

6 Appendix

6.1 Protein Sequences

6.1.1 SODD-BAG Domain

	1	11	21	
1	GPLGSNQDQS	SSLPEECVPS	DESTPPSIKK	30
31	IIHVLEKVQY	LEQEVVEFVG	KKTDKAYWLL	60
61	EEMLTKELLE	LDSVETGGQD	SVRQARKEAV	90
91	CKIQAILLEKL	EKKG		

6.1.2 CI-B8

	1	11	21	
1	KAGMAAAAAS	RGVGAKLGLR	EIRIHLCQRS	30
31	PGSQGVRDFI	EKRYVELKKA	CSDVQPKLWA	60
61	RYAFGQETNV	PLNNEFSADQV	TRALENVLSG	90
91	K			

6.1.3 An1-like Zinc Finger

	1	11	21	
1	GSNKCERAGC	RQREMMKLTC	ERCSRNFCEIK	30
31	HRHPLDHDCS	GEGHPTS		

6.2 Chemical Shift Assignments

6.2.1 Assignment of the SODD-BAG Domain

	N	HN	CO	CA	HA	CB	HB*
A56	117,9	8,75	179,7	55,13	4,103	19,2	1,656
A85	121,9	7,712	180,6	54,92	4,222	17,99	1,495
A89	122,4	7,814	178,6	55,45	4,114	19,2	1,523
A95	121,4	7,976	181	55,05	4,251	17,86	1,578

	N	HN	CO	CA	HA	CB	HB1	HB2
C17	120,2	8,421	174,2	55,2	4,696	40,45	3,183	2,979
C91	116,5	8,383	177,6	58,65	4,336	39,73	3,25	3,152

	N	HN	CO	CA	HA	CB	HB1	HB2
D8	121,1	8,34	176,4	54,55	4,585	41,02	2,688	-
D21	122,6	8,472	176,7	54,46	4,631	41,08	2,707	2,581
D54	123,7	8,128	177,2	54,44	4,789	41,45	3,291	3,116
D72	119,7	8,026	177,1	56,55	4,532	40,81	2,835	2,717
D80	127,9	9,144	178,2	57,95	4,394	40,9	2,724	-

	N	HN	CO	CA	HA	CB	HB1	HB2	CG	HG1	HG2
E15	121,2	8,535	176,7	56,97	4,198	30,19	2,023	-	36,19	2,286	-
E16	121	8,505	176,2	56,56	4,292	30,16	2,036	1,961	36,06	2,25	-
E22	121,2	8,414	176,8	56,88	4,314	30,02	2,09	1,931	36,12	2,255	-
E36	120,7	8,214	179,2	59,45	4,058	29,33	2,095	-	36,39	2,274	-
E42	119,6	9,049	178,5	60,24	3,711	29,31	2,23	2,089	36,33	2,284	-
E44	118,5	7,719	180,1	59,3	3,994	29,53	2,095	-	35,99	2,212	-
E46	120,8	8,202	178,3	59,29	4,005	29,12	2,207	2,167	35,49	2,391	2,345
E47	114,8	7,672	176,3	56,31	4,178	30,17	2,178	1,937	36,23	2,415	-
E61	119,3	8,034	179,4	60,45	3,411	28,79	1,673	-	35,09	2,075	1,98
E62	120,7	8,583	179,1	59,39	3,922	29,21	1,971	-	35,95	2,098	-
E67	117,7	7,54	178,4	57,9	4,322	27,95	2,017	-	33,94	2,082	-
E70	121,1	7,995	180,3	59,41	4,066	29,18	2,289	2,045	35,9	2,296	-
E75	128,4	8,69	177,3	55,7	4,44	30	2,085	2,028	36,14	2,318	-
E88	117,8	8,216	179,3	59,39	4,003	29,43	2,09	-	36,48	-	2,396
E98	119,2	8,082	178,7	59,43	4,053	29,29	2,278	-	-	2,053	-
E101	117,7	8,234	179,5	58,7	4,394	29,09	2,168	-	35,95	2,469	2,355

	N	HN	CO	CA	HA	CB	HB1	HB2	CD1	CD2	HD1	HD2	CE1	HE1	CH	HH
F48	121,9	7,472	175,4	60,22	4,246	39,29	2,982	3,27	65,98	65,94	7,15	7,086	52,01	6,392	-	-

	N	HN	CO	CA	HA1	HA2
G1						
G4	110	8,419	174,3	45,2	3,998	3,958
G50	110,6	6,428	171,3	45,05	3,96	3,719
G77	112,2	8,973	175,3	46,47	3,965	-
G78	107,8	8,391	174,4	45,36	4,059	3,81
G104	111,8	7,761	178,8	46,48	4,128	3,599

