

Results I

Results for the original program inputting a monomer

Mutation	Total	fa_atr:	fa_rep:	fa_sol:	fa_intra_rep:	intra_sol_xove
S122L	279.810	-8.211	286.657	-4.801	0.073	-0.304
E130K	5.434	-1.410	1.365	-1.509	0.003	-0.842
A178V	17.220	-3.322	20.893	0.031	0.018	0.049
R198Q	-0.375	-2.372	0.072	3.615	0.003	0.851
R213W	1.883	-8.561	3.340	1.289	0.011	0.123
C242F	94.971	-6.111	101.930	-1.002	-0.005	0.126
F261Y	35.669	-1.500	33.559	3.030	0.002	0.016
T263I	16.762	-2.970	17.115	-1.301	0.019	0.016
L268P	303.197	-1.435	294.329	0.634	-0.014	-0.042
W270K	-43.341	5.521	-55.019	4.368	-0.002	0.270
Y284D	-1.043	3.799	-4.317	1.095	-0.018	0.199
F305L	-106.455	-2.435	-102.088	-1.157	-0.002	-0.393

Mutation	lk_ball_wtd:	fa_elec:	pro_close:	hbond_sr_bb:	hbond_bb_sc:	hbond_sc:
S122L	-0.825	4.718	0.000	0.000	0.000	1.047
E130K	-0.350	3.047	0.000	0.000	0.000	1.370
A178V	-0.038	-0.188	0.000	0.000	0.000	0.000
R198Q	-0.342	-0.897	0.000	0.000	0.000	-0.544
R213W	1.651	2.110	0.000	0.000	-0.527	0.000
C242F	0.337	0.789	0.000	0.000	0.000	0.000
F261Y	0.268	-0.064	0.000	0.000	0.000	0.000
T263I	0.004	1.554	0.000	0.000	0.211	0.000
L268P	0.287	1.281	5.165	1.004	0.000	0.000
W270K	0.176	1.666	0.000	0.000	0.000	0.000
Y284D	-0.461	-0.819	0.000	0.000	0.000	0.000
F305L	-0.087	-0.016	0.000	0.000	0.000	0.000

Mutation	omega:	fa_dun:	p_aa_pp:	ref:	water_to_bilay	rama_prepro:
S122L	0	2,033	-0,43	1,951	-1,756	-0,343
E130K	0	-0,231	0,246	2,01	1,664	0,07
A178V	-0,041	0,008	-0,531	1,318	-0,781	-0,194
R198Q	0	0,193	0,069	-1,356	0,134	0,198
R213W	0	0,102	-0,016	2,355	-1,258	1,264
C242F	0	2,758	-0,109	-2,037	-1,386	-0,32
F261Y	0	0,369	0,218	-0,636	0,215	0,19
T263I	-0,017	-0,049	0,669	1,152	-0,174	0,534
L268P	-0,009	0,594	2,15	-3,305	-0,07	2,628
W270K	0	0,505	0,416	-2,976	1,851	-0,118
Y284D	0	-0,888	1,263	-2,728	0,554	1,28
F305L	0	-0,718	-0,175	0,443	0,285	-0,111

4:

Results II

Results for the original program inputting the whole protein (divided by 4)

Mutation	Total	fa_atr:	fa_rep:	fa_sol:	fa_intra_rep:	intra_sol_xove
S122L	279,736	-9,065	286,301	-3,900	0,075	-0,007
E130K	5,279	-1,413	1,391	-1,507	0,003	-0,842
A178V	17,299	-3,325	20,970	0,030	0,018	0,049
R198Q	-1,439	-0,775	0,039	1,692	-0,002	0,579
R213W	1,391	-5,679	3,155	-1,973	0,004	-0,219
C242F	95,052	-4,898	100,683	-1,318	0,002	0,153
F261Y	36,399	-1,503	34,076	3,039	0,002	0,015
T263I	36,024	-4,501	39,069	-2,190	0,019	0,016
L268P	305,129	0,200	293,771	1,861	-0,014	-0,042
W270K	5,863	5,863	-8,371	4,024	0,025	0,256
Y284D	5,996	5,826	-1,912	0,207	-0,020	0,341
F305L	-110,359	3,064	-114,365	-0,632	0,001	-0,170

