



# NetMHCII 2.0 Server - prediction results

Technical University of Denmark

# Input is in FSA format  
NetMHCII version 2.0.

Strong binder threshold 50.00. Weak binder threshold 500.00.

Allele	pos	peptide	core	1-log50k(aff)	affinity(nM)	Bind Level
DRB1_0101	197	NLPWLAMGATGFISV	WLAMGATGF	0.8675	4.2	SB
DRB1_0101	246	CNAMSRLGGVTLSKA	MSRLGGVTL	0.8616	4.5	SB
DRB1_0101	196	LNLPLWAMGATGFIS	WLAMGATGF	0.8557	4.8	SB
DRB1_0101	92	AHSIRLAKACAAEGA	IRLAKACAA	0.8539	4.9	SB
DRB1_0101	198	LPWLAMGATGFISVI	WLAMGATGF	0.8515	5.0	SB
DRB1_0101	247	NAMSRLGGVTLSKAG	MSRLGGVTL	0.8440	5.4	SB
DRB1_0101	86	AGTYDTAHSIRLAKA	YDTAHSIRL	0.8421	5.5	SB
DRB1_0101	195	ALNLPWAMGATGFI	WLAMGATGF	0.8393	5.7	SB
DRB1_0101	245	LCNAMSRLGGVTLSK	MSRLGGVTL	0.8312	6.2	SB
DRB1_0101	93	HSIRLAKACAAEGAH	IRLAKACAA	0.8305	6.3	SB
DRB1_0101	91	TAHSIRLAKACAAEG	IRLAKACAA	0.8283	6.4	SB
DRB1_0101	199	PWLAMGATGFISVIA	WLAMGATGF	0.8275	6.5	SB
DRB1_0101	26	GSLDTATAARLANHL	DTATAARLA	0.8236	6.7	SB
DRB1_0101	205	ATGFISVIAHLAGQ	FISVIAHLA	0.8234	6.8	SB
DRB1_0101	206	TGFISVIAHLAGQL	FISVIAHLA	0.8215	6.9	SB
DRB1_0101	85	GAGTYDTAHSIRLAK	YDTAHSIRL	0.8206	7.0	SB
DRB1_0101	248	AMSRLGGVTLSKAGL	MSRLGGVTL	0.8180	7.2	SB
DRB1_0101	87	GTYDTAHSIRLAKAC	YDTAHSIRL	0.8167	7.3	SB
DRB1_0101	209	ISVIAHLAGQLREL	IAHLAGQL	0.8155	7.4	SB
DRB1_0101	138	PMLLYDIPGRSAVPI	LYDIPGRSA	0.8150	7.4	SB
DRB1_0101	207	GFISVIAHLAGQLR	IAHLAGQL	0.8129	7.6	SB
DRB1_0101	112	VTPYYSKPPQRLQA	YYSKPPQRG	0.8127	7.6	SB
DRB1_0101	204	GATGFISVIAHLAG	FISVIAHLA	0.8113	7.7	SB
DRB1_0101	25	DGSLDTATAARLANH	LDTATAARL	0.8098	7.8	SB
DRB1_0101	200	WLAMGATGFISVIAH	WLAMGATGF	0.8081	8.0	SB
DRB1_0101	208	FISVIAHLAGQLRE	IAHLAGQL	0.8070	8.1	SB
DRB1_0101	89	YDTAHSIRLAKACAA	IRLAKACAA	0.8055	8.2	SB
DRB1_0101	244	PLCNAMSRLGGVTLS	MSRLGGVTL	0.8047	8.3	SB
DRB1_0101	90	DTAHSIRLAKACAAE	IRLAKACAA	0.8044	8.3	SB
DRB1_0101	194	DALNLPWAMGATGF	WLAMGATGF	0.8035	8.4	SB
DRB1_0101	94	SIRLAKACAAEGAHG	IRLAKACAA	0.7988	8.8	SB
DRB1_0101	139	MLLYDIPGRSAVPIE	LYDIPGRSA	0.7976	8.9	SB
DRB1_0101	98	AKACAAEGAHGLLVV	CAAEGAHGL	0.7964	9.0	SB
DRB1_0101	203	MGATGFISVIAHLAA	FISVIAHLA	0.7942	9.3	SB
DRB1_0101	84	AGAGTYDTAHSIRLA	YDTAHSIRL	0.7941	9.3	SB
DRB1_0101	210	SVIAHLAGQLRELL	IAHLAGQL	0.7900	9.7	SB
DRB1_0101	27	SLDTATAARLANHLV	DTATAARLA	0.7871	10.0	SB
DRB1_0101	88	TYDTAHSIRLAKACA	YDTAHSIRL	0.7810	10.7	SB
DRB1_0101	249	MSRLGGVTLSKAGLR	MSRLGGVTL	0.7777	11.1	SB
DRB1_0101	63	GEKIELLRVLEAVG	IELLRVLE	0.7771	11.2	SB
DRB1_0101	243	APLCNAMSRLGGVTL	MSRLGGVTL	0.7764	11.2	SB

DRB1_0101	113	TPYYSKPPQRLQAH	YYSKPPQRG	0.7732	11.6	SB
DRB1_0101	24	GDGSLDTATAARLAN	LDTATAARL	0.7715	11.9	SB
DRB1_0101	202	AMGATGFISVIAHLA	FISVIAHLA	0.7705	12.0	SB
DRB1_0101	95	IRLAKACAAEGAHGL	IRLAKACAA	0.7696	12.1	SB
DRB1_0101	69	LRVLEAVGDRARVI	VLEAVGDRA	0.7642	12.8	SB
DRB1_0101	111	VVTPYYSKPPQRLQ	YYSKPPQRG	0.7620	13.1	SB
DRB1_0101	99	KACAAEGAHGLLVVT	CAAEGAHGL	0.7617	13.2	SB
DRB1_0101	62	DGEKIELLRVLEAV	IELLRVLE	0.7547	14.2	SB
DRB1_0101	211	VIAHLAAGQLRELLS	IAHLAAGQL	0.7473	15.4	SB
DRB1_0101	97	LAKACAAEGAHGLLV	CAAEGAHGL	0.7469	15.5	SB
DRB1_0101	83	IAGAGTYDTAHSIRL	YDTAHSIRL	0.7465	15.5	SB
DRB1_0101	140	LLYDIPGRSAVPIEP	LYDIPGRSA	0.7446	15.8	SB
DRB1_0101	137	LPMLLYDIPGRSAVP	LYDIPGRSA	0.7441	15.9	SB
DRB1_0101	64	EKIELLRVLEAVGD	IELLRVLE	0.7381	17.0	SB
DRB1_0101	23	SGDGLDTATAARLA	LDTATAARL	0.7378	17.1	SB
DRB1_0101	136	ELPMLLYDIPGRSAV	LYDIPGRSA	0.7371	17.2	SB
DRB1_0101	236	RKINIAVAPLCNAMS	NIAVAPLCN	0.7328	18.0	SB
DRB1_0101	28	LDTATAARLANHLVD	DTATAARLA	0.7320	18.2	SB
DRB1_0101	187	LAYYSGDDALNLPWL	YSGDDALNL	0.7252	19.6	SB
DRB1_0101	114	PYYSKPPQRLQAHF	YYSKPPQRG	0.7252	19.6	SB
DRB1_0101	235	ARKINIAVAPLCNAM	NIAVAPLCN	0.7243	19.8	SB
DRB1_0101	104	EGAHGLLVVTPYYSK	LLVVTPYYYS	0.7242	19.8	SB
DRB1_0101	105	GAHGLLVVTPYYSKP	LLVVTPYYYS	0.7238	19.9	SB
DRB1_0101	106	AHGLLVVTPYYSKPP	LLVVTPYYYS	0.7227	20.1	SB
DRB1_0101	239	NIAVAPLCNAMSRLG	VAPLCNAMS	0.7213	20.4	SB
DRB1_0101	61	TDGEKIELLRVLEA	IELLRVLE	0.7169	21.4	SB
DRB1_0101	30	TATAARLANHLVDQG	AARLANHLV	0.7159	21.6	SB
DRB1_0101	10	RLGTLTAMVTPFSG	LTAMVTPFS	0.7157	21.7	SB
DRB1_0101	110	LVVTPYYSKPPQRLG	YYSKPPQRG	0.7135	22.2	SB
DRB1_0101	65	KIELLRVLEAVGDR	IELLRVLE	0.7134	22.2	SB
DRB1_0101	9	ARLGTLLTAMVTPFS	GTLLTAMVT	0.7119	22.6	SB
DRB1_0101	212	IAHLAAGQLRELLSA	IAHLAAGQL	0.7052	24.3	SB
DRB1_0101	12	GTLLTAMVTPFSGDG	LTAMVTPFS	0.7045	24.5	SB
DRB1_0101	4	GFDVAARLGTLLTAM	VAARLGTLL	0.7005	25.5	SB
DRB1_0101	216	AAGQLRELLSAFGSG	RELLSAFG	0.7000	25.7	SB
DRB1_0101	100	ACAAEGAHGLLVVTP	CAAEGAHGL	0.6990	26.0	SB
DRB1_0101	217	AGQLRELLSAFGSGD	RELLSAFG	0.6989	26.0	SB
DRB1_0101	115	YYSKPPQRLQAHFT	YYSKPPQRG	0.6965	26.7	SB
DRB1_0101	238	INIAVAPLCNAMSRL	VAPLCNAMS	0.6937	27.5	SB
DRB1_0101	154	PDTIRAASHPNIVGV	IRAASHPNI	0.6920	28.0	SB
DRB1_0101	11	LGTLLTAMVTPFSGD	LTAMVTPFS	0.6908	28.4	SB
DRB1_0101	237	KINIAVAPLCNAMSR	NIAVAPLCN	0.6898	28.7	SB
DRB1_0101	29	DTATAARLANHLVDQ	AARLANHLV	0.6898	28.7	SB
DRB1_0101	253	GGVTLKAGLRLQGI	TLKAGLRL	0.6897	28.7	SB
DRB1_0101	218	GQLRELLSAFGSGDI	RELLSAFGS	0.6887	29.0	SB
DRB1_0101	70	RAVLEAVGDRARVIA	VLEAVGDRA	0.6857	30.0	SB
DRB1_0101	96	RLAKACAAEGAHGLL	CAAEGAHGL	0.6854	30.1	SB
DRB1_0101	8	AARLGTLLTAMVTPF	LGTLLTAMV	0.6838	30.6	SB
DRB1_0101	234	TARKINIAVAPLCNA	INIAVAPLC	0.6797	32.0	SB
DRB1_0101	22	FSGDGLDTATAARL	LDTATAARL	0.6793	32.1	SB
DRB1_0101	0	VTTVGFVDVAARLGT	VGFVDVAARL	0.6789	32.3	SB
DRB1_0101	103	AEGAHGLLVVTPYYYS	LLVVTPYYYS	0.6780	32.6	SB
DRB1_0101	281	PEQIDALAADMRAAS	IDALAADMR	0.6765	33.1	SB
DRB1_0101	5	FDVAARLGTLLTAMV	VAARLGTLL	0.6738	34.1	SB
DRB1_0101	242	VAPLCNAMSRLGGVT	LCNAMSRLG	0.6731	34.4	SB
DRB1_0101	224	LSAFSGDIATARKI	FGSGDIATA	0.6715	35.0	SB
DRB1_0101	186	GLAYYSGDDALNLPW	YSGDDALNL	0.6708	35.2	SB
DRB1_0101	252	LGGVTLKAGLRLQG	TLKAGLRL	0.6706	35.3	SB
DRB1_0101	6	DVAARLGTLLTAMVT	LGTLLTAMV	0.6702	35.4	SB
DRB1_0101	68	LLRVLEAVGDRARV	VLEAVGDRA	0.6687	36.0	SB

DRB1_0101	31	ATAARLANHLVDQGC	AARLANHLV	0.6658	37.2	SB
DRB1_0101	240	IAVAPLCNAMSRLGG	VAPLCNAMS	0.6655	37.3	SB
DRB1_0101	60	TTDGEKIELLRVAVLE	IELLRVAVLE	0.6653	37.4	SB
DRB1_0101	220	LRELLSAFGSGDIAT	LLSAFGSGD	0.6649	37.5	SB
DRB1_0101	118	KPPQRGLQAHFTAVA	QRGLQAHFT	0.6637	38.1	SB
DRB1_0101	7	VAARLGTLTAMVTP	LGTLLTAMV	0.6633	38.2	SB
DRB1_0101	3	VGFDVAARLGTLTLLTA	VAARLGTLTLL	0.6581	40.4	SB
DRB1_0101	141	LYDIPGRSAVPIEPD	LYDIPGRSA	0.6574	40.7	SB
DRB1_0101	155	DTIRAASHPNIVGVK	IRAASHPNI	0.6569	41.0	SB
DRB1_0101	66	IELLRVAVLEAVGDRA	IELLRVAVLE	0.6567	41.0	SB
DRB1_0101	107	HGLLVVTPYYSKPPQ	LLVVTPYYS	0.6566	41.1	SB
DRB1_0101	219	QLRELLSAFGSGDIA	RELLSAFGS	0.6561	41.3	SB
DRB1_0101	215	LAAGQLRELLSAFGS	LRELLSAFG	0.6497	44.2	SB
DRB1_0101	284	IDALAADMRAASVLR	AADMRAASV	0.6478	45.2	SB
DRB1_0101	254	GVTLKAGLRLQGID	TLKAGLRL	0.6475	45.3	SB
DRB1_0101	191	SGDDALNLPWLAMGA	DALNLPWLA	0.6459	46.1	SB
DRB1_0101	282	EQIDALAADMRAASV	IDALAADMR	0.6441	47.0	SB
DRB1_0101	101	CAAEGAHGLLVVTPY	CAAEGAHGL	0.6429	47.6	SB
DRB1_0101	241	AVAPLCNAMSRLGGV	YCNAMSRLG	0.6427	47.7	SB
DRB1_0101	188	AYYSGDDALNLPWLA	LSGDDALNL	0.6419	48.2	SB
DRB1_0101	13	TLTAMVTPFSGDGS	LTAMVTPFS	0.6412	48.6	SB
DRB1_0101	135	TELPMLLYDIPGRSA	LYDIPGRSA	0.6379	50.3	WB
DRB1_0101	1	TTVGFDVAARLGTLTLL	VGFDVAARL	0.6344	52.2	WB
DRB1_0101	2	TVGFDVAARLGTLTLLT	FDVAARLGT	0.6337	52.6	WB
DRB1_0101	221	RELLSAFGSGDIATA	LSAFSGSDI	0.6319	53.7	WB
DRB1_0101	251	RLGGVTLKAGLRLQ	VTLSKAGLR	0.6313	54.0	WB
DRB1_0101	283	QIDALAADMRAASVL	IDALAADMR	0.6303	54.6	WB
DRB1_0101	178	GAQIMADTGLAYYSG	IMADTGLAY	0.6281	55.9	WB
DRB1_0101	156	TIRAASHPNIVGVKD	IRAASHPNI	0.6254	57.6	WB
DRB1_0101	280	TPEQIDALAADMRAA	IDALAADMR	0.6251	57.7	WB
DRB1_0101	233	ATARKINIAVAPLCN	INIAVAPLC	0.6243	58.3	WB
DRB1_0101	153	EPDTIRAASHPNIVG	IRAASHPNI	0.6210	60.4	WB
DRB1_0101	117	SKPPQRGLQAHFTAV	QRGLQAHFT	0.6202	60.9	WB
DRB1_0101	171	AKADLHSGAQIMADT	DLHSGAQIM	0.6169	63.1	WB
DRB1_0101	119	PPQRGLQAHFTAVAD	QRGLQAHFT	0.6163	63.5	WB
DRB1_0101	255	VTLSKAGLRLQGIDV	TLKAGLRL	0.6132	65.7	WB
DRB1_0101	172	KADLHSGAQIMADTG	LHSGAQIMA	0.6097	68.3	WB
DRB1_0101	227	FGSGDIATARKINIA	GDIATARKI	0.6087	69.0	WB
DRB1_0101	120	PQRGLQAHFTAVADA	QRGLQAHFT	0.6083	69.3	WB
DRB1_0101	121	QRGLQAHFTAVADAT	QRGLQAHFT	0.6057	71.3	WB
DRB1_0101	32	TAARLANHLVDQGCD	AARLANHLV	0.6056	71.3	WB
DRB1_0101	162	HPNIVGVKDAKADLH	IVGVKDAKA	0.6047	72.0	WB
DRB1_0101	256	TLKAGLRLQGIDVG	GLRLQGIDV	0.6030	73.4	WB
DRB1_0101	79	RARVIAGAGTYDTAH	VIAGAGTYD	0.6026	73.7	WB
DRB1_0101	109	LLVVTPYYSKPPQRG	YYSKPPQRG	0.5986	76.9	WB
DRB1_0101	192	GDDALNLPWLAMGAT	DALNLPWLA	0.5955	79.6	WB
DRB1_0101	177	SGAQIMADTGLAYYS	IMADTGLAY	0.5929	81.9	WB
DRB1_0101	189	YYSGDDALNLPWLAM	YSGDDALNL	0.5920	82.6	WB
DRB1_0101	214	HLAAGQLRELLSAFG	LRELLSAFG	0.5912	83.4	WB
DRB1_0101	190	YSGDDALNLPWLAMG	DALNLPWLA	0.5868	87.5	WB
DRB1_0101	250	SRLGGVTLKAGLRL	VTLSKAGLR	0.5862	88.0	WB
DRB1_0101	130	AVADATELPMLLYDI	DATELPMLL	0.5846	89.6	WB
DRB1_0101	185	TGLAYYSGDDALNLP	YSGDDALNL	0.5843	89.8	WB
DRB1_0101	223	LLSAFGSGDIATARK	FGSGDIATA	0.5806	93.5	WB
DRB1_0101	108	GLLVVTPYYSKPPQR	LLVVTPYYS	0.5793	94.8	WB
DRB1_0101	184	DTGLAYYSGDDALNL	YSGDDALNL	0.5790	95.2	WB
DRB1_0101	257	LSKAGLRLQGIDVGD	GLRLQGIDV	0.5786	95.6	WB
DRB1_0101	225	SAFGSGDIATARKIN	FGSGDIATA	0.5770	97.2	WB
DRB1_0101	71	AVLEAVGDRARVIAG	VLEAVGDRA	0.5752	99.1	WB
DRB1_0101	258	SKAGLRLQGIDVGDP	GLRLQGIDV	0.5734	101.0	WB

DRB1_0101	67	ELLRAVLEAVGDRAR	VLEAVGDRA	0.5717	102.9	WB
DRB1_0101	213	AHLAAGQLRELLSAF	LAAGQLREL	0.5678	107.3	WB
DRB1_0101	152	IEPDTIRAASHPNIV	IRAASHPNI	0.5677	107.5	WB
DRB1_0101	278	AATPEQIDALAADM	PEQIDALAA	0.5676	107.6	WB
DRB1_0101	193	DDALNLPWLAMGATG	NLPWLAMGA	0.5673	107.9	WB
DRB1_0101	232	IATARKINIAVAPLC	KINIAVAPL	0.5672	108.1	WB
DRB1_0101	279	ATPEQIDALAADMRA	IDALAADM	0.5655	110.1	WB
DRB1_0101	176	HSGAQIMADTGLAYY	AQIMADTGL	0.5653	110.4	WB
DRB1_0101	264	LQGIDVGDPRLPQVA	IDVGDPRLP	0.5649	110.7	WB
DRB1_0101	128	FTAVADATELPMMLY	DATELPMML	0.5648	111.0	WB
DRB1_0101	226	AFGSGDIATARKINI	GDIATARKI	0.5640	111.9	WB
DRB1_0101	14	LLTAMVTPFSGDGS	LTAMVTPFS	0.5592	117.8	WB
DRB1_0101	131	VADATELPMMLYDIP	DATELPMML	0.5566	121.2	WB
DRB1_0101	179	AQIMADTGLAYYS	IMADTGLAY	0.5565	121.3	WB
DRB1_0101	222	ELLSAFGSGDIATAR	LSAFGSGDI	0.5545	124.0	WB
DRB1_0101	116	YSKPPQRGLQAHFTA	QRGLQAHFT	0.5532	125.7	WB
DRB1_0101	201	LAMGATGFISVIAHL	AMGATGFIS	0.5527	126.4	WB
DRB1_0101	129	TAVADATELPMMLYD	DATELPMML	0.5527	126.5	WB
DRB1_0101	157	IRAASHPNIVGVKDA	IRAASHPNI	0.5507	129.2	WB
DRB1_0101	72	VLEAVGDRARVIAGA	AVGDRARVI	0.5469	134.7	WB
DRB1_0101	77	GDRARVIAGAGTYDT	ARVIAGAGT	0.5453	137.0	WB
DRB1_0101	228	GSGDIATARKINIAV	GDIATARKI	0.5433	139.9	WB
DRB1_0101	163	PNIVGVKDAKADLHS	IVGVKDAKA	0.5395	145.9	WB
DRB1_0101	169	KDAKADLHSGAQIMA	DLHSGAQIM	0.5361	151.3	WB
DRB1_0101	132	ADATELPMMLYDIPG	DATELPMML	0.5359	151.7	WB
DRB1_0101	127	HFTAVADATELPMML	DATELPMML	0.5354	152.4	WB
DRB1_0101	133	DATELPMMLYDIPGR	DATELPMML	0.5352	152.7	WB
DRB1_0101	170	DAKADLHSGAQIMAD	DLHSGAQIM	0.5337	155.3	WB
DRB1_0101	80	ARVIAGAGTYDTAHS	VIAGAGTYD	0.5327	157.0	WB
DRB1_0101	33	AARLANHLVDQGCDG	AARLANHLV	0.5268	167.3	WB
DRB1_0101	78	DRARVIAGAGTYDTA	VIAGAGTYD	0.5249	170.8	WB
DRB1_0101	173	ADLHSGAQIMADTGL	LHSGAQIMA	0.5221	176.0	WB
DRB1_0101	126	AHFTAVADATELPM	TAVADATEL	0.5198	180.4	WB
DRB1_0101	259	KAGLRLQGIDVGDPR	GLRLQGIDV	0.5157	188.8	WB
DRB1_0101	161	SHPNIVGVKDAKADL	IVGVKDAKA	0.5143	191.6	WB
DRB1_0101	229	SGDIATARKINIAVA	GDIATARKI	0.5095	201.8	WB
DRB1_0101	123	GLQAHFTAVADATEL	HFTAVADAT	0.5014	220.2	WB
DRB1_0101	134	ATELPMMLYDIPGRS	ELPMMLYDI	0.5013	220.6	WB
DRB1_0101	175	LHSGAQIMADTGLAY	GAQIMADTG	0.5010	221.2	WB
DRB1_0101	102	AAEGAHGLLVVTPYY	AEGAHGLLV	0.4999	223.9	WB
DRB1_0101	231	DIATARKINIAVAPL	KINIAVAPL	0.4970	230.9	WB
DRB1_0101	164	NIVGVKDAKADLHSG	IVGVKDAKA	0.4954	235.0	WB
DRB1_0101	124	LQAHFTAVADATELP	HFTAVADAT	0.4856	261.4	WB
DRB1_0101	59	TTTTDGEKIELLRAVL	TDGEKIELL	0.4809	275.0	WB
DRB1_0101	180	QIMADTGLAYYS	IMADTGLAY	0.4790	280.6	WB
DRB1_0101	174	DLHSGAQIMADTGLA	LHSGAQIMA	0.4786	281.8	WB
DRB1_0101	125	QAHFTAVADATELPM	FTAVADATE	0.4777	284.6	WB
DRB1_0101	42	DQGCGLVVSGTTGE	CDGLVVSGT	0.4775	285.2	WB
DRB1_0101	122	RGLQAHFTAVADATE	LQAHFTAVA	0.4772	286.2	WB
DRB1_0101	277	VAATPEQIDALAADM	PEQIDALAA	0.4727	300.4	WB
DRB1_0101	41	VDQGCGLVVSGTTG	CDGLVVSGT	0.4697	310.4	WB
DRB1_0101	40	LVDQGCGLVVSGTT	CDGLVVSGT	0.4690	312.8	WB
DRB1_0101	39	HLVDQGCGLVVSGT	DQGCGLVV	0.4689	312.9	WB
DRB1_0101	75	AVGDRARVIAGAGTY	ARVIAGAGT	0.4662	322.4	WB
DRB1_0101	19	VTPFSGDGS	FSGDGSLDT	0.4651	326.2	WB
DRB1_0101	263	RLQGIDVGDPRLPQV	IDVGDPRLP	0.4601	344.2	WB
DRB1_0101	43	QGCGLVVSGTTGES	CDGLVVSGT	0.4582	351.6	WB
DRB1_0101	151	PIEPDTIRAASHPNI	IRAASHPNI	0.4571	355.9	WB
DRB1_0101	58	PTTTDGEKIELLRAV	TDGEKIELL	0.4525	373.9	WB
DRB1_0101	73	LEAVGDRARVIAGAG	AVGDRARVI	0.4510	380.1	WB

DRB1_0101	76	VGDRARVIAGAGTYD	ARVIAGAGT	0.4468	397.6	WB
DRB1_0101	230	GDIATARKINIAVAP	GDIATARKI	0.4454	403.6	WB
DRB1_0101	265	QGIDVGDPRLPQVAA	IDVGDPRLP	0.4411	422.9	WB
DRB1_0101	15	LTAMVTPFSGDGLD	LTAMVTPFS	0.4410	423.5	WB
DRB1_0101	260	AGLRLQGIDVGDPRL	GLRLQGIDV	0.4405	425.7	WB
DRB1_0101	81	RVIAGAGTYDTAHSI	IAGAGTYDT	0.4393	431.0	WB
DRB1_0101	273	RLPQVAATPEQIDAL	QVAATPEQI	0.4337	458.1	WB
DRB1_0101	165	IVGVKDAKADLHSGA	IVGVKDAKA	0.4296	478.9	WB
DRB1_0101	168	VKDAKADLHSGAQIM	DLHSGAQIM	0.4221	519.2	
DRB1_0101	38	NHLVDQGCGLVVS	DQGCGLVV	0.4185	540.0	
DRB1_0101	44	GCDGLVVSGETTGES	CDGLVVS	0.4170	549.1	
DRB1_0101	74	EAVGDRARVIAGAGT	AVGDRARVI	0.4157	556.6	
DRB1_0101	181	IMADTGLAYYSGDDA	IMADTGLAY	0.4109	586.6	
DRB1_0101	261	GLRLQGIDVGDPRLP	GLRLQGIDV	0.3988	668.6	
DRB1_0101	159	AASHPNIVGVKDAKA	IVGVKDAKA	0.3975	677.6	
DRB1_0101	160	ASHPNIVGVKDAKAD	IVGVKDAKA	0.3902	733.9	
DRB1_0101	183	ADTGLAYYSGDDALN	YYSGDDALN	0.3895	738.8	
DRB1_0101	57	SPTTTDGEKIELLRA	TDGEKIELL	0.3853	773.6	
DRB1_0101	37	ANHLVDQGCGLVVS	DQGCGLVV	0.3840	784.6	
DRB1_0101	20	TPFSGDGLDGTATAA	FSGDGLDGT	0.3833	790.8	
DRB1_0101	18	MVTPFSGDGLDGTAT	FSGDGLDGT	0.3826	796.6	
DRB1_0101	45	CDGLVVSGETTGESPT	CDGLVVS	0.3804	816.0	
DRB1_0101	275	PQVAATPEQIDALAA	PEQIDALAA	0.3794	824.1	
DRB1_0101	276	QVAATPEQIDALAAD	PEQIDALAA	0.3712	901.2	
DRB1_0101	266	GIDVGDPRLPQVAAT	IDVGDPRLP	0.3676	937.1	
DRB1_0101	146	GRSAVPIEPDTIRAA	AVPIEPDTI	0.3490	1145.5	
DRB1_0101	21	PFSGDGLDGTATAAR	FSGDGLDGT	0.3469	1171.4	
DRB1_0101	262	LRLQGIDVGDPRLPQ	IDVGDPRLP	0.3441	1208.1	
DRB1_0101	274	LPQVAATPEQIDALA	QVAATPEQI	0.3380	1291.1	
DRB1_0101	270	GDPRLPQVAATPEQI	RLPQVAATP	0.3342	1344.2	
DRB1_0101	56	ESPTTTDGEKIELLR	TDGEKIELL	0.3337	1351.7	
DRB1_0101	16	TAMVTPFSGDGLDGT	VTPFSGDGS	0.3323	1373.1	
DRB1_0101	82	VIAGAGTYDTAHSIR	IAGAGTYDT	0.3316	1383.4	
DRB1_0101	17	AMVTPFSGDGLDGT	FSGDGLDGT	0.3297	1412.2	
DRB1_0101	272	PRLPQVAATPEQIDA	QVAATPEQI	0.3295	1414.2	
DRB1_0101	36	LANHLVDQGCGLVV	DQGCGLVV	0.3293	1417.2	
DRB1_0101	267	IDVGDPRLPQVAATP	IDVGDPRLP	0.3263	1464.1	
DRB1_0101	182	MADTGLAYYSGDDAL	DTGLAYYS	0.3086	1773.8	
DRB1_0101	271	DPRLPQVAATPEQID	RLPQVAATP	0.3072	1800.1	
DRB1_0101	55	GESPTTTDGEKIELL	TDGEKIELL	0.2984	1981.5	
DRB1_0101	269	VGDPRLPQVAATPEQ	PRLPQVAAT	0.2919	2125.6	
DRB1_0101	147	RSAPVPIEPDTIRAAS	AVPIEPDTI	0.2913	2138.7	
DRB1_0101	145	PGRSAVPIEPDTIRA	AVPIEPDTI	0.2786	2454.7	
DRB1_0101	47	GLVVSGETTGESPTTT	VSGTTGES	0.2752	2546.9	
DRB1_0101	150	VPIEPDTIRAASHPN	TIRAASHPN	0.2749	2552.8	
DRB1_0101	50	VSGTTGESPTTTDGE	TTGESPTTT	0.2736	2590.5	
DRB1_0101	268	DVGDPRLPQVAATPE	GDPRLPQVA	0.2699	2696.8	
DRB1_0101	34	ARLANHLVDQGCGL	ANHLVDQGC	0.2676	2763.9	
DRB1_0101	142	YDIPGRSAVPIEPDT	YDIPGRSAV	0.2654	2829.5	
DRB1_0101	49	VVSGTTGESPTTTDG	TTGESPTTT	0.2591	3031.7	
DRB1_0101	148	SAVPIEPDTIRAASH	AVPIEPDTI	0.2577	3076.2	
DRB1_0101	144	IPGRSAVPIEPDTIR	AVPIEPDTI	0.2560	3132.2	
DRB1_0101	143	DIPGRSAVPIEPDTI	GRSAVPIEP	0.2524	3256.7	
DRB1_0101	48	LVVSGTTGESPTTTD	TTGESPTTT	0.2515	3288.5	
DRB1_0101	46	DGLVVSGETTGESPTT	VVSGTTGES	0.2457	3501.9	
DRB1_0101	149	AVPIEPDTIRAASHP	IEPDTIRAA	0.2430	3605.8	
DRB1_0101	158	RAASHPNIVGVKDAK	RAASHPNIV	0.2412	3676.9	
DRB1_0101	35	RLANHLVDQGCGLV	VDQGCGLV	0.2375	3829.8	
DRB1_0101	166	VGKDAKADLHSGAQ	VKDAKADLH	0.2335	3997.5	
DRB1_0101	51	SGTTGESPTTTDGEK	TTGESPTTT	0.2281	4238.0	

DRB1_0101	167	GVKDAKADLHSGAQI	VKDAKADLH	0.2183	4710.8
DRB1_0101	52	GTTGESPTTTDGEKI	TTGESPTTT	0.1965	5964.4
DRB1_0101	53	TTGESPTTTDGEKIE	TTGESPTTT	0.1728	7710.7
DRB1_0101	54	TGESPTTTDGEKIEL	PTTTDGEKI	0.1464	10256.9

Allele: DRB1\_0101. Number of high binders 122. Number of weak binders 107. Number of

Allele	pos	peptide	core	1-log50k(aff)	affinity(nM)	Bind Level
DRB1_0301	284	IDALAADMRAASVLR	IDALAADMR	0.7485	15.2	SB
DRB1_0301	283	QIDALAADMRAASVL	IDALAADMR	0.7302	18.5	SB
DRB1_0301	282	EQIDALAADMRAASV	IDALAADMR	0.7016	25.2	SB
DRB1_0301	137	LPMLLYDIPGRSAVP	LPMLLYDIP	0.6992	25.9	SB
DRB1_0301	136	ELPMLLYDIPGRSAV	LPMLLYDIP	0.6836	30.7	SB
DRB1_0301	281	PEQIDALAADMRAAS	IDALAADMR	0.6623	38.6	SB
DRB1_0301	135	TELPMLLYDIPGRSA	LPMLLYDIP	0.6447	46.7	SB
DRB1_0301	0	VTTVGFVDVAARLGTLL	VTTVGFVDVA	0.6131	65.8	WB
DRB1_0301	134	AATELPMLLYDIPGRS	LPMLLYDIP	0.6094	68.4	WB
DRB1_0301	178	GAQIMADTGLAYYSG	GAQIMADTG	0.5514	128.2	WB
DRB1_0301	72	VLEAVGDRARVIAGA	VLEAVGDRA	0.5422	141.6	WB
DRB1_0301	71	AVLEAVGDRARVIAG	VLEAVGDRA	0.5409	143.7	WB
DRB1_0301	70	RAVLEAVGDRARVIA	VLEAVGDRA	0.5362	151.1	WB
DRB1_0301	177	SGAQIMADTGLAYYS	GAQIMADTG	0.5253	170.1	WB
DRB1_0301	280	TPEQIDALAADMRAA	IDALAADMR	0.5195	181.0	WB
DRB1_0301	138	PMLLYDIPGRSAVPI	LLYDIPGRS	0.5052	211.4	WB
DRB1_0301	69	LRVLEAVGDRARVI	VLEAVGDRA	0.5024	217.9	WB
DRB1_0301	139	MLLYDIPGRSAVPIE	LLYDIPGRS	0.4924	242.8	WB
DRB1_0301	176	HSGAQIMADTGLAYY	GAQIMADTG	0.4790	280.5	WB
DRB1_0301	133	DATELPMLLYDIPGR	LPMLLYDIP	0.4755	291.4	WB
DRB1_0301	187	LAYYSGDDALNLPWL	LAYYSGDDA	0.4545	366.0	WB
DRB1_0301	68	LLRAVLEAVGDRARV	VLEAVGDRA	0.4504	382.5	WB
DRB1_0301	175	LHSGAQIMADTGLAY	GAQIMADTG	0.4318	467.7	WB
DRB1_0301	252	LGGVTLKAGLRLQG	LGGVTLKAGLRLQ	0.4254	501.2	WB
DRB1_0301	279	ATPEQIDALAADMRA	IDALAADMR	0.4231	513.7	WB
DRB1_0301	186	GLAYYSGDDALNLPW	LAYYSGDDA	0.4175	546.1	WB
DRB1_0301	140	LLYDIPGRSAVPIEP	LLYDIPGRS	0.4090	598.7	WB
DRB1_0301	251	RLGGVTLKAGLRLQ	LGGVTLKAGLRLQ	0.4047	627.0	WB
DRB1_0301	22	FSGDGLDTATAARL	FSGDGLDT	0.4015	649.2	WB
DRB1_0301	1	TTVGFVDVAARLGTLL	VGFDVAARL	0.4005	656.0	WB
DRB1_0301	224	LSAFSGDIATARKI	AFSGSDIAT	0.3938	705.2	WB
DRB1_0301	23	SGDGLDTATAARLA	SGDGLDTA	0.3922	718.1	WB
DRB1_0301	179	AQIMADTGLAYYSGD	IMADTGLAY	0.3917	721.6	WB
DRB1_0301	25	DGSLDTATAARLANH	LDTATAARL	0.3900	735.1	WB
DRB1_0301	226	AFSGSDIATARKINI	SGDIATARK	0.3843	782.0	WB
DRB1_0301	185	TGLAYYSGDDALNLP	LAYYSGDDA	0.3831	792.5	WB
DRB1_0301	225	SAFSGSDIATARKIN	AFSGSDIAT	0.3818	803.1	WB
DRB1_0301	229	SGDIATARKINIAVA	SGDIATARK	0.3804	816.0	WB
DRB1_0301	24	GDGSLDTATAARLAN	SLDTATAAR	0.3790	828.0	WB
DRB1_0301	132	ADATELPMLLYDIPG	LPMLLYDIP	0.3787	830.6	WB
DRB1_0301	250	SRLGGVTLKAGLRL	LGGVTLKAGLRL	0.3781	836.0	WB
DRB1_0301	228	GSGDIATARKINIAV	SGDIATARK	0.3779	837.7	WB
DRB1_0301	88	TYDTAHSIRLAKACA	TYDTAHSIR	0.3767	848.9	WB
DRB1_0301	180	QIMADTGLAYYSGDD	IMADTGLAY	0.3701	911.4	WB
DRB1_0301	26	GSLDTATAARLANHL	LDTATAARL	0.3692	920.7	WB
DRB1_0301	2	TVGFVDVAARLGTLLT	VGFDVAARL	0.3668	944.6	WB
DRB1_0301	227	FGSGDIATARKINIA	SGDIATARK	0.3649	964.1	WB
DRB1_0301	27	SLDTATAARLANHLV	LDTATAARL	0.3628	986.8	WB

DRB1_0301	208	FISVIAHLAGQRLRE	FISVIAHLA	0.3623	991.8
DRB1_0301	67	ELLRAVLEAVGDRAR	VLEAVGDRA	0.3618	997.1
DRB1_0301	66	IELLRVLEAVGDRA	LLRAVLEAV	0.3599	1018.3
DRB1_0301	89	YDTAHSIRLAKACAA	AHSIRLAKA	0.3591	1026.7
DRB1_0301	223	LLSAFGSGDIATARK	AFSGSGDIAT	0.3576	1044.3
DRB1_0301	131	VADATELPMLLYDIP	LPMLLYDIP	0.3536	1090.3
DRB1_0301	207	GFISVIAHLAGQLR	FISVIAHLA	0.3499	1134.5
DRB1_0301	87	GTYDTAHSIRLAKAC	TYDTAHSIR	0.3470	1171.0
DRB1_0301	264	LQGIDVGDPRLPQVA	QGIDVGDPR	0.3464	1177.9
DRB1_0301	164	NIVGVKDAKADLHSG	IVGVKDAKA	0.3441	1208.6
DRB1_0301	3	VGFDVAARLGTLLTA	VGFDVAARL	0.3435	1215.7
DRB1_0301	249	MSRLGGVTLKAGLR	GGVTLKSKA	0.3432	1220.0
DRB1_0301	263	RLQGIDVGDPRLPQV	QGIDVGDPR	0.3421	1234.4
DRB1_0301	206	TGFISVIAHLAGQL	FISVIAHLA	0.3369	1306.3
DRB1_0301	86	AGTYDTAHSIRLAKA	TYDTAHSIR	0.3344	1341.1
DRB1_0301	184	DTGLAYYSGDALNL	LAYYSGDDA	0.3330	1362.2
DRB1_0301	65	KIELLRVLEAVGDR	LLRAVLEAV	0.3328	1365.0
DRB1_0301	163	PNIVGVKDAKADLHS	IVGVKDAKA	0.3317	1381.3
DRB1_0301	21	PFSGDGSLDTATAAR	FSGDGSLDT	0.3308	1395.6
DRB1_0301	165	IVGVKDAKADLHSGA	IVGVKDAKA	0.3301	1405.0
DRB1_0301	28	LDTATAARLANHLVD	LDTATAARL	0.3276	1443.5
DRB1_0301	188	AYYSGDALNLPWLA	AYYSGDAL	0.3274	1446.8
DRB1_0301	212	IAHLAAGQLRELLSA	IAHLAAGQL	0.3260	1469.4
DRB1_0301	19	VTPFSGDGSLDTATA	FSGDGSLDT	0.3256	1474.9
DRB1_0301	39	HLVDQGCGLVVSQT	LVDQGCGL	0.3256	1475.7
DRB1_0301	262	LRLQGIDVGDPRLPQ	QGIDVGDPR	0.3207	1555.8
DRB1_0301	91	TAHSIRLAKACAAEG	TAHSIRLAK	0.3183	1596.4
DRB1_0301	84	AGAGTYDTAHSIRLA	AGAGTYDTA	0.3155	1646.1
DRB1_0301	265	QGIDVGDPRLPQVAA	QGIDVGDPR	0.3154	1647.2
DRB1_0301	209	ISVIAHLAGQLREL	IAHLAAGQL	0.3101	1745.1
DRB1_0301	90	DTAHSIRLAKACAAE	TAHSIRLAK	0.3094	1758.7
DRB1_0301	40	LVDQGCGLVVSQT	LVDQGCGL	0.3073	1798.1
DRB1_0301	211	VIAHLAAGQLRELLS	IAHLAAGQL	0.3065	1813.4
DRB1_0301	37	ANHLVDQGCGLVVS	LVDQGCGL	0.3060	1825.2
DRB1_0301	261	GLRLQGIDVGDPRLP	QGIDVGDPR	0.3051	1841.4
DRB1_0301	85	GAGTYDTAHSIRLAK	TYDTAHSIR	0.3048	1848.5
DRB1_0301	162	HPNIVGVKDAKADLH	IVGVKDAKA	0.3042	1859.5
DRB1_0301	278	AATPEQIDALAADM	IDALAADM	0.3042	1859.6
DRB1_0301	222	ELLSAFSGSGDIATAR	SAFGSGDIA	0.3021	1903.8
DRB1_0301	20	TPFSGDGSLDTATAA	FSGDGSLDT	0.3005	1936.0
DRB1_0301	181	IMADTGLAYYSGDDA	IMADTGLAY	0.2986	1976.1
DRB1_0301	253	GGVTLKAGLRLQGI	VTLKAGLR	0.2986	1976.6
DRB1_0301	64	EKIELLRVLEAVGD	IELLRVLE	0.2959	2034.8
DRB1_0301	230	GDIATARKINIAVAP	IATARKINI	0.2942	2072.1
DRB1_0301	149	AVPIEPDTIRAASHP	AVPIEPDTI	0.2940	2077.3
DRB1_0301	205	ATGFISVIAHLAGQ	FISVIAHLA	0.2932	2094.6
DRB1_0301	83	IAGAGTYDTAHSIRL	AGAGTYDTA	0.2928	2103.4
DRB1_0301	38	NHLVDQGCGLVVS	LVDQGCGL	0.2916	2131.8
DRB1_0301	148	SAVPIEPDTIRAASH	AVPIEPDTI	0.2904	2159.8
DRB1_0301	92	AHSIRLAKACAAEGA	AHSIRLAKA	0.2900	2168.9
DRB1_0301	10	RLGTLTAMVTPFSG	LGTLTAMV	0.2888	2197.0
DRB1_0301	231	DIATARKINIAVAPL	IATARKINI	0.2853	2282.8
DRB1_0301	109	LLVVTPTYYSKPPQ	LLVVTPTYYS	0.2839	2316.9
DRB1_0301	63	GEKIELLRVLEAVG	IELLRVLE	0.2836	2324.9
DRB1_0301	126	AHFTAVADATELPLM	HFTAVADAT	0.2833	2332.9
DRB1_0301	232	IATARKINIAVAPLC	IATARKINI	0.2821	2363.1
DRB1_0301	254	GVTLSKAGLRLQGI	VTLKAGLR	0.2812	2384.5
DRB1_0301	73	LEAVGDRARVIAGAG	LEAVGDRAR	0.2784	2458.7
DRB1_0301	210	SVIAHLAAGQLRELL	IAHLAAGQL	0.2775	2483.5
DRB1_0301	127	HFTAVADATELPLML	HFTAVADAT	0.2771	2493.8

DRB1_0301	147	RSAPVPIEPDTIRAAS	VPIEPDTIR	0.2755	2538.5
DRB1_0301	11	LGTLTLLTAMVTPFSGD	LGTLTLLTAMV	0.2743	2571.2
DRB1_0301	18	MVTPFSGDGSGLDTAT	FSGDGSGLDT	0.2740	2578.4
DRB1_0301	9	ARLGTLTLLTAMVTPFS	LGTLTLLTAMV	0.2715	2650.2
DRB1_0301	36	LANHLVDQGC DGLVV	LVDQGC DGL	0.2713	2656.2
DRB1_0301	62	DGEKIELLRVLEAV	IELLRVLE	0.2643	2863.8
DRB1_0301	255	VTLSKAGLRLQGIDV	VTLSKAGLR	0.2642	2868.2
DRB1_0301	220	LRELLSAFGSGDIAT	LRELLSAFG	0.2626	2918.8
DRB1_0301	266	GIDVGDPRLPQVAAT	GIDVGDPR	0.2622	2929.6
DRB1_0301	8	AARLGTLTLLTAMVTPF	LGTLTLLTAMV	0.2584	3054.5
DRB1_0301	125	QAHFTAVADATELPM	HFTAVADAT	0.2567	3108.6
DRB1_0301	174	DLHSGAQIMADTGLA	GAQIMADTG	0.2567	3111.3
DRB1_0301	260	AGLRLQGIDVGDPR	QGIDVGDPR	0.2557	3144.6
DRB1_0301	108	GLLVVTPYYSKPPQR	LLVVTPYYS	0.2549	3171.0
DRB1_0301	221	RELLSAFGSGDIATA	AFSGSGDIAT	0.2547	3179.0
DRB1_0301	124	LQAHFTAVADATELP	HFTAVADAT	0.2512	3299.0
DRB1_0301	235	ARKINIAVAPLCNAM	ARKINIAVA	0.2512	3301.1
DRB1_0301	161	SHPNIVGVKDAKADL	NIVGVKDAK	0.2505	3326.2
DRB1_0301	82	VIAGAGTYDTAHSIR	AGAGTYDTA	0.2484	3402.6
DRB1_0301	128	FTAVADATELPMLLY	FTAVADATE	0.2447	3539.5
DRB1_0301	243	APLCNAMSRLLGGVTL	APLCNAMSR	0.2431	3604.4
DRB1_0301	189	YSGDDALNLPWLAM	YSGDDALNL	0.2413	3674.5
DRB1_0301	146	GRSAVPIEPDTIRAA	VPIEPDTIR	0.2379	3811.2
DRB1_0301	129	TAVADATELPMLLYD	AVADATELP	0.2365	3870.1
DRB1_0301	35	RLANHLVDQGC DGLV	ANHLVDQGC	0.2355	3911.3
DRB1_0301	248	AMSRLGGVTL SKAGL	GGVTL SKA	0.2320	4063.6
DRB1_0301	234	TARKINIAVAPLCNA	ARKINIAVA	0.2316	4080.8
DRB1_0301	204	GATGFISVIAHLAAG	FISVIAHLA	0.2309	4109.6
DRB1_0301	241	AVAPLCNAMSRLLGGV	PLCNAMSR	0.2305	4129.8
DRB1_0301	34	ARLANHLVDQGC DGL	ARLANHLVD	0.2302	4142.8
DRB1_0301	242	VAPLCNAMSRLLGGVT	APLCNAMSR	0.2293	4182.0
DRB1_0301	172	KADLHSGAQIMADTG	DLHSGAQIM	0.2291	4191.5
DRB1_0301	45	CDGLVVSGTTGESPT	LVVSGTTGE	0.2285	4219.0
DRB1_0301	173	ADLHSGAQIMADTGL	DLHSGAQIM	0.2280	4240.3
DRB1_0301	93	HSIRLAKACAAEGAH	IRLAKACAA	0.2280	4242.9
DRB1_0301	190	YSGDDALNLPWLAMG	YSGDDALNL	0.2249	4386.3
DRB1_0301	259	KAGLRLQGIDVGDPR	LRLQGIDVG	0.2243	4413.8
DRB1_0301	17	AMVTPFSGDGSGLDTA	VTPFSGDGS	0.2242	4418.4
DRB1_0301	150	VPIEPDTIRAASHPN	VPIEPDTIR	0.2221	4523.3
DRB1_0301	130	AVADATELPMLLYDI	VADATELPM	0.2213	4559.2
DRB1_0301	94	SIRLAKACAAEGAHG	IRLAKACAA	0.2197	4640.5
DRB1_0301	81	RVIAGAGTYDTAHSI	AGAGTYDTA	0.2189	4680.1
DRB1_0301	46	DGLVVSGTTGESPTT	DGLVVSGTT	0.2177	4741.2
DRB1_0301	107	HGLLVVTPYYSKPPQ	LLVVTPYYS	0.2150	4885.6
DRB1_0301	233	ATARKINIAVAPLCN	ARKINIAVA	0.2133	4974.0
DRB1_0301	203	MGATGFISVIAHLAA	FISVIAHLA	0.2132	4979.7
DRB1_0301	123	GLQAHFTAVADATEL	LQAHFTAVA	0.2127	5008.3
DRB1_0301	171	AKADLHSGAQIMADT	DLHSGAQIM	0.2119	5047.2
DRB1_0301	7	VAARLGTLTLLTAMVTP	LGTLTLLTAMV	0.2073	5307.4
DRB1_0301	219	QLRELLSAFGSGDIA	LRELLSAFG	0.2051	5433.5
DRB1_0301	61	TDGEKIELLRVLEA	KIELLRVLE	0.2029	5563.1
DRB1_0301	240	IAPVAPLCNAMSRLLGG	PLCNAMSR	0.2004	5717.9
DRB1_0301	6	DVAARLGTLTLLTAMVT	LGTLTLLTAMV	0.2004	5720.4
DRB1_0301	48	LVVSGTTGESPTTTD	LVVSGTTGE	0.2002	5732.3
DRB1_0301	183	ADTGLAYYSGDDALN	LAYYSGDDA	0.1990	5804.0
DRB1_0301	5	FDVAARLGTLTLLTAMV	DVAARLGTL	0.1976	5897.3
DRB1_0301	43	QGCDGLVVSGTTGES	QGCDGLVVS	0.1933	6172.2
DRB1_0301	155	DTIRAASHPNIVGVK	IRAASHPNI	0.1929	6204.9
DRB1_0301	47	GLVVSGTTGESPTTTT	LVVSGTTGE	0.1928	6209.7
DRB1_0301	218	GQLRELLSAFGSGDI	LRELLSAFG	0.1927	6213.5



DRB1_0301	238	INIAVAPLCNAMSRL	NIAVAPLCN	0.1926	6220.9
DRB1_0301	110	LVVTPYYSKPPQRGL	VVTPYYSKP	0.1925	6230.5
DRB1_0301	111	VVTPYYSKPPQRGLQ	PYYSKPPQR	0.1912	6317.5
DRB1_0301	145	PGRSAVPIEPDTIRA	VPIEPDTIR	0.1897	6421.4
DRB1_0301	239	NIAVAPLCNAMSRLG	NIAVAPLCN	0.1895	6431.7
DRB1_0301	106	AHGLLVVTPYYSKPP	LLVVTPYYS	0.1882	6528.5
DRB1_0301	57	SPTTTDGEKIELLRA	SPTTTDGEK	0.1879	6549.6
DRB1_0301	44	GCDGLVVS GTTGES	LVS GTTGE	0.1876	6567.2
DRB1_0301	32	TAARLANHLVDQGC	RLANHLVDQ	0.1876	6570.7
DRB1_0301	244	PLCNAMSRLGGVTL	PLCNAMSRL	0.1870	6611.1
DRB1_0301	16	TAMVTPFSGDGLDT	VTPFSGDGS	0.1868	6623.0
DRB1_0301	33	AARLANHLVDQCDG	RLANHLVDQ	0.1860	6681.9
DRB1_0301	4	GFDVAARLGTLLTAM	FDVAARLGT	0.1833	6878.2
DRB1_0301	247	NAMSRLGGVTLKAG	MSRLGGVTL	0.1810	7057.9
DRB1_0301	56	ESPTTTDGEKIELLR	SPTTTDGEK	0.1807	7077.0
DRB1_0301	49	VVSGTTGESPTTTDG	VSGTTGES	0.1790	7206.2
DRB1_0301	217	AGQLRELLSAFGSD	LRELLSAFG	0.1777	7312.8
DRB1_0301	80	ARVIAGAGTYDTAHS	AGAGTYDTA	0.1773	7340.2
DRB1_0301	154	PDTIRAASHPNIVGV	IRAASHPNI	0.1761	7441.0
DRB1_0301	151	PIEPDTIRAASHPNI	PIEPDTIRA	0.1760	7446.1
DRB1_0301	95	IRLAKACAAEGAHGL	IRLAKACAA	0.1755	7488.8
DRB1_0301	29	DTATAARLANHLVDQ	DTATAARLA	0.1745	7564.7
DRB1_0301	122	RGLQAHFTAVADATE	LQAHFTAVA	0.1728	7708.6
DRB1_0301	236	RKINIAVAPLCNAMS	RKINIAVAP	0.1724	7743.5
DRB1_0301	13	TLLTAMVTPFSGDGS	TLLTAMVTP	0.1715	7817.3
DRB1_0301	42	DQGC DGLVVS GTTGE	QGC DGLVVS	0.1712	7846.2
DRB1_0301	30	TATAARLANHLVDQG	TAARLANHL	0.1711	7853.5
DRB1_0301	160	ASHPNIVGVKDAKAD	NIVGVKDAK	0.1704	7911.1
DRB1_0301	170	DAKADLHSGAQIMAD	DLHSGAQIM	0.1702	7930.6
DRB1_0301	156	TIRAASHPNIVGVKD	IRAASHPNI	0.1690	8030.6
DRB1_0301	267	IDVGD PRLPQVAATP	IDVGD PRLP	0.1685	8076.1
DRB1_0301	152	IEPDTIRAASHPNIV	IEPDTIRAA	0.1683	8097.2
DRB1_0301	12	GTLTAMVTPFSGDG	TLLTAMVTP	0.1682	8104.8
DRB1_0301	213	AHLAAGQLRELLSAF	AHLAAGQLR	0.1679	8132.8
DRB1_0301	60	TTDGEKIELLRVLE	GEKIELLRA	0.1667	8237.9
DRB1_0301	50	VSGTTGESPTTTDGE	VSGTTGES	0.1665	8255.4
DRB1_0301	246	CNAMSRLGGVTL SKA	MSRLGGVTL	0.1655	8342.8
DRB1_0301	141	LYDIPGRSAVPIEPD	LYDIPGRSA	0.1649	8400.3
DRB1_0301	121	QRGLQAHFTAVADAT	LQAHFTAVA	0.1646	8421.1
DRB1_0301	258	SKAGLRLQGIDVGD	LRLQGIDVG	0.1639	8483.7
DRB1_0301	14	LLTAMVTPFSGDGL	LLTAMVTPF	0.1628	8593.4
DRB1_0301	166	VGKDAKADLHSGAQ	VKDAKADLH	0.1627	8603.2
DRB1_0301	237	KINIAVAPLCNAMS	NIAVAPLCN	0.1625	8613.4
DRB1_0301	31	ATAARLANHLVDQGC	TAARLANHL	0.1621	8658.0
DRB1_0301	79	RARVIAGAGTYDTAH	RVIAGAGTY	0.1597	8887.0
DRB1_0301	41	VDQGC DGLVVS GTTG	QGC DGLVVS	0.1573	9120.8
DRB1_0301	157	IRAASHPNIVGVKDA	IRAASHPNI	0.1569	9153.0
DRB1_0301	112	VTPYYSKPPQRGLQA	PYYSKPPQR	0.1562	9224.9
DRB1_0301	144	IPGRSAVPIEPDTIR	VPIEPDTIR	0.1541	9439.4
DRB1_0301	105	GAHGLLVVTPYYSKP	LLVVTPYYS	0.1540	9444.4
DRB1_0301	153	EPDTIRAASHPNIVG	IRAASHPNI	0.1537	9480.8
DRB1_0301	74	EAVGDRARVIAGAGT	EAVGDRARV	0.1532	9534.3
DRB1_0301	167	GVKDAKADLHSGAQI	VKDAKADLH	0.1529	9563.9
DRB1_0301	256	TL SKAGLRLQGIDVG	TL SKAGLRL	0.1522	9634.3
DRB1_0301	169	KDAKADLHSGAQIMA	AKADLHSGA	0.1498	9889.2
DRB1_0301	55	GESPTTTDGEKIELL	SPTTTDGEK	0.1475	10135.1
DRB1_0301	58	PTTTDGEKIELLRV	PTTTDGEKI	0.1451	10407.2
DRB1_0301	182	MADTGLAYYS GDDAL	LAYYS GDDA	0.1450	10412.8
DRB1_0301	59	TTTDGEKIELLRV	DGEKIELLR	0.1443	10496.4
DRB1_0301	202	AMGATGFISVIAHLA	FISVIAHLA	0.1443	10497.1

DRB1_0301	216	AAGQLRELLSAFGSG	LRELLSAFG	0.1441	10517.0
DRB1_0301	257	LSKAGLRLQGIDVGD	LSKAGLRLQ	0.1437	10564.8
DRB1_0301	159	AASHPNIVGVKDAKA	IVGVKDAKA	0.1416	10807.0
DRB1_0301	245	LCNAMSRLLGGVTLISK	NAMSRLLGGV	0.1411	10861.1
DRB1_0301	274	LPQVAATPEQIDALA	QVAATPEQI	0.1365	11416.6
DRB1_0301	215	LAAGQLRELLSAFGS	LRELLSAFG	0.1365	11420.8
DRB1_0301	168	VKDAKADLHSGAQIM	VKDAKADLH	0.1358	11506.4
DRB1_0301	15	LTAMVTPFSGDGSLD	LTAMVTPFS	0.1339	11745.8
DRB1_0301	214	HLAAGQLRELLSAFG	AGQLRELLS	0.1321	11968.0
DRB1_0301	158	RAASHPNIVGVKDAK	RAASHPNIV	0.1302	12228.4
DRB1_0301	120	PQRGLQAHFTAVADA	QRGLQAHFT	0.1297	12284.0
DRB1_0301	268	DVGDPRLPQVAATPE	DVGDPRLPQ	0.1271	12638.3
DRB1_0301	113	TPYYSKPPQRGLQAH	PYYSKPPQR	0.1264	12733.0
DRB1_0301	273	RLPQVAATPEQIDAL	LPQVAATPE	0.1258	12817.2
DRB1_0301	78	DRARVIAGAGTYDTA	RVIAGAGTY	0.1250	12929.3
DRB1_0301	272	PRLPQVAATPEQIDA	LPQVAATPE	0.1230	13219.4
DRB1_0301	104	EGAHGLLVVTPYYSK	AHGLLVVTP	0.1176	14004.1
DRB1_0301	276	QVAATPEQIDALAAD	QVAATPEQI	0.1160	14248.0
DRB1_0301	75	AVGDRARVIAGAGTY	AVGDRARVI	0.1138	14590.7
DRB1_0301	54	TGESPTTTDGEKIEL	SPTTTDGEK	0.1119	14901.8
DRB1_0301	114	PYYSKPPQRGLQAHF	PYYSKPPQR	0.1115	14962.1
DRB1_0301	271	DPRLPQVAATPEQID	LPQVAATPE	0.1114	14984.6
DRB1_0301	201	LAMGATGFISVIAHL	MGATGFISV	0.1104	15135.5
DRB1_0301	275	PQVAATPEQIDALAA	QVAATPEQI	0.1086	15445.5
DRB1_0301	119	PPQRGLQAHFTAVAD	QRGLQAHFT	0.1059	15891.4
DRB1_0301	269	VGDPRLPQVAATPEQ	VGDPRLPQV	0.1048	16087.5
DRB1_0301	200	WLAMGATGFISVIAH	MGATGFISV	0.1019	16606.6
DRB1_0301	198	LPWLAMGATGFISVI	LPWLAMGAT	0.1008	16794.4
DRB1_0301	96	RLAKACAAEGAHGLL	RLAKACAAE	0.0994	17057.7
DRB1_0301	270	GDPRLPQVAATPEQI	DPRLPQVAA	0.0979	17345.1
DRB1_0301	118	KPPQRGLQAHFTAVA	QRGLQAHFT	0.0967	17553.5
DRB1_0301	143	DIPGRSAVPIEPDTI	DIPGRSAVP	0.0953	17824.3
DRB1_0301	77	GDRARVIAGAGTYDT	RVIAGAGTY	0.0953	17839.5
DRB1_0301	191	SGDDALNLPWLAMGA	SGDDALNLP	0.0930	18276.4
DRB1_0301	142	YDIPGRSAVPIEPDT	YDIPGRSAV	0.0930	18287.3
DRB1_0301	76	VGDRARVIAGAGTYD	VGDRARVIA	0.0925	18369.8
DRB1_0301	197	NLPWLAMGATGFISV	LPWLAMGAT	0.0904	18809.8
DRB1_0301	103	AEGAHGLLVVTPYYS	LLVVTPYYS	0.0866	19580.9
DRB1_0301	199	PWLAMGATGFISVIA	MGATGFISV	0.0856	19811.0
DRB1_0301	53	TTGESPTTTDGEKIE	ESPTTTDGE	0.0833	20296.8
DRB1_0301	195	ALNLPWLAMGATGFI	LPWLAMGAT	0.0810	20804.4
DRB1_0301	99	KACAAEGAHGLLVVT	CAAEGAHGL	0.0788	21309.8
DRB1_0301	196	LNLPLWLAMGATGFIS	LPWLAMGAT	0.0787	21330.8
DRB1_0301	192	GDDALNLPWLAMGAT	DDALNLPWL	0.0770	21740.6
DRB1_0301	98	AKACAAEGAHGLLVV	KACAAEGAH	0.0745	22334.0
DRB1_0301	193	DDALNLPWLAMGATG	DDALNLPWL	0.0721	22928.0
DRB1_0301	117	SKPPQRGLQAHFTAV	QRGLQAHFT	0.0718	23003.1
DRB1_0301	51	SGTTGESPTTTDGEK	SGTTGESPT	0.0698	23489.5
DRB1_0301	100	ACAAEGAHGLLVVTP	CAAEGAHGL	0.0692	23647.9
DRB1_0301	97	LAKACAAEGAHGLLV	KACAAEGAH	0.0670	24206.5
DRB1_0301	102	AAEGAHGLLVVTPYY	AHGLLVVTP	0.0653	24662.0
DRB1_0301	101	CAAEGAHGLLVVTPY	CAAEGAHGL	0.0649	24788.0
DRB1_0301	194	DALNLPWLAMGATGF	LPWLAMGAT	0.0646	24841.7
DRB1_0301	277	VAATPEQIDALAADM	PEQIDALAA	0.0643	24948.7
DRB1_0301	52	GTTGESPTTTDGEKI	TTGESPTTT	0.0641	24990.8
DRB1_0301	116	YSKPPQRGLQAHFTA	KPPQRGLQA	0.0531	28145.7
DRB1_0301	115	YYSKPPQRGLQAHFT	KPPQRGLQA	0.0473	29972.8

Allele: DRB1\_0301. Number of high binders 7. Number of weak binders 16. Number of pe

Allele	pos	peptide	core	1-log50k(aff)	affinity(nM)	Bind	Level
DRB1_0401	10	RLGTLTAMVTPFSG	TLLTAMVTP	0.7175	21.3	SB	
DRB1_0401	12	GTLLTAMVTPFSGDG	TLLTAMVTP	0.7148	21.9	SB	
DRB1_0401	11	LGTLLTAMVTPFSGD	TLLTAMVTP	0.7084	23.5	SB	
DRB1_0401	9	ARLGTLLTAMVTPFS	GTLLTAMVT	0.6774	32.8	SB	
DRB1_0401	13	TLLTAMVTPFSGDGS	TLLTAMVTP	0.6772	32.9	SB	
DRB1_0401	218	GQLRELLSAFGSGDI	RELLSAFGS	0.6529	42.7	SB	
DRB1_0401	217	AGQLRELLSAFGSGD	RELLSAFGS	0.6223	59.5	WB	
DRB1_0401	8	AARLGTLLTAMVTPF	GTLLTAMVT	0.6091	68.7	WB	
DRB1_0401	219	QLRELLSAFGSGDIA	RELLSAFGS	0.6011	74.9	WB	
DRB1_0401	187	LAYYSGDDALNLPWL	YYSGDDALN	0.5926	82.1	WB	
DRB1_0401	216	AAGQLRELLSAFGSG	RELLSAFGS	0.5842	89.9	WB	
DRB1_0401	186	GLAYYSGDDALNLPW	YYSGDDALN	0.5627	113.5	WB	
DRB1_0401	188	AYYSGDDALNLPWLA	YYSGDDALN	0.5604	116.3	WB	
DRB1_0401	7	VAARLGTLLTAMVTP	RLGTLLTAM	0.5483	132.6	WB	
DRB1_0401	215	LAAGQLRELLSAFGS	RELLSAFGS	0.5342	154.4	WB	
DRB1_0401	220	LRELLSAFGSGDIAT	RELLSAFGS	0.5308	160.3	WB	
DRB1_0401	93	HSIRLAKACAAEGAH	IRLAKACAA	0.5302	161.2	WB	
DRB1_0401	94	SIRLAKACAAEGAHG	IRLAKACAA	0.5278	165.5	WB	
DRB1_0401	92	AHSIRLAKACAAEGA	IRLAKACAA	0.5229	174.5	WB	
DRB1_0401	189	YYSGDDALNLPWLAM	YYSGDDALN	0.5196	180.9	WB	
DRB1_0401	136	ELPMLLYDIPGRSAV	LLYDIPGRS	0.5092	202.5	WB	
DRB1_0401	185	TGLAYYSGDDALNLP	LAYYSGDDA	0.5069	207.6	WB	
DRB1_0401	221	RELLSAFGSGDIATA	RELLSAFGS	0.5050	211.9	WB	
DRB1_0401	206	TGFISVIAHLAAGQL	GFISVIAHL	0.5023	218.1	WB	
DRB1_0401	137	LPMLLYDIPGRSAVP	LLYDIPGRS	0.5012	220.7	WB	
DRB1_0401	95	IRLAKACAAEGAHGL	IRLAKACAA	0.4991	225.7	WB	
DRB1_0401	138	PMLLYDIPGRSAVPI	LLYDIPGRS	0.4990	226.1	WB	
DRB1_0401	205	ATGFISVIAHLAAGQ	GFISVIAHL	0.4956	234.5	WB	
DRB1_0401	14	LLTAMVTPFSGDGSL	LTAMVTPFS	0.4951	235.8	WB	
DRB1_0401	6	DVAARLGTLLTAMVT	RLGTLLTAM	0.4852	262.4	WB	
DRB1_0401	135	TELPMLLYDIPGRSA	PMLLYDIPG	0.4778	284.2	WB	
DRB1_0401	121	QRGLQAHFTAVADAT	RGLQAHFTA	0.4748	293.7	WB	
DRB1_0401	91	TAHSIRLAKACAAEG	IRLAKACAA	0.4746	294.2	WB	
DRB1_0401	204	GATGFISVIAHLAAG	GFISVIAHL	0.4679	316.6	WB	
DRB1_0401	249	MSRLGGVTLSKAGLR	RLGGVTLSK	0.4673	318.4	WB	
DRB1_0401	207	GFISVIAHLAAGQLR	ISVIAHLAA	0.4672	318.9	WB	
DRB1_0401	124	LQAHFTAVADATELP	HFTAVADAT	0.4669	319.9	WB	
DRB1_0401	122	RGLQAHFTAVADATE	RGLQAHFTA	0.4640	330.1	WB	
DRB1_0401	233	ATARKINIAVAPLCN	RKINIAVAP	0.4622	336.6	WB	
DRB1_0401	250	SRLGGVTLSKAGLRL	RLGGVTLSK	0.4568	356.9	WB	
DRB1_0401	234	TARKINIAVAPLCNA	RKINIAVAP	0.4550	363.9	WB	
DRB1_0401	251	RLGGVTLSKAGLRLQ	RLGGVTLSK	0.4546	365.3	WB	
DRB1_0401	248	AMSRLGGVTLSKAGL	RLGGVTLSK	0.4520	376.0	WB	
DRB1_0401	236	RKINIAVAPLCNAMS	RKINIAVAP	0.4515	377.9	WB	
DRB1_0401	125	QAHFTAVADATELPM	HFTAVADAT	0.4484	390.9	WB	
DRB1_0401	184	DTGLAYYSGDDALNL	LAYYSGDDA	0.4452	404.5	WB	
DRB1_0401	123	GLQAHFTAVADATEL	QAHFTAVAD	0.4417	420.3	WB	
DRB1_0401	175	LHSGAQIMADTGLAY	LHSGAQIMA	0.4407	424.7	WB	
DRB1_0401	235	ARKINIAVAPLCNAM	RKINIAVAP	0.4383	436.0	WB	
DRB1_0401	20	TPFSGDGLDTATAA	FSGDGLSLDT	0.4317	468.1	WB	
DRB1_0401	90	DTAHSIRLAKACAAE	IRLAKACAA	0.4293	480.4	WB	
DRB1_0401	5	FDVAARLGTLLTAMV	RLGTLLTAM	0.4275	490.1	WB	
DRB1_0401	65	KIELLRVLEAVGDR	IELLRVLE	0.4268	493.7	WB	
DRB1_0401	120	PQRGLQAHFTAVADA	RGLQAHFTA	0.4267	494.3	WB	
DRB1_0401	232	IATARKINIAVAPLC	RKINIAVAP	0.4256	500.3	WB	

DRB1_0401	134	ATELPMLLYDIPGRS	MLLYDIPGR	0.4225	516.9
DRB1_0401	139	MLLYDIPGRSAVPIE	LLYDIPGRS	0.4224	517.5
DRB1_0401	21	PFSGDGSLDTATAAR	FSGDGSLDT	0.4219	520.7
DRB1_0401	203	MGATGFISVIAHLAA	GFISVIAHL	0.4207	527.6
DRB1_0401	64	EKIELLRVLEAVGD	IELLRVLE	0.4206	527.8
DRB1_0401	259	KAGLRLQGIDVGDP	GLRLQGIDV	0.4200	531.7
DRB1_0401	119	PPQRGLQAHFTAVAD	RGLQAHFTA	0.4168	550.1
DRB1_0401	247	NAMSRLGGVTLKAG	RLGGVTLK	0.4168	550.1
DRB1_0401	19	VTPFSGDGSLDTATA	FSGDGSLDT	0.4150	560.8
DRB1_0401	284	IDALAADMRAASVLR	ALAADMRAA	0.4130	573.5
DRB1_0401	89	YDTAHSIRLAKACAA	IRLAKACAA	0.4129	573.8
DRB1_0401	261	GLRLQGIDVGDPRLP	GLRLQGIDV	0.4094	595.9
DRB1_0401	126	AHFTAVADATELPML	HFTAVADAT	0.4090	598.6
DRB1_0401	66	IELLRVLEAVGDRA	IELLRVLE	0.4082	603.9
DRB1_0401	22	FSGDGSLDTATAARL	FSGDGSLDT	0.4055	621.3
DRB1_0401	260	AGLRLQGIDVGDPRL	GLRLQGIDV	0.4036	634.8
DRB1_0401	208	FISVIAHLAAGQLRE	ISVIAHLAA	0.4020	645.9
DRB1_0401	214	HLAAGQLRELLSAFG	GQLRELLSA	0.4015	649.3
DRB1_0401	106	AHGLLVVTPYYSKPP	LLVVTPYYS	0.3926	714.8
DRB1_0401	63	GEKIELLRVLEAVG	IELLRVLE	0.3921	718.3
DRB1_0401	127	HFTAVADATELPMLL	HFTAVADAT	0.3918	720.7
DRB1_0401	258	SKAGLRLQGIDVGDP	GLRLQGIDV	0.3903	732.6
DRB1_0401	231	DIATARKINIAVAPL	RKINIAVAP	0.3895	739.4
DRB1_0401	202	AMGATGFISVIAHLA	TGFISVIAH	0.3881	750.5
DRB1_0401	174	DLHSGAQIMADTGLA	LHSGAQIMA	0.3845	780.6
DRB1_0401	4	GFDVAARLGTLLTAM	RLGTLLTAM	0.3832	791.6
DRB1_0401	178	GAQIMADTGLAYYSG	IMADTGLAY	0.3790	828.5
DRB1_0401	67	ELLRVLEAVGDRAR	ELLRVLEA	0.3788	829.6
DRB1_0401	246	CNAMSRLGGVTLSKA	RLGGVTLK	0.3781	835.9
DRB1_0401	179	AQIMADTGLAYYSGD	IMADTGLAY	0.3775	841.4
DRB1_0401	118	KPPQRGLQAHFTAVA	RGLQAHFTA	0.3772	844.3
DRB1_0401	18	MVTPFSGDGSLDTAT	FSGDGSLDT	0.3748	866.8
DRB1_0401	107	HGLLVVTPYYSKPPQ	LLVVTPYYS	0.3747	868.0
DRB1_0401	226	AFGSGDIATARKINI	AFGSGDIAT	0.3717	896.0
DRB1_0401	225	SAFGSGDIATARKIN	AFGSGDIAT	0.3672	941.3
DRB1_0401	180	QIMADTGLAYYSGDD	IMADTGLAY	0.3658	955.6
DRB1_0401	108	GLLVVTPYYSKPPQR	LLVVTPYYS	0.3601	1016.4
DRB1_0401	195	ALNLPWLMGATGFI	LPWLMGAT	0.3593	1024.6
DRB1_0401	213	AHLAAGQLRELLSAF	GQLRELLSA	0.3576	1043.9
DRB1_0401	230	GDIATARKINIAVAP	RKINIAVAP	0.3566	1055.6
DRB1_0401	197	NLPWLMGATGFISV	WLAMGATGF	0.3548	1075.8
DRB1_0401	163	PNIVGVKDAKADLHS	IVGVKDAKA	0.3538	1087.4
DRB1_0401	105	GAHGLLVVTPYYSKP	AHGLLVVTP	0.3521	1107.4
DRB1_0401	173	ADLHSGAQIMADTGL	LHSGAQIMA	0.3513	1117.7
DRB1_0401	164	NIVGVKDAKADLHSG	IVGVKDAKA	0.3500	1132.8
DRB1_0401	109	LLVVTPYYSKPPQRG	LLVVTPYYS	0.3498	1135.2
DRB1_0401	133	DATELPMLLYDIPGR	MLLYDIPGR	0.3485	1151.9
DRB1_0401	140	LLYDIPGRSAVPIEP	LLYDIPGRS	0.3480	1157.9
DRB1_0401	177	SGAQIMADTGLAYYS	IMADTGLAY	0.3480	1158.6
DRB1_0401	15	LTAMVTPFSGDGSLD	LTAMVTPFS	0.3479	1159.6
DRB1_0401	176	HSGAQIMADTGLAYY	IMADTGLAY	0.3473	1167.3
DRB1_0401	224	LSAFGSGDIATARKI	AFGSGDIAT	0.3455	1190.4
DRB1_0401	239	NIAVAPLCNAMSRLG	VAPLCNAMS	0.3438	1211.7
DRB1_0401	190	YSGDDALNLPWLMG	YSGDDALNL	0.3435	1215.9
DRB1_0401	257	LSKAGLRLQGIDVGD	GLRLQGIDV	0.3433	1218.5
DRB1_0401	240	IAVAPLCNAMSRLGG	VAPLCNAMS	0.3418	1238.1
DRB1_0401	209	ISVIAHLAAGQLREL	ISVIAHLAA	0.3400	1262.9
DRB1_0401	62	DGEKIELLRVLEAV	IELLRVLE	0.3392	1274.1
DRB1_0401	283	QIDALAADMRAASVL	ALAADMRAA	0.3385	1283.3
DRB1_0401	162	HPNIVGVKDAKADLH	IVGVKDAKA	0.3358	1321.2

DRB1_0401	196	LNLPLWAMGATGFIS	WLAMGATGF	0.3349	1333.8
DRB1_0401	198	LPWLAMGATGFISVI	WLAMGATGF	0.3334	1356.5
DRB1_0401	16	TAMVTPFSGDGLDST	TAMVTPFSG	0.3321	1375.4
DRB1_0401	104	EGAHGLLVVTPYYSK	AHGLLVVTP	0.3314	1385.3
DRB1_0401	1	TTVGFVDVAARLGTL	TVGFVDVAAR	0.3299	1409.1
DRB1_0401	17	AMVTPFSGDGLDSTA	FSGDGLDST	0.3294	1416.0
DRB1_0401	194	DALNLPWLAMGATGF	LPWLAMGAT	0.3271	1451.2
DRB1_0401	181	IMADTGLAYYSGDDA	IMADTGLAY	0.3250	1485.1
DRB1_0401	200	WLAMGATGFISVIAH	WLAMGATGF	0.3231	1516.4
DRB1_0401	0	VTTVGFVDVAARLGT	TVGFVDVAAR	0.3226	1524.2
DRB1_0401	238	INIAVAPLCNAMSRL	IAPVAPLCNA	0.3218	1537.9
DRB1_0401	262	LRLQGIDVGDPRLPQ	LRLQGIDVG	0.3199	1569.0
DRB1_0401	199	PWLAMGATGFISVIA	WLAMGATGF	0.3193	1580.2
DRB1_0401	245	LCNAMSRLGGVTLSK	RLGGVTLSK	0.3193	1580.4
DRB1_0401	172	KADLHSGAQIMADTG	LHSGAQIMA	0.3192	1581.0
DRB1_0401	223	LLSAFGSGDIATARK	AFSGSGDIAT	0.3185	1593.7
DRB1_0401	282	EQIDALAADMRAASV	ALAADMRAA	0.3180	1602.8
DRB1_0401	155	DTIRAASHPNIVGVK	TIRAASHPN	0.3175	1610.3
DRB1_0401	154	PDTIRAASHPNIVGV	TIRAASHPN	0.3173	1613.5
DRB1_0401	256	TLKAGLRLQGIDVG	GLRLQGIDV	0.3152	1652.1
DRB1_0401	2	TVGFVDVAARLGTLT	TVGFVDVAAR	0.3138	1676.2
DRB1_0401	241	AVAPLCNAMSRLGGV	VAPLCNAMS	0.3135	1681.2
DRB1_0401	222	ELLSAFSGSDIATAR	ELLSAFSGS	0.3124	1702.9
DRB1_0401	81	RVIAGAGTYDTAHSI	RVIAGAGTY	0.3119	1712.0
DRB1_0401	80	ARVIAGAGTYDTAHS	RVIAGAGTY	0.3117	1715.4
DRB1_0401	183	ADTGLAYYSGDDALN	LAYYSGDDA	0.3114	1720.9
DRB1_0401	156	TIRAASHPNIVGVKD	TIRAASHPN	0.3084	1776.9
DRB1_0401	201	LAMGATGFISVIAHL	AMGATGFIS	0.3044	1855.8
DRB1_0401	165	IVGVKDAKADLHSGA	IVGVKDAKA	0.3042	1860.4
DRB1_0401	96	RLAKACAAEGAHGLL	RLAKACAAE	0.3033	1878.8
DRB1_0401	255	VTLKAGLRLQGIDV	GLRLQGIDV	0.3007	1931.2
DRB1_0401	242	VAPLCNAMSRLGGVT	VAPLCNAMS	0.3002	1941.8
DRB1_0401	237	KINIAVAPLCNAMS	IAPVAPLCNA	0.2984	1980.0
DRB1_0401	3	VGFDVAARLGTLT	AARLGTLT	0.2958	2036.1
DRB1_0401	161	SHPNIVGVKDAKADL	IVGVKDAKA	0.2943	2071.0
DRB1_0401	153	EPDTIRAASHPNIVG	TIRAASHPN	0.2931	2096.5
DRB1_0401	88	TYDTAHSIRLAKACA	YDTAHSIRL	0.2913	2137.7
DRB1_0401	117	SKPPQRLQAHFTAV	QRGLQAHFT	0.2910	2145.4
DRB1_0401	151	PIEPDTIRAASHPNI	TIRAASHPN	0.2894	2183.8
DRB1_0401	281	PEQIDALAADMRAAS	ALAADMRAA	0.2880	2216.1
DRB1_0401	86	AGTYDTAHSIRLAKA	GTYDTAHSI	0.2867	2247.6
DRB1_0401	68	LLRAVLEAVGDRARV	LLRAVLEAV	0.2866	2249.9
DRB1_0401	61	TDGEKIELLRVLEA	IELLRVLEA	0.2839	2316.6
DRB1_0401	87	GTYDTAHSIRLAKAC	GTYDTAHSI	0.2829	2343.4
DRB1_0401	103	AEGAHGLLVVTPYYS	AHGLLVVTP	0.2823	2357.5
DRB1_0401	271	DPRLPQVAATPEQID	RLPQVAATP	0.2771	2494.9
DRB1_0401	152	IEPDTIRAASHPNIV	TIRAASHPN	0.2751	2548.4
DRB1_0401	263	RLQGIDVGDPRLPQV	LQGIDVGD	0.2737	2586.1
DRB1_0401	83	IAGAGTYDTAHSIRL	AGTYDTAHS	0.2721	2631.7
DRB1_0401	270	GDPRLPQVAATPEQI	RLPQVAATP	0.2716	2646.8
DRB1_0401	212	IAHLAAGQLRELLSA	GQLRELLSA	0.2693	2712.1
DRB1_0401	79	RARVIAGAGTYDTAH	RVIAGAGTY	0.2661	2808.2
DRB1_0401	128	FTAVADATELPMILY	FTAVADATE	0.2659	2815.7
DRB1_0401	85	GAGTYDTAHSIRLAK	AGTYDTAHS	0.2653	2833.3
DRB1_0401	193	DDALNLPWLAMGATG	ALNLPWLAM	0.2649	2845.4
DRB1_0401	272	PRLPQVAATPEQIDA	RLPQVAATP	0.2645	2857.8
DRB1_0401	150	VPIEPDTIRAASHPN	TIRAASHPN	0.2631	2903.2
DRB1_0401	82	VIAGAGTYDTAHSIR	IAGAGTYDT	0.2580	3067.7
DRB1_0401	227	FGSGDIATARKINIA	FGSGDIATA	0.2569	3103.5
DRB1_0401	23	SGDGLDSTATAARLA	GSLDSTATAA	0.2565	3117.1

DRB1_0401	280	TPEQIDALAADMRAA	PEQIDALAA	0.2515	3288.8
DRB1_0401	78	DRARVIAGAGTYDTA	RVIAGAGTY	0.2513	3295.8
DRB1_0401	171	AKADLHSGAQIMADT	LHSGAQIMA	0.2495	3361.3
DRB1_0401	132	ADATELPMLLYDIPG	PMLLYDIPG	0.2490	3381.9
DRB1_0401	229	SGDIATARKINIAVA	IATARKINI	0.2479	3419.4
DRB1_0401	269	VGDPRLPQVAATPEQ	RLPQVAATP	0.2473	3444.6
DRB1_0401	160	ASHPNIVGVKDAKAD	IVGVKDAKA	0.2471	3451.7
DRB1_0401	84	AGAGTYDTAHSIRLA	AGTYDTAHS	0.2457	3501.1
DRB1_0401	244	PLCNAMSRLGGVTL	MSRLGGVTL	0.2431	3602.3
DRB1_0401	26	GSLDTATAARLANHL	GSLDTATAA	0.2431	3602.4
DRB1_0401	116	YSKPPQRGLQAHFTA	QRGLQAHFT	0.2426	3623.8
DRB1_0401	192	GDDALNLPWLMGAT	ALNLPWLM	0.2396	3741.3
DRB1_0401	69	LRAVLEAVGDRARVI	RAVLEAVGD	0.2389	3768.7
DRB1_0401	47	GLVVSGETTGESPTTT	GLVVSGETTG	0.2389	3770.2
DRB1_0401	243	APLCNAMSRLGGVTL	MSRLGGVTL	0.2365	3870.7
DRB1_0401	24	GDGSLDTATAARLAN	GSLDTATAA	0.2354	3916.0
DRB1_0401	25	DGSLDTATAARLANH	GSLDTATAA	0.2333	4007.8
DRB1_0401	70	RAVLEAVGDRARVIA	RAVLEAVGD	0.2331	4014.7
DRB1_0401	268	DVGDPRLPQVAATPE	RLPQVAATP	0.2319	4066.0
DRB1_0401	46	DGLVVSGETTGESPTT	GLVVSGETTG	0.2284	4225.1
DRB1_0401	30	TATAARLANHLVDQG	TATAARLAN	0.2281	4239.5
DRB1_0401	102	AAEGAHLVVTTPYY	AHGLLVVTP	0.2272	4277.6
DRB1_0401	157	IRAASHPNIVGVKDA	IRAASHPNI	0.2230	4478.0
DRB1_0401	110	LVVTPYYSKPPQRGL	LVVTPYYSK	0.2223	4511.2
DRB1_0401	42	DQGCGLVVSGETTGE	QGCDGLVVS	0.2218	4535.8
DRB1_0401	210	SVIAHLAAGQLRELL	AHLAAGQLR	0.2205	4599.1
DRB1_0401	43	QGCDGLVVSGETTGES	QGCDGLVVS	0.2205	4599.9
DRB1_0401	141	LYDIPGRSAVPIEPD	LYDIPGRSA	0.2186	4694.6
DRB1_0401	129	TAVADATELPMLLYD	TAVADATEL	0.2175	4750.6
DRB1_0401	115	YYSKPPQRGLQAHFT	QRGLQAHFT	0.2159	4834.3
DRB1_0401	264	LQGIDVGDPRLPQVA	LQGIDVGD	0.2150	4882.5
DRB1_0401	29	DTATAARLANHLVDQ	TATAARLAN	0.2131	4982.3
DRB1_0401	159	AASHPNIVGVKDAKA	IVGVKDAKA	0.2126	5011.1
DRB1_0401	77	GDRARVIAGAGTYDT	RVIAGAGTY	0.2120	5043.5
DRB1_0401	254	GVTLSKAGLRLQGIT	VTLSKAGLR	0.2104	5130.5
DRB1_0401	45	CDGLVVSGETTGESPT	GLVVSGETTG	0.2094	5189.1
DRB1_0401	228	GSGDIATARKINIAV	IATARKINI	0.2085	5240.0
DRB1_0401	149	AVPIEPDTIRAASHP	PIEPDTIRA	0.2056	5404.8
DRB1_0401	60	TTDGEKIELLRAVLE	IELLRAVLE	0.2048	5450.3
DRB1_0401	114	PYYSKPPQRGLQAHF	PYYSKPPQR	0.2048	5453.9
DRB1_0401	41	VDQGCGLVVSGETTG	QGCDGLVVS	0.2031	5552.7
DRB1_0401	252	LGGVTLSKAGLRLQG	LGGVTLSKA	0.2028	5571.1
DRB1_0401	130	AVADATELPMLLYDI	AVADATELP	0.2019	5627.9
DRB1_0401	279	ATPEQIDALAADMRA	PEQIDALAA	0.2010	5681.6
DRB1_0401	253	GGVTLSKAGLRLQGI	VTLSKAGLR	0.1999	5752.5
DRB1_0401	113	TPYYSKPPQRGLQAH	PYYSKPPQR	0.1991	5798.0
DRB1_0401	273	RLPQVAATPEQIDAL	RLPQVAATP	0.1985	5839.3
DRB1_0401	182	MADTGLAYYSGDDAL	LAYYSGDDA	0.1977	5890.5
DRB1_0401	112	VTPYYSKPPQRGLQA	PYYSKPPQR	0.1948	6074.7
DRB1_0401	267	IDVGDPRLPQVAATP	RLPQVAATP	0.1938	6143.3
DRB1_0401	211	VIAHLAAGQLRELLS	AHLAAGQLR	0.1927	6218.4
DRB1_0401	170	DAKADLHSGAQIMAD	LHSGAQIMA	0.1890	6471.0
DRB1_0401	147	RSAPVPIEPDTIRAAS	PIEPDTIRA	0.1886	6495.0
DRB1_0401	38	NHLVDQGCGLVVS	HLVDQGCDG	0.1886	6499.8
DRB1_0401	191	SGDDALNLPWLMGA	ALNLPWLM	0.1876	6568.3
DRB1_0401	146	GRSAVPIEPDTIRAA	RSAPVPIEPD	0.1874	6584.4
DRB1_0401	131	VADATELPMLLYDIP	ATELPMLLY	0.1860	6683.6
DRB1_0401	28	LDTATAARLANHLVD	TATAARLAN	0.1852	6743.8
DRB1_0401	48	LVVSGETTGESPTTTD	LVVSGETTGE	0.1851	6747.4
DRB1_0401	44	GCDGLVVSGETTGESP	GLVVSGETTG	0.1837	6850.1

DRB1_0401	27	SLDTATAARLANHLV	TATAARLAN	0.1824	6946.5
DRB1_0401	40	LVDQGCGLVVS	QGCDGLVVS	0.1807	7077.7
DRB1_0401	32	TAARLANHLVDQGC	AARLANHLV	0.1791	7202.7
DRB1_0401	148	SAVPIEPDTIRAASH	PIEPDTIRA	0.1784	7252.9
DRB1_0401	111	VVTPYYSKPPQRGLQ	PYYSKPPQR	0.1772	7349.0
DRB1_0401	101	CAAEGAHLVVTYPY	AHGLLVVTP	0.1754	7493.4
DRB1_0401	39	HLVDQGCGLVVS	QGCDGLVVS	0.1748	7546.7
DRB1_0401	278	AATPEQIDALAADM	PEQIDALAA	0.1706	7894.1
DRB1_0401	144	IPGRSAVPIEPDTIR	GRSAVPIEP	0.1696	7979.4
DRB1_0401	145	PGRSAVPIEPDTIRA	GRSAVPIEP	0.1695	7987.2
DRB1_0401	31	ATAARLANHLVDQGC	AARLANHLV	0.1689	8042.7
DRB1_0401	97	LAKACAAEGAHLV	KACAAEGAH	0.1679	8127.2
DRB1_0401	265	QGIDVGDPRLPQVAA	QGIDVGDPR	0.1666	8244.2
DRB1_0401	143	DIPGRSAVPIEPDTI	DIPGRSAVP	0.1662	8280.2
DRB1_0401	37	ANHLVDQGCGLVVS	HLVDQGC	0.1658	8319.3
DRB1_0401	169	KDAKADLHSGAQIMA	LHSGAQIMA	0.1650	8390.8
DRB1_0401	71	AVLEAVGDRARVIAG	VLEAVGDRA	0.1643	8452.1
DRB1_0401	76	VGDRARVIAGAGTYD	RVIAGAGTY	0.1636	8517.5
DRB1_0401	166	VGKDAKADLHSGAQ	VKDAKADLH	0.1636	8518.5
DRB1_0401	72	VLEAVGDRARVIAGA	VLEAVGDRA	0.1631	8563.5
DRB1_0401	36	LANHLVDQGCGLV	HLVDQGC	0.1515	9709.1
DRB1_0401	266	GIDVGDPRLPQVAAT	DVGDPRLPQ	0.1508	9782.2
DRB1_0401	168	VKDAKADLHSGAQIM	VKDAKADLH	0.1487	10001.6
DRB1_0401	158	RAASHPNIVGVKDAK	RAASHPNIV	0.1486	10015.7
DRB1_0401	167	GVKDAKADLHSGAQI	VKDAKADLH	0.1482	10064.2
DRB1_0401	50	VSGTTGESPTTTDGE	TTGESPTTT	0.1462	10284.0
DRB1_0401	142	YDIPGRSAVPIEPDT	DIPGRSAVP	0.1444	10480.3
DRB1_0401	35	RLANHLVDQGCGLV	RLANHLVDQ	0.1440	10532.9
DRB1_0401	33	AARLANHLVDQGC	AARLANHLV	0.1438	10552.4
DRB1_0401	49	VVSGTTGESPTTTDG	TTGESPTTT	0.1379	11240.5
DRB1_0401	75	AVGDRARVIAGAGTY	RVIAGAGTY	0.1375	11294.5
DRB1_0401	34	ARLANHLVDQGCGL	RLANHLVDQ	0.1357	11515.7
DRB1_0401	51	SGTTGESPTTTDGEK	TTGESPTTT	0.1339	11747.5
DRB1_0401	73	LEAVGDRARVIAGAG	LEAVGDRAR	0.1311	12105.2
DRB1_0401	59	TTTTDGEKIELLRAVL	GEKIELLRA	0.1305	12180.2
DRB1_0401	52	GTTGESPTTTDGEKI	TTGESPTTT	0.1296	12304.0
DRB1_0401	53	TTGESPTTTDGEKIE	TTGESPTTT	0.1264	12737.4
DRB1_0401	100	ACAAEGAHLVVTYP	AHGLLVVTP	0.1240	13077.2
DRB1_0401	99	KACAAEGAHLVVT	KACAAEGAH	0.1203	13611.3
DRB1_0401	277	VAATPEQIDALAADM	PEQIDALAA	0.1171	14089.0
DRB1_0401	98	AKACAAEGAHLV	KACAAEGAH	0.1138	14595.3
DRB1_0401	276	QVAATPEQIDALAAD	PEQIDALAA	0.1058	15908.4
DRB1_0401	74	EAVGDRARVIAGAGT	RARVIAGAG	0.0981	17298.6
DRB1_0401	275	PQVAATPEQIDALAA	PEQIDALAA	0.0891	19069.7
DRB1_0401	58	PTTTDGEKIELLRAV	GEKIELLRA	0.0863	19657.1
DRB1_0401	274	LPQVAATPEQIDALA	PQVAATPEQ	0.0853	19857.4
DRB1_0401	57	SPTTTDGEKIELLRA	GEKIELLRA	0.0561	27240.3
DRB1_0401	56	ESPTTTDGEKIELLR	PTTTDGEKI	0.0357	33980.6
DRB1_0401	54	TGESPTTTDGEKIEL	PTTTDGEKI	0.0335	34801.8
DRB1_0401	55	GESPTTTDGEKIELL	PTTTDGEKI	0.0325	35194.1

Allele: DRB1\_0401. Number of high binders 6. Number of weak binders 48. Number of pe

Allele	pos	peptide	core	1-log50k(aff)	affinity(nM)	Bind Level
DRB1_0404	12	GTLTAMVTPFSGDG	LLTAMVTPF	0.7294	18.7	SB
DRB1_0404	218	GQLRELLSAFGSGDI	QLRELLSAF	0.7253	19.5	SB

DRB1_0404	219	QLRELLSAFGSGDIA	QLRELLSAF	0.7217	20.3	SB
DRB1_0404	13	TLLTAMVTPFSGDGS	LLTAMVTPF	0.7207	20.5	SB
DRB1_0404	217	AGQLRELLSAFGSGD	QLRELLSAF	0.7163	21.5	SB
DRB1_0404	11	LGTLLTAMVTPFSGD	LLTAMVTPF	0.7093	23.2	SB
DRB1_0404	10	RLGTLLTAMVTPFSG	TLLTAMVTP	0.6933	27.6	SB
DRB1_0404	136	ELPMLLYDIPGRSAV	PMLLYDIPG	0.6923	27.9	SB
DRB1_0404	216	AAGQLRELLSAFGSG	QLRELLSAF	0.6903	28.5	SB
DRB1_0404	135	TELPMLLYDIPGRSA	PMLLYDIPG	0.6887	29.0	SB
DRB1_0404	14	LLTAMVTPFSGDGSL	LLTAMVTPF	0.6726	34.6	SB
DRB1_0404	9	ARLGTLLTAMVTPFS	TLLTAMVTP	0.6679	36.4	SB
DRB1_0404	64	EKIELLRVLEAVGD	KIELLRAVL	0.6628	38.4	SB
DRB1_0404	134	AATELPMLLYDIPGRS	PMLLYDIPG	0.6614	39.0	SB
DRB1_0404	137	LPMLLYDIPGRSAVP	PMLLYDIPG	0.6603	39.5	SB
DRB1_0404	65	KIELLRVLEAVGDR	KIELLRAVL	0.6525	42.9	SB
DRB1_0404	63	GEKIELLRVLEAVG	KIELLRAVL	0.6492	44.5	SB
DRB1_0404	220	LRELLSAFGSGDIAT	ELLSAFGSG	0.6395	49.4	SB
DRB1_0404	237	KINIAVAPLCNAMSR	KINIAVAPL	0.6380	50.2	WB
DRB1_0404	240	IAVAPLCNAMSRGG	AVAPLCNAM	0.6378	50.4	WB
DRB1_0404	8	AARLGTLLTAMVTPF	TLLTAMVTP	0.6342	52.3	WB
DRB1_0404	215	LAAGQLRELLSAFGS	QLRELLSAF	0.6301	54.7	WB
DRB1_0404	239	NIAVAPLCNAMSRG	AVAPLCNAM	0.6294	55.1	WB
DRB1_0404	62	DGEKIELLRVLEAV	KIELLRAVL	0.6199	61.1	WB
DRB1_0404	133	DATELPMLLYDIPGR	LPMLLYDIP	0.6163	63.5	WB
DRB1_0404	221	RELLSAFGSGDIATA	ELLSAFGSG	0.6066	70.6	WB
DRB1_0404	236	RKINIAVAPLCNAMS	KINIAVAPL	0.6056	71.3	WB
DRB1_0404	7	VAARLGTLLTAMVTP	TLLTAMVTP	0.6050	71.8	WB
DRB1_0404	238	INIAVAPLCNAMSR	AVAPLCNAM	0.6017	74.4	WB
DRB1_0404	241	AVAPLCNAMSRGGV	AVAPLCNAM	0.5978	77.6	WB
DRB1_0404	138	PMLLYDIPGRSAVPI	PMLLYDIPG	0.5900	84.4	WB
DRB1_0404	195	ALNLPWLAMGATGFI	NLPWLAMGA	0.5873	87.0	WB
DRB1_0404	194	DALNLPWLAMGATGF	NLPWLAMGA	0.5818	92.2	WB
DRB1_0404	107	HGLLVVTPYYSKPPQ	LLVVTPYYS	0.5772	97.0	WB
DRB1_0404	6	DVAARLGTLLTAMVT	DVAARLGTL	0.5744	100.0	WB
DRB1_0404	106	AHGLLVVTPYYSKPP	HGLLVVTPY	0.5739	100.5	WB
DRB1_0404	193	DDALNLPWLAMGATG	NLPWLAMGA	0.5607	116.0	WB
DRB1_0404	61	TDGEKIELLRVLEA	KIELLRAVL	0.5567	121.1	WB
DRB1_0404	5	FDVAARLGTLLTAMV	DVAARLGTL	0.5513	128.4	WB
DRB1_0404	105	GAHGLLVVTPYYSKP	HGLLVVTPY	0.5497	130.7	WB
DRB1_0404	222	ELLSAFGSGDIATAR	ELLSAFGSG	0.5485	132.3	WB
DRB1_0404	66	IELLRVLEAVGDRA	LLRAVLEAV	0.5472	134.2	WB
DRB1_0404	132	ADATELPMLLYDIPG	LPMLLYDIP	0.5442	138.6	WB
DRB1_0404	214	HLAAGQLRELLSAFG	QLRELLSAF	0.5372	149.5	WB
DRB1_0404	67	ELLRVLEAVGDRAR	LLRAVLEAV	0.5236	173.3	WB
DRB1_0404	234	TARKINIAVAPLCNA	KINIAVAPL	0.5233	173.8	WB
DRB1_0404	235	ARKINIAVAPLCNAM	KINIAVAPL	0.5224	175.4	WB
DRB1_0404	196	LNLPLWLAMGATGFIS	NLPWLAMGA	0.5220	176.2	WB
DRB1_0404	206	TGFISVIAHLAAGQL	SVIAHLAAG	0.5215	177.3	WB
DRB1_0404	207	GFISVIAHLAAGQLR	SVIAHLAAG	0.5193	181.5	WB
DRB1_0404	80	ARVIAGAGTYDTAHS	RVIAGAGTY	0.5180	184.0	WB
DRB1_0404	108	GLLVVTPYYSKPPQR	LVVTPYYSK	0.5169	186.3	WB
DRB1_0404	104	EGAHGLLVVTPYYSK	HGLLVVTPY	0.5166	186.9	WB
DRB1_0404	79	RARVIAGAGTYDTAH	RVIAGAGTY	0.5156	188.9	WB
DRB1_0404	208	FISVIAHLAAGQLRE	SVIAHLAAG	0.5145	191.1	WB
DRB1_0404	4	GFDVAARLGTLLTAM	DVAARLGTL	0.5141	192.1	WB
DRB1_0404	68	LLRAVLEAVGDRARV	LLRAVLEAV	0.5074	206.4	WB
DRB1_0404	192	GDDALNLPWLAMGAT	ALNLPWLAM	0.5058	210.1	WB
DRB1_0404	81	RVIAGAGTYDTAHSI	RVIAGAGTY	0.5047	212.4	WB
DRB1_0404	209	ISVIAHLAAGQLREL	SVIAHLAAG	0.4944	237.5	WB
DRB1_0404	78	DRARVIAGAGTYDTA	RVIAGAGTY	0.4941	238.4	WB
DRB1_0404	60	TTDGEKIELLRVLE	KIELLRAVL	0.4923	243.1	WB



DRB1_0404	205	ATGFISVIAHLAAGQ	FISVIAHLA	0.4903	248.2	WB
DRB1_0404	197	NLPWLMGATGFISV	PWLMGATG	0.4875	256.1	WB
DRB1_0404	109	LLVVTPTYYSKPPQRG	LVVTPTYYSK	0.4868	257.9	WB
DRB1_0404	178	GAQIMADTGLAYYSG	QIMADTGLA	0.4735	298.0	WB
DRB1_0404	179	AQIMADTGLAYYSGD	QIMADTGLA	0.4734	298.3	WB
DRB1_0404	271	DPRLPQVAATPEQID	RLPQVAATP	0.4654	325.2	WB
DRB1_0404	204	GATGFISVIAHLAAG	FISVIAHLA	0.4609	341.5	WB
DRB1_0404	270	GDPRLPQVAATPEQI	RLPQVAATP	0.4594	347.0	WB
DRB1_0404	3	VGFDDVAARLGTLLTA	DVAARLGTL	0.4590	348.5	WB
DRB1_0404	177	SGAQIMADTGLAYYS	QIMADTGLA	0.4589	348.9	WB
DRB1_0404	233	ATARKINIAVAPLCN	KINIAVAPL	0.4565	358.2	WB
DRB1_0404	77	GDRARVIAGAGTYDT	RVIAGAGTY	0.4498	385.0	WB
DRB1_0404	103	AEGAHLGLLVVTPTY	HGLLVVTPY	0.4487	389.3	WB
DRB1_0404	272	PRLPQVAATPEQIDA	RLPQVAATP	0.4483	391.3	WB
DRB1_0404	242	VAPLCNAMSRLGGVT	VAPLCNAMS	0.4472	395.7	WB
DRB1_0404	15	LTAMVTPFSGDGLSD	LTAMVTPFS	0.4420	419.0	WB
DRB1_0404	92	AHSIRLAKACAAEGA	HSIRLAKAC	0.4397	429.2	WB
DRB1_0404	93	HSIRLAKACAAEGAH	HSIRLAKAC	0.4388	433.6	WB
DRB1_0404	46	DGLVVSGLTTGESPTT	LVSGLTTGE	0.4376	439.4	WB
DRB1_0404	210	SVIAHLAAGQLRELL	SVIAHLAAG	0.4372	441.0	WB
DRB1_0404	191	SGDDALNLPWLMGA	NLPWLMGA	0.4339	457.3	WB
DRB1_0404	260	AGLRLQGIDVGDPR	LRLQGIDVG	0.4335	459.0	WB
DRB1_0404	261	GLRLQGIDVGDPRLP	LRLQGIDVG	0.4333	460.4	WB
DRB1_0404	45	CDGLVVSGLTTGESPT	LVSGLTTGE	0.4285	484.4	WB
DRB1_0404	232	IATARKINIAVAPLC	KINIAVAPL	0.4281	486.8	WB
DRB1_0404	47	GLVVSGLTTGESPTTT	LVSGLTTGE	0.4238	509.9	WB
DRB1_0404	176	HSGAQIMADTGLAYY	QIMADTGLA	0.4230	514.3	WB
DRB1_0404	91	TAHSIRLAKACAAEG	SIRLAKACA	0.4227	515.9	WB
DRB1_0404	213	AHLAAGQLRELLSAF	QLRELLSAF	0.4205	528.6	WB
DRB1_0404	247	NAMSRLGGVTLKAG	MSRLGGVTL	0.4184	540.7	WB
DRB1_0404	273	RLPQVAATPEQIDAL	RLPQVAATP	0.4181	542.3	WB
DRB1_0404	259	KAGLRLQGIDVGDPR	LRLQGIDVG	0.4173	547.3	WB
DRB1_0404	20	TPFSGDGLSDTATAA	TPFSGDGLS	0.4170	548.9	WB
DRB1_0404	198	LPWLMGATGFISVI	PWLMGATG	0.4168	550.2	WB
DRB1_0404	17	AMVTPFSGDGLSDTA	TPFSGDGLS	0.4152	559.7	WB
DRB1_0404	269	VGDPRLPQVAATPEQ	RLPQVAATP	0.4146	563.6	WB
DRB1_0404	19	VTPFSGDGLSDTATA	TPFSGDGLS	0.4142	565.7	WB
DRB1_0404	180	QIMADTGLAYYSGDD	QIMADTGLA	0.4140	567.3	WB
DRB1_0404	125	QAHFTAVADATELPM	HFTAVADAT	0.4121	578.7	WB
DRB1_0404	18	MVTPFSGDGLSDTAT	TPFSGDGLS	0.4121	579.0	WB
DRB1_0404	199	PWLMGATGFISVIA	PWLMGATG	0.4100	591.9	WB
DRB1_0404	139	MLLYDIPGRSAVPIE	MLLYDIPGR	0.4061	617.4	WB
DRB1_0404	126	AHFTAVADATELPM	HFTAVADAT	0.4052	623.6	WB
DRB1_0404	246	CNAMSRLGGVTLKAG	MSRLGGVTL	0.4035	635.1	WB
DRB1_0404	123	GLQAHFTAVADATEL	HFTAVADAT	0.4030	639.0	WB
DRB1_0404	44	GCDGLVVSGLTTGESP	LVSGLTTGE	0.4028	640.4	WB
DRB1_0404	124	LQAHFTAVADATELP	HFTAVADAT	0.3996	663.0	WB
DRB1_0404	110	LVVTPTYYSKPPQRGL	LVVTPTYYSK	0.3988	668.6	WB
DRB1_0404	203	MGATGFISVIAHLAA	TGFISVIAH	0.3982	672.9	WB
DRB1_0404	94	SIRLAKACAAEGAAG	IRLAKACAA	0.3955	693.0	WB
DRB1_0404	2	TVGFDVAARLGTLLT	DVAARLGTL	0.3955	693.0	WB
DRB1_0404	16	TAMVTPFSGDGLSDT	AMVTPFSGD	0.3912	725.3	WB
DRB1_0404	231	DIATARKINIAVAPL	KINIAVAPL	0.3907	729.3	WB
DRB1_0404	127	HFTAVADATELPM	HFTAVADAT	0.3888	744.6	WB
DRB1_0404	122	RGLQAHFTAVADATE	HFTAVADAT	0.3887	745.4	WB
DRB1_0404	185	TGLAYYSGDDALNLP	TGLAYYSGD	0.3880	751.5	WB
DRB1_0404	163	PNIVGVKDAKADLHS	NIVGVKDAK	0.3822	799.6	WB
DRB1_0404	162	HPNIVGVKDAKADLH	NIVGVKDAK	0.3821	800.4	WB
DRB1_0404	245	LCNAMSRLGGVTLK	NAMSRLGGV	0.3805	815.1	WB
DRB1_0404	90	DTAHSIRLAKACAAE	HSIRLAKAC	0.3774	842.6	WB

DRB1_0404	262	LRLQGIDVGDPRLPQ	LRLQGIDVG	0.3758	856.9
DRB1_0404	184	DTGLAYYSGDDALNL	TGLAYYSGD	0.3740	873.9
DRB1_0404	161	SHPNIVGVKDAKADL	NIVGVKDAK	0.3738	875.7
DRB1_0404	76	VGDRARVIAGAGTYD	RVIAGAGTY	0.3737	877.2
DRB1_0404	121	QRGLQAHFTAVADAT	HFTAVADAT	0.3733	880.9
DRB1_0404	175	LHSGAQIMADTGLAY	AQIMADTGL	0.3726	887.4
DRB1_0404	258	SKAGLRLQGIDVGDP	LRLQGIDVG	0.3706	907.0
DRB1_0404	244	PLCNAMSRLGGVTLS	AMSRLGGVT	0.3668	944.8
DRB1_0404	131	VADATELPMLLYDIP	LPMLLYDIP	0.3664	949.4
DRB1_0404	248	AMSRLGGVTLSKAGL	RLGGVTLSK	0.3647	966.5
DRB1_0404	268	DVGDPRLPQVAATPE	RLPQVAATP	0.3608	1008.3
DRB1_0404	174	DLHSGAQIMADTGLA	QIMADTGLA	0.3537	1088.8
DRB1_0404	43	QGCDGLVVSGETTGES	GLVVSGETTG	0.3514	1116.7
DRB1_0404	202	AMGATGFISVIAHLA	TGFISVIAH	0.3497	1136.5
DRB1_0404	59	TTTDGEKIELLRAVL	KIELLRAVL	0.3494	1140.1
DRB1_0404	164	NIVGVKDAKADLHSG	NIVGVKDAK	0.3434	1217.6
DRB1_0404	1	TTVGFVDVAARLGTL	DVAARLGTL	0.3425	1229.4
DRB1_0404	120	PQRGLQAHFTAVADA	GLQAHFTAV	0.3419	1237.3
DRB1_0404	183	ADTGLAYYSGDDALN	TLAYYSGD	0.3417	1239.3
DRB1_0404	200	WLAMGATGFISVIAH	WGLAMGATGF	0.3382	1287.2
DRB1_0404	95	IRLAKACAAEGAHGL	IRLAKACAA	0.3363	1314.3
DRB1_0404	243	APLCNAMSRLGGVTL	PLCNAMSRL	0.3344	1342.1
DRB1_0404	102	AAEGAHGLLVVTPYY	HGLLVVTPY	0.3331	1360.3
DRB1_0404	48	LVVSGTTGESPTTTD	LVVSGTTGE	0.3296	1413.6
DRB1_0404	201	LAMGATGFISVIAHL	LAMGATGFI	0.3262	1466.7
DRB1_0404	89	YDTAHSIRLAKACAA	HSIRLAKAC	0.3235	1508.9
DRB1_0404	160	ASHPNIVGVKDAKAD	NIVGVKDAK	0.3201	1566.6
DRB1_0404	257	LSKAGLRLQGIDVGD	LRLQGIDVG	0.3198	1571.7
DRB1_0404	187	LAYYSGDDALNLPWL	AYYSGDDAL	0.3141	1671.1
DRB1_0404	249	MSRLGGVTLSKAGLR	RLGGVTLSK	0.3140	1672.8
DRB1_0404	230	GDIATARKINIAVAP	TARKINIAV	0.3135	1681.8
DRB1_0404	186	GLAYYSGDDALNLPW	AYYSGDDAL	0.3127	1696.8
DRB1_0404	155	DTIRAASHPNIVGVK	TIRAASHPN	0.3117	1715.9
DRB1_0404	223	LLSAFGSGDIATARK	LLSAFGSGD	0.3072	1799.7
DRB1_0404	154	PDTIRAASHPNIVGV	TIRAASHPN	0.3069	1807.2
DRB1_0404	119	PPQRGLQAHFTAVAD	GLQAHFTAV	0.3049	1845.8
DRB1_0404	182	MADTGLAYYSGDDAL	TGLAYYSGD	0.3048	1848.9
DRB1_0404	0	VTTVGFVDVAARLGTL	TTVGFVDVAA	0.3023	1899.2
DRB1_0404	267	IDVGDPRLPQVAATP	RLPQVAATP	0.3016	1913.0
DRB1_0404	173	ADLHSGAQIMADTGL	DLHSGAQIM	0.3003	1939.7
DRB1_0404	156	TIRAASHPNIVGVKD	TIRAASHPN	0.2974	2002.1
DRB1_0404	75	AVGDRARVIAGAGTY	RVIAGAGTY	0.2923	2115.7
DRB1_0404	188	AYYSGDDALNLPWLA	AYYSGDDAL	0.2906	2155.0
DRB1_0404	42	DQGCGLVVSGETTGE	GLVVSGETTG	0.2858	2270.6
DRB1_0404	153	EPDTIRAASHPNIVG	TIRAASHPN	0.2830	2339.4
DRB1_0404	69	LRAVLEAVGDRARVI	RAVLEAVGD	0.2820	2365.3
DRB1_0404	250	SRLGGVTLSKAGLRL	RLGGVTLSK	0.2818	2371.4
DRB1_0404	190	YSGDDALNLPWLAMG	ALNLPWLAM	0.2775	2484.0
DRB1_0404	101	CAAEGAHGLLVVTPY	HGLLVVTPY	0.2715	2650.5
DRB1_0404	118	KPPQRGLQAHFTAVA	GLQAHFTAV	0.2711	2662.5
DRB1_0404	82	VIAGAGTYDTAHSIR	IAGAGTYDT	0.2705	2679.5
DRB1_0404	159	AASHPNIVGVKDAKA	NIVGVKDAK	0.2695	2706.5
DRB1_0404	30	TATAARLANHLVDQG	TAARLANHL	0.2665	2796.0
DRB1_0404	31	ATAARLANHLVDQGC	TAARLANHL	0.2607	2979.4
DRB1_0404	172	KADLHSGAQIMADTG	DLHSGAQIM	0.2589	3036.2
DRB1_0404	181	IMADTGLAYYSGDDA	TGLAYYSGD	0.2578	3074.4
DRB1_0404	229	SGDIATARKINIAVA	TARKINIAV	0.2565	3116.2
DRB1_0404	70	RAVLEAVGDRARVIA	RAVLEAVGD	0.2532	3228.4
DRB1_0404	256	TLSKAGLRLQGIDVG	LRLQGIDVG	0.2516	3287.8
DRB1_0404	251	RLGGVTLSKAGLRLQ	RLGGVTLSK	0.2495	3362.7

DRB1_0404	212	IAHLAAGQLRELLSA	IAHLAAGQL	0.2480	3417.8
DRB1_0404	21	PFSGDGSLDTATAAR	PFSGDGSLD	0.2467	3466.6
DRB1_0404	29	DTATAARLANHLVDQ	TAARLANHL	0.2459	3496.1
DRB1_0404	128	FTAVADATELPMMLLY	TAVADATEL	0.2436	3582.6
DRB1_0404	32	TAARLANHLVDQGCD	TAARLANHL	0.2430	3607.3
DRB1_0404	211	VIAHLAAGQLRELLS	IAHLAAGQL	0.2425	3625.7
DRB1_0404	152	IEPDTIRAASHPNIV	TIRAASHPN	0.2417	3659.4
DRB1_0404	129	TAVADATELPMMLLYD	TAVADATEL	0.2377	3817.9
DRB1_0404	189	YYSGDDALNLPWLAM	ALNLPWLAM	0.2337	3989.2
DRB1_0404	263	RLQGIDVGDPRLPQV	RLQGIDVGD	0.2325	4042.0
DRB1_0404	280	TPEQIDALAADMRAA	QIDALAADM	0.2322	4052.2
DRB1_0404	111	VVTPYYSKPPQRGLQ	VVTPYYSKP	0.2318	4070.4
DRB1_0404	171	AKADLHSGAQIMADT	DLHSGAQIM	0.2310	4108.9
DRB1_0404	281	PEQIDALAADMRAAS	QIDALAADM	0.2308	4117.2
DRB1_0404	88	TYDTAHSIRLAKACA	SIRLAKACA	0.2306	4125.7
DRB1_0404	96	RLAKACAAEGAHGLL	RLAKACAAE	0.2284	4223.4
DRB1_0404	117	SKPPQRGLQAHFTAV	GLQAHFTAV	0.2274	4270.0
DRB1_0404	157	IRAASHPNIVGVKDA	IRAASHPNI	0.2263	4319.3
DRB1_0404	279	ATPEQIDALAADMRA	QIDALAADM	0.2228	4485.8
DRB1_0404	130	AVADATELPMMLLYDI	ELPMLLYDI	0.2218	4537.5
DRB1_0404	282	EQIDALAADMRAASV	QIDALAADM	0.2218	4537.9
DRB1_0404	39	HLVDQGCGLVVSST	LVDQGCGL	0.2198	4638.3
DRB1_0404	274	LPQVAATPEQIDALA	QVAATPEQI	0.2187	4689.2
DRB1_0404	38	NHLVDQGCGLVVSST	LVDQGCGL	0.2186	4696.0
DRB1_0404	224	LSAFSGDIATARKI	AFSGDIAT	0.2154	4863.4
DRB1_0404	283	QIDALAADMRAASVL	QIDALAADM	0.2142	4923.2
DRB1_0404	228	GSGDIATARKINIAV	TARKINIAV	0.2132	4977.0
DRB1_0404	158	RAASHPNIVGVKDAK	NIVGVKDAK	0.2128	5000.1
DRB1_0404	28	LDTATAARLANHLVD	TAARLANHL	0.2084	5242.5
DRB1_0404	226	AFSGDIATARKINI	AFSGDIAT	0.2065	5354.0
DRB1_0404	146	GRSAVPIEPDTIRAA	AVPIEPDTI	0.2059	5388.7
DRB1_0404	147	RSAPVPIEPDTIRAAS	AVPIEPDTI	0.2057	5397.4
DRB1_0404	148	SAVPIEPDTIRAASH	AVPIEPDTI	0.2054	5416.9
DRB1_0404	83	IAGAGTYDTAHSIRL	GAGTYDTAH	0.2052	5430.3
DRB1_0404	41	VDQGCGLVVSSTTG	GLVVSSTTG	0.2046	5464.6
DRB1_0404	37	ANHLVDQGCGLVVS	LVDQGCGL	0.2031	5554.8
DRB1_0404	40	LVDQGCGLVVSSTTG	LVDQGCGL	0.2025	5590.8
DRB1_0404	170	DAKADLHSGAQIMAD	DLHSGAQIM	0.1965	5963.1
DRB1_0404	36	LANHLVDQGCGLVV	LVDQGCGL	0.1959	6001.7
DRB1_0404	151	PIEPDTIRAASHPNI	TIRAASHPN	0.1944	6100.0
DRB1_0404	22	FSGDGSLDTATAARL	SLDTATAAR	0.1933	6178.6
DRB1_0404	284	IDALAADMRAASVLR	ALAADMRAA	0.1929	6198.9
DRB1_0404	275	PQVAATPEQIDALAA	QVAATPEQI	0.1922	6248.3
DRB1_0404	33	AARLANHLVDQGCDCG	LANHLVDQG	0.1904	6373.3
DRB1_0404	278	AATPEQIDALAADM	QIDALAADM	0.1894	6438.4
DRB1_0404	149	AVPIEPDTIRAASHP	AVPIEPDTI	0.1894	6440.4
DRB1_0404	276	QVAATPEQIDALAAD	QVAATPEQI	0.1882	6527.6
DRB1_0404	225	SAFGSGDIATARKIN	AFSGDIAT	0.1867	6629.2
DRB1_0404	253	GGVTLKAGLRLQGI	GVTLSKAGL	0.1859	6688.5
DRB1_0404	252	LGGVTLKAGLRLQG	GVTLSKAGL	0.1853	6734.4
DRB1_0404	71	AVLEAVGDRARVIAG	AVLEAVGDR	0.1833	6880.2
DRB1_0404	35	RLANHLVDQGCGLV	LANHLVDQG	0.1811	7044.4
DRB1_0404	34	ARLANHLVDQGCDCGL	LANHLVDQG	0.1806	7083.6
DRB1_0404	255	VTLKAGLRLQIDV	GLRLQIDV	0.1805	7092.2
DRB1_0404	87	GTYDTAHSIRLAKAC	HSIRLAKAC	0.1794	7180.3
DRB1_0404	27	SLDTATAARLANHLV	TAARLANHL	0.1786	7240.0
DRB1_0404	145	PGRSAVPIEPDTIRA	AVPIEPDTI	0.1784	7256.9
DRB1_0404	227	FGSGDIATARKINIA	FGSGDIATA	0.1780	7285.7
DRB1_0404	169	KDAKADLHSGAQIMA	DLHSGAQIM	0.1755	7486.8
DRB1_0404	85	GAGTYDTAHSIRLAK	GAGTYDTAH	0.1749	7538.2

DRB1_0404	74	EAVGDRARVIAGAGT	RARVIAGAG	0.1735	7649.3
DRB1_0404	140	LLYDIPGRSAVPIEP	LLYDIPGRS	0.1731	7684.8
DRB1_0404	254	GVTLISKAGLRLQGID	GVTLISKAGL	0.1722	7760.7
DRB1_0404	24	GDGSLDTATAARLAN	SLDTATAAR	0.1671	8200.5
DRB1_0404	84	AGAGTYDTAHSIRLA	GAGTYDTAH	0.1667	8232.5
DRB1_0404	144	IPGRSAVPIEPDTIR	AVPIEPDTI	0.1653	8363.4
DRB1_0404	165	IVGVKDAKADLHSGA	IVGVKDAKA	0.1639	8485.4
DRB1_0404	86	AGTYDTAHSIRLAKA	GTYDTAHSI	0.1638	8493.0
DRB1_0404	25	DGSLDTATAARLANH	SLDTATAAR	0.1634	8531.9
DRB1_0404	26	GSLDTATAARLANHL	TAARLANHL	0.1629	8580.9
DRB1_0404	277	VAATPEQIDALAADM	ATPEQIDAL	0.1609	8766.5
DRB1_0404	23	SGDGLDTATAARLA	SLDTATAAR	0.1573	9118.2
DRB1_0404	141	LYDIPGRSAVPIEPD	YDIPGRSAV	0.1529	9557.2
DRB1_0404	116	YSKPPQRGLQAHFTA	RGLQAHFTA	0.1525	9597.9
DRB1_0404	150	VPIEPDTIRAASHPN	TIRAASHPN	0.1516	9691.7
DRB1_0404	100	ACAAEGAHGLLVVTP	AHGLLVVTP	0.1515	9702.3
DRB1_0404	143	DIPGRSAVPIEPDTI	AVPIEPDTI	0.1513	9725.1
DRB1_0404	97	LAKACAAEGAHGLLV	KACAAEGAH	0.1499	9877.3
DRB1_0404	142	YDIPGRSAVPIEPDT	YDIPGRSAV	0.1480	10081.7
DRB1_0404	73	LEAVGDRARVIAGAG	LEAVGDRAR	0.1411	10857.8
DRB1_0404	168	VKDAKADLHSGAQIM	DLHSGAQIM	0.1395	11052.7
DRB1_0404	72	VLEAVGDRARVIAGA	LEAVGDRAR	0.1368	11375.5
DRB1_0404	112	VTPYYSKPPQRGLQA	VTPYYSKPP	0.1364	11424.0
DRB1_0404	99	KACAAEGAHGLLVVT	KACAAEGAH	0.1358	11499.5
DRB1_0404	58	PTTTDGEKIELLRVAV	EKIELLRVAV	0.1312	12091.9
DRB1_0404	264	LQGIDVGDPRLPQVA	LQGIDVGDP	0.1243	13034.7
DRB1_0404	266	GIDVGDPRLPQVAAT	GIDVGDPRL	0.1200	13643.3
DRB1_0404	98	AKACAAEGAHGLLVV	KACAAEGAH	0.1200	13653.3
DRB1_0404	166	VGVDKADLHSGAQ	VKDAKADLH	0.1126	14791.0
DRB1_0404	167	GVKDAKADLHSGAQI	DAKADLHSG	0.1116	14947.9
DRB1_0404	265	QGIDVGDPRLPQVAA	GIDVGDPRL	0.1107	15086.0
DRB1_0404	115	YYSKPPQRGLQAHFT	PPQRGLQAH	0.1079	15554.2
DRB1_0404	114	PYYSKPPQRGLQAHF	PYYSKPPQR	0.1001	16932.5
DRB1_0404	49	VVSGTTGESPTTTDGD	VVSGTTGES	0.0977	17382.3
DRB1_0404	50	VSGTTGESPTTTDGE	TTGESPTTT	0.0938	18128.7
DRB1_0404	51	SGTTGESPTTTDGEK	TTGESPTTT	0.0935	18179.8
DRB1_0404	113	TPYYSKPPQRGLQAH	PYYSKPPQR	0.0921	18465.6
DRB1_0404	52	GTTGESPTTTDGEKI	TTGESPTTT	0.0846	20011.0
DRB1_0404	53	TTGESPTTTDGEKIE	TTGESPTTT	0.0808	20853.1
DRB1_0404	54	TGESPTTTDGEKIEL	TGESPTTTD	0.0642	24949.7
DRB1_0404	55	GESPTTTDGEKIELL	ESPTTTDGE	0.0506	28924.6
DRB1_0404	57	SPTTTDGEKIELLRA	SPTTTDGEK	0.0453	30617.2
DRB1_0404	56	ESPTTTDGEKIELLR	ESPTTTDGE	0.0452	30648.4

Allele: DRB1\_0404. Number of high binders 18. Number of weak binders 69. Number of p

Allele	pos	peptide	core	1-log50k(aff)	affinity(nM)	Bind Level
DRB1_0405	63	GEKIELLRVAVLEAVG	KIELLRVAVL	0.7209	20.5	SB
DRB1_0405	64	EKIELLRVAVLEAVGD	KIELLRVAVL	0.7105	22.9	SB
DRB1_0405	62	DGEKIELLRVAVLEAV	KIELLRVAVL	0.6953	27.0	SB
DRB1_0405	61	TDGEKIELLRVAVLEA	KIELLRVAVL	0.6725	34.6	SB
DRB1_0405	19	VTPFSGDGLDTATA	TPFSGDGLS	0.6462	46.0	SB
DRB1_0405	65	KIELLRVAVLEAVGDR	KIELLRVAVL	0.6450	46.6	SB
DRB1_0405	18	MVTPFSGDGLDTAT	TPFSGDGLS	0.6362	51.2	WB
DRB1_0405	20	TPFSGDGLDTATAA	TPFSGDGLS	0.6356	51.6	WB
DRB1_0405	60	TTDGEKIELLRVAVLE	KIELLRVAVL	0.6350	51.9	WB

DRB1_0405	217	AGQLRELLSAFGSGD	GQLRELLSA	0.6119	66.6	WB
DRB1_0405	17	AMVTPFSGDGLDTA	TPFSGDGL	0.6119	66.7	WB
DRB1_0405	186	GLAYYSGDDALNLPW	LAYYSGDDA	0.6102	67.8	WB
DRB1_0405	218	GQLRELLSAFGSGDI	GQLRELLSA	0.6067	70.5	WB
DRB1_0405	185	TGLAYYSGDDALNLP	LAYYSGDDA	0.5980	77.4	WB
DRB1_0405	203	MGATGFISVIAHLAA	TGFISVIAH	0.5957	79.4	WB
DRB1_0405	135	TELPMLLYDIPGRSA	MLLYDIPGR	0.5883	86.0	WB
DRB1_0405	204	GATGFISVIAHLAAG	TGFISVIAH	0.5860	88.2	WB
DRB1_0405	187	LAYYSGDDALNLPWL	LAYYSGDDA	0.5852	88.9	WB
DRB1_0405	66	IELLRAVLEAVGDRA	LLRAVLEAV	0.5827	91.3	WB
DRB1_0405	10	RLGTLTLLTAMVTPFSG	TLLTAMVTP	0.5825	91.6	WB
DRB1_0405	216	AAGQLRELLSAFGSG	GQLRELLSA	0.5814	92.7	WB
DRB1_0405	9	ARLGTLLTAMVTPFS	TLLTAMVTP	0.5741	100.3	WB
DRB1_0405	11	LGTLLTAMVTPFSGD	TLLTAMVTP	0.5730	101.5	WB
DRB1_0405	202	AMGATGFISVIAHLA	TGFISVIAH	0.5717	102.9	WB
DRB1_0405	136	ELPMLLYDIPGRSAV	MLLYDIPGR	0.5701	104.7	WB
DRB1_0405	184	DTGLAYYSGDDALNL	LAYYSGDDA	0.5699	105.0	WB
DRB1_0405	137	LPMLLYDIPGRSAVP	MLLYDIPGR	0.5683	106.7	WB
DRB1_0405	16	TAMVTPFSGDGLDT	TPFSGDGL	0.5681	107.1	WB
DRB1_0405	215	LAAGQLRELLSAFGS	GQLRELLSA	0.5643	111.5	WB
DRB1_0405	259	KAGLRLQGIDVGDPR	GLRLQGIDV	0.5627	113.4	WB
DRB1_0405	205	ATGFISVIAHLAAGQ	TGFISVIAH	0.5614	115.0	WB
DRB1_0405	134	AATELPMLLYDIPGRS	MLLYDIPGR	0.5599	116.9	WB
DRB1_0405	122	RGLQAHFTAVADATE	QAHFTAVAD	0.5582	119.2	WB
DRB1_0405	260	AGLRLQGIDVGDPR	GLRLQGIDV	0.5557	122.4	WB
DRB1_0405	123	GLQAHFTAVADATEL	QAHFTAVAD	0.5552	123.0	WB
DRB1_0405	258	SKAGLRLQGIDVGD	GLRLQGIDV	0.5539	124.8	WB
DRB1_0405	206	TGFISVIAHLAAGQL	FISVIAHLA	0.5490	131.6	WB
DRB1_0405	261	GLRLQGIDVGDPRLP	GLRLQGIDV	0.5434	139.9	WB
DRB1_0405	8	AARLGTLLTAMVTPF	GTLLTAMVT	0.5420	141.9	WB
DRB1_0405	219	QLRELLSAFGSGDIA	ELLSAFGSG	0.5330	156.4	WB
DRB1_0405	183	ADTGLAYYSGDDALN	LAYYSGDDA	0.5325	157.3	WB
DRB1_0405	138	PMLLYDIPGRSAVPI	MLLYDIPGR	0.5310	160.0	WB
DRB1_0405	12	GTLLTAMVTPFSGDG	TLLTAMVTP	0.5287	164.0	WB
DRB1_0405	7	VAARLGTLLTAMVTP	GTLLTAMVT	0.5263	168.2	WB
DRB1_0405	257	LSKAGLRLQGIDVGD	GLRLQGIDV	0.5176	184.9	WB
DRB1_0405	108	GLLVVTPYYSKPPQR	LLVVTPYYS	0.5148	190.6	WB
DRB1_0405	196	LNLPLWAMGATGFIS	LPWLAMGAT	0.5138	192.6	WB
DRB1_0405	188	AYYSGDDALNLPWLA	AYYSGDDAL	0.5124	195.5	WB
DRB1_0405	6	DVAARLGTLLTAMVT	GTLLTAMVT	0.5118	196.7	WB
DRB1_0405	220	LRELLSAFGSGDIAT	ELLSAFGSG	0.5096	201.6	WB
DRB1_0405	107	HGLLVVTPYYSKPPQ	LLVVTPYYS	0.5090	202.8	WB
DRB1_0405	195	ALNLPWLAMGATGFI	LPWLAMGAT	0.5055	210.8	WB
DRB1_0405	133	DATELPMLLYDIPGR	MLLYDIPGR	0.5048	212.3	WB
DRB1_0405	15	LTAMVTPFSGDGLD	LTAMVTPFS	0.5025	217.6	WB
DRB1_0405	67	ELLRRAVLEAVGDRAR	LLRAVLEAV	0.5008	221.6	WB
DRB1_0405	197	NLPWLAMGATGFISV	LPWLAMGAT	0.4993	225.3	WB
DRB1_0405	109	LLVVTPYYSKPPQRG	LLVVTPYYS	0.4984	227.6	WB
DRB1_0405	104	EGAHGLLVVTPYYSK	GLLVVTPYY	0.4922	243.3	WB
DRB1_0405	121	QRGLQAHFTAVADAT	QAHFTAVAD	0.4890	251.9	WB
DRB1_0405	139	MLLYDIPGRSAVPIE	LLYDIPGRS	0.4889	252.1	WB
DRB1_0405	214	HLAAGQLRELLSAFG	GQLRELLSA	0.4862	259.7	WB
DRB1_0405	124	LQAHFTAVADATELP	QAHFTAVAD	0.4854	261.9	WB
DRB1_0405	221	RELLSAFGSGDIATA	ELLSAFGSG	0.4830	268.7	WB
DRB1_0405	103	AEGAHGLLVVTPYYS	GLLVVTPYY	0.4827	269.5	WB
DRB1_0405	105	GAHGLLVVTPYYSKP	GLLVVTPYY	0.4784	282.6	WB
DRB1_0405	194	DALNLPWLAMGATGF	LPWLAMGAT	0.4773	285.8	WB
DRB1_0405	125	QAHFTAVADATELPM	QAHFTAVAD	0.4738	296.8	WB
DRB1_0405	120	PQRGLQAHFTAVADA	GLQAHFTAV	0.4711	305.7	WB
DRB1_0405	106	AHGLLVVTPYYSKPP	LLVVTPYYS	0.4709	306.3	WB

DRB1_0405	207	GFISVIAHLAAGQLR	GFISVIAHL	0.4688	313.3	WB
DRB1_0405	59	TTTTGKEKIELLR AVL	KIELLR AVL	0.4658	323.8	WB
DRB1_0405	14	LLTAMVTPFSGDGS L	LTAMVTPFS	0.4651	326.1	WB
DRB1_0405	201	LAMGATGFISVIAHL	TGFISVIAH	0.4625	335.5	WB
DRB1_0405	198	LPWLAMGATGFISVI	LPWLAMGAT	0.4593	347.3	WB
DRB1_0405	256	TLKAGLRLQGIDVG	GLRLQGIDV	0.4578	353.2	WB
DRB1_0405	155	DTIRAASHPNIVGVK	IRAASHPNI	0.4570	355.9	WB
DRB1_0405	102	AAEGAHGLLVVTPYY	GAHGLLVVT	0.4559	360.3	WB
DRB1_0405	13	TLLTAMVTPFSGDGS	LTAMVTPFS	0.4552	362.9	WB
DRB1_0405	154	PDTIRAASHPNIVGV	IRAASHPNI	0.4519	376.1	WB
DRB1_0405	68	LLRAVLEAVGDRARV	LLRAVLEAV	0.4501	383.8	WB
DRB1_0405	272	PRLPQVAATPEQIDA	QVAATPEQI	0.4466	398.3	WB
DRB1_0405	182	MADTGLAYYSGDDAL	GLAYYSGDD	0.4448	406.2	WB
DRB1_0405	156	TIRAASHPNIVGVKD	IRAASHPNI	0.4445	407.8	WB
DRB1_0405	21	PFSGDGS LDTATAAR	FSGDGS LDT	0.4390	432.8	WB
DRB1_0405	153	EPDTIRAASHPNIVG	IRAASHPNI	0.4383	435.7	WB
DRB1_0405	45	CDGLVVS GTTGESPT	LVVSGTTGE	0.4361	446.5	WB
DRB1_0405	132	ADATELPM LLYDIPG	TE LPM LLYD	0.4361	446.6	WB
DRB1_0405	271	DPRLPQVAATPEQID	PRLPQVAAT	0.4351	451.4	WB
DRB1_0405	44	GCDGLVVS GTTGESP	GLVVS GTTG	0.4333	460.0	WB
DRB1_0405	5	FDVAARLG TLLTAMV	LG TLLTAMV	0.4324	464.5	WB
DRB1_0405	236	RKINIAVAPLCNAMS	KINIAVAPL	0.4323	465.0	WB
DRB1_0405	46	DGLVVS GTTGESPTT	LVVSGTTGE	0.4320	466.6	WB
DRB1_0405	193	DDALNLPWLAMGATG	LPWLAMGAT	0.4257	499.7	WB
DRB1_0405	152	IEPDTIRAASHPNIV	IRAASHPNI	0.4215	522.7	WB
DRB1_0405	200	WLAMGATGFISVIAH	TGFISVIAH	0.4208	526.8	WB
DRB1_0405	119	PPQRGLQAHFTAVAD	GLQAHFTAV	0.4185	540.1	WB
DRB1_0405	222	ELLSAFGSGDIATAR	ELLSAFGSG	0.4177	544.8	WB
DRB1_0405	162	HPNIVGVKDAKADLH	IVGVKDAKA	0.4174	546.6	WB
DRB1_0405	262	LRLQGIDVGD PRLPQ	LRLQGIDVG	0.4129	573.8	WB
DRB1_0405	157	IRAASHPNIVGVKDA	IRAASHPNI	0.4124	576.7	WB
DRB1_0405	255	VTLKAGLRLQGIDV	GLRLQGIDV	0.4110	585.6	WB
DRB1_0405	273	RLPQVAATPEQIDAL	QVAATPEQI	0.4109	586.5	WB
DRB1_0405	163	PNIVGVKDAKADLHS	IVGVKDAKA	0.4107	587.9	WB
DRB1_0405	161	SHPNIVGVKDAKADL	IVGVKDAKA	0.4095	595.2	WB
DRB1_0405	237	KINIAVAPLCNAMSR	KINIAVAPL	0.4056	620.9	WB
DRB1_0405	81	RVIAGAGTYDTAHSI	VIAGAGTYD	0.4056	621.2	WB
DRB1_0405	110	LVVTPYYSKPPQRGL	TPYYSKPPQ	0.4025	642.2	WB
DRB1_0405	43	QGCDGLVVS GTTGES	GLVVS GTTG	0.4025	642.2	WB
DRB1_0405	274	LPQVAATPEQIDALA	QVAATPEQI	0.4006	655.7	WB
DRB1_0405	47	GLVVS GTTGESPTTT	LVVSGTTGE	0.3999	660.8	WB
DRB1_0405	249	MSRLGGVTLKAGLR	LGGVTL SKA	0.3974	678.9	WB
DRB1_0405	131	VADATELPM LLYDIP	DATELPM L L	0.3947	698.4	WB
DRB1_0405	213	AHLAAGQLRELLSAF	GQLRELLSA	0.3919	720.4	WB
DRB1_0405	111	VVTPYYSKPPQRGLQ	TPYYSKPPQ	0.3887	745.2	WB
DRB1_0405	199	PWLAMGATGFISVIA	PWLAMGATG	0.3877	753.9	WB
DRB1_0405	80	ARVIAGAGTYDTAHS	VIAGAGTYD	0.3876	754.2	WB
DRB1_0405	151	PIEPDTIRAASHPNI	IRAASHPNI	0.3874	756.1	WB
DRB1_0405	234	TARKINIAVAPLCNA	KINIAVAPL	0.3873	757.0	WB
DRB1_0405	79	RARVIAGAGTYDTAH	RVIAGAGTY	0.3872	757.8	WB
DRB1_0405	276	QVAATPEQIDALAAD	QVAATPEQI	0.3852	774.4	WB
DRB1_0405	208	FISVIAHLAAGQLRE	FISVIAHLA	0.3849	776.9	WB
DRB1_0405	160	ASHPNIVGVKDAKAD	IVGVKDAKA	0.3848	777.9	WB
DRB1_0405	164	NIVGVKDAKADLHSG	IVGVKDAKA	0.3841	783.8	WB
DRB1_0405	248	AMSR LGGVTLKAGL	MSR LGGVTL	0.3840	784.7	WB
DRB1_0405	239	NIAPVAPLCNAMSR LG	VAPVAPLCNAMS	0.3818	803.3	WB
DRB1_0405	33	AARLANHLVDQ GCDG	LANHLVDQ G	0.3811	809.4	WB
DRB1_0405	275	PQVAATPEQIDALAA	QVAATPEQI	0.3803	816.1	WB
DRB1_0405	250	SRLGGVTLKAGLRL	GGVTLKAG	0.3801	818.3	WB
DRB1_0405	235	ARKINIAVAPLCNAM	KINIAVAPL	0.3787	830.5	WB

DRB1_0405	112	VTPYYSKPPQRGLQA	TPYYSKPPQ	0.3730	883.6
DRB1_0405	176	HSGAQIMADTGLAYY	QIMADTGLA	0.3726	887.7
DRB1_0405	177	SGAQIMADTGLAYYS	QIMADTGLA	0.3719	893.7
DRB1_0405	175	LHSGAQIMADTGLAY	GAQIMADTG	0.3717	896.5
DRB1_0405	270	GDPRLPQVAATPEQI	PRLPQVAAT	0.3713	899.7
DRB1_0405	247	NAMSRLGGVTLKAG	MSRLGGVTL	0.3712	900.6
DRB1_0405	238	INIAVAPLCNAMSRL	VAPLCNAMS	0.3699	913.8
DRB1_0405	126	AHFTAVADATELPM	FTAVADATE	0.3698	914.9
DRB1_0405	32	TAARLANHLVDQGC	LANHLVDQG	0.3686	926.8
DRB1_0405	178	GAQIMADTGLAYYS	QIMADTGLA	0.3672	940.8
DRB1_0405	192	GDDALNLPWLAGAT	LPWLAGAT	0.3665	947.6
DRB1_0405	42	DQGCGLVVSGETTG	GLVVSGETTG	0.3664	949.1
DRB1_0405	93	HSIRLAKACAAEGAH	IRLAKACAA	0.3610	1005.7
DRB1_0405	92	AHSIRLAKACAAEGA	SIRLAKACA	0.3607	1008.9
DRB1_0405	240	IAPVAPLCNAMSRL	VAPLCNAMS	0.3590	1027.7
DRB1_0405	34	ARLANHLVDQGC	LANHLVDQG	0.3590	1028.7
DRB1_0405	174	DLHSGAQIMADTGL	GAQIMADTG	0.3562	1060.2
DRB1_0405	78	DRARVIAGAGTYDT	RVIAGAGTY	0.3556	1066.8
DRB1_0405	140	LLYDIPGRSAVPIE	LLYDIPGRS	0.3550	1074.2
DRB1_0405	189	YYSGDDALNLPWLA	YYSGDDALN	0.3545	1079.8
DRB1_0405	91	TAHSIRLAKACAAEG	IRLAKACAA	0.3543	1081.8
DRB1_0405	251	RLGGVTLKAGLRLQ	GVTLKAGL	0.3537	1089.0
DRB1_0405	180	QIMADTGLAYYSGDD	QIMADTGLA	0.3532	1094.8
DRB1_0405	82	VIAGAGTYDTAHSIR	VIAGAGTYD	0.3502	1130.3
DRB1_0405	113	TPYYSKPPQRGLQAH	TPYYSKPPQ	0.3476	1163.7
DRB1_0405	212	IAHLAAGQLRELLSA	GQLRELLSA	0.3459	1184.4
DRB1_0405	246	CNAMSRLGGVTLKSA	MSRLGGVTL	0.3459	1184.4
DRB1_0405	159	AASHPNIVGVKDAKA	IVGVKDAKA	0.3458	1185.3
DRB1_0405	35	RLANHLVDQGC	LANHLVDQG	0.3456	1188.9
DRB1_0405	118	KPPQRGLQAHFTAVA	GLQAHFTAV	0.3455	1189.5
DRB1_0405	69	LRAVLEAVGDRARVI	RAVLEAVGD	0.3447	1200.5
DRB1_0405	181	IMADTGLAYYSGDDA	GLAYYSGDD	0.3443	1205.0
DRB1_0405	130	AVADATELPMMLLYDI	TELPMLLYD	0.3434	1217.5
DRB1_0405	263	RLQGIDVGDPRLPQV	LQGIDVGD	0.3425	1228.8
DRB1_0405	233	ATARKINIAVAPLCN	TARKINIAV	0.3394	1270.5
DRB1_0405	101	CAAEGAHLVVTPTY	GAHGLLVVT	0.3318	1379.6
DRB1_0405	4	GFDVAARLGTLLTAM	ARLGTLLTA	0.3298	1409.9
DRB1_0405	179	AQIMADTGLAYYSGD	QIMADTGLA	0.3288	1425.1
DRB1_0405	94	SIRLAKACAAEGA	IRLAKACAA	0.3281	1436.6
DRB1_0405	158	RAASHPNIVGVKDAK	RAASHPNIV	0.3273	1448.2
DRB1_0405	150	VPIEPDTIRAASHPN	TIRAASHPN	0.3264	1462.7
DRB1_0405	143	DIPGRSAVPIEPDTI	IPGRSAVPI	0.3263	1465.0
DRB1_0405	241	AVAPLCNAMSRLGGV	VAPLCNAMS	0.3242	1497.5
DRB1_0405	173	ADLHSGAQIMADTGL	DLHSGAQIM	0.3239	1502.7
DRB1_0405	172	KADLHSGAQIMADTG	DLHSGAQIM	0.3232	1513.7
DRB1_0405	127	HFTAVADATELPM	FTAVADATE	0.3229	1519.6
DRB1_0405	252	LGGVTLKAGLRLQG	GVTLKAGL	0.3225	1525.3
DRB1_0405	31	ATAARLANHLVDQGC	ARLANHLVD	0.3220	1533.8
DRB1_0405	128	FTAVADATELPM	FTAVADATE	0.3207	1555.4
DRB1_0405	277	VAATPEQIDALAADM	VAATPEQID	0.3206	1557.5
DRB1_0405	165	IVGVKDAKADLHSGA	IVGVKDAKA	0.3197	1573.5
DRB1_0405	77	GDRARVIAGAGTYDT	RVIAGAGTY	0.3189	1586.3
DRB1_0405	142	YDIPGRSAVPIEPDT	PGRSAVPIE	0.3184	1595.1
DRB1_0405	245	LCNAMSRLGGVTLK	MSRLGGVTL	0.3183	1596.5
DRB1_0405	242	VAPLCNAMSRLGGVT	NAMSRLGGV	0.3183	1597.8
DRB1_0405	144	IPGRSAVPIEPDTIR	IPGRSAVPI	0.3178	1604.9
DRB1_0405	84	AGAGTYDTAHSIRLA	GTYDTAHSI	0.3178	1606.4
DRB1_0405	90	DTAHSIRLAKACAAE	IRLAKACAA	0.3177	1606.8
DRB1_0405	145	PGRSAVPIEPDTIRA	PGRSAVPIE	0.3167	1624.9
DRB1_0405	129	TAVADATELPM	ADATELPM	0.3166	1627.2

DRB1_0405	244	PLCNAMSRLGGVTL	NAMSRLGGV	0.3133	1686.0
DRB1_0405	41	VDQGCGLVVS	DGLVVS	0.3128	1694.4
DRB1_0405	3	VGFDVAARLGTLLTA	AARLGTLLT	0.3111	1727.1
DRB1_0405	141	LYDIPGRSAVPIEPD	IPGRSAVPI	0.3099	1749.2
DRB1_0405	83	IAGAGTYDTAHSIRL	GTYDTAHSI	0.3093	1760.6
DRB1_0405	22	FSGDGLDTATAARL	FSGDGLDT	0.3071	1803.2
DRB1_0405	70	RAVLEAVGDRARVIA	RAVLEAVGD	0.3060	1824.1
DRB1_0405	223	LLSAFGSGDIATARK	LLSAFGSGD	0.3051	1841.4
DRB1_0405	232	IATARKINIAVAPLC	TARKINIAV	0.3046	1851.4
DRB1_0405	269	VGDPRLPQVAATPEQ	PRLPQVAAT	0.3029	1887.3
DRB1_0405	36	LANHLVDQGCGLVV	LANHLVDQG	0.2982	1984.6
DRB1_0405	209	ISVIAHLAAGQLREL	SVIAHLAAG	0.2960	2032.2
DRB1_0405	117	SKPPQRGLQAHFTAV	QRGLQAHFT	0.2960	2033.5
DRB1_0405	30	TATAARLANHLVDQG	AARLANHLV	0.2953	2048.9
DRB1_0405	243	APLCNAMSRLGGVTL	NAMSRLGGV	0.2931	2097.8
DRB1_0405	171	AKADLHSGAQIMADT	DLHSGAQIM	0.2929	2101.9
DRB1_0405	89	YDTAHSIRLAKACAA	IRLAKACAA	0.2922	2118.9
DRB1_0405	147	RSAPVPIEPDTIRAAS	PIEPDTIRA	0.2917	2129.7
DRB1_0405	58	PTTTDGEKIELLRVAV	EKIELLRVAV	0.2905	2156.5
DRB1_0405	280	TPEQIDALAADMRAA	EQIDALAAD	0.2903	2161.6
DRB1_0405	264	LQGIDVGDPRLPQVA	LQGIDVGD	0.2897	2175.1
DRB1_0405	253	GGVTLKAGLRLQGI	GVTLSKAGL	0.2895	2180.6
DRB1_0405	279	ATPEQIDALAADMRA	EQIDALAAD	0.2892	2188.8
DRB1_0405	85	GAGTYDTAHSIRLAK	GTYDTAHSI	0.2890	2191.5
DRB1_0405	231	DIATARKINIAVAPL	TARKINIAV	0.2889	2195.9
DRB1_0405	268	DVGDPRLPQVAATPE	PRLPQVAAT	0.2856	2273.7
DRB1_0405	149	AVPIEPDTIRAASHP	PIEPDTIRA	0.2835	2326.3
DRB1_0405	281	PEQIDALAADMRAAS	EQIDALAAD	0.2827	2348.0
DRB1_0405	86	AGTYDTAHSIRLAKA	GTYDTAHSI	0.2807	2398.1
DRB1_0405	190	YSGDDALNLPWLAMG	YSGDDALNL	0.2796	2426.8
DRB1_0405	148	SAVPIEPDTIRAASH	PIEPDTIRA	0.2784	2460.4
DRB1_0405	146	GRSAVPIEPDTIRAA	RSAPVPIEPD	0.2765	2511.0
DRB1_0405	282	EQIDALAADMRAASV	EQIDALAAD	0.2751	2548.1
DRB1_0405	210	SVIAHLAAGQLRELL	IAHLAAGQL	0.2747	2560.5
DRB1_0405	76	VGDRARVIAGAGTYD	RVIAGAGTY	0.2731	2602.9
DRB1_0405	48	LVVSGTTGESPTTTD	LVVSGTTGE	0.2728	2613.2
DRB1_0405	87	GTYDTAHSIRLAKAC	GTYDTAHSI	0.2720	2634.3
DRB1_0405	224	LSAFSGDIATARKI	FGSGDIATA	0.2711	2661.8
DRB1_0405	170	DAKADLHSGAQIMAD	DLHSGAQIM	0.2695	2708.7
DRB1_0405	114	PYYSKPPQRGLQAHF	PYYSKPPQR	0.2694	2710.8
DRB1_0405	40	LVDQGCGLVVS	GCDGLVVS	0.2677	2760.1
DRB1_0405	254	GVTLSKAGLRLQGID	GVTLSKAGL	0.2672	2777.1
DRB1_0405	265	QGIDVGDPRLPQVAA	GIDVGDPRL	0.2634	2890.9
DRB1_0405	278	AATPEQIDALAADMR	EQIDALAAD	0.2624	2923.6
DRB1_0405	2	TVGFDVAARLGTLLT	TVGFDVAAR	0.2619	2939.4
DRB1_0405	266	GIDVGDPRLPQVAAT	GIDVGDPRL	0.2611	2965.5
DRB1_0405	29	DTATAARLANHLVDQ	AARLANHLV	0.2579	3069.6
DRB1_0405	71	AVLEAVGDRARVIAG	VLEAVGDRA	0.2573	3089.5
DRB1_0405	284	IDALAADMRAASVLR	LAADMRAAS	0.2559	3138.3
DRB1_0405	191	SGDDALNLPWLAMGA	DDALNLPWL	0.2553	3157.9
DRB1_0405	230	GDIATARKINIAVAP	TARKINIAV	0.2491	3376.2
DRB1_0405	0	VTTVGFVDVAARLGT	VGFDVAARL	0.2425	3627.6
DRB1_0405	88	TYDTAHSIRLAKACA	YDTAHSIRL	0.2410	3683.9
DRB1_0405	267	IDVGDPRLPQVAATP	PRLPQVAAT	0.2402	3716.1
DRB1_0405	225	SAFGSGDIATARKIN	FGSGDIATA	0.2398	3735.8
DRB1_0405	1	TTVGFVDVAARLGTLL	FDVAARLGT	0.2387	3776.8
DRB1_0405	211	VIAHLAAGQLRELLS	IAHLAAGQL	0.2364	3872.0
DRB1_0405	116	YSKPPQRGLQAHFTA	PQRGLQAHF	0.2305	4128.4
DRB1_0405	115	YYSKPPQRGLQAHFT	PPQRGLQAH	0.2305	4129.7
DRB1_0405	39	HLVDQGCGLVVS	GCDGLVVS	0.2294	4179.9



DRB1_0405	100	ACAAEGAHGLLVVTP	GAHGLLVVT	0.2293	4182.9
DRB1_0405	38	NHLVDQGCGLVVSG	NHLVDQGCD	0.2286	4216.1
DRB1_0405	95	IRLAKACAAEGAHGL	IRLAKACAA	0.2270	4288.0
DRB1_0405	28	LDTATAARLANHLVD	AARLANHLV	0.2264	4317.0
DRB1_0405	166	VGVKDAKADLHSGAQ	GVKDAKADL	0.2190	4675.1
DRB1_0405	37	ANHLVDQGCGLVVVS	NHLVDQGCD	0.2189	4679.2
DRB1_0405	72	VLEAVGDRARVIAGA	LEAVGDRAR	0.2182	4718.1
DRB1_0405	23	SGDGSLDTATAARLA	GSLDTATAA	0.2180	4726.5
DRB1_0405	226	AFGSGDIATARKINI	FGSGDIATA	0.2166	4799.1
DRB1_0405	24	GDGSLDTATAARLAN	GSLDTATAA	0.2166	4801.7
DRB1_0405	75	AVGDRARVIAGAGTY	RARVIAGAG	0.2145	4911.7
DRB1_0405	229	SGDIATARKINIAVA	TARKINIAV	0.2104	5130.5
DRB1_0405	25	DGSLDTATAARLANH	GSLDTATAA	0.2078	5279.7
DRB1_0405	169	KDAKADLHSGAQIMA	DLHSGAQIM	0.2076	5289.2
DRB1_0405	283	QIDALAADMRAASVL	LAADMRAAS	0.2076	5292.3
DRB1_0405	26	GSLDTATAARLANHL	GSLDTATAA	0.1939	6135.0
DRB1_0405	227	FGSGDIATARKINIA	FGSGDIATA	0.1924	6236.6
DRB1_0405	49	VVSGTTGESPTTTDG	VVSGTTGES	0.1910	6328.3
DRB1_0405	51	SGTTGESPTTTDGEK	TGESPTTTD	0.1906	6358.9
DRB1_0405	74	EAVGDRARVIAGAGT	RARVIAGAG	0.1893	6448.4
DRB1_0405	50	VSGTTGESPTTTDGE	TGESPTTTD	0.1881	6529.5
DRB1_0405	228	GSGDIATARKINIAV	TARKINIAV	0.1821	6967.3
DRB1_0405	27	SLDTATAARLANHLV	AARLANHLV	0.1812	7037.5
DRB1_0405	73	LEAVGDRARVIAGAG	LEAVGDRAR	0.1785	7246.8
DRB1_0405	52	GTTGESPTTTDGEKI	TGESPTTTD	0.1763	7424.4
DRB1_0405	99	KACAAEGAHGLLVVT	GAHGLLVVT	0.1761	7439.5
DRB1_0405	167	GVKDAKADLHSGAQI	GVKDAKADL	0.1738	7624.5
DRB1_0405	168	VKDAKADLHSGAQIM	DLHSGAQIM	0.1542	9429.4
DRB1_0405	53	TTGESPTTTDGEKIE	TGESPTTTD	0.1529	9563.3
DRB1_0405	57	SPTTTDGEKIELLRA	GEKIELLRA	0.1309	12126.7
DRB1_0405	96	RLAKACAAEGAHGLL	RLAKACAAE	0.1286	12440.8
DRB1_0405	54	TGESPTTTDGEKIEL	TGESPTTTD	0.1280	12512.2
DRB1_0405	98	AKACAAEGAHGLLVV	EGAHGLLVV	0.0956	17777.3
DRB1_0405	97	LAKACAAEGAHGLLV	LAKACAAEG	0.0890	19087.0
DRB1_0405	55	GESPTTTDGEKIELL	PTTTDGEKI	0.0861	19706.7
DRB1_0405	56	ESPTTTDGEKIELLR	TTDGEKIEL	0.0787	21341.8

Allele: DRB1\_0405. Number of high binders 6. Number of weak binders 87. Number of pe

Allele	pos	peptide	core	1-log50k(aff)	affinity(nM)	Bind Level
DRB1_0701	83	IAGAGTYDTAHSIRL	YDTAHSIRL	0.9267	2.2	SB
DRB1_0701	84	AGAGTYDTAHSIRLA	YDTAHSIRL	0.9178	2.4	SB
DRB1_0701	85	GAGTYDTAHSIRLAK	YDTAHSIRL	0.8984	3.0	SB
DRB1_0701	86	AGTYDTAHSIRLAKA	YDTAHSIRL	0.8715	4.0	SB
DRB1_0701	89	YDTAHSIRLAKACAA	YDTAHSIRL	0.8626	4.4	SB
DRB1_0701	87	GTYDTAHSIRLAKAC	YDTAHSIRL	0.8506	5.0	SB
DRB1_0701	22	FSGDGSLDTATAARL	LDTATAARL	0.8505	5.0	SB
DRB1_0701	23	SGDGSLDTATAARLA	LDTATAARL	0.8420	5.5	SB
DRB1_0701	88	TYDTAHSIRLAKACA	YDTAHSIRL	0.8291	6.4	SB
DRB1_0701	24	GDGSLDTATAARLAN	LDTATAARL	0.8158	7.3	SB
DRB1_0701	206	TGFISVIAHLAAGQL	IAHLAAGQL	0.7823	10.5	SB
DRB1_0701	151	PIEPDTIRAASHPNI	IRAASHPNI	0.7771	11.2	SB
DRB1_0701	25	DGSLDTATAARLANH	LDTATAARL	0.7766	11.2	SB
DRB1_0701	152	IEPDTIRAASHPNIV	IRAASHPNI	0.7699	12.1	SB
DRB1_0701	202	AMGATGFISVIAHLA	FISVIAHLA	0.7654	12.7	SB
DRB1_0701	26	GSLDTATAARLANHL	LDTATAARL	0.7594	13.5	SB

DRB1_0701	207	GFISVIAHLAGQLR	IAHLAGQL	0.7568	13.9	SB
DRB1_0701	203	MGATGFISVIAHLAA	FISVIAHLA	0.7534	14.4	SB
DRB1_0701	27	SLDTATAARLANHLV	LDTATAARL	0.7525	14.5	SB
DRB1_0701	250	SRLGGVTLKAGLRL	TLKAGLRL	0.7414	16.4	SB
DRB1_0701	153	EPDTIRAASHPNIVG	IRAASHPNI	0.7293	18.7	SB
DRB1_0701	208	FISVIAHLAGQLRE	FISVIAHLA	0.7251	19.6	SB
DRB1_0701	251	RLGGVTLKAGLRLQ	TLKAGLRL	0.7185	21.0	SB
DRB1_0701	204	GATGFISVIAHLAAG	FISVIAHLA	0.7142	22.0	SB
DRB1_0701	28	LDTATAARLANHLVD	LDTATAARL	0.7135	22.2	SB
DRB1_0701	154	PDTIRAASHPNIVGV	IRAASHPNI	0.7041	24.6	SB
DRB1_0701	226	AFGSGDIATARKINI	IATARKINI	0.7039	24.6	SB
DRB1_0701	249	MSRLGGVTLKAGLR	VTLKAGLR	0.6851	30.2	SB
DRB1_0701	232	IATARKINIAVAPLC	INIAVAPLC	0.6806	31.7	SB
DRB1_0701	155	DTIRAASHPNIVGVK	IRAASHPNI	0.6800	31.9	SB
DRB1_0701	227	FGSGDIATARKINIA	IATARKINI	0.6785	32.4	SB
DRB1_0701	205	ATGFISVIAHLAGQ	FISVIAHLA	0.6752	33.6	SB
DRB1_0701	218	GQLRELLSAFGSGDI	LSAFSGDI	0.6719	34.8	SB
DRB1_0701	252	LGGVTLKAGLRLQG	TLKAGLRL	0.6717	34.9	SB
DRB1_0701	243	APLCNAMSRLGGVTL	MSRLGGVTL	0.6600	39.6	SB
DRB1_0701	156	TIRAASHPNIVGVKD	IRAASHPNI	0.6567	41.0	SB
DRB1_0701	228	GSGDIATARKINIAV	IATARKINI	0.6470	45.6	SB
DRB1_0701	253	GGVTLKAGLRLQGI	TLKAGLRL	0.6427	47.7	SB
DRB1_0701	219	QLRELLSAFGSGDIA	LSAFSGDI	0.6398	49.3	SB
DRB1_0701	244	PLCNAMSRLGGVTL	MSRLGGVTL	0.6239	58.5	WB
DRB1_0701	90	DTAHSIRLAKACAAE	IRLAKACAA	0.6219	59.8	WB
DRB1_0701	254	GVTLSKAGLRLQID	TLKAGLRL	0.6188	61.8	WB
DRB1_0701	255	VTLKAGLRLQIDV	TLKAGLRL	0.6149	64.5	WB
DRB1_0701	110	LVVTPYYSKPPQRGL	YSKPPQRGL	0.6101	67.9	WB
DRB1_0701	8	AARLGTLLTAMVTPF	LLTAMVTPF	0.6099	68.1	WB
DRB1_0701	284	IDALAADMRAASVLR	DMRAASVLR	0.6091	68.7	WB
DRB1_0701	209	ISVIAHLAGQLREL	IAHLAGQL	0.6004	75.5	WB
DRB1_0701	220	LRELLSAFGSGDIAT	LSAFSGDI	0.5999	75.9	WB
DRB1_0701	229	SGDIATARKINIAVA	IATARKINI	0.5979	77.6	WB
DRB1_0701	157	IRAASHPNIVGVKDA	IRAASHPNI	0.5928	82.0	WB
DRB1_0701	69	LRAVLEAVGDRARVI	AVGDRARVI	0.5857	88.5	WB
DRB1_0701	245	LCNAMSRLGGVTLK	MSRLGGVTL	0.5820	92.1	WB
DRB1_0701	9	ARLGTLLTAMVTPFS	LLTAMVTPF	0.5751	99.2	WB
DRB1_0701	111	VVTPYYSKPPQRGLQ	YSKPPQRGL	0.5685	106.5	WB
DRB1_0701	210	SVIAHLAGQLRELL	IAHLAGQL	0.5681	107.0	WB
DRB1_0701	230	GDIATARKINIAVAP	IATARKINI	0.5680	107.2	WB
DRB1_0701	91	TAHSIRLAKACAAEG	IRLAKACAA	0.5652	110.5	WB
DRB1_0701	168	VKDAKADLHSGAQIM	DLHSGAQIM	0.5589	118.3	WB
DRB1_0701	231	DIATARKINIAVAPL	IATARKINI	0.5563	121.6	WB
DRB1_0701	224	LSAFSGDIATARKI	LSAFSGDI	0.5552	123.1	WB
DRB1_0701	62	DGEKIELLRAVLEAV	LLRAVLEAV	0.5548	123.6	WB
DRB1_0701	221	RELLSAFGSGDIATA	LSAFSGDI	0.5518	127.6	WB
DRB1_0701	70	RAVLEAVGDRARVIA	AVGDRARVI	0.5510	128.7	WB
DRB1_0701	195	ALNLPWLAMGATGFI	WLAMGATGF	0.5462	135.6	WB
DRB1_0701	10	RLGTLLTAMVTPFSG	LLTAMVTPF	0.5330	156.5	WB
DRB1_0701	1	TTVGFVDVAARLGTLL	VAARLGTLL	0.5308	160.3	WB
DRB1_0701	169	KDAKADLHSGAQIMA	DLHSGAQIM	0.5305	160.8	WB
DRB1_0701	112	VTPYYSKPPQRGLQA	YSKPPQRGL	0.5286	164.1	WB
DRB1_0701	211	VIAHLAGQLRELLS	IAHLAGQL	0.5284	164.5	WB
DRB1_0701	75	AVGDRARVIAGAGTY	RVIAGAGTY	0.5241	172.2	WB
DRB1_0701	123	GLQAHFTAVADATEL	FTAVADATE	0.5236	173.2	WB
DRB1_0701	6	DVAARLGTLLTAMVT	GTLTAMVT	0.5229	174.5	WB
DRB1_0701	125	QAHFTAVADATELPM	VADATELPM	0.5224	175.5	WB
DRB1_0701	233	ATARKINIAVAPLCN	INIAVAPLC	0.5208	178.5	WB
DRB1_0701	222	ELLSAFSGDIATAR	LSAFSGDI	0.5184	183.2	WB
DRB1_0701	256	TLKAGLRLQIDVG	TLKAGLRL	0.5157	188.6	WB

DRB1_0701	92	AHSIRLAKACAAEAGA	IRLAKACAA	0.5136	193.1	WB
DRB1_0701	196	LNLPLWAMGATGFIS	WLAMGATGF	0.5109	198.8	WB
DRB1_0701	63	GEKIELLRAVLEAVG	LLRAVLEAV	0.5044	213.3	WB
DRB1_0701	2	TVGFDVAARLGTLLT	VAARLGTLL	0.5032	216.0	WB
DRB1_0701	239	NIAVAPLCNAMSRLG	LCNAMSRLG	0.4991	225.7	WB
DRB1_0701	234	TARKINIAVAPLCNA	INIAVAPLC	0.4944	237.6	WB
DRB1_0701	212	IAHLAAGQLRELLSA	IAHLAAGQL	0.4942	238.0	WB
DRB1_0701	71	AVLEAVGDRARVIAG	AVGDRARVI	0.4916	244.8	WB
DRB1_0701	223	LLSAFGSGDIATARK	LSAFSGSDI	0.4916	245.0	WB
DRB1_0701	11	LGTLLTAMVTPFSGD	LLTAMVTPF	0.4853	262.1	WB
DRB1_0701	113	TPYYSKPPQRGLQAH	YSKPPQRGL	0.4838	266.6	WB
DRB1_0701	126	AHFTAVADATELPM	VADATELPM	0.4801	277.2	WB
DRB1_0701	93	HSIRLAKACAAEGAH	IRLAKACAA	0.4798	278.2	WB
DRB1_0701	170	DAKADLHSGAQIMAD	DLHSGAQIM	0.4769	287.1	WB
DRB1_0701	7	VAARLGTLLTAMVTP	GTLLTAMVT	0.4765	288.4	WB
DRB1_0701	246	CNAMSRLGGVTL SKA	MSRLGGVTL	0.4752	292.5	WB
DRB1_0701	248	AMSRLGGVTL SKAGL	MSRLGGVTL	0.4712	305.5	WB
DRB1_0701	235	ARKINIAVAPLCNAM	INIAVAPLC	0.4704	308.0	WB
DRB1_0701	12	GTLLTAMVTPFSGDG	LLTAMVTPF	0.4685	314.5	WB
DRB1_0701	197	NLPWLAMGATGFISV	WLAMGATGF	0.4676	317.5	WB
DRB1_0701	115	YYSKPPQRGLQAHFT	YSKPPQRGL	0.4638	331.0	WB
DRB1_0701	3	VGFDVAARLGTLLTA	VAARLGTLL	0.4599	345.2	WB
DRB1_0701	114	PYYSKPPQRGLQAHF	YSKPPQRGL	0.4598	345.3	WB
DRB1_0701	194	DALNLPWLAMGATGF	WLAMGATGF	0.4589	348.8	WB
DRB1_0701	95	IRLAKACAAEGAHGL	IRLAKACAA	0.4576	353.8	WB
DRB1_0701	77	GDRARVIAGAGTYDT	RVIAGAGTY	0.4549	364.3	WB
DRB1_0701	247	NAMSRLGGVTL SKAG	MSRLGGVTL	0.4538	368.6	WB
DRB1_0701	124	LQAHFTAVADATELP	FTAVADATE	0.4532	371.1	WB
DRB1_0701	64	EKIELLRAVLEAVGD	LLRAVLEAV	0.4525	373.9	WB
DRB1_0701	283	QIDALAADMRAASVL	ADMRAASVL	0.4517	377.1	WB
DRB1_0701	240	IAVAPLCNAMSRLGG	LCNAMSRLG	0.4503	382.9	WB
DRB1_0701	236	RKINIAVAPLCNAMS	INIAVAPLC	0.4441	409.3	WB
DRB1_0701	72	VLEAVGDRARVIAGA	AVGDRARVI	0.4415	421.2	WB
DRB1_0701	127	HFTAVADATELPM	VADATELPM	0.4410	423.2	WB
DRB1_0701	94	SIRLAKACAAEGAHG	IRLAKACAA	0.4404	426.3	WB
DRB1_0701	184	DTGLAYYSGDDALNL	YSGDDALNL	0.4400	427.9	WB
DRB1_0701	198	LPWLAMGATGFISVI	WLAMGATGF	0.4309	472.4	WB
DRB1_0701	97	LAKACAAEGAHLLV	AEGAHLLV	0.4304	474.7	WB
DRB1_0701	171	AKADLHSGAQIMADT	DLHSGAQIM	0.4283	485.9	WB
DRB1_0701	0	VTTVGFDAARLGTLL	DVAARLGTLL	0.4280	487.1	WB
DRB1_0701	270	GDPRLPQVAATPEQI	QVAATPEQI	0.4275	490.0	WB
DRB1_0701	76	VGDRARVIAGAGTYD	RVIAGAGTY	0.4275	490.1	WB
DRB1_0701	260	AGLRLQIDVGDPR	GIDVGDPR	0.4258	498.9	WB
DRB1_0701	241	AVAPLCNAMSRLGGV	LCNAMSRLG	0.4243	507.3	WB
DRB1_0701	103	AEGAHLLVVTPYYS	LLVVTPYYS	0.4238	510.2	WB
DRB1_0701	4	GFDVAARLGTLLTAM	VAARLGTLL	0.4234	512.4	WB
DRB1_0701	122	RGLQAHFTAVADATE	FTAVADATE	0.4231	514.1	WB
DRB1_0701	73	LEAVGDRARVIAGAG	AVGDRARVI	0.4179	543.4	WB
DRB1_0701	237	KINIAVAPLCNAMS	INIAVAPLC	0.4141	566.2	WB
DRB1_0701	98	AKACAAEGAHLLVV	AEGAHLLV	0.4119	580.2	WB
DRB1_0701	78	DRARVIAGAGTYDTA	RVIAGAGTY	0.4104	589.7	WB
DRB1_0701	271	DPRLPQVAATPEQID	QVAATPEQI	0.4086	601.2	WB
DRB1_0701	5	FDVAARLGTLLTAMV	VAARLGTLL	0.4082	604.0	WB
DRB1_0701	13	TLLTAMVTPFSGDGS	LLTAMVTPF	0.4079	605.8	WB
DRB1_0701	116	YSKPPQRGLQAHFTA	YSKPPQRGL	0.4039	632.7	WB
DRB1_0701	242	VAPLCNAMSRLGGVT	LCNAMSRLG	0.3996	662.3	WB
DRB1_0701	199	PWLAMGATGFISVIA	WLAMGATGF	0.3986	669.5	WB
DRB1_0701	65	KIELLRAVLEAVGDR	LLRAVLEAV	0.3958	690.5	WB
DRB1_0701	172	KADLHSGAQIMADTG	DLHSGAQIM	0.3951	696.0	WB
DRB1_0701	238	INIAVAPLCNAMSRL	INIAVAPLC	0.3943	702.0	WB

DRB1_0701	128	FTAVADATELPMLLY	VADATELPM	0.3920	719.2
DRB1_0701	16	TAMVTPFSGDGLDT	FSGDGLDT	0.3918	721.3
DRB1_0701	138	PMLLYDIPGRSAVPI	IPGRSAVPI	0.3916	722.9
DRB1_0701	14	LLTAMVTPFSGDGL	LLTAMVTPF	0.3885	747.1
DRB1_0701	185	TGLAYYSGDDALNLP	YSGDDALNL	0.3876	754.8
DRB1_0701	261	GLRLQGIDVGDPRLP	GIDVGDPRL	0.3845	780.1
DRB1_0701	74	EAVGDRARVIAGAGT	AVGDRARVI	0.3837	786.9
DRB1_0701	173	ADLHSGAQIMADTGL	DLHSGAQIM	0.3795	823.8
DRB1_0701	79	RARVIAGAGTYDTAH	RVIAGAGTY	0.3762	853.7
DRB1_0701	66	IELLRAVLEAVGDRA	LLRAVLEAV	0.3749	865.6
DRB1_0701	81	RVIAGAGTYDTAHSI	RVIAGAGTY	0.3745	869.6
DRB1_0701	99	KACAAEGAHGLLVVT	AEGAHGLLV	0.3735	879.1
DRB1_0701	200	WLAMGATGFISVIAH	WLAMGATGF	0.3734	879.9
DRB1_0701	174	DLHSGAQIMADTGLA	DLHSGAQIM	0.3711	901.8
DRB1_0701	150	VPIEPDTIRAASHPN	TIRAASHPN	0.3694	918.6
DRB1_0701	104	EGAHGLLVVTPYYSK	LLVVTPYYSK	0.3645	968.7
DRB1_0701	109	LLVVTPYYSKPPQRG	YYSKPPQRG	0.3624	991.5
DRB1_0701	17	AMVTPFSGDGLDTA	FSGDGLDT	0.3585	1033.3
DRB1_0701	225	SAFGSDIATARKIN	GDIATARKI	0.3582	1036.9
DRB1_0701	29	DTATAARLANHLVDQ	AARLANHLV	0.3552	1071.2
DRB1_0701	60	TTDGEKIELLRAVLE	IELLRAVLE	0.3528	1099.1
DRB1_0701	272	PRLPQVAATPEQIDA	QVAATPEQI	0.3498	1135.9
DRB1_0701	186	GLAYYSGDDALNLPW	YSGDDALNL	0.3486	1150.2
DRB1_0701	102	AAEGAHGLLVVTPYY	GLLVVTPYY	0.3482	1156.1
DRB1_0701	139	MLLYDIPGRSAVPIE	IPGRSAVPI	0.3398	1265.4
DRB1_0701	80	ARVIAGAGTYDTAHS	RVIAGAGTY	0.3355	1326.0
DRB1_0701	61	TDGEKIELLRAVLEA	IELLRAVLE	0.3343	1343.3
DRB1_0701	67	ELLRAVLEAVGDRAR	LLRAVLEAV	0.3335	1355.2
DRB1_0701	159	AASHPNIVGVKDAKA	IVGVKDAKA	0.3282	1434.9
DRB1_0701	18	MVTPFSGDGLDTAT	FSGDGLDT	0.3246	1491.3
DRB1_0701	100	ACAAEGAHGLLVVTP	AEGAHGLLV	0.3237	1507.0
DRB1_0701	262	LRLQGIDVGDPRLPQ	GIDVGDPRL	0.3206	1557.4
DRB1_0701	162	HPNIVGVKDAKADLH	IVGVKDAKA	0.3189	1587.1
DRB1_0701	42	DQGCGLVVS GTTGE	LVVSGTTGE	0.3100	1746.2
DRB1_0701	129	TAVADATELPMLLYD	VADATELPM	0.3091	1764.2
DRB1_0701	175	LHSGAQIMADTGLAY	IMADTGLAY	0.3091	1764.7
DRB1_0701	105	GAHGLLVVTPYYSKP	LLVVTPYYSK	0.3090	1765.1
DRB1_0701	43	QGCDCGLVVS GTTGES	LVVSGTTGE	0.3086	1774.2
DRB1_0701	187	LAYYSGDDALNLPWL	YSGDDALNL	0.3085	1774.8
DRB1_0701	118	KPPQRGLQAHFTAVA	LQAHFTAVA	0.3057	1830.8
DRB1_0701	273	RLPQVAATPEQIDAL	QVAATPEQI	0.3043	1858.4
DRB1_0701	96	RLAKACAAEGAHGLL	CAAEGAHGL	0.3035	1873.6
DRB1_0701	68	LLRAVLEAVGDRARV	LLRAVLEAV	0.3023	1899.2
DRB1_0701	263	RLQGIDVGDPRLPQV	GIDVGDPRL	0.3017	1912.0
DRB1_0701	140	LLYDIPGRSAVPIEP	IPGRSAVPI	0.3009	1927.1
DRB1_0701	101	CAAEGAHGLLVVTPY	AEGAHGLLV	0.2985	1978.1
DRB1_0701	201	LAMGATGFISVIAHL	GFISVIAHL	0.2968	2014.7
DRB1_0701	143	DIPGRSAVPIEPDTI	AVPIEPDTI	0.2959	2034.6
DRB1_0701	161	SHPNIVGVKDAKADL	IVGVKDAKA	0.2959	2035.3
DRB1_0701	30	TATAARLANHLVDQG	AARLANHLV	0.2957	2039.1
DRB1_0701	176	HSGAQIMADTGLAYY	IMADTGLAY	0.2908	2149.2
DRB1_0701	160	ASHPNIVGVKDAKAD	IVGVKDAKA	0.2846	2300.0
DRB1_0701	163	PNIVGVKDAKADLHS	VKDAKADLH	0.2839	2318.0
DRB1_0701	106	AHGLLVVTPYYSKPP	LLVVTPYYSK	0.2838	2318.9
DRB1_0701	19	VTPFSGDGLDTATA	FSGDGLDT	0.2822	2361.1
DRB1_0701	82	VIAGAGTYDTAHSIR	GTGDTAHSI	0.2795	2429.2
DRB1_0701	188	AYYSGDDALNLPWLA	YSGDDALNL	0.2771	2495.3
DRB1_0701	144	IPGRSAVPIEPDTIR	AVPIEPDTI	0.2731	2605.2
DRB1_0701	20	TPFSGDGLDTATAA	FSGDGLDT	0.2683	2742.1
DRB1_0701	264	LQGIDVGDPRLPQVA	GIDVGDPRL	0.2673	2774.0

DRB1_0701	217	AGQLRELLSAFGSGD	LLSAFGSGD	0.2644	2860.6
DRB1_0701	31	ATAARLANHLVDQGC	AARLANHLV	0.2637	2883.5
DRB1_0701	274	LPQVAATPEQIDALA	QVAATPEQI	0.2622	2930.1
DRB1_0701	35	RLANHLVDQGC DGLV	LVDQGC DGL	0.2618	2941.7
DRB1_0701	119	PPQRGLQAHFTAVAD	LQAHFTAVA	0.2592	3025.4
DRB1_0701	107	HGLLVVTPYYSKPPQ	LLVVTPYYS	0.2581	3064.0
DRB1_0701	44	GCDGLVVS GTTGESP	LVVSGTTGE	0.2554	3153.1
DRB1_0701	117	SKPPQRGLQAHFTAV	GLQAHFTAV	0.2540	3203.0
DRB1_0701	257	LSKAGLRLQGIDVGD	GLRLQGIDV	0.2519	3277.1
DRB1_0701	177	SGAQIMADTGLAYYS	IMADTGLAY	0.2518	3278.1
DRB1_0701	21	PFSGDGSLDTATAAR	FSGDGSLDT	0.2507	3317.7
DRB1_0701	164	NIVGVKDAKADLHSG	IVGVKDAKA	0.2480	3416.4
DRB1_0701	108	GLLVVTPYYSKPPQR	LLVVTPYYS	0.2475	3434.3
DRB1_0701	141	LYDIPGRSAVPIEPD	IPGRSAVPI	0.2472	3445.2
DRB1_0701	36	LANHLVDQGC DGLVV	VDQGC DGLV	0.2450	3530.8
DRB1_0701	214	HLAAGQLRELLSAFG	LRELLSAFG	0.2441	3562.5
DRB1_0701	158	RAASHPNIVGVKDAK	RAASHPNIV	0.2436	3582.0
DRB1_0701	32	TAARLANHLVDQGCD	AARLANHLV	0.2380	3807.2
DRB1_0701	275	PQVAATPEQIDALAA	QVAATPEQI	0.2342	3965.1
DRB1_0701	265	QGIDVGDPRLPQVAA	GLVDGDPRL	0.2335	3995.8
DRB1_0701	189	YYSGDDALNLPWLAM	YSGDDALNL	0.2318	4071.7
DRB1_0701	182	MADTGLAYYSGDDAL	AYYSGDDAL	0.2293	4184.6
DRB1_0701	277	VAATPEQIDALAADM	QIDALAADM	0.2254	4364.8
DRB1_0701	120	PQRGLQAHFTAVADA	LQAHFTAVA	0.2223	4513.8
DRB1_0701	41	VDQGC DGLVVS GTTG	GLVVS GTTG	0.2217	4541.1
DRB1_0701	136	ELPMLLYDIPGRSAV	YDIPGRSAV	0.2215	4551.3
DRB1_0701	130	AVADATELPMMLLYDI	VADATELPM	0.2212	4567.0
DRB1_0701	183	ADTGLAYYSGDDALN	AYYSGDDAL	0.2206	4596.0
DRB1_0701	145	PGRSAVPIEPDTIRA	AVPIEPDTI	0.2190	4674.0
DRB1_0701	165	IVGVKDAKADLHSGA	IVGVKDAKA	0.2187	4690.4
DRB1_0701	45	CDGLVVS GTTGESPT	LVVSGTTGE	0.2170	4776.7
DRB1_0701	121	QRGLQAHFTAVADAT	LQAHFTAVA	0.2158	4840.4
DRB1_0701	266	GIDVGDPRLPQVAAT	GIDVGDPRL	0.2141	4929.8
DRB1_0701	142	YDIPGRSAVPIEPDT	IPGRSAVPI	0.2128	5001.1
DRB1_0701	215	LAAGQLRELLSAFGS	LRELLSAFG	0.2120	5046.1
DRB1_0701	47	GLVVS GTTGESPTTT	LVVSGTTGE	0.2106	5119.0
DRB1_0701	37	ANHLVDQGC DGLVVS	VDQGC DGLV	0.2106	5119.8
DRB1_0701	276	QVAATPEQIDALAAD	QVAATPEQI	0.2104	5131.1
DRB1_0701	178	GAQIMADTGLAYYSG	IMADTGLAY	0.2096	5176.7
DRB1_0701	190	YSGDDALNLPWLAMG	YSGDDALNL	0.2084	5245.2
DRB1_0701	278	AATPEQIDALAADM	QIDALAADM	0.2050	5440.5
DRB1_0701	34	ARLANHLVDQGC DGL	LVDQGC DGL	0.2048	5455.5
DRB1_0701	46	DGLVVS GTTGESPTT	LVVSGTTGE	0.2021	5611.9
DRB1_0701	131	VADATELPMMLLYDIP	VADATELPM	0.1941	6121.0
DRB1_0701	146	GRSAVPIEPDTIRAA	AVPIEPDTI	0.1878	6552.0
DRB1_0701	179	AQIMADTGLAYYSGD	IMADTGLAY	0.1876	6568.4
DRB1_0701	48	LVVSGTTGESPTTTD	LVVSGTTGE	0.1853	6732.7
DRB1_0701	38	NHLVDQGC DGLVVS	LVDQGC DGL	0.1839	6838.5
DRB1_0701	167	GVKDAKADLHSGAQI	VKDAKADLH	0.1828	6921.8
DRB1_0701	258	SKAGLRLQGIDVGD	GLRLQGIDV	0.1824	6949.0
DRB1_0701	137	LPMLLYDIPGRSAVP	YDIPGRSAV	0.1813	7034.1
DRB1_0701	279	ATPEQIDALAADMRA	QIDALAADM	0.1759	7456.0
DRB1_0701	216	AAGQLRELLSAFGSG	LRELLSAFG	0.1752	7511.7
DRB1_0701	52	GTTGESPTTTDGEKI	PTTTDGEKI	0.1732	7674.4
DRB1_0701	39	HLVDQGC DGLVVS	VDQGC DGLV	0.1707	7882.0
DRB1_0701	15	LTAMVTPFSGDGSLD	MVTPFSGDG	0.1697	7975.4
DRB1_0701	180	QIMADTGLAYYSGDD	IMADTGLAY	0.1663	8269.1
DRB1_0701	259	KAGLRLQGIDVGDPR	GLRLQGIDV	0.1629	8580.3
DRB1_0701	147	RSAPVPIEPDTIRAA	AVPIEPDTI	0.1615	8708.4
DRB1_0701	40	LVDQGC DGLVVS GTT	VDQGC DGLV	0.1586	8989.4

DRB1_0701	213	AHLAAGQLRELLSAF	AHLAAGQLR	0.1531	9543.3
DRB1_0701	135	TELPMLLYDIPGRSA	LYDIPGRSA	0.1503	9830.1
DRB1_0701	280	TPEQIDALAADMRAA	QIDALAADM	0.1483	10044.3
DRB1_0701	282	EQIDALAADMRAASV	AADMRAASV	0.1480	10081.0
DRB1_0701	53	TTGESPTTTDGEKIE	PTTTDGEKI	0.1472	10167.2
DRB1_0701	55	GESPTTTDGEKIELL	PTTTDGEKI	0.1434	10598.1
DRB1_0701	166	VGVKDAKADLHSGAQ	VKDAKADLH	0.1407	10913.5
DRB1_0701	148	SAVPIEPDTIRAASH	AVPIEPDTI	0.1406	10926.9
DRB1_0701	181	IMADTGLAYYSGDDA	IMADTGLAY	0.1402	10969.8
DRB1_0701	54	TGESPTTTDGEKIEL	PTTTDGEKI	0.1343	11698.6
DRB1_0701	149	AVPIEPDTIRAASHP	AVPIEPDTI	0.1323	11945.1
DRB1_0701	281	PEQIDALAADMRAAS	QIDALAADM	0.1294	12323.0
DRB1_0701	33	AARLANHLVDQGCDG	AARLANHLV	0.1282	12488.2
DRB1_0701	56	ESPTTTDGEKIELLR	PTTTDGEKI	0.1227	13249.6
DRB1_0701	49	VVSGTTGESPTTTDG	GESPTTTDG	0.1142	14529.3
DRB1_0701	134	ATELPMLLYDIPGRS	LLYDIPGRS	0.1106	15108.3
DRB1_0701	59	TTTDGEKIELLRAVL	KIELLRAVL	0.1097	15259.8
DRB1_0701	57	SPTTTDGEKIELLRA	PTTTDGEKI	0.1093	15317.2
DRB1_0701	58	PTTTDGEKIELLRVAV	PTTTDGEKI	0.1058	15913.0
DRB1_0701	50	VSGTTGESPTTTDGE	GESPTTTDG	0.0883	19231.3
DRB1_0701	268	DVGDPRLPQVAATPE	LPQVAATPE	0.0813	20753.9
DRB1_0701	51	SGTTGESPTTTDGEK	GESPTTTDG	0.0792	21232.0
DRB1_0701	269	VGDPRLPQVAATPEQ	LPQVAATPE	0.0733	22633.0
DRB1_0701	191	SGDDALNLPWLMAMGA	GDDALNLPW	0.0729	22708.1
DRB1_0701	192	GDDALNLPWLMAMGAT	GDDALNLPW	0.0702	23403.5
DRB1_0701	133	DATELPMLLYDIPGR	DATELPMLL	0.0599	26144.5
DRB1_0701	132	ADATELPMLLYDIPG	DATELPMLL	0.0598	26174.5
DRB1_0701	267	IDVGDPRLPQVAATP	VGDPRLPQV	0.0577	26770.2
DRB1_0701	193	DDALNLPWLMAMGATG	PWLMAMGATG	0.0528	28247.6

Allele: DRB1\_0701. Number of high binders 39. Number of weak binders 80. Number of p

Allele	pos	peptide	core	1-log50k(aff)	affinity(nM)	Bind Level
DRB1_0802	207	GFISVIAHLAAGQLR	FISVIAHLA	0.6154	64.2	WB
DRB1_0802	206	TGFISVIAHLAAGQL	FISVIAHLA	0.6003	75.5	WB
DRB1_0802	205	ATGFISVIAHLAAGQ	FISVIAHLA	0.5871	87.1	WB
DRB1_0802	204	GATGFISVIAHLAAG	FISVIAHLA	0.5745	99.9	WB
DRB1_0802	208	FISVIAHLAAGQLRE	FISVIAHLA	0.5499	130.3	WB
DRB1_0802	203	MGATGFISVIAHLAA	FISVIAHLA	0.5441	138.8	WB
DRB1_0802	244	PLCNAMSRLGGVTL	LCNAMSRLG	0.5293	162.9	WB
DRB1_0802	253	GGVTLSKAGLRLQGI	GGVTLSKAG	0.5266	167.7	WB
DRB1_0802	252	LGGVTLSKAGLRLQG	GGVTLSKAG	0.5198	180.4	WB
DRB1_0802	251	RLGGVTLSKAGLRLQ	GGVTLSKAG	0.5163	187.4	WB
DRB1_0802	111	VVTPYYSKPPQRGLQ	VTPYYSKPP	0.5146	190.8	WB
DRB1_0802	243	APLCNAMSRLGGVTL	LCNAMSRLG	0.5063	209.0	WB
DRB1_0802	245	LCNAMSRLGGVTL	LCNAMSRLG	0.4989	226.2	WB
DRB1_0802	112	VTPYYSKPPQRGLQA	VTPYYSKPP	0.4964	232.5	WB
DRB1_0802	4	GFDVAARLGTLTAM	GFDVAARLG	0.4856	261.4	WB
DRB1_0802	110	LVVTPYYSKPPQRGL	VTPYYSKPP	0.4814	273.4	WB
DRB1_0802	202	AMGATGFISVIAHLA	FISVIAHLA	0.4803	276.9	WB
DRB1_0802	250	SRLGGVTLSKAGLRL	GGVTLSKAG	0.4784	282.3	WB
DRB1_0802	248	AMSRLGGVTLSKAGL	GVTLKAGL	0.4691	312.3	WB
DRB1_0802	89	YDTAHSIRLAKACAA	YDTAHSIRL	0.4679	316.6	WB
DRB1_0802	3	VGFDVAARLGTLTAM	GFDVAARLG	0.4644	328.6	WB
DRB1_0802	88	TYDTAHSIRLAKACA	YDTAHSIRL	0.4585	350.4	WB
DRB1_0802	242	VAPLCNAMSRLGGVT	