

Anhang

A.1 Resonanzzuordnung

A.1.1 Resonanzzuordnung des SEP-Konstruktes G1-S2 p47(171-270)

Ala	CA	CB	HA	HB*	HN	N
A207	56,15	18,46	4,19	1,60	8,03	123,70
A220	55,84	18,04	3,88	1,44	9,00	128,80
A226	51,94	19,41	4,23	1,21	7,23	118,40
A249	52,22	19,29	4,29	1,31	8,08	123,70
A253	52,21	19,25	4,24	1,24	8,13	125,50
<u>A264</u>	<u>50,55</u>	<u>18,17</u>	<u>4,56</u>	<u>1,33</u>	<u>8,24</u>	<u>127,90</u>

Asp	CA	CB	HA	HB1	HB2	HB#	HN	N
D179	54,34	41,34	4,85	-	-	2,53	7,99	121,50
D194	56,99	39,88	4,22	-	-	2,77	10,08	125,00
D203	51,50	42,22	4,91	2,92	2,62	-	6,91	121,30
D234	53,08	43,80	5,02	2,78	2,49	-	8,83	127,50
D237	54,33	40,80	4,40	2,92	2,36	-	8,76	125,50
D240	53,71	40,73	4,81	2,72	2,68	-	8,51	115,80
<u>D242</u>	<u>54,17</u>	<u>41,94</u>	<u>4,88</u>	<u>2,61</u>	<u>2,40</u>	-	<u>8,52</u>	<u>121,50</u>

Glu	CA	CB	CG	HA	HB1	HB2	HG#	HN	N
E211	59,08	28,84	35,73	4,06	2,10	2,02	2,27	8,38	121,10
E217	53,74	32,02	35,83	4,44	2,12	2,01	1,74	7,95	119,62
E221	59,23	30,38	36,38	4,05	2,32	1,97	2,29	9,29	115,80
E236	54,62	33,55	35,56	4,42	1,70	1,60	2,05	9,18	124,00
E241	55,28	33,44	36,02	4,73	2,54	2,43	2,31	8,71	121,20
<u>E256</u>	<u>56,72</u>	<u>30,21</u>	<u>36,06</u>	<u>4,25</u>	<u>2,02</u>	<u>1,90</u>	<u>2,23</u>	<u>8,29</u>	<u>120,70</u>

Phe	CA	CB	CD1	CE1	HA	HB1	HB2	HB#	HD#	HE#	HN	N
F191	54,26	43,28	132,20	130,50	6,23	3,35	3,00	-	6,79	6,48	8,58	115,20
F209	61,41	39,30	132,90	129,00	3,96	3,51	3,30	-	6,95	6,48	8,36	123,00
F243	58,86	40,05	131,50	130,80	2,50	2,27	2,09	-	5,80	7,00	8,02	120,90
F250	57,67	39,62	-	-	4,71			3,04	-	-	8,25	119,80
<u>F253</u>	<u>57,76</u>	<u>39,53</u>	-	-	<u>4,64</u>			<u>3,06</u>	-	-	<u>8,16</u>	<u>120,00</u>

Anhang

Gly	CA	HA1	HA2	HN	N
G1	43,41	3,89	-	-	-
G190	44,75	3,63	2,22	7,16	114,00
G196	44,62	4,25	4,08	8,67	107,20
G216	45,88	4,03	3,77	7,97	108,80
G228	45,11	4,27	3,61	8,54	107,30
G229	44,09	4,27	3,71	7,62	108,30
G248	44,95	3,86	3,84	8,31	109,80
G255	45,24	3,90	3,86	7,77	110,40
G257	45,29	3,89	-	8,51	110,00
G261	45,21	3,94	-	8,44	110,10

His	CA	CB	CD2	CE1	HA	HB1	HB2	HB#	HD2	HE1	HN	N
H175	55,53	29,72	-	-	4,69	3,19	3,11	-	-	-	8,35	122,90
H181	54,14	30,10	119,90	-	5,51	-	-	3,14	7,17	-	8,95	126,50
H227	56,00	27,47	120,00	-	4,42	3,29	3,21	-	7,19	-	8,08	117,20
H238	54,12	29,03	117,90	135,80	4,83	3,33	1,88	-	5,88	8,45	8,66	127,80