Mutation	lk_ball_wtd:	fa_elec:	pro_close:	hbond_sr_bb:	hbond_bb_sc:	hbond_sc:
S122L	-0,616	3,879	0,000	0,000	0,000	1,048
E130K	-0,353	3,047	0,000	0,000	0,000	1,374
A178V	-0,038	-0,188	0,000	0,000	0,000	0,000
R198Q	0,238	-1,536	0,000	0,000	0,000	-0,544
R213W	1,371	2,169	0,000	0,000	0,000	0,000
C242F	0,423	0,647	0,000	0,000	0,000	0,000
F261Y	0,266	-0,058	0,000	0,000	0,000	0,000
T263I	0,084	1,624	0,000	0,000	0,209	0,000
L268P	0,276	1,243	5,145	1,003	0,000	0,000
W270K	-0,565	2,066	0,000	0,000	0,000	0,047
Y284D	0,482	0,191	0,000	0,000	0,000	0,000
F305L	-0,193	0,743	0,000	0,000	0,000	0,000

Mutation	omega:	fa_dun:	p_aa_pp:	ref:	water_to_bilay	rama_prepro:
S122L	0,000	2,103	-0,430	1,951	-1,260	-0,343
E130K	0,000	-0,234	0,246	2,010	1,486	0,071
A178V	-0,040	0,007	-0,530	1,318	-0,779	-0,193
R198Q	0,000	0,248	0,070	-1,356	-0,289	0,198
R213W	0,000	0,429	-0,016	2,356	-1,468	1,263
C242F	0,000	3,173	-0,109	-2,037	-1,350	-0,319
F261Y	0,000	0,371	0,218	-0,636	0,418	0,190
T263I	-0,017	-0,049	0,669	1,152	-0,591	0,533
L268P	-0,009	0,592	2,153	-3,305	-0,376	2,631
W270K	0,000	2,501	0,415	-2,976	2,696	-0,118
Y284D	0,000	0,286	1,265	-2,728	0,778	1,282
F305L	0,000	0,751	-0,175	0,443	0,284	-0,112

4:

Results III

Results for the original program without membrane inputting a monomer

Mutation	Total	fa_atr:	fa_rep:	fa_sol:	fa_intra_rep:	intra_sol_xove
S122L	281.380	-9.920	286.920	-3.001	0.077	0.289
E130K	3.770	-1.410	1.365	-1.509	0.003	-0.842
A178V	18.002	-3.322	20.893	0.031	0.018	0.049
R198Q	-0.510	-2.372	0.072	3.615	0.003	0.851
R213W	3.142	-8.561	3.340	1.289	0.011	0.123
C242F	95.882	-6.241	101.499	-1.242	0.002	0.153
F261Y	35.453	-1.500	33.559	3.030	0.002	0.016
T263I	16.936	-2.970	17.115	-1.301	0.019	0.016
L268P	303.267	-1.435	294.329	0.634	-0.014	-0.042
W270K	-45.193	5.521	-55.019	4.368	-0.002	0.270
Y284D	-1.597	3.799	-4.317	1.095	-0.018	0.199
F305L	-106.741	-2.435	-102.088	-1.157	-0.002	-0.393

Mutation	lk_ball_wtd:	fa_elec:	pro_close:	hbond_sr_bb:	hbond_bb_sc:	hbond_sc:
S122L	-0.410	3.031	0.000	0.000	0.000	1.047
E130K	-0.350	3.047	0.000	0.000	0.000	1.370
A178V	-0.038	-0.188	0.000	0.000	0.000	0.000
R198Q	-0.342	-0.897	0.000	0.000	0.000	-0.544
R213W	1.651	2.110	0.000	0.000	-0.527	0.000
C242F	0.424	0.572	0.000	0.000	0.000	0.000
F261Y	0.268	-0.064	0.000	0.000	0.000	0.000
T263I	0.004	1.554	0.000	0.000	0.211	0.000
L268P	0.287	1.281	5.165	1.004	0.000	0.000
W270K	0.176	1.666	0.000	0.000	0.000	0.000
Y284D	-0.461	-0.819	0.000	0.000	0.000	0.000
F305L	-0.087	-0.016	0.000	0.000	0.000	0.000