	N	HN	CO	CA	HA	CB	HB1	HB2	CD2	HD2	CE1	HE1
H33	118,1	7,996	178	58,78	4,565	28,55	3,388	3,324	54,31	7,214	48,23	7,422

	N	HN	CO	CA	HA	CB	HB	CG1	CG2	HG11	HG12	HG2*	CD1	HD1*
I28	120,7	7,356	177,5	62,5	3,895	36,56	1,994	28,2	17,2	1,552	1,3	0,894	10,99	0,768
I31	119,8	7,598	177,3	65,87	3,463	38,12	1,986	29,96	17,62	1,994	-	0,821	14,4	0,808
I32	120	8,449	178,5	65,32	3,644	37,48	1,883	-	16,9	1,675	1,173	0,893	13,17	0,783
I93	119,1	8,064	178,3	66,17	3,536	37,38	1,893	30,32	18,41	1,843	0,862	0,885	13,91	0,71
I96	121,3	7,894	178	65,36	3,673	37,7	1,901	28,94	20,37	2,01	0,943	0,89	15,53	0,736

	N	HN	CO	CA	HA	CB	HB1	HB2	CG	HG1	HG2	CD	HD1	HD2	CE	HE1	HE2
K29	119,8	7,72	178,9	59,89	3,861	31,96	1,887	1,812	25,35	1,473	1,339	29,17	1,654	-	-	2,958	-
K30	118,3	7,789	178,7	59,53	4,128	32,26	1,965	-	25,12	1,537	1,39	28,95	1,715	-	-	-	-
K37	119,7	7,579	179,7	58,61	4,208	31,9	2,051	1,877	24,4	1,462	-	28,67	-	-	-	-	-
K51	118,3	8,574	178,2	53,68	5,085	37,06	1,95	1,714	24,45	1,465	-	28,48	1,756	1,693	41,85	3,032	-
K52	119,4	9,433	175,9	58,02	2,95	32,11	1,416	1,342	24,68	1,06	0,865	29,42	1,525	-	-	2,946	-
K55	125,1	8,842	178,4	59,29	3,908	31,83	1,845	-	24,62	1,47	-	28,99	1,736	-	-	-	-
K66	122,3	8,376	179,7	59,9	4,018	32,09	2,009	1,978	25,33	1,596	1,456	29,2	1,694	-	42,37	2,959	-
K87	119,8	8,01	178,8	59,56	4,003	32,16	-	-	24,59	1,464	-	29,43	1,696	1,607	41,63	3,003	-
K92	122,2	8,071	178,8	59,37	4,142	32,02	1,994	-	24,73	1,579	-	28,82	1,67	-	40,98	2,826	-
K99	-	-	179,4	59,77	3,96	32,38	2,044	1,877	25,58	1,327	-	29,86	1,774	1,658	38,55	2,936	-
K102	116,7	7,599	177,8	57,5	4,268	32,76	2,046	1,935	25,5	1,721	1,593	28,88	-	-	41,9	3,007	-
K103	119,4	7,91	175,9	56,53	4,613	33,59	2,246	2,134	25,26	1,841	-	29,68	1,865	1,815	-	3,167	-

	N	HN	CO	CA	HA	CB	HB1	HB2	CG	HG	CD1	CD2	HD1*	HD2*
L3	122,3	8,522	178	55,41	4,352	42,24	1,652	1,604	26,96	1,639	24,89	23,39	0,917	0,883
L13	125,2	8,244	175,3	53,04	4,619	41,81	1,571	-	-	-	-	-	-	-
L35	119	8,534	179,9	58,01	3,977	41,28	2,035	1,47	-	1,798	25,36	22,06	0,901	0,849
L41	120,2	7,88	178,5	57,62	3,887	41,93	2,001	1,176	-	-	26,6	-	0,757	-
L59	119,4	8,334	179,2	57,95	4,026	41,83	1,729	1,559	-	-	25,08	23,7	0,926	0,906
L60	119,7	7,254	178,3	58,09	3,916	41,91	1,639	-	26,76	1,625	24,64	23,77	0,591	0,704
L64	119,7	8,138	178,5	58,55	3,825	42,07	2,024	1,155	27,94	1,675	26,1	-	0,66	0,857
L68	119,9	7,727	179,7	58,54	3,975	41,45	1,917	1,81	26,73	1,706	25,15	-	0,93	-
L69	119,6	7,997	180,9	57,74	4,125	41,22	1,857	1,624	26,99	4,293	24,98	23,16	0,897	0,883
L71	118,6	7,858	179	57,13	4,071	41,66	2,147	1,322	27,48	1,623	23,75	24,03	0,686	0,888
L97	121,7	8,502	179,2	58,44	3,874	41,73	1,861	1,51	27,83	1,537	24,79	24,16	0,859	0,815
L100	120,4	8,247	178,6	57,95	3,849	41,23	1,984	1,243	26,02	1,202	25,44	22,52	0,189	0,252