Ile	CA	CB	CD1	CG1	CG2	HA	HB	HD1*	HG11	HG12	HG2*	HN	N
I213	63,01	36,19	11,74	27,58	17,41	3,81	1,99	0,44	1,29	1,15	0,71	7,50	119,70

Lys	CB	CG	CD	CE	HA	HB1	HB2	HB#	HG1	HG2	HG#	HD1	HD2	HD#	HE1	HE2	HE#	HN	N
K172	32,78	24,79	29,01	41,91	4,26	1,77	1,69	-	-	-	1,39	-	-	1,62	-	-	2,97	8,38	122,90
K185	33,63	26,78	30,64	-	4,90	2,28	0,86	-	1,41	1,15	-	1,80	1,64	-	-	-	2,90	9,61	127,60
K188	32,79	24,94	29,46	-	4,47	1,86	1,79	-	-	-	1,54	-	-	1,60	-	-	2,91	8,85	121,90
K245	32,39	-	-	-	3,97	1,60	1,53	-	-	-	1,36	-	-	2,31	2,94	2,87	-	7,88	126,30
K247	33,05	24,73	28,99	42,06	4,20	-	-	1,74	-	-	1,40	-	-	1,63	-	-	2,92	8,40	122,10
K251	33,24	24,56	29,06	41,94	4,17	1,64	1,56	-	-	-	1,26	-	-	-	-	-	2,91	8,08	124,20
K259	32,74	24,74	28,97	41,91	4,27	1,78	1,72	-	-	-	1,37	-	-	1,64	-	-	2,93	8,57	120,20

Leu	CB	CG	CD1	CD2	HA	HB1	HB2	HG	HD1*	HD2*	HN	N
L184	44,06	28,00	25,85	27,04	5,04	2,00	1,24	1,55	0,99	0,86	9,07	131,30
L186	42,55	26,84	25,65	23,28	4,68	1,86	1,59	1,80	0,94	0,85	8,02	122,50
L193	43,06	27,73	25,88	25,10	5,44	1,72	1,30	1,65	1,00	1,00	9,27	120,90
L198	41,16	26,32	24,87	22,53	3,14	0,96	-0,43	0,72	0,34	0,07	7,28	120,70
L210	41,46	-	26,13	22,44	3,87	1,55	1,82	1,74	1,09	0,70	8,06	117,40
L222	41,43	27,75	26,67	23,11	4,35	1,76	1,39	1,68	0,92	0,99	7,31	115,20
L225	42,08	26,69	25,28	23,08	4,08	1,84	1,63	1,79	0,93	0,88	7,36	119,40
L233	44,53	27,25	26,16	25,55	5,01	1,69	1,10	1,37	0,71	0,75	8,49	126,80
L260	42,31	26,84	24,92	23,50	4,32	1,62	1,56	1,59	0,88	0,83	8,30	123,90
L268	42,50	27,01	24,93	23,35	4,42	1,64	1,58	1,61	0,88	0,82	8,38	126,60

Met	CB	CG	CE	HA	HB#	HG1	HG2	HE*	HN	N
M235	35,14	32,31	17,11	5,42	1,88	2,42	2,31	1,95	8,71	120,70

Anhang

Asn	CB	HA	HB1	HB2	HD21	HD22	HN	N	ND2
N195	37,74	5,05	3,00	2,78	7,60	7,00	8,52	123,20	113,40
N206	39,10	5,10	3,11	3,07	8,24	7,39	8,21	119,80	118,20
<u>N232</u>	<u>39,43</u>	<u>4,79</u>	<u>2,54</u>	<u>2,38</u>	<u>7,18</u>	<u>6,90</u>	<u>8,81</u>	<u>126,90</u>	<u>112,40</u>