Mutation	omega:	fa_dun:	p_aa_pp:	ref:	rama_prepro:
S122L	0.000	2.166	-0.430	1.951	-0.343
E130K	0.000	-0.231	0.246	2.010	0.070
A178V	-0.041	0.008	-0.531	1.318	-0.194
R198Q	0.000	0.193	0.069	-1.356	0.198
R213W	0.000	0.102	-0.016	2.355	1.264
C242F	0.000	3.180	-0.109	-2.037	-0.320
F261Y	0.000	0.369	0.218	-0.636	0.190
T263I	-0.017	-0.049	0.669	1.152	0.534
L268P	-0.009	0.594	2.150	-3.305	2.628
W270K	0.000	0.505	0.416	-2.976	-0.118
Y284D	0.000	-0.888	1.263	-2.728	1.280
F305L	0.000	-0.718	-0.175	0.443	-0.111

4:

Results IV

Results for the original program inputting the whole protein (divided by 4)

Mutation	Total	fa_atr:	fa_rep:	fa_sol:	fa_intra_rep:	intra_sol_xove
S122L	280,950	-9,492	286,367	-3,450	0,076	0,142
E130K	3,793	-1,413	1,391	-1,507	0,003	-0,842
A178V	18,078	-3,325	20,970	0,030	0,018	0,049
R198Q	-1,150	-0,775	0,039	1,692	-0,002	0,579
R213W	2,860	-5,679	3,155	-1,973	0,004	-0,219
C242F	96,401	-4,898	100,683	-1,318	0,002	0,153
F261Y	35,981	-1,503	34,076	3,039	0,002	0,015
T263I	36,616	-4,501	39,069	-2,190	0,019	0,016
L268P	305,505	0,200	293,771	1,861	-0,014	-0,042
W270K	2,621	5,635	-7,510	3,673	-0,003	0,289
Y284D	5,218	5,826	-1,912	0,207	-0,020	0,341
F305L	-110,643	3,064	-114,365	-0,632	0,001	-0,170

Mutation	lk_ball_wtd:	fa_elec:	pro_close:	hbond_sr_bb:	hbond_bb_sc:	hbond_sc:
S122L	-0,512	3,457	0,000	0,000	0,000	1,048
E130K	-0,353	3,047	0,000	0,000	0,000	1,374
A178V	-0,038	-0,188	0,000	0,000	0,000	0,000
R198Q	0,238	-1,536	0,000	0,000	0,000	-0,544
R213W	1,371	2,169	0,000	0,000	0,000	0,000
C242F	0,423	0,647	0,000	0,000	0,000	0,000
F261Y	0,266	-0,058	0,000	0,000	0,000	0,000
T263I	0,084	1,624	0,000	0,000	0,209	0,000
L268P	0,276	1,243	5,145	1,003	0,000	0,000
W270K	-0,580	1,770	0,000	0,000	0,000	0,007
Y284D	0,482	0,191	0,000	0,000	0,000	0,000
F305L	-0,193	0,743	0,000	0,000	0,000	0,000

Mutation	omega:	fa_dun:	p_aa_pp:	ref:	rama_prepro:
S122L	0,000	2,136	-0,430	1,951	-0,343
E130K	0,000	-0,234	0,246	2,010	0,071
A178V	-0,040	0,007	-0,530	1,318	-0,193
R198Q	0,000	0,248	0,070	-1,356	0,198
R213W	0,000	0,429	-0,016	2,356	1,263
C242F	0,000	3,173	-0,109	-2,037	-0,319
F261Y	0,000	0,371	0,218	-0,636	0,190
T263I	-0,017	-0,049	0,669	1,152	0,533
L268P	-0,009	0,592	2,153	-3,305	2,631
W270K	0,000	2,019	0,415	-2,976	-0,118
Y284D	0,000	0,286	1,265	-2,728	1,282
F305L	0,000	0,751	-0,175	0,443	-0,112

4:

Results V

Results for the modified program inputting a monomer

Mutation	Total	fa_atr:	fa_rep:	fa_sol:	fa_intra_rep:	intra_sol_xove
S122L	-4,876	-5,545	0,274	-2,866	0,081	0,366
E130K	4,324	-0,327	-0,142	-0,9	-0,001	-0,857
A178V	-0,74	-2,402	0,664	0,376	0,016	0,043
R198Q	-1,659	-3,686	0,158	4,419	0,002	0,792
R213W	1,946	-9,151	5,262	0,96	-0,005	-0,088
C242F	1,304	-3,334	2,957	-1,659	-0,004	0,123
F261Y	-0,252	-1,773	1,457	3,392	-0,01	-0,145
T263I	2,195	-0,448	1,058	-2,404	0,02	-0,069
L268P	16,757	16,393	2,899	-14,019	-0,013	0,15
W270K	8,325	6,097	-1,363	2,893	0,003	0,346
Y284D	4,691	3,806	-0,656	2,074	-0,018	0,231
F305L	-0,223	-0,174	0,443	-1,723	0,021	-0,291

Mutation	lk_ball_wtd:	fa_elec:	pro_close:	hbond_sr_bb:	hbond_lr_bb:	hbond_bb_sc:
S122L	-0,271	1,021	0	-0,58	0	0
E130K	-0,214	2,459	0	-0,078	0	0
A178V	-0,188	0,293	0	-0,29	0	0
R198Q	-0,605	-1,18	0	-0,174	0	0
R213W	2,152	1,042	0	-0,201	0	-2,27
C242F	0,079	2,035	0	0,256	0,008	0,005
F261Y	0,063	-0,725	0	-0,181	0	-0,131
T263I	-0,139	1,704	0	-0,034	0	1,76
L268P	-0,314	10,564	0,258	2,9	0	0,044
W270K	0,375	0,446	0	0,007	-0,042	-0,039
Y284D	-0,444	-0,503	0,018	0,005	0	-0,039
F305L	-0,274	0,905	0,086	0,886	-0,03	-0,018

Mutation	hbond_sc:	omega:	fa_dun:	p_aa_pp:	yhh_planarity:	ref:
S122L	1,267	0,365	0,754	-0,643	0	1,951
E130K	1,135	-0,092	-0,381	0,328	0	2,01
A178V	-0,003	0,053	-0,044	0,075	0	1,318
R198Q	-0,922	0,067	0,567	-0,074	0	-1,356
R213W	0,809	0,331	0,87	-0,375	0	2,355
C242F	0,013	1,5	2,596	0,657	0	-2,037
F261Y	0,036	0,212	-1,904	1,096	0,082	-0,636
T263I	-0,006	-0,598	-0,564	0,47	0	1,152
L268P	0,745	-1,755	0,004	1,026	0	-3,305
W270K	-1,078	-0,54	1,85	0,342	0	-2,976
Y284D	0,023	-0,137	1,202	0,821	-0,001	-2,728
F305L	-0,006	-0,132	0,019	-0,535	0	0,443

Mutation	water_to_bilay	rama_prepro:
S122L	-1,198	0,149
E130K	1,515	-0,133
A178V	-1,102	0,451
R198Q	0,071	0,263
R213W	-1,553	1,807
C242F	-1,57	-0,322
F261Y	0,212	-1,295
T263I	-0,134	0,426
L268P	-0,333	1,511

Results V

W270K	1,791	0,209
Y284D	0,589	0,446
F305L	0,255	-0,098

4:

Results VI

Results for the modified program inputting the whole protein (divided by 4)

Mutation	Total	fa_atr:	fa_rep:	fa_sol:	fa_intra_rep:	intra_sol_xove
S122L	-3,056	-3,218	0,708	-3,537	0,156	0,115
E130K	4,134	-1,457	0,421	-1,750	0,002	-0,851
A178V	-0,754	-2,572	0,817	0,301	0,015	0,041
R198Q	-2,752	-2,856	0,231	2,938	-0,002	0,626
R213W	1,033	-5,260	0,718	-1,841	0,006	-0,546
C242F	1,419	-2,477	2,650	-1,561	0,015	0,136
F261Y	3,751	1,386	-1,566	2,125	0,001	-0,026
T263I	2,560	-1,817	2,449	-3,009	0,021	0,038
L268P	19,449	9,475	6,542	-7,860	-0,009	0,108
W270K	10,286	4,729	-1,577	3,953	-0,015	0,267
Y284D	9,224	6,999	-0,689	0,027	-0,023	0,348
F305L	2,401	2,704	0,045	-0,355	-0,021	-0,159