	N	HN	CO	CA	HA	CB	HB1	HB2	CG	HG1	HG2	CE	HE*
M63	118,9	8,269	179,4	59,25	4,119	33,02	2,915	2,617	32,87	2,254	2,044	24,83	0,893

	N	HN	CO	CA	HA	CB	HB1	HB2	ND	HD21	HD22
N6	120,6	8,558	175,4	53,44	4,728	38,78	2,849	2,758	112,9	7,596	6,91

	N	HN	CO	CA	HA	CB	HB1	HB2	CG	HG1	HG2	CD	HD1	HD2
P2	-	-	177	63,08	4,475	32,28	2,319	1,949	27	2,009	-	49,57	3,564	-
P14	-	-	177,1	63,14	4,405	32,01	2,315	1,918	27,49	2,022	-	50,55	3,838	3,617
P19	-	-	177	63,15	4,441	32,23	2,311	1,95	27,44	2,05	-	51,02	3,872	3,686
P25	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
P26	-	-	178,9	65,27	4,239	31,96	2,429	2,046	27,63	2,222	-	50,86	3,902	-

	N	HN	CO	CA	HA	CB	HB1	HB2	CG	HG1	HG2	NE	HE21	HE22
Q7	120,3	8,349	175,8	56,15	4,316	29,28	2,128	1,965	33,73	2,341	-	112,4	7,511	6,825
Q9	120,8	8,347	176,3	55,99	4,377	29,21	2,178	1,997	33,73	2,376	-	112,4	7,51	6,832
Q39	120,2	8,047	178,8	59,3	4,186	28,17	2,178	2,101	33,93	-	2,388	111,6	7,38	6,824
Q43	118,6	7,305	178,1	58,64	4,063	27,76	2,208	-	33,48	2,451	2,408	112,2	7,759	6,797
Q79	119,3	7,714	176,7	55,04	4,502	29,33	2,213	-	33,78	2,491	2,415	111,9	7,483	6,843
Q84	118,7	8,578	177,7	58,79	4,073	27,97	2,176	2,08	33,17	2,449	-	112,5	7,841	6,857
Q94	118,6	8,818	178,7	59,6	3,996	27,95	2,243	2,072	34,16	2,563	2,345	110,3	7,188	6,673

	N	HN	CO	CA	HA	CB	HB1	HB2	CG	HG1	HG2	CD	HD1	HD2
R83	120,4	7,992	179,5	60,39	3,878	30,14	2,063	1,967	27,46	1,746	1,609	43,12	3,241	3,261
R86	118,9	8,632	177	60,28	3,844	30,15	2,069	1,961	27,43	1,611	-	43,59	3,343	2,986

	N	HN	CO	CA	HA	CB	HB1	HB2
S5	115,5	8,226	174,5	58,26	4,476	63,98	3,872	3,852
S10	116,9	8,41	174,8	58,86	4,446	63,78	3,906	-
S11	117,5	8,296	174,5	-	4,53	63,82	3,892	-
S12	117,8	8,281	174	58,17	4,497	63,89	3,846	3,698
S20	116,7	8,518	174,7	58,33	4,444	63,97	3,938	3,871
S23	116,2	8,338	174,7	58,8	4,446	63,75	3,898	-
S27	113,7	8,542	176	61,2	4,203	62,93	3,922	3,796
S73	112	7,518	174,4	58,75	4,483	64,08	4,048	3,993
S81	114,2	8,965	177,5	61,01	4,18	61,67	-	-

	N	HN	CO	CA	HA	CB	HB	CG2	HG2*
T24	119,8	8,015	172,1	60,4	4,498	69,71	3,94	21,48	1,217
T53	103,6	6,831	175,1	61,31	4,306	68,68	4,542	22,11	1,208
T65	114,9	8,284	176,8	67,05	3,785	68,26	4,27	21,49	1,239
T76	115	8,721	177,1	62,79	4,209	69,66	4,313	21,44	1,177