Pro	CB	CG	CD	HA	HB1	HB2	HG1	HG2	HG#	HD1	HD2
P204	32,20	27,34	51,67	4,41	2,45	2,08	-	-	2,11	4,17	3,97
P219	34,00	26,99	51,08	4,19	2,27	1,44	1,30	0,56	-	3,05	3,86
P246	32,24	27,44	50,91	4,27	2,22	1,81	-	-	1,92	3,73	3,50
<u>P265</u>	<u>32,03</u>	<u>27,42</u>	<u>50,50</u>	<u>4,37</u>	<u>2,25</u>	<u>1,83</u>	<u>-</u>	<u>-</u>	<u>1,99</u>	<u>3,78</u>	<u>3,60</u>

Gln	CB	CG	HA	HB1	HB2	HB#	HG1	HG2	HG#	HE21	HE22	HN	N	NE2
Q174	29,55	33,84	-	-	-	-	-	-	-	-	-	8,44	121,90	-
Q178	29,77	33,95	4,40	2,16	1,89	-	2,33	2,48	-	7,59	6,89	8,38	121,20	112,20
Q202	29,06	34,09	4,29	2,26	1,92	-	-	-	2,44	-	-	8,18	113,90	-
Q208	28,04	34,44	4,09	-	-	2,22	2,54	2,47	-	7,54	6,89	8,43	118,20	112,50
Q230	30,25	33,73	4,32	1,92	1,83	-	-	-	2,24	7,60	6,78	8,52	119,50	112,90
Q258	29,47	33,68	4,25	2,00	1,90	-	-	-	2,29	7,49	6,84	8,14	119,80	112,30
<u>Q266</u>	<u>29,56</u>	<u>33,77</u>	<u>4,27</u>	<u>2,01</u>	<u>1,93</u>	<u>-</u>	<u>-</u>	<u>-</u>	<u>2,32</u>	<u>7,48</u>	<u>6,82</u>	<u>8,43</u>	<u>120,90</u>	<u>112,20</u>

Arg	CB	CG	CD	HA	HB1	HB2	HB#	HG1	HG2	HG#	HD1	HD2	HD#	HN	N	
R173	30,77	27,05	43,27	4,28	1,75	1,71	-	-	-	1,56	-	-	-	3,13	8,33	122,60
R199	28,99	25,19	43,29	3,97	0,72	-0,14	-	1,27	1,12	-	2,89	2,33	-	9,00	128,70	
R214	29,97	27,82	43,31	3,96	-	-	1,90	1,72	1,56	-	-	-	-	3,11	8,22	122,30
R215	31,02	-	43,60	4,32	1,92	1,85	-	1,74	1,66	-	-	-	-	3,12	7,54	116,20
R223	29,54	27,71	43,10	3,82	-	-	1,85	1,66	1,52	-	3,18	3,12	-	7,63	118,90	
R224	29,97	27,45	43,50	4,07	-	-	1,83	1,65	1,59	-	-	-	-	3,18	7,91	117,00
<u>R239</u>	<u>30,07</u>	<u>28,62</u>	<u>43,46</u>	<u>3,58</u>	<u>-</u>	<u>-</u>	<u>1,89</u>	<u>1,70</u>	<u>1,60</u>	<u>-</u>	<u>-</u>	<u>-</u>	<u>-</u>	<u>3,14</u>	<u>7,96</u>	<u>116,50</u>

Ser	CB	HA	HB1	HB2	HB#	HN	N
S2	63,72	4,45	-	-	3,84	8,70	116,10
S176	64,15	4,51	3,87	3,84	-	8,44	117,60
S177	63,71	4,45	-	-	3,87	8,53	118,40
S189	64,34	4,92	4,08	3,86	-	8,21	107,80
S192	67,52	4,73	3,69	3,38	-	9,97	114,90
S200	63,72	4,21	3,97	3,68	-	8,23	116,20
S205	62,49	4,36	-	-	3,90	8,69	115,10
S212	62,38	3,98	3,85	3,55	-	7,94	115,50
S262	63,95	4,50	-	-	3,84	8,18	115,40
<u>S269</u>	<u>63,90</u>	<u>4,51</u>	<u>-</u>	<u>-</u>	<u>3,85</u>	<u>8,31</u>	<u>117,60</u>

Thr	CB	CG2	HA	HB	HG2*	HN	N
T254	69,92	21,27	4,28	4,18	1,13	8,10	115,60
T263	69,72	21,56	4,32	4,19	1,17	8,20	115,80
<u>T270</u>	<u>70,63</u>	<u>-</u>	<u>4,13</u>	<u>4,22</u>	<u>1,12</u>	<u>7,80</u>	<u>120,80</u>

