 110
Gly His Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 290
<211> 122
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 290

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
 1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Cys Val
        35                  40                  45
Ala Ile Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Arg Gly Gly Leu Ala Ala Arg Pro Gly Gly Met Asp Val Trp
            100                 105                 110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 291
<211> 121
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 291

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
 1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Phe
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Leu Ile Trp Asn Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Ala Ile Ala Ala Leu Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp
            100                 105                 110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser
```

115 120

<210> 292
<211> 119
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 292
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Ile Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Arg Gly Gly Leu Pro Gly Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 293
<211> 327
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 293
cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tctgggtctc ctggacagtc gatcaccatc 60
tcctgcactg gaaccagcag tgacgttggt ggttataact ctgtctcctg gtaccaacag 120
cacccaggca aagcccccaa actcatgatt tatgaggtca gtaatcggcc ctcaggggtt 180
tctaatcgct tctctggctc caagtctggc aacacggcct ccctgaccat ctctgggctc 240
caggctgagg acgaggctga ttattactgc aactcatata caagcaccag catggtattc 300
ggcggaggga ccaagctgac cgtccta 327

<210> 294
<211> 327
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 294
cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tctgggtctc ctggacagtc gatcaccatc 60
tcctgcactg gaaccagcag tgacgttggt ggttataact ctgtctcctg gtaccaacag 120
cacccaggca aacccccaa actcatgatt tatgaggtca gtaatcggcc ctcaggggtt 180
tctaatcgct tctctggctc caagtctggc aacacggcct ccctgaccat ctctgggctc 240
caggctgagg acgaggctga ttatttctgc agctcatata caagcaccag catggtcttc 300
ggcggaggga ccaagctgac cgtccta 327

<210> 295
<211> 318
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 295

tcctatgagc tgactcagcc accctcagtg tccgtgtccc caggacagac agccagaatc 60
acctgctctg gagataaatt gggggataaa tatgcttgct ggtatcagca gaagccaggc 120
cagtcccctg tgctggtcat ctatcaaaat accaagtggc ccttagggat ccctgagcga 180
ttctctggct ccaagtctgg gaacacagtc actctgacca tcagcgggac ccaggctatg 240
gatgaggctg actattactg tcaggcgtgg gacagcagca ctgtggtatt cggcggaggg 300
accaagctga ccgtccta 318

<210> 296
<211> 327
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 296
cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tctgggtctc ctggacagtc gatcaccatc 60
tcctgcactg gaaccagcag tgacgttggt ggttataact ctgtctcctg gtaccaacag 120
cacccaggca aagcccccaa actcatgatt tatgaggtca gtaatcggcc ctcaggggtt 180
tctaatcgct tctctggctc caagtctggc aacacggcct ccctgaccat ctctgggctc 240
caggctgagg acgaggctga ttattactgc aattcatata caagcaccag catggtattc 300
ggcggaggga ccaagctgac cgtccta 327

<210> 297
<211> 215
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 297
Glu Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln
 1   5   10   15
Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr
            20   25   30
Asn Ser Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu
        35   40   45
Met Ile Tyr Glu Val Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe
    50   55   60
Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu
65   70   75   80
Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Asn Ser Tyr Thr Ser Thr
                85   90   95
Ser Met Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln Pro
            100   105   110
Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu Leu
        115   120   125
Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr Pro
    130   135   140
Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys Ala
145   150   155   160
Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr Ala
                165   170   175
Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His Arg
            180   185   190
Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys Thr
        195   200   205
Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser
    210   215

<210> 298
<211> 230

<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 298
Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
 1   5   10   15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Leu Thr Ser Tyr
            20   25   30
Gly Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35   40   45
Gly Trp Val Ser Phe Tyr Asn Gly Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Leu
    50   55   60
Gln Gly Arg Gly Thr Met Thr Thr Asp Pro Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65   70   75   80
Met Glu Leu Arg Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85   90   95
Ala Arg Gly Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr
            100   105   110
Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro
        115   120   125
Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val
    130   135   140
Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala
145   150   155   160
Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly
                165   170   175
Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly
            180   185   190
Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys
        195   200   205
Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Ala Ala Asp Glu Val Asp
    210   215   220
His His His His His His
225   230

<210> 299
<211> 217
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 299
Glu Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln
 1   5   10   15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ala Gly
            20   25   30
Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu
        35   40   45
Leu Ile Ser Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe
    50   55   60
Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu
65   70   75   80
Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr Asp Ser Ser
                85   90   95
Leu Ser Gly Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly
            100   105   110
Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu
        115   120   125

```
Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe
    130                 135                 140
Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val
145                 150                 155                 160
Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys
                165                 170                 175
Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser
            180                 185                 190
His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu
        195                 200                 205
Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser
    210                 215
```

<210> 300
<211> 238
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 300

```
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
 1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Ser Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ser Ser Ile Ser Ser Ser Ser Ser Tyr Ile Ser Tyr Ala Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Tyr Asp Phe Trp Ser Ala Tyr Tyr Asp Ala Phe Asp Val
            100                 105                 110
Trp Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly
        115                 120                 125
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
    130                 135                 140
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
145                 150                 155                 160
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
                165                 170                 175
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
            180                 185                 190
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
        195                 200                 205
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
    210                 215                 220
Ser Cys Ala Ala Asp Glu Val Asp His His His His His His
225                 230                 235
```

<210> 301
<211> 218
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 301

```
Ala Leu Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro
```

```
 1               5                  10                  15
Gly Gln Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly
            20                  25                  30
Ser Asn Thr Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys
        35                  40                  45
Leu Leu Ile Tyr Ser Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg
    50                  55                  60
Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly
65                  70                  75                  80
Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Val Trp Asp Asp
                85                  90                  95
Ser Leu Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100                 105                 110
Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser
        115                 120                 125
Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp
    130                 135                 140
Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro
145                 150                 155                 160
Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn
                165                 170                 175
Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys
            180                 185                 190
Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val
        195                 200                 205
Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser
    210                 215
```

<210> 302
<211> 231
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 302

```
Gln Val Gln Leu Gln Gln Trp Gly Ala Gly Leu Leu Lys Pro Ser Glu
 1               5                  10                  15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Val Tyr Gly Gly Ser Phe Ser Ala Tyr
            20                  25                  30
Tyr Trp Asn Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
        35                  40                  45
Gly Glu Ile Asn His Ser Gly Arg Thr Asp Tyr Asn Pro Ser Leu Lys
    50                  55                  60
Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Lys Gln Phe Ser Leu
65                  70                  75                  80
Lys Leu Asn Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
                85                  90                  95
Arg Gly Gln Leu Val Pro Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val
            100                 105                 110
Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala
        115                 120                 125
Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu
    130                 135                 140
Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly
145                 150                 155                 160
Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser
                165                 170                 175
Gly Leu Tyr Ser His Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu
```

```
            180                 185                 190
Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr
        195                 200                 205
Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Ala Ala Asp Glu Val
    210                 215                 220
Asp His His His His His His
225                 230
```

<210> 303
<211> 680
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 303

```
Gln Glu Asp Glu Asp Gly Asp Tyr Glu Glu Leu Val Leu Ala Leu Arg
 1               5                  10                  15
Ser Glu Glu Asp Gly Leu Ala Glu Ala Pro Glu His Gly Thr Thr Ala
            20                  25                  30
Thr Phe His Arg Cys Ala Lys Asp Pro Trp Arg Leu Pro Gly Thr Tyr
        35                  40                  45
Val Val Val Leu Lys Glu Glu Thr His Leu Ser Gln Ser Glu Arg Thr
    50                  55                  60
Ala Arg Arg Leu Gln Ala Gln Ala Ala Arg Arg Gly Tyr Leu Thr Lys
65                  70                  75                  80
Ile Leu His Val Phe His Gly Leu Leu Pro Gly Phe Leu Val Lys Met
                85                  90                  95
Ser Gly Asp Leu Leu Glu Leu Ala Leu Lys Leu Pro His Val Asp Tyr
            100                 105                 110
Ile Glu Glu Asp Ser Ser Val Phe Ala Gln Ser Ile Pro Trp Asn Leu
        115                 120                 125
Glu Arg Ile Thr Pro Pro Arg Tyr Arg Ala Asp Glu Tyr Gln Pro Pro
    130                 135                 140
Asp Gly Gly Ser Leu Val Glu Val Tyr Leu Leu Asp Thr Ser Ile Gln
145                 150                 155                 160
Ser Asp His Arg Glu Ile Glu Gly Arg Val Met Val Thr Asp Phe Glu
                165                 170                 175
Asn Val Pro Glu Glu Asp Gly Thr Arg Phe His Arg Gln Ala Ser Lys
            180                 185                 190
Cys Asp Ser His Gly Thr His Leu Ala Gly Val Val Ser Gly Arg Asp
        195                 200                 205
Ala Gly Val Ala Lys Gly Ala Ser Met Arg Ser Leu Arg Val Leu Asn
    210                 215                 220
Cys Gln Gly Lys Gly Thr Val Ser Gly Thr Leu Ile Gly Leu Glu Phe
225                 230                 235                 240
Ile Arg Lys Ser Gln Leu Val Gln Pro Val Gly Pro Leu Val Val Leu
                245                 250                 255
Leu Pro Leu Ala Gly Gly Tyr Ser Arg Val Leu Asn Ala Ala Cys Gln
            260                 265                 270
Arg Leu Ala Arg Ala Gly Val Val Leu Val Thr Ala Ala Gly Asn Phe
        275                 280                 285
Arg Asp Asp Ala Cys Leu Tyr Ser Pro Ala Ser Ala Pro Glu Val Ile
    290                 295                 300
Thr Val Gly Ala Thr Asn Ala Gln Asp Gln Pro Val Thr Leu Gly Thr
305                 310                 315                 320
Leu Gly Thr Asn Phe Gly Arg Cys Val Asp Leu Phe Ala Pro Gly Glu
                325                 330                 335
Asp Ile Ile Gly Ala Ser Ser Asp Cys Ser Thr Cys Phe Val Ser Gln
```

```
            340                 345                 350
Ser Gly Thr Ser Gln Ala Ala Ala His Val Ala Gly Ile Ala Ala Met
        355                 360                 365
Met Leu Ser Ala Glu Pro Glu Leu Thr Leu Ala Glu Leu Arg Gln Arg
    370                 375                 380
Leu Ile His Phe Ser Ala Lys Asp Val Ile Asn Glu Ala Trp Phe Pro
385                 390                 395                 400
Glu Asp Gln Arg Val Leu Thr Pro Asn Leu Val Ala Ala Leu Pro Pro
                405                 410                 415
Ser Thr His Gly Ala Gly Trp Gln Leu Phe Cys Arg Thr Val Trp Ser
            420                 425                 430
Ala His Ser Gly Pro Thr Arg Met Ala Thr Ala Ile Ala Arg Cys Ala
        435                 440                 445
Pro Asp Glu Glu Leu Leu Ser Cys Ser Ser Phe Ser Arg Ser Gly Lys
    450                 455                 460
Arg Arg Gly Glu Arg Met Glu Ala Gln Gly Gly Lys Leu Val Cys Arg
465                 470                 475                 480
Ala His Asn Ala Phe Gly Gly Glu Gly Val Tyr Ala Ile Ala Arg Cys
                485                 490                 495
Cys Leu Leu Pro Gln Ala Asn Cys Ser Val His Thr Ala Pro Pro Ala
            500                 505                 510
Glu Ala Ser Met Gly Thr Arg Val His Cys His Gln Gln Gly His Val
        515                 520                 525
Leu Thr Gly Cys Ser Ser His Trp Glu Val Glu Asp Leu Gly Thr His
    530                 535                 540
Lys Pro Pro Val Leu Arg Pro Arg Gly Gln Pro Asn Gln Cys Val Gly
545                 550                 555                 560
His Arg Glu Ala Ser Ile His Ala Ser Cys Cys His Ala Pro Gly Leu
                565                 570                 575
Glu Cys Lys Val Lys Glu His Gly Ile Pro Ala Pro Gln Glu Gln Val
            580                 585                 590
Thr Val Ala Cys Glu Glu Gly Trp Thr Leu Thr Gly Cys Ser Ala Leu
        595                 600                 605
Pro Gly Thr Ser His Val Leu Gly Ala Tyr Ala Val Asp Asn Thr Cys
    610                 615                 620
Val Val Arg Ser Arg Asp Val Ser Thr Thr Gly Ser Thr Ser Glu Glu
625                 630                 635                 640
Ala Val Thr Ala Val Ala Ile Cys Cys Arg Ser Arg His Leu Ala Gln
                645                 650                 655
Ala Ser Gln Glu Leu Gln Gly Ser Ser Asp Tyr Lys Asp Asp Asp Lys
            660                 665                 670
His His His His His His His His
        675                 680
```

<210> 304
<211> 680
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 304

```
Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Leu Arg Arg Arg
 1               5                  10                  15
Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg His Arg Arg Arg Arg
            20                  25                  30
Arg Phe Arg Arg Cys Arg Arg Arg Pro Trp Arg Arg Pro Gly Arg Tyr
        35                  40                  45
Val Val Val Leu Arg Arg Arg Arg Arg Arg Ser Arg Ser Arg Glu Thr
```

```
    50                  55                  60
Ala Glu Glu Leu Gln Arg Arg Ala Arg Glu Glu Gly Arg Arg Thr Lys
65                  70                  75                  80
Ile Arg Arg Arg Phe Arg Gly Leu Leu Pro Gly Phe Leu Val Arg Met
                85                  90                  95
Arg Arg Arg Leu Arg Arg Leu Ala Arg Arg Leu Pro Arg Val Arg Tyr
            100                 105                 110
Ile Glu Glu Asp Ser Ser Val Phe Arg Gln Arg Ile Pro Arg Asn Arg
        115                 120                 125
Arg Glu Ile Arg Pro Pro Arg Tyr Arg Ala Arg Arg Arg Arg Pro Pro
    130                 135                 140
Arg Gly Gly Arg Arg Val Glu Val Tyr Leu Leu Asp Thr Arg Ile Arg
145                 150                 155                 160
Arg Arg His Glu Glu Ile Arg Gly Arg Val Arg Arg Arg Arg Phe Arg
                165                 170                 175
Arg Arg Pro Arg Arg Arg Arg Arg Glu Arg Glu Glu Arg Arg Arg Arg
            180                 185                 190
Cys Asp Arg Arg Gly Thr His Leu Ala Gly Val Val Ser Gly Glu Arg
        195                 200                 205
Ala Gly Val Ala Arg Arg Ala Arg Met Arg Ser Leu Glu Val Leu Asn
    210                 215                 220
Cys Arg Gly Arg Gly Arg Val Ser Gly Thr Leu Ile Gly Leu Glu Arg
225                 230                 235                 240
Ile Glu Arg Arg Arg Arg Arg Arg Pro Arg Arg Pro Leu Val Val Leu
                245                 250                 255
Leu Pro Leu Ala Gly Arg Tyr Ser Glu Val Leu Asn Arg Ala Cys Arg
            260                 265                 270
Arg Leu Ala Glu Arg Gly Val Val Leu Val Thr Ala Ala Gly Asn Phe
        275                 280                 285
Glu Asp Asp Ala Cys Arg Tyr Ser Pro Ala Arg Ala Pro Glu Val Ile
    290                 295                 300
Thr Val Gly Ala Thr Asn Arg Arg Arg Arg Pro Val Arg Arg Gly Arg
305                 310                 315                 320
Arg Gly Thr Asn Phe Gly Arg Cys Val Asp Leu Phe Ala Pro Gly Arg
                325                 330                 335
Arg Ile Ile Gly Ala Ser Ser Arg Cys Ser Arg Cys Arg Arg Arg Arg
            340                 345                 350
Ser Gly Thr Ser Gln Ala Ala Ala His Val Ala Gly Ile Ala Ala Arg
        355                 360                 365
Met Leu Arg Arg Arg Pro Arg Leu Arg Arg Ala Arg Leu Arg Gln Glu
    370                 375                 380
Leu Arg Arg Arg Ser Arg Arg Arg Arg Ile Arg Arg Arg Arg Phe Pro
385                 390                 395                 400
Arg Arg Arg Glu Arg Leu Thr Pro Arg Leu Val Ala Arg Leu Pro Pro
                405                 410                 415
Arg Arg Arg Arg Arg Gly Arg Arg Leu Phe Cys Arg Thr Val Trp Ser
            420                 425                 430
Arg Arg Ser Gly Pro Arg Glu Arg Ala Arg Ala Ile Ala Glu Cys Ala
        435                 440                 445
Pro Arg Glu Glu Leu Leu Ser Cys Ser Ser Phe Ser Arg Ser Gly Lys
    450                 455                 460
Arg Arg Gly Glu Arg Met Glu Arg Gln Gly Gly Lys Leu Val Cys Arg
465                 470                 475                 480
Ala His Asn Ala Arg Arg Gly Arg Gly Val Tyr Ala Ile Ala Arg Cys
                485                 490                 495
Cys Leu Leu Pro Gln Ala Arg Cys Ser Val His Arg Ala Pro Pro Ala
            500                 505                 510
```

```
Arg Arg Arg Arg Gly Thr Glu Val Arg Cys Arg Arg Arg Gly His Val
        515                 520                 525
Leu Thr Gly Cys Ser Ser His Trp Arg Arg Arg Asp Arg Gly Thr Arg
    530                 535                 540
Lys Pro Pro Arg Leu Arg Pro Glu Gly Arg Pro Arg Gln Cys Val Gly
545                 550                 555                 560
His Arg Glu Ala Ser Ile His Ala Ser Cys Cys His Ala Pro Gly Leu
                565                 570                 575
Glu Cys Arg Arg Arg Arg Arg Arg Ile Pro Ala Pro Arg Glu Arg Val
            580                 585                 590
Thr Val Arg Cys Arg Arg Gly Trp Thr Leu Thr Gly Cys Ser Ala Leu
        595                 600                 605
Pro Gly Thr Ser His Val Leu Gly Ala Tyr Ala Arg Asp Asn Thr Cys
    610                 615                 620
Val Val Arg Ser Glu Asp Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Glu
625                 630                 635                 640
Arg Val Thr Ala Val Ala Ile Cys Cys Glu Ser Glu His Leu Ala Gln
                645                 650                 655
Ala Ser Gln Glu Leu Gln Gly Ser Ser Asp Tyr Lys Asp Asp Asp Lys
            660                 665                 670
His His His His His His His His
        675                 680
```

<210> 305
<211> 14
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 305
Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Ser Val Ser
 1   5   10

<210> 306
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 306
Glu Val Ser Asn Arg Pro Ser
 1   5

<210> 307
<211> 9
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 307
Ser Ser Tyr Thr Ser Thr Ser Met Val
 1   5

<210> 308
<211> 5
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 308
Ser Tyr Gly Ile Ser

1 5

<210> 309
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 309
Trp Ile Ser Ala Tyr Asn Gly Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Val Gln
1 5 10 15
Gly

<210> 310
<211> 6
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 310
Gly Tyr Gly Met Asp Val
1 5

<210> 311
<211> 14
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 311
Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Arg Tyr Asn Ser Val Ser
1 5 10

<210> 312
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 312
Glu Val Ser Asn Arg Pro Ser
1 5

<210> 313
<211> 9
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 313
Ser Ser Tyr Thr Ser Ser Ser Val Val
1 5

<210> 314
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 314
Trp Ile Ser Ala Tyr Asn Gly Asn Thr Asn Tyr Ala Glu Lys Leu Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 315
<211> 6
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 315
Gly Tyr Val Met Asp Val
1 5

<210> 316
<211> 14
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 316
Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Ala Tyr Asn Ser Val Ser
1 5 10

<210> 317
<211> 9
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 317
Ser Ser Tyr Thr Ser Thr Asn Met Val
1 5

<210> 318
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 318
Trp Val Ser Ala Tyr Asn Gly Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15
Gly

<210> 319
<211> 9
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 319
Asn Ser Tyr Thr Ser Thr Ser Met Val
1 5

<210> 320
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 320
Trp Val Ser Phe Tyr Asn Gly Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Leu Gln

1 5 10 15
Gly

<210> 321
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 321
Glu Val Thr Asn Arg Pro Ser
1 5

<210> 322
<211> 14
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 322
Thr Gly Thr Asn Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Ser Val Ser
1 5 10

<210> 323
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 323
Trp Ile Ser Val Tyr Asn Gly Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Val Gln
1 5 10 15
Gly

<210> 324
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 324
Trp Ile Ser Phe Tyr Asn Gly Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Val Gln
1 5 10 15
Gly

<210> 325
<211> 13
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 325
Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe Val Ser
1 5 10

<210> 326
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 326
Asp Tyr Asn Lys Arg Pro Ser
 1   5

<210> 327
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 327
Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Ser Gly Tyr Val
 1   5   10

<210> 328
<211> 5
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 328
Ser Phe Gly Met His
 1   5

<210> 329
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 329
Leu Ile Trp Asn Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
 1   5   10   15
Gly

<210> 330
<211> 13
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 330
Ala Ile Ala Ala Leu Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val
 1   5   10

<210> 331
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 331
Asp Ser Asn Lys Arg Pro Ser
 1   5

<210> 332
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 332
Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Ser Ala Tyr Val
1 5 10

<210> 333
<211> 5
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 333
Ser Tyr Gly Met His
1 5

<210> 334
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 334
Leu Ile Trp His Asp Gly Ser Asn Thr Tyr Tyr Val Asp Ser Val Lys
1 5 10 15
Gly

<210> 335
<211> 13
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 335
Gly Ile Ala Val Ala Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val
1 5 10

<210> 336
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 336
Leu Ile Trp Ser Asp Gly Ser Asp Glu Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
1 5 10 15
Gly

<210> 337
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 337
Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Ser Ser Tyr Val
1 5 10

<210> 338
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 338
Leu Ile Trp Ser Asp Gly Ser Asp Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
1 5 10 15
Gly

<210> 339
<211> 13
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 339
Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Lys Thr Val Asn
1 5 10

<210> 340
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 340
Ser Asn Asn Arg Arg Pro Ser
1 5

<210> 341
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 341
Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu Asn Trp Val
1 5 10

<210> 342
<211> 4
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 342
Tyr Trp Met Ser
1

<210> 343
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 343
Asn Ile Lys Gln Asp Gly Ser Glu Lys Tyr Tyr Val Asp Ser Val Lys
1 5 10 15
Gly

<210> 344
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 344
Glu Ser Asn Trp Gly Phe Ala Phe Asp Ile
1 5 10

<210> 345
<211> 13
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 345
Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Thr Val Asn
1 5 10

<210> 346
<211> 5
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 346
Arg Tyr Trp Met Ser
1 5

<210> 347
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 347
Asn Ile Lys His Asp Gly Ser Glu Lys Tyr Tyr Val Asp Ser Val Lys
1 5 10 15
Gly

<210> 348
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 348
Glu Ser Asn Trp Gly Phe Ala Phe Asp Val
1 5 10

<210> 349
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 349
Arg Asn Asn Gln Arg Pro Leu
1 5

<210> 350
<211> 5
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 350
Ser Tyr Trp Met Ser
 1   5

<210> 351
<211> 5
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 351
Asn Phe Trp Met Ser
 1   5

<210> 352
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 352
Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Tyr Leu Asn
 1   5   10

<210> 353
<211> 6
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 353
Ala Ala Ser Leu Gln Ser
 1   5

<210> 354
<211> 8
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 354
Gln Gln Ser Tyr Ser Pro Ile Thr
 1   5

<210> 355
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 355
Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ile Tyr Leu Asn
 1   5   10

<210> 356
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 356
Ala Ala Ala Ser Leu Gln Ser
 1   5

<210> 357
<211> 9
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 357
Gln Gln Ser Tyr Ser Ala Pro Ile Thr
 1   5

<210> 358
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 358
Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Tyr Leu Asn
 1   5   10

<210> 359
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 359
Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser
 1   5

<210> 360
<211> 9
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 360
Gln Gln Ser Tyr Ser Ser Pro Ile Thr
 1   5

<210> 361
<211> 5
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 361
Ser Tyr Ala Met Asn
 1   5

<210> 362
<211> 16
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 362
Thr Ile Ser Gly Ser Gly Asn Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
 1   5   10   15

<210> 363
<211> 12

<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 363
Lys Phe Val Leu Met Val Tyr Ala Met Leu Asp Tyr
 1   5   10

<210> 364
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 364
Thr Ile Ser Gly Ser Gly Gly Asn Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
 1   5   10   15
Gly

<210> 365
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 365
Thr Ile Ser Gly Ser Gly Asp Asn Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
 1   5   10   15
Gly

<210> 366
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 366
Gly Tyr Ser Leu Thr Ser Tyr Gly Ile Ser
 1   5   10

<210> 367
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 367
Gly Tyr Ala Leu Thr Ser Tyr Gly Ile Ser
 1   5   10

<210> 368
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 368
Gly Tyr Thr Leu Thr Ser Tyr Gly Ile Ser
 1   5   10

<210> 369

<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 369
Gly Tyr Ser Phe Thr Ser Tyr Gly Ile Ser
 1   5   10

<210> 370
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 370
Gly Tyr Thr Phe Pro Ser Tyr Gly Ile Ser
 1   5   10

<210> 371
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 371
Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr Trp Met Ser
 1   5   10

<210> 372
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 372
Gly Phe Thr Phe Ser Arg Tyr Trp Met Ser
 1   5   10

<210> 373
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 373
Gly Leu Thr Phe Ser Asn Phe Trp Met Ser
 1   5   10

<210> 374
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 374
Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr Ala Met Asn
 1   5   10

<210> 375
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 375
Gly Phe Thr Phe Asn Ser Phe Gly Met His
1 5 10

<210> 376
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 376
Gly Phe Thr Phe Arg Ser Tyr Gly Met His
1 5 10

<210> 377
<211> 16
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 377
Asn Ile Lys Gln Asp Gly Ser Glu Lys Tyr Val Asp Ser Val Lys Gly
1 5 10 15

<210> 378
<211> 16
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 378
Asn Ile Lys His Asp Gly Ser Glu Lys Tyr Val Asp Ser Val Lys Gly
1 5 10 15

<210> 379
<211> 16
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 379
Thr Ile Ser Gly Ser Gly Asp Asn Thr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
1 5 10 15

<210> 380
<211> 16
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 380
Thr Ile Ser Gly Ser Gly Gly Asn Thr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
1 5 10 15

<210> 381
<211> 16
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 381
Leu Ile Trp Asn Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly

1 5 10 15

<210> 382
<211> 16
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 382
Leu Ile Trp Ser Asp Gly Ser Asp Glu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
1 5 10 15

<210> 383
<211> 16
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 383
Leu Ile Trp Ser Asp Gly Ser Asp Lys Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
1 5 10 15

<210> 384
<211> 16
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 384
Leu Ile Trp His Asp Gly Ser Asn Thr Tyr Val Asp Ser Val Lys Gly
1 5 10 15

<210> 385
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 385
Glu Ser Asn Trp Gly Phe Ala Phe Asp Ile
1 5 10

<210> 386
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 386
Glu Ser Asn Trp Gly Phe Ala Phe Asp Val
1 5 10

<210> 387
<211> 6
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 387
Gly Tyr Val Met Asp Val
1 5

<210> 388
<211> 11

<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 388
Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ile Tyr Leu Asn
 1   5   10

<210> 389
<211> 14
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 389
Thr Gly Thr Asn Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Ser Val Ser
 1   5   10

<210> 390
<211> 14
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 390
Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Ala Tyr Asn Ser Val Ser
 1   5   10

<210> 391
<211> 14
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 391
Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Arg Tyr Asn Ser Val Ser
 1   5   10

<210> 392
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 392
Arg Asn Asn Gln Arg Pro Leu
 1   5

<210> 393
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 393
Ala Ala Ala Ser Leu Gln Ser
 1   5

<210> 394
<211> 9
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 394
Gln Gln Ser Tyr Ser Ala Pro Ile Thr
1 5

<210> 395
<211> 9
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 395
Asn Ser Tyr Thr Ser Thr Ser Met Val
1 5

<210> 396
<211> 9
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 396
Ser Ser Tyr Thr Ser Ser Ser Val Val
1 5

<210> 397
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 397
Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu Asn Trp Val
1 5 10

<210> 398
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 398
Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Ser Ser Tyr Val
1 5 10

<210> 399
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 399
Gly Thr Trp Asp Ser Ser Leu Ser Ala Tyr Val
1 5 10

<210> 400
<211> 116
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 400
Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu
1 5 10 15

```
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
        35                  40                  45
Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys
    50                  55                  60
Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu
65                  70                  75                  80
Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
                85                  90                  95
Arg Tyr Ser Ser Gly Trp Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val
            100                 105                 110
Thr Val Ser Ser
        115
```

<210> 401
<211> 118
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 401

```
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
 1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Val Val Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Asn Ile Lys Gln Asp Gly Ser Glu Lys Tyr Tyr Val Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Glu Ser Asn Trp Gly Phe Ala Phe Asp Ile Trp Gly Gln Gly
            100                 105                 110
Thr Met Val Thr Val Ser
        115
```

<210> 402
<211> 115
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 402

```
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
 1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Asn Ile Lys Gln Asp Gly Ser Glu Lys Tyr Tyr Val Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asn Trp Gly Ala Phe Asp Ile Trp Gly Gln Gly Thr Met Val
```

100 105 110
Thr Val Ser
115

<210> 403
<211> 6
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 403
Glu Asn Leu Tyr Phe Gln
1 5

<210> 404
<211> 14
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 1
<223> Xaa= D, A, R hoặc không axit amin
<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 2
<223> Xaa=Y, I, G hoặc không axit amin

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 3
<223> Xaa=D, A, G hoặc không axit amin
<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 4
<223> Xaa=F, A, L hoặc không axit amin

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 5
<223> Xaa=W, L, A hoặc không axit amin

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 6
<223> Xaa=S, Y, A hoặc không axit amin

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (7)...(7)
<223> Xaa=A, Y, R hoặc không axit amin

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (8)...(8)
<223> Xaa=Y, P hoặc không axit amin

<220>

<221> BIẾN THỂ
<222> (9)...(9)
<223> Xaa=Y, G hoặc không axit amin

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (10)...(10)
<223> Xaa=D, G hoặc không axit amin

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (11)...(11)
<223> Xaa=A, M hoặc không axit amin

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (12)...(12)
<223> Xaa=F,D hoặc không axit amin

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (13)...(13)
<223> Xaa=D, V hoặc không axit amin

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (14)...(14)
<223> Xaa=V hoặc không axit amin

<400> 404
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 1   5   10

<210> 405
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 1
<223> Xaa=Q hoặc G

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 2
<223> Xaa=S, T, A hoặc không axit amin

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 3
<223> Xaa=Y, W hoặc không axit amin

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 4
<223> Xaa=D hoặc không axit amin

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 5
<223> Xaa=S hoặc không axit amin

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 6
<223> Xaa=S hoặc không axit amin

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (7)...(7)
<223> Xaa=L, T hoặc không axit amin

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (8)...(8)
<223> Xaa=A, S hoặc không axit amin

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (9)...(9)
<223> Xaa=G, A, V hoặc không axit amin

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (10)...(10)
<223> Xaa=S, Y, V hoặc không axit amin

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (11)...(11)
<223> Xaa=V hoặc không axit amin

<400> 405
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 1   5   10

<210> 406
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 1
<223> Xaa=G

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 2
<223> Xaa=Y, F hoặc G

<220>
<221> BIẾN THỂ

<222> 3
<223> Xaa=T hoặc S

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 4
<223> Xaa=L hoặc F

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 5
<223> Xaa=T, S hoặc N

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 6
<223> Xaa=S hoặc A

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (7)...(7)
<223> Xaa=Y hoặc F

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (8)...(8)
<223> Xaa=G, S hoặc Y

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (9)...(9)
<223> Xaa=I, M hoặc W

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (10)...(10)
<223> Xaa=S, N hoặc H

<400> 406
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 1   5   10

<210> 407
<211> 14
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 1
<223> Xaa=T hoặc không axit amin

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 2
<223> Xaa=G hoặc S

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 3
<223> Xaa=S, T hoặc G

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 4
<223> Xaa=S

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 5
<223> Xaa=S

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 6
<223> Xaa=N, D hoặc S

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (7)...(7)
<223> Xaa=I, V hoặc N

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (8)...(8)
<223> Xaa=G hoặc I

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (9)...(9)
<223> Xaa=A hoặc G

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (10)...(10)
<223> Xaa=G, Y, S hoặc N

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (11)...(11)
<223> Xaa=Y hoặc N

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (12)...(12)
<223> Xaa=D, S, T hoặc F

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (13)...(13)
<223> Xaa=V

<220>
<221> BIẾN THỂ

<222> (14)...(14)
<223> Xaa=S, N hoặc H

<400> 407
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 1   5   10

<210> 408
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 1
<223> Xaa=W, S, L hoặc không axit amin

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 2
<223> Xaa=V, I hoặc E

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 3
<223> Xaa=S, W hoặc I

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 4
<223> Xaa=F, S hoặc N

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 5
<223> Xaa=Y, S, D hoặc H

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 6
<223> Xaa=N, S hoặc G

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (7)...(7)
<223> Xaa=S hoặc G

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (8)...(8)
<223> Xaa=N, Y, D hoặc R

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (9)...(9)
<223> Xaa=T, I hoặc E

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (10)...(10)
<223> Xaa=N, S, Y hoặc D

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (11)...(11)
<223> Xaa=Y

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (12)...(12)
<223> Xaa=A và N

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (13)...(13)
<223> Xaa=Q, D hoặc P

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (14)...(14)
<223> Xaa=K hoặc S

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (15)...(15)
<223> Xaa=L hoặc V

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (16)...(16)
<223> Xaa=Q hoặc K

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (17)...(17)
<223> Xaa=G hoặc S

<400> 408
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 1   5   10   15
Xaa

<210> 409
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 1
<223> Xaa=G, E, S hoặc D

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 2
<223> Xaa=N, V hoặc Y

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 3
<223> Xaa=S hoặc N

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 4
<223> Xaa=N, Q hoặc K

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 5
<223> Xaa=R

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 6
<223> Xaa=P

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (7)...(7)
<223> Xaa=S

<400> 409
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 1   5

<210> 410
<211> 14
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 1
<223> Xaa=D hoặc không axit amin

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 2
<223> Xaa=Y, A hoặc không axit amin

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 3
<223> Xaa=D, I hoặc không axit amin

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 4

<223> Xaa=F, A hoặc không axit amin

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 5
<223> Xaa=W, A hoặc không axit amin

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 6
<223> Xaa=S, L hoặc không axit amin

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (7)...(7)
<223> Xaa=A, Y, G hoặc không axit amin

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (8)...(8)
<223> Xaa=Y, Q hoặc không axit amin

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (9)...(9)
<223> Xaa=G, Y hoặc L

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (10)...(10)
<223> Xaa=Y, D hoặc V

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (11)...(11)
<223> Xaa=G, A hoặc P

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (12)...(12)
<223> Xaa=M hoặc F

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (13)...(13)
<223> Xaa=D

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (14)...(14)
<223> Xaa=V hoặc Y

<400> 410
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 1   5   10

<210> 411

<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 1
<223> Xaa=Q, A, G hoặc không axit amin

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 2
<223> Xaa=S, V, T hoặc không axit amin

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 3
<223> Xaa=Y, N hoặc W

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 4
<223> Xaa=S hoặc D

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 5
<223> Xaa=S, Y hoặc D

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 6
<223> Xaa=S hoặc T

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (7)...(7)
<223> Xaa=L hoặc S

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (8)...(8)
<223> Xaa=S, T hoặc N

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (9)...(9)
<223> Xaa=G, S hoặc A

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (10)...(10)
<223> Xaa=S, M, W hoặc Y

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (11)...(11)

<223> Xaa=V

<400> 411
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 1   5   10

<210> 412
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 1
<223> Xaa=G, P hoặc A

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 2
<223> Xaa=Y, W, F, T hoặc S

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 3
<223> Xaa=T, P, S, A, C, V, L hoặc I

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 4
<223> Xaa=L, F, I, V, M, A hoặc Y

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 5
<223> Xaa=T, P, S hoặc A

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 6
<223> Xaa=S, T, A hoặc C

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (7)...(7)
<223> Xaa=Y, W, F, T hoặc S

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (8)...(8)
<223> Xaa=G, P hoặc A

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (9)...(9)
<223> Xaa=I, L, V, M, A hoặc F

<220>

<221> BIẾN THỂ
<222> (10)...(10)
<223> Xaa=S, T, A hoặc C

<400> 412
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 1   5   10

<210> 413
<211> 14
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 1
<223> Xaa=T hoặc S

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 2
<223> Xaa=G, P hoặc A

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 3
<223> Xaa=T hoặc S

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 4
<223> Xaa=S, N, T, A, C hoặc Q

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 5
<223> Xaa=S, T, A hoặc C

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 6
<223> Xaa=D hoặc E

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (7)...(7)
<223> Xaa=V, I, M, L, F hoặc A

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (8)...(8)
<223> Xaa=G, P hoặc A

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (9)...(9)
<223> Xaa=G, A, R, P, V, L, I, K, Q hoặc N

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (10)...(10)
<223> Xaa=Y, W, F, T hoặc S

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (11)...(11)
<223> Xaa=N hoặc Q

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (12)...(12)
<223> Xaa=Y, S, W, F, T, S, T, A hoặc C

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (13)...(13)
<223> Xaa=V, I, M, L, F, hoặc A

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (14)...(14)
<223> Xaa=S, T, A hoặc C

<400> 413
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 1   5   10

<210> 414
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 1
<223> Xaa=W, Y hoặc F

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 2
<223> Xaa=V, I, M, L, F hoặc A

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 3
<223> Xaa=S, T, A hoặc C

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 4
<223> Xaa=A, F, V, L, I, Y hoặc M

<220>

<221> BIẾN THỂ
<222> 5
<223> Xaa=Y, W, F, T hoặc S

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 6
<223> Xaa=N hoặc Q

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (7)...(7)
<223> Xaa=G, P hoặc A

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (8)...(8)
<223> Xaa=N hoặc Q

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (9)...(9)
<223> Xaa=T hoặc S

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (10)...(10)
<223> Xaa=N hoặc Q

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (11)...(11)
<223> Xaa=Y, W, F, T hoặc S

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (12)...(12)
<223> Xaa=A, V, L hoặc I

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (13)...(13)
<223> Xaa=Q, E, N hoặc D

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (14)...(14)
<223> Xaa=K, R, Q hoặc N

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (15)...(15)
<223> Xaa=L, F, V, I, M, A hoặc Y

<220>
<221> BIẾN THỂ

<222> (16)...(16)
<223> Xaa=Q hoặc N

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (17)...(17)
<223> Xaa=G, P hoặc A

<400> 414
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 1   5   10   15
Xaa

<210> 415
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 1
<223> Xaa=E hoặc D

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 2
<223> Xaa=V, I, M, L, F hoặc A

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 3
<223> Xaa=S, T, A hoặc C

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 4
<223> Xaa=N hoặc Q

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 5
<223> Xaa=R, K, Q hoặc N

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 6
<223> Xaa=P hoặc A

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (7)...(7)
<223> Xaa=S, T, A hoặc C

<400> 415
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 1   5

<210> 416
<211> 6
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 1
<223> Xaa=G, P, A hoặc không axit amin

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 2
<223> Xaa=Y, W, F, T hoặc S

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 3
<223> Xaa=G, V, P, A, I, M, L hoặc F

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 4
<223> Xaa=M, L, F hoặc I

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 5
<223> Xaa=D hoặc E

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 6
<223> Xaa=V, I, M, L, F hoặc A

<400> 416
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 1   5

<210> 417
<211> 9
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 1
<223> Xaa=S, N, T, A, C hoặc Q

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 2
<223> Xaa=S, T, A hoặc C

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 3

<223> Xaa=Y, W, F, T hoặc S

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 4
<223> Xaa=T hoặc S

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 5
<223> Xaa=S, T, A hoặc C

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> 6
<223> Xaa=S, T, A hoặc C

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (7)...(7)
<223> Xaa=N, S, Q, T, A hoặc C

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (8)...(8)
<223> Xaa=M, V, L, F, I hoặc A

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (9)...(9)
<223> Xaa=V, I, M, L, F hoặc A

<400> 417
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 1   5

<210> 418
<211> 363
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 418
caggtgcagg tggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tacactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaaccctc acagtggtgg cgcaaactat 180
gcacagaagt ttcagggcag ggtcaccatg accagggaca cgtccatcag cacagcctac 240
atggagctga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gagaggcaac 300
tggaactacg actactacgg tatggacgtc tggggccaag ggaccacggt caccgtctcc 360
tca   363

<210> 419
<211> 121
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 419
Gln Val Gln Val Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

```
 1               5                  10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Trp Ile Asn Pro His Ser Gly Gly Ala Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Gly Asn Trp Asn Tyr Asp Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly
            100                 105                 110
Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 420
<211> 321
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 420
gacatccaga tgacccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60
atcacttgcc gggcgagtca ggacattagc aattatttag cctggtatca gcagaaacca 120
gggaaagttc ctaagctcct gatctatgct gcatccactt tgcaatcagg ggtcccatct 180
cggttcagtg gcagtggatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag cctacagcct 240
gaagatgttg caacttattt ctgtcaaagg tatcagattg ccccattcac tttcggccct 300
gggaccaagg tggatatcaa a   321

<210> 421
<211> 107
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 421
```
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
 1               5                  10                  15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr
            20                  25                  30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
        35                  40                  45
Tyr Ala Ala Ser Thr Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65                  70                  75                  80
Glu Asp Val Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Arg Tyr Gln Ile Ala Pro Phe
                85                  90                  95
Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
            100                 105
```

<210> 422
<211> 366
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 422
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atctggtatg atggaagtac taaatactat 180
gcagactccg tgaagggccg atccaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gaggtcagtg 300
gctggttacc actactacta cggtatggac gtctggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360
tcctca 366

<210> 423
<211> 122
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 423
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
 1   5   10   15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20   25   30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35   40   45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Thr Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
    50   55   60
Lys Gly Arg Ser Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65   70   75   80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85   90   95
Ala Arg Ser Val Ala Gly Tyr His Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp
            100   105   110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
        115   120

<210> 424
<211> 324
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 424
tcttctgagc tgactcagga ccctgctgtg tctgtggcct tgggacagac agtcaggatc 60
acatgccaag gagacagcct cagaggctat tatgcaacct ggtaccagca gaagccaaga 120
caggcccctg tacttgtcat ctatggtaaa aactaccggc cctcagggat cccagaccga 180
ttctctggct ccacctcagg aaacacagct tccttgacca tcactggggc tcaggcggaa 240
gatgaggctg actattactg taactcccgg gacagcattg gtaaccatct ggtgttcggc 300
ggagggacca agctgaccgt ccta 324

<210> 425
<211> 108
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 425
Ser Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Gly Gln
 1   5   10   15
Thr Val Arg Ile Thr Cys Gln Gly Asp Ser Leu Arg Gly Tyr Tyr Ala
            20   25   30
Thr Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Arg Gln Ala Pro Val Leu Val Ile Tyr
        35   40   45
Gly Lys Asn Tyr Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser
    50   55   60

```
Thr Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu
65                  70                  75                  80
Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Asn Ser Arg Asp Ser Ile Gly Asn His
                85                  90                  95
Leu Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100                 105
```

<210> 426
<211> 366
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 426
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggct tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggttag atggaagtaa taaatactat 180
gcagactccg tgaagggccg atccaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gaggtcagtg 300
gctggttacc actactacta cggtatggac gtctggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360
tcctca 366

<210> 427
<211> 122
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 427
```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
 1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Leu His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Leu Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Ser Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Ser Val Ala Gly Tyr His Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp
            100                 105                 110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 428
<211> 324
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 428
tcttctgagc tgactcagga ccctgctgtg tctgtggcct tgggacagac agtcaggatc 60
acatgccaag gagacagcct cagaagttat tatggaagct ggtaccagca gaagccaaga 120
caggcccctg tacttgtcat ctttggtaaa aacaaccggc cctcagggat cccagaccga 180
ttctctggct ccacctcagg aaacacagct tccttgacca tcactggggc tcaggcggaa 240
gatgaggctg actattactg taactcacgg gacatcattg gtgaccatct gctgttcggc 300
ggagggacca agctgaccgt ccta 324

<210> 429
<211> 108
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 429
Ser Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Gly Gln
 1   5   10   15
Thr Val Arg Ile Thr Cys Gln Gly Asp Ser Leu Arg Ser Tyr Tyr Gly
            20   25   30
Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Arg Gln Ala Pro Val Leu Val Ile Phe
        35   40   45
Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser
    50   55   60
Thr Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu
65   70   75   80
Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Asn Ser Arg Asp Ile Ile Gly Asp His
                85   90   95
Leu Leu Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100   105

<210> 430
<211> 366
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 430
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagt ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagg aactatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtttg atggaagtaa taaatactat 180
gcagactccg tgaagggccg atccaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgctaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gaggtcagtg 300
gctggttacc actactacta cggtatggac gtctggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360
tcctca   366

<210> 431
<211> 122
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 431
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Ser Gly Arg
 1   5   10   15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Arg Asn Tyr
            20   25   30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35   40   45
Ala Val Ile Trp Phe Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
    50   55   60
Lys Gly Arg Ser Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65   70   75   80
Leu Leu Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85   90   95
Ala Arg Ser Val Ala Gly Tyr His Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp
            100   105   110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 432
<211> 324
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 432
tcttctgagc tgactcagga ccctgctgtg tctgtggcct tgggacagac agtcaggatc 60
acatgccagg gagacagcct cagaagctat tatgcaagct ggtaccagca gaagccaaga 120
caggcccctg tacttgtcat ctatggtaaa aacaaccggc cctcagggat cccagaccga 180
atctctggct ccacctcagg aaacacagct tccttgacca tcactggggc tcaggcggaa 240
gatgaggctg actattactg taaatcccgg gacatcattg gtgaccatct ggtgttcggc 300
ggagggacca aactgaccgt ccta 324

<210> 433
<211> 108
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 433
Ser Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Gly Gln
1 5 10 15
Thr Val Arg Ile Thr Cys Gln Gly Asp Ser Leu Arg Ser Tyr Tyr Ala
20 25 30
Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Arg Gln Ala Pro Val Leu Val Ile Tyr
35 40 45
Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Ile Ser Gly Ser
50 55 60
Thr Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu
65 70 75 80
Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Lys Ser Arg Asp Ile Ile Gly Asp His
85 90 95
Leu Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105

<210> 434
<211> 342
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 434
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtaa taaatactat 180
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgt gagagatcgg 300
ggactggact ggggccaggg aaccctggtc accgtctcct ca 342

<210> 435
<211> 114
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 435
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