	N	HN	CO	CA	HA	CB	HB	CG1	CG2	HG1*	HG2*
V18	125	8,285	174,9	60,01	4,424	32,71	2,058	20,97	20,38	0,955	0,926
V34	121,3	8,082	178,4	66,74	3,674	-	2,344	22,34	21,25	1,118	0,993
V38	118,8	8,605	176,5	66,43	3,549	31,37	2,27	24,12	22	1,026	0,869
V45	120	8,365	178,2	67,04	3,468	31,39	2,042	24,15	20,92	0,863	0,945
V49	124,4	7,71	175	60,57	4,254	33,3	2,091	21,03	19,33	0,831	0,784
V74	123,1	7,302	175,2	63,12	3,857	31,98	2,111	22,16	21,19	1,047	0,835
V82	123,6	7,061	177,2	65,47	3,663	31,36	2,248	22,4	22,16	1,011	0,914
V90	119,5	8,532	178,5	67,15	3,378	31,6	2,245	23,69	21,06	1,079	0,886

	N	HN	CO	CA	HA	CB	HB1	HB2	NE1	HE1	CE3	HE3	CH	HH	CZ2	HZ2	CZ3	HZ3
W58	119,2	7,272	178,9	59,3	4,379	28,56	3,54	3,455	129,5	10,02	54,46	7,67	58,25	7,208	48,47	7,428	55,8	7,139

	N	HN	CO	CA	HA	CB	HB1	HB2	CD1	CD2	HD1	HD2	CE1	CE2	HE1	HE2
Y40	119	7,256	178,2	60,72	4,406	37,73	3,152	-	66,96	-	7,148	-	52,02	-	6,759	-
Y57	117,2	7,441	176,3	61,5	3,316	38,38	3,281	2,96	66,56	66,59	6,325	6,212	65,29	63,25	7,138	7,388

6.2.2 Assignment of the CI-B8

	N	HN	C	CA	CB	HA	QB
A2	125,6	8,396	177,6	52,65	19,1	4,26	1,375
A3	123,5	8,247	-	52,7	19,14	4,237	1,372
A4	122,8	8,182	-	52,71	19,02	4,248	1,369
A5	123	8,19	-	52,69	19,13	4,227	1,377
A6	122,6	8,167	178,1	52,72	19,12	4,296	1,397
A12	124,1	8,129	178,2	52,8	19,31	3,94	1,363
A47	118,2	7,464	176,9	52,76	19,33	4,27	1,473
A67	128,3	8,287	173,4	50,41	22,86	4,818	0,92
A70	123,4	8,764	177,6	54,44	19,01	3,933	1,246
A84	124	9,505	180,9	56,61	17,98	4,274	1,625
A90	122	7,823	180,3	55,06	17,69	4,171	1,491
A99	129,9	7,804	174,5	53,49	20,59	4,078	1,244

	N	HN	C	CA	CB	HA	QB
C24	118,7	8,396	-	63,59	58,6	-	-

	N	HN	C	CA	CB	HA	HB2	HB3
D35	120,3	8,583	178,3	57,58	40,9	4,409	3,016	2,759
D50	116,4	8,539	174,7	53,88	40,9	4,661	2,779	2,598
D60	120,6	8,097	175,4	53,58	42,39	4,582	2,672	2,476
D85	118,1	8,601	178,6	57,62	40,55	4,431	2,738	2,606

	N	HN	C	CA	CB	CG	HA	HB2	HB3	HG2	HG3	QB	QG
E18	116,7	7,224	173,3	56,82	33,58	37,03	4,567	2,264	1,876	2,28	2,102	-	-
E38	119	8,295	178,2	59,04	30,04	36,48	4,016	2,264	2,153	2,457	2,144	-	-
E43	119,2	7,836	179,1	58,99	29,27	36,09	3,907	-	-	2,298	2,21	1,993	-
E57	124,4	8,788	176,5	55,82	30,46	36,48	4,98	2,05	1,948	2,306	2,252	-	-
E74	121,5	8,513	176,4	55,03	32,53	36,6	5,186	-	-	2,339	2,118	1,877	-
E92	119,6	8,639	179,9	59,82	29,19	36,62	3,922	2,214	2,02	-	-	-	2,49

	N	HN	C	CA	CB	CD1	CD2	CE1	CE2	HA	HB2	HB3	QD	QE
F36	120,3	8,365	177	62,21	38,96	66	66,08	64,31	64,16	4,022	3,645	3,227	7,252	7,196
F71	113,6	8,081	176	57,3	38,14	65,36	65,36	-	-	4,638	3,324	3,147	7,254	-
F82	121,6	8,49	177,9	56,34	38,53	63,24	63,19	65,05	64,97	4,769	3,301	3,116	6,781	7,16

	N	HN	C	CA	HA1	HA2	QA
G9	109,6	8,365	174,2	45,23	-	-	3,976
G11	112	8,564	174,3	45,47	-	-	3,906
G15	108,2	8,389	174,2	46,28	-	-	3,994
G29	108,3	8,654	176,6	46,28	-	-	4,276
G32	109	8,759	176,6	46,61	4,636	4,045	-
G72	107,4	8,068	174,1	45,25	4,277	3,655	-
G97	110,1	7,847	174,2	46,32	4,108	3,98	-