Mutation	lk_ball_wtd:	fa_elec:	pro_close:	hbond_sr_bb:	hbond_lr_bb:	hbond_bb_sc:
S122L	-0,299	2,581	0,000	-1,148	0,000	-1,543
E130K	-0,245	3,103	0,000	0,255	0,000	-0,005
A178V	-0,193	0,153	0,000	-0,237	0,000	0,002
R198Q	0,257	-1,817	0,000	-0,124	0,000	0,007
R213W	1,356	2,863	0,000	0,244	0,000	0,676
C242F	0,448	1,185	0,000	0,080	0,000	-0,003
F261Y	0,220	1,296	0,000	0,423	0,000	-0,850
T263I	-0,314	1,864	0,000	0,165	0,000	1,771
L268P	-0,011	5,816	0,385	2,667	0,000	0,715
W270K	-0,389	2,030	0,000	-0,064	0,027	-0,178
Y284D	0,316	0,568	-0,016	0,002	0,001	0,467
F305L	0,082	0,407	0,213	0,110	-0,008	0,109

Mutation	hbond_sc:	omega:	fa_dun:	p_aa_pp:	yhh_planarity:	ref:
S122L	1,127	0,131	3,305	-1,113	-0,004	1,951
E130K	1,389	-0,008	-0,565	0,335	0,000	2,010
A178V	0,007	0,022	-0,089	-0,010	0,000	1,318
R198Q	-0,946	0,183	0,477	-0,080	0,000	-1,356
R213W	-0,084	0,776	0,221	0,238	0,000	2,356
C242F	-0,028	0,774	3,483	0,239	0,000	-2,037
F261Y	0,016	0,136	-0,602	-0,144	0,053	-0,636
T263I	0,032	-0,523	0,587	0,289	0,001	1,152
L268P	1,887	-0,196	0,207	0,864	0,000	-3,305
W270K	0,850	0,002	0,422	0,358	0,000	-2,976
Y284D	-0,153	0,041	1,322	0,696	-0,123	-2,728
F305L	-0,010	0,291	-0,790	-0,556	0,000	0,443

Mutation	water_to_bilay	rama_prepro:
S122L	-0,952	-1,314
E130K	1,361	0,142
A178V	-0,774	0,445
R198Q	-0,266	-0,026
R213W	-1,567	0,876
C242F	-1,320	-0,167
F261Y	0,419	1,500
T263I	-0,392	0,247
L268P	-0,364	2,527

Results VI

W270K	2,656	0,192
Y284D	0,915	1,257
F305L	0,314	-0,419

14:

Results VII

Results for the modified program without membrane inputting a monomer

Mutation	Total	fa_atr:	fa_rep:	fa_sol:	fa_intra_rep:	intra_sol_xove
S122L	-3,652	-5,56	0,307	-2,865	0,08	0,351
E130K	2,702	-0,612	0,016	-1,324	-0,001	-0,854
A178V	0,336	-2,143	0,431	0,436	0,018	0,044
R198Q	-1,677	-3,749	0,018	4,648	0,003	0,786
R213W	0,811	-5,736	0,89	-1,304	0,004	-0,171
C242F	0,41	-3,819	2,256	-2,483	0,001	0,168
F261Y	-0,326	-0,821	0,581	3,097	-0,009	-0,159
T263I	2,452	-0,593	1,069	-2,377	0,02	-0,045
L268P	16,607	15,924	2,869	-13,619	-0,014	0,123
W270K	6,438	5,737	-1,287	3,478	0	0,404
Y284D	4,095	3,707	-0,544	2,028	-0,018	0,23
F305L	-0,513	-0,067	0,366	-1,851	0,022	-0,295