```
 1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Val Arg Asp Arg Gly Leu Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val
            100                 105                 110
Ser Ser
```

<210> 436
<211> 324
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 436
tcttctgagc tgactcagga ccctgctgtg tctgtggcct tgggacagac agtcaggatc 60
acatgccaag gagacagcct cagaggctat tatgcaagct ggtaccagca gaagccaaga 120
caggcccctg tacttgtcat ctatggtaaa aacaaccggc cctcagggat cccagaccga 180
ttctctggct ccacctcagg aaacacagct tccttgacca tcactggggc tcaggcggaa 240
gatgaggctg actattactg taagtcccgg gacagcagtg gtgaccatct ggtgttcggc 300
ggagggacca agctgaccgt ccta 324

<210> 437
<211> 108
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 437
```
Ser Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Gly Gln
 1               5                  10                  15
Thr Val Arg Ile Thr Cys Gln Gly Asp Ser Leu Arg Gly Tyr Tyr Ala
            20                  25                  30
Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Arg Gln Ala Pro Val Leu Val Ile Tyr
        35                  40                  45
Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser
    50                  55                  60
Thr Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu
65                  70                  75                  80
Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Lys Ser Arg Asp Ser Ser Gly Asp His
                85                  90                  95
Leu Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100                 105
```

<210> 438
<211> 366
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 438
caggtgcagg tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt aactatggca tgcactgggt ccgccaggct 120

ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atttggtatg atggaagtag taaatactat 180
gcagactccg tgaagggccg atccaccatc tccagagaca attccaagaa cacggtgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gaggtcagtg 300
gctggttacc actactacta cggtatggac gtctggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360
tcctca 366

<210> 439
<211> 122
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 439
Gln Val Gln Val Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Gly
 1   5   10   15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr
            20   25   30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35   40   45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Ser Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
    50   55   60
Lys Gly Arg Ser Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Val Tyr
65   70   75   80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85   90   95
Ala Arg Ser Val Ala Gly Tyr His Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp
            100   105   110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
        115   120

<210> 440
<211> 324
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 440
tcttctgagc tgactcagga ccctgctgtg tctgtggcct tgggacagac agtcaggatc 60
acatgccaag gagacagcct cagaggctat tatgcaagct ggtaccagca gaagccaaga 120
caggcccctg tacttgtcat ctatggtaaa aacaaccggc cctcagggat cccagaccga 180
ttctctggct ccacctcagg aaacacagct tccttgacca tcactggggc tcaggcggaa 240
gatgaggctg actattactg taagtcccgg gacagcagtg gtgaccatct ggtgttcggc 300
ggagggacca agctgaccgt ccta 324

<210> 441
<211> 108
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 441
Ser Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Gly Gln
 1   5   10   15
Thr Val Arg Ile Thr Cys Gln Gly Asp Ser Leu Arg Gly Tyr Tyr Ala
            20   25   30
Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Arg Gln Ala Pro Val Leu Val Ile Tyr
        35   40   45
Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser
    50   55   60
Thr Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu

```
65                  70                  75                  80
Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Lys Ser Arg Asp Ser Ser Gly Asp His
                85                  90                  95
Leu Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100                 105
```

<210> 442
<211> 366
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 442
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagtctc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaagtta taaagactat 180
gcagactccg tgaagggccg atccaccatc tccagagaca actccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attattgtgc gaggtcagtg 300
gctggttacc actactacta cggtatggac gtctggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360
tcctca 366

<210> 443
<211> 122
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 443
```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
 1               5                  10                  15
Ser Leu Ser Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Tyr Lys Asp Tyr Ala Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Ser Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Ser Val Ala Gly Tyr His Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp
            100                 105                 110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 444
<211> 324
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 444
tcttctgagc tgactcagga ccctgctgtg tctgtggcct tgggacagac agtcaggatc 60
acatgccaag gagacagcct cagaacctat tatgcaagct ggtaccagca gaagccaaga 120
caggccccta ttcttgtcat ctatggtaaa aacaaccggc cctcagggat cccagaccga 180
ttctctggct ccacctcagg aatcacagct tccttgacca tcactggggc tcaggcggaa 240
gatgaggctg actattactg taaatcccgg gacatcattg gtaaccatct gctgttcggc 300
ggagggacta agctgaccgt ccta 324

<210> 445

<211> 108
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 445
Ser Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Gly Gln
 1   5   10   15
Thr Val Arg Ile Thr Cys Gln Gly Asp Ser Leu Arg Thr Tyr Tyr Ala
            20   25   30
Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Arg Gln Ala Pro Ile Leu Val Ile Tyr
        35   40   45
Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser
    50   55   60
Thr Ser Gly Ile Thr Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu
65   70   75   80
Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Lys Ser Arg Asp Ile Ile Gly Asn His
                85   90   95
Leu Leu Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100   105

<210> 446
<211> 375
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 446
caggtgcagc tggtggcgtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccctcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggccagg ggctggagtg ggtggcagtc atatggtatg atggaagtaa caaatactat 180
gcagcctccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagtctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagaggggt 300
ggttcgggga gtcatcgcta ctactactac ggtatggacg tctggggcca agggaccacg 360
gtcaccgtct cctca 375

<210> 447
<211> 125
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 447
Gln Val Gln Leu Val Ala Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
 1   5   10   15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Leu Ser Ser Tyr
            20   25   30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Val
        35   40   45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Ala Ser Val
    50   55   60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65   70   75   80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85   90   95
Ala Arg Gly Gly Gly Ser Gly Ser His Arg Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met
            100   105   110
Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
        115   120   125

<210> 448
<211> 324
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 448
tcttctgagc tgactcagga ccctgctgtg tctgtggcct tgggacagac agtcaggatc 60
acatgccaag gagacagcct cagaacctat tatgcaagct ggtaccagca gaagccaaga 120
caggccccta ttcttgtcat ctatggtaaa aacaaccggc cctcagggat cccagaccga 180
ttctctggct ccacctcagg aatcacagct tccttgacca tcactggggc tcaggcggaa 240
gatgaggctg actattactg taaatcccgg gacatcattg gtaaccatct gctgttcggc 300
ggagggacta agctgaccgt ccta 324

<210> 449
<211> 108
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 449
Ser Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Gly Gln
 1   5   10   15
Thr Val Arg Ile Thr Cys Gln Gly Asp Ser Leu Arg Thr Tyr Tyr Ala
            20   25   30
Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Arg Gln Ala Pro Ile Leu Val Ile Tyr
        35   40   45
Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser
    50   55   60
Thr Ser Gly Ile Thr Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu
65   70   75   80
Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Lys Ser Arg Asp Ile Ile Gly Asn His
                85   90   95
Leu Leu Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100   105

<210> 450
<211> 366
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 450
caggtgcaag tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt aactatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaggtaa taaatactat 180
gcagactccg tgaagggccg atccatcatc tccagagaca attccaagag cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgttt attattgtgc gaggtcagtg 300
gctggttacc attattacta cggtatggac gtctggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360
gcctca 366

<210> 451
<211> 122
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 451
Gln Val Gln Val Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
 1   5   10   15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

```
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Gly Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Ser Ile Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Ser Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Ser Val Ala Gly Tyr His Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp
            100                 105                 110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ala Ser
        115                 120
```

<210> 452
<211> 327
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 452
cagtctgccc tgactcagcc tgcctccgtg tctgggtctc ctggacagtc gatcaccatc 60
tcctgcactg gaaccagcag tgacgttggt ggttataact ctgtctcctg gtaccaacag 120
cacccaggca aacccccaa actcatgatt tatgaggtca gtaatcggcc ctcagggatt 180
tctaatcgct tctctggctc caagtctggc aacacggcct ccctgaccat ctctgggctc 240
caggctgagg acgaggctga ttatttctgc agctcatata caagcaccag catggtcttc 300
ggcggaggga ccaagctggc cgtccta 327

<210> 453
<211> 109
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 453
```
Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln
 1               5                  10                  15
Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr
            20                  25                  30
Asn Ser Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Pro Pro Lys Leu
        35                  40                  45
Met Ile Tyr Glu Val Ser Asn Arg Pro Ser Gly Ile Ser Asn Arg Phe
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu
65                  70                  75                  80
Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Ser Ser Tyr Thr Ser Thr
                85                  90                  95
Ser Met Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Ala Val Leu
            100                 105
```

<210> 454
<211> 366
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 454
caggtgcaag tggtggagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt aactatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatggtatg atggaggtaa taaatactat 180

gcagactccg tgaagggccg atccatcatc tccagagaca attccaagag cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgttt attattgtgc gaggtcagtg 300
gctggttacc attattacta cggtatggac gtctggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360
gcctca 366

<210> 455
<211> 122
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 455
Gln Val Gln Val Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
 1   5   10   15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr
            20   25   30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35   40   45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Gly Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
    50   55   60
Lys Gly Arg Ser Ile Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Ser Thr Leu Tyr
65   70   75   80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85   90   95
Ala Arg Ser Val Ala Gly Tyr His Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp
            100   105   110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ala Ser
        115   120

<210> 456
<211> 324
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 456
tcttctgagc tgactcagga ccctgctgtg tctgtggcct tgggacagac agtcaggatc 60
acatgccaag gagacagcct cagaggctat tatgcaagct ggtaccagca gaagccaaga 120
caggcccctg tacttgtcat ctatggtaaa aacaaccggc cctcagggat cccagaccga 180
ttctctggct ccacgtcagg aaacacagct tccttgacca tcactggggc tcaggcggaa 240
gatgaggctg actattactg taactcccgg gacaacattg gtgaccatct ggtgttcggc 300
ggagggacca agctgaccgt ccta 324

<210> 457
<211> 108
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 457
Ser Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Gly Gln
 1   5   10   15
Thr Val Arg Ile Thr Cys Gln Gly Asp Ser Leu Arg Gly Tyr Tyr Ala
            20   25   30
Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Arg Gln Ala Pro Val Leu Val Ile Tyr
        35   40   45
Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser
    50   55   60
Thr Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu
65   70   75   80

```
Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Asn Ser Arg Asp Asn Ile Gly Asp His
                85                  90                  95
Leu Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100                 105
```

<210> 458
<211> 381
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 458
gaggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc ttggtccagc ctgggggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cctccggatt cacctttagt agctattgga tgagctgggt ccgccaggct 120
ccagggaagg ggctggagtg ggtggccagc ataaaacaag atggaagtga gaaatactat 180
gtggactctg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca acgccaggaa ctcactgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatctt 300
gtattaatgg tgtatgatat agactactac tactacggta tggacgtctg gggccaaggg 360
accacggtca ccgtctcctc a 381

<210> 459
<211> 127
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 459
```
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
 1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Ser Ile Lys Gln Asp Gly Ser Glu Lys Tyr Tyr Val Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Arg Asn Ser Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Leu Val Leu Met Val Tyr Asp Ile Asp Tyr Tyr Tyr Tyr
            100                 105                 110
Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
        115                 120                 125
```

<210> 460
<211> 336
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 460
gatattgtga tgactcagtc tccactctcc ctgcccgtca cccctggaga gccggcctcc 60
atctcctgca ggtctagtca gagcctcctg catagtaatg gatacaacta tttggattgg 120
tacctgcaga agccagggca gtctccacag ctcctgatct atttgggttc taatcgggcc 180
tccggggtcc ctgacaggtt cagtggcagt ggatcaggca cagattttac actgaaaatc 240
agcagagtgg aggctgagga tgttggggtt tattactgca tgcaagctct acaaactccg 300
ctcactttcg gcggagggac caaggtagag atcaaa 336

<210> 461
<211> 112

<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 461
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly
 1   5   10   15
Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Leu His Ser
            20   25   30
Asn Gly Tyr Asn Tyr Leu Asp Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
        35   40   45
Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Gly Ser Asn Arg Ala Ser Gly Val Pro
    50   55   60
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65   70   75   80
Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Met Gln Ala
                85   90   95
Leu Gln Thr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
            100   105   110

<210> 462
<211> 381
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 462
gaggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc ttggtccagc ctgggggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cctccggatt cacctttagt aactattgga tgagctgggt ccgccaggct 120
ccagggaagg ggctggagtg ggtggccagc ataaaacaag atggaagtga gaaatactat 180
gtggactctg tgaagggccg attcgccatc tccagagaca acgccaagaa ctcactgttt 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatctt 300
gtactaatgg tgtatgatat agactactac tactacggta tggacgtctg gggccaaggg 360
accacggtca ccgtctcctc a   381

<210> 463
<211> 127
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 463
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
 1   5   10   15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr
            20   25   30
Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35   40   45
Ala Ser Ile Lys Gln Asp Gly Ser Glu Lys Tyr Tyr Val Asp Ser Val
    50   55   60
Lys Gly Arg Phe Ala Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Phe
65   70   75   80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85   90   95
Ala Arg Asp Leu Val Leu Met Val Tyr Asp Ile Asp Tyr Tyr Tyr Tyr
            100   105   110
Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
        115   120   125

<210> 464

<211> 336
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 464
gatattgtga tgactcagtc tccactctcc ctgcctgtca cccctggaga gccggcctcc 60
atctcttgca ggtctagtca gagcctcctg catagtaatg ggtacaacta tttggattgg 120
tacctgcaga agccagggca gtctccacag ctcctgatct atttgggttc taatcgggcc 180
tccggggtcc ctgacaggtt cagtggcagt ggatcaggca cacatcttac actgaaaatc 240
agcagagtgg aggctgagga tgttggagtt tattactgca tgcaaactct acaaactccg 300
ctcactttcg gcggagggac caaggtggag atcaaa 336

<210> 465
<211> 112
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 465
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly
 1   5   10   15
Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Leu His Ser
            20   25   30
Asn Gly Tyr Asn Tyr Leu Asp Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
        35   40   45
Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Gly Ser Asn Arg Ala Ser Gly Val Pro
    50   55   60
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr His Leu Thr Leu Lys Ile
65   70   75   80
Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Met Gln Thr
                85   90   95
Leu Gln Thr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
            100   105   110

<210> 466
<211> 342
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 466
caggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc gtggcccagc ctgggaggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cgtctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120
ccaggcaagg ggctggagtg ggtggcagtt atatactatg atggaattaa taaacactat 180
gcagactccg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatcgg 300
ggactggact ggggccaggg aaccctggtc accgtctcct ca 342

<210> 467
<211> 114
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 467
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Ala Gln Pro Gly Arg
 1   5   10   15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20   25   30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

```
        35                  40                  45
Ala Val Ile Tyr Tyr Asp Gly Ile Asn Lys His Tyr Ala Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Asp Arg Gly Leu Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val
            100                 105                 110
Ser Ser
```

<210> 468
<211> 339
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 468
gacatcgtga tgacccagtc tccagactcc ctggctgtgt ctctgggcga gagggccacc 60
atcaactgca agtccagcca gagtgtttta tacagctcca acagtaagaa ctacttagtt 120
tggtaccagc agaaaccagg acagcctcct aagctgctca tttactgggc ctctacccgg 180
gaatccgggg tccctgaccg attcagtggc agcgggtctg ggacagattt cactctcacc 240
atcagcagcc tgcaggctga agatgtggca gtttattact gtcaacaata ttatagtact 300
ccgtggacgt tcggccaagg gaccaaggtg gaaatcaaa 339

<210> 469
<211> 113
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 469
```
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
 1               5                  10                  15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Tyr Ser
            20                  25                  30
Ser Asn Ser Lys Asn Tyr Leu Val Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
        35                  40                  45
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
    50                  55                  60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65                  70                  75                  80
Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
                85                  90                  95
Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
            100                 105                 110
Lys
```

<210> 470
<211> 357
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 470
gaggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc ttggtccagc ctgggggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cctctggact cacctttagt aacttttgga tgagctgggt ccgccaggct 120
ccagggaagg ggctggagtg ggtggccaac ataaagcaag atggaaatga taaatactat 180
gtggactctg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca acgccaagaa ttcactgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagagtca 300

aactggggat ttgcttttga tatctggggc caagggacaa tggtcaccgt ctcttca 357

<210> 471
<211> 119
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 471
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Leu Thr Phe Ser Asn Phe
20 25 30
Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Asn Ile Lys Gln Asp Gly Asn Asp Lys Tyr Tyr Val Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ser Asn Trp Gly Phe Ala Phe Asp Ile Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Met Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 472
<211> 327
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 472
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagcagctc caacatcgga agtaaaactg taaactggta ccagcagttc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat agtaataatc ggcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc tggccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta ttactgtgca gcatgggatg acagcctgaa ttgggtgttc 300
ggcgcaggga ccaagctgac cgtccta 327

<210> 473
<211> 109
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 473
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
1 5 10 15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Lys
20 25 30
Thr Val Asn Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
35 40 45
Ile Tyr Ser Asn Asn Arg Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
50 55 60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
65 70 75 80
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu
85 90 95
Asn Trp Val Phe Gly Ala Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105

<210> 474
<211> 357
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 474
gaggtgcagc tggtggagtc tgggggaggt ttggtccagc ctgggggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cctctggact cacctttagt aacttttgga tgagctgggt ccgccaggct 120
ccagggaagg ggctggagtg ggtggccaac ataaagcaag atggaagtga gaaatactat 180
gtggactctg tgaagggccg attcaccatc tccagagaca acgccaagaa ttcactgtat 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagagtca 300
aactggggat ttgcttttga tatctggggc caagggacaa tggtcaccgt ctcttca 357

<210> 475
<211> 119
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 475
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Leu Thr Phe Ser Asn Phe
20 25 30
Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Asn Ile Lys Gln Asp Gly Ser Glu Lys Tyr Tyr Val Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Glu Ser Asn Trp Gly Phe Ala Phe Asp Ile Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Met Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 476
<211> 327
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 476
cagtctgtgc tgactcagcc accctcagcg tctgggaccc ccgggcagag ggtcaccatc 60
tcttgttctg gaagcagctc caacatcgga agtaaaactg taaactggta ccagcagttc 120
ccaggaacgg cccccaaact cctcatctat agtaataatc ggcggccctc aggggtccct 180
gaccgattct ctggctccaa gtctggcacc tcagcctccc tggccatcag tgggctccag 240
tctgaggatg aggctgatta ttactgtgca acatgggatg acagactgaa ttgggtgttc 300
ggcgcaggga ccaagctgac cgtccta 327

<210> 477
<211> 109
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 477

```
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
 1               5                  10                  15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Lys
            20                  25                  30
Thr Val Asn Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
        35                  40                  45
Ile Tyr Ser Asn Asn Arg Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
    50                  55                  60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
65                  70                  75                  80
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Asp Arg Leu
                85                  90                  95
Asn Trp Val Phe Gly Ala Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100                 105
```

<210> 478
<211> 366
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 478
caggtcacct tgaaggagtc tggtcctgtg ctggtgaaac ccacagagac cctcacgctg 60
acctgcaccg tctctgggtt ctcactcagc aatgttagaa tgggtgtgag ctggatccgt 120
cagcccccag ggaaggccct ggagtggctt gcacacattt tttcgaatga cgaaaattcc 180
tacagaacat ctctgaagag caggctcacc atctccaagg acacctccaa aagccaggtg 240
gtccttacca tgaccaacat ggaccctgtg gacacagcca catattactg tgcacggata 300
gtgggagcta caacggatga tgcttttgat atctggggcc aagggacaat ggtcaccgtc 360
tcttca 366

<210> 479
<211> 122
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 479
```
Gln Val Thr Leu Lys Glu Ser Gly Pro Val Leu Val Lys Pro Thr Glu
 1               5                  10                  15
Thr Leu Thr Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Phe Ser Leu Ser Asn Val
            20                  25                  30
Arg Met Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Ala Leu Glu
        35                  40                  45
Trp Leu Ala His Ile Phe Ser Asn Asp Glu Asn Ser Tyr Arg Thr Ser
    50                  55                  60
Leu Lys Ser Arg Leu Thr Ile Ser Lys Asp Thr Ser Lys Ser Gln Val
65                  70                  75                  80
Val Leu Thr Met Thr Asn Met Asp Pro Val Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr
                85                  90                  95
Cys Ala Arg Ile Val Gly Ala Thr Thr Asp Asp Ala Phe Asp Ile Trp
            100                 105                 110
Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser
        115                 120
```

<210> 480
<211> 324
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 480
tcctatgtgc tgactcagcc accctcggtg tcagtggccc caggacagac ggccaggatt 60
acctgtgggg gaaacaacat tggaagtaaa agtgtgcact ggtaccagca gaagccaggc 120
caggcccctg tgctggtcgt ctatgatgat agcgaccggc cctcagggat ccctgagcga 180
ttctctggct ccaactctgg gaacacggcc accctgacca tcagcagggt cgaagccggg 240
gatgaggccg acttttactg tcaggtgtgg gatagtagta gtgatcctgt ggtattcggc 300
ggagggacca agctgaccgt ccta 324

<210> 481
<211> 108
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 481
Ser Tyr Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ala Pro Gly Gln
 1   5   10   15
Thr Ala Arg Ile Thr Cys Gly Gly Asn Asn Ile Gly Ser Lys Ser Val
            20   25   30
His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Val Val Tyr
        35   40   45
Asp Asp Ser Asp Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser
    50   55   60
Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Arg Val Glu Ala Gly
65   70   75   80
Asp Glu Ala Asp Phe Tyr Cys Gln Val Trp Asp Ser Ser Ser Asp Pro
                85   90   95
Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
            100   105

<210> 482
<211> 381
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 482
gaggtgcagc tggtggagtc tgggggaggc ttggtccagc ctgggggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cctctggatt cacctttagt aactattgga tgacctgggt ccgccaggct 120
ccagggaagg ggctggagtg ggtggccagc ataaagcaag atggaagtga gagatactat 180
gtggactctg tgaagggccg attcaccatc tcccgagaca ccgccaagaa ctctctgtat 240
ctccaaatga acagcctgcg agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagacctctt 300
gtactaatgg tgtatgctct acactactac tactacggta tggacgtctg gggccacggg 360
accacggtca ccgtctcctc a 381

<210> 483
<211> 127
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 483
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
 1   5   10   15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr
            20   25   30
Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35   40   45
Ala Ser Ile Lys Gln Asp Gly Ser Glu Arg Tyr Tyr Val Asp Ser Val

```
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Thr Ala Lys Asn Ser Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Pro Leu Val Leu Met Val Tyr Ala Leu His Tyr Tyr Tyr Tyr
            100                 105                 110
Gly Met Asp Val Trp Gly His Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
        115                 120                 125
```

<210> 484
<211> 336
<212> ADN
<213> Homo sapiens

<400> 484
gatattgtga tgactcagtc tccactctcc ctgcccgtca cccctggaga gccggcctcc 60
atctcctgca ggtctagtca gagcctcctg catagtaatg gatacaacta tttggattgg 120
tacctgcaga agccagggca gtctccacag ctcctgatct atttgggttc taatcgggcc 180
tccggggtcc ctgacaggtt cagtggcagt ggatcaggca cagattttac actgaaaatc 240
agcagagtgg aggctgagga tgttggggtt tattactgca tgcaagctct acaaactccg 300
ctcactttcg gcggagggac caaggtggag atcaaa 336

<210> 485
<211> 112
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 485
```
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly
 1               5                  10                  15
Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Leu His Ser
            20                  25                  30
Asn Gly Tyr Asn Tyr Leu Asp Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
        35                  40                  45
Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Gly Ser Asn Arg Ala Ser Gly Val Pro
    50                  55                  60
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65                  70                  75                  80
Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Met Gln Ala
                85                  90                  95
Leu Gln Thr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
            100                 105                 110
```

<210> 486
<211> 100
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 486
```
Gln Val Thr Leu Lys Glu Ser Gly Pro Val Leu Val Lys Pro Thr Glu
 1               5                  10                  15
Thr Leu Thr Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Phe Ser Leu Ser Asn Ala
            20                  25                  30
Arg Met Gly Val Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Ala Leu Glu
        35                  40                  45
Trp Leu Ala His Ile Phe Ser Asn Asp Glu Lys Ser Tyr Ser Thr Ser
```

```
    50                  55                  60
Leu Lys Ser Arg Leu Thr Ile Ser Lys Asp Thr Ser Lys Ser Gln Val
65                  70                  75                  80
Val Leu Thr Met Thr Asn Met Asp Pro Val Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr
                85                  90                  95
Cys Ala Arg Ile
            100
```

<210> 487
<211> 98
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 487

```
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
 1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Asn Ile Lys Gln Asp Gly Ser Glu Lys Tyr Tyr Val Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg
```

<210> 488
<211> 98
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 488

```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
 1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg
```

<210> 489
<211> 93
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 489

```
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly
 1               5                  10                  15
Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Leu His Ser
```

```
            20                  25                  30
Asn Gly Tyr Asn Tyr Leu Asp Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
        35                  40                  45
Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Gly Ser Asn Arg Ala Ser Gly Val Pro
    50                  55                  60
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65                  70                  75                  80
Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys
                85                  90
```

<210> 490
<211> 94
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 490

```
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
 1               5                  10                  15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Tyr Ser
            20                  25                  30
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
        35                  40                  45
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
    50                  55                  60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65                  70                  75                  80
Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90
```

<210> 491
<211> 89
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 491

```
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
 1               5                  10                  15
Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn
            20                  25                  30
Thr Val Asn Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu
        35                  40                  45
Ile Tyr Ser Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
    50                  55                  60
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln
65                  70                  75                  80
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys
                85
```

<210> 492
<211> 87
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 492

```
Ser Tyr Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ala Pro Gly Lys
 1               5                  10                  15
Thr Ala Arg Ile Thr Cys Gly Gly Asn Asn Ile Gly Ser Lys Ser Val
```

```
            20                  25                  30
His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Val Ile Tyr
        35                  40                  45
Tyr Asp Ser Asp Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser
    50                  55                  60
Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Arg Val Glu Ala Gly
65                  70                  75                  80
Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys
                85
```

<210> 493
<211> 49
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 493
```
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
 1               5                  10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Gly Tyr
            20                  25                  30
Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly
```

<210> 494
<211> 98
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 494
```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
 1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg
```

<210> 495
<211> 98
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 495
```
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
 1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
            20                  25                  30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
        35                  40                  45
Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
```

```
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg
```

<210> 496
<211> 88
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 496

```
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
 1               5                  10                  15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr
            20                  25                  30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
        35                  40                  45
Tyr Ala Ala Ser Thr Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65                  70                  75                  80
Glu Asp Val Ala Thr Tyr Tyr Cys
                85
```

<210> 497
<211> 90
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 497

```
Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln
 1               5                  10                  15
Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr
            20                  25                  30
Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu
        35                  40                  45
Met Ile Tyr Glu Val Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe
    50                  55                  60
Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu
65                  70                  75                  80
Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys
                85                  90
```

<210> 498
<211> 87
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 498

```
Ser Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Gly Gln
 1               5                  10                  15
Thr Val Arg Ile Thr Cys Gln Gly Asp Ser Leu Arg Ser Tyr Tyr Ala
            20                  25                  30
Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Val Ile Tyr
        35                  40                  45
```

Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser
50 55 60
Ser Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu
65 70 75 80
Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys
85

<210> 499
<211> 13
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 499
Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Lys Thr Val Asn
1 5 10

<210> 500
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 500
Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr Trp Met Ser
1 5 10

<210> 501
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 501
Ser Ile Lys Gln Asp Gly Ser Glu Lys Tyr Tyr Val Asp Ser Val Lys
1 5 10 15
Gly

<210> 502
<211> 18
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 502
Asp Leu Val Leu Met Val Tyr Asp Ile Asp Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met
1 5 10 15
Asp Val

<210> 503
<211> 16
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 503
Arg Ser Ser Gln Ser Leu Leu His Ser Asn Gly Tyr Asn Tyr Leu Asp
1 5 10 15

<210> 504

<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 504
Leu Gly Ser Asn Arg Ala Ser
 1   5

<210> 505
<211> 9
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 505
Met Gln Thr Leu Gln Thr Pro Leu Thr
 1   5

<210> 506
<211> 25
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 506
Gln Val Thr Leu Lys Glu Ser Gly Pro Val Leu Val Lys Pro Thr Glu
 1   5   10   15
Thr Leu Thr Leu Thr Cys Thr Val Ser
            20   25

<210> 507
<211> 12
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 507
Gly Phe Ser Leu Ser Asn Ala Arg Met Gly Val Ser
 1   5   10

<210> 508
<211> 12
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 508
Gly Phe Ser Leu Ser Asn Val Arg Met Gly Val Ser
 1   5   10

<210> 509
<211> 14
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 509
Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Ala Leu Glu Trp Leu Ala
 1   5   10

<210> 510
<211> 25

<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 510
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
 1   5   10   15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser
            20   25

<210> 511
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 511
Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr Trp Met Ser
 1   5   10

<210> 512
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 512
Gly Leu Thr Phe Ser Asn Phe Trp Met Ser
 1   5   10

<210> 513
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 513
Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr Trp Met Thr
 1   5   10

<210> 514
<211> 14
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 514
Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala
 1   5   10

<210> 515
<211> 25
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 515
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
 1   5   10   15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser
            20   25

<210> 516

<211> 25
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 516
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Ala Gln Pro Gly Arg
 1   5   10   15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser
            20   25

<210> 517
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 517
Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr Gly Met His
 1   5   10

<210> 518
<211> 14
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 518
Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala
 1   5   10

<210> 519
<211> 16
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 519
His Ile Phe Ser Asn Asp Glu Lys Ser Tyr Ser Thr Ser Leu Lys Ser
 1   5   10   15

<210> 520
<211> 16
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 520
His Ile Phe Ser Asn Asp Glu Asn Ser Tyr Arg Thr Ser Leu Lys Ser
 1   5   10   15

<210> 521
<211> 33
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 521
Arg Leu Thr Ile Ser Lys Asp Thr Ser Lys Ser Gln Val Val Leu Thr
 1   5   10   15
Met Thr Asn Met Asp Pro Val Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr Cys Ala Arg
            20   25   30
Ile

<210> 522
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 522
Val Gly Ala Thr Thr Asp Asp Ala Phe Asp Ile
 1   5   10

<210> 523
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 523
Trp Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser
 1   5   10

<210> 524
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 524
Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
 1   5   10

<210> 525
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 525
Trp Gly His Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
 1   5   10

<210> 526
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 526
Asn Ile Lys Gln Asp Gly Ser Glu Lys Tyr Tyr Val Asp Ser Val Lys
 1   5   10   15
Gly

<210> 527
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 527
Asn Ile Lys Gln Asp Gly Asn Asp Lys Tyr Tyr Val Asp Ser Val Lys
 1   5   10   15
Gly

<210> 528
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 528
Ser Ile Lys Gln Asp Gly Ser Glu Arg Tyr Tyr Val Asp Ser Val Lys
 1   5   10   15
Gly

<210> 529
<211> 32
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 529
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr Leu Gln
 1   5   10   15
Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg
            20   25   30

<210> 530
<211> 32
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 530
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Arg Asn Ser Leu Tyr Leu Gln
 1   5   10   15
Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg
            20   25   30

<210> 531
<211> 32
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 531
Arg Phe Ala Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Phe Leu Gln
 1   5   10   15
Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg
            20   25   30

<210> 532
<211> 32
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 532
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Thr Ala Lys Asn Ser Leu Tyr Leu Gln
 1   5   10   15
Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg
            20   25   30

<210> 533
<211> 10
<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 533
Glu Ser Asn Trp Gly Phe Ala Phe Asp Ile
 1   5   10

<210> 534
<211> 18
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 534
Pro Leu Val Leu Met Val Tyr Ala Leu His Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met
 1   5   10   15
Asp Val

<210> 535
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 535
Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
 1   5   10   15
Gly

<210> 536
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 536
Val Ile Tyr Tyr Asp Gly Ile Asn Lys His Tyr Ala Asp Ser Val Lys
 1   5   10   15
Gly

<210> 537
<211> 32
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 537
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln
 1   5   10   15
Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg
            20   25   30

<210> 538
<211> 5
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 538
Asp Arg Gly Leu Asp
 1   5

<210> 539
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 539
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
 1   5   10

<210> 540
<211> 23
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 540
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly
 1   5   10   15
Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys
            20

<210> 541
<211> 15
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 541
Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr
 1   5   10   15

<210> 542
<211> 23
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 542
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
 1   5   10   15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys
            20

<210> 543
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 543
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Tyr Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu
 1   5   10   15
Ala

<210> 544
<211> 17
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 544

Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Tyr Ser Ser Asn Ser Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15
Val

<210> 545
<211> 15
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 545
Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr
1 5 10 15

<210> 546
<211> 22
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 546
Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln
1 5 10 15
Arg Val Thr Ile Ser Cys
20

<210> 547
<211> 13
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 547
Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Thr Val Asn
1 5 10

<210> 548
<211> 13
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 548
Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Lys Thr Val Asn
1 5 10

<210> 549
<211> 15
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 549
Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr
1 5 10 15

<210> 550
<211> 15
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 550
Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr
1 5 10 15

<210> 551
<211> 22
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 551
Ser Tyr Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ala Pro Gly Lys
1 5 10 15
Thr Ala Arg Ile Thr Cys
20

<210> 552
<211> 22
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 552
Ser Tyr Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ala Pro Gly Gln
1 5 10 15
Thr Ala Arg Ile Thr Cys
20
<210> 553
<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 553
Gly Gly Asn Asn Ile Gly Ser Lys Ser Val His
1 5 10

<210> 554
<211> 15
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 554
Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Val Ile Tyr
1 5 10 15

<210> 555
<211> 15
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 555
Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Val Val Tyr
1 5 10 15

<210> 556
<211> 32
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 556
Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr
 1   5   10   15
Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys
            20   25   30

<210> 557
<211> 32
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 557
Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr His Leu Thr
 1   5   10   15
Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys
            20   25   30

<210> 558
<211> 9
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 558
Met Gln Ala Leu Gln Thr Pro Leu Thr
 1   5

<210> 559
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 559
Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 1   5   10

<210> 560
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 560
Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser
 1   5

<210> 561
<211> 32
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 561
Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr
 1   5   10   15
Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys
            20   25   30

<210> 562

<211> 9
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 562
Gln Gln Tyr Tyr Ser Thr Pro Trp Thr
 1   5

<210> 563
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 563
Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 1   5   10

<210> 564
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 564
Ser Asn Asn Gln Arg Pro Ser
 1   5

<210> 565
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 565
Ser Asn Asn Arg Arg Pro Ser
 1   5

<210> 566
<211> 32
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 566
Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser
 1   5   10   15
Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys
            20   25   30

<210> 567
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 567
Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu Asn Trp Val
 1   5   10

<210> 568
<211> 10

<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 568
Ala Thr Trp Asp Asp Arg Leu Asn Trp Val
 1   5   10

<210> 569
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 569
Phe Gly Ala Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
 1   5   10

<210> 570
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 570
Tyr Asp Ser Asp Arg Pro Ser
 1   5

<210> 571
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 571
Asp Asp Ser Asp Arg Pro Ser
 1   5

<210> 572
<211> 32
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 572
Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr
 1   5   10   15
Leu Thr Ile Ser Arg Val Glu Ala Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys
            20   25   30

<210> 573
<211> 32
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 573
Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr
 1   5   10   15
Leu Thr Ile Ser Arg Val Glu Ala Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys
            20   25   30

<210> 574

<211> 11
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 574
Gln Val Trp Asp Ser Ser Ser Asp Pro Val Val
 1   5   10

<210> 575
<211> 10
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 575
Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
 1   5   10

1/152

QEDEDGDYEELVLALRSEEDGLAEAPEHGTTATFHRCAKDPWRLPGTYVVVLKEETHL
SQSERTARRLQAQAARRGYLTKILHVFHGLLPGFLVKMSGDLLELALKLPHVDYIEEDS
SVFAQSIPWNLERITPPRYRADEYQPPDGGSLVEVYLLDTSIQSDHREIEGRVMVTDFEN
VPEEDGTRFHRQASKCDSHGTHLAGVVSGRDAGVAKGASMRSLRVLNCQGKGTVSGT
LIGLEFIRKSQLVQPVGPLVVLLPLAGGYSRVLNAACQRLARAGVVLVTAAGNFRDDAC
LYSPASAPEVITVGATNAQDQPVTLGTLGTNFGRCVDLFAPGEDIIGASSDCSTCFVSQS
GTSQAAAHVAGIAAMMLSAEPELTLAELRQRLIHFSAKDVINEAWFPEDQRVLTPNLVA
ALPPSTHGAGWQLFCRTVWSAHSGPTRMATAIARCAPDEELLSCSSFSRSGKRRGERME
AQGGKLVCRAHNAFGGEGVYAIARCCLLPQANCSVHTAPPAEASMGTRVHCHQQGHV
LTGCSSHWEVEDLGTHKPPVLRPRGQPNQCVGHREASIHASCCHAPGLECKVKEHGIPA
PQGQVTVACEEGWTLTGCSALPGTSHVLGAYAVDNTCVVRSRDVSTTGSTSEEAVTAV
AICCRSRHLAQASQELQ

SEQ ID NO:1

FIG. 1A

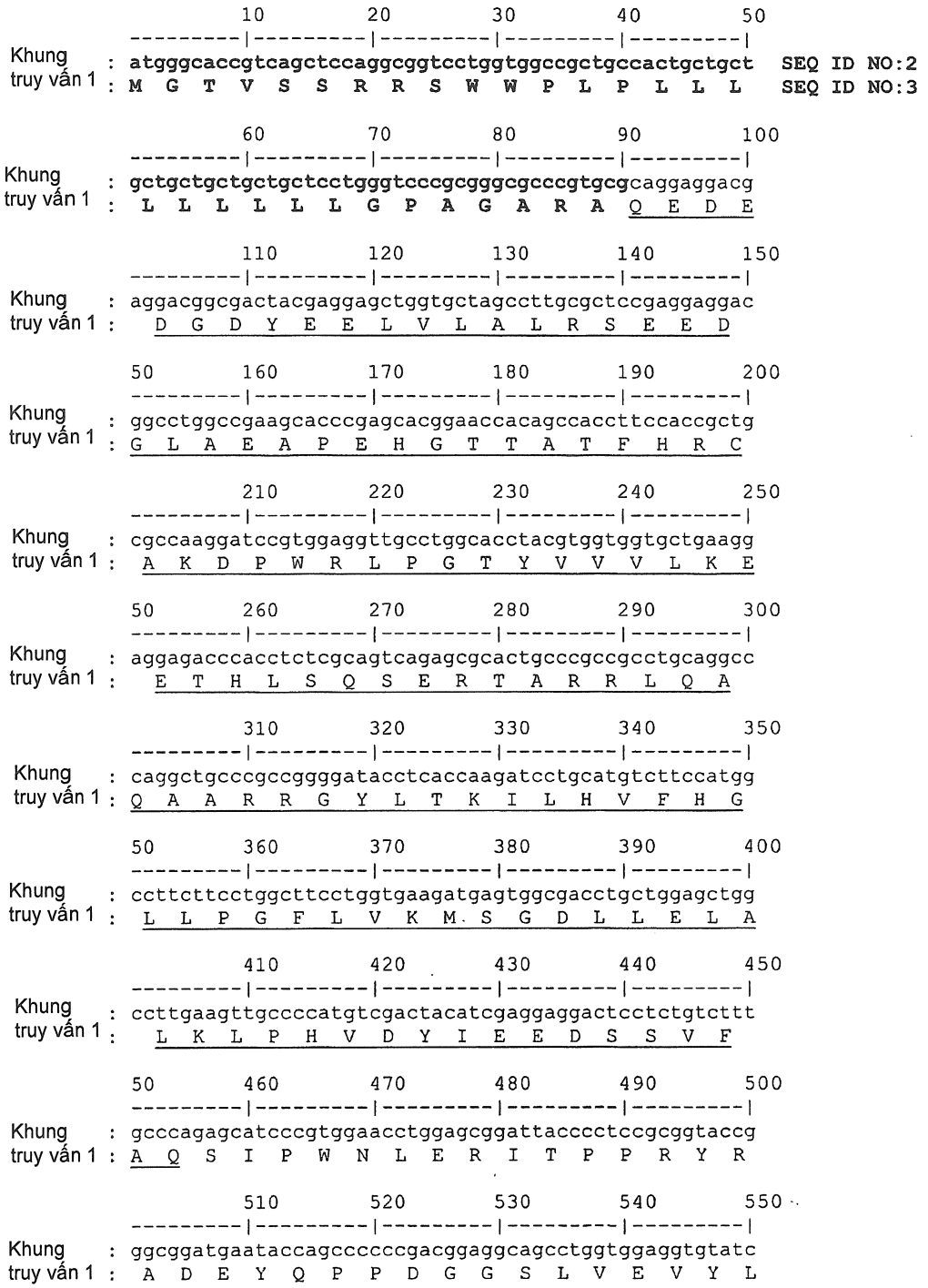

10 20 30 40 50
Khung truy vấn 1 : atgggcaccgtcagctccaggcggtcctggtggccgctgccactgctgct SEQ ID NO:2
Khung truy vấn 1 : M G T V S S R R S W W P L P L L L SEQ ID NO:3
60 70 80 90 100
Khung truy vấn 1 : gctgctgctgctgctcctgggtcccgcgggcgcccgtgcgcaggaggacg
L L L L L L G P A G A R A Q E D E
110 120 130 140 150
Khung truy vấn 1 : aggacggcgactacgaggagctggtgctagccttgcgctccgaggaggac
D G D Y E E L V L A L R S E E D
50 160 170 180 190 200
Khung truy vấn 1 : ggcctggccgaagcacccgagcacggaaccacagccaccttccaccgctg
G L A E A P E H G T T A T F H R C
210 220 230 240 250
Khung truy vấn 1 : cgccaaggatccgtggaggttgcctggcacctacgtggtggtgctgaagg
A K D P W R L P G T Y V V V L K E
50 260 270 280 290 300
Khung truy vấn 1 : aggagacccacctctcgcagtcagagcgcactgcccgccgcctgcaggcc
E T H L S Q S E R T A R R L Q A
310 320 330 340 350
Khung truy vấn 1 : caggctgcccgccggggatacctcaccaagatcctgcatgtcttccatgg
Q A A R R G Y L T K I L H V F H G
50 360 370 380 390 400
Khung truy vấn 1 : ccttcttcctggcttcctggtgaagatgagtggcgacctgctggagctgg
L L P G F L V K M S G D L L E L A
410 420 430 440 450
Khung truy vấn 1 : ccttgaagttgccccatgtcgactacatcgaggaggactcctctgtcttt
L K L P H V D Y I E E D S S V F
50 460 470 480 490 500
Khung truy vấn 1 : gcccagagcatcccgtggaacctggagcggattacccctccgcggtaccg
A Q S I P W N L E R I T P P R Y R
510 520 530 540 550
Khung truy vấn 1 : ggcggatgaataccagccccccgacggaggcagcctggtggaggtgtatc
A D E Y Q P P D G G S L V E V Y L

FIG. $1B_1$

```
                50        560       570       580       590       600
                ---------|---------|---------|---------|---------|
Khung           : tcctagacaccagcatacagagtgaccaccgggaaatcgagggcagggtc
truy vấn 1      :   L  D  T  S  I  Q  S  D  H  R  E  I  E  G  R  V

                          610       620       630       640       650
                ---------|---------|---------|---------|---------|
Khung           : atggtcaccgacttcgagaatgtgcccgaggaggacgggacccgcttcca
truy vấn 1      : M  V  T  D  F  E  N  V  P  E  E  D  G  T  R  F  H

                50        660       670       680       690       700
                ---------|---------|---------|---------|---------|
Khung           : cagacaggccagcaagtgtgacagtcatggcacccacctggcaggggtgg
truy vấn 1      :  R  Q  A  S  K  C  D  S  H  G  T  H  L  A  G  V  V

                          710       720       730       740       750
                ---------|---------|---------|---------|---------|
Khung           : tcagcggccgggatgccggcgtggccaagggtgccagcatgcgcagcctg
truy vấn 1      :   S  G  R  D  A  G  V  A  K  G  A  S  M  R  S  L

                50        760       770       780       790       800
                ---------|---------|---------|---------|---------|
Khung           : cgcgtgctcaactgccaagggaagggcacggttagcggcaccctcatagg
truy vấn 1      : R  V  L  N  C  Q  G  K  G  T  V  S  G  T  L  I  G

                          810       820       830       840       850
                ---------|---------|---------|---------|---------|
Khung           : cctggagtttattcggaaaagccagctggtccagcctgtggggccactgg
truy vấn 1      :  L  E  F  I  R  K  S  Q  L  V  Q  P  V  G  P  L  V

                50        860       870       880       890       900
                ---------|---------|---------|---------|---------|
Khung           : tggtgctgctgcccctggcgggtgggtacagccgcgtcctcaacgccgcc
truy vấn 1      :   V  L  L  P  L  A  G  G  Y  S  R  V  L  N  A  A

                          910       920       930       940       950
                ---------|---------|---------|---------|---------|
Khung           : tgccagcgcctggcgagggctggggtcgtgctggtcaccgctgccggcaa
truy vấn 1      : C  Q  R  L  A  R  A  G  V  V  L  V  T  A  A  G  N

                50        960       970       980       990       1000
                ---------|---------|---------|---------|---------|
Khung           : cttccgggacgatgcctgcctctactccccagcctcagctcccgaggtca
truy vấn 1      :  F  R  D  D  A  C  L  Y  S  P  A  S  A  P  E  V  I

                          1010      1020      1030      1040      1050
                ---------|---------|---------|---------|---------|
Khung           : tcacagttggggccaccaatgcccaggaccagccggtgaccctggggact
truy vấn 1      :   T  V  G  A  T  N  A  Q  D  Q  P  V  T  L  G  T

                 50       1060      1070      1080      1090      1100
                ---------|---------|---------|---------|---------|
Khung           : ttggggaccaactttggccgctgtgtggacctctttgccccaggggagga
truy vấn 1      : L  G  T  N  F  G  R  C  V  D  L  F  A  P  G  E  D
```

FIG. $1B_2$

```
                100       1110      1120      1130      1140      1150
                ----------|---------|---------|---------|---------|
Khung           : catcattggtgcctccagcgactgcagcacctgctttgtgtcacagagtg
truy vấn 1      :  I  I  G  A  S  S  D  C  S  T  C  F  V  S  Q  S  G

                150       1160      1170      1180      1190      1200
                ----------|---------|---------|---------|---------|
Khung           : ggacatcacaggctgctgcccacgtggctggcattgcagccatgatgctg
truy vấn 1      :    T  S  Q  A  A  A  H  V  A  G  I  A  A  M  M  L

                200       1210      1220      1230      1240      1250
                ----------|---------|---------|---------|---------|
Khung           : tctgccgagccggagctcaccctggccgagttgaggcagagactgatcca
truy vấn 1      : S  A  E  P  E  L  T  L  A  E  L  R  Q  R  L  I  H

                250       1260      1270      1280      1290      1300
                ----------|---------|---------|---------|---------|
Khung           : cttctctgccaaagatgtcatcaatgaggcctggttccctgaggaccagc
truy vấn 1      :  F  S  A  K  D  V  I  N  E  A  W  F  P  E  D  Q  R

                300       1310      1320      1330      1340      1350
                ----------|---------|---------|---------|---------|
Khung           : gggtactgacccccaacctggtggccgccctgccccccagcacccatggg
truy vấn 1      :    V  L  T  P  N  L  V  A  A  L  P  P  S  T  H  G

                350       1360      1370      1380      1390      1400
                ----------|---------|---------|---------|---------|
Khung           : gcaggttggcagctgttttgcaggactgtgtggtcagcacactcggggcc
truy vấn 1      : A  G  W  Q  L  F  C  R  T  V  W  S  A  H  S  G  P

                400       1410      1420      1430      1440      1450
                ----------|---------|---------|---------|---------|
Khung           : tacacggatggccacagccatcgcccgctgcgccccagatgaggagctgc
truy vấn 1      :  T  R  M  A  T  A  I  A  R  C  A  P  D  E  E  L  L

                450       1460      1470      1480      1490      1500
                ----------|---------|---------|---------|---------|
Khung           : tgagctgctccagtttctccaggagtgggaagcggcggggcgagcgcatg
truy vấn 1      :    S  C  S  S  F  S  R  S  G  K  R  R  G  E  R  M

                500       1510      1520      1530      1540      1550
                ----------|---------|---------|---------|---------|
Khung           : gaggcccaaggggcaagctggtctgccgggcccacaacgcttttggggg
truy vấn 1      : E  A  Q  G  G  K  L  V  C  R  A  H  N  A  F  G  G

                550       1560      1570      1580      1590      1600
                ----------|---------|---------|---------|---------|
Khung           : tgagggtgtctacgccattgccaggtgctgcctgctaccccaggccaact
truy vấn 1      :  E  G  V  Y  A  I  A  R  C  C  L  L  P  Q  A  N  C

                600       1610      1620      1630      1640      1650
                ----------|---------|---------|---------|---------|
Khung           : gcagcgtccacacagctccaccagctgaggccagcatggggacccgtgtc
truy vấn 1      :    S  V  H  T  A  P  P  A  E  A  S  M  G  T  R  V
```