	N	HN	C	CA	CB	CD2	HA	HB2	HB3	HD2
H22	127,2	9,364	174	54,7	30,3	58,57	5,193	3,273	2,846	6,564

	N	HN	C	CA	CB	CD1	CG1	CG2	HA	HB	HG12	HG13	QD1	QG1	QG2
I19	122,6	8,541	175,2	59,6	41,85	14,3	27,89	17,61	5,189	1,781	1,545	0,985	0,778	-	0,906
I21	123,8	9,254	174	60,83	38,84	13,72	27,26	17,63	4,446	1,784	-	-	0,784	1,58	0,664
I37	121,6	8,613	178,2	64,01	37,28	14,07	29,08	17,42	3,526	2,099	1,834	1,193	0,78	-	0,793
I53	124,9	8,017	175,3	60,83	39,12	13,93	26,87	17,56	4,967	1,796	-	-	0,815	1,982	0,878
I55	121,9	8,569	176,7	59,93	38,46	12,45	27,65	18,07	4,676	1,646	1,217	0,834	0,243	-	0,723

	N	HN	C	CA	CB	CD	CE	CG	HA	HB2	HB3	HD2	HD3	HG2	HG3	QB	QD	QE
K13	120,1	8,26	176,5	56,68	32,24	29,08	42,1	24,82	4,205	1,559	1,477	-	-	1,374	1,248	-	1,493	2,875
K39	114,3	7,807	178,4	57,72	34,98	28,74	-	25,52	4,43	-	-	-	-	1,543	1,436	1,8	-	-
K45	119,6	8,218	180	58,96	31,7	28,95	41,34	24,42	3,941	1,561	1,466	1,509	1,474	1,249	1,249	-	-	-
K46	118,8	7,804	178	58,96	32,55	29,3	41,76	25,06	3,904	-	-	-	-	1,555	1,388	1,824	1,614	2,879
K64	118,8	8,747	173,2	56,05	35,92	29,55	41,86	23,96	4,939	1,781	1,417	1,497	1,325	1,117	0,869	-	-	2,21
K98	120,4	8,087	175	56,1	33,3	28,99	42,08	24,61	4,335	1,84	1,592	-	-	1,386	1,386	-	1,629	2,954

	N	HN	C	CA	CB	CD1	CD2	CG	HA	HB2	HB3	HG	QB	QD1	QD2
L14	121,3	8,198	177,5	54,88	43,14	25,2	23,56	26,73	4,47	1,733	1,649	1,602	-	0,869	0,806
L16	123,4	8,105	176,9	56,33	42,84	24,03	23,72	27,04	3,736	-	-	1,279	1,454	0,609	0,448
L23	121,1	8,312	174,7	54,75	44,23	-	-	27,31	4,594	-	-	-	1,585	-	-
L44	122,2	7,944	179,5	57,93	42,09	25,86	24,84	27,07	4,08	-	-	1,638	1,725	0,996	0,974
L51	124,2	7,379	173	51,45	44,68	26,31	26,77	26,62	4,755	1,777	1,28	1,245	-	0,662	0,599
L54	128,7	8,936	175,3	53,97	44,81	25,2	23,52	27,27	4,812	1,674	1,516	1,673	-	0,894	0,891
L65	121,6	8,879	174,3	53,43	44,9	25,91	25,86	27,38	5,197	1,602	1,494	1,571	-	0,782	0,778
L79	118,6	7,349	176,5	52,19	44,28	26,54	23,54	26,41	3,221	1,435	0,851	1,581	-	0,681	0,487
L91	119,4	8,286	178,7	57,85	41,36	26,15	25,92	27,95	3,891	1,68	1,617	1,62	-	0,882	0,778
L95	120,4	8,593	178,1	57,74	41,84	25,84	23,42	27,25	3,949	1,881	1,488	1,647	-	0,792	0,695

	N	HN	C	CA	CB	CE	CG	HA	HB2	HB3	HG2	HG3	QE
M1	120	8,197	176,2	55,59	33,09	17,04	31,94	4,437	2,058	1,979	2,572	2,523	2,079

	N	HN	C	CA	CB	HA	HB2	HB3	HD21	HD22	ND2	QB
N48	115,9	7,284	176,9	51,51	41,01	5,187	2,622	2,584	7,265	7,729	115,5	-
N76	121,6	8,377	174,5	52,61	43,19	5,591	2,457	2,169	7,06	7,22	113,3	-
N80	117,4	7,603	176,2	55,81	38,3	4,073	2,824	2,631	6,91	7,648	112,9	-
N81	116,9	9,299	174,8	55,15	37,34	4,419	-	-	6,837	7,65	113,4	3,153
N93	118,4	8,231	177,8	55,93	37,48	4,446	3,076	2,756	6,759	7,628	110,9	-

