	H	HA	HA2	HA3	HB	HB2	HB3
CYS5	7.477	4.348	-	-	-	2.859	2.742
LEU6	7.574	4.507	-	-	-	1.840	-
GLU7	7.526	4.584	-	-	-	2.252	2.168
TYR10	7.808	4.933	-	-	-	2.954	-
GLY12	7.164	-	3.896	3.261	-	-	-
CYS14	8.702	4.559	-	-	-	3.460	2.794
LYS15	7.967	4.407	-	-	-	2.090	1.577
ALA16	8.221	4.294	-	-	1.172	-	-
ARG17	8.205	4.315	-	-	-	1.594	-
ILE18	8.130	4.196	-	-	1.865	-	-
ILE19	8.694	4.307	-	-	1.946	-	-
ARG20	8.399	4.699	-	-	-	1.804	0.809
TYR21	9.184	5.678	-	-	-	2.698	-
PHE22	9.778	5.269	-	-	-	2.906	2.818
TYR23	10.560	4.294	-	-	-	3.459	2.731
ASN24	7.774	4.601	-	-	-	2.859	2.167
ALA25	8.794	3.761	-	-	1.554	-	-
LYS26	7.910	4.069	-	-	-	1.884	-
ALA27	6.822	4.290	-	-	1.181	-	-
GLY28	8.141	-	3.917	3.611	-	-	-
LEU29	6.828	4.743	-	-	-	1.728	1.427
CYS30	8.417	5.606	-	-	-	3.670	2.665
GLN31	8.771	4.824	-	-	-	2.180	1.729
THR32	8.040	5.289	-	-	4.035	-	-
PHE33	9.373	4.862	-	-	-	3.084	2.951
VAL34	8.386	3.915	-	-	1.949	-	-
TYR35	9.389	4.879	-	-	-	2.662	2.500
GLY36	8.616	-	4.316	3.246	-	-	-
GLY37	4.334	-	4.225	2.907	-	-	-
CYS38	7.764	4.951	-	-	-	3.958	3.031
ALA40	7.422	4.085	-	-	1.203	-	-
LYS41	8.327	4.439	-	-	-	2.252	1.654
ARG42	8.366	3.664	-	-	-	1.025	0.364
ASN43	7.214	5.055	-	-	-	3.335	3.265
ASN44	6.776	4.897	-	-	-	2.774	2.504
PHE45	9.939	5.122	-	-	-	3.405	2.784
LYS46	-	-	-	-	-	-	1.992
SER47	7.468	4.533	-	-	-	4.124	3.861
ALA48	8.148	3.151	-	-	1.033	-	-
GLU49	8.613	3.865	-	-	-	2.007	1.830
ASP50	7.856	4.282	-	-	-	2.875	2.714
CYS51	6.992	1.687	-	-	-	3.172	2.881
MET52	8.593	4.163	-	-	-	2.052	1.963
ARG53	8.269	3.983	-	-	-	1.923	1.863
THR54	7.392	4.072	-	-	4.000	-	-
CYS55	8.239	4.612	-	-	-	2.241	2.004
GLY56	7.998	-	3.849	-	-	-	-
GLY57	8.198	-	3.944	3.824	-	-	-
ALA58	7.923	4.023	-	-	1.301	-	-

	H	HA	HA2	HA3	HB	HB2	HB3	HD	
Gly12	8.602	4.051	-	-	-	-	-	-	
Lys15	8.175	4.316	-	-		1.722	-	-	-
Ala16	8.520	4.271	-	-		1.387	-	-	-
Arg17a	8.459	4.386	-	-		1.766	1.694	1.475	-
Arg17b	8.545	4.288	-	-		1.794	-	-	-
Ile18	8.224	4.246	-	-		1.753	-	-	-
Ile19	8.473	4.481	-	-		1.856	-	-	-
Arg20	8.381	4.802	-	-		1.084	-	-	-
Tyr21	9.062	5.512	-	-	-		2.761	2.692	6.716
Phe22	9.717	5.430	-	-	-		3.202	3.025	7.180
Tyr23	9.713	4.520	-	-		3.013	-	2.735	7.097
Asn24	8.095	4.629	-	-	-		2.928	2.279	-
Ala25	8.580	3.707	-	-		1.578	-	-	-
Lys26	8.030	4.108	-	-		1.934	-	-	-
Ala27	7.021	4.299	-	-		1.240	-	-	-