FIG. $1B_3$

```
                650       1660       1670       1680       1690       1700
                ---------|---------|---------|---------|---------|---------|
Khung           : cactgccaccaacagggccacgtcctcacaggctgcagctcccactggga
truy vấn 1      : H  C  H  Q  Q  G  H  V  L  T  G  C  S  S  H  W  E

                700       1710       1720       1730       1740       1750
                ---------|---------|---------|---------|---------|---------|
Khung           : ggtggaggaccttggcacccacaagccgcctgtgctgaggccacgaggtc
truy vấn 1      :  V  E  D  L  G  T  H  K  P  P  V  L  R  P  R  G  Q

                750       1760       1770       1780       1790       1800
                ---------|---------|---------|---------|---------|---------|
Khung           : agcccaaccagtgcgtgggccacagggaggccagcatccacgcttcctgc
truy vấn 1      :    P  N  Q  C  V  G  H  R  E  A  S  I  H  A  S  C

                800       1810       1820       1830       1840       1850
                ---------|---------|---------|---------|---------|---------|
Khung           : tgccatgccccaggtctggaatgcaaagtcaaggagcatggaatcccggc
truy vấn 1      : C  H  A  P  G  L  E  C  K  V  K  E  H  G  I  P  A

                850       1860       1870       1880       1890       1900
                ---------|---------|---------|---------|---------|---------|
Khung           : ccctcaggggcaggtgaccgtggcctgcgaggagggctggaccctgactg
truy vấn 1      :  P  Q  G  Q  V  T  V  A  C  E  E  G  W  T  L  T  G

                900       1910       1920       1930       1940       1950
                ---------|---------|---------|---------|---------|---------|
Khung           : gctgcagcgccctccctgggacctcccacgtcctgggggcctacgccgta
truy vấn 1      :    C  S  A  L  P  G  T  S  H  V  L  G  A  Y  A  V

                950       1960       1970       1980       1990       2000
                ---------|---------|---------|---------|---------|---------|
Khung           : gacaacacgtgtgtagtcaggagccgggacgtcagcactacaggcagcac
truy vấn 1      : D  N  T  C  V  V  R  S  R  D  V  S  T  T  G  S  T

                          2010       2020       2030       2040       2050
                ---------|---------|---------|---------|---------|---------|
Khung           : cagcgaagaggccgtgacagccgttgccatctgctgccggagccggcacc
truy vấn 1      :  S  E  E  A  V  T  A  V  A  I  C  C  R  S  R  H  L

                 50       2060       2070       2080       2090       2100
                ---------|---------|---------|---------|---------|---------|
Khung           : tggcgcaggcctcccaggagctccag
truy vấn 1      :    A  Q  A  S  Q  E  L  Q
```

FIG. $1B_4$

Seq ID No.	DÒNG	V	D	J	FR1	CDR1	FR2
4		Dòng mầm			DIVMTQSPLSLPVTPGEPASISC	RSSQSLLHSNGYNYLD	WYLQKPGQSPQLLIY
5	30A4	A3		JK3	----------S------P----	----------F-N	---------------
6		Dòng mầm			DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITC	RASQSISSYLN	WYQQKPGKAPKLLIY
7	3C4	O2		JK4	----------	----R--N--S	--L----I-------
8		Dòng mầm			DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITC	RASQSISSYLN	WYQQKPGKAPKLLIY
9	23B5	O2		JK5	--L----------	----------	----------V---
10	25G4	O2		JK5	----------	-------I---	----------Y----
11		Dòng mầm			QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISC	TGSSSNIGAGYDVH	WYQQLPGTAPKLLIY
12	31H4	V1-13		JL2	----------	----------	----------S
13	27B2	V1-13		JL2	----------	---------H----	----V----------
14		Dòng mầm			QSALTQPASVSGSPGQSITISC	TGTSSDVGGYNYVS	WYQQHPGKAPKLMIY
15	25A7	V1-4		JL2	----------	--------R--S--	---H-------V---
16	27H5	V1-4		JL2	----------	----------S--	--------P------
17	26H5	V1-4		JL2	----------	----------S--	--------P------
18	31D1	V1-4		JL2	----------	----------S--	--------P------
19	20D10	V1-4		JL2	----------	----------S--	----Y---P---K--
20	27E7	V1-4		JL2	----------	----------S--	--------P------
21	30B9	V1-4		JL2	----------	----------S--	--------P------
22	19H9	V1-4		JL2	----------	---N-------S--	--------P------
23	26E10	V1-4		JL2	----------	----------S--	---------------
23	21B12	V1-4		JL2	----------	----------S--	---------------
24	17C2	V1-4		JL2	----------	--------A--S--	----------R---

FIG. 2A

Seq ID No.	DÒNG	V	D	J	FR1	CDR1	FR2
25		Dòng mầm			QSALTQPASVSGSPGQSITISC	TGTSSDVGGYNYVS	WYQQHPGKAPKLMIY
26	23G1	V1-4		JL3	----------	----------S--	----------
27		Dòng mầm			QSALTQPASVSGSPGQSITISC	TGTSSDVGSYNLVS	WYQQHPGKAPKLMIY
28	13H1	V1-7		JL3	L----------	--------N-----	----YS---------
29		Dòng mầm			QSVLTQPPSASGTPGQRVTISC	SGSSSNIGSNTVN	WYQQLPGTAPKLLIY
30	9C9	V1-16		JL3	----------	---------K---	----V----------
31	9H6	V1-16		JL3	----------P---------	----------	----------
32	31A4	V1-16		JL3	----------	----------	----------
33	1A12	V1-16		JL3	----------	---------K---	----F----------
34		Dòng mầm			QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISC	SGSSSNIGNNYVS	WYQQLPGTAPKLLIY
35	16F12	V1-19		JL1	----------	----------F--	----------
36	22E2	V1-19		JL1	----------	----------F--	----------
37	27A6	V1-19		JL1	----------	----------F--	----F----------
38	28B12	V1-19		JL1	----------	----------F--	----------
39	28D6	V1-19		JL1	--------T----------	----------F--	----------
40	31G11	V1-19		JL1	----------	----------F--	----------
41		Dòng mầm			QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISC	SGSSSNIGNNYVS	WYQQLPGTAPKLLIY
42	13B5	V1-19		JL2	----------	---N---------	----------
43		Dòng mầm			SYELTQPPSVSVSPGQTASITC	SGDKLGDKYAC	WYQQKPGQSPVLVIY
44	31B12	V2-1		JL2	----------R---	----------	----------
45		Dòng mầm			QPVLTQPPSASASLGASVTLTC	TLSSGYSNYKVD	WYQQRPGKGPRFVMR
46	3B6	V5-2		JL2	-------LF----------	-------S-E--	----------

FIG. 2B

Seq ID No.	DONG	CDR2	FR3	CDR3	FR4
4		LGSNRAS	GVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYC	MQALQTPFT	FGPGTKVDIK
5	30A4	---H---	----------E----------	--V------	----------
6		AASSLQS	GVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYC	QQSYSTPLT	FGGGTKVEIK
7	3C4	-------	----------S--------	--------I	----------
8		AASSLQS	GVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYC	QQSYSTPIT	FGQGTRLEIK
9	23B5	-------	----------N----------	-----S---	----------
10	25G4	--A----	----------	-----A---	----------
11		GNSNRPS	GVPDRFSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYYC	QSYDSSLSGSV	FGGGTKLTVL
12	31H4	-------	----------	----------	----------
13	27B2	--TY---	----------	----N----V-	----------
14		EVSNRPS	GVSNRFSGSKSGNTASLTISGLQAEDEADYYC	SSYTSSSVV	FGGGTKLTVL
15	25A7	-------	---T----------	---------	----------
286	25A7v1	-------	---T----------	---------	---------
16	27H5	-------	---I----------F-	-----T-M-	----------
287	27H5v1	-------	---I----------F-	-----T-M-	---------
17	26H5	-------	---I----------F-	-----T-M-	----------
18	31D1	-------	----------F-	-----T-M-	-------A--
19	20D10	-------	----------F-	-----T-M-	----------
20	27E7	-------	----------F-	-----T-M-	----------
21	30B9	-------	----------F-	-----T-M-	----------
22	19H9	-------	-I----------F-	-----T-M-	----------
288	19H9v1	-------	-I----------F-	-----T-M-	---------
23	26E10	-------	----------	N----T-M-	----------
23	21B12	-------	----------	N----T-M-	----------
24	17C2	-------	----------	-----TNM-	----------

FIG. 2C

Seq ID No.	DONG	CDR2	FR3	CDR3	FR4
25		EVSNRPS	GVSNRFSGSKSGNTASLTISGLQAEDEADYYC	SSYTSSS V	FGGGTKLTVL
26	23G1	--T----	--------------------------------	N----T-M-	----------
27		EGSKRPS	GVSNRFSGSKSGNTASLTISGLQAEDEADYYC	CSYAGSST	FGGGTKLTVL
28	13H1	-V-----	--------------------------------	--------LV	----------
29		SNNQRPS	GVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYC	AAWDDSLN V	FGGGTKLTVL
30	9C9	R-----L	--------------------------------	--------W-	----------
31	9H6	---R---	--------------------------------	--------W-	----------
32	31A4	-------	--------------------------------	-V------GWV	----------
33	1A12	---R---	--------------------------------	--------W-	--A-------
34		DNNKRPS	GIPDRFSGSKSGTSATLGITGLQTGDEADYYC	GTWDSSLSAYV	FGTGTKVTVL
35	16F12	-Y-----	--------------------------------	----------	-----R----
36	22E2	-Y-----	--------------------------------	--------G--	-----R----
37	27A6	-Y-----	--------------------------------	--------S--	-----R----
38	28B12	-Y-----	--------------------------------	--------G--	-----R----
39	28D6	-Y-----	--------------------------------	--------G--	-----R----
40	31G11	-S-----	----------------D---------------	----------	----------
41		DNNKRPS	GIPDRFSGSKSGTSATLGITGLQTGDEADYYC	GTWDSSLSAVV	FGGGTKLTVL
42	13B5	-------	---------N----------------------	----------	----------
43		QDSKRPS	GIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYC	QAWDSSTAVV	FGGGTKLTVL
44	31B12	-NT-W-L	---------K----V-----------------	------- V-	----------
45		VGTGGIVGSKGD	GIPDRFSVLGSGLNRYLTIKNIQEEDESDYHC	GADHGSGSNFVVV	FGGGTKLTVL
46	3B6	-D---------E	--------------------------------	-------T-----	----------
45		VGTGGIV	GSKGDGIPDRFSVLGSGLNRYLTIKNIQEEDE	SDYHCGADHGSGSNFVVV	FGGGTKLTVL
46	3B6v1	-D-----	----E---------------------------	----------T-----	----------

FIG. 2D

Seq ID No.	DÒNG	V	D	J	FR1	CDR1	FR2
47		Dòng mầm			QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS	GYTFTSYGIS	WVRQAPGQGLEWMG
48	20D10	VH1-18		JH6B	-I----------	--PL------	----------
49	26E10	VH1-18		JH6B	----------	---L------	----------
49	21B12	VH1-18		JH6B	----------	---L------	----------
50	23G1	VH1-18		JH6B	----------	---L------	----------
51	26H5	VH1-18		JH6B	----------	---L------	----------
52	27H5	VH1-18		JH6B	----------R----------	---L------	----------
53	31D1	VH1-18		JH6B	-I----------	---L------	----------
54	27E7	VH1-18		JH6B	----------L-------	--SL------	----------
55	30B9	VH1-18		JH6B	----------	--PL------	----------
56	19H9	VH1-18		JH6B	----------	--AL------	----------
57	17C2	VH1-18		JH6B	----------	--S-------	----------
58	25A7	VH1-18		JH6B	----------	----P-----	----------
59		Dòng mầm			QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS	GYTFTSYGIS	WVRQAPGQGLEWMG
60	3B6	VH1-18		JH4B	----------	----------	----------
61		Dòng mầm			EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAAS	GFTFSSYWMS	WVRQAPGKGLEWVA
62	9H6	VH3-7	D7-27	JH3A	----------	-----R----	----------
63		Dòng mầm			EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAAS	GFTFSSYWMS	WVRQAPGKGLEWVA
64	9C9	VH3-7	D7-27	JH3B	----------VV-	----------	----------
65	1A12	VH3-7	D7-27	JH3B	----------	-L---NF---	----------
66		Dòng mầm			EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAAS	GFTFSSYSMN	WVRQAPGKGLEWVS
67	31H4	VH3-21	D3-3	JH3A	----------	----------	----------
68		Dòng mầm			EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAAS	GFTFSSYAMS	WVRQAPGKGLEWVS
69	13B5	VH3-23		JH4B	----------	----------	----------

FIG. 3A

Seq ID No.	DÒNG	V	D	J	FR1	CDR1	FR2
70		Dòng mầm			EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAAS	GFTFSSYAMS	WVRQAPGKGLEWVS
71	23B5	VH3-23	D2-8	JH4B	----------	---------N	----------
72	25G4	VH3-23	D2-8	JH4B	----------	---------N	----------
73		Dòng mầm			QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAAS	GFTFSSYGMH	WVRQAPGKGLEWVA
74	30A4	VH3-33		JH6B	----------	----------	----------
75		Dòng mầm			QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAAS	GFTFSSYGMH	WVRQAPGKGLEWVA
76	27A6	VH3-33	D6-6	JH6B	--H----------	----N-F---	----------
77	28B12	VH3-33	D6-6	JH6B	----------	------F---	----------
289	28B12v1	VH3-33	D6-6	JH6B	--H----------	------F---	----------
78	28D6	VH3-33	D6-6	JH6B	----------	------F---	----------
79	16F12	VH3-33	D6-6	JH6B	--H----------	----N-F---	----------
80	22E2	VH3-33	D6-6	JH6B	----------	------F---	----------
81	31B12	VH3-33	D6-6	JH6B	----------	----------	----------
290	31B12v1	VH3-33	D6-6	JH6B	----------	----------	----------C--
82		Dòng mầm			QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAAS	GFTFSSYGMH	WVRQAPGKGLEWVA
83	31G11	VH3-33	D6-19	JH6B	----------	----R-----	----------
84		Dòng mầm			QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVS	GGSISSGGYYWS	WIRQHPGKGLEWIG
85	3C4	VH4-31		JH6B	----------	------SD----	----------
86		Dòng mầm			QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVS	GGSISSGGYYWS	WIRQHPGKGLEWIG
87	27B2	VH4-31	D5-5	JH4B	----------	----------	----------
88		Dòng mầm			QVQLQQWGAGLLKPSETLSLTCAVY	GGSFSGYYWS	WIRQPPGKGLEWIG
89	31A4	VH4-34	D6-6	JH4B	----------	-----A---N	----------
90		Dòng mầm			QVQLQQSGPGLVKPSQTLSLTCAIS	GDSVSSNSAAWN	WIRQSPSRGLEWLG
91	13H1	VH6-1		JH4B	----------	----------	----------

FIG. 3B

Seq ID No.	DÒNG	CDR2	FR3	CDR3	FR4
47		WISAYNGNTNYAQKLQG	RVTMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCAR	YGMDV	WGQGTTVTVSS
48	20D10	--------------V--	S-----------V------------------	G-----	----------
49	26E10	-V-F-------------	-G-----P------------------------	G-----	----------
49	21B12	-V-F-------------	-G-----P------------------------	G-----	----------
50	23G1	-V-F-------------	-G-----P------------------------	G-----	----------
51	26H5	---F----------V--	------------V------------------	G-----	----------
52	27H5	---V----------V--	------------V-------S----------	G-----	----------
53	31D1	---F----------V--	------------V---------------F---	G-----	----------
54	27E7	--------------V--	------------V---V---------------	G-----	----------
55	30B9	--------------V--	------------V------------------	G-----	----------
56	19H9	------------.--V--	------------V------------------	G-----	----------
57	17C2	-V------------F--	--------------------------------	G-V---	----------
58	25A7	------------E----	----------------V----------F----	G-V---	----------
59		WISAYNGNTNYAQKLQG	RVTMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCAR	GY DY	WGQGTLVTVSS
60	3B6	---T----------V--	--------------------------------	--TR--	----------
61		NIKQDGSEKYYVDSVKG	RFTISRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCAR	NWG AFDV	WGQGTMVTVSS
62	9H6	---H-------------	--------------------------------	ES---F----	--H-------
63		NIKQDGSEKYYVDSVKG	RFTISRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCAR	NWG AFDI	WGQGTMVTVSS
64	9C9	-----------------	--------------------------------	ES---F----	----------
65	1A12	-----------------	----------------------------S-T-	ES---F----	----------
66		SISSSSSYIYYADSVKG	RFTISRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCAR	DYDFWSGYYTAFDV	WGQGTMVTVSS
67	31H4	---------S-------	----------------------------F---	------A--D----	----------
68		AISGSGGSTYYADSVKG	RFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAK	FDY	WGQGTLVTVSS
69	13B5	T------R---------	--------------------------------	EVGSP---	----------

12/152

FIG. 3C

Seq ID No.	DÒNG	CDR2	FR3	CDR3	FR4
70		AISGSGGSTYYADSVKG	RFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAK	VLMVYA DY	WGQGTLVTVSS
71	23B5	T-----DN---------	----------	KF------ML--	----------
72	25G4	T------N---------	----------	KF------ML--	----------
73		VIWYDGSNKYYADSVKG	RFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAR	YYYGMDV	WGQGTTVTVSS
74	30A4	-------D---------	----------	ETGPLKL-------	----------
75		VIWYDGSNKYYADSVKG	RFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAR	IAA GMDV	WGQGTTVTVSS
76	27A6	L--S---D---------	----------	AIAALYYYY----	----------
77	28B12	L--N------------	----------	AIAALYYYY----	--H-------
78	28D6	L--N------------	----------	AIAALYYYY----	----------
79	16F12	L--S---DE--------	----------	AIAALYYYY----	----------
80	22E2	L--N------------	----------	AIAALYYYY----	----------
291	22E2v1	L--N------------	----------	AIAALYYYY----	----------
81	31B12	I----------------	----------	RGGLAARPG----	----------
290	31B12v1	I----------------	----------	RGGL---PG----	----------
82		VIWYDGSNKYYADSVKG	RFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAR	GIAVAYYYYGMDV	WGQGTTVTVSS
83	31G11	L--H----T--V-----	----------	----------	----------
84		YIYYSGSTYYNPSLKS	RVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCAR	YYYGMDV	WGQGTTVTVSS
85	3C4	----------------	-I---------L----------	GGVTT---A---	----------
86		YIYYSGSTYYNPSLKS	RVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCAR	EDTAMV YFDY	WGQGTLVTVSS
87	27B2	---N------------	----------	------P----	----------
88		EINHSGSTNYNPSLKS	RVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCAR	GQLV FDY	WGQGTLVTVSS
89	31A4	------R-D-------	----------K------N----------	----P---	----------
90		RTYYRSKWYNDYAVSVKS	RITINPDTSKNQFSLQLNSVTPEDTAVYYCAR	FDY	WGQGTLVTVSS
91	13H1	---------KN-S-----	----------G---------	GGPTAA---	----------

FIG. 3D

31H4

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTGGTCAAGCCTGGGGGGTCCCTGA
GACTCTCCTGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATAGCATGAACTGGGTCC
GCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCATCCATTAGTAGTAGTAGTAGT
TACATTTCCTACGCAGACTCAGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAACGCC
AAGAACTCACTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTA
TTTCTGTGCGAGAGATTACGATTTTTGGAGTGCTTACTATGATGCTTTTGATGTCTGG
GGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA3' **(SEQ ID NO: 152)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSSYSMNWVRQAPGKGLEWVSSISSSSSYISY
ADSVKGRFTISRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYFCARDYDFWSAYYDAFDVWGQGT
MVTVSS **(SEQ ID NO: 67)**

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'CAGTCTGTGCTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGGGGCCCCAGGGCAGAGGGTCA
CCATCTCCTGCACTGGGAGCAGCTCCAACATCGGGGCAGGTTATGATGTACACTGGT
ACCAGCAGCTTCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATCTCTGGTAACAGCAATCGGC
CCTCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGG
CCATCACTGGGCTCCAGGCTGAGGATGAGGCTGATTATTACTGCCAGTCCTATGACA
GCAGCCTGAGTGGTTCGGTATTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA3' **(SEQ ID NO: 153)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGAGYDVHWYQQLPGTAPKLLISGNSNRPSGV
PDRFSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYYCQSYDSSLSGSVFGGGTKLTVL **(SEQ ID NO: 12)**

FIG. 3E

7

15/152

20D10

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'CAGATTCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGA
AGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGTTACCCCTTGACCAGCTATGGTATCAGCTGGGTGC
GACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATCAGCGCTTACAATGGT
AACACAAACTATGCACAGAAGGTCCAGGGCAGCGTCACCATGACCACAGACACATC
CACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGGAGCCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGT
ATTACTGTGCGAGAGGCTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACC
GTCTCCTCT3' **(SEQ ID NO: 92)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

QIQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYPLTSYGISWVRQAPGQGLEWMGWISAYNGN
TNYAQKVQGSVTMTTDTSTSTVYMELRSLRSDDTAVYYCARGYGMDVWGQGTTVTV
SS **(SEQ ID NO: 48)**

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCTGGGTCTCCTGGACAGTCGATCAC
CATCTCCTGCACTGGAACCAGCAGTGACGTTGGTGGTTATAACTCTGTCTCCTGGTA
CCAACAGTACCCAGGCAAACCCCCCAAACTCAAGATTTATGAGGTCAGTAATCGGC
CCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGA
CCATCTCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGCTGATTATTTCTGCAGCTCATATACAA
GCACCAGCATGGTCTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA3' **(SEQ ID NO: 93)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

QSALTQPASVSGSPGQSITISCTGTSSDVGGYNSVSWYQQYPGKPPKLKIYEVSNRPSGV
SNRFSGSKSGNTASLTISGLQAEDEADYFCSSYTSTSMVFGGGTKLTVL **(SEQ ID NO: 19)**

FIG. 3F

26E10

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'CAGGTTCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGA
AGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGTTACACCTTAACCAGCTATGGTATCAGCTGGGTGC
GACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGGTCAGTTTTTATAATGGT
AACACAAACTATGCACAGAAGCTCCAGGGCAGAGGCACCATGACCACAGACCCATC
CACGAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGGAGCCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGT
ATTACTGTGCGAGAGGCTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACC
GTCTCCTCT3' **(SEQ ID NO: 94)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTLTSYGISWVRQAPGQGLEWMGWVSFYNG
NTNYAQKLQGRGTMTTDPSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCARGYGMDVWGQGTTVT
VSS **(SEQ ID NO: 49)**

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCTGGGTCTCCTGGACAGTCGATCAC
CATCTCCTGCACTGGAACCAGCAGTGACGTTGGTGGTTATAACTCTGTCTCCTGGTA
CCAACAGCACCCAGGCAAAGCCCCCAAACTCATGATTTATGAGGTCAGTAATCGGC
CCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGA
CCATCTCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGCTGATTATTACTGCAATTCATATACAA
GCACCAGCATGGTATTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA3' **(SEQ ID NO: 95)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

QSALTQPASVSGSPGQSITISCTGTSSDVGGYNSVSWYQQHPGKAPKLMIYEVSNRPSGV
SNRFSGSKSGNTASLTISGLQAEDEADYYCNSYTSTSMVFGGGTKLTVL **(SEQ ID NO: 23)**

Trình tự nucleotit thay thế của vùng biến đổi chuỗi nhẹ (26E10v1):

5'CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCTGGGTCTCCTGGACAGTCGATCAC
CATCTCCTGCACTGGAACCAGCAGTGACGTTGGTGGTTATAACTCTGTCTCCTGGTA
CCAACAGCACCCAGGCAAAGCCCCCAAACTCATGATTTATGAGGTCAGTAATCGGC
CCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGA
CCATCTCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGCTGATTATTACTGCAACTCATATACAA
GCACCAGCATGGTATTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA3' **(SEQ ID NO: 293)**

FIG. 3G

26H5

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'CAGGTTCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAAGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGA
AGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGTTACACCTTGACCAGCTATGGTATCAGCTGGGTGC
GACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATCAGCTTTTACAATGGT
AACACAAACTATGCACAGAAGGTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCACAGACACATC
CACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGGAGCCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGT
ATTACTGTGCGAGAGGCTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACC
GTCTCCTCT3' **(SEQ ID NO: 96)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTLTSYGISWVRQAPGQGLEWMGWISFYNGN
TNYAQKVQGRVTMTTDTSTSTVYMELRSLRSDDTAVYYCARGYGMDVWGQGTTVTV
SS **(SEQ ID NO: 51)**

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCTGGGTCTCCTGGACAGTCGATCAC
CATCTCCTGCACTGGAACCAGCAGTGACGTTGGTGGTTATAACTCTGTCTCCTGGTA
CCAACAGCACCCAGGCAAACCCCCCAAACTCATGATTTATGAGGTCAGTAATCGGC
CCTCAGGGGTTTCTATTCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGAC
CATCTCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGCTGATTATTTCTGCAGCTCATATACAAG
CACCAGCATGGTCTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA3' **(SEQ ID NO: 97)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

QSALTQPASVSGSPGQSITISCTGTSSDVGGYNSVSWYQQHPGKPPKLMIYEVSNRPSGV
SIRFSGSKSGNTASLTISGLQAEDEADYFCSSYTSTSMVFGGGTKLTVL **(SEQ ID NO: 17)**

FIG. 3H

31D1

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'CAGATTCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGA
AGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGTTACACCTTGACCAGCTATGGTATCAGCTGGGTGC
GACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATCAGCTTTTACAATGGT
AACACAAACTATGCACAGAAGGTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCACAGACACATC
CACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGGAGCCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGT
ATTTCTGTGCGAGAGGTTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACC
GTCTCCTCA3' **(SEQ ID NO: 98)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

QIQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTLTSYGISWVRQAPGQGLEWMGWISFYNGNT
NYAQKVQGRVTMTTDTSTSTVYMELRSLRSDDTAVYFCARGYGMDVWGQGTTVTVS
S **(SEQ ID NO: 53)**

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCTGGGTCTCCTGGACAGTCGATCAC
CATCTCCTGCACTGGAACCAGCAGTGACGTTGGTGGTTATAACTCTGTCTCGTGGTA
CCAACAGCACCCAGGCAAACCCCCCAAACTCATGATTTATGAGGTCAGTAATCGGC
CCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGA
CCATCTCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGCTGATTATTTCTGCAGCTCATATACAA
GCACCAGCATGGTCTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGGCCGTCCTA3' **(SEQ ID NO: 99)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

QSALTQPASVSGSPGQSITISCTGTSSDVGGYNSVSWYQQHPGKPPKLMIYEVSNRPSGV
SNRFSGSKSGNTASLTISGLQAEDEADYFCSSYTSTSMVFGGGTKLAVL **(SEQ ID NO: 18)**

FIG. 3I

23G1

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'CAGGTTCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGA
AGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGTTACACCTTAACCAGCTATGGTATCAGCTGGGTGC
GACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGGTCAGTTTTTATAATGGT
AACACAAACTATGCACAGAAGCTCCAGGGCAGAGGCACCATGACCACAGACCCATC
CACGAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGGAGCCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGT
ATTACTGTGCGAGAGGCTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACC
GTCTCCTCA3' **(SEQ ID NO: 100)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTLTSYGISWVRQAPGQGLEWMGWVSFYNG
NTNYAQKLQGRGTMTTDPSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCARGYGMDVWGQGTTVT
VSS **(SEQ ID NO: 50)**

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCTGGGTCTCCTGGACAGTCGATCAC
CATCTCCTGCACTGGAACCAGCAGTGACGTTGGTGGTTATAACTCTGTCTCCTGGTA
CCAACAGCACCCAGGCAAAGCCCCCAAACTCATGATTTATGAGGTCACTAATCGGC
CCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGA
CCATCTCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGCTGATTATTACTGCAACTCATATACAA
GCACCAGCATGGTGTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA3' **(SEQ ID NO: 101)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

QSALTQPASVSGSPGQSITISCTGTSSDVGGYNSVSWYQQHPGKAPKLMIYEVTNRPSGV
SNRFSGSKSGNTASLTISGLQAEDEADYYCNSYTSTSMVFGGGTKLTVL **(SEQ ID NO: 26)**

FIG. 3J

27B2

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCACAGACCCTGT
CCCTCACCTGCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTGGTGGTTACTACTGGAGCT
GGATCCGCCAGCACCCAGGGAAGGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATATATAACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTTACCATATCAGTAGACAC
GTCTAAGAACCAGTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACTGCCGCGGACACGGCCGT
GTATTACTGTGCGAGAGAGGATACAGCTATGGTTCCTTACTTTGACTACTGGGGCCA
GGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA3' **(SEQ ID NO: 102)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGGSISSGGYYWSWIRQHPGKGLEWIGYIYNSGSTY
YNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCAREDTAMVPYFDYWGQGTLVT
VSS **(SEQ ID NO: 87)**

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'CAGTCTGTACTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGGGGCCCCAGGGCAGAGGGTCA
CCATCTCCTGCACTGGGAGCAGCTCCAACATCGGGGCACATTATGATGTGCACTGGT
ACCAGCAGGTTCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATCTATGGTAACACCTATCGGC
CCTCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGG
CCATCACTGGGCTCCAGGCTGAGGATGAGGCTGATTATTACTGCCAGTCCTATGACA
ACAGCCTGAGTGGTGTGGTATTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA3' **(SEQ ID NO: 103)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

QSVLTQPPSVSGAPGQRVTISCTGSSSNIGAHYDVHWYQQVPGTAPKLLIYGNTYRPSG
VPDRFSGSKSGTSASLAITGLQAEDEADYYCQSYDNSLSGVVFGGGTKLTVL **(SEQ ID NO: 13)**

FIG. 3K

16F12

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'CAGGTGCACCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGA
GACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAACAGCTTTGGCATGCACTGGGTCC
GCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCACTTATCTGGTCTGATGGAAGT
GATGAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCC
AAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTA
TTACTGTGCGAGAGCCATAGCAGCCCTCTACTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGG
CCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA3' **(SEQ ID NO: 104)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

QVHLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFNSFGMHWVRQAPGKGLEWVALIWSDGSD
EYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARAIAALYYYYGMDVWGQ
GTTVTVSS **(SEQ ID NO: 79)**

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCA
CCATCTCCTGCTCTGGAAGCAGCTCCAACATTGGGAATAATTTTGTATCCTGGTACC
AGCAGCTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACTATAATAAGCGACCCT
CAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCA
TCACCGGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGC
AGCCTGAGTGCTTATGTCTTCGGAACTGGGACCAGGGTCACCGTCCTA3' **(SEQ ID NO: 105)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQLPGTAPKLLIYDYNKRPSGIPD
RFSGSKSGTSATLGITGLQTGDEADYYCGTWDSSLSAYVFGTGTRVTVL **(SEQ ID NO: 35)**

FIG. 3L

22E2

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGA
GACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGCAGCTTTGGCATGCACTGGGTCC
GCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCACTTATATGGAATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCC
AAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTA
TTACTGTGCGAGAGCCATAGCAGCCCTCTACTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGG
CCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA3' **(SEQ ID NO: 106)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSFGMHWVRQAPGKGLEWVALIWNDGSN
KYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARAIAALYYYYGMDVWGQ
GTTVTVSS **(SEQ ID NO: 80)**

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCA
CCATCTCCTGCTCTGGAAGCAGCTCCAACATTGGGAATAATTTTGTATCCTGGTACC
AGCAGCTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACTATAATAAGCGACCCT
CAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCA
TCACCGGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGC
AGTCTGAGTGGTTATGTCTTCGGAACTGGGACCAGGGTCACCGTCCTA3' **(SEQ ID NO: 107)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQLPGTAPKLLIYDYNKRPSGIPD
RFSGSKSGTSATLGITGLQTGDEADYYCGTWDSSLSGYVFGTGTRVTVL **(SEQ ID NO: 36)**

FIG. 3M

27A6

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:
5'CAGGTGCACCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGA
GACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAACAGCTTTGGCATGCACTGGGTCC
GCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCACTTATATGGTCTGATGGAAGT
GATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCC
AAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTA
TTACTGTGCGAGAGCCATAGCAGCCCTCTACTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGG
CCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA3' **(SEQ ID NO: 108)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:
QVHLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFNSFGMHWVRQAPGKGLEWVALIWSDGSD
KYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARAIAALYYYYGMDVWGQ
GTTVTVSS **(SEQ ID NO: 76)**

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:
5'CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCA
CCATCTCCTGCTCTGGAAGCAGTTCCAACATTGGGAATAATTTTGTATCCTGGTACC
AGCAGTTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACTATAATAAGCGACCCT
CAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCA
TCACCGGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGC
AGCCTGAGTTCTTATGTCTTCGGAACTGGGACCAGGGTCACCGTCCTA3' **(SEQ ID NO: 109)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:
QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQFPGTAPKLLIYDYNKRPSGIPD
RFSGSKSGTSATLGITGLQTGDEADYYCGTWDSSLSSYVFGTGTRVTVL **(SEQ ID NO: 37)**

FIG. 3N

28B12

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGA
GACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGCAGCTTTGGCATGCACTGGGTCC
GCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCACTTATATGGAATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCC
AAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTA
TTACTGTGCGAGAGCCATAGCAGCCCTCTACTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGG
CCACGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA3' **(SEQ ID NO: 110)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSFGMHWVRQAPGKGLEWVALIWNDGSN
KYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARAIAALYYYYGMDVWGH
GTTVTVSS **(SEQ ID NO: 77)**

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCA
CCATCTCCTGCTCTGGAAGCAGCTCCAACATTGGGAATAATTTTGTATCCTGGTACC
AGCAGCTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACTATAATAAGCGACCCT
CAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCA
TCACCGGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGC
AGCCTGAGTGGTTATGTCTTCGGAACTGGGACCAGGGTCACCGTCCTA3' **(SEQ ID NO: 111)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQLPGTAPKLLIYDYNKRPSGIPD
RFSGSKSGTSATLGITGLQTGDEADYYCGTWDSSLSGYVFGTGTRVTVL **(SEQ ID NO: 38)**

FIG. 30

28D6

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGA
GACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGCAGCTTTGGCATGCACTGGGTCC
GCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCACTTATATGGAATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCC
AAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTA
TTACTGTGCGAGAGCCATAGCAGCCCTCTACTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGG
CCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA3' **(SEQ ID NO: 112)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSFGMHWVRQAPGKGLEWVALIWNDGSN
KYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARAIAALYYYYGMDVWGQ
GTTVTVSS **(SEQ ID NO: 78)**

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCACAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCA
CCATCTCCTGCTCTGGAAGCAGCTCCAACATTGGGAATAATTTTGTATCCTGGTACC
AGCAGCTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACTATAATAAGCGACCCT
CAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCA
TCACCGGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTACTACTGCGGAACATGGGATAGC
AGCCTGAGTGGTTATGTCTTCGGAACTGGGACCAGGGTCACCGTCCTA3' **(SEQ ID NO: 113)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

QSVLTQPPTVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQLPGTAPKLLIYDYNKRPSGIPD
RFSGSKSGTSATLGITGLQTGDEADYYCGTWDSSLSGYVFGTGTRVTVL **(SEQ ID NO: 39)**

FIG. 3P

31G11

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGA
GACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGGAGCTATGGCATGCACTGGGTCC
GCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCACTTATATGGCATGATGGAAGT
AATACATACTATGTAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCC
AAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTA
TTACTGTGCGAGAGGTATAGCAGTGGCTTACTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGG
CCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA3' **(SEQ ID NO: 114)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFRSYGMHWVRQAPGKGLEWVALIWHDGSN
TYYVDSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARGIAVAYYYYGMDVWGQ
GTTVTVSS **(SEQ ID NO: 83)**

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCA
CCATCTCCTGCTCTGGAAGCAGCTCCAACATTGGGAATAATTTTGTATCCTGGTACC
AGCAGCTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACAGTAATAAGCGACCCT
CAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGACA
TCACCGGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGC
AGCCTGAGTGCTTATGTTTTCGGAACTGGGACCAAGGTCACCGTCCTA3' **(SEQ ID NO: 115)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSSSNIGNNFVSWYQQLPGTAPKLLIYDSNKRPSGIPD
RFSGSKSGTSATLDITGLQTGDEADYYCGTWDSSLSAYVFGTGTKVTVL **(SEQ ID NO: 40)**

FIG. 3Q

23B5

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'GAGGTGCAGCTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTACAGCCTGGGGGGTCCCTGA
GACTCTCCTGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGCCATGAACTGGGTCC
GCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCAACTATTAGTGGTAGTGGTGAT
AACACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGGTTCACCATCTCCAGAGACAATTC
CAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCCGTAT
ATTACTGTGCGAAAAAGTTTGTACTAATGGTGTATGCTATGCTTGACTACTGGGGCC
AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA3' **(SEQ ID NO: 116)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWVRQAPGKGLEWVSTISGSGDNT
YYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKKFVLMVYAMLDYWGQG
TLVTVSS **(SEQ ID NO: 71)**

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'GACATCCTGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTTGGAGACAGAGT
CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGAGCATTAGCAGTTATTTAAATTGGTATCAGCA
GAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGGTCCTGATCTATGCTGCCTCCAGTTTGCAAAGTGG
GGTCCCATCAAGGTTCAGTGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAA
CAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTTACTACTGTCAACAGAGTTACAGTTCCCC
CATCACCTTCGGCCAAGGGACACGACTGGAGATTAAA3' **(SEQ ID NO: 117)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

DILMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISSYLNWYQQKPGKAPKVLIYAASSLQSGVPSR
FSGSGSGTDFTLTINSLQPEDFATYYCQQSYSSPITFGQGTRLEIK **(SEQ ID NO: 9)**

FIG. 3R

25G4

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'GAGGTGCAGCTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTACAGCCGGGGGGGTCCCTGA
GACTCTCCTGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGCCATGAACTGGGTCC
GCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCAACTATTAGTGGTAGTGGTGGT
AACACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGGTTCACCATCTCCAGAGACAATTC
CAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCCGTAT
ATTACTGTGCGAAAAAGTTTGTACTAATGGTGTATGCTATGCTTGACTACTGGGGCC
AGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA3' **(SEQ ID NO: 118)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMNWVRQAPGKGLEWVSTISGSGGNT
YYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKKFVLMVYAMLDYWGQG
TLVTVSS **(SEQ ID NO: 72)**

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTATCTGCATCTGTAGGAGACAGAGT
CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGAGCATTAGCATCTATTTAAATTGGTATCAGCA
GAAGCCAGGGAAAGCCCCTTACCTCCTGATCTATGCTGCAGCCAGTTTGCAAAGTGG
GGTCCCATCAAGGTTCAGTGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAG
CAGTCTGCAACCTGAAGATTTTGCAACTTACTACTGTCAACAGAGTTACAGTGCCCC
CATCACCTTCGGCCAAGGGACACGACTGGAGATTAAA3' **(SEQ ID NO: 119)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISIYLNWYQQKPGKAPYLLIYAAASLQSGVPSR
FSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSYSAPITFGQGTRLEIK **(SEQ ID NO: 10)**

FIG. 3S

27E7

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'CAGGTTCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCACTGA
AGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGTTACAGTTTGACCAGCTATGGTATCAGCTGGGTGC
GACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATCAGCGCTTACAATGGT
AACACAAACTATGCACAGAAGGTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCACAGACACATC
CACGAGCACAGTCTACATGGAGGTGAGGAGTCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGT
ATTACTGTGCGAGAGGCTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACC
GTCTCCTCA3' **(SEQ ID NO: 120)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

QVQLVQSGAEVKKPGASLKVSCKASGYSLTSYGISWVRQAPGQGLEWMGWISAYNGN
TNYAQKVQGRVTMTTDTSTSTVYMEVRSLRSDDTAVYYCARGYGMDVWGQGTTVTV
SS **(SEQ ID NO: 54)**

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCTGGGTCTCCTGGACAGTCGATCAC
CATCTCCTGCACTGGAACCAGCAGTGACGTTGGTGGTTATAACTCTGTCTCCTGGTA
CCAACAGCACCCAGGCAAACCCCCCAAACTCATGATTTATGAGGTCAGTAATCGGC
CCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCAATACGGCCTCCCTGA
CCATCTCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGCTGATTATTTCTGCAGCTCATATACAA
GCACCAGCATGGTCTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA3' **(SEQ ID NO: 121)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

QSALTQPASVSGSPGQSITISCTGTSSDVGGYNSVSWYQQHPGKPPKLMIYEVSNRPSGV
SNRFSGSKSGNTASLTISGLQAEDEADYFCSSYTSTSMVFGGGTKLTVL **(SEQ ID NO: 20)**

FIG. 3T

27H5

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'CAGGTTCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAGGCCTGGGGCCTCAGTGA
AGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGTTACACCTTGACCAGCTATGGTATCAGCTGGGTGC
GACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATCAGCGTTTACAATGGT
AACACAAACTATGCACAGAAGGTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCACAGACACATC
CACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGGAGCCTGAGCTCTGACGACACGGCCGTGT
ATTACTGTGCGAGAGGCTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACC
GTCTCCTCA3' **(SEQ ID NO: 122)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

QVQLVQSGAEVKRPGASVKVSCKASGYTLTSYGISWVRQAPGQGLEWMGWISVYNGN
TNYAQKVQGRVTMTTDTSTSTVYMELRSLSSDDTAVYYCARGYGMDVWGQGTTVTV
SS **(SEQ ID NO: 52)**

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCTGGGTCTCCTGGACAGTCGATCAC
CATCTCCTGCACTGGAACCAGCAGTGACGTTGGTGGTTATAACTCTGTCTCCTGGTA
CCAACAGCACCCAGGCAAACCCCCCAAACTCATGATTTATGAGGTCAGTAATCGGC
CCTCAGGGGTTTCTATTCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGAC
CATCTCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGCTGATTATTTCTGCAGCTCATATACAAG
CACCAGCATGGTCTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA3' **(SEQ ID NO: 123)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

QSALTQPASVSGSPGQSITISCTGTSSDVGGYNSVSWYQQHPGKPPKLMIYEVSNRPSGV
SIRFSGSKSGNTASLTISGLQAEDEADYFCSSYTSTSMVFGGGTKLTVL **(SEQ ID NO: 16)**

FIG. 3U

30B9

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'CAGGTTCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGA
AGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGTTACCCCTTGACCAGCTATGGTATCAGCTGGGTGC
GACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATCAGCGCTTACAATGGT
AACACAAACTATGCACAGAAGGTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCACAGACACATC
CACGAGCACAGTCTACATGGAGTTGAGGAGCCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGT
ATTACTGTGCGAGAGGCTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACC
GTCTCCTCA3' **(SEQ ID NO: 124)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYPLTSYGISWVRQAPGQGLEWMGWISAYNGN
TNYAQKVQGRVTMTTDTSTSTVYMELRSLRSDDTAVYYCARGYGMDVWGQGTTVTV
SS **(SEQ ID NO: 55)**

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCTGGGTCTCCTGGACAGTCGATCAC
CATCTCCTGCACTGGAACCAGCAGTGACGTTGGTGGTTATAACTCTGTCTCCTGGTA
CCAACAGCACCCAGGCAAACCCCCCAAACTCATGATTTATGAGGTCAGTAATCGGC
CCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCAATACGGCCTCCCTGA
CCATCTCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGCTGATTATTTCTGCAGCTCATATACAA
GCACCAGCATGGTCTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA3' **(SEQ ID NO: 125)**

Trình tự nucleotit thay thế của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCTGGGTCTCCTGGACAGTCGATCAC
CATCTCCTGCACTGGAACCAGCAGTGACGTTGGTGGTTATAACTCTGTCTCCTGGTA
CCAACAGCACCCAGGCAAACCCCCCAAACTCATGATTTATGAGGTCAGTAATCGGC
CCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGA
CCATCTCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGCTGATTATTTCTGCAGCTCATATACAA
GCACCAGCATGGTCTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA3' **(SEQ ID NO: 294)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

QSALTQPASVSGSPGQSITISCTGTSSDVGGYNSVSWYQQHPGKPPKLMIYEVSNRPSGV
SNRFSGSKSGNTASLTISGLQAEDEADYFCSSYTSTSMVFGGGTKLTVL **(SEQ ID NO: 21)**

FIG. 3V

19H9

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'CAGGTTCAGTTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGA
AGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGTTACGCCTTGACCAGCTATGGTATCAGCTGGGTGC
GACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATCAGCGCTTACAATGGT
AACACAAACTATGCACAGAAGGTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCACAGACACATC
CACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGGAGCCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGT
ATTACTGTGCGAGAGGCTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACC
GTCTCCTCA3' **(SEQ ID NO: 126)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYALTSYGISWVRQAPGQGLEWMGWISAYNGN
TNYAQKVQGRVTMTTDTSTSTVYMELRSLRSDDTAVYYCARGYGMDVWGQGTTVTV
SS **(SEQ ID NO: 56)**

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCTGGGTCTCCTGGACAGTCGATCAC
CATCTCCTGCACTGGAACCAACAGTGACGTTGGTGGTTATAACTCTGTCTCCTGGTA
CCAACAGCACCCAGGCAAACCCCCCAAACTCATGATTTATGAGGTCAGTAATCGGC
CCTCAGGGATTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGA
CCATCTCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGCTGATTATTTCTGCAGCTCATATACAA
GCACCAGCATGGTCTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA3' **(SEQ ID NO: 127)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

QSALTQPASVSGSPGQSITISCTGTNSDVGGYNSVSWYQQHPGKPPKLMIYEVSNRPSGI
SNRFSGSKSGNTASLTISGLQAEDEADYFCSSYTSTSMVFGGGTKLTVL **(SEQ ID NO: 22)**

FIG. 3W

17C2

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'CAGGTTCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGA
AGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGTTACAGCTTTACCAGCTATGGTATCAGCTGGGTGC
GACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGGTCAGCGCTTACAATGGT
AACACAAACTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCACAGACACATC
CACGAGCACAGCCTACATGGAACTGAGGAGCCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGT
ATTACTGTGCGAGAGGCTACGTTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACC
GTCTCCTCA3' **(SEQ ID NO: 128)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSFTSYGISWVRQAPGQGLEWMGWVSAYNG
NTNYAQKFQGRVTMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCARGYVMDVWGQGTTVT
VSS **(SEQ ID NO: 57)**