Mutation	lk_ball_wtd:	fa_elec:	pro_close:	hbond_sr_bb:	hbond_lr_bb:	hbond_bb_sc:
S122L	-0,13	0,986	0	-0,574	0	0
E130K	-0,287	2,402	0	0,013	0	0
A178V	-0,245	0,503	0	-0,338	0	0
R198Q	-0,717	-1,105	0	-0,202	0	0
R213W	1,725	2,11	0	-0,21	0	-0,921
C242F	0,041	1,87	0	-0,188	0,001	-0,005
F261Y	0,124	-0,318	0	-0,23	0	-0,016
T263I	-0,157	1,792	0	-0,005	0	1,811
L268P	-0,495	10,196	0,226	2,926	0	0,103
W270K	0,024	0,181	0	-0,008	-0,054	-0,036
Y284D	-0,451	-0,471	0,014	0,006	0	-0,025
F305L	-0,331	0,972	0,122	0,84	-0,026	-0,005

Mutation	hbond_sc:	omega:	fa_dun:	p_aa_pp:	yhh_planarity:	ref:
S122L	1,265	0,333	0,751	-0,675	0	1,951
E130K	1,352	-0,077	-0,326	0,327	0	2,01
A178V	-0,005	0,014	-0,083	-0,022	0	1,318
R198Q	-0,932	-0,072	0,811	-0,041	0	-1,356
R213W	1,463	-0,027	-0,45	-0,211	0	2,355
C242F	0,016	0,953	3,622	0,006	0	-2,037
F261Y	0,138	0,168	-2,331	1,045	0,076	-0,636
T263I	-0,016	-0,616	-0,464	0,461	0	1,152
L268P	0,74	-1,823	-0,07	1,169	0	-3,305
W270K	-1,003	-0,512	2,057	0,291	0	-2,976
Y284D	0,021	-0,114	1,193	0,787	-0,001	-2,728
F305L	-0,001	-0,07	0,053	-0,568	0	0,443

Mutation	rama_prepro:
S122L	0,126
E130K	0,059
A178V	0,41
R198Q	0,233
R213W	1,294
C242F	0,012
F261Y	-1,034
T263I	0,421
L268P	1,658

Results VII

W270K	0,142
Y284D	0,462
F305L	-0,117

4:

Results VIII

Results for the modified program without membrane inputting the whole protein (divided by 4)

Mutation	Total	fa_atr:	fa_rep:	fa_sol:	fa_intra_rep:	intra_sol_xove
S122L	-1,155	-2,418	0,247	-4,134	0,173	0,282
E130K	2,710	-1,566	0,429	-1,653	0,001	-0,854
A178V	0,040	-2,621	0,864	0,338	0,015	0,041
R198Q	-2,614	-3,268	0,217	3,371	-0,002	0,633
R213W	2,565	-5,744	0,801	-1,750	0,002	-0,485
C242F	3,032	-1,955	2,646	-1,997	0,005	0,142
F261Y	3,300	1,444	-1,540	1,855	-0,001	-0,039
T263I	3,101	-1,703	2,467	-2,992	0,022	0,033
L268P	19,531	9,426	5,531	-8,233	-0,005	0,168
W270K	7,540	4,759	-1,521	4,109	-0,015	0,262
Y284D	8,362	7,147	-0,724	0,259	-0,023	0,354
F305L	2,074	2,764	0,133	-0,414	-0,021	-0,158

Mutation	lk_ball_wtd:	fa_elec:	pro_close:	hbond_sr_bb:	hbond_lr_bb:	hbond_bb_sc:
S122L	-0,102	2,667	0,000	-1,159	0,000	-1,602
E130K	-0,265	3,048	0,000	0,269	0,000	-0,005
A178V	-0,184	0,127	0,000	-0,241	0,000	0,001
R198Q	0,156	-1,828	0,000	-0,166	0,000	0,010
R213W	1,444	3,091	0,000	0,250	0,000	0,625
C242F	0,464	1,534	0,000	0,119	-0,001	-0,016
F261Y	0,265	1,443	0,000	0,415	0,000	-0,632
T263I	-0,335	1,755	0,000	0,228	0,000	1,738
L268P	-0,049	6,390	0,308	2,819	0,000	0,533
W270K	-0,384	2,057	0,000	-0,084	0,034	-0,230
Y284D	0,306	0,492	-0,002	0,003	0,001	0,376
F305L	0,064	0,428	0,208	0,092	-0,004	-0,039