	N	HN	C	CA	CB	CD	CG	HA	HB2	HB3	HD2	HD3	HG2	HG3	QD	QG
P28	-	-	178,7	64,61	32,05	-	27,55	4,541	2,439	2,046	-	-	-	-	-	2,133
P49	-	-	177,5	65,04	31,9	50,16	27,3	4,388	2,256	1,985	3,583	3,411	1,984	1,899	-	-
P52	-	-	175,4	63,23	31,73	50,67	28,03	4,43	2,255	2,002	-	-	2,271	1,979	3,956	-
P63	-	-	177,2	62,26	32,65	50,23	26,72	4,707	2,364	1,812	-	-	2,01	1,689	3,689	-
P78	-	-	176,3	63,38	32,58	51,16	27,46	4,294	2,362	1,93	3,965	3,807	-	-	-	2,125

	N	HN	C	CA	CB	CG	HA	HB2	HB3	HE21	HE22	NE2	QB	QG
Q25	122,5	8,281	174,8	56,23	30,86	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Q31	124	8,568	177,3	59,67	28,14	33,45	3,864	2,269	2,149	7,021	7,805	115	-	2,5
Q62	119,6	7,879	173,6	52,93	29,53	33,41	4,751	1,991	1,871	6,798	7,469	111,5	-	2,285
Q73	120,3	7,892	174,9	56,18	29,61	33,78	4,331	-	-	6,806	7,409	112	1,97	2,378
Q86	120,7	7,755	179,8	58,93	28,48	34,96	3,867	-	-	6,562	7,193	111,7	2,059	2,279

	N	HN	C	CA	CB	CD	CG	HA	HB2	HB3	HD2	HD3	HG2	HG3	QB	QD	QG
R8	122,4	8,258	176,7	56,17	30,85	43,22	27,14	4,351	1,897	1,774	-	-	-	-	-	3,164	1,637
R17	122	8,997	175,9	54,97	32,58	42,55	25,98	4,524	1,745	1,334	3,125	3,09	1,559	1,5	-	-	-
R20	123,6	9,873	174,6	54,33	34,59	43,7	27,53	5,435	1,971	1,35	-	-	-	-	-	-	1,549
R26	-	-	175,9	56,57	30,01	43,28	27,59	4,268	1,961	1,798	-	-	-	-	-	3,185	1,598
R34	120,9	8,145	178,4	59,88	29,12	43,11	27,13	3,863	2,06	1,868	-	-	1,742	1,61	-	3,202	-
R40	116,3	8,457	176,8	55,98	32,09	42,55	26,72	4,469	-	-	3,156	3,125	1,577	1,427	1,013	-	-
R56	128	8,882	174,9	52,73	32,52	42,51	26,58	4,63	1,43	0,705	-	-	-	-	-	-	-
R68	118,8	7,624	174,4	53,8	33,73	43,48	27,75	4,58	1,307	1,263	3,304	3,232	-	-	-	-	1,429
R89	119,8	7,729	177,9	58,76	29,93	43,05	27,08	4,056	-	-	-	-	-	-	1,819	3,181	1,683

	N	HN	C	CA	CB	HA	HB2	HB3	QB
S7	114,6	8,155	174,7	58,4	63,73	4,402	-	-	3,867
S27	115,6	7,645	-	55,93	63,9	4,907	-	-	3,841
S30	114,7	8,184	175,1	58,87	65,57	4,736	4,03	3,9	-
S59	-	-	173,7	58,81	63,88	4,511	3,79	3,72	-
S83	117,6	9,075	175,4	56,78	65,48	4,602	4,431	4,063	-
S96	111,3	7,925	175,3	58,86	64,19	4,53	-	-	4,011

	N	HN	C	CA	CB	CG2	HA	HB	QG2
T75	117,6	8,764	171,8	60,99	71,64	21,66	4,626	3,956	1,129
T88	116,7	8,259	176,1	67,71	68,72	21,69	3,665	4,5	1,3