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTTTCTGGGTCTCCTGGACAGTCGATCAC
CATCTCCTGCACTGGAACCAGCAGTGACGTTGGTGCTTATAACTCTGTCTCCTGGTA
CCAACAGCACCCAGGCAAAGCCCCCAAACGCATGATTTATGAGGTCAGTAATCGGC
CCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGA
CCATCTCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGCTGATTATTACTGCAGCTCATATACAA
GCACCAACATGGTATTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA3' **(SEQ ID NO: 129)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

QSALTQPASVSGSPGQSITISCTGTSSDVGAYNSVSWYQQHPGKAPKRMIYEVSNRPSGV
SNRFSGSKSGNTASLTISGLQAEDEADYYCSSYTSTNMVFGGGTKLTVL **(SEQ ID NO: 24)**

FIG. 3X

13H1

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'CAGGTACAGTTGCAGCAGTCAGGTCCAGGACTGGTGAAGCCCTCGCAGACCCTCT
CACTCACCTGTGCCATCTCCGGGGACAGTGTCTCTAGCAACAGTGCTGCTTGGAACT
GGATCAGGCAGTCCCCATCGAGAGGCCTTGAGTGGCTGGGAAGGACATACTACAGG
TCCAAGTGGTATAAAAATTATTCAGTATCTGTGAAAAGTCGAATAACCATCAACCCA
GACACATCCAAGAACCAGTTCTCTCTGCAACTGAACTCTGTGACTCCCGGGGACACG
GCTGTGTATTACTGTGCAAGAGGGGGGCCAACTGCTGCTTTTGACTACTGGGGCCAG
GGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA3' **(SEQ ID NO: 130)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

QVQLQQSGPGLVKPSQTLSLTCAISGDSVSSNSAAWNWIRQSPSRGLEWLGRTYYRSK
WYKNYSVSVKSRITINPDTSKNQFSLQLNSVTPGDTAVYYCARGGPTAAFDYWGQGTL
VTVSS **(SEQ ID NO: 91)**

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'CTTTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCTGGGTCTCCTGGACAGTCGATCAC
CATCTCCTGCACTGGAACCAGCAGTGATGTTGGGAATTATAACCTTGTCTCCTGGTA
CCAACAGTATTCAGGCAAAGCCCCCAAACTCATGATTTATGAGGTCAGTAAGCGGC
CCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGA
CAATCTCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGCTGATTATTACTGCTGCTCATATGCAG
GTAGTAGCACTTTGGTTTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA3' **(SEQ ID NO: 131)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

LSALTQPASVSGSPGQSITISCTGTSSDVGNYNLVSWYQQYSGKAPKLMIYEVSKRPSGV
SNRFSGSKSGNTASLTISGLQAEDEADYYCCSYAGSSTLVFGGGTKLTVL **(SEQ ID NO: 28)**

FIG. 3Y

9C9

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'GAGGTGCAGTTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGA
GACTCTCCTGTGTAGTCTCTGGATTCACCTTTAGTAGCTATTGGATGAGCTGGGTCCG
CCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCCAACATAAAGCAAGATGGAAGT
GAGAAATACTATGTGGACTCTGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAACGC
CAAGAACTCACTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTAT
ATTACTGTGCGAGAGAGTCAAACTGGGGATTTGCTTTTGATATCTGGGGCCAAGGGA
CAATGGTCACCGTCTCTTCA3' **(SEQ ID NO: 132)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCVVSGFTFSSYWMSWVRQAPGKGLEWVANIKQDGSE
KYYVDSVKGRFTISRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARESNWGFAFDIWGQGTM
VTVSS **(SEQ ID NO: 64)**

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'CAGTCTGTGCTGACTCAGCCACCCTCAGCGTCTGGGACCCCCGGGCAGAGGGTCA
CCATCTCTTGTTCTGGAAGCAGCTCCAACATCGGAAGTAAGACTGTAAACTGGTACC
AACAGGTCCCAGGAACGGCCCCCAAACTCCTCATCTATAGGAATAATCAGCGGCCC
TTAGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCC
ATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGGATGAGGCTGATTATTATTGTGCAGCATGGGATGAC
AGCCTGAATTGGGTGTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA3' **(SEQ ID NO: 133)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSSSNIGSKTVNWYQQVPGTAPKLLIYRNNQRPLGVP
DRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAAWDDSLNWVFGGGTKLTVL **(SEQ ID NO: 30)**

FIG. 3Z

9H6

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGA
GACTCTCCTGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGTCGCTATTGGATGAGCTGGGTCCG
CCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCCAACATAAAGCATGATGGAAGTG
AGAAATACTATGTGGACTCTGTGAAGGGCCGATTCACCATTTCCAGAGACAACGCC
AAGAACTCACTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTA
TTACTGTGCGAGAGAGTCAAACTGGGGATTTGCTTTTGATGTCTGGGGCCACGGGAC
AATGGTCACCGTCTCTTCA3' **(SEQ ID NO: 134)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSRYWMSWVRQAPGKGLEWVANIKHDGSE
KYYVDSVKGRFTISRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARESNWGFAFDVWGHGT
MVTVSS **(SEQ ID NO: 62)**

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'CAGTCTGTGCTGACTCAGCCACCCTCAGCGTCTGGGCCCCCCGGACAGAGGGTCA
CCATCTCTTGTTCTGGAAGCAGCTCCAACATCGGAAGTAATACTGTAAACTGGTACC
AGCAGCTCCCAGGAACGGCCCCCAAACTCCTCATCTATAGTAATAATCGGCGGCCCT
CAGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCCA
TCAGTGGGCTCCAGTCTGAGGATGAGGCTGATTATTACTGTGCAGCATGGGATGACA
GCCTGAATTGGGTGTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA3' **(SEQ ID NO: 135)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

QSVLTQPPSASGPPGQRVTISCSGSSSNIGSNTVNWYQQLPGTAPKLLIYSNNRRPSGVPD
RFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAAWDDSLNWVFGGGTKLTVL **(SEQ ID NO: 31)**

FIG. 3AA

13B5

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'GAGGTGCAGCTGTTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTACAGCCTGGGGGGTCCCTGA
GACTCTCCTGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGCTATGCCATGAGCTGGGTCC
GCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCAACTATTAGTGGTAGTGGTGGT
AGGACATATTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGGTTCACCATCTCCAGAGACAATTC
CAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCCGTAT
ATTACTGTGCGAAAGAAGTTGGCAGTCCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGG
TCACCGTCTCCTCA3' **(SEQ ID NO: 136)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMSWVRQAPGKGLEWVSTISGSGGRTY
YADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKEVGSPFDYWGQGTLVTVSS
(SEQ ID NO: 69)

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'CAGTCTGTGTTGACGCAGCCGCCCTCAGTGTCTGCGGCCCCAGGACAGAAGGTCA
CCATCTCCTGCTCTGGAAGCAACTCCAACATTGGGAATAATTATGTATCCTGGTACC
AGCAGCTCCCAGGAACAGCCCCCAAACTCCTCATTTATGACAATAATAAGCGACCCT
CAGGGATTCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAACTCTGGCACGTCAGCCACCCTGGGCA
TCACCGGACTCCAGACTGGGGACGAGGCCGATTATTACTGCGGAACATGGGATAGC
AGCCTGAGTGCTGTGGTATTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA3' **(SEQ ID NO: 137)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCSGSNSNIGNNYVSWYQQLPGTAPKLLIYDNNKRPSGIP
DRFSGSNSGTSATLGITGLQTGDEADYYCGTWDSSLSAVVFGGGTKLTVL **(SEQ ID NO: 42)**

FIG. 3BB

31B12

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGA
GACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCC
GCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAATTATATGGTATGATGGAAGT
AATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCC
AAGAACACACTGTATCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTA
TTACTGTGCGAGGAGGGGGGGTCTGGCAGCTCGTCCGGGCGGTATGGACGTCTGGG
GCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA3' **(SEQ ID NO: 138)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAIIWYDGSN
KYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARRGGLAARPGGMDVWG
QGTTVTVSS **(SEQ ID NO: 81)**

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'TCCTATGAGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGTCTGTGTCCCCAGGACAGACAGCCAG
AATCACCTGCTCTGGAGATAAATTGGGGGATAAATATGCTTGCTGGTATCAGCAGAA
ACCAGGCCAGTCCCCTGTGCTGGTCATCTATCAAAATACCAAGTGGCCCTTAGGGAT
CCCTGAGCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGGAACACAGTCACTCTGACCATCAGCGG
GACCCAGGCTATGGATGAGGCTGACTATTACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGCACTG
TGGTATTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA3' **(SEQ ID NO: 139)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

SYELTQPPSVSVSPGQTARITCSGDKLGDKYACWYQQKPGQSPVLVIYQNTKWPLGIPE
RFSGSKSGNTVTLTISGTQAMDEADYYCQAWDSSTVVFGGGTKLTVL **(SEQ ID NO: 44)**

Trình tự nucleotit thay thế của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'TCCTATGAGCTGACTCAGCCACCCTCAGTGTCCGTGTCCCCAGGACAGACAGCCA
GAATCACCTGCTCTGGAGATAAATTGGGGGATAAATATGCTTGCTGGTATCAGCAGA
AGCCAGGCCAGTCCCCTGTGCTGGTCATCTATCAAAATACCAAGTGGCCCTTAGGGA
TCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGGAACACAGTCACTCTGACCATCAGCG
GGACCCAGGCTATGGATGAGGCTGACTATTACTGTCAGGCGTGGGACAGCAGCACT
GTGGTATTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA3' **(SEQ ID NO: 295)**

FIG. 3CC

3C4

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCACAGACCCTGT
CCCTCACCTGCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGTGATTACTACTGGAGCT
GGATCCGCCAGCACCCAGGGAAGGGCCTGGAGTGGATTGGGTACATCTATTACAGT
GGGAGCACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAATTACCATATCAGTAGACAC
GTCTAAGAACCTGTTCTCCCTGAAGTTGAGCTCTGTGACTGCCGCGGACACGGCCGT
GTATTACTGTGCGAGAGGGGGGGTGACTACGTACTACTACGCTATGGACGTCTGGG
GCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA3' **(SEQ ID NO: 140)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGGSISSSDYYWSWIRQHPGKGLEWIGYIYYSGSTY
YNPSLKSRITISVDTSKNLFSLKLSSVTAADTAVYYCARGGVTTYYYAMDVWGQGTTV
TVSS **(SEQ ID NO: 85)**

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'GACATACAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGT
CACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGCGCATTAGCAACTATTTAAGTTGGTATCTGCA
GAAACCAGGGATTGCCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAGTTTGCAGAGTGG
GGTCCCATCAAGGTTCAGTGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAG
CAGTCTGCAATCTGAAGATTTTGCAACTTACTACTGTCAACAGAGTTACAGTACCCC
GCTCATTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA3' **(SEQ ID NO: 141)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQRISNYLSWYLQKPGIAPKLLIYAASSLQSGVPSR
FSGSGSGTDFTLTISSLQSEDFATYYCQQSYSTPLIFGGGTKVEIK **(SEQ ID NO: 7)**

FIG. 3DD

30A4

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCCTGA
GACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCATGCACTGGGTCC
GCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGTATGATGGAAGT
GATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAATTCC
AAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTA
TTACTGTGCGAGAGAGACTGGTCCCTTGAAACTCTACTACTACGGTATGGACGTCTG
GGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA3' **(SEQ ID NO: 142)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWYDGSD
KYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARETGPLKLYYYGMDVWG
QGTTVTVSS **(SEQ ID NO: 74)**

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'GATATTGTGATGACTCAGTCTCCACTCTCCCTGTCCGTCACCCCTGGAGAGCCGCC
CTCCATCTCCTGCAGGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCATAGTAATGGATACAACTTTTTG
AATTGGTACCTGCAGAAGCCAGGGCAGTCTCCACAACTCCTGATCTATTTGGGTTCT
CATCGGGCCTCCGGGGTCCCTGACAGGTTCAGTGGCAGTGGATCAGGCACAGATTTT
ACACTGGAAATCAGCAGAGTGGAGGCTGAGGATGTTGGGGTTTATTACTGCATGCA
AGTTCTACAAACTCCATTCACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAA3'
(SEQ ID NO: 143)

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

DIVMTQSPLSLSVTPGEPPSISCRSSQSLLHSNGYNFLNWYLQKPGQSPQLLIYLGSHRAS
GVPDRFSGSGSGTDFTLEISRVEAEDVGVYYCMQVLQTPFTFGPGTKVDIK **(SEQ ID NO: 5)**

FIG. 3EE

1A12

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTCCAGCCTGGGGGGTCCCTGA
GACTCTCCTGTGCAGCCTCTGGACTCACCTTTAGTAACTTTTGGATGAGCTGGGTCCG
CCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCCAACATAAAGCAAGATGGAAGT
GAGAAATACTATGTGGACTCTGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACAACGC
CAAGAATTCACTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGT
ATTCCTGTACGAGAGAGTCAAACTGGGGATTTGCTTTTGATATCTGGGGCCAAGGGA
CAATGGTCACCGTCTCTTCA3' **(SEQ ID NO: 144)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGLTFSNFWMSWVRQAPGKGLEWVANIKQDGSE
KYYVDSVKGRFTISRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYSCTRESNWGFAFDIWGQGTM
VTVSS **(SEQ ID NO: 65)**

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'CAGTCTGTGCTGACTCAGCCACCCTCAGCGTCTGGGACCCCCGGGCAGAGGGTCA
CCATCTCTTGTTCTGGAAGCAGCTCCAACATCGGAAGTAAAACTGTAAACTGGTACC
AGCAGTTCCCAGGAACGGCCCCCAAACTCCTCATCTATAGTAATAATCGGCGGCCCT
CAGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCCA
TCAGTGGGCTCCAGTCTGAGGATGAGGCTGATTATTACTGTGCAGCATGGGATGACA
GCCTGAATTGGGTGTTCGGCGCAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA3' **(SEQ ID NO: 145)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSSSNIGSKTVNWYQQFPGTAPKLLIYSNNRRPSGVPD
RFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAAWDDSLNWVFGAGTKLTVL **(SEQ ID NO: 33)**

FIG. 3FF

3B6

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'CAGGTTCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGA
AGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGTTACACCTTTACCAGCTATGGTATCAGCTGGGTGC
GACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATCAGCACTTACAATGGT
AACACAAACTATGCACAGAAGGTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCACAGACACATC
CACGAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGGAGCCTGAGATCTGACGACACGGCCGTTT
ATTACTGTGCGAGAGGGTATACTCGGGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACC
GTCTCCTCA3' **(SEQ ID NO: 146)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYGISWVRQAPGQGLEWMGWISTYNGN
TNYAQKVQGRVTMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCARGYTRDYWGQGTLVTVS
S **(SEQ ID NO: 60)**

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'CAGCCTGTGCTGACTCAGCCACTTTTTGCATCAGCCTCCCTGGGAGCCTCGGTCAC
ACTCACCTGCACCCTGAGCAGCGGCTACAGTAGTTATGAAGTGGACTGGTATCAGCA
GAGACCAGGGAAGGGCCCCCGGTTTGTCATGCGAGTGGACACTGGTGGGATTGTGG
GATCCAAGGGGGAAGGCATCCCTGATCGCTTCTCAGTTTTGGGCTCAGGCCTGAATC
GGTATCTGACCATCAAGAACATCCAGGAAGAGGATGAGAGTGACTACCACTGTGGG
GCAGACCATGGCAGTGGGACCAACTTCGTGGTGGTATTCGGCGGAGGGACCAAGCT
GACCGTCCTA3' **(SEQ ID NO: 147)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

QPVLTQPLFASASLGASVTLTCTLSSGYSSYEVDWYQQRPGKGPRFVMRVDTGGIVGSK
GEGIPDRFSVLGSGLNRYLTIKNIQEEDESDYHCGADHGSGTNFVVVFGGGTKLTVL
(SEQ ID NO: 46)

FIG. 3GG

31A4

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'CAGGTGCAGCTACAGCAGTGGGGCGCAGGACTGTTGAAGCCTTCGGAGACCCTGT
CCCTCACCTGCGCTGTCTATGGTGGGTCCTTCAGTGCGTACTACTGGAACTGGATCC
GCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGGAAATCAATCATAGTGGAAGA
ACCGACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTAGACACGTCCAA
GAAGCAGTTCTCCCTGAAGCTGAACTCTGTGACCGCCGCGGACACGGCTGTGTATTA
CTGTGCGAGAGGGCAGCTCGTCCCCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCAC
CGTCTCTTCA3' **(SEQ ID NO: 148)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

QVQLQQWGAGLLKPSETLSLTCAVYGGSFSAYYWNWIRQPPGKGLEWIGEINHSGRTD
YNPSLKSRVTISVDTSKKQFSLKLNSVTAADTAVYYCARGQLVPFDYWGQGTLVTVSS
(SEQ ID NO: 89)

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'CAGTCTGTGCTGACTCAGCCACCCTCAGCGTCTGGGACCCCCGGGCAGAGGGTCA
CCATCTCTTGTTCTGGAAGCAGCTCCAACATCGGAAGTAATACTGTAAATTGGTATC
AGCAACTCCCAGGAACGGCCCCCAAACTCCTCATCTATAGTAATAATCAGCGGCCCT
CAGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCTGGCCA
TCAGTGGGCTCCAGTCTGAGGATGAGGCTGATTATTACTGTGCAGTATGGGATGACA
GCCTGAATGGTTGGGTGTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA3' **(SEQ ID NO: 149)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNTVNWYQQLPGTAPKLLIYSNNQRPSGVPD
RFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAVWDDSLNGWVFGGGTKLTVL **(SEQ ID NO: 32)**

FIG. 3HH

25A7

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'CAGGTTCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGA
AGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGTTACACCTTTCCCAGCTATGGTATCAGCTGGGTGC
GACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATCAGCGCTTACAATGGT
AACACAAACTATGCAGAGAAGCTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCACAGACACATC
CACGAGCACAGCCTACATGGAGGTGAGGAGCCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGT
TTTACTGTGCGAGAGGCTACGTTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACC
GTCTCCTCT3' **(SEQ ID NO: 150)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFPSYGISWVRQAPGQGLEWMGWISAYNGN
TNYAEKLQGRVTMTTDTSTSTAYMEVRSLRSDDTAVFYCARGYVMDVWGQGTTVTVS
S **(SEQ ID NO: 58)**

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCTGGGTCTCCTGGACAGTCGATCAC
CATCTCCTGCACTGGAACCAGCAGTGACGTTGGTCGTTATAATTCTGTCTCCTGGTAC
CAACACCACCCAGGCAAAGCCCCCAAAGTCATGATTTATGAGGTCAGTAATCGGCC
CTCAGGGGTTTCTACTCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGAC
CATCTCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGCTGATTATTACTGCAGCTCATATACAAG
CAGCAGCGTTGTATTCGGCGGAGGGACCAAACTGACCGTCCTA3' **(SEQ ID NO: 151)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

QSALTQPASVSGSPGQSITISCTGTSSDVGRYNSVSWYQHHPGKAPKVMIYEVSNRPSGV
STRFSGSKSGNTASLTISGLQAEDEADYYCSSYTSSSVVFGGGTKLTVL **(SEQ ID NO: 15)**

FIG. 3II

21B12

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'CAGGTTCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGA
AGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGTTACACCTTAACCAGCTATGGTATCAGCTGGGTGC
GACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGGTCAGTTTTTATAATGGT
AACACAAACTATGCACAGAAGCTCCAGGGCAGAGGCACCATGACCACAGACCCATC
CACGAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGGAGCCTGAGATCTGACGACACGGCCGTGT
ATTACTGTGCGAGAGGCTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACC
GTCTCCTCT3' **(SEQ ID NO: 94)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTLTSYGISWVRQAPGQGLEWMGWVSFYNG
NTNYAQKLQGRGTMTTDPSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCARGYGMDVWGQGTTVT
VSS **(SEQ ID NO: 49)**

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCTGGGTCTCCTGGACAGTCGATCAC
CATCTCCTGCACTGGAACCAGCAGTGACGTTGGTGGTTATAACTCTGTCTCCTGGTA
CCAACAGCACCCAGGCAAAGCCCCCAAACTCATGATTTATGAGGTCAGTAATCGGC
CCTCAGGGGTTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCAACACGGCCTCCCTGA
CCATCTCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGCTGATTATTACTGCAATTCATATACAA
GCACCAGCATGGTATTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTA3' **(SEQ ID NO: 296)**

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

QSALTQPASVSGSPGQSITISCTGTSSDVGGYNSVSWYQQHPGKAPKLMIYEVSNRPSGV
SNRFSGSKSGNTASLTISGLQAEDEADYYCNSYTSTSMVFGGGTKLTVL **(SEQ ID NO: 23)**

FIG. 3JJ

Miền cố định

IgG2 của người:

ASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVT
VPSSNFGTQTYTCNVDHKPSNTKVDKTVERKCCVECPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTC
VVVDVSHEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTFRVVSVLTVVHQDWLNGKEYKCKVSNKGLP
APIEKTISKTKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPMLD
SDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (SEQ ID NO: 154)

IgG4 của người:

ASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVT
VPSSSLGTKTYTCNVDHKPSNTKVDKRVESKYGPPCPSCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVT
CVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGL
PSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVL
DSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSLGK (SEQ ID NO: 155)

Lambda của người:

QPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSY
LSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS (SEQ ID NO: 156)

Kappa của người:

TVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSS
TLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (SEQ ID NO: 157)

FIG. 3KK

5H5.1

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'CAGGTGCAGGTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTC
AGTGAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATATAC
ACTGGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATCAA
CCCTCACAGTGGTGGCGCAAACTATGCACAGAAGTTTCAGGGCAGGGTCACC
ATGACCAGGGACACGTCCATCAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGA
GATCTGACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGCAACTGGAACTACGA
CTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
3' (SEQ ID NO:418)

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

QVQVVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYIHWVRQAPGQGLEWMGWIN
PHSGGANYAQKFQGRVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCARGNWNYD
YYGMDVWGQGTTVTVSS (SEQ ID NO:419)

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGAC
AGAGTCACCATCACTTGCCGGGCGAGTCAGGACATTAGCAATTATTTAGCCT
GGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAGTTCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATC
CACTTTGCAATCAGGGGTCCCATCTCGGTTCAGTGGCAGTGGATCTGGGACA
GATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTACAGCCTGAAGATGTTGCAACTTATTT
CTGTCAAAGGTATCAGATTGCCCCATTCACTTTCGGCCCTGGGACCAAGGTGG
ATATCAAA3' (SEQ ID NO:420)

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQDISNYLAWYQQKPGKVPKLLIYAASTLQ
SGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDVATYFCQRYQIAPFTFGPGTKVDIK (SEQ
ID NO:421)

FIG. 3LL

24F7.1

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTC
CCTGAGACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCATGC
ACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATCTG
GTATGATGGAAGTACTAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATCCACC
ATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGA
GAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGGTCAGTGGCTGGTTACCA
CTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCC
TCA3' (SEQ ID NO:422)

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAVIW
YDGSTKYYADSVKGRSTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARSVAGYHY
YYGMDVWGQGTTVTVSS (SEQ ID NO: 423)

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'TCTTCTGAGCTGACTCAGGACCCTGCTGTGTCTGTGGCCTTGGGACAGACA
GTCAGGATCACATGCCAAGGAGACAGCCTCAGAGGCTATTATGCAACCTGGT
ACCAGCAGAAGCCAAGACAGGCCCCTGTACTTGTCATCTATGGTAAAAACTA
CCGGCCCTCAGGGATCCCAGACCGATTCTCTGGCTCCACCTCAGGAAACACA
GCTTCCTTGACCATCACTGGGGCTCAGGCGGAAGATGAGGCTGACTATTACT
GTAACTCCCGGGACAGCATTGGTAACCATCTGGTGTTCGGCGGAGGGACCAA
GCTGACCGTCCTA3' (SEQ ID NO:424)

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

SSELTQDPAVSVALGQTVRITCQGDSLRGYYATWYQQKPRQAPVLVIYGKNYRP
SGIPDRFSGSTSGNTASLTITGAQAEDEADYYCNSRDSIGNHLVFGGGTKLTVL
(SEQ ID NO:425)

FIG. 3MM

22B11.1

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTC
CCTGAGACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCTTGC
ACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATG
GTTAGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATCCACC
ATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGA
GAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGGTCAGTGGCTGGTTACCA
CTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCC
TCA3' (SEQ ID NO:426)

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGLHWVRQAPGKGLEWVAVIWL
DGSNKYYADSVKGRSTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARSVAGYHYY
YGMDVWGQGTTVTVSS (SEQ ID NO:427)

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'TCTTCTGAGCTGACTCAGGACCCTGCTGTGTCTGTGGCCTTGGGACAGACA
GTCAGGATCACATGCCAAGGAGACAGCCTCAGAAGTTATTATGGAAGCTGGT
ACCAGCAGAAGCCAAGACAGGCCCCTGTACTTGTCATCTTTGGTAAAAACAA
CCGGCCCTCAGGGATCCCAGACCGATTCTCTGGCTCCACCTCAGGAAACACA
GCTTCCTTGACCATCACTGGGGCTCAGGCGGAAGATGAGGCTGACTATTACT
GTAACTCACGGGACATCATTGGTGACCATCTGCTGTTCGGCGGAGGGACCAA
GCTGACCGTCCTA3' (SEQ ID NO:428)

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

SSELTQDPAVSVALGQTVRITCQGDSLRSYYGSWYQQKPRQAPVLVIFGKNNRP
SGIPDRFSGSTSGNTASLTITGAQAEDEADYYCNSRDIIGDHLLFGGGTKLTVL
(SEQ ID NO:429)

FIG. 3NN

30F1.1

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGTCTGGGAGGTCC
CTGAGACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGGAACTATGGCATGCA
CTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGG
TTTGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATCCACCA
TCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCTAATGAACAGCCTGAG
AGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGGTCAGTGGCTGGTTACCAC
TACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCT
CA3'(SEQ ID NO:430)

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

QVQLVESGGGVVQSGRSLRLSCAASGFTFRNYGMHWVRQAPGKGLEWVAVIW
FDGSNKYYADSVKGRSTISRDNSKNTLYLLMNSLRAEDTAVYYCARSVAGYHY
YYGMDVWGQGTTVTVSS (SEQ ID NO:431)

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'TCTTCTGAGCTGACTCAGGACCCTGCTGTGTCTGTGGCCTTGGGACAGACA
GTCAGGATCACATGCCAGGGAGACAGCCTCAGAAGCTATTATGCAAGCTGGT
ACCAGCAGAAGCCAAGACAGGCCCCTGTACTTGTCATCTATGGTAAAAACAA
CCGGCCCTCAGGGATCCCAGACCGAATCTCTGGCTCCACCTCAGGAAACACA
GCTTCCTTGACCATCACTGGGGCTCAGGCGGAAGATGAGGCTGACTATTACT
GTAAATCCCGGGACATCATTGGTGACCATCTGGTGTTCGGCGGAGGGACCAA
ACTGACCGTCCTA3' (SEQ ID NO:432)

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

SSELTQDPAVSVALGQTVRITCQGDSLRSYYASWYQQKPRQAPVLVIYGKNNRP
SGIPDRISGSTSGNTASLTITGAQAEDEADYYCKSRDIIGDHLVFGGGTKLTVL
(SEQ ID NO:433)

FIG. 3OO

24B9.1

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTC
CCTGAGACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCATGC
ACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATG
GTATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACC
ATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGA
GAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGTGAGAGATCGGGGACTGGACTG
GGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA3' (SEQ ID NO:434)

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAVIW
YDGSNKYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRDRGLDW
GQGTLVTVSS (SEQ ID NO:435)

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'TCTTCTGAGCTGACTCAGGACCCTGCTGTGTCTGTGGCCTTGGGACAGACA
GTCAGGATCACATGCCAAGGAGACAGCCTCAGAGGCTATTATGCAAGCTGGT
ACCAGCAGAAGCCAAGACAGGCCCCTGTACTTGTCATCTATGGTAAAAACAA
CCGGCCCTCAGGGATCCCAGACCGATTCTCTGGCTCCACCTCAGGAAACACA
GCTTCCTTGACCATCACTGGGGCTCAGGCGGAAGATGAGGCTGACTATTACT
GTAAGTCCCGGGACAGCAGTGGTGACCATCTGGTGTTCGGCGGAGGGACCAA
GCTGACCGTCCTA3' (SEQ ID NO:436)

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

SSELTQDPAVSVALGQTVRITCQGDSLRGYYASWYQQKPRQAPVLVIYGKNNRP
SGIPDRFSGSTSGNTASLTITGAQAEDEADYYCKSRDSSGDHLVFGGGTKLTVL
(SEQ ID NO:437)

FIG. 3PP

24B9.2

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'CAGGTGCAGGTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGGGGTC
CCTGAGACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAACTATGGCATGC
ACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATTTG
GTATGATGGAAGTAGTAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATCCACC
ATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGGTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGA
GAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGGTCAGTGGCTGGTTACCA
CTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCC
TCA3'(SEQ ID NO:438)

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

QVQVVESGGGVVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYGMHWVRQAPGKGLEWVAVIW
YDGSSKYYADSVKGRSTISRDNSKNTVYLQMNSLRAEDTAVYYCARSVAGYHY
YYGMDVWGQGTTVTVSS (SEQ ID NO:439)

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'TCTTCTGAGCTGACTCAGGACCCTGCTGTGTCTGTGGCCTTGGGACAGACA
GTCAGGATCACATGCCAAGGAGACAGCCTCAGAGGCTATTATGCAAGCTGGT
ACCAGCAGAAGCCAAGACAGGCCCCTGTACTTGTCATCTATGGTAAAAACAA
CCGGCCCTCAGGGATCCCAGACCGATTCTCTGGCTCCACCTCAGGAAACACA
GCTTCCTTGACCATCACTGGGGCTCAGGCGGAAGATGAGGCTGACTATTACT
GTAAGTCCCGGGACAGCAGTGGTGACCATCTGGTGTTCGGCGGAGGGACCAA
GCTGACCGTCCTA3' (SEQ ID NO:440)

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

SSELTQDPAVSVALGQTVRITCQGDSLRGYYASWYQQKPRQAPVLVIYGKNNRP
SGIPDRFSGSTSGNTASLTITGAQAEDEADYYCKSRDSSGDHLVFGGGTKLTVL
(SEQ ID NO:441)

FIG. 3QQ

20A5.1

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTC
CCTGAGTCTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCATGC
ACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATG
GTATGATGGAAGTTATAAAGACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATCCACC
ATCTCCAGAGACAACTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGA
GAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTATTGTGCGAGGTCAGTGGCTGGTTACCA
CTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCC
TCA3' (SEQ ID NO:442)

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

QVQLVESGGGVVQPGRSLSLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAVIWY
DGSYKDYADSVKGRSTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARSVAGYHYY
YGMDVWGQGTTVTVSS (SEQ ID NO:443)

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'TCTTCTGAGCTGACTCAGGACCCTGCTGTGTCTGTGGCCTTGGGACAGACA
GTCAGGATCACATGCCAAGGAGACAGCCTCAGAACCTATTATGCAAGCTGGT
ACCAGCAGAAGCCAAGACAGGCCCCTATTCTTGTCATCTATGGTAAAAACAA
CCGGCCCTCAGGGATCCCAGACCGATTCTCTGGCTCCACCTCAGGAATCACA
GCTTCCTTGACCATCACTGGGGCTCAGGCGGAAGATGAGGCTGACTATTACT
GTAAATCCCGGGACATCATTGGTAACCATCTGCTGTTCGGCGGAGGGACTAA
GCTGACCGTCCTA3' (SEQ ID NO:444)

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

SSELTQDPAVSVALGQTVRITCQGDSLRTYYASWYQQKPRQAPILVIYGKNNRPS
GIPDRFSGSTSGITASLTITGAQAEDEADYYCKSRDIIGNHLLFGGGTKLTVL (SEQ
ID NO:445)

FIG. 3RR

20A5.2

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'CAGGTGCAGCTGGTGGCGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCC
CTGAGACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCCTCAGTAGCTATGGCATGCA
CTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCCAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTCATATGG
TATGATGGAAGTAACAAATACTATGCAGCCTCCGTGAAGGGCCGATTCACCA
TCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGTCTGAG
AGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGGGGGTGGTTCGGGGAGT
CATCGCTACTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCA
CCGTCTCCTCA3' (SEQ ID NO:446)

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

QVQLVASGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTLSSYGMHWVRQAPGQGLEWVAVIW
YDGSNKYYAASVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARGGGSGSH
RYYYYGMDVWGQGTTVTVSS (SEQ ID NO:447)

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'TCTTCTGAGCTGACTCAGGACCCTGCTGTGTCTGTGGCCTTGGGACAGACA
GTCAGGATCACATGCCAAGGAGACAGCCTCAGAACCTATTATGCAAGCTGGT
ACCAGCAGAAGCCAAGACAGGCCCCTATTCTTGTCATCTATGGTAAAAACAA
CCGGCCCTCAGGGATCCCAGACCGATTCTCTGGCTCCACCTCAGGAATCACA
GCTTCCTTGACCATCACTGGGGCTCAGGCGGAAGATGAGGCTGACTATTACT
GTAAATCCCGGGACATCATTGGTAACCATCTGCTGTTCGGCGGAGGGACTAA
GCTGACCGTCCTA3' (SEQ ID NO:448)

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

SSELTQDPAVSVALGQTVRITCQGDSLRTYYASWYQQKPRQAPILVIYGKNNRPS
GIPDRFSGSTSGITASLTITGAQAEDEADYYCKSRDIIGNHLLFGGGTKLTVL (SEQ
ID NO:449)

FIG. 3SS

20E5.1 – dạng 1 (v1)

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'CAGGTGCAAGTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTC
CCTGAGACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAACTATGGCATGC
ACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATG
GTATGATGGAGGTAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATCCATC
ATCTCCAGAGACAATTCCAAGAGCACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGA
GAGCCGAGGACACGGCTGTTTATTATTGTGCGAGGTCAGTGGCTGGTTACCA
TTATTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCGCC
TCA3' (SEQ ID NO:450)

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

QVQVVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGMHWVRQAPGKGLEWVAVIW
YDGGNKYYADSVKGRSIISRDNSKSTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARSVAGYHY
YYGMDVWGQGTTVTVAS (SEQ ID NO:451)

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'CAGTCTGCCCTGACTCAGCCTGCCTCCGTGTCTGGGTCTCCTGGACAGTCGA
TCACCATCTCCTGCACTGGAACCAGCAGTGACGTTGGTGGTTATAACTCTGTC
TCCTGGTACCAACAGCACCCAGGCAAACCCCCCAAACTCATGATTTATGAGG
TCAGTAATCGGCCCTCAGGGATTTCTAATCGCTTCTCTGGCTCCAAGTCTGGC
AACACGGCCTCCCTGACCATCTCTGGGCTCCAGGCTGAGGACGAGGCTGATT
ATTTCTGCAGCTCATATACAAGCACCAGCATGGTCTTCGGCGGAGGGACCAA
GCTGGCCGTCCTA3' (SEQ ID NO:452)

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

QSALTQPASVSGSPGQSITISCTGTSSDVGGYNSVSWYQQHPGKPPKLMIYEVSN
RPSGISNRFSGSKSGNTASLTISGLQAEDEADYFCSSYTSTSMVFGGGTKLAVL
(SEQ ID NO:453)

FIG. 3TT

20E5.1 – dạng 2 (v2)

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'CAGGTGCAAGTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTC
CCTGAGACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAACTATGGCATGC
ACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATG
GTATGATGGAGGTAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATCCATC
ATCTCCAGAGACAATTCCAAGAGCACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGA
GAGCCGAGGACACGGCTGTTTATTATTGTGCGAGGTCAGTGGCTGGTTACCA
TTATTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCGCC
TCA3' (SEQ ID NO:454)

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

QVQVVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSNYGMHWVRQAPGKGLEWVAVIW
YDGGNKYYADSVKGRSIISRDNSKSTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARSVAGYHY
YYGMDVWGQGTTVTVAS (SEQ ID NO:455)

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'TCTTCTGAGCTGACTCAGGACCCTGCTGTGTCTGTGGCCTTGGGACAGACA
GTCAGGATCACATGCCAAGGAGACAGCCTCAGAGGCTATTATGCAAGCTGGT
ACCAGCAGAAGCCAAGACAGGCCCCTGTACTTGTCATCTATGGTAAAAACAA
CCGGCCCTCAGGGATCCCAGACCGATTCTCTGGCTCCACGTCAGGAAACACA
GCTTCCTTGACCATCACTGGGGCTCAGGCGGAAGATGAGGCTGACTATTACT
GTAACTCCCGGGACAACATTGGTGACCATCTGGTGTTCGGCGGAGGGACCAA
GCTGACCGTCCTA3' (SEQ ID NO:456)

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

SSELTQDPAVSVALGQTVRITCQGDSLRGYYASWYQQKPRQAPVLVIYGKNNRP
SGIPDRFSGSTSGNTASLTITGAQAEDEADYYCNSRDNIGDHLVFGGGTKLTVL
(SEQ ID NO:457)

FIG. 3UU

8A3.1

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTCCAGCCTGGGGGGTCC
CTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCCGGATTCACCTTTAGTAGCTATTGGATGAG
CTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCCAGCATAAA
ACAAGATGGAAGTGAGAAATACTATGTGGACTCTGTGAAGGGCCGATTCACC
ATCTCCAGAGACAACGCCAGGAACTCACTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGA
GAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATCTTGTATTAATGGT
GTATGATATAGACTACTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACC
ACGGTCACCGTCTCCTCA3' (SEQ ID NO:458)

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYWMSWVRQAPGKGLEWVASIKQ
DGSEKYYVDSVKGRFTISRDNARNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDLVLMVYD
IDYYYYGMDVWGQGTTVTVSS (SEQ ID NO:459)

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'GATATTGTGATGACTCAGTCTCCACTCTCCCTGCCCGTCACCCCTGGAGAGC
CGGCCTCCATCTCCTGCAGGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCATAGTAATGGATAC
AACTATTTGGATTGGTACCTGCAGAAGCCAGGGCAGTCTCCACAGCTCCTGA
TCTATTTGGGTTCTAATCGGGCCTCCGGGGTCCCTGACAGGTTCAGTGGCAGT
GGATCAGGCACAGATTTTACACTGAAAATCAGCAGAGTGGAGGCTGAGGATG
TTGGGGTTTATTACTGCATGCAAGCTCTACAAACTCCGCTCACTTTCGGCGGA
GGGACCAAGGTAGAGATCAAA3' (SEQ ID NO:460)

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

DIVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLHSNGYNYLDWYLQKPGQSPQLLIYLG
SNRASGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQALQTPLTFGGGTKVEI
K (SEQ ID NO:461)

FIG. 3VV

11F1.1

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTCCAGCCTGGGGGGTCC
CTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCCGGATTCACCTTTAGTAACTATTGGATGAG
CTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCCAGCATAAA
ACAAGATGGAAGTGAGAAATACTATGTGGACTCTGTGAAGGGCCGATTCGCC
ATCTCCAGAGACAACGCCAAGAACTCACTGTTTCTGCAAATGAACAGCCTGA
GAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATCTTGTACTAATGGT
GTATGATATAGACTACTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACC
ACGGTCACCGTCTCCTCA3' (SEQ ID NO:462)

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYWMSWVRQAPGKGLEWVASIKQ
DGSEKYYVDSVKGRFAISRDNAKNSLFLQMNSLRAEDTAVYYCARDLVLMVYD
IDYYYYGMDVWGQGTTVTVSS (SEQ ID NO:463)

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'GATATTGTGATGACTCAGTCTCCACTCTCCCTGCCTGTCACCCCTGGAGAGC
CGGCCTCCATCTCTTGCAGGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCATAGTAATGGGTAC
AACTATTTGGATTGGTACCTGCAGAAGCCAGGGCAGTCTCCACAGCTCCTGA
TCTATTTGGGTTCTAATCGGGCCTCCGGGGTCCCTGACAGGTTCAGTGGCAGT
GGATCAGGCACACATCTTACACTGAAAATCAGCAGAGTGGAGGCTGAGGATG
TTGGAGTTTATTACTGCATGCAAACTCTACAAACTCCGCTCACTTTCGGCGGA
GGGACCAAGGTGGAGATCAAA3' (SEQ ID NO:464)

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

DIVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLHSNGYNYLDWYLQKPGQSPQLLIYLG
SNRASGVPDRFSGSGSGTHLTLKISRVEAEDVGVYYCMQTLQTPLTFGGGTKVEI
K (SEQ ID NO:465)

FIG. 3WW

12H11.1

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGCCCAGCCTGGGAGGTC
CCTGAGACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCACCTTCAGTAGCTATGGCATGC
ACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATA
CTATGATGGAATTAATAAACACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACC
ATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGA
GAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATCGGGGACTGGACTG
GGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA3' (SEQ ID NO:466)

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

QVQLVESGGGVAQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAVIYY
DGINKHYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRGLDWGQ
GTLVTVSS (SEQ ID NO:467)

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'GACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAG
AGGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTATACAGCTCCAACA
GTAAGAACTACTTAGTTTGGTACCAGCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAGCT
GCTCATTTACTGGGCCTCTACCCGGGAATCCGGGGTCCCTGACCGATTCAGTG
GCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGGCTGA
AGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAACAATATTATAGTACTCCGTGGACGTTCG
GCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAAA3' (SEQ ID NO:468)

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLYSSNSKNYLVWYQQKPGQPPKLLIY
WASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYSTPWTFGQGTK
VEIK (SEQ ID NO:469)

FIG. 3XX

11H4.1

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTCCAGCCTGGGGGGTCC
CTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGGACTCACCTTTAGTAACTTTTGGATGAG
CTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCCAACATAAA
GCAAGATGGAAATGATAAATACTATGTGGACTCTGTGAAGGGCCGATTCACC
ATCTCCAGAGACAACGCCAAGAATTCACTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGA
GAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGAGTCAAACTGGGGATT
TGCTTTTGATATCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA3' (SEQ ID
NO:470)

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGLTFSNFWMSWVRQAPGKGLEWVANIKQ
DGNDKYYVDSVKGRFTISRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARESNWGFAF
DIWGQGTMVTVSS (SEQ ID NO:471)

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'CAGTCTGTGCTGACTCAGCCACCCTCAGCGTCTGGGACCCCCGGGCAGAGG
GTCACCATCTCTTGTTCTGGAAGCAGCTCCAACATCGGAAGTAAAACTGTAA
ACTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACGGCCCCCAAACTCCTCATCTATAGTAA
TAATCGGCGGCCCTCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCA
CCTCAGCCTCCCTGGCCATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGGATGAGGCTGATTAT
TACTGTGCAGCATGGGATGACAGCCTGAATTGGGTGTTCGGCGCAGGGACCA
AGCTGACCGTCCTA3' (SEQ ID NO:472)

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSSSNIGSKTVNWYQQFPGTAPKLLIYSNNRRP
SGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCAAWDDSLNWVFGAGTKLTVL
(SEQ ID NO:473)

FIG. 3YY

11H8.1

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGTTTGGTCCAGCCTGGGGGGTCC
CTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGGACTCACCTTTAGTAACTTTTGGATGAG
CTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCCAACATAAA
GCAAGATGGAAGTGAGAAATACTATGTGGACTCTGTGAAGGGCCGATTCACC
ATCTCCAGAGACAACGCCAAGAATTCACTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGA
GAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGAGTCAAACTGGGGATT
TGCTTTTGATATCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTCA3' (SEQ ID
NO:474)

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGLTFSNFWMSWVRQAPGKGLEWVANIKQ
DGSEKYYVDSVKGRFTISRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARESNWGFAF
DIWGQGTMVTVSS (SEQ ID NO:475)

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'CAGTCTGTGCTGACTCAGCCACCCTCAGCGTCTGGGACCCCCGGGCAGAGG
GTCACCATCTCTTGTTCTGGAAGCAGCTCCAACATCGGAAGTAAAACTGTAA
ACTGGTACCAGCAGTTCCCAGGAACGGCCCCCAAACTCCTCATCTATAGTAA
TAATCGGCGGCCCTCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCA
CCTCAGCCTCCCTGGCCATCAGTGGGCTCCAGTCTGAGGATGAGGCTGATTAT
TACTGTGCAACATGGGATGACAGACTGAATTGGGTGTTCGGCGCAGGGACCA
AGCTGACCGTCCTA3' (SEQ ID NO:476)

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

QSVLTQPPSASGTPGQRVTISCSGSSSNIGSKTVNWYQQFPGTAPKLLIYSNNRRP
SGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYCATWDDRLNWVFGAGTKLTVL
(SEQ ID NO:477)

FIG. 3ZZ

11G1.5

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'CAGGTCACCTTGAAGGAGTCTGGTCCTGTGCTGGTGAAACCCACAGAGACC
CTCACGCTGACCTGCACCGTCTCTGGGTTCTCACTCAGCAATGTTAGAATGGG
TGTGAGCTGGATCCGTCAGCCCCCAGGGAAGGCCCTGGAGTGGCTTGCACAC
ATTTTTTCGAATGACGAAAATTCCTACAGAACATCTCTGAAGAGCAGGCTCA
CCATCTCCAAGGACACCTCCAAAAGCCAGGTGGTCCTTACCATGACCAACAT
GGACCCTGTGGACACAGCCACATATTACTGTGCACGGATAGTGGGAGCTACA
ACGGATGATGCTTTTGATATCTGGGGCCAAGGGACAATGGTCACCGTCTCTTC
A3' (SEQ ID NO:478)

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

QVTLKESGPVLVKPTETLTLTCTVSGFSLSNVRMGVSWIRQPPGKALEWLAHIFS
NDENSYRTSLKSRLTISKDTSKSQVVLTMTNMDPVDTATYYCARIVGATTDDAF
DIWGQGTMVTVSS (SEQ ID NO:479)

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'TCCTATGTGCTGACTCAGCCACCCTCGGTGTCAGTGGCCCCAGGACAGACG
GCCAGGATTACCTGTGGGGGAAACAACATTGGAAGTAAAAGTGTGCACTGGT
ACCAGCAGAAGCCAGGCCAGGCCCCTGTGCTGGTCGTCTATGATGATAGCGA
CCGGCCCTCAGGGATCCCTGAGCGATTCTCTGGCTCCAACTCTGGGAACACG
GCCACCCTGACCATCAGCAGGGTCGAAGCCGGGGATGAGGCCGACTTTTACT
GTCAGGTGTGGGATAGTAGTAGTGATCCTGTGGTATTCGGCGGAGGGACCAA
GCTGACCGTCCTA3' (SEQ ID NO:480)

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

SYVLTQPPSVSVAPGQTARITCGGNNIGSKSVHWYQQKPGQAPVLVVYDDSDRP
SGIPERFSGSNSGNTATLTISRVEAGDEADFYCQVWDSSSDPVVFGGGTKLTVL
(SEQ ID NO:481)