Gly28	8.240	-	3.958	3.760	-		-	-	-
Leu29	6.998	4.900	-	-	-		1.721	1.465	-
Cys30a	8.919	-	-	-	-	-	-	-	-
Cys30	8.923	5.632	-	-		2.698	3.727	2.702	-
Gln31	9.029	4.888	-	-	-		1.998	1.738	-
Thr32	8.299	4.938	-	-		4.047	-	-	-
Phe33	8.640	4.850	-	-		2.993	3.195	3.026	-
Val34	8.507	4.069	-	-		1.941	-	-	-
Tyr35	8.772	4.388	-	-		2.821	-	2.504	6.940
Gly36	8.373	3.990	3.980	-	-	-	-	-	-
Gly37	8.315	3.878	3.842	-	-	-	-	-	-
Ser38	8.369	4.420	-	-	-		3.945	3.896	-
Arg39	8.362	4.434	-	-		1.785	-	-	-
Ala40	8.224	4.256	-	-		1.362	-	-	-
Lys41	8.920	4.297	-	-		1.771	-	-	-
Arg42	8.141	4.316	-	-		1.847	-	-	-
Asn43	8.660	4.623	-	-		2.795	-	-	-
Asn44	7.962	5.384	-	-	-	-	-	-	-
Phe45	9.316	5.108	-	-	-		2.766	-	7.294
Lys46	9.952	4.470	-	-		2.069	-	-	-
Ser47	7.506	4.553	-	-	-		4.134	3.874	-
Ala48	8.327	3.111	-	-		1.106	-	-	-
Glu49	8.748	3.865	-	-	-		2.019	1.852	-
Asp50	7.718	4.288	-	-		2.717	-	2.721	-
Cys51	7.110	-	-	-	-		2.992	2.657	-
Met52	8.666	4.120	-	-		2.045	2.051	-	-
Arg53	7.984	4.047	-	-		1.888	-	-	-
Thr54	7.568	4.188	-	-		4.049	-	-	-
Ser55	7.764	4.136	-	-		3.183	3.240	3.133	-
Gly56	7.919	3.886	-	-	-	-	-	-	-
Gly57	8.129	3.955	3.931	3.565	-	-	-	-	-
Ala58b	8.045	4.183	-	-		1.381	-	-	-
Ala58a	7.947	4.194	-	-		1.372	-	-	-

HE	HG	HG1	HG12	HG13	HG2	HG3	N
-	-	-	-	-	-	-	110.8
-	-	-	-	-	-	-	120.0
-	-	-	-	-	-	-	125.2
-	-	-	-	-	-	-	121.1
-		1.612	-	-	1.648	1.570	122.7
-	-	-	1.511	1.226	-	-	119.9
-	-	-	1.466	-	0.730	-	126.8
-	-	-	-	-	-	-	126.6
	6.776	-	-	-	-	-	115.4
	7.204	-	-	-	-	-	119.4
	6.571	-	-	-	-	-	123.1
-	-	-	-	-	-	-	127.7
-	-	-	-	-	-	-	127.0
-		1.543	-	-	-	-	117.5
-	-	-	-	-	-	-	118.6
-	-	-	-	-	-	-	107.8
-	-	-	-	-	-	-	115.0
-	-	-	-	-	-	-	119.2
-	-	-	-	-	-	-	119.2
-		2.142	-	-	-	-	122.7
-		0.734	-	-	-	-	110.3
-	-	-	-	-	-	-	118.8
-		0.861	0.830	-	0.875	-	120.7
-	-	-	-	-	-	-	129.1
-	-	-	-	-	-	-	108.9
-	-	-	-	-	-	-	114.7
-	-	-	-	-	-	-	115.7
-	-	-	-	-	-	-	121.0
-	-	-	-	-	-	-	123.9
-	-	-	-	-	-	-	124.0
-		1.602	-	-	-	-	120.2
-	-	-	-	-	-	-	119.8
-	-	-	-	-	-	-	117.7
-	-	-	-	-	-	-	117.1
-		1.579	-	-	-	-	120.2
-	-	-	-	-	-	-	109.4
-	-	-	-	-	-	-	125.3
-	-	-	-	-	-	-	117.6
-	-	-	-	-	-	-	119.8
-	-	-	-	-	-	-	118.5
-		2.680	-	-	-	-	121.3
	7.795	1.617	-	-	-	-	120.0
-		1.370	-	-	-	-	111.9
-	-	-	-	-	-	-	115.5
-	-	-	-	-	-	-	108.1
-	-	-	-	-	-	-	108.7