	N	HN	C	CA	CB	CG1	CG2	HA	HB	QG1	QG2
V10	118,9	8,1	177	62,7	32,61	21,12	20,45	4,106	2,096	0,93	0,927
V33	120,9	7,567	177,7	65,97	31,31	23,14	23,74	3,747	2,185	1,069	0,971
V42	117,9	8,329	178,6	67,02	31	23,07	20,8	3,219	1,974	1,075	0,882
V61	116,5	8,58	176,1	63,85	31,98	22,13	20,41	3,885	2,25	0,855	0,874
V77	123,7	9,327	173,4	58,98	34,92	20,59	19,96	4,555	2,02	0,901	0,868
V87	122,4	8,56	176,6	67,22	31,4	24,42	21,14	3,478	2,118	1,051	0,191
V94	121,1	7,782	179,3	65,91	31,85	23,21	22,13	3,852	2,237	1,015	0,851

	N	HN	C	CA	CB	CD1	CH2	CZ2	HA	HB2	HB3	HD1	HE1	HH2	HZ2	NE1
W66	127,6	9,501	173,9	55,56	33,14	65,46	58,16	47,77	5,617	3,263	2,965	7,343	10,13	6,931	7,287	130,8

	N	HN	C	CA	CB	CD1	CD2	CE1	CE2	HA	HB2	HB3	QD	QE
Y41	120,4	7,584	175,5	61,87	40,26	66,34	66,36	51,67	51,63	3,894	3,14	2,98	6,946	6,705
Y69	125	8,775	176,5	56,96	40,8	66,84	66,63	51,83	51,84	4,838	3,081	2,544	6,771	6,625

6.2.3 Assignment of the An1-like Zinc Finger

	N	HN	C	CA	CB	HA	QB
A8	132,5	8,817	178,7	53,86	17,5	3,954	1,229

	N	HN	C	CA	CB	HA	HB2	HB3	QB
C5	128,1	8,383	175,8	59,46	31,44	3,935	-	-	2,941
C10	123,6	8,012	177,1	60,46	30,65	4,256	2,477	3,001	-
C20	129,5	8,916	177	59,18	31,57	4,423	2,907	3,491	-
C23	116,4	8,035	175,7	57,84	32,49	4,842	2,883	3,229	-
C28	118,5	9,42	176,4	57,09	30,25	4,873	2,779	3,495	-
C39	-	7,252	177,3	63,14	30,27	3,744	2,371	2,432	-

	N	HN	C	CA	CB	HA	HB2	HB3
D36	117,2	7,996	175,9	54,71	41,84	4,676	2,644	3,082

	N	HN	C	CA	CB	CG	HA	HB2	HB3	HG2	HG3	QG
E6	125,8	8,325	176,1	57,52	28,18	38,5	4,006	1,182	2,032	1,806	2,285	-
E14	121,4	8,454	177,5	54,15	31,49	35,95	4,605	1,961	2,228	-	-	2,308
E21	130,9	9,411	176,4	58,24	28,76	35,69	4,076	1,933	2,04	2,183	2,26	-
E42	120,4	8,3	176,7	56,1	30,22	35,85	4,195	1,769	1,921	-	-	2,117

	N	HN	C	CA	CB	CD2	HA	HB2	HB3	QD	QE
F27	118,3	8,008	174,4	56,74	45,6	131,6	5,647	2,015	3,186	6,764	-

	N	HN	C	CA	HA1	HA2	QA
G9	111,9	8,788	173,5	44,86	4,033	3,499	-
G41	113	8,848	173,3	44,83	-	-	3,702
G43	109,7	8,461	173,3	44,61	-	-	3,754

	N	HN	C	CA	CB	CD2	CE1	HA	HB2	HB3	HD1	HD2	HE1
H31	116,5	7,677	173,6	56,63	32,61	118,4	138,3	4,705	3,118	3,169	-	7,303	8,101
H33	122	9,049	-	56,06	28,88	-	138,3	4,799	2,964	3,069	-	-	7,799
H37	112,5	6,863	-	54,81	27,89	127	138,5	4,623	2,162	2,958	10,79	6,268	7,51
H44	118,7	8,231	-	53,11	28,16	-	-	4,818	2,991	3,74	-	-	-

	N	HN	C	CA	CB	CD	CD1	CG1	CG2	HA	HB	HG12	HG13	QD1	QG2
I29	117,8	8,715	178	64,31	38,1	-	13,48	29,17	17,37	3,503	1,665	1,075	1,362	0,757	0,779

	N	HN	C	CA	CB	CD	CE	CG	HA	HB2	HB3	HG2	HG3	QB	QD	QE	QG
K4	122,5	8,281	175,4	56,1	33,07	-	-	24,23	4,014	-	-	-	-	1,511	1,417	-	1,161
K17	123,3	8,381	175,5	56,4	32,45	28,79	-	24,92	3,969	1,469	1,524	0,973	1,159	-	1,4	-	-
K30	120,4	7,804	178,3	57,87	32,02	28,68	41,3	24,58	3,873	1,111	1,254	-	-	-	1,341	2,763	0,94