FIG. 3AAA

8A1.2

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nặng:

5'GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTCCAGCCTGGGGGGTCC
CTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGTAACTATTGGATGAC
CTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCCAGCATAAA
GCAAGATGGAAGTGAGAGATACTATGTGGACTCTGTGAAGGGCCGATTCACC
ATCTCCCGAGACACCGCCAAGAACTCTCTGTATCTCCAAATGAACAGCCTGC
GAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGACCTCTTGTACTAATGGT
GTATGCTCTACACTACTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCACGGGACC
ACGGTCACCGTCTCCTCA3' (SEQ ID NO:482)

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nặng:

EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYWMTWVRQAPGKGLEWVASIKQ
DGSERYYVDSVKGRFTISRDTAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARPLVLMVYA
LHYYYYGMDVWGHGTTVTVSS (SEQ ID NO:483)

Trình tự nucleotit của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

5'GATATTGTGATGACTCAGTCTCCACTCTCCCTGCCCGTCACCCCTGGAGAGC
CGGCCTCCATCTCCTGCAGGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCATAGTAATGGATAC
AACTATTTGGATTGGTACCTGCAGAAGCCAGGGCAGTCTCCACAGCTCCTGA
TCTATTTGGGTTCTAATCGGGCCTCCGGGGTCCCTGACAGGTTCAGTGGCAGT
GGATCAGGCACAGATTTTACACTGAAAATCAGCAGAGTGGAGGCTGAGGATG
TTGGGGTTTATTACTGCATGCAAGCTCTACAAACTCCGCTCACTTTCGGCGGA
GGGACCAAGGTGGAGATCAAA3' (SEQ ID NO:484)

Trình tự axit amin của vùng biến đổi chuỗi nhẹ:

DIVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLHSNGYNYLDWYLQKPGQSPQLLIYLG
SNRASGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQALQTPLTFGGGTKVEI
K (SEQ ID NO:485)

FIG. 3BBB

Vùng biến đổi chuỗi nặng	SEQ ID NO:					
		Dòng mầm	Dòng mầm	FR1	CDR1	FR2
	493	VH1|1-02		QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS	GYTFTGYYMH	WVRQAPGQGLEWMG
5H5.1G	419	VH1|1-02	JH6	---V----------	--------I-	----------
		Dòng mầm	Dòng mầm	FR1	CDR1	FR2
	494	VH3|3-33		QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAAS	GFTFSSYGMH	WVRQAPGKGLEWVA
24B9.1G	435	VH3|3-33	JH4	----------	----------	----------
		Dòng mầm	Dòng mầm	FR1	CDR1	FR2
	495	VH3|3-33		QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAAS	GFTFSSYGMH	WVRQAPGKGLEWVA
24F7.1G	423	VH3|3-33	JH6	----------	----------	----------
22B11.1G	427	VH3|3-33	JH6	----------	--------L-	----------
20A5.1G	443	VH3|3-33	JH6	----------S------	----------	----------
20A5.2G	447	VH3|3-33	JH6	-----A----------	---L------	-------Q------
30F1.1G	431	VH3|3-33	JH6	----------S----------	----RN----	----------
20E5.1G v1	451	VH3|3-33	JH6	---V----------	-----N----	----------
24B9.2G	439	VH3|3-33	JH6	---V----------G---------	-----N----	----------

FIG. 3CCC

Vùng biến đổi chuỗi nặng	SEQ ID NO:				
		CDR2	FR3	CDR3	FR4
	493	WINPNSGGTNYAQKFQG	RVTMTRDTSISTAYMELSRLRSDDTAVYYCAR		
5H5.1G	419	----H---A--------	----------	GNWNYDYYGMDV	WGQGTTVTVSS
		CDR2	FR3	CDR3	FR4
	494	VIWYDGSNKYYADSVKG	RFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAR		
24B9.1G	435	----------	----------V-	DRGLD	WGQGTLVTVSS
		CDR2	FR3	CDR3	FR4
	495	VIWYDGSNKYYADSVKG	RFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAR		
24F7.1G	423	-------T---------	-S----------	SVAGYHYYYGMDV	WGQGTTVTVSS
22B11.1G	427	---L----------	-S----------	SVAGYHYYYGMDV	WGQGTTVTVSS
20A5.1G	443	-------Y-D-------	-S----------	SVAGYHYYYGMDV	WGQGTTVTVSS
20A5.2G	447	----------A----	----------	GGGSGSHRYYYYGMDV	WGQGTTVTVSS
30F1.1G	431	---F----------	-S----------L----------	SVAGYHYYYGMDV	WGQGTTVTVSS
20E5.1G v1	451	------G----------	-SI-------S----------	SVAGYHYYYGMDV	WGQGTTVTVAS
24B9.2G	439	-------S---------	-S----------V----------	SVAGYHYYYGMDV	WGQGTTVTVSS

65/152

FIG. 3DDD

Vùng biến đổi kappa	SEQ ID NO:					
		Dòng mầm	Dòng mầm	FR1	CDR1	FR2
	496	VK1|A20		DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITC	RASQGISNYLA	WYQQKPGKVPKLLIY
5H5.1K	421	VK1|A20	JK3	----------	----D------	----------
Vùng biến đổi lambda						
		Dòng mầm	Dòng mầm	FR1	CDR1	FR2
	497	VL2|2a2		QSALTQPASVSGSPGQSITISC	TGTSSDVGGYNYVS	WYQQHPGKAPKLMIY
20E5.1L v1	453	VL2|2a2	JL2	----------	----------S--	--------P------

		Dòng mầm	Dòng mầm	FR1	CDR1	FR2
	498	VL3|3l		SSELTQDPAVSVALGQTVRITC	QGDSLRSYYAS	WYQQKPGQAPVLVIY
30F1.1L	433	VL3|3l	JL2	----------	----------	------R--------
22B11.1L	429	VL3|3l	JL2	----------	---------G-	------R-------F
24B9.1L	437	VL3|3l	JL2	----------	------G----	------R--------
24B9.2L	441	VL3|3l	JL2	----------	------G----	------R--------
20E5.1L v2	457	VL3|3l	JL2	----------	------G----	------R--------
24F7.1L	425	VL3|3l	JL2	----------	------G---T	------R--------
20A5.1L	445	VL3|3l	JL2	----------	------T----	------R---I----
20A5.2L	449	VL3|3l	JL2	----------	------T----	------R---I----

FIG. 3EEE

Vùng biến đổi kappa	SEQ ID NO:				
		CDR2	FR3	CDR3	FR4
	496	AASTLQS	GVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDVATYYC		
5H5.1K	421	-------	----------F-	QRYQIAPFT	FGPGTKVDIK
Vùng biến đổi lambda					
		CDR2	FR3	CDR3	FR4
	497	EVSNRPS	GVSNRFSGSKSGNTASLTISGLQAEDEADYYC		
20E5.1L v1	453	-------	-I----------F-	SSYTSTSMV	FGGGTKLAVL

		CDR2	FR3	CDR3	FR4
	498	GKNNRPS	GIPDRFSGSSSGNTASLTITGAQAEDEADYYC		
30F1.1L	433	-------	-----I---T----------	KSRDIIGDHLV	FGGGTKLTVL
22B11.1L	429	-------	---------T----------	NSRDIIGDHLL	FGGGTKLTVL
24B9.1L	437	-------	---------T----------	KSRDSSGDHLV	FGGGTKLTVL
24B9.2L	441	-------	---------T----------	KSRDSSGDHLV	FGGGTKLTVL
20E5.1L v2	457	-------	---------T----------	NSRDNIGDHLV	FGGGTKLTVL
24F7.1L	425	---Y---	---------T----------	NSRDSIGNHLV	FGGGTKLTVL
20A5.1L	445	-------	---------T--I--------	KSRDIIGNHLL	FGGGTKLTVL
20A5.2L	449	-------	---------T--I--------	KSRDIIGNHLL	FGGGTKLTVL

FIG. 3FFF

	SEQ ID NO:				SEQ ID NO:		SEQ ID NO:		SEQ ID NO:
		Dòng mầm	Dòng mầm	FR1		CDR1		FR2	
	486	VH2|226		QVTLKESGPVLVKPTETLTLTCTVS	506	GFSLSNARMGVS	507	WIRQPPGKALEWLA	509
11G1.5	479	VH2|226	JH3	----------	506	------V-----	508	----------	509
		Dòng mầm	Dòng mầm	FR1		CDR1		FR2	
	487	VH3|307		EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAAS	510	GFTFSSYWMS	511	WVRQAPGKGLEWVA	514
11H8.1	475	VH3|307	JH3	----------	510	-L---NF---	512	----------	514
11H4.1	471	VH3|307	JH3	----------	510	-L---NF---	512	----------	514
8A3.1	459	VH3|307	JH6	----------	510	----------	511	----------	514
11F1.1	463	VH3|307	JH6	----------	510	-----N----	500	----------	514
8A1.2	483	VH3|307	JH6	----------	510	-----N---T	513	----------	514
		Dòng mầm	Dòng mầm	FR1		CDR1		FR2	
	488	VH3|3-33		QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAAS	515	GFTFSSYGMH	517	WVRQAPGKGLEWVA	518
12H11.1	467	VH3|3-33	JH4	----------A----------	516	----------	517	----------	518

FIG. 3GGG

	SEQ ID NO:		SEQ ID NO:		SEQ ID NO:		SEQ ID NO:		SEQ ID NO:
		CDR2		FR3		CDR3		FR4	
	486	HIFSNDEKSYSTSLKS	519	RLTISKDTSKSQVVLTMTNMDPVDTATYYCARI	521				
11G1.5	479	-------N--R-----	520	----------	521	VGATTDDAFDI	522	WGQGTMVTVSS	523
		CDR2		FR3		CDR3		FR4	
	487	NIKQDGSEKYYVDSVKG	526	RFTISRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCAR	529				
11H8.1	475	----------	526	----------	529	ESNWGFAFDI	533	WGQGTMVTVSS	523
11H4.1	471	------ND---------	527	----------	529	ESNWGFAFDI	533	WGQGTMVTVSS	523
8A3.1	459	S----------	501	---------R----------	530	DLVLMVYDIDYYYYGMDV	502	WGQGTTVTVSS	524
11F1.1	463	S----------	501	--A----------F----------	531	DLVLMVYDIDYYYYGMDV	502	WGQGTTVTVSS	524
8A1.2	483	S-------R--------	528	-------T----------	532	PLVLMVYALHYYYYGMDV	534	WGHGTTVTVSS	525
		CDR2		FR3		CDR3		FR4	
	488	VIWYDGSNKYYADSVKG	535	RFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAR	537				
12H11.1	467	--Y---I--H-------	536	----------	537	DRGLD	538	WGQGTLVTVSS	539

FIG. 3HHH

	SEQ ID NO:				SEQ ID NO:		SEQ ID NO:		SEQ ID NO:
		Dòng mầm	Dòng mầm	FR1		CDR1		FR2	
	489	VK2|A19		DIVMTQSPLSLPVTPGEPASISC	540	RSSQSLLHSNGYNYLD	503	WYLQKPGQSPQLLIY	541
8A1.2	485	VK2|A19	JK4	----------	540	----------	503	----------	541
8A3.1	461	VK2|A19	JK4	----------	540	----------	503	----------	541
11F1.1	465	VK2|A19	JK4	----------	540	----------	503	----------	541
		Dòng mầm	Dòng mầm	FR1		CDR1		FR2	
	490	VK4|B3		DIVMTQSPDSLAVSLGERATINC	542	KSSQSVLYSSNNKNYLA	543	WYQQKPGQPPKLLIY	545
12H11.1	469	VK4|B3	JK1	----------	542	----------S----V	544	----------	545
		Dòng mầm	Dòng mầm	FR1		CDR1		FR2	
	491	VL1|1c		QSVLTQPPSASGTPGQRVTISC	546	SGSSSNIGSNTVN	547	WYQQLPGTAPKLLIY	549
11H4.1	473	VL1|1c	JL3b	----------	546	---------K---	548	----F----------	550
11H8.1	477	VL1|1c	JL3b	----------	546	---------K---	548	----F----------	550
		Dòng mầm	Dòng mầm	FR1		CDR1		FR2	
	492	VL3|3h		SYVLTQPPSVSVAPGKTARITC	551	GGNNIGSKSVH	553	WYQQKPGQAPVLVIY	554
11G1.5	481	VL3|3h	JL2	----------Q------	552	----------	553	----------V-	555

FIG. 3III

	SEQ ID NO:		SEQ ID NO:		SEQ ID NO:		SEQ ID NO:		SEQ ID NO:
		CDR2		FR3		CDR3		FR4	
	489	LGSNRAS	504	GVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYC	556				
8A1.2	485	-------	504	----------	556	MQALQTPLT	558	FGGGTKVEIK	559
8A3.1	461	-------	504	----------	556	MQALQTPLT	558	FGGGTKVEIK	559
11F1.1	465	-------	504	----------HL----------	557	MQTLQTPLT	505	FGGGTKVEIK	559
		CDR2		FR3		CDR3		FR4	
	490	WASTRES	560	GVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYC	561				
12H11.1	469	-------	560	----------	561	QQYYSTPWT	562	FGQGTKVEIK	563
		CDR2		FR3		CDR3		FR4	
	491	SNNQRPS	564	GVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYC	566				
11H4.1	473	---R---	565	----------	566	AAWDDSLNWV	567	FGAGTKLTVL	569
11H8.1	477	---R---	565	----------	566	ATWDDRLNWV	568	FGAGTKLTVL	569
		CDR2		FR3		CDR3		FR4	
	492	YDSDRPS	570	GIPERFSGSNSGNTATLTISRVEAGDEADYYC	572				
11G1.5	481	D------	571	----------F--	573	QVWDSSSDPVV	574	FGGGTKLTVL	575

FIG. 3JJJ

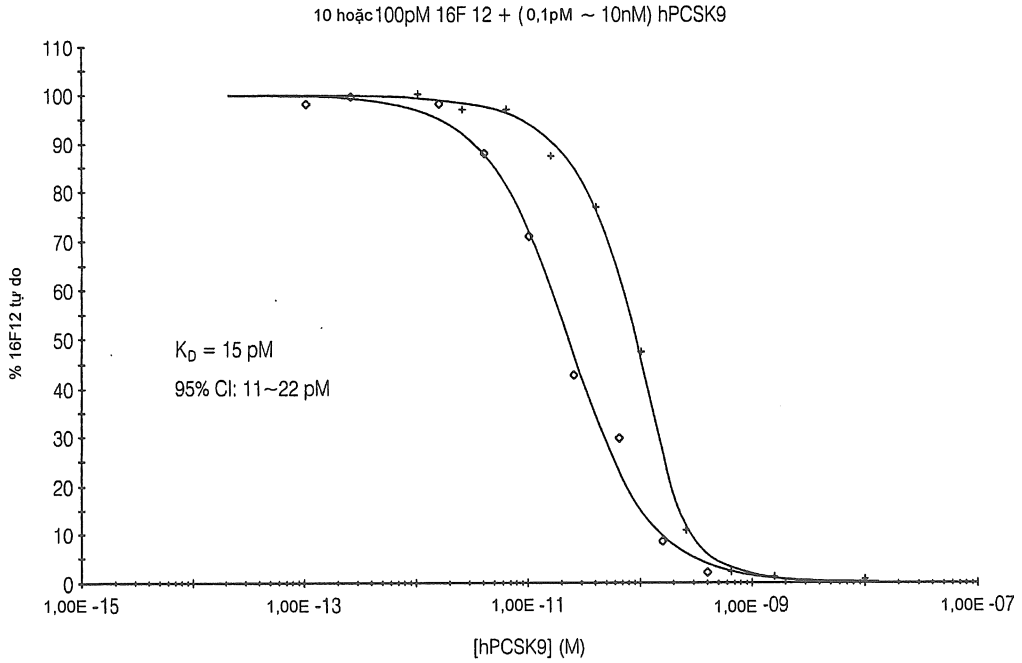

10 hoặc100pM 16F 12 + (0,1pM ~ 10nM) hPCSK9
% 16F12 tự do
110
100
90
80
70
60
50
40
30
20
10
0
K_D = 15 pM
95% CI: 11~22 pM
1,00E -15
1,00E -13
1,00E -11
1,00E -09
1,00E -07
[hPCSK9] (M)

FIG. 4A

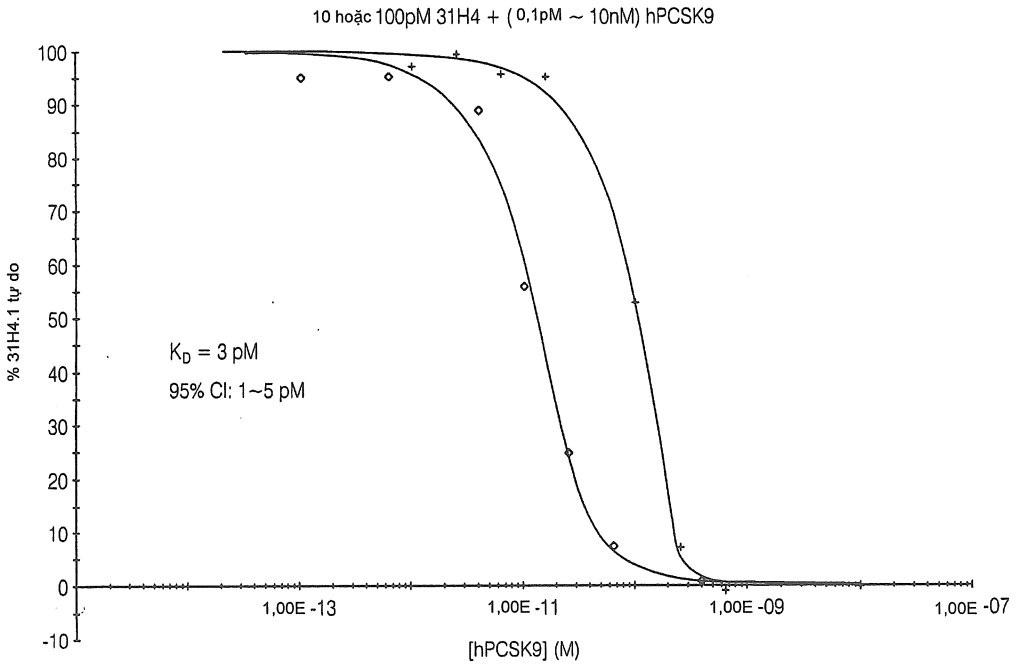

10 hoặc 100pM 31H4 + (0,1pM ~ 10nM) hPCSK9
% 31H4.1 tự do
100
90
80
70
60
50
40
30
20
10
0
-10
K_D = 3 pM
95% CI: 1~5 pM
1,00E -13
1,00E -11
1,00E -09
1,00E -07
[hPCSK9] (M)

FIG. 4B

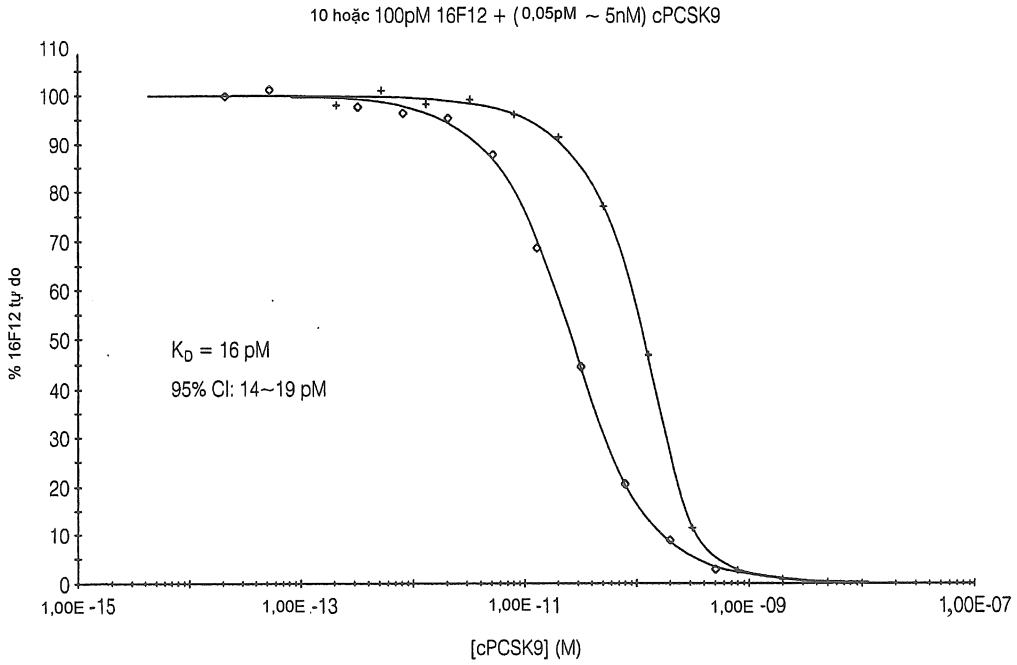

10 hoặc 100pM 16F12 + (0,05pM ~ 5nM) cPCSK9
% 16F12 tự do
110
100
90
80
70
60
50
40
30
20
10
0
K_D = 16 pM
95% CI: 14~19 pM
1,00E -15
1,00E -13
1,00E -11
1,00E -09
1,00E-07
[cPCSK9] (M)

FIG. 4C

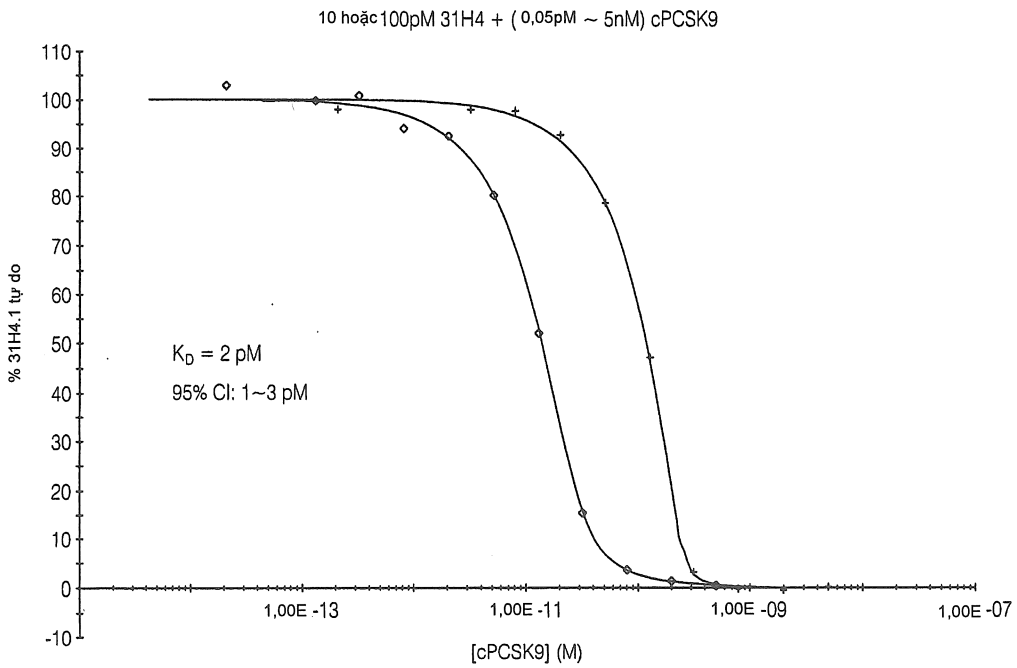

10 hoặc 100pM 31H4 + (0,05pM ~ 5nM) cPCSK9
% 31H4.1 tự do
110
100
90
80
70
60
50
40
30
20
10
0
-10
K_D = 2 pM
95% CI: 1~3 pM
1,00E -13
1,00E -11
1,00E -09
1,00E -07
[cPCSK9] (M)

FIG. 4D

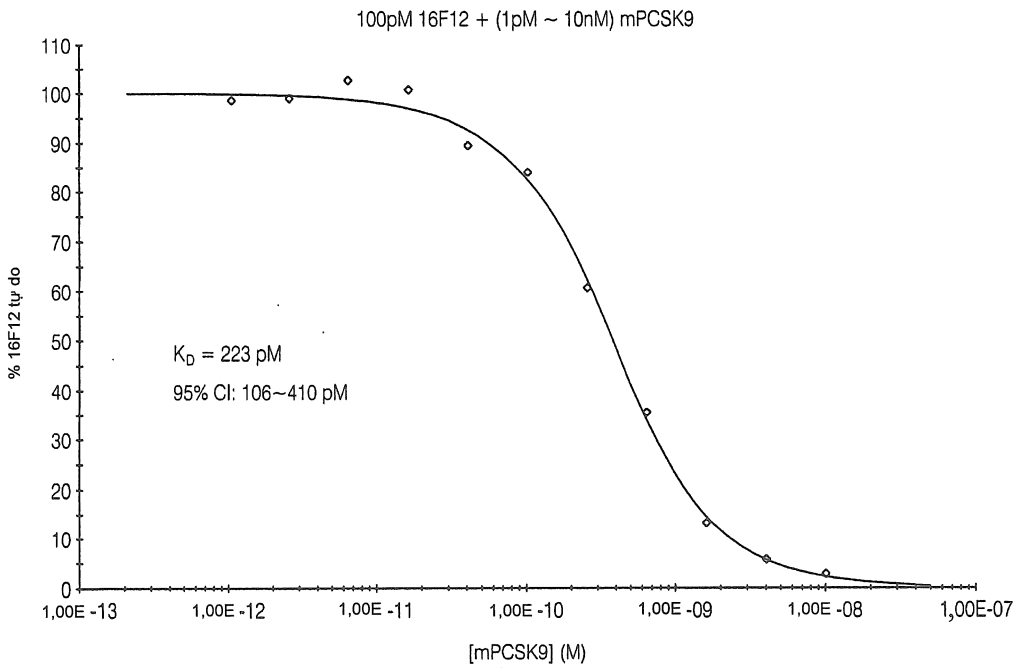

100pM 16F12 + (1pM ~ 10nM) mPCSK9
% 16F12 tψ do
110
100
90
80
70
60
50
40
30
20
10
0
K_D = 223 pM
95% CI: 106~410 pM
1,00E -13
1,00E -12
1,00E -11
1,00E -10
1,00E -09
1,00E -08
1,00E-07
[mPCSK9] (M)

FIG. 4E

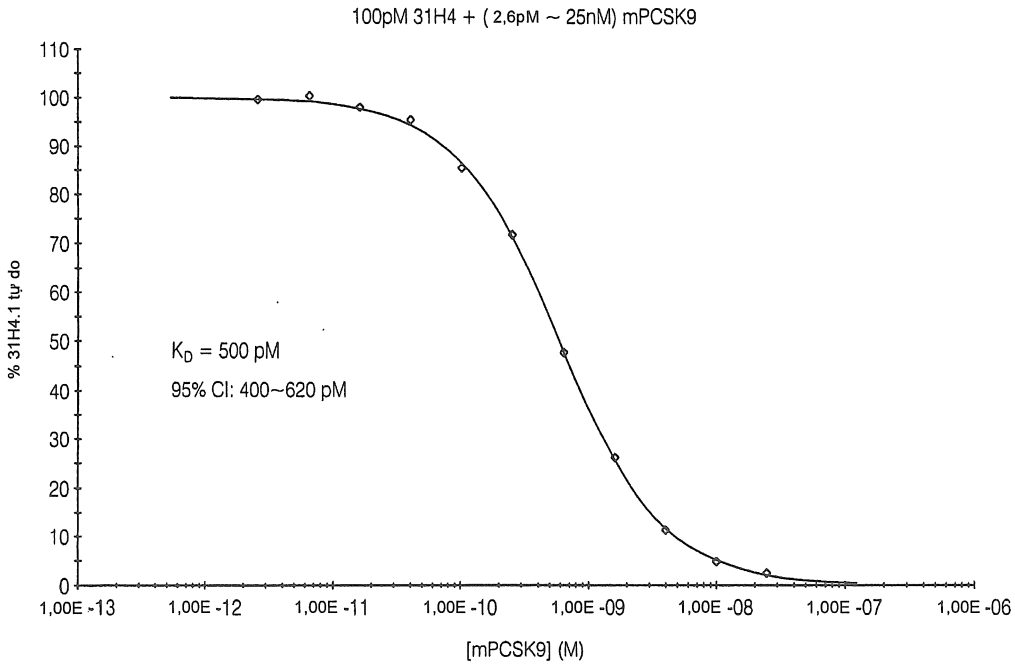
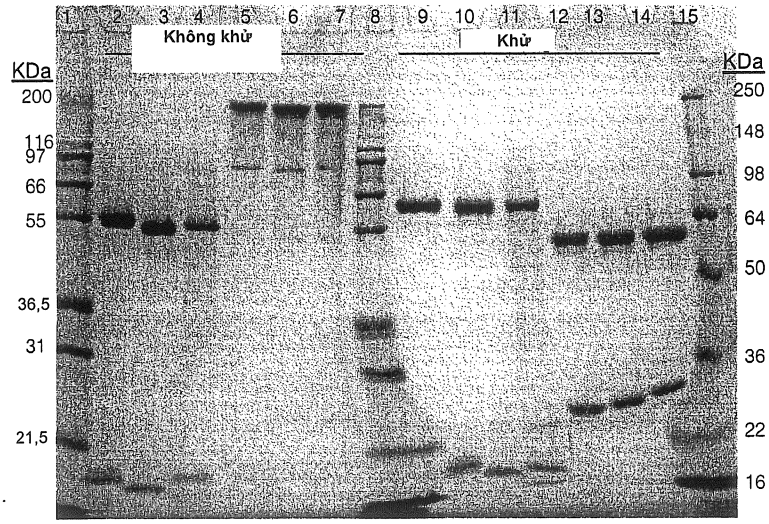

100pM 31H4 + (2,6pM ~ 25nM) mPCSK9
% 31H4.1 tψ do
110
100
90
80
70
60
50
40
30
20
10
0
K_D = 500 pM
95% CI: 400~620 pM
1,00E -13
1,00E -12
1,00E -11
1,00E -10
1,00E -09
1,00E -08
1,00E -07
1,00E -06
[mPCSK9] (M)

FIG. 4F



Gel Tris-Glyxin 12%,

Nhuộm QuickBlue , 1µg/ hàng

1. Chất đánh dấu 12
2. hPCSK9
3. mPCSK9
4. cPCSK9
5. 16F12
6. 21B12
7. 31H4
8. Chất đánh dấu 12
9. hPCSK9
10. mPCSK9
11. cPCSK9
12. 16F12
13. 21B12
14. 31H4
15. SeeBlue Plus2

78/152

FIG. 5A

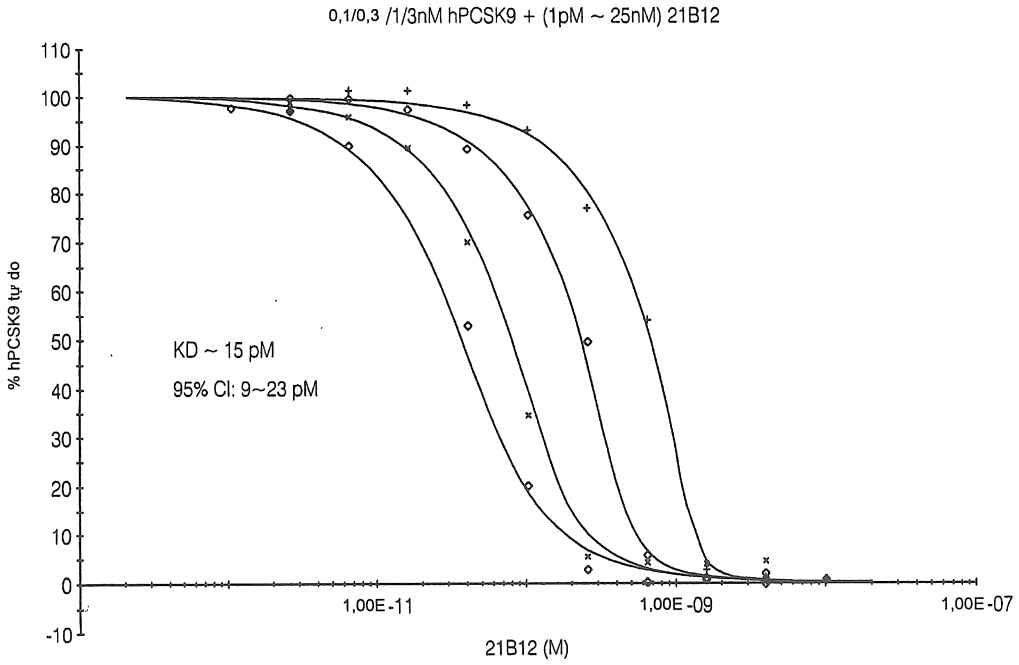

0,1/0,3 /1/3nM hPCSK9 + (1pM ~ 25nM) 21B12
% hPCSK9 tự do
110
100
90
80
70
60
50
40
30
20
10
0
-10
KD ~ 15 pM
95% CI: 9~23 pM
1,00E-11
1,00E-09
1,00E-07
21B12 (M)

FIG. 5B

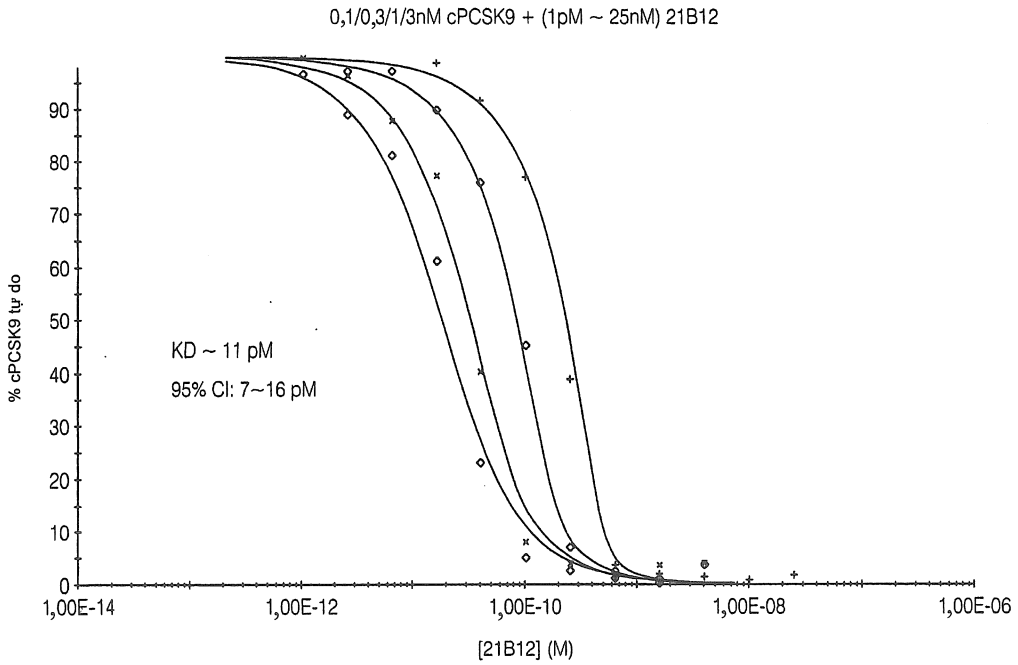

0,1/0,3/1/3nM cPCSK9 + (1pM ~ 25nM) 21B12
% cPCSK9 free
90
80
70
60
50
40
30
20
10
0
KD ~ 11 pM
95% CI: 7~16 pM
1,00E-14
1,00E-12
1,00E-10
1,00E-08
1,00E-06
[21B12] (M)

FIG. 5C

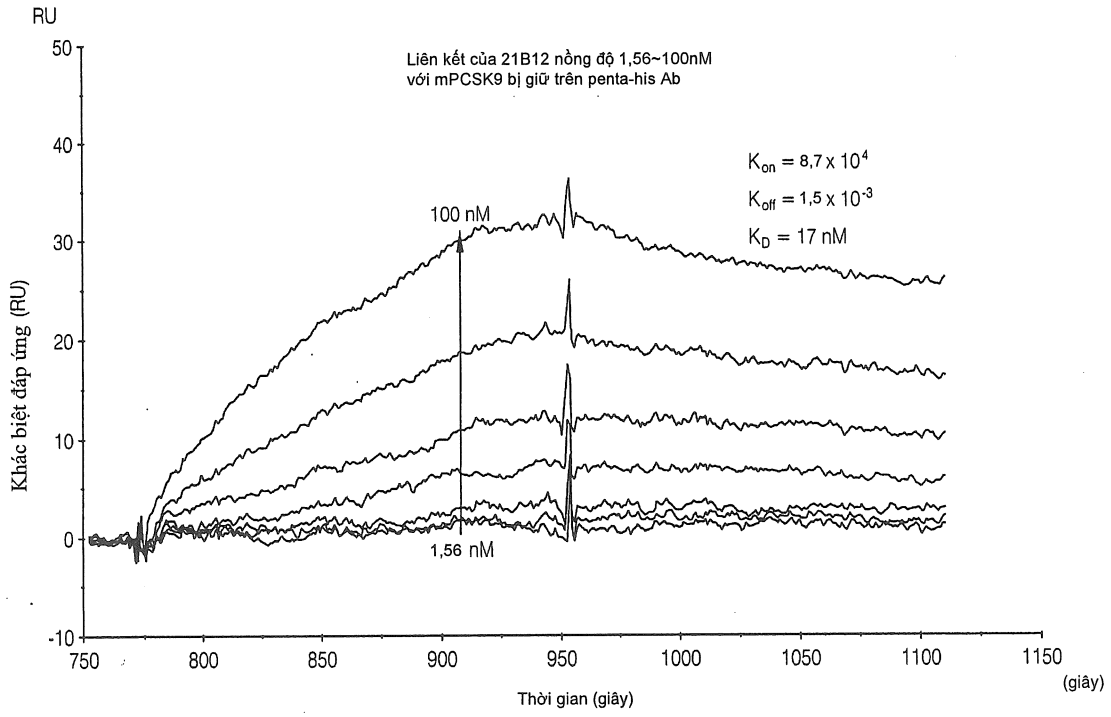

RU
Liên kết của 21B12 nồng độ 1,56~100nM
với mPCSK9 bị giữ trên penta-his Ab
K_{on} = 8,7 x 10^4
K_{off} = 1,5 x 10^{-3}
K_D = 17 nM
100 nM
1,56 nM
Khác biệt đáp ứng (RU)
50
40
30
20
10
0
-10
750
800
850
900
950
1000
1050
1100
1150
(giây)
Thời gian (giây)

FIG. 5D

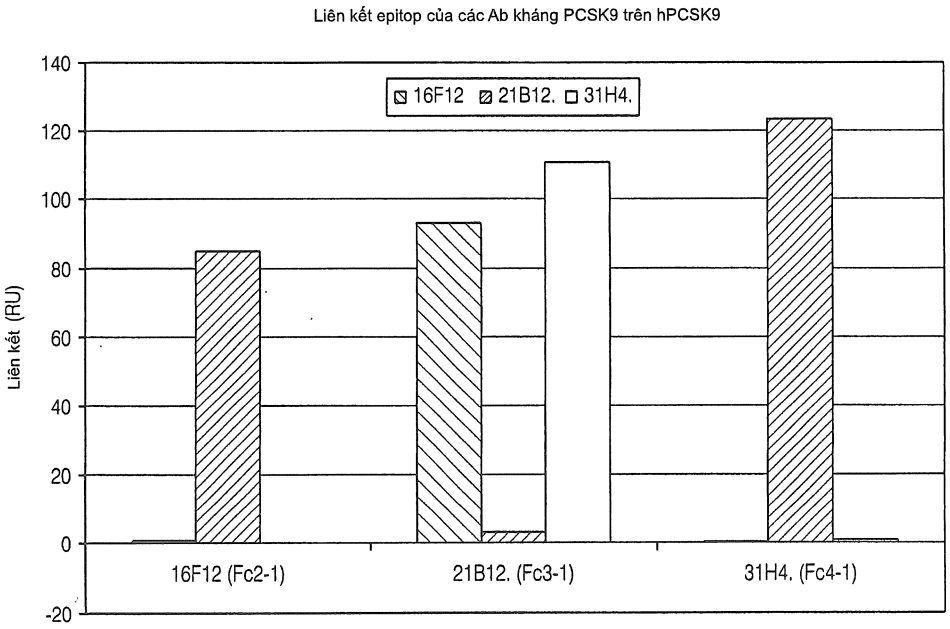

Liên kết epitop của các Ab kháng PCSK9 trên hPCSK9
16F12
21B12.
31H4.
Liên kết (RU)
140
120
100
80
60
40
20
0
-20
16F12 (Fc2-1)
21B12. (Fc3-1)
31H4. (Fc4-1)

FIG. 5E

Đáp ứng liều lượng dạng xích ma	
Giá trị thích hợp nhất	
ĐÁY	0,0
ĐỈNH	100,0
LOGEC50	1,458
EC50	28,70

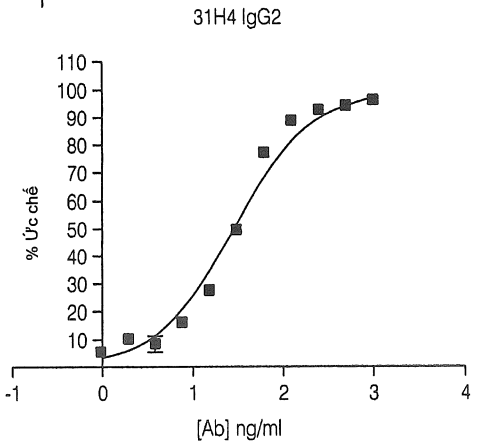


FIG. 6A

Đáp ứng liều lượng dạng xích ma	
Giá trị thích hợp nhất	
ĐÁY	0,0
ĐỈNH	100,0
LOGEC50	1,352
EC50	22,47

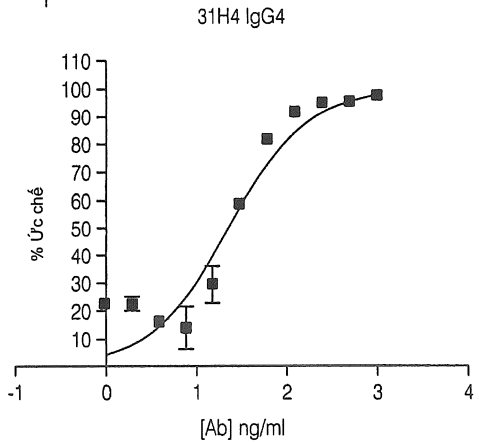


FIG. 6B

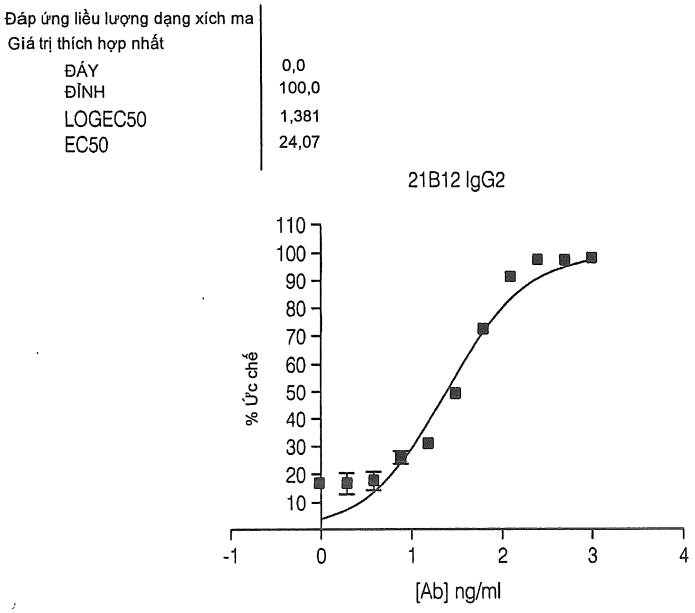

Đáp ứng liều lượng dạng xích ma
Giá trị thích hợp nhất
ĐÁY 0,0
ĐỈNH 100,0
LOGEC50 1,381
EC50 24,07
21B12 IgG2
% Ức chế
110
100
90
80
70
60
50
40
30
20
10
-1
0
1
2
3
4
[Ab] ng/ml

FIG. 6C

Đáp ứng liều lượng dạng xích ma	
Giá trị thích hợp nhất	
ĐÁY	0,0
ĐỈNH	100,0
LOGEC50	1,380
EC50	24,01