Val	CB	CG1	CG2	HA	HB	HG1*	HG2*	HN	N
V180	34,43	21,37	21,15	4,31	1,93	0,90	0,88	8,46	120,70
V182	35,77	21,43	21,43	4,61	1,74	0,88	0,88	8,47	127,00
V183	32,79	21,57	21,72	4,54	2,03	0,87	0,79	9,03	127,00
V218	32,42	-	-	3,90	1,85	0,89	0,81	8,45	122,40
V231	33,32	21,62	21,48	4,34	1,83	0,69	0,68	8,28	122,00
V244	33,49	20,71	20,66	3,57	1,54	0,73	0,65	5,65	126,00
V267	32,74	20,74	20,71	4,07	2,01	0,87	0,87	8,21	122,40

Try	CB	CD1	CE3	CH2	CZ2	CZ3	HA	HB1	HB2	HD1	HE1	HE3	HH2	HN	HZ2	HZ3	N	NE1
W187	30,83	127,70	122,20	123,80	114,00	122,20	5,26	3,86	3,16	6,72	10,37	7,70	6,77	8,78	7,16	6,88	121,80	129,80

Tyr	CB	CD1	CE1	HA	HB1	HB2	HD#	HE#	HN	N
Y201	38,29	132,10	119,70	4,58	3,36	2,88	7,23	6,93	8,16	125,10

A.1.2 WW-Domänen-Ligand-Komplex

Resonanzzuordnung der *hGas7* WW-Domäne und des Liganden LIPPPPPL (Ligand im Komplex grau unterlegt).

Glu	HA	HB#	HG#	HN
E36	4,23	-	-	7,57
E40	-	-	-	-

Gly	HA1	HA2	HN
G16	4,12	3,49	8,72
G25	4,07	3,51	8,31

Ile	HA	HB	HD1*	HG11	HG12	HG2*	HN
I12	4,03	1,73	0,72	1,30	1,04	0,78	-
I2'	4,31	1,69	0,73	1,35	1,04	0,75	8,15

Leu	HA	HB1	HB2	HG	HD1*	HD2*	HN
L13	-	-	-	-	-	-	-
L21	4,81	1,54	1,42	1,29	0,73	0,61	8,33
L1'	4,13	1,45	1,39	1,46	0,78	0,73	8,17
L8'	4,13	1,44	1,38	1,55	0,83	0,75	8,30

Asn	HA	HB1	HB2	HN
N31	4,19	2,26	-0,07	8,52
N35	-	-	-	-

Pro	HA	HB1	HB2	HG1	HG2	HD1	HD2	CA
P14	-	-	-	-	-	-	-	-
P15	-	-	-	-	-	-	-	-
P23	-	2,41	2,42	2,10	1,82	4,04	3,77	-
P42	3,86	0,74	0,72	0,42	-0,14	2,33	2,15	-
P3'	4,49	2,16	-	1,86	1,71	3,68	3,41	-
P4'	4,54	2,15	1,74	1,86	-	3,64	3,42	65,70
P5'	-	2,17	1,72	1,86	-	3,65	3,42	-
P6'	4,38	2,10	1,62	1,68	-	3,49	3,28	65,674
P7'	4,27	2,15	-	1,85	1,77	3,59	3,39	-

Anhang

Gln	HA	HB1	HB2	HG1	HG2	HN
Q18	4,54	1,82	1,74	2,21	2,16	9,25
Q24	4,36	2,19	1,83	2,41	2,25	7,40

Arg	HA	HB#	HG#	HD#	HN
R26	4,49	-	-	-	7,57
R27	4,89	1,61	-	-	9,08
R41	-	-	-	-	-

Ser	HA	HB1	HB2	HN
S19	5,09	3,73	3,39	8,26
S22	4,97	4,69	4,32	8,26
S43	4,10	3,65	3,61	8,10

Thr	HA	HB	HG2*	HN
T32	4,19	3,92	1,09	8,39
T33	-	-	-	-
T34	-	-	-	-
T37	5,48	3,75	0,85	8,39
T38	4,79	4,27	1,33	9,38

Val	HA	HB	HG1*	HG2*	HN
V30	5,15	1,87	0,94	0,69	9,20

Try	HA	HB1	HB2	HD1	HE1	HE3	HH2	HN	HZ2	HZ3
W17	5,30	3,10	2,90	6,93	10,43	7,37	6,97	7,50	7,42	6,81
W39	5,09	3,58	3,06	7,21	9,77	8,05	6,96	8,73	7,19	6,81