-	-	-	-	-	-	-	129.2
-	-	-	-	-	-	-	128.9

	H	HA	HA2	HA3	HB	HB2	HB3	HG	
ASP3	8.697	4.250	-	-	-	2.759	-	-	
PHE4	7.779	4.591	-	-	-	3.347	-	-	
CYS5	7.509	4.354	-	-	-	2.843	2.770	-	
LEU6	7.569	4.512	-	-	-	1.839	1.683	-	
GLU7	7.528	4.586	-	-	-	2.257	2.165		2.569
TYR10	7.802	4.930	-	-	-	2.955	-	-	
THR11	8.953	4.527	-	-	4.048	-	-		1.387
GLY12	7.160	-	3.895	3.260	-	-	-	-	
CYS14	8.697	4.558	-	-	-	3.461	2.798	-	
LYS15	7.968	4.407	-	-	-	2.085	1.575	-	
ALA16	8.210	4.296	-	-	1.171	-	-	-	
ARG17	8.190	4.312	-	-	-	1.594	1.476	-	
ILE18	8.116	4.195	-	-	1.867	-	-	-	
ILE19	8.689	4.307	-	-	1.947	-	-	-	
ARG20	8.394	4.697	-	-	-	1.807	0.812	-	
TYR21	9.186	5.679	-	-	-	2.700	-	-	
PHE22	9.777	5.271	-	-	-	2.906	2.816	-	
TYR23	10.570	4.297	-	-	-	3.463	2.738	-	
ASN24	7.779	4.603	-	-	-	2.862	2.169	-	
ALA25	8.789	3.760	-	-	1.554	-	-	-	
LYS26	7.913	4.067	-	-	-	1.884	-	-	
ALA27	6.817	4.292	-	-	1.184	-	-	-	
GLY28	8.143	-	3.919	3.628	-	-	-	-	
LEU29	6.828	4.755	-	-	-	1.730	1.429	-	
CYS30	8.406	5.607	-	-	-	3.672	2.665	-	
GLN31	8.763	4.824	-	-	-	2.223	1.729	-	
THR32	8.035	5.291	-	-	4.035	-	-	-	
PHE33	9.375	4.867	-	-	-	3.088	2.949	-	
VAL34	8.368	3.915	-	-	1.947	-	-	-	
TYR35	9.388	4.874	-	-	-	2.664	2.501	-	
GLY36	8.616	-	4.317	3.241	-	-	-	-	
GLY37	4.307	-	4.219	2.903	-	-	-	-	
CYS38	7.755	4.951	-	-	-	3.955	3.029	-	
ARG39	9.075	3.937	-	-	-	2.271	1.594	-	
ALA40	7.422	4.080	-	-	1.200	-	-	-	
LYS41	8.331	4.439	-	-	-	2.251	1.657	-	
ARG42	8.358	3.658	-	-	-	1.014	0.341	-	
ASN43	7.212	5.052	-	-	-	3.335	3.285	-	
ASN44	6.762	4.898	-	-	-	2.775	2.503	-	
PHE45	9.938	5.125	-	-	-	3.406	2.787	-	
LYS46	9.913	4.383	-	-	-	2.092	1.983	-	
SER47	7.466	4.531	-	-	-	4.124	3.862	-	
ALA48	8.140	3.155	-	-	1.035	-	-	-	
GLU49	8.603	3.858	-	-	-	2.005	1.834	-	
ASP50	7.849	4.281	-	-	-	2.870	2.719	-	
CYS51	6.985	1.687	-	-	-	3.175	2.892	-	
MET52	8.581	4.170	-	-	-	2.052	1.963		2.692
ARG53	8.267	3.986	-	-	-	1.918	1.869	-	
THR54	7.398	4.078	-	-	4.005	-	-		1.615
CYS55	8.204	4.643	-	-	-	2.221	2.024	-	
GLY56	7.997	-	3.848	-	-	-	-	-	
GLY57	8.211	-	3.950	3.842	-	-	-	-	
ALA58	7.919	4.025	-	-	1.303	-	-	-	

HG2	HG3
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
1.303	-
0.963	-
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
2.334	2.184
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-
-	-