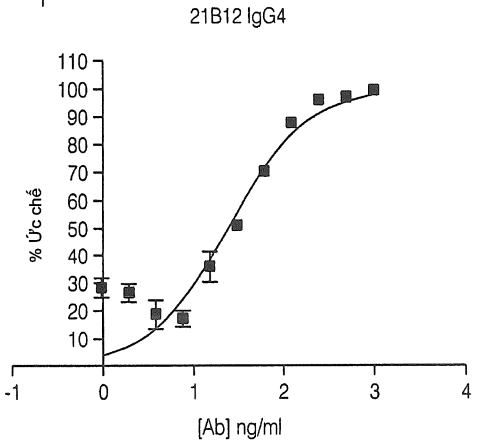


FIG. 6D

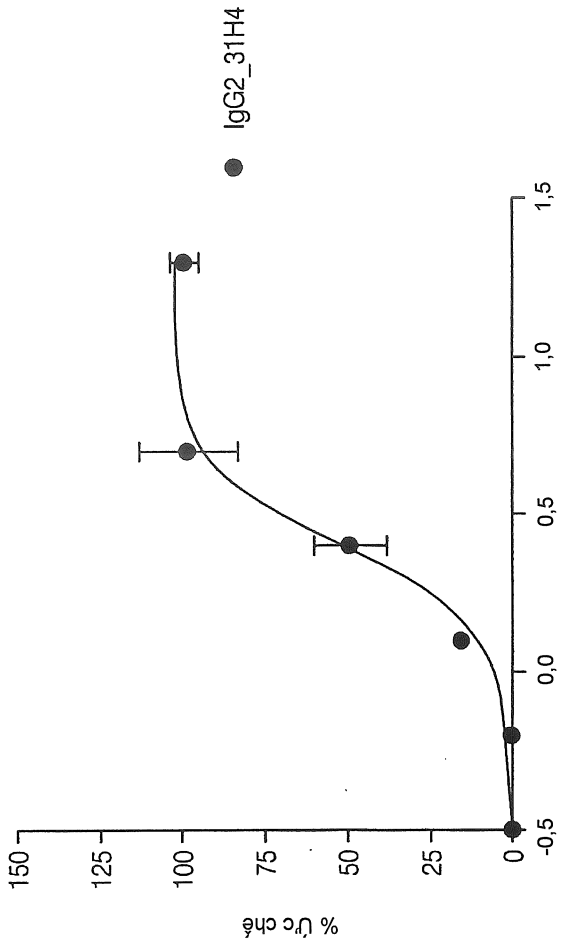


FIG. 7A

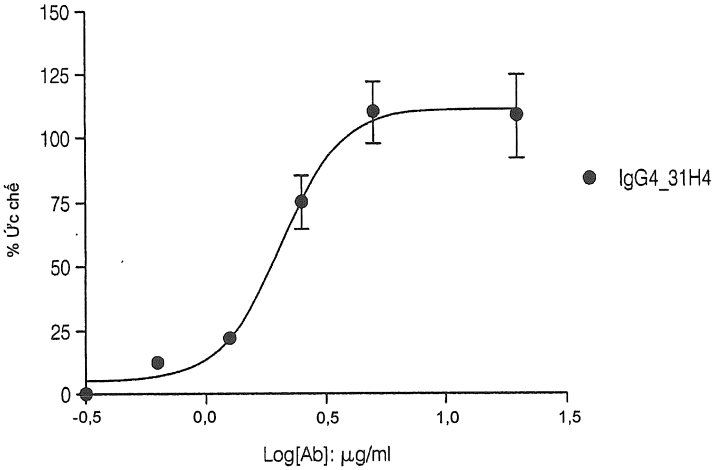


FIG. 7B

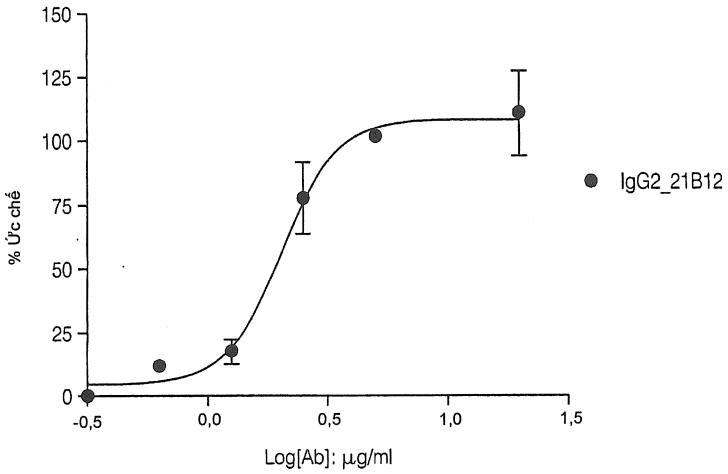


FIG. 7C

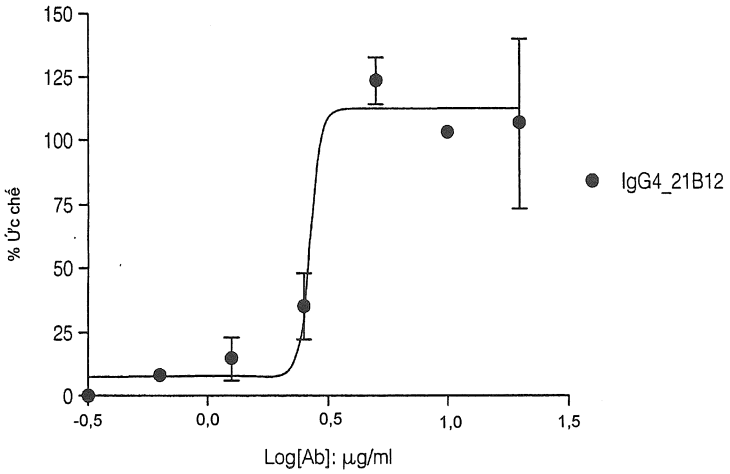


FIG. 7D

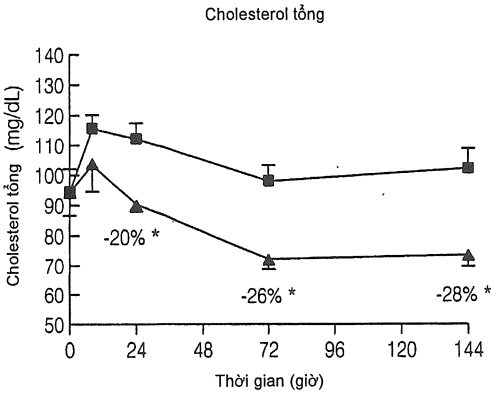

Cholesterol tổng
Cholesterol tổng (mg/dL)
140
130
120
110
100
90
80
70
60
50
-20% *
-26% *
-28% *
0
24
48
72
96
120
144
Thời gian (giờ)

FIG. 8A

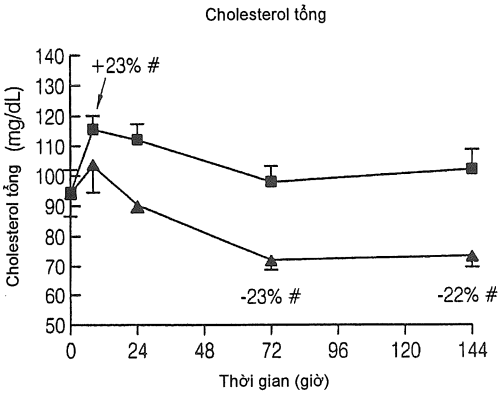

Cholesterol tổng
Cholesterol tổng (mg/dL)
140
130
120
110
100
90
80
70
60
50
+23% #
-23% #
-22% #
0
24
48
72
96
120
144
Thời gian (giờ)

FIG. 8B

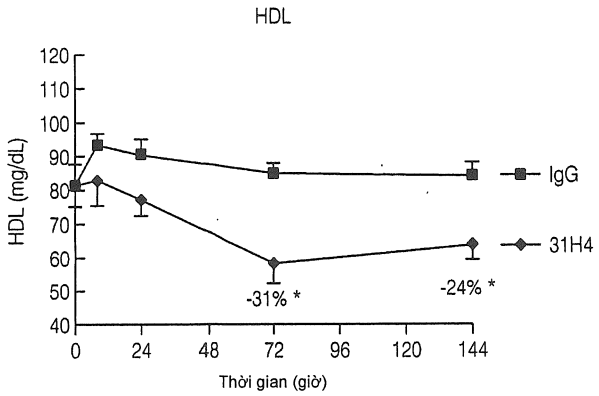

HDL
HDL (mg/dL)
120
110
100
90
80
70
60
50
40
0
24
48
72
96
120
144
Thời gian (giờ)
IgG
31H4
-31% *
-24% *

FIG. 8C

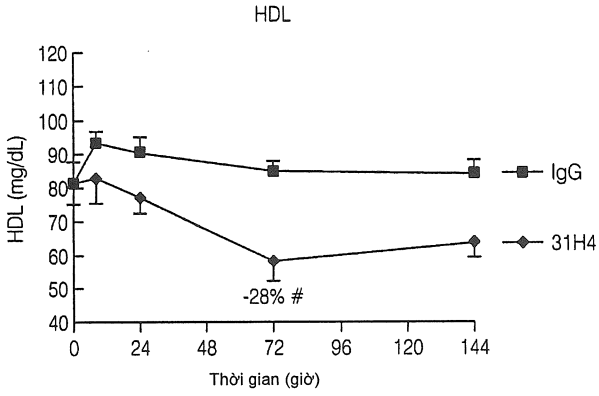

HDL
HDL (mg/dL)
120
110
100
90
80
70
60
50
40
0
24
48
72
96
120
144
Thời gian (giờ)
IgG
31H4
-28% #

FIG. 8D

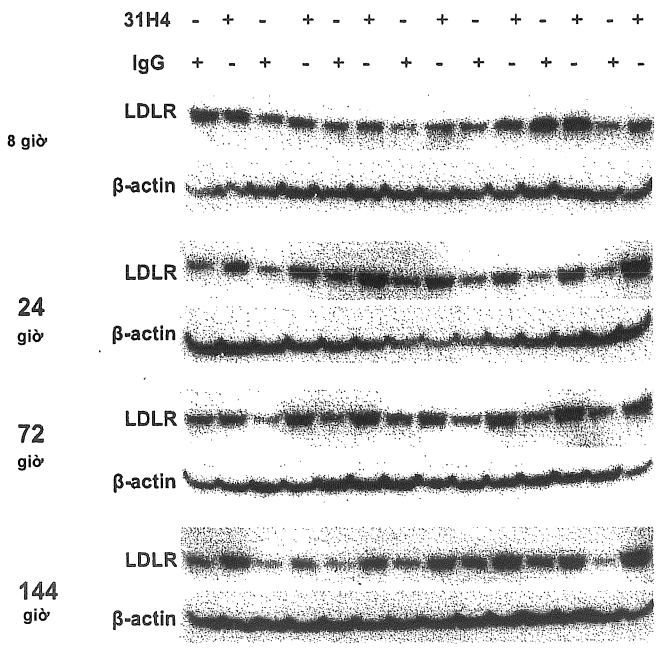

31H4 - + - + - + - + - + - + - + - +
IgG + - + - + - + - + - + - + - + -
8 giờ
LDLR
β-actin
24 giờ
LDLR
β-actin
72 giờ
LDLR
β-actin
144 giờ
LDLR
β-actin

FIG. 9

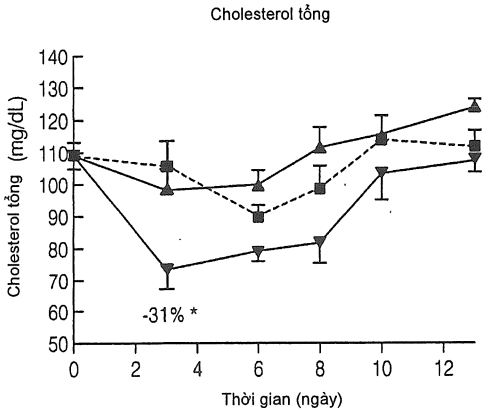


FIG. 10A

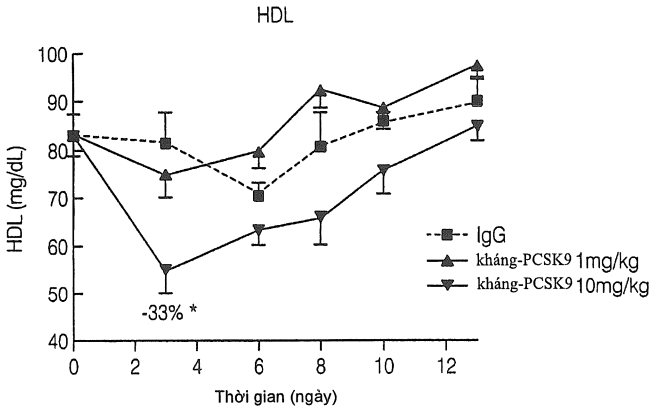


FIG. 10B

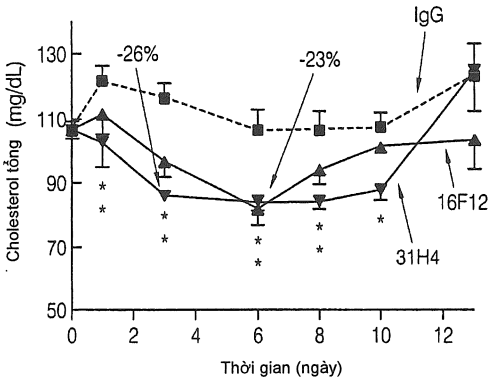

IgG
-26%
-23%
16F12
31H4
Cholesterol tổng (mg/dL)
130
110
90
70
50
0
2
4
6
8
10
12
Thời gian (ngày)

FIG. 10C

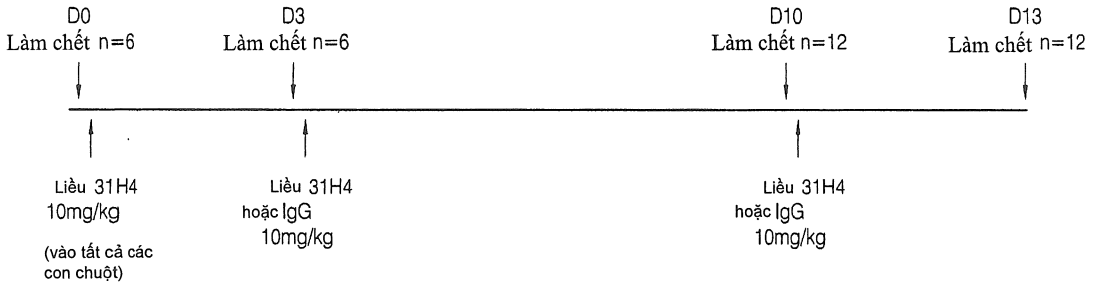

D0
Làm chết n=6
D3
Làm chết n=6
D10
Làm chết n=12
D13
Làm chết n=12
Liều 31H4
10mg/kg
(vào tất cả các
con chuột)
Liều 31H4
hoặc IgG
10mg/kg
Liều 31H4
hoặc IgG
10mg/kg

FIG. 11A

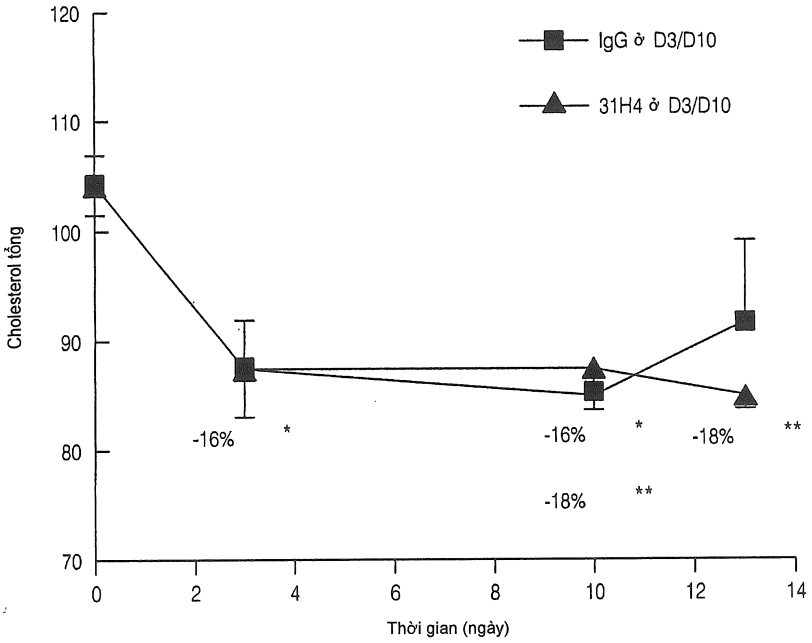

IgG ở D3/D10
31H4 ở D3/D10
Cholesterol tổng
120
110
100
90
80
70
0
2
4
6
8
10
12
14
Thời gian (ngày)
-16%
*
-16%
*
-18%
**
-18%
**

FIG. 11B

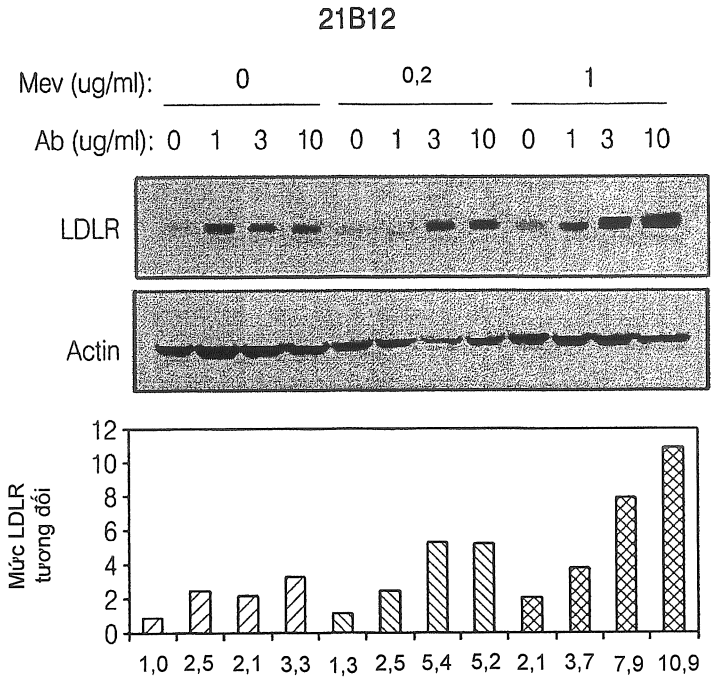

21B12
Mev (ug/ml): 0 0,2 1
Ab (ug/ml): 0 1 3 10 0 1 3 10 0 1 3 10
LDLR
Actin
Mức LDLR tương đối
12
10
8
6
4
2
0
1,0 2,5 2,1 3,3 1,3 2,5 5,4 5,2 2,1 3,7 7,9 10,9

FIG. 12A

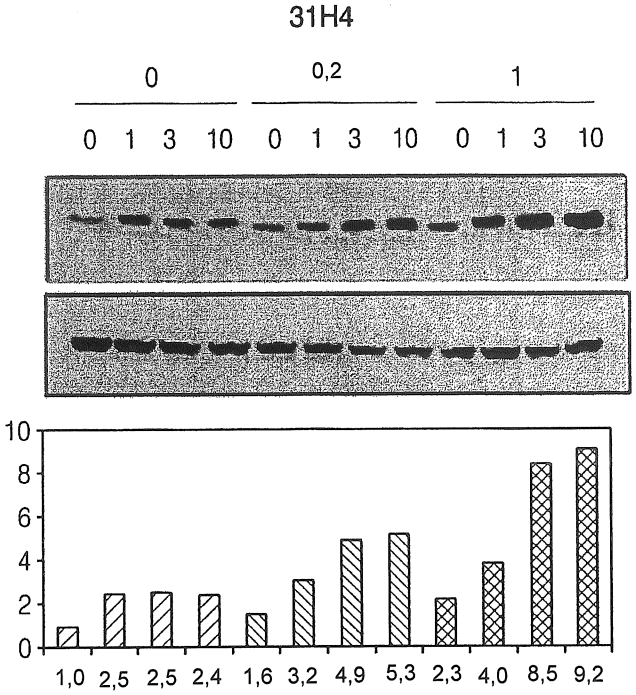

31H4
0
0,2
1
0 1 3 10 0 1 3 10 0 1 3 10
10
8
6
4
2
0
1,0 2,5 2,5 2,4 1,6 3,2 4,9 5,3 2,3 4,0 8,5 9,2

FIG. 12B

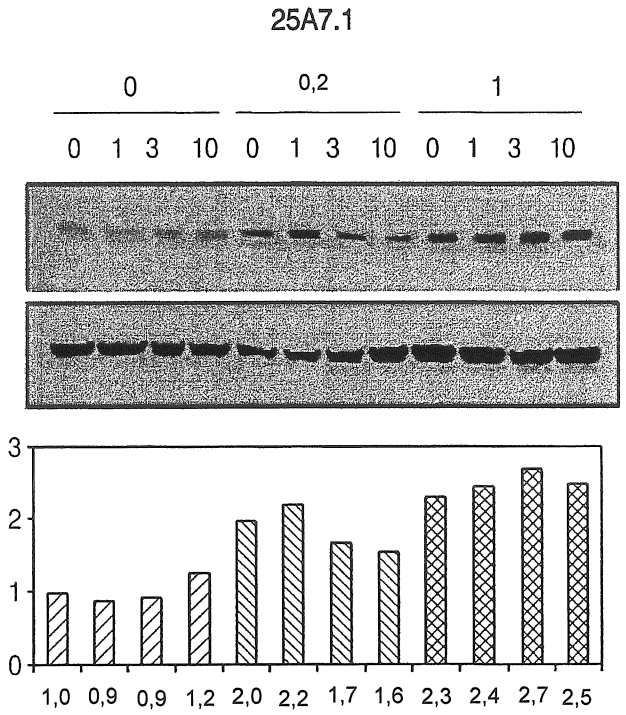

25A7.1
0
0,2
1
0 1 3 10 0 1 3 10 0 1 3 10
3
2
1
0
1,0 0,9 0,9 1,2 2,0 2,2 1,7 1,6 2,3 2,4 2,7 2,5

FIG. 12C

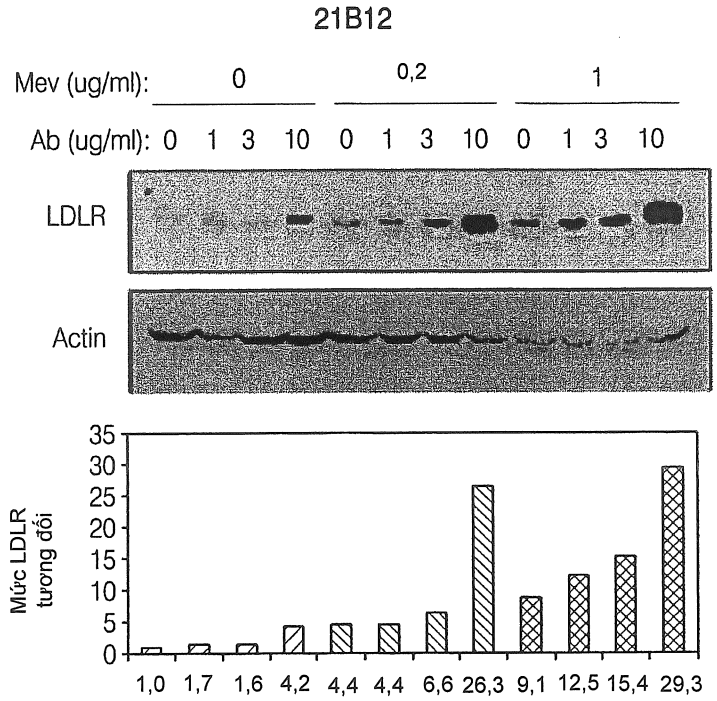

21B12
Mev (ug/ml): 0 0,2 1
Ab (ug/ml): 0 1 3 10 0 1 3 10 0 1 3 10
LDLR
Actin
Mức LDLR tương đối
35
30
25
20
15
10
5
0
1,0 1,7 1,6 4,2 4,4 4,4 6,6 26,3 9,1 12,5 15,4 29,3

FIG. 12D

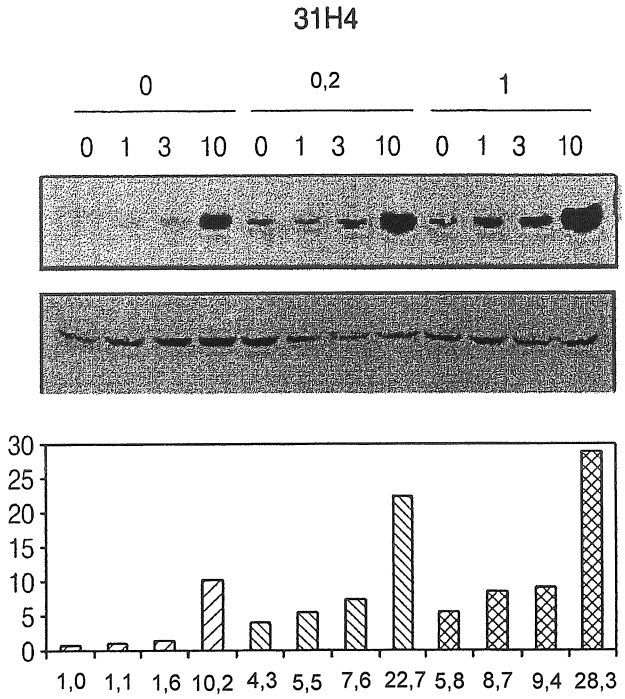

31H4
0
0,2
1
0 1 3 10 0 1 3 10 0 1 3 10
30
25
20
15
10
5
0
1,0 1,1 1,6 10,2 4,3 5,5 7,6 22,7 5,8 8,7 9,4 28,3

FIG. 12E

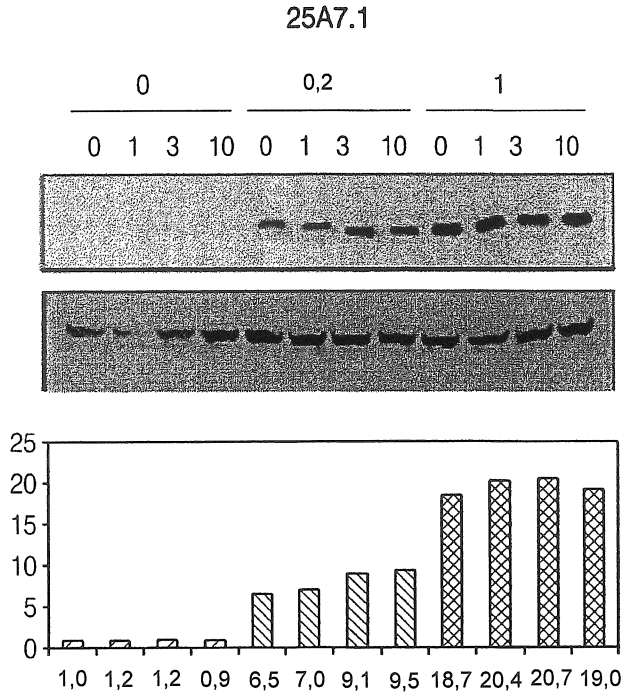

25A7.1
0
0,2
1
0 1 3 10 0 1 3 10 0 1 3 10
25
20
15
10
5
0
1,0 1,2 1,2 0,9 6,5 7,0 9,1 9,5 18,7 20,4 20,7 19,0

FIG. 12F

Chuỗi nhẹ:

23B5_chuỗi nhẹ_cdr	RASQSI.....SSYLN	(SEQ ID NO:209)	AASSLQS	(SEQ ID NO:211)	QQSYSSPIT~~~~~~~~~	(SEQ ID NO:213)
25G4_chuỗi nhẹ_cdr	RASQSI.....SIYLN	(SEQ ID NO:388)	AAASLQS	(SEQ ID NO:393)	QQSYSAPIT~~~~~~~~~	(SEQ ID NO:394)
3C4_chuỗi nhẹ_cdr	RASQRI.....SNYLS	(SEQ ID NO:219)	AASSLQS	(SEQ ID NO:211)	QQSYSTPLI~~~~~~~~~	(SEQ ID NO:235)
30A4_chuỗi nhẹ_cdr	RSSQSLLHSNGYNFLN	(SEQ ID NO:220)	LGSHRAS	(SEQ ID NO:227)	MQVLQTPFT~~~~~~~~~	(SEQ ID NO:236)
21B12_chuỗi nhẹ_cdr	~~TGTSSDVGGYNSVS	(SEQ ID NO:158)	EVSNRPS	(SEQ ID NO:162)	NSYTSTSMV~~~~~~~~~	(SEQ ID NO:395)
23G1_chuỗi nhẹ_cdr	~~TGTSSDVGGYNSVS	(SEQ ID NO:158)	EVTNRPS	(SEQ ID NO:163)	NSYTSTSMV~~~~~~~~~	(SEQ ID NO:395)
20D10_chuỗi nhẹ_cdr	~~TGTSSDVGGYNSVS	(SEQ ID NO:158)	EVSNRPS	(SEQ ID NO:162)	SSYTSTSMV~~~~~~~~~	(SEQ ID NO:164)
26H5_chuỗi nhẹ_cdr	~~TGTSSDVGGYNSVS	(SEQ ID NO:158)	EVSNRPS	(SEQ ID NO:162)	SSYTSTSMV~~~~~~~~~	(SEQ ID NO:164)
31D1_chuỗi nhẹ_cdr	~~TGTSSDVGGYNSVS	(SEQ ID NO:158)	EVSNRPS	(SEQ ID NO:162)	SSYTSTSMV~~~~~~~~~	(SEQ ID NO:164)
27E7_chuỗi nhẹ_cdr	~~TGTSSDVGGYNSVS	(SEQ ID NO:158)	EVSNRPS	(SEQ ID NO:162)	SSYTSTSMV~~~~~~~~~	(SEQ ID NO:164)
27H5_chuỗi nhẹ_cdr	~~TGTSSDVGGYNSVS	(SEQ ID NO:158)	EVSNRPS	(SEQ ID NO:162)	SSYTSTSMV~~~~~~~~~	(SEQ ID NO:164)
30B9_chuỗi nhẹ_cdr	~~TGTSSDVGGYNSVS	(SEQ ID NO:158)	EVSNRPS	(SEQ ID NO:162)	SSYTSTSMV~~~~~~~~~	(SEQ ID NO:164)
19H9_chuỗi nhẹ_cdr	~~TGTNSDVGGYNSVS	(SEQ ID NO:389)	EVSNRPS	(SEQ ID NO:162)	SSYTSTSMV~~~~~~~~~	(SEQ ID NO:164)
17C2_chuỗi nhẹ_cdr	~~TGTSSDVGAYNSVS	(SEQ ID NO:390)	EVSNRPS	(SEQ ID NO:162)	SSYTSTNMV~~~~~~~~~	(SEQ ID NO:166)
25A7_chuỗi nhẹ_cdr	~~TGTSSDVGRYNSVS	(SEQ ID NO:391)	EVSNRPS	(SEQ ID NO:162)	SSYTSSSVV~~~~~~~~~	(SEQ ID NO:396)
13H1_chuỗi nhẹ_cdr	~~TGTSSDVGNYNLVS	(SEQ ID NO:221)	EVSKRPS	(SEQ ID NO:228)	CSYAGSSTLV~~~~~~~~	(SEQ ID NO:237)
31H4_chuỗi nhẹ_cdr	~~TGSSSNIGAGYDVH	(SEQ ID NO:222)	GNSNRPS	(SEQ ID NO:229)	QSYDSSLSGSV~~~~~~~	(SEQ ID NO:238)
27B2_chuỗi nhẹ_cdr	~~TGSSSNIGAHYDVH	(SEQ ID NO:223)	GNTYRPS	(SEQ ID NO:230)	QSYDNSLSGVV~~~~~~~	(SEQ ID NO:239)
9H6_chuỗi nhẹ_cdr	~~SGSSSNIGSNT.VN	(SEQ ID NO:197)	SNNRRPS	(SEQ ID NO:199)	AAWDDSLN.WV~~~~~~~	(SEQ ID NO:397)
1A12_chuỗi nhẹ_cdr	~~SGSSSNIGSKT.VN	(SEQ ID NO:499)	SNNRRPS	(SEQ ID NO:199)	AAWDDSLN.WV~~~~~~~	(SEQ ID NO:397)
9C9_chuỗi nhẹ_cdr	~~SGSSSNIGSKT.VN	(SEQ ID NO:499)	RNNQRPL	(SEQ ID NO:392)	AAWDDSLN.WV~~~~~~~	(SEQ ID NO:397)
31A4_chuỗi nhẹ_cdr	~~SGSSSNIGSNT.VN	(SEQ ID NO:197)	SNNQRPS	(SEQ ID NO:231)	AVWDDSLNGWV~~~~~~~	(SEQ ID NO:240)
22E2_chuỗi nhẹ_cdr	~~SGSSSNIGNNF.VS	(SEQ ID NO:182)	DYNKRPS	(SEQ ID NO:183)	GTWDSSLSGYV~~~~~~~	(SEQ ID NO:185)
28B12_chuỗi nhẹ_cdr	~~SGSSSNIGNNF.VS	(SEQ ID NO:182)	DYNKRPS	(SEQ ID NO:183)	GTWDSSLSGYV~~~~~~~	(SEQ ID NO:185)
28D6_chuỗi nhẹ_cdr	~~SGSSSNIGNNF.VS	(SEQ ID NO:182)	DYNKRPS	(SEQ ID NO:183)	GTWDSSLSGYV~~~~~~~	(SEQ ID NO:185)
16F12_chuỗi nhẹ_cdr	~~SGSSSNIGNNF.VS	(SEQ ID NO:182)	DYNKRPS	(SEQ ID NO:183)	GTWDSSLSAYV~~~~~~~	(SEQ ID NO:186)
27A6_chuỗi nhẹ_cdr	~~SGSSSNIGNNF.VS	(SEQ ID NO:182)	DYNKRPS	(SEQ ID NO:183)	GTWDSSLSSYV~~~~~~~	(SEQ ID NO:398)
31G11_chuỗi nhẹ_cdr	~~SGSSSNIGNNF.VS	(SEQ ID NO:182)	DSNKRPS	(SEQ ID NO:184)	GTWDSSLSAYV~~~~~~~	(SEQ ID NO:399)
13B5_chuỗi nhẹ_cdr	~~SGSNSNIGNNY.VS	(SEQ ID NO:224)	DNNKRPS	(SEQ ID NO:232)	GTWDSSLSAVV~~~~~~~	(SEQ ID NO:241)
31B12_chuỗi nhẹ_cdr	~~~~SGDKLGDKYAC.	(SEQ ID NO:225)	QNTKWPL	(SEQ ID NO:233)	QAWDSSTVV~~~~~~~~~	(SEQ ID NO:242)
3B6_chuỗi nhẹ_cdr	~~~~TLSSGYSSYEVD	(SEQ ID NO:226)	VDTGGIV	(SEQ ID NO:234)	SDYHCGADHGSGTNFVVV	(SEQ ID NO:243)

Liên ứng

FIG. 13A

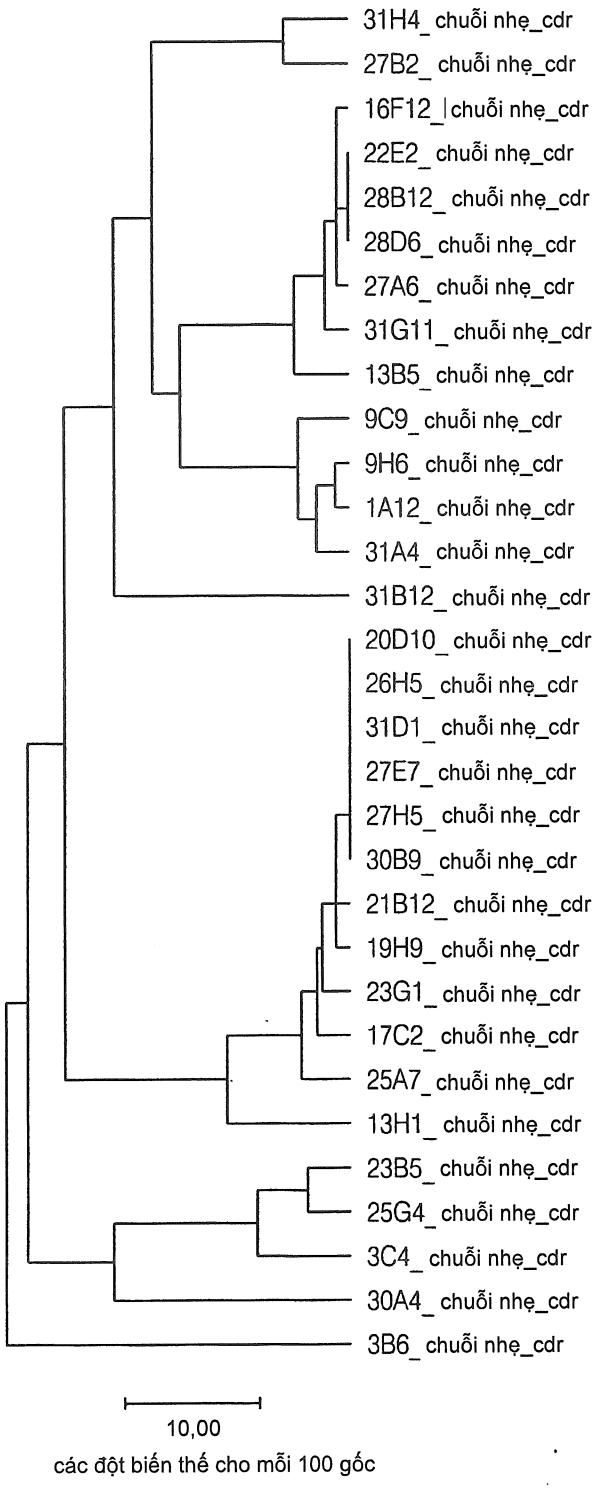
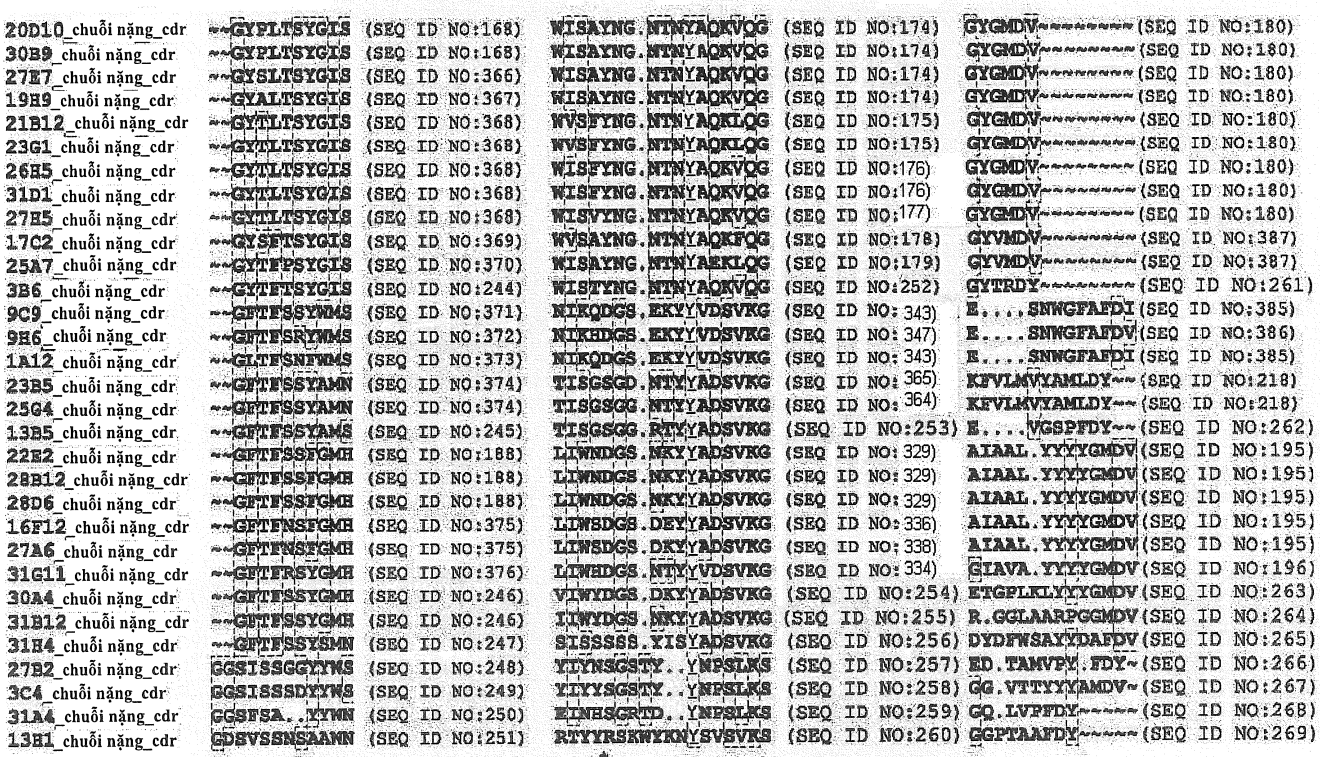

31H4_ chuỗi nhẹ_cdr
27B2_ chuỗi nhẹ_cdr
16F12_ chuỗi nhẹ_cdr
22E2_ chuỗi nhẹ_cdr
28B12_ chuỗi nhẹ_cdr
28D6_ chuỗi nhẹ_cdr
27A6_ chuỗi nhẹ_cdr
31G11_ chuỗi nhẹ_cdr
13B5_ chuỗi nhẹ_cdr
9C9_ chuỗi nhẹ_cdr
9H6_ chuỗi nhẹ_cdr
1A12_ chuỗi nhẹ_cdr
31A4_ chuỗi nhẹ_cdr
31B12_ chuỗi nhẹ_cdr
20D10_ chuỗi nhẹ_cdr
26H5_ chuỗi nhẹ_cdr
31D1_ chuỗi nhẹ_cdr
27E7_ chuỗi nhẹ_cdr
27H5_ chuỗi nhẹ_cdr
30B9_ chuỗi nhẹ_cdr
21B12_ chuỗi nhẹ_cdr
19H9_ chuỗi nhẹ_cdr
23G1_ chuỗi nhẹ_cdr
17C2_ chuỗi nhẹ_cdr
25A7_ chuỗi nhẹ_cdr
13H1_ chuỗi nhẹ_cdr
23B5_ chuỗi nhẹ_cdr
25G4_ chuỗi nhẹ_cdr
3C4_ chuỗi nhẹ_cdr
30A4_ chuỗi nhẹ_cdr
3B6_ chuỗi nhẹ_cdr
10,00
các đột biến thế cho mỗi 100 gốc

FIG. 13B

FIG. 13C

Chuỗi nặng



Liên ứng

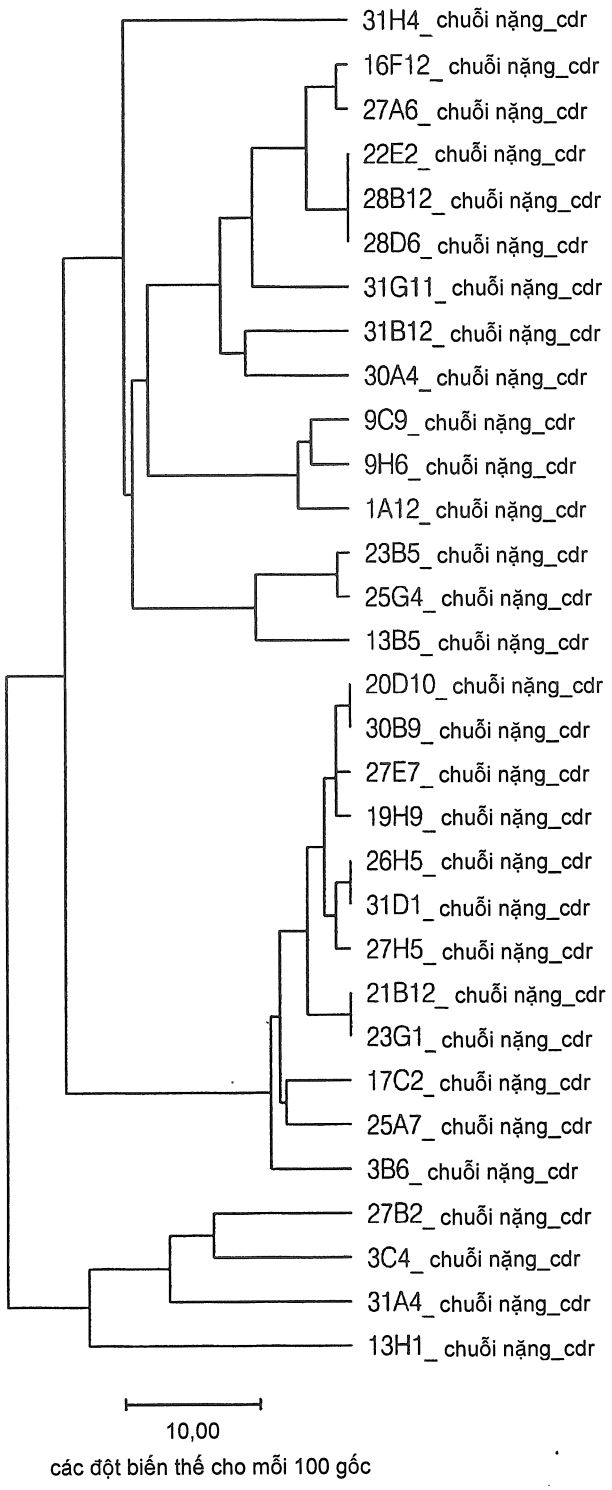

31H4_ chuỗi nặng_cdr
16F12_ chuỗi nặng_cdr
27A6_ chuỗi nặng_cdr
22E2_ chuỗi nặng_cdr
28B12_ chuỗi nặng_cdr
28D6_ chuỗi nặng_cdr
31G11_ chuỗi nặng_cdr
31B12_ chuỗi nặng_cdr
30A4_ chuỗi nặng_cdr
9C9_ chuỗi nặng_cdr
9H6_ chuỗi nặng_cdr
1A12_ chuỗi nặng_cdr
23B5_ chuỗi nặng_cdr
25G4_ chuỗi nặng_cdr
13B5_ chuỗi nặng_cdr
20D10_ chuỗi nặng_cdr
30B9_ chuỗi nặng_cdr
27E7_ chuỗi nặng_cdr
19H9_ chuỗi nặng_cdr
26H5_ chuỗi nặng_cdr
31D1_ chuỗi nặng_cdr
27H5_ chuỗi nặng_cdr
21B12_ chuỗi nặng_cdr
23G1_ chuỗi nặng_cdr
17C2_ chuỗi nặng_cdr
25A7_ chuỗi nặng_cdr
3B6_ chuỗi nặng_cdr
27B2_ chuỗi nặng_cdr
3C4_ chuỗi nặng_cdr
31A4_ chuỗi nặng_cdr
13H1_ chuỗi nặng_cdr
10,00
các đột biến thế cho mỗi 100 gốc