	N	HN	C	CA	CB	CD1	CD2	CG	HA	HB2	HB3	HG	QD1	QD2
L18	127,8	8,358	174,8	53,46	41,61	23,43	25,92	26,02	4,492	0,935	2,275	1,309	0,718	0,712
L35	117,4	9,486	179,2	56,84	41,19	22,79	24,63	26,79	3,95	1,335	1,565	1,565	0,723	0,735

	N	HN	C	CA	CB	HA	HB2	HB3	HD21	HD22	ND2
N3	119,9	8,331	173,6	52,55	39,82	4,607	2,313	2,511	6,648	6,855	114,2
N26	117,9	8,075	172,9	52,76	41,6	4,804	2,246	2,332	6,885	7,758	113,6

	N	HN	C	CA	CB	CD	CG	HA	HB2	HB3	HD2	HD3	HG2	HG3	QD	QG
P34	-	-	178,2	66,29	32,19	45,34	27,51	2,792	1,585	2,009	-	-	1,778	1,993	2,734	-
P45	-	-	177,3	62,96	31,99	50,42	27,14	4,421	1,872	2,198	3,454	3,613	-	-	-	1,881

	N	HN	C	CA	CB	CD	CG	HA	HB2	HB3	HE21	HE22	HG2	HG3	NE2
Q12	124,9	9,074	175,7	56,78	29,42	-	33,95	4,079	2,05	2,099	6,856	6,87	2,339	2,389	113,7

	N	HN	C	CA	CB	CD	CG	HA	HB2	HB3	HD2	HD3	HG2	HG3	QD	QG
R7	126,9	8,904	175,6	56,41	30,48	43,03	26,71	4,26	1,33	1,792	-	-	0,832	1,28	2,514	-
R11	128,9	8,985	176,2	55,14	29,82	42,83	26,95	4,445	-	1,861	-	-	-	-	3,066	1,534
R13	123,8	8,404	175,8	53,93	31,72	43,13	-	4,723	1,472	1,503	2,935	3,006	-	-	-	1,241
R22	121,8	9,26	177,1	57,42	31,52	42,98	26,94	4,249	1,633	1,968	-	-	-	-	3,046	1,555
R25	120,9	7,547	172,8	55,25	31,94	43,44	27,9	4,185	0,953	1,901	-	-	1,478	1,604	3,054	-
R32	120,1	7,24	176,4	59,21	29,19	43	25,94	3,685	1,656	1,853	2,875	3,018	1,309	1,617	-	-

	N	HN	C	CA	CB	HA	HB2	HB3	QB
S2	-	-	173,8	57,53	63,72	4,361	3,586	3,629	-
S24	115	7,953	172,8	60,33	61,52	4,021	-	-	3,896
S40	122,5	8,837	175,3	58,04	63,47	4,432	3,801	3,955	-
S47	123,1	7,883	-	59,33	64,04	-	-	-	-

	N	HN	C	CA	CB	CG2	HA	HB	QG2
T19	118,4	8,1	175,2	60,7	69,91	21,76	4,674	3,614	0,833
T46	114,6	8,403	173,8	61,48	69,51	21,35	4,266	4,2	1,112

6.3 Publications

Brockmann, C., Diehl, A., Rehbein, K., Strauss, H., Schmieder, P., Korn, B., Kuhne, R., Oschkinat, H. (2004) The oxidized subunit B8 from human complex I adopts a thioredoxin fold. *Structure.(Camb.)* 12: 1645-1654.

Waldmann, H., Karaguni, I.M., Carpintero, M., Gourzoulidou, E., Herrmann, C., **Brockmann, C., Oschkinat, H., Muller, O.** (2004) Sulindac-derived Ras pathway inhibitors target the Ras-Raf interaction and downstream effectors in the Ras pathway. *Angew.Chem.Int.Ed Engl.* 43: 454-458.

Brockmann, C., Leitner, D., Labudde, D., Diehl, A., Sievert, V., Bussow, K., Kuhne, R., Oschkinat, H. (2004) The solution structure of the SODD BAG domain reveals additional electrostatic interactions in the HSP70 complexes of SODD subfamily BAG domains. *FEBS Lett.* 558: 101-106.

Pires, J.R., Hong, X., **Brockmann, C., Volkmer-Engert, R., Schneider-Mergener, J., Oschkinat, H., Erdmann, R.** (2003) The ScPex13p SH3 domain exposes two distinct binding sites for Pex5p and Pex14p. *J.Mol.Biol.* 326: 1427-1435.

6.4 Structures

The Structures of the SODD-BAG domain and CI-B8 have been deposited in the PDB under the accession codes 1M7K and 1S3A, respectively.