Tyr	HA	HB1	HB2	HD#	HE#	HN
Y20	4,31	2,61	0,99	6,59	6,47	7,64
Y28	4,96	2,70	2,15	6,73	6,11	8,81
Y29	5,24	2,94	2,80	6,73	6,11	8,81

B.1 Relaxationsdaten p47(171-270)

Aminosäure- position	T1 [ms]	Standardabweichung T1 [ms]	T2 [ms]	Standardabweichung T2 [ms]	¹ H- ¹⁵ N NOE
171	1212	34,6	331,2	91,7	-4,8
172	-	-	-	-	-
173	-	-	-	-	-
174	826,3	22,3	863	630	-2,34
175	794,2	18	329	163	-4,15
176	-	-	-	-	-
177	890,8	37,5	258,8	107	-2,24
178	823,5	15,3	91,63	20,8	-1,72
179	696,7	12,3	108,8	26,2	-2,15
180	836,1	4,33	124,9	39	-1,58
181	840,8	9,7	114,1	41,4	-1,74
182	894,4	8,59	104,2	50,3	-1,65
183	883,6	11,1	85,27	23,4	-1,29
184	774,8	6,57	76,51	37,3	-1,47
185	785,7	16,2	89,01	23,2	-1,52
186	898,1	36,8	73,4	29,7	-1,75
187	772,7	24,6	100,4	24,4	-1,67
188	860,4	21,2	87,17	9,75	-1,21
189	793,3	14	98,05	26,4	-1,7
190	763,8	18,4	90,3	42,3	-1,12
191	774,9	13,5	108,7	27,1	-1,58
192	619,1	21,6	91,92	23,4	-1,57
193	805,6	12,7	54,44	20,2	-1,4
194	800,5	14,7	108,2	39,1	-1,57
195	-	-	-	-	-
196	882,8	21,1	101,5	26	-1,57
197	888,5	9,26	132,7	66,5	-1,54
198	978,5	16,7	74,19	13,5	-1,53
199	786,5	9,64	91,45	41,7	-1,71
200	841,5	10,8	99,6	28,9	-1,65
201	777,8	16,3	99,75	16,6	-1,41
202	832,3	18,4	89,14	33,4	-1,64
203	775,8	16,6	97,02	12,8	-1,28
204	-	-	-	-	-
205	849,9	10,6	92,43	22,2	-1,56
206	777,3	14,9	102	17	-1,51
207	582,6	14,4	77,23	13,5	-
208	777,5	11,1	91,86	30,6	-1,53
209	809,9	7,34	137,5	42,2	-1,56
210	643,7	14,8	93,94	13,5	-1,69
211	684,1	16,9	225,9	53,8	-2,12
212	804,3	5,35	76,67	12,5	-1,68
213	665,8	12,9	97,3	36,8	-1,5
214	701,7	18,3	119,3	26,4	-1,79
215	721,6	22,5	89,85	15,5	-0,945
216	767,3	13	83,13	33,2	-1,39
217	882,2	5,07	77,21	8,8	-1,55
218	898,8	14,5	109,7	16,5	-1,51