FIG. 13D

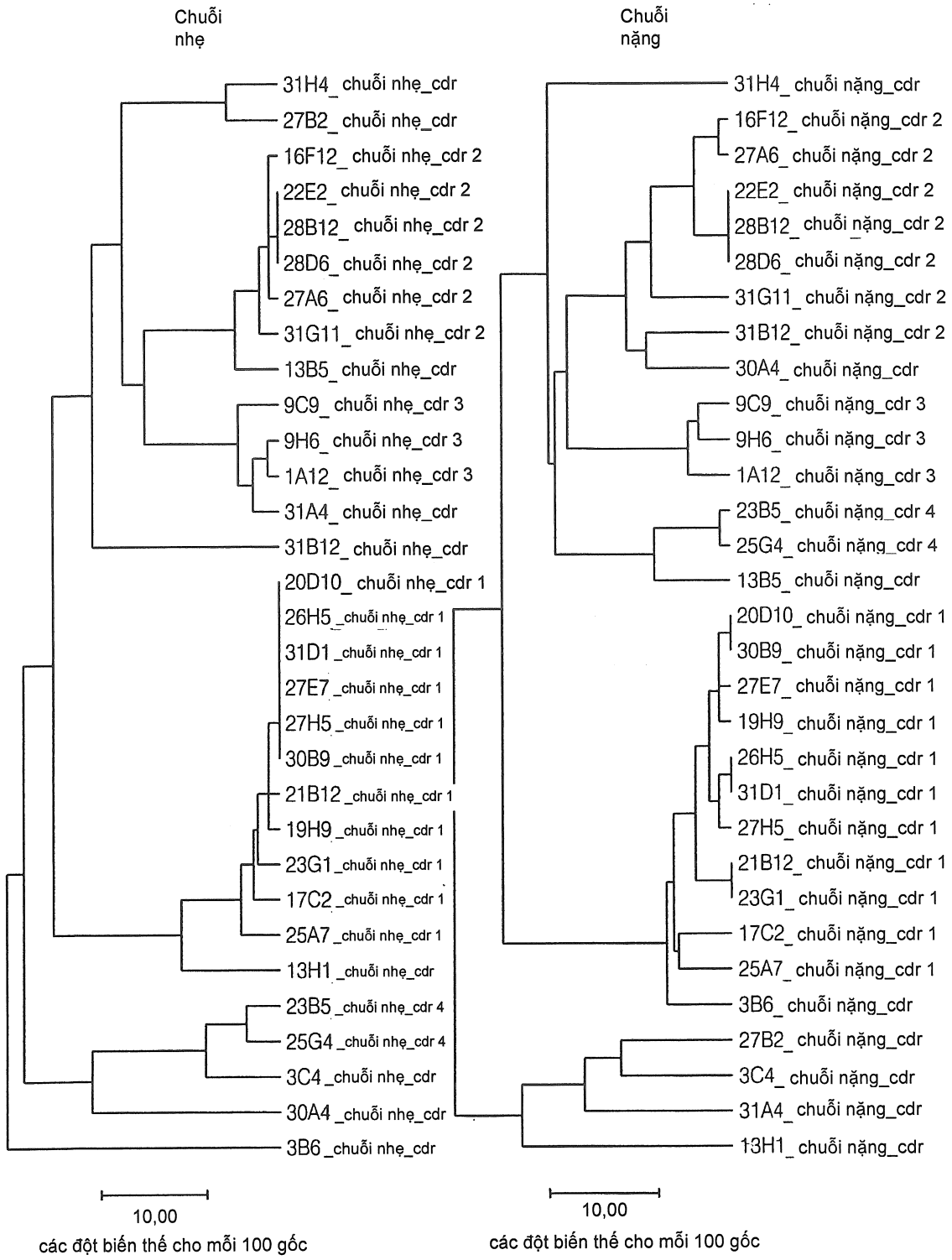
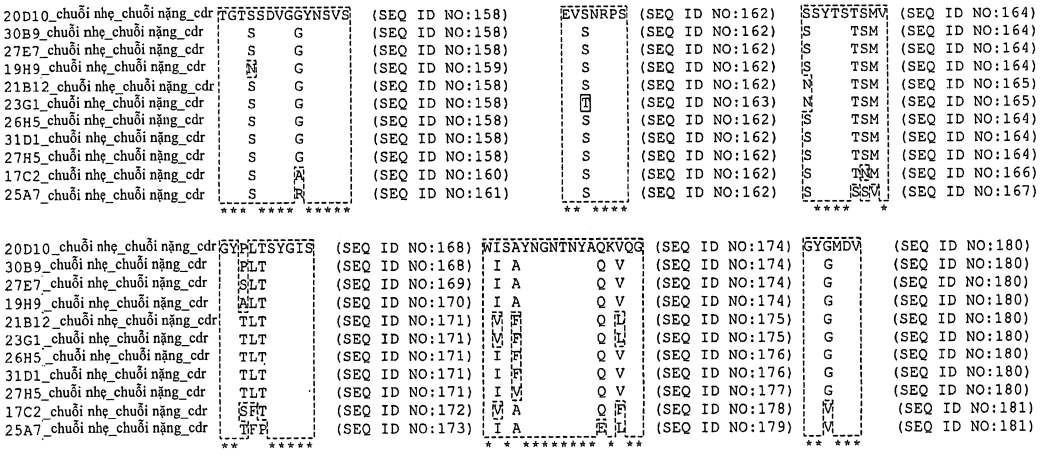

Chuỗi nhẹ
31H4_ chuỗi nhẹ_cdr
27B2_ chuỗi nhẹ_cdr
16F12_ chuỗi nhẹ_cdr 2
22E2_ chuỗi nhẹ_cdr 2
28B12_ chuỗi nhẹ_cdr 2
28D6_ chuỗi nhẹ_cdr 2
27A6_ chuỗi nhẹ_cdr 2
31G11_ chuỗi nhẹ_cdr 2
13B5_ chuỗi nhẹ_cdr
9C9_ chuỗi nhẹ_cdr 3
9H6_ chuỗi nhẹ_cdr 3
1A12_ chuỗi nhẹ_cdr 3
31A4_ chuỗi nhẹ_cdr
31B12_ chuỗi nhẹ_cdr
20D10_ chuỗi nhẹ_cdr 1
26H5_chuỗi nhẹ_cdr 1
31D1_chuỗi nhẹ_cdr 1
27E7_chuỗi nhẹ_cdr 1
27H5_chuỗi nhẹ_cdr 1
30B9_chuỗi nhẹ_cdr 1
21B12_chuỗi nhẹ_cdr 1
19H9_chuỗi nhẹ_cdr 1
23G1_chuỗi nhẹ_cdr 1
17C2_chuỗi nhẹ_cdr 1
25A7_chuỗi nhẹ_cdr 1
13H1_chuỗi nhẹ_cdr
23B5_chuỗi nhẹ_cdr 4
25G4_chuỗi nhẹ_cdr 4
3C4_chuỗi nhẹ_cdr
30A4_chuỗi nhẹ_cdr
3B6_chuỗi nhẹ_cdr
10,00
các đột biến thế cho mỗi 100 gốc
Chuỗi nặng
31H4_ chuỗi nặng_cdr
16F12_ chuỗi nặng_cdr 2
27A6_ chuỗi nặng_cdr 2
22E2_ chuỗi nặng_cdr 2
28B12_ chuỗi nặng_cdr 2
28D6_ chuỗi nặng_cdr 2
31G11_ chuỗi nặng_cdr 2
31B12_ chuỗi nặng_cdr 2
30A4_ chuỗi nặng_cdr
9C9_ chuỗi nặng_cdr 3
9H6_ chuỗi nặng_cdr 3
1A12_ chuỗi nặng_cdr 3
23B5_ chuỗi nặng_cdr 4
25G4_ chuỗi nặng_cdr 4
13B5_ chuỗi nặng_cdr
20D10_ chuỗi nặng_cdr 1
30B9_ chuỗi nặng_cdr 1
27E7_ chuỗi nặng_cdr 1
19H9_ chuỗi nặng_cdr 1
26H5_ chuỗi nặng_cdr 1
31D1_ chuỗi nặng_cdr 1
27H5_ chuỗi nặng_cdr 1
21B12_ chuỗi nặng_cdr 1
23G1_ chuỗi nặng_cdr 1
17C2_ chuỗi nặng_cdr 1
25A7_ chuỗi nặng_cdr 1
3B6_ chuỗi nặng_cdr
27B2_ chuỗi nặng_cdr
3C4_ chuỗi nặng_cdr
31A4_ chuỗi nặng_cdr
13H1_ chuỗi nặng_cdr
10,00
các đột biến thế cho mỗi 100 gốc

FIG. 13E

Liên ứng đối với nhóm 1:



Liên ứng đối với nhóm 2:

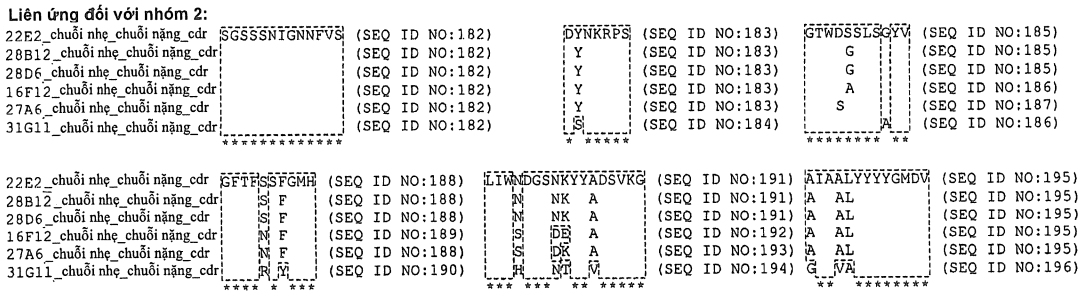
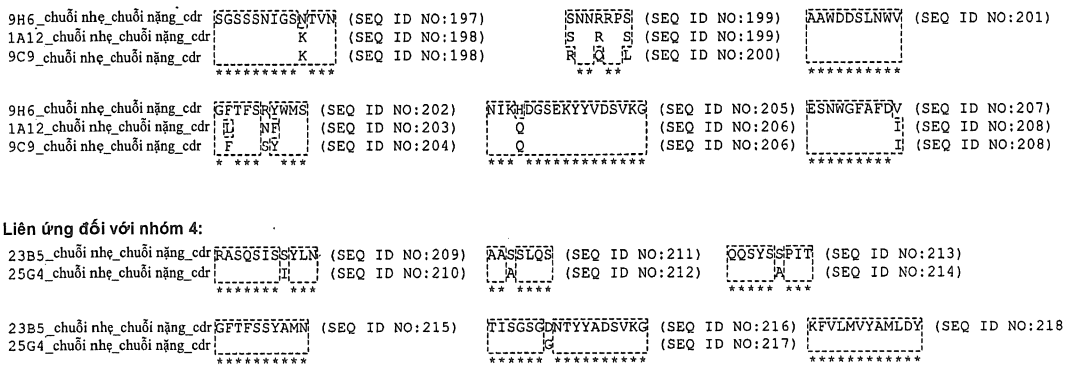


FIG. 13F

Liên ứng đối với nhóm 3:



Liên ứng đối với nhóm 4:

FIG. 13G

Nhóm 1 (11 thành viên)

	LV_CDR1	SEQ ID NO:	LV_CDR2	SEQ ID NO:	LV_CDR3	SEQ ID NO:	H_CDR1	SEQ ID NO:	H_CDR2	SEQ ID NO:	H_CDR3	SEQ ID NO:
	1										58	
LIÊN ỨNG	TGTSSDVGGYNSVS	305	EVSNRPS	306	SSYTSTSMV	307	SYGIS	308	WISAYNGNTNYAQKVQG	309	GYGMDV	310
25A7	........R.....	311	....	312	.....S.V.	313	.....	308	............E.L..	314	..V...	315
17C2	........A.....	316	....	312	......N..	317	.....	308	.V...........F..	318	..V...	315
21B12	.....	305	....	312	N.....	319	.....	308	.V.F.........L..	320	.....	310
23G1	.....	305	..T....	321	N.....	319	.....	308	.V.F.........L..	320	.....	310
19H9	...N.....	322	....	312	.....	307	.....	308	.....	309	.....	310
27H5	.....	305	....	312	.....	307	.....	308	...V.....	323	.....	310
26H5	.....	305	....	312	.....	307	.....	308	...F.....	324	.....	310
31D1	.....	305	....	312	.....	307	.....	308	...F.....	324	.....	310
27E7	.....	305	....	312	.....	307	.....	308	.....	309	.....	310
20D10	.....	305	....	312	.....	307	.....	308	.....	309	.....	310
30B9	.....	305	....	312	.....	307	.....	308	.....	309	.....	310

Nhóm 2 (6 thành viên)

Chuỗi nhẹ:

	LV_CDR1	SEQ ID NO:	LV_CDR2	SEQ ID NO:	LV_CDR3	SEQ ID NO:
	1					
LIÊN ỨNG	SGSSSNIGNNFVS	325	DYNKRPS	326	GTWDSSLSGYV	327
31G11	.....	325	.S.....	331	........A..	332
28D6	.....	325	....	326	.....	327
28B12	.....	325	....	326	.....	327
22E2	.....	325	....	326	.....	327
16F12	.....	325	....	326	........A..	332
27A6	.....	325	....	326	........S..	337

FIG. 13H

Nhóm 2, tiếp

Chuỗi nặng:

	H_CDR1	SEQ ID NO:	H_CDR2	SEQ ID NO:	H_CDR3	SEQ ID NO:
LIÊN ỨNG	SFGMH	328	LIWNDGSNKYYADSVKG	329	AIAALYYYGMDV	330
31G11	.Y...	333	...H....T..V.....	334	G..VA.....	335
28D6	.....	328	.....	329	.....	330
28B12	.....	328	.....	329	.....	330
22E2	.....	328	.....	329	.....	330
16F12	.....	328	...S...DE.....	336	.....	330
27A6	.....	328	...S...D.....	338	.....	330

FIG. 13I

Nhóm 3 (3 thành viên)

	LV_CDR1	SEQ ID NO:	LV_CDR2	SEQ ID NO:	LV_CDR3	SEQ ID NO:	H_CDR1	SEQ ID NO:	H_CDR2	SEQ ID NO:	H_CDR3	SEQ ID NO:
	1											62
LIÊN ỨNG	SGSSSNIGSKTVN	339	SNNRRPS	340	AAWDDSLNWV	341	YWMS	342	NIKQDGSEKYYVDSVKG	343	ESNWGFAFDI	344
9H6	.........N...	345	....	340	....	341	R....	346	...H.............	347	V	348
9C9	....	339	R..Q..L	349	....	341	S....	350	....	343	....	344
1A12	....	339	....	340	....	341	NF...	351	....	343	....	344

Nhóm 4 (2 thành viên)

	KV_CDR1	SEQ ID NO:	KV_CDR2	SEQ ID NO:	KV_CDR3	SEQ ID NO:
	1					
LIÊN ỨNG	RASQSIS YLN	352	AA SLQS	353	QQSYS PIT	354
25G4	.......I...	355	..A....	356	.....A...	357
23B5	.......S...	358	..S....	359	.....S...	360

	H_CDR1	SEQ ID NO:	H_CDR2	SEQ ID NO:	H_CDR3	SEQ ID NO:
					71	
LIÊN ỨNG	SYAMN	361	TISGSG NTYYADSVKG	362	KFVLMVYAMLDY	363
25G4	.....	361	......G..........	364	....	363
23B5	.....	361	......D..........	365	....	363

FIG. 13J

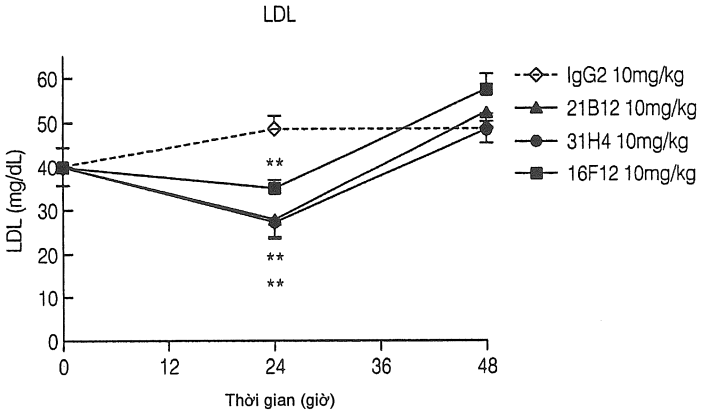

LDL
LDL (mg/dL)
60
50
40
30
20
10
0
0
12
24
36
48
Thời gian (giờ)
**
**
**
IgG2 10mg/kg
21B12 10mg/kg
31H4 10mg/kg
16F12 10mg/kg

FIG. 14A

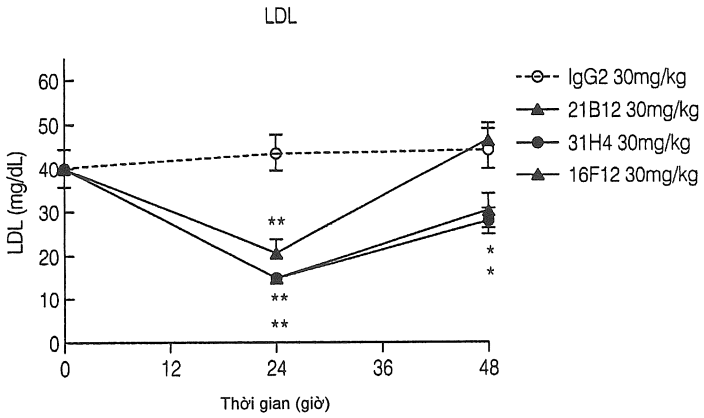

LDL
LDL (mg/dL)
60
50
40
30
20
10
0
0
12
24
36
48
Thời gian (giờ)
**
**
**
* *
IgG2 30mg/kg
21B12 30mg/kg
31H4 30mg/kg
16F12 30mg/kg

FIG. 14B

Tên chuỗi	V	D	J	FR1	CDR1	FR2	SEQ ID NO:
	Dòng mầm			QSALTQPASVSGSPGQSITISC	TGTSSDVGGYNYVS	WYQQHPGKAPKLMIY	14
26E10.1	V1-4		JL2	----------	----------S--	----------	270
26E10	V1-4		JL2	----------	----------S--	----------	23
17C2.1	V1-4		JL2	----------F----------	--------A--S--	----------R---	271
17C2	V1-4		JL2	----------	--------A--S--	----------R---	24
	Dòng mầm			QSVLTQPPSASGTPGQRVTISC	SGSSSNIGSNTVN	WYQQLPGTAPKLLIY	29
9C9.1	V1-16		JL3	----------P---------	----------	----------	272
9C9.2	V1-16		JL3	----------P-------F-	----------	----------	273
	Dòng mầm			SYELTQPPSVSVSPGQTASITC	SGDKLGDKYAC	WYQQKPGQSPVLVIY	274
31A4.2	V2-1		JL2	----------R---	----------	----------	275
	Dòng mầm			SYELTQPPSVSVSPGQTASITC	SGDKLGDKYAC	WYQQKPGQSPVLVIY	276
25A7.1	V2-1		JL2	----I----------	----------	---R------I----	277

FIG. 15A

Tên chuỗi	CDR2	FR3	CDR3	FR4	SEQ ID NO:
	EVSNRPS	GVSNRFSGSKSGNTASLTISGLQAEDEADYYC	SSYTSSS#V	FGGGTKLTVL	14
26E10.1	-------	--F----------	N----T-M-	----------	270
26E10	-------	----------	N----T-M-	----------	23
17C2.1	-------	----------	-----TNM-	----------	271
17C2	-------	----------	-----TNM-	----------	24
	SNNQRPS	GVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEDEADYYC	AAWDDSLN#V	FGGGTKLTVL	29
9C9.1	---R---	----------	--------W-	----------	272
9C9.2	---R---	----------	--------W-	----------	273
	QDSKRPS	GIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYC	QAWDSSTVV	FGGGTKLTVL	274
31A4.2	-NT-W-L	---------K----V----------	---------	----------	275
	QDSKRPS	GIPERFSGSNSGNTATLTISGTQAMDEADYYC	QAWDSSTAVV	FGGGTKLTVL	276
25A7.1	--T----	----------	----------	----------	277

FIG. 15B

Tên chuỗi	V	D	J	FR1	CDR1	FR2	SEQ ID NO:
	Dòng mầm			QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS	GYTFTSYGIS	WVRQAPGQGLEWMG	47
26E10.1	VH1-18		JH6B	----------	---L------	----------	49
26E10	VH1-18		JH6B	----------	---L------	----------	49
17C2.1	VH1-18		JH6B	----------	--S-------	----------	57
17C2	VH1-18		JH6B	----------	--S-------	----------	57
	Dòng mầm			EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAAS	GFTFSSYWMS	WVRQAPGKGLEWVA	63
9C9.1	VH3-7	D7-27	JH3B	----------VV-	----------	----------	64
9C9.2	VH3-7	D7-27	JH3B	----------VV-	----------	----------	401
	Dòng mầm			QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVS	GGSISSYYWS	WIRQPPGKGLEWIG	400
25A7.1	VH4-59	D6-19	JH4B	----------	-----T----	----------	278

FIG. 15C

Tên chuỗi	CDR2	FR3	CDR3	FR4	SEQ ID NO:
	WISAYNGNTNYAQKLQG	RVTMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCAR	#YGMDV	WGQGTTVTVSS	47
26E10.1	-V-F----------	-G-----P----------	G-----	----------	49
26E10	-V-F----------	-G-----P----------	G-----	---------	49
17C2.1	-V----------F--	----------	G-V---	---------	57
17C2.2	-V----------F--	----------	G-V---	---------	57
	NIKQDGSEKYYVDSVKG	RFTISRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCAR	##NWG#AFDI	WGQGTMVTVSS	63
9C9.1	----------	----------	ES---F----	----------	64
9C9.2	----------	----------	ES---F----	----------x	401
	YIYYSGSTNYNPSLKS	RVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCAR	##YSSGW##FDY	WGQGTLVTVSS	400
25A7.1	----------	----------	GS-----FE---	----------	278

FIG. 15D

1. Std
2. 21B12
3. ProCat
4. VD
5. ProCat + 21B12
6. VD + 21B12

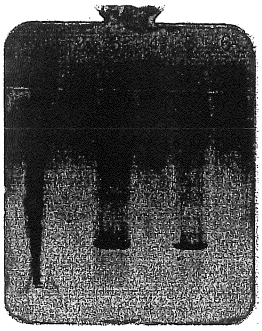


FIG. 16A

1. 31H4
2. ProCat
3. VD
4. ProCat + 31H4
5. VD + 31H4
6. Std

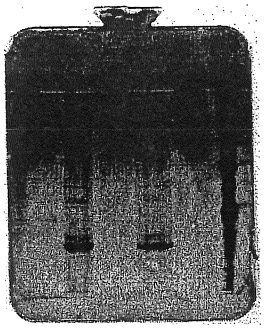


FIG. 16B

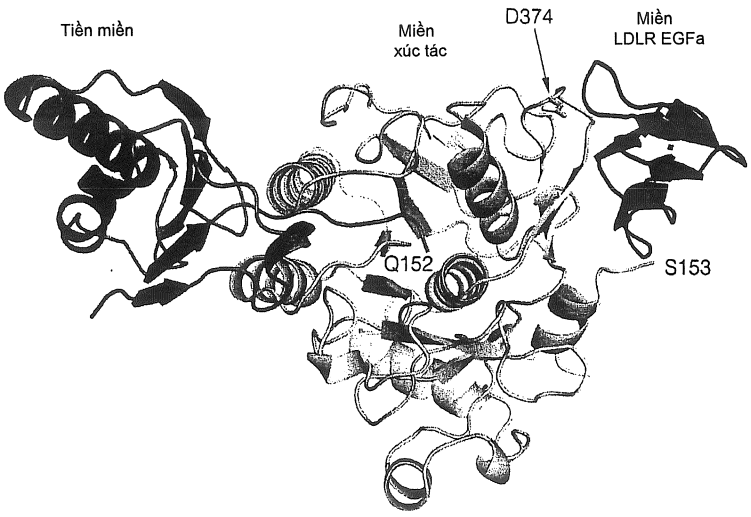


FIG. 17

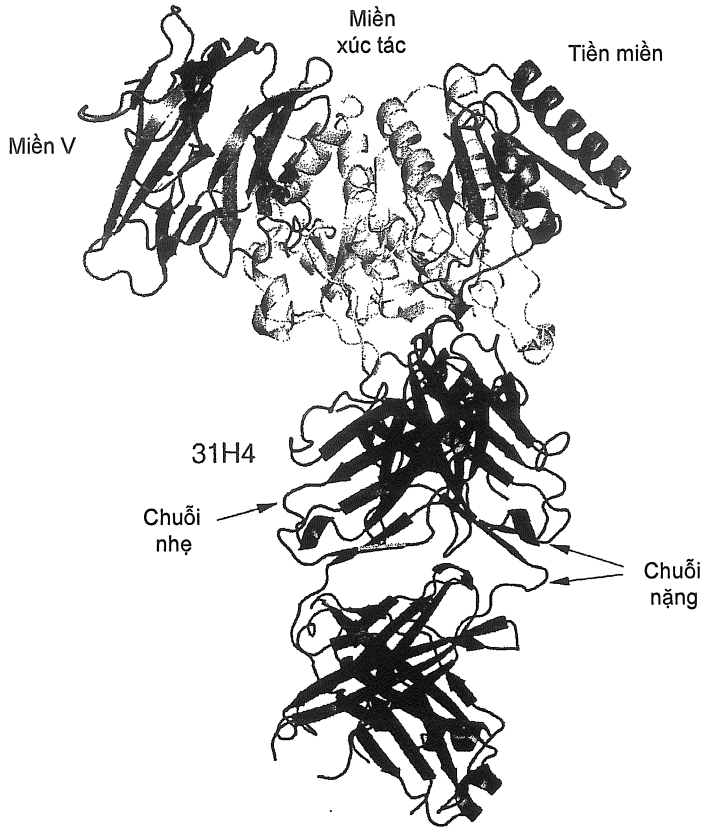


FIG. 18A

Miền
xúc tác
Tiền miền
D374
CDRH2
CDRH1
CDRH3
CDRL1
CDRL3
CDRL2
Chuỗi nặng
31H4
Chuỗi nhẹ
31H4

FIG. 18B

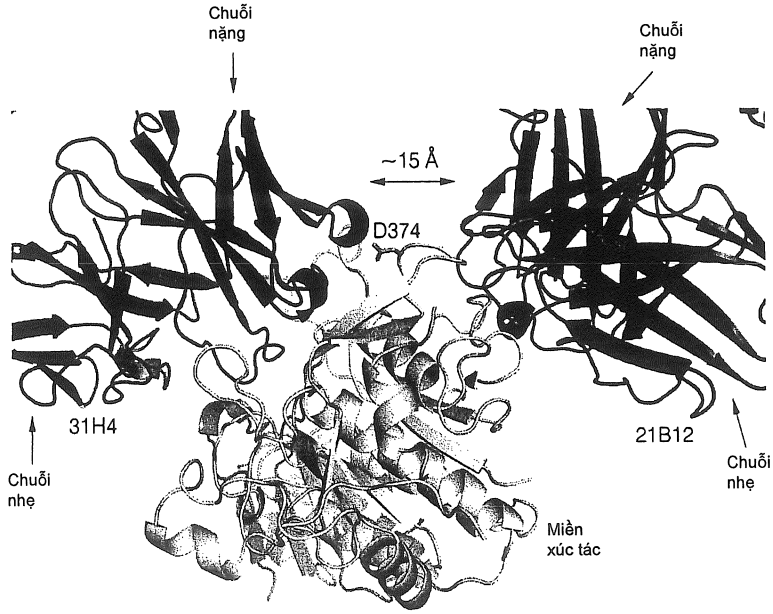

Chuỗi
nặng
Chuỗi
nặng
~15 Å
D374
31H4
21B12
Chuỗi
nhẹ
Chuỗi
nhẹ
Miền
xúc tác

FIG. 19A

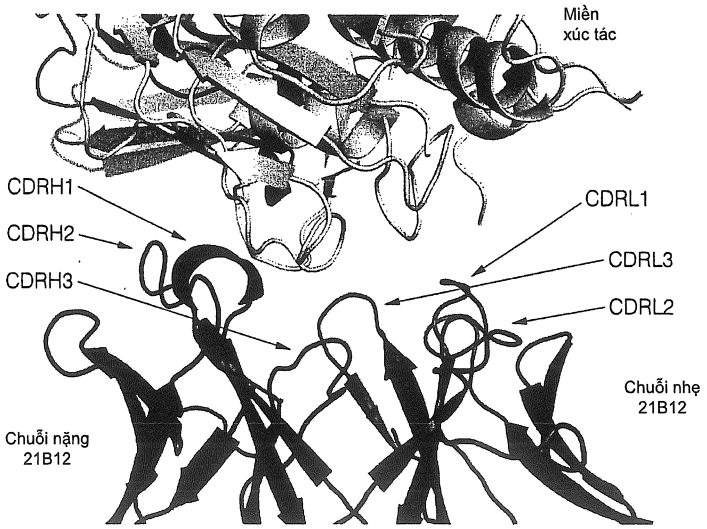

Miền
xúc tác
CDRH1
CDRH2
CDRH3
CDRL1
CDRL3
CDRL2
Chuỗi nhẹ
21B12
Chuỗi nặng
21B12

FIG. 19B

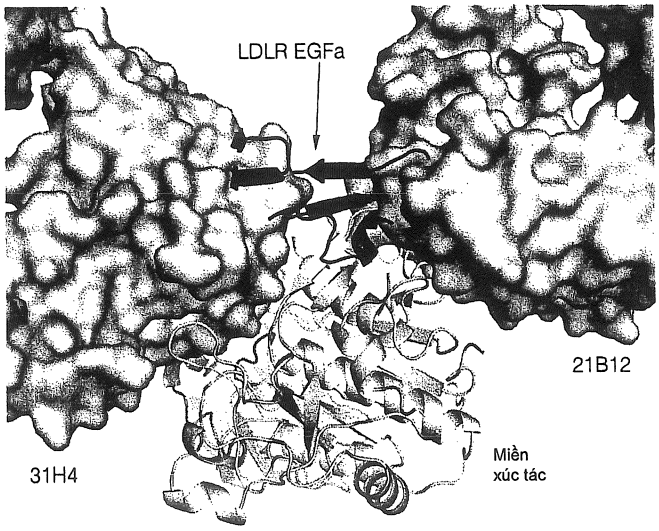


FIG. 20A

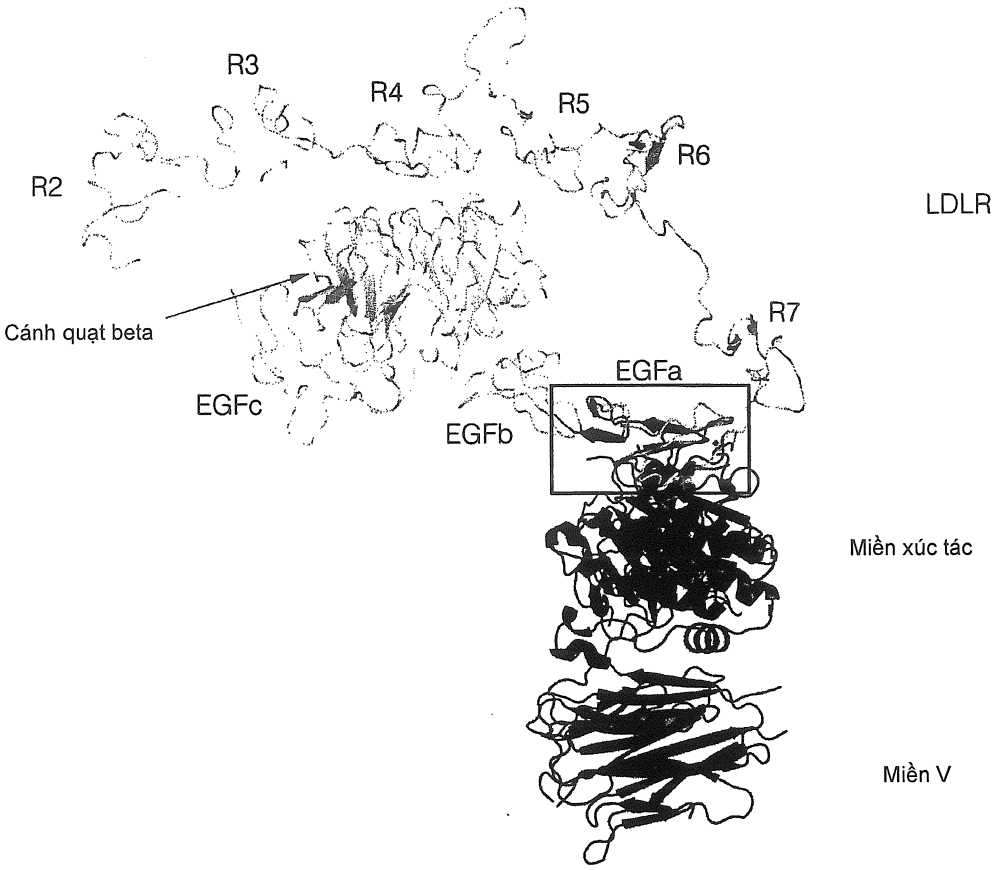

R3
R4
R5
R6
R2
LDLR
Cánh quạt beta
R7
EGFa
EGFc
EGFb
Miền xúc tác
Miền V

FIG. 20B

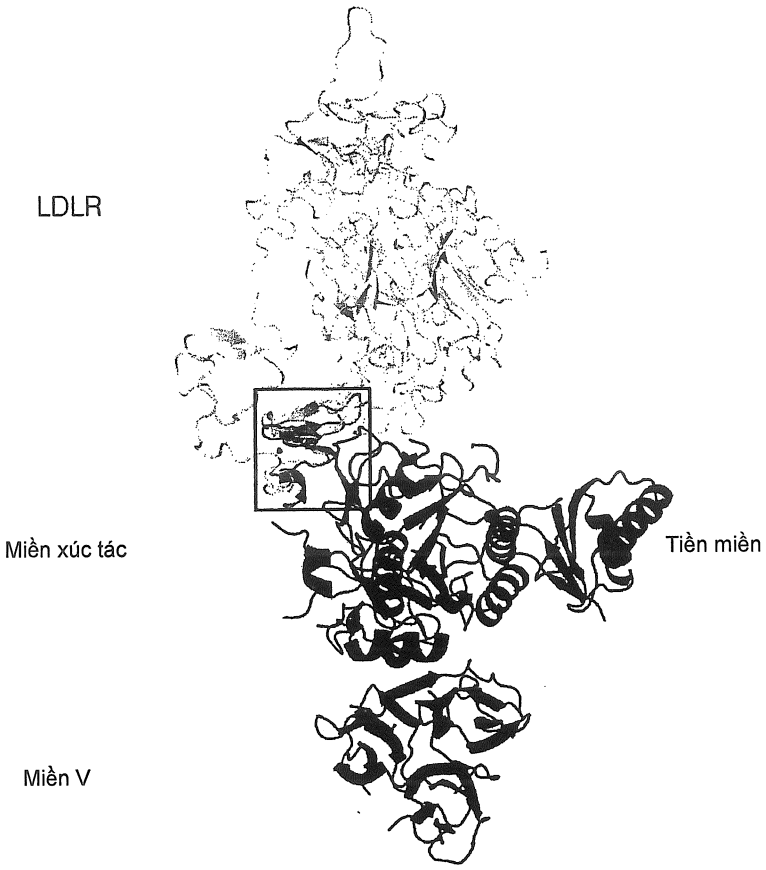


FIG. 20C

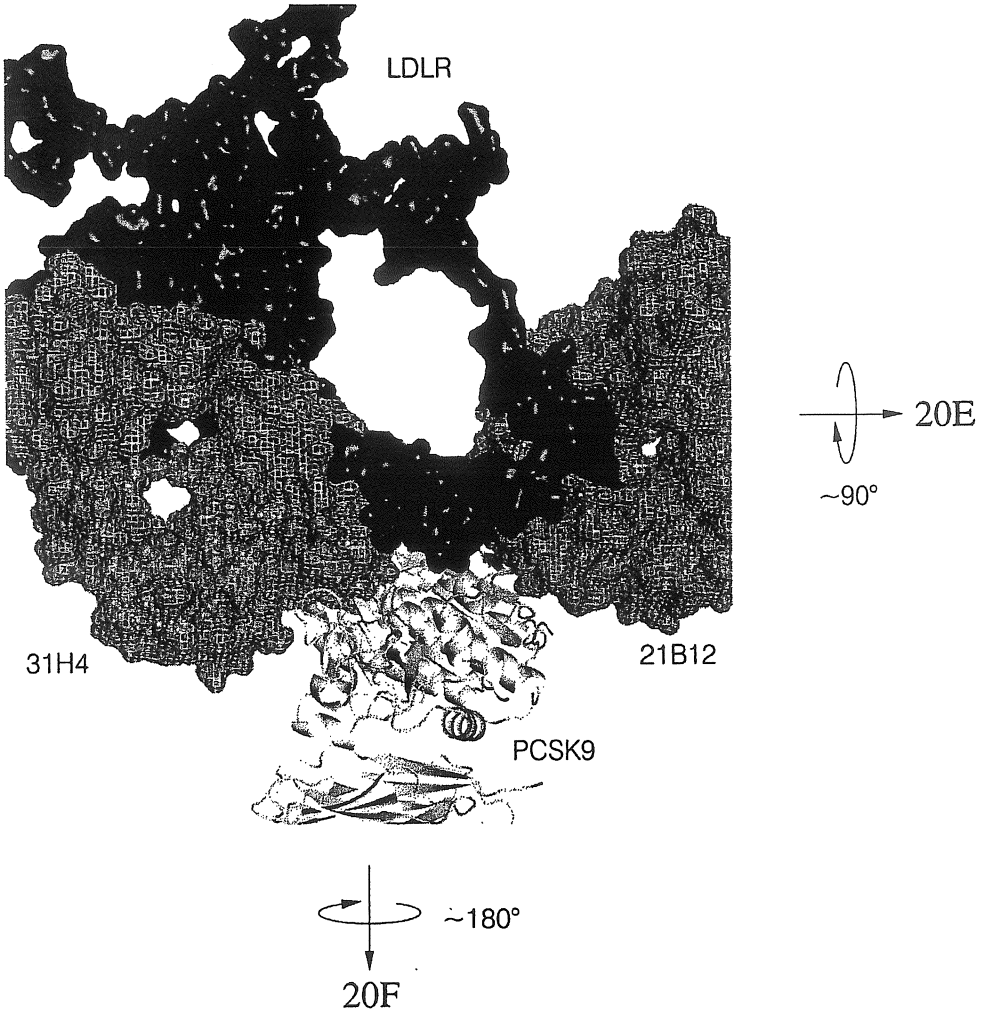


FIG. 20D

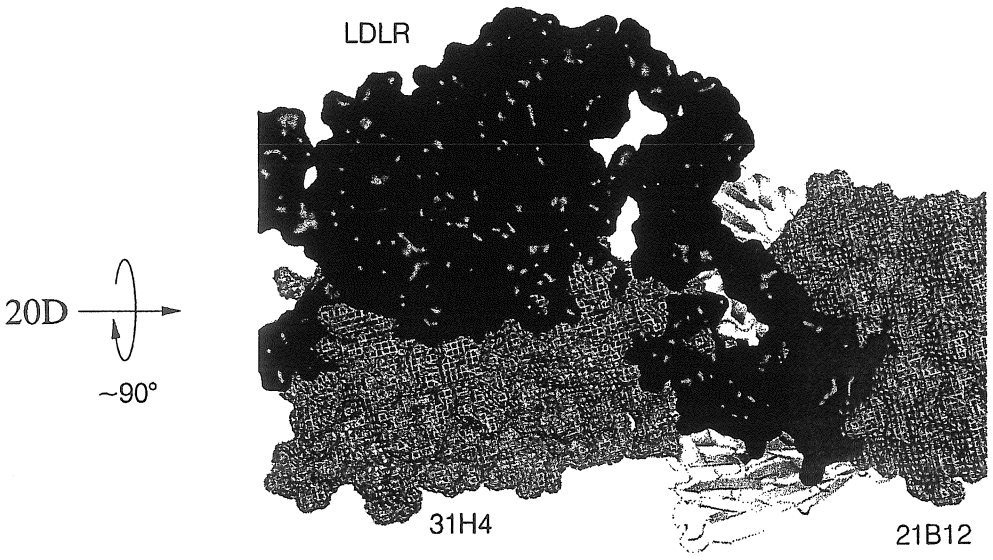


FIG. 20E

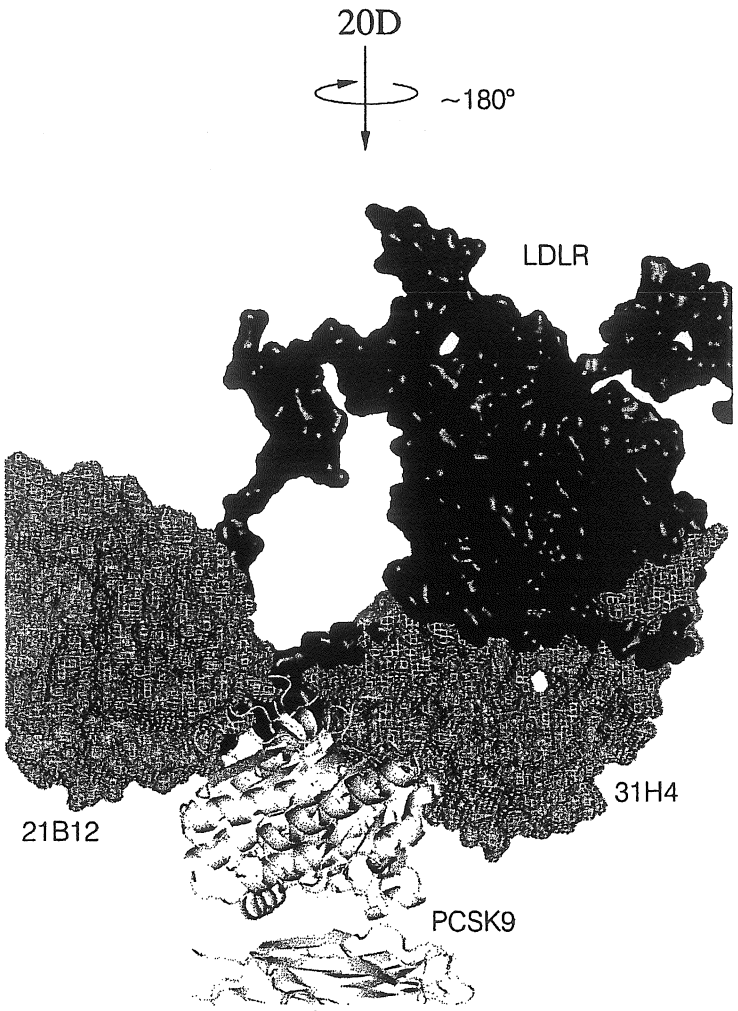


FIG. 20F

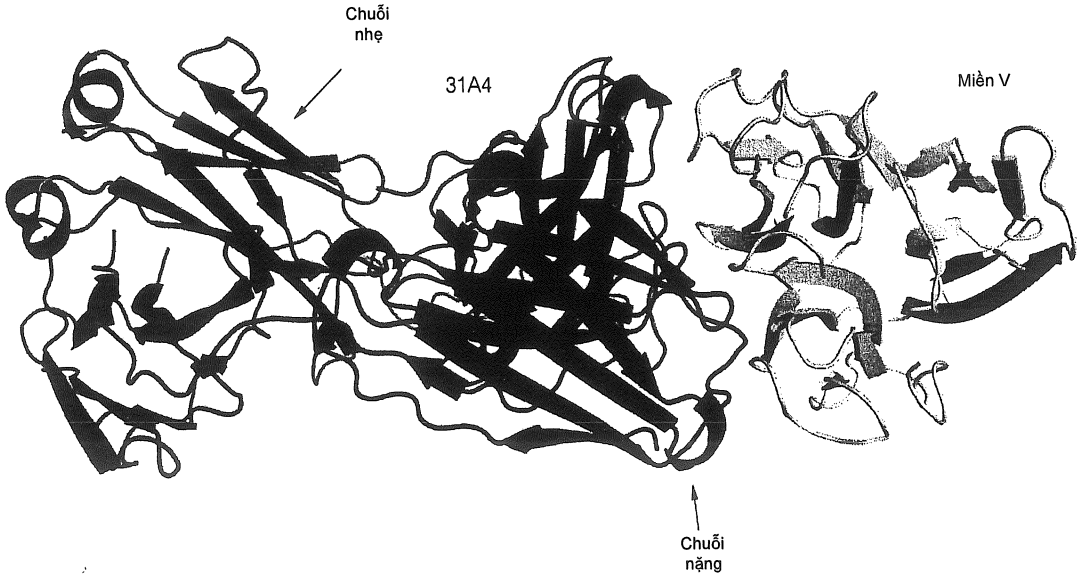


FIG. 21A

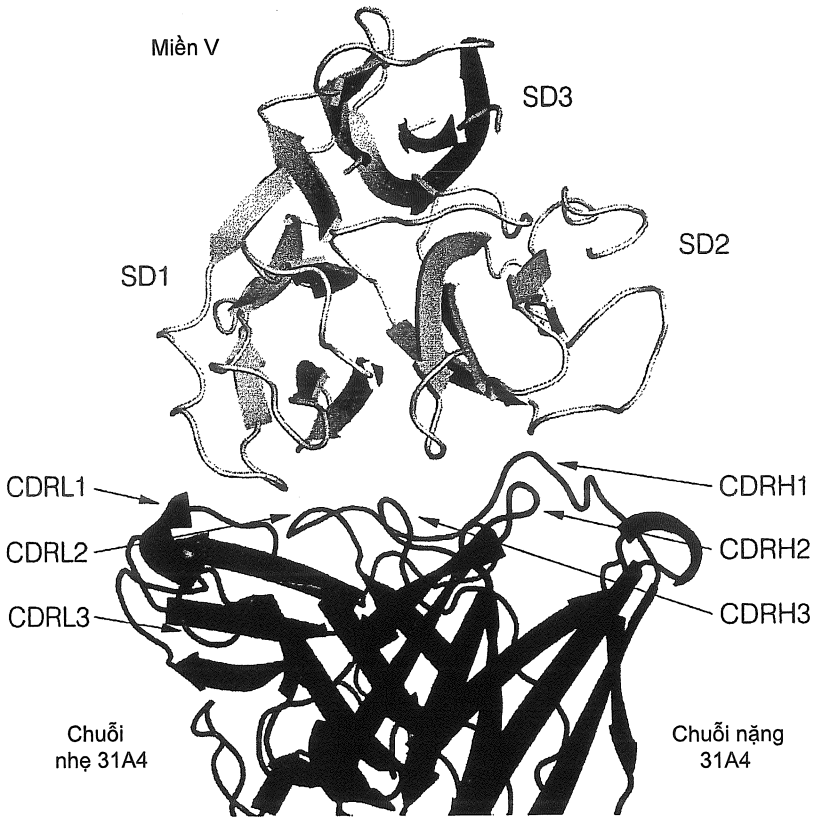

Miền V
SD3
SD2
SD1
CDRL1
CDRL2
CDRL3
CDRH1
CDRH2
CDRH3
Chuỗi nhẹ 31A4
Chuỗi nặng 31A4