Mutation	hbond_sc:	omega:	fa_dun:	p_aa_pp:	yhh_planarity:	ref:
S122L	1,143	0,292	3,167	-0,789	-0,003	1,951
E130K	1,403	0,003	-0,623	0,327	0,000	2,010
A178V	0,005	0,033	-0,105	-0,005	0,000	1,318
R198Q	-0,946	0,306	0,533	-0,074	0,000	-1,356
R213W	-0,151	0,714	0,202	0,245	0,000	2,356
C242F	0,120	0,837	3,139	0,302	0,000	-2,037
F261Y	0,006	0,078	-0,779	-0,137	0,025	-0,636
T263I	0,024	-0,485	0,574	0,352	0,001	1,152
L268P	2,088	-0,367	0,815	1,197	0,000	-3,305
W270K	0,450	0,073	0,451	0,344	0,000	-2,976
Y284D	-0,540	0,155	1,464	0,756	-0,189	-2,728
F305L	-0,007	0,135	-0,709	-0,492	0,000	0,443

Mutation	rama_prepro:
S122L	-0,870
E130K	0,187
A178V	0,453
R198Q	-0,198
R213W	0,965
C242F	-0,270
F261Y	1,532
T263I	0,272
L268P	2,215

Results VIII

W270K	0,210
Y284D	1,257
F305L	-0,351

4:

Results IX

Results for OmpLA using the original program (Orig) and the modified program (New)

Mutación	Experimental	Orig	New	
A181A	0	0	0	
A181C	0,49	0,715	0,372	Pearson Orig 0,484488165
A181D	2,95	4,395	2,78	
A181E	1,64	-0,271	0,345	
A181F	-2,2	0,79	-3,791	Pearson New 0,785385733
A181G	1,72	4,229	3,739	
A181H	4,76	3,208	1,679	
A181I	-1,56	0,635	-1,562	
A181K	5,39	1,746	2,002	
A181L	-1,81	-0,914	-0,877	
A181M	-0,76	0,014	0,333	
A181N	3,47	3,311	2,089	
A181P	-1,52	299,942	8,283	
A181Q	3,01	1,26	1,293	
A181R	3,71	2,023	2,06	
A181S	1,83	-0,107	0,107	
A181T	1,78	0,323	0,251	
A181V	-0,78	0,022	-1,38	
A181W	-0,38	3,866	-2,676	
A181Y	-1,09	1,252	-3,888	

Results X

Results for PagP using the original program (Orig) and the modified program (New)

Mutación	Experimental	Orig	Orig – V104A	New	New – V104A	
V104A	0	2,778	0	2,449	0	
V104C	-0,72	3,319	0,541	2,496	0,047	Pearson Orig 0,534961212
V104D	2,49	4,898	2,12	4,948	2,499	
V104E	1,18	2,077	-0,701	2,132	-0,317	
V104F	-2,44	0,397	-2,381	0,377	-2,072	Pearson New 0,633389214
V104G	1,64	6,053	3,275	5,615	3,166	
V104H	3,62	3,747	0,969	3,729	1,28	
V104I	-2,17	0,361	-2,417	0,123	-2,326	
V104K	3,54	3,968	1,19	3,998	1,549	
V104L	-2,01	3,907	1,129	2,829	0,38	
V104M	-1,15	3,065	0,287	2,105	-0,344	
V104N	-2,95	4,087	1,309	4,145	1,696	
V104P	3,82	170,569	167,791	9,365	6,916	
V104Q	2,54	3,529	0,751	3,428	0,979	
V104R	3,22	4,148	1,37	4,175	1,726	
V104S	1,83	2,822	0,044	2,566	0,117	
V104T	0,95	0,999	-1,779	1,142	-1,307	
V104V	-1,75	0	-2,778	0	-2,449	
V104W	-2,21	1,117	-1,661	-0,738	-3,187	
V104Y	-1,02	0,047	-2,731	0,035	-2,414	