Anhang

Aminosäure- position	T1 [ms]	Standardabweichung T1 [ms]	T2 [ms]	Standardabweichung T2 [ms]	¹ H- ¹⁵ N NOE
219	-	-	-	-	-
220	786,5	18,1	91,45	29,3	-1,71
221	707,4	20	103,9	10,5	-1,46
222	852,2	12,8	81,32	17,3	-0,738
223	753,6	5,57	81,43	15,7	-1,59
224	734,7	26,8	103,3	42,9	-1,5
225	934,1	30	80,32	26,8	-1,65
226	881	12	86,92	17,3	-1,35
227	750,4	8,9	131,5	27,6	-1,69
228	797,6	37,8	122,5	25,5	-1,84
229	788,9	11,5	109,4	8,41	-1,65
230	783,3	5,92	106	39,3	-1,83
231	887,4	5,67	104,2	20,6	-1,88
232	806,4	9,4	101,9	24	-1,75
233	1014	11,1	103,6	11,5	-1,65
234	854,9	22,3	88,07	26,2	-1,81
235	857,7	32,2	110,3	32,5	-1,72
236	756,7	8,92	111,8	13,4	-1,76
237	814,8	11,2	111,5	34,9	-1,53
238	827	14,2	88,92	27,9	-1,59
239	822,5	24,5	78,55	37,9	-1,68
240	914	8,7	85,23	19,5	-1,73
241	836,7	18,3	92,81	26,7	-1,63
242	866,6	9,94	117,9	39,3	-1,66
243	824,1	5,42	127,8	28,7	-1,86
244	604,3	38,5	58,69	10,5	-
245	792,1	35,7	136,7	16	-1,72
246	-	-	-	-	-
247	745,8	26,7	171,1	38,3	-2,34
248	813,4	8,88	269	109	-2,8
249	837,9	20,8	775,1	498	-2,67
250	686	33,2	393,2	105	-2,3
251	780,4	31,5	273,6	86,6	-3,47
252	691,7	22,5	419,8	216	-2,59
253	817,8	4,44	556,6	280	-3,21
254	679,9	30,8	408,6	139	-2,87
255	851,6	22	200,4	24,3	-2,67
256	738,7	6,68	324,7	32,3	-2,8
257	-	-	-	-	-
258	808,6	59,8	485	136	-3,21
259	-	-	-	-	-1,58
260	736,6	19,6	950,2	377	-3,55
261	825,7	39	767,1	531	-3,74
262	968,8	61	599,5	420	-3,27
263	-	-	-	-	-1,54
264	804,4	13,9	441,9	228	-3,76
265	-	-	-	-	-
266	940,9	4,58	357,3	195	-1,58
267	790,3	17,8	564,4	279	-2,64
268	860,6	19,7	548,9	359	-3,25

Aminosäure- position	T1 [ms]	Standardabweichung T1 [ms]	T2 [ms]	Standardabweichung T2 [ms]	¹ H- ¹⁵ N NOE
269	-	-	-	-	-
270	1407	66,4	631,6	177	-3,75

C.1 p47(171-270) ³J_{HNH α} -Kopplungskonstanten

Aminosäure position	³ J _{HNHα} [Hz]	Aminosäure position	³ J _{HNHα} [Hz]	Aminosäure position	³ J _{HNHα} [Hz]
171	6	210	5,4	249	5,9
172	-	211	-	250	-
173	-	212	-	251	7,1
174	6,5	213	4,4	252	5,6
175	7	214	4,6	253	6,9
176	-	215	7,4	254	7,9
177	6,3	216	-	255	-
178	6,4	217	7,4	256	-
179	6	218	6,6	257	-
180	8,9	219	-	258	6,3
181	8,7	220	-	259	-
182	8,8	221	-	260	6,7
183	8,3	222	-	261	-
184	8,1	223	4	262	7,1
185	9,3	224	-	263	-
186	7,3	225	5,4	264	5,8
187	9,4	226	6,6	265	-
188	1,4	227	-	266	6,9
189	8,4	228	-	267	-
190	3,6	229	4,3	268	7,4
191	8,6	230	7,5	269	7,4
192	7,6	231	7,9	270	-
193	10,4	232	9,3		
194	5,8	233	8,2		
195	-	234	9,3		
196	1,3	235	8,7		
197	7,1	236	9,2		
198	-	237	-		
199	-	238	9,9		
200	-	239	-		
201	3,1	240	8,3		
202	7,2	241	7,9		
203	6,3	242	6,5		
204	-	243	3,8		
205	5,4	244	6,1		
206	7,5	245	6,1		
207	5,4	246	-		
208	-	247	6,2		
209	6,4	248	-		