FIG. 21B

FIG. 21C

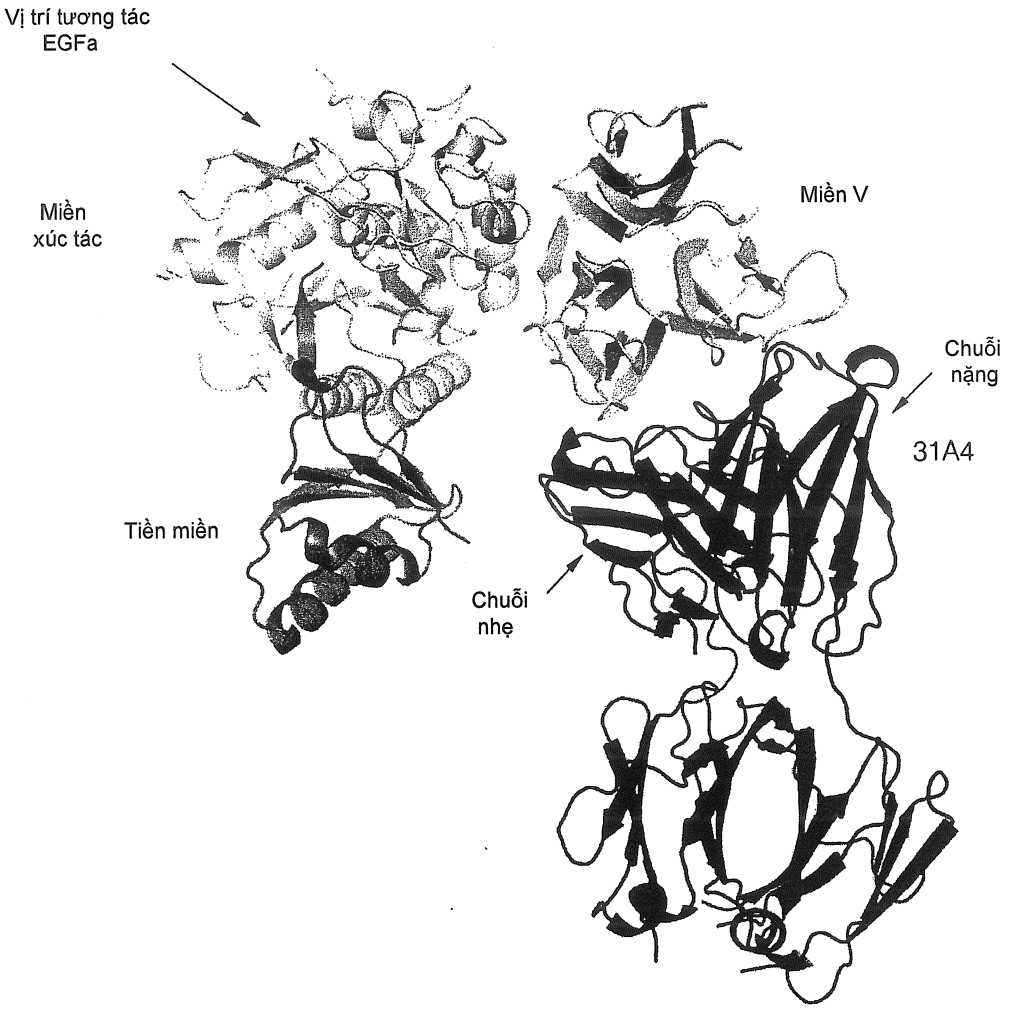

Vị trí tương tác
EGFa
Miền
xúc tác
Miền V
Chuỗi
nặng
31A4
Tiền miền
Chuỗi
nhẹ

FIG. 21D

21B12

Chuỗi nhẹ

ESALTQPASV SGSPGQSITI SCTGTSSDVG GYNSVSWYQQ HPGKAPKLMI YEVSNRPSGV SNRFSGSKSG
NTASLTISGL QAEDEADYYC NSYTSTSMVF GGGTKLTVLG QPKAAPSVTL FPPSSEELQA NKATLVCLIS
DFYPGAVTVA WKADSSPVKA GVETTTPSKQ SNNKYAASSY LSLTPEQWKS HRSYSCQVTH EGSTVEKTVA
PTECS (SEQ ID NO:297)

Chuỗi nặng

EVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTLT SYGISWVRQA PGQGLEWMGW VSFYNGNTNY AQKLQGRGTM
TTDPSTSTAY MELRSLRSDD TAVYYCARGY GMDVWGQGTT VTVSSASTKG PSVFPLAPSS KSTSGGTAAL
GCLVKDYFPE PVTVSWNSGA LTSGVHTFPA VLQSSGLYSL SSVVTVPSSS LGTQTYICNV NHKPSNTKVD
KKVEPKSCAA DEVDHHHHHH (SEQ ID NO:298)

31H4

Chuỗi nhẹ

ESVLTQPPSV SGAPGQRVTI SCTGSSSNIG AGYDVHWYQQ LPGTAPKLLI SGNSNRPSGV PDRFSGSKSG
TSASLAITGL QAEDEADYYC QSYDSSLSGS VFGGGTKLTV LGQPKAAPSV TLFPPSSEEL QANKATLVCL
ISDFYPGAVT VAWKADSSPV KAGVETTTPS KQSNNKYAAS SYLSLTPEQW KSHRSYSCQV THEGSTVEKT
VAPTECS (SEQ ID NO:299)

Chuỗi nặng

EVQLVESGGG LVKPGGSLRL SCAASGFTFS SYSMNWVRQA PGKGLEWVSS ISSSSSYISY ADSVKGRFTI
SRDNAKNSLY LQMNSLRAED TAVYFCARDY DFWSAYYDAF DVWGQGTMVT VSSASTKGPS VFPLAPSSKS
TSGGTAALGC LVKDYFPEPV TVSWNSGALT SGVHTFPAVL QSSGLYSLSS VVTVPSSSLG TQTYICNVNH
KPSNTKVDKK VEPKSCAADE VDHHHHHH (SEQ ID NO:300)

31A4

Chuỗi nhẹ

ALQSVLTQPP SASGTPGQRV TISCSGSSSN IGSNTVNWYQ QLPGTAPKLL IYSNNQRPSG
VPDRFSGSKS GTSASLAISG LQSEDEADYY CAVWDDSLNG WVFGGGTKLT VLGQPKAAPS
VTLFPPSSEE LQANKATLVC LISDFYPGAV TVAWKADSSP VKAGVETTTP SKQSNNKYAA
SSYLSLTPEQ WKSHRSYSCQ VTHEGSTVEK TVAPTECS (SEQ ID NO:301)

Chuỗi nặng

QVQLQQWGAG LLKPSETLSL TCAVYGGSFS AYYWNWIRQP PGKGLEWIGE INHSGRTDYN PSLKSRVTIS
VDTSKKQFSL KLNSVTAADT AVYYCARGQL VPFDYWGQGT LVTVSSASTK GPSVFPLAPS SKSTSGGTAA
LGCLVKDYFP EPVTVSWNSG ALTSGVHTFP AVLQSSGLYS HSSVVTVPSS SLGTQTYICN VNHKPSNTKV
DKKVEPKSCA ADEVDHHHHH H (SEQ ID NO:302)

FIG. 22

FIG. 23A

		Phân khoảng 1													
	vùng hạt	9	12	21	38	45	60	74	84		20	23	42	92	96
	dòng vô tính	01A12.2	03B6.1	09C9.1	17C2.1	21B12.2	23G1.1	25G4.1	26E10.1		11H4.1	11H8.1	19H9.2	26H5.1	27E7.1
Phân khoảng 1	01A12.2	41	34	108	43	70	25	26	26		15	22	-1	40	-27
	03B6.1	60	69	107	44	76	49	53	49		60	69	6	41	17
	09C9.1	47	49	89	27	88	25	38	42		44	39	-18	22	1
	17C2.1	43	34	135	-2	58	14	47	12		53	75	-4	22	-28
	21B12.2	37	42	125	2	96	21	49	39		38	9	-19	50	-6
	23G1.1	29	41	114	-4	62	26	35	46		39	37	-13	34	-26
	25G4.1	46	59	91	-13	61	10	35	5		34	42	-17	28	-20
	26E10.1	30	50	73	-5	61	-10	22	26		-5	17	-36	9	-33
	11H4.1	49	72	135	64	99	51	34	49		40	52	19	58	-3
	11H8.1	37	49	118	27	72	39	33	30		34	46	-27	41	4
	19H9.2	30	15	103	-58	39	-20	-28	-23		-5	-26	-51	-25	-85
	26H5.1	39	48	133	1	84	46	33	41		34	24	-36	59	-50
	27E7.1	19	25	92	-10	44	-16	15	-1		-27	-13	-8	-5	-115
	27H5.1	29	49	170	-12	159	11	49	73		69	-13	-26	68	-47
	30B9.1	53	39	156	8	194	57	106	53		72	35	-20	62	8
	02B5.1	42	67	130	64	126	85	39	83		47	62	15	80	23
	23B5.1	5	33	53	-29	17	-16	-16	-17		4	17	-55	-14	-75
	27B2.6	48	38	133	36	76	11	54	34		21	21	5	37	35
Phân khoảng 1.1	09H6.1	59	110	118	184	297	182	73	212		75	63	120	193	121
Phân khoảng 2	27B2.1	162	161	258	107	195	125	119	127		197	224	93	141	96
	27B2.5	130	115	197	85	153	97	92	94		156	177	93	113	51
	12H11.1	30	46	89	35	70	26	36	26		41	42	-4	57	-11
Phân khoảng 3	16F12.1	798	724	535	1049	1120	1001	1196	1029		977	1061	952	865	755
	22E2.1	1633	1431	1186	1923	1891	1781	2225	1805		2183	1999	1559	1576	1548
	27A6.1	1629	1413	1120	1978	1954	1814	2136	1948		2001	1937	1445	1604	1440
	28B12.1	1527	1432	1151	1929	2060	1647	2113	1820		1852	1713	1639	1688	1528
	28D6.1	1679	1439	1215	1912	1947	1706	2110	1826		1982	1887	1454	1614	1502
	31G11.1	1748	1353	1169	1894	2070	1850	2181	1848		2179	2015	1681	1548	1547
Phân khoảng 3.1	31H4.1	1690	1107	1228	1479	1682	1349	1867	1363		1882	1990	1087	1249	1059
	08A1.2	636	584	330	1339	1464	1303	1014	1366		1866	812	1050	1204	1416
	08A3.1	740	714	396	1658	1717	1643	1303	1641		1079	1003	1294	1516	1379
	11F1.1	673	529	347	1355	1411	1302	1091	1330		924	889	1089	1287	1030
Phân khoảng 4 không cạnh tranh	11G1.5	1963	1339	1225	2329	2444	2216	2900	2455		2463	2229	2234	2572	2309
	03C4.1	577	695	348	1119	1351	1114	453	1088		774	706	948	884	830
A	30A4.1	45	62	125	60	107	38	48	42		40	59	-17	45	8
B	13B5.1	1101	1116	797	2162	2072	2077	1719	2111		1301	1412	1057	2043	2197
C	13H1.1	1976	1116	1286	1894	1665	1797	2581	1932		2356	2239	2024	2040	1965
D	31A4.1	2048	2908	1420	3837	4441	4151	2472	4053		2304	2262	3957	4006	4509
	31B12.1	1923	2456	1279	4141	4556	4014	2599	4090		2149	2506	3711	4134	4146
Tín hiệu thấp	05H5	65	93	109	102	135	107	57	114		66	87	69	110	45
	20A5	53	52	120	32	67	32	48	56		61	77	4	52	-16
	20E5	56	54	129	44	63	19	39	24		71	64	-4	37	3
	22B11	48	56	127	41	49	20	49	34		51	41	-20	20	-12
	24B9	62	59	116	34	63	32	73	37		60	65	-22	42	-34
	24F7	72	80	127	81	106	59	38	62		70	71	17	81	20
	30F1	34	56	102	30	46	24	35	35		47	50	-6	45	-5
	huIgG	94	155	163	-46	57	22	-5	18		31	87	-57	8	-71

FIG. 23B

Phân khoảng 1.1						Phân khoảng 2			Phân khoảng 3							
97	63	72	50	33	28	95	26	25	34	46	94	55	56	69	71	
7H5.1	30B9.1	02B5.1	23B5.1	27B2.6	09H6.1	27B2.1	27B2.5	12H11.1	16F12.1	22E2.1	27A6.1	28B12.1	28D6.1	31G11.1	31H4.1	0
-30	-18	62	4	15	112	53	53	16	2402	2130	2426	2137	2149	2339	2483	
9	11	109	25	60	134	86	73	43	1939	1532	1815	1644	1828	1748	1884	
-28	5	90	-21	16	123	79	50	47	2570	2118	2385	2187	2241	2452	2563	
-37	-9	122	33	22	174	63	42	32	2373	1591	2058	1998	2096	1942	1925	
-48	-16	72	5	31	190	68	76	46	2069	1703	2019	1795	1805	1763	1750	
-4	-31	48	21	18	164	70	71	-8	2090	1579	1722	1726	1708	1788	1639	
-5	-31	97	13	-1	153	45	51	41	2826	2318	2543	2402	2516	2895	2612	
-41	-71	64	-27	-20	122	44	61	23	1993	1516	1736	1711	1807	1740	1534	
-22	9	59	34	17	163	72	80	36	2875	2404	2590	2363	2606	2869	2747	
-34	-5	81	15	6	131	76	49	43	2862	2453	2527	2268	2473	2811	2865	
-80	-98	-9	-84	-8	138	46	55	-1	2048	1419	1957	1734	1671	1821	1584	
-62	-17	49	-14	8	163	76	71	26	2305	1591	1764	1758	1785	1841	1588	
-30	-55	-14	-14	4	141	69	26	-18	2391	1698	1895	1879	1901	1993	1717	
10	-101	92	1	22	213	72	59	31	2311	1524	2059	1986	1954	2004	1641	
-30	-41	-10	12	43	176	104	72	54	2222	1601	2077	1982	1925	2137	1730	
29	1	88	22	32	164	99	75	37	2792	2413	2826	2490	2765	2883	2893	
-82	-74	30	-39	-19	71	24	17	-5	2704	2000	2226	2292	2235	2305	2591	
27	-11	75	-10	-21	153	63	68	37	609	474	476	530	400	578	368	
130	112	113	50	79	151	132	109	55	2784	2361	2643	2406	2599	2729	2920	
78	57	256	77	126	334	48	60	64	203	220	209	215	213	229	100	
52	44	185	48	97	234	38	34	42	165	159	177	181	176	192	85	
-42	-24	75	18	25	96	32	34	11	84	106	85	95	90	118	72	
824	921	906	1278	309	794	-63	-74	-149	-162	-152	-132	-133	-126	-101	-189	
1581	1807	1818	2284	545	1593	91	88	102	59	45	55	60	73	63	24	
1710	1671	1796	2314	585	1499	77	94	92	40	87	31	62	38	67	13	
1559	1537	1758	2424	520	1700	87	75	76	27	36	56	46	37	43	9	
1473	1735	1812	2262	437	1657	88	92	93	45	42	52	61	61	77	57	
1517	1635	1863	2413	614	1543	96	77	88	11	27	56	33	34	82	23	
1127	1283	1702	1945	362	1579	72	89	58	-38	-5	36	33	38	23	48	
1131	1265	634	1282	34	584	31	34	31	70	64	84	70	68	86	34	
1242	1538	806	1344	25	747	40	35	21	53	60	63	76	69	85	19	
1024	1190	729	1186	40	642	27	28	21	70	64	75	65	78	66	16	
2415	2524	2064	3042	2586	1669	68	56	268	1759	1443	1632	1346	1759	1321	1826	
822	850	591	433	1003	524	157	151	983	899	643	753	721	678	708	717	
-29	13	67	25	6	173	51	34	16	126	68	122	109	77	110	78	
1688	2312	1340	1900	700	1066	381	329	179	487	421	464	453	517	437	578	
2053	2039	2149	2808	2567	1811	177	173	560	2791	1972	2741	2135	2502	2963	3104	
3580	4278	2088	2843	3489	1925	1598	1249	706	4957	4190	4934	3834	4317	4582	5086	
3645	4496	4078	3050	3447	1478	1414	1181	781	4622	4155	4303	4004	4494	4398	4740	
70	40	99	46	28	179	31	26	36	122	107	95	104	101	129	86	
-7	6	92	27	31	175	16	13	7	83	67	80	71	76	88	28	
-9	-1	107	7	14	179	17	13	7	85	87	99	91	99	113	58	
-18	-18	106	6	7	180	8	9	-6	74	64	98	95	82	100	55	
-56	-17	91	16	13	175	10	14	-4	65	80	90	85	76	96	45	
12	15	119	25	47	232	13	10	23	121	99	109	111	132	125	104	
-37	-8	83	23	21	171	9	10	4	75	70	96	73	96	86	52	
-89	-102	154	12	-76	223	42	71	33	114	77	58	130	54	176	72	

FIG. 23C

Phân khoảng 3.1			Phân khoảng 4 không cạnh tranh		A	B	C	D		Tín hiệu thấp					
76	77	78	18	16	61	30	32	64	66	36	37	48	49	51	62
8A1.2	08A3.1	11F1.1	11G1.5	03C4.1	30A4.1	13B5.1	13H1.1	31A4.1	31B12.1	05H5	20A5	20E5	22B11	24B9	24F7
459	979	606	2689	682	1	608	1589	2075	372	5	14	1	1	-20	30
651	1127	816	1730	1774	26	794	1326	3076	545	26	20	12	8	16	66
567	958	644	2579	731	17	626	1650	1972	390	24	-6	-2	4	16	56
803	1796	1059	2386	1809	87	1029	1297	3741	808	-8	5	-1	-7	-33	50
768	1587	959	2136	1930	49	957	1358	3740	990	3	31	-3	-8	3	44
813	1723	917	2360	1734	35	1003	1352	3554	903	39	33	-3	4	9	53
626	1102	625	3451	451	10	883	1732	2492	504	28	20	4	4	25	51
787	1672	1052	2375	1861	70	1075	1288	3745	944	-4	25	11	-5	-2	44
509	1137	667	3107	778	17	763	1813	2205	419	34	44	15	10	13	57
537	1144	671	2871	753	19	749	1714	2292	421	33	36	9	2	12	50
883	1930	1018	2594	1834	31	1101	1397	4385	834	6	-43	-19	-9	-30	24
955	1846	1119	2843	1828	10	1127	1488	4306	950	0	22	9	16	4	48
913	1893	1137	2930	1934	99	1247	1618	4092	894	-3	36	-42	0	-22	69
1008	2110	1134	2967	1932	134	1262	1718	4552	887	38	36	20	58	29	108
1060	2043	1256	2892	1668	110	1329	1570	3684	1050	32	31	34	21	20	77
631	1175	752	3267	889	34	750	1897	2458	517	10	31	18	5	19	44
493	1008	604	3135	321	-25	679	1448	2493	382	-26	-6	-13	-17	-17	2
31	98	59	1734	1777	-11	608	1487	3325	606	8	-4	-8	15	9	47
784	1328	813	3182	824	54	823	1989	2552	470	59	68	21	21	19	49
90	155	94	378	199	52	679	989	997	467	27	43	32	26	27	90
63	119	70	329	164	49	604	865	873	390	18	25	13	12	17	79
27	56	36	472	617	16	198	538	755	259	11	10	6	1	7	19
-136	-151	-154	1912	681	114	365	1008	2868	633	-179	-167	-98	-116	-122	-71
52	66	51	2823	1216	246	669	1671	3970	1033	28	65	13	4	17	81
65	85	20	2705	1276	335	665	1697	3825	1089	47	37	27	5	1	71
26	50	31	2652	1254	216	614	1645	3457	989	18	18	6	13	3	55
51	54	59	2832	1200	209	743	1804	4214	1056	66	46	23	2	30	72
61	62	40	2703	1234	214	624	1737	4100	1074	36	42	5	4	23	52
87	39	78	2874	1102	358	764	1800	4260	1142	69	69	-22	-3	41	80
36	41	42	817	635	12	256	757	512	238	18	26	8	-1	9	29
29	**36**	29	882	669	19	271	779	544	230	15	21	9	4	10	28
24	32	**27**	797	529	16	228	654	486	219	16	21	14	12	12	20
298	593	405	**102**	1542	1147	294	1335	1886	1306	33	44	16	7	21	51
322	611	403	1665	**60**	1145	572	793	1677	1091	24	51	11	17	1	46
34	50	44	1471	1628	**0**	484	1637	2706	511	5	14	12	1	1	52
278	441	320	314	1161	498	**362**	1790	437	663	15	108	23	39	31	219
496	685	407	1346	920	1986	1145	**616**	2652	2073	60	85	13	36	32	207
452	695	418	3452	2172	2847	1233	3166	**2289**	2232	78	252	61	56	52	691
524	779	556	3525	3105	3107	1129	3141	2912	**2169**	116	277	43	55	35	630
32	65	37	271	139	27	188	531	547	265	**10**	10	2	8	4	13
22	43	29	198	68	21	188	457	409	216	6	**5**	1	5	5	16
37	47	47	266	74	1	176	565	526	229	-3	4	**3**	3	-6	1
24	52	36	262	72	6	203	594	520	234	-1	-1	-4	-1	-1	2
31	58	38	230	76	9	186	545	560	234	2	-2	-2	2	-1	8
40	73	53	322	94	19	258	659	614	297	6	12	5	-4	2	**27**
24	48	38	255	63	2	158	514	527	227	-2	-3	-3	-5	-1	4
105	136	116	423	128	-60	124	599	731	201	21	-49	28	34	-2	53

	đối chứng huIgG		
73	17	98	54
30F1	huIgG	huIgG	huIgG
1	-81	-63	-1
14	55	-4	-37
17	-60	-7	-13
0	-65	-4	14
7	-17	-19	-3
19	-5	-8	-41
-2	-17	-20	21
-3	-46	-10	53
4	-23	-33	-52
3	21	27	2
-14	-111	-93	-2
3	-36	19	-51
-32	-30	-17	-109
-16	74	19	-17
3	27	1	51
17	24	-35	-61
-13	-34	-80	-4
2	-6	-1	24
34	21	38	17
14	-7	19	-56
0	97	49	-48
6	-52	-21	-40
-117	-264	-189	-248
15	1	-20	36
17	-78	-47	-5
18	-33	-55	-79
29	57	22	45
9	21	-1	50
25	25	23	2
3	-5	-13	21
6	-2	36	50
4	22	-21	55
12	18	-29	7
12	40	34	35
3	13	-14	35
-3	20	28	-7
-4	-46	-46	-26
36	-7	30	-27
15	1	-31	-26
4	-4	-11	-8
2	-36	-17	3
-1	-75	-24	14
-5	-47	-14	-19
-3	-16	-5	25
0	-19	23	-48
-4	-42	-89	-20
30	39	-4	-38

FIG. 23D

FIG. 23A	FIG. 23B	FIG. 23C	FIG. 23D

FIG. 23

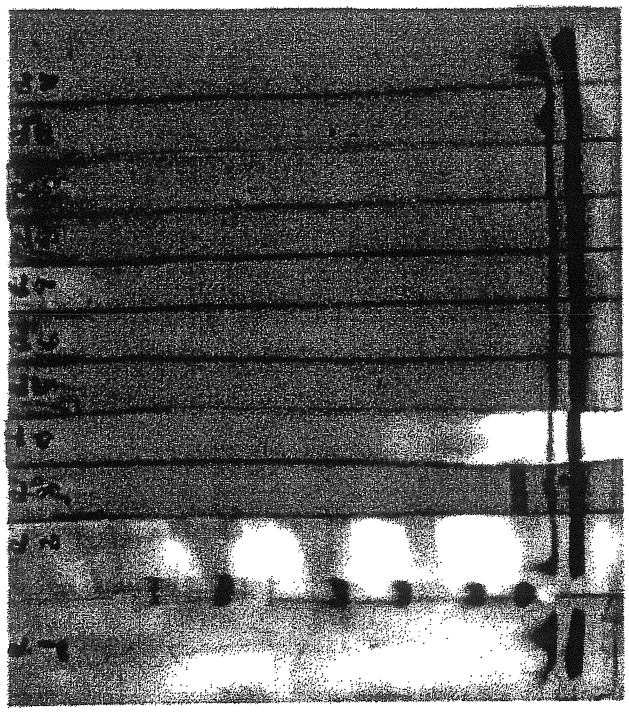


FIG. 24B

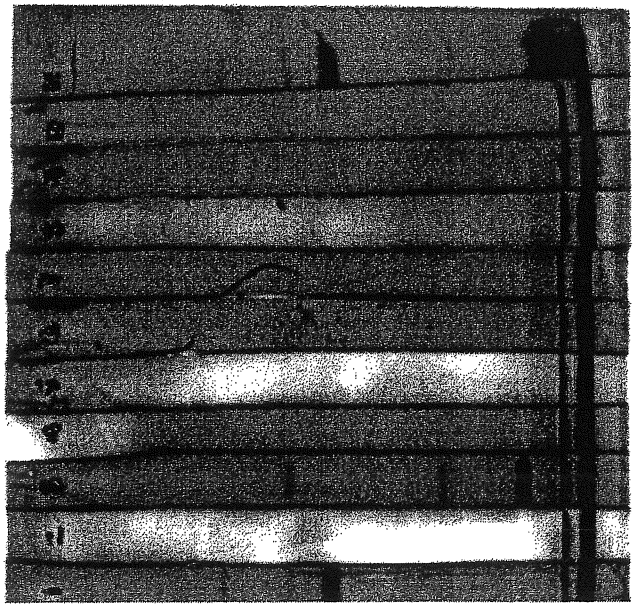


FIG. 24A

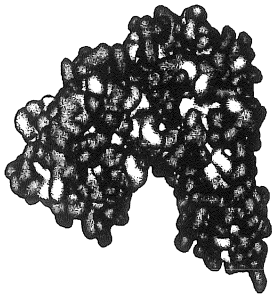


FIG. 25A

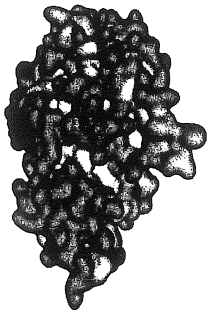


FIG. 25B

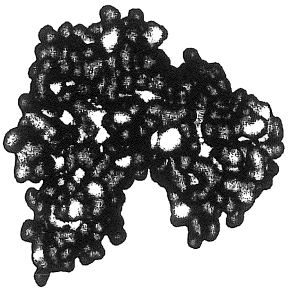


FIG. 25C

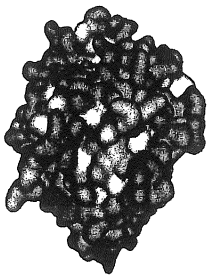


FIG. 25D

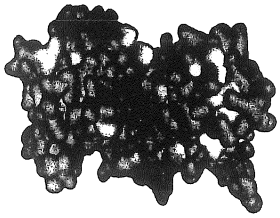


FIG. 25E

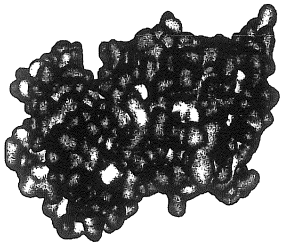


FIG. 25F

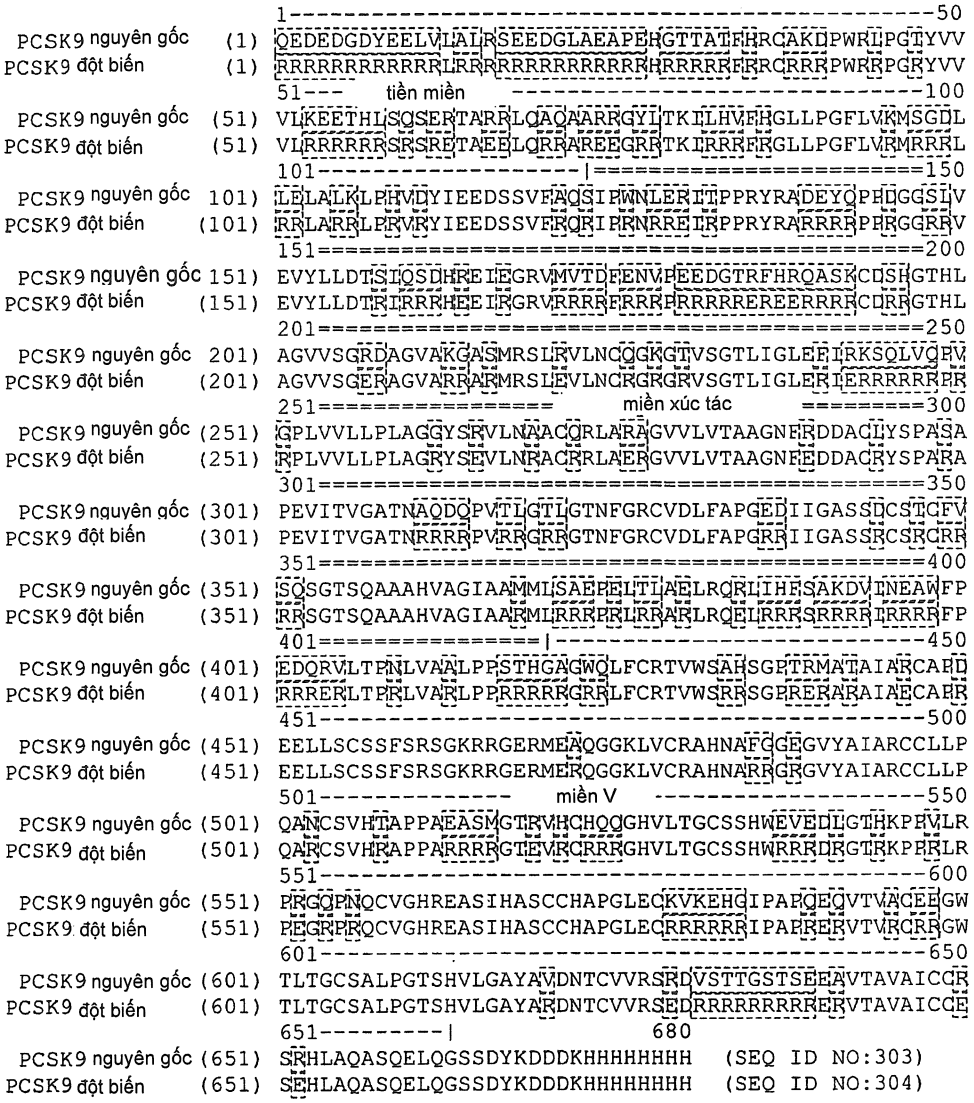

PCSK9 nguyên gốc
PCSK9 đột biến
tiền miền
miền xúc tác
miền V
(SEQ ID NO:303)
(SEQ ID NO:304)

FIG. 26

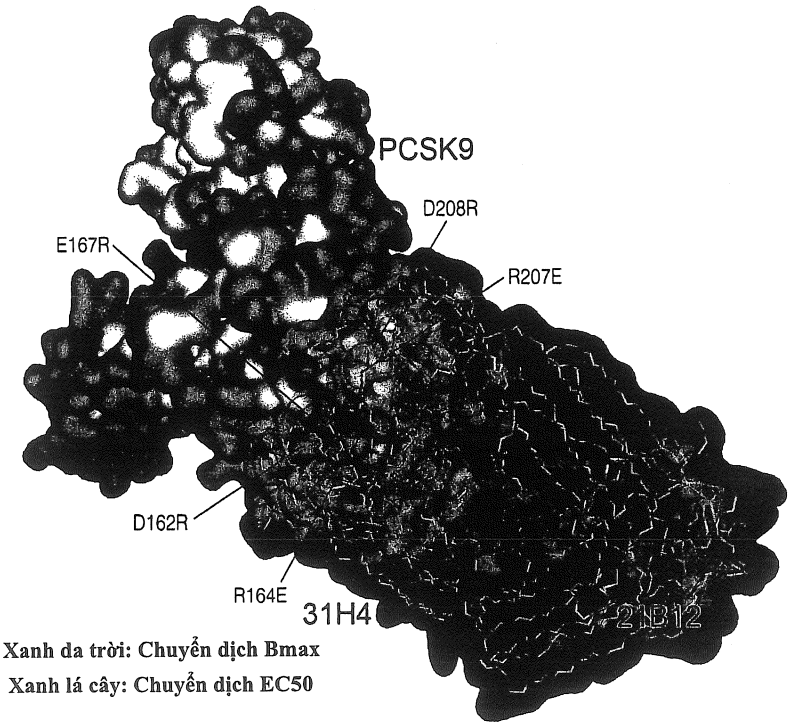

PCSK9
D208R
E167R
R207E
D162R
R164E
31H4
21B12
Xanh da trời: Chuyển dịch Bmax
Xanh lá cây: Chuyển dịch EC50

FIG. 27A

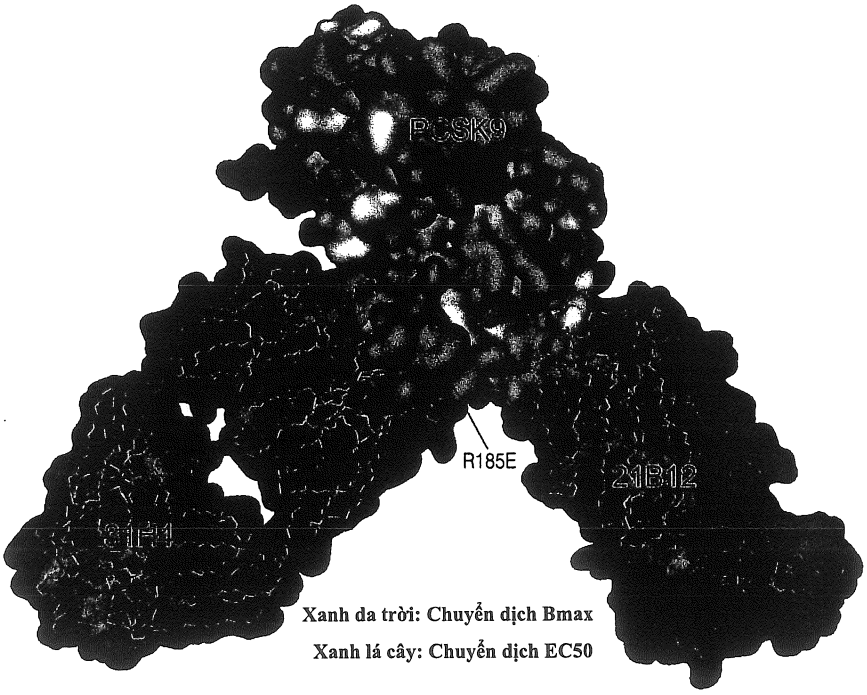

PCSK9
R185E
21B12
21F1
Xanh da trời: Chuyển dịch Bmax
Xanh lá cây: Chuyển dịch EC50

FIG. 27B

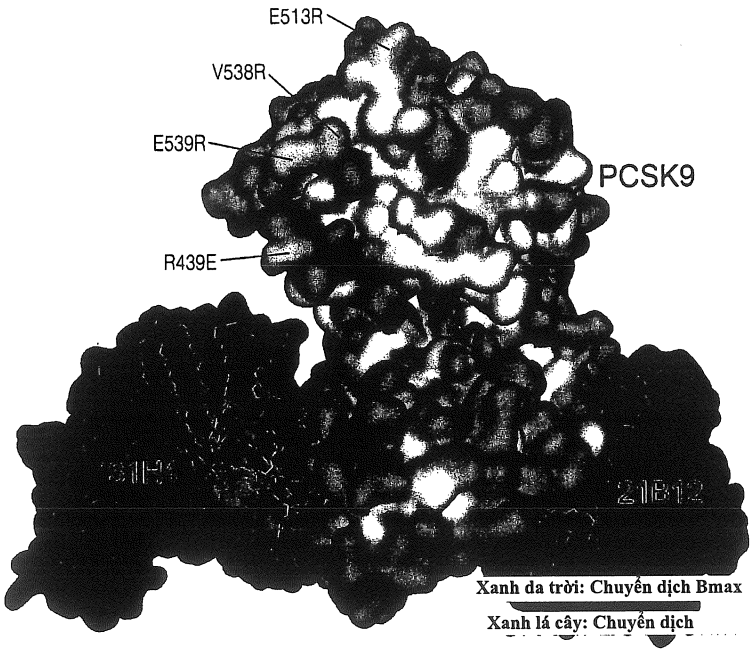
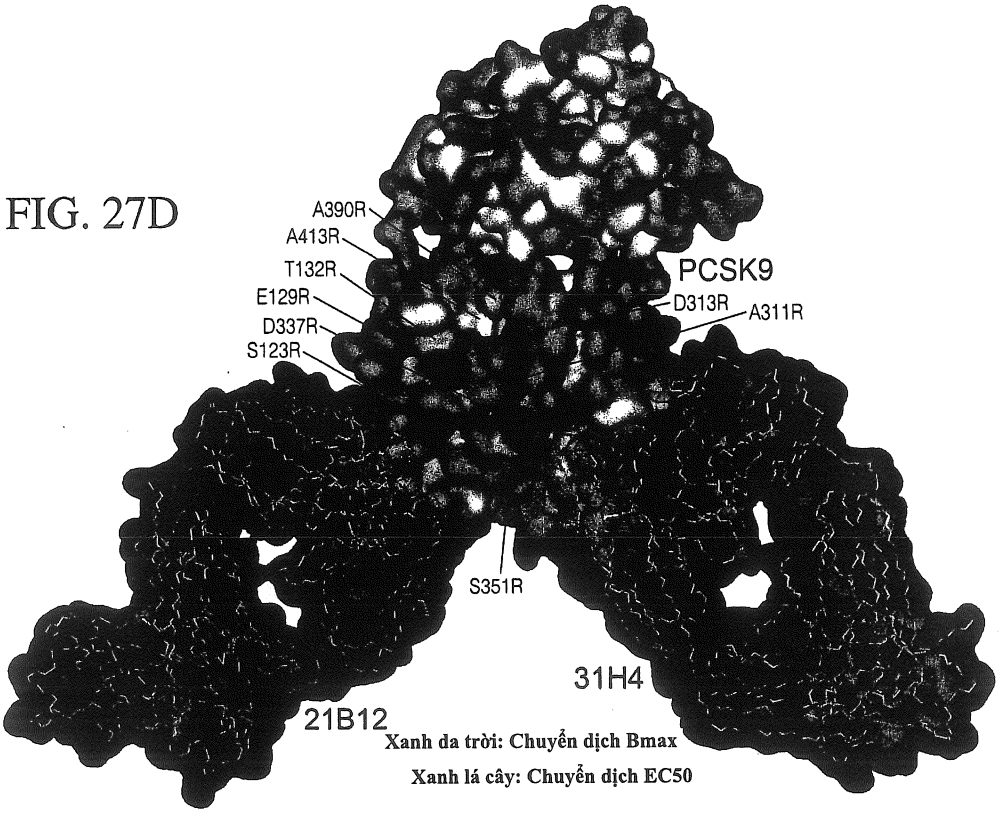

E513R
V538R
E539R
R439E
PCSK9
21B12
Xanh da trời: Chuyển dịch Bmax
Xanh lá cây: Chuyển dịch

FIG. 27C

FIG. 27D


A390R
A413R
T132R
E129R
D337R
S123R
PCSK9
D313R
A311R
S351R
31H4
21B12
Xanh da trời: Chuyển dịch Bmax
Xanh lá cây: Chuyển dịch EC50

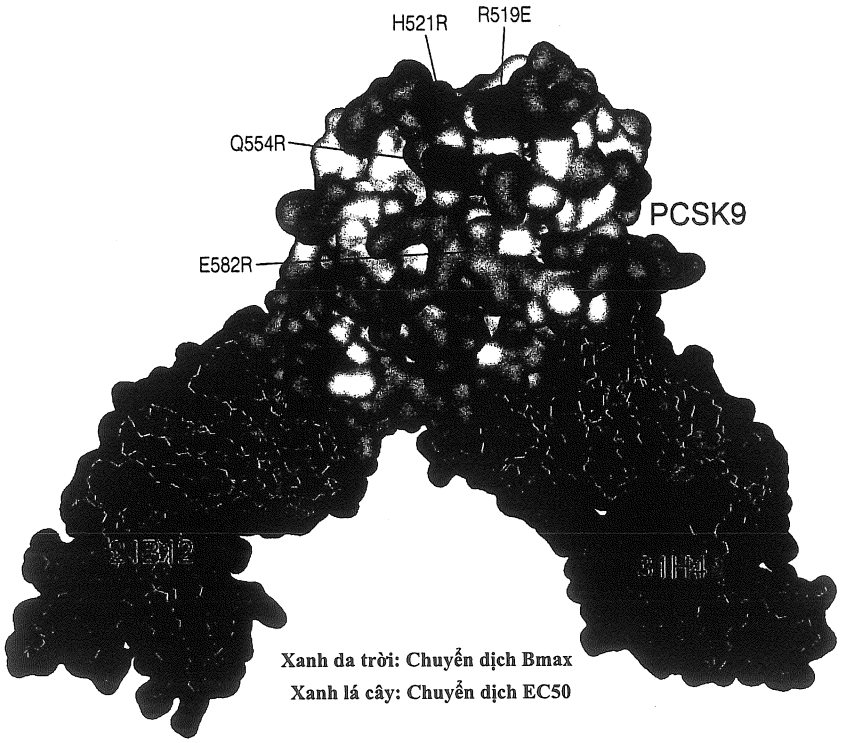

H521R
R519E
Q554R
PCSK9
E582R
Xanh da trời: Chuyển dịch Bmax
Xanh lá cây: Chuyển dịch EC50

FIG. 27E

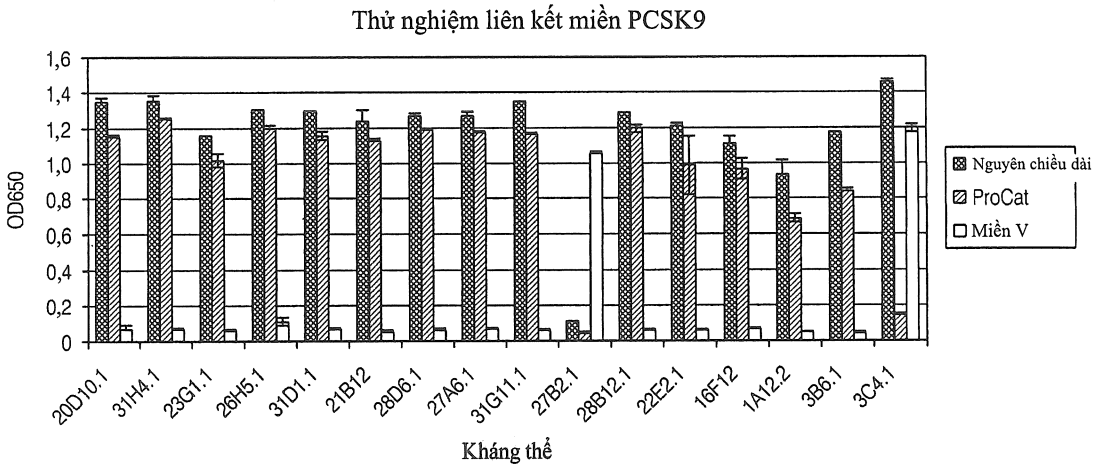

Thử nghiệm liên kết miền PCSK9
OD650
1,6
1,4
1,2
1,0
0,8
0,6
0,4
0,2
0
20D10.1
31H4.1
23G1.1
26H5.1
31D1.1
21B12
28D6.1
27A6.1
31G11.1
27B2.1
28B12.1
22E2.1
16F12
1A12.2
3B6.1
3C4.1
Kháng thể
Nguyên chiều dài
ProCat
Miền V

FIG. 28A

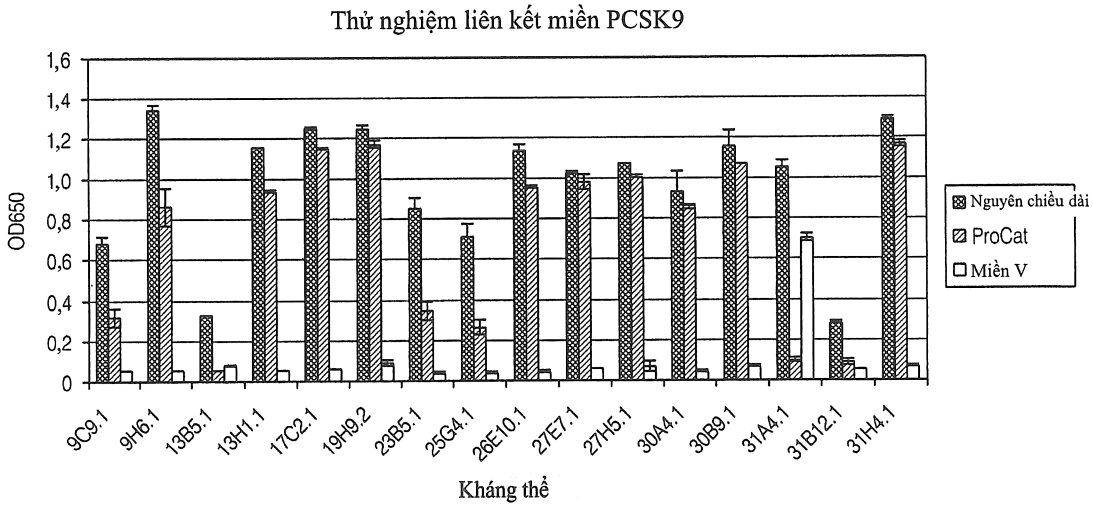

Thử nghiệm liên kết miền PCSK9
OD650
1,6
1,4
1,2
1,0
0,8
0,6
0,4
0,2
0
9C9.1
9H6.1
13B5.1
13H1.1
17C2.1
19H9.2
23B5.1
25G4.1
26E10.1
27E7.1
27H5.1
30A4.1
30B9.1
31A4.1
31B12.1
31H4.1
Kháng thể
Nguyên chiều dài
ProCat
Miền V

FIG. 28B

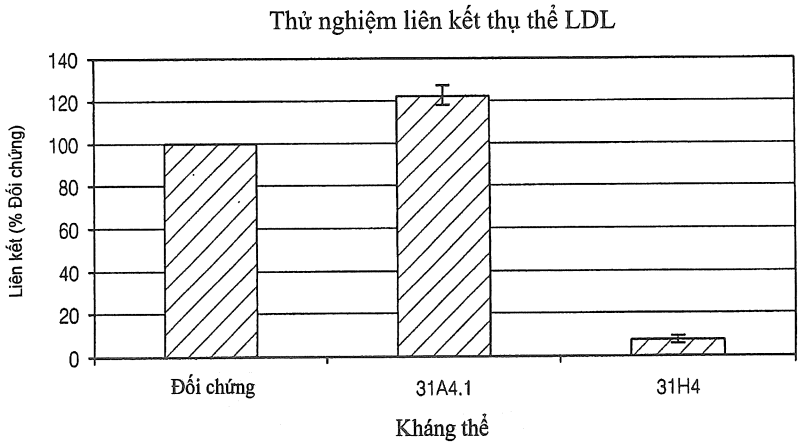

Thử nghiệm liên kết thụ thể LDL
Liên kết (% Đối chứng)
140
120
100
80
60
40
20
0
Đối chứng
31A4.1
31H4
Kháng thể

FIG. 28C

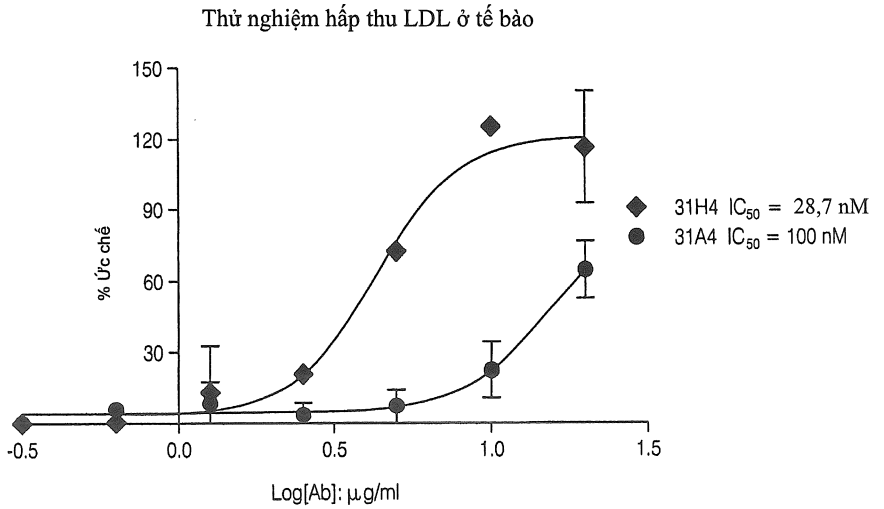

Thử nghiệm hấp thu LDL ở tế bào
150
120
90
60
30
% Ức chế
-0.5
0.0
0.5
1.0
1.5
Log[Ab]: µg/ml
31H4 IC50 = 28,7 nM
31A4 IC50 = 100 nM

FIG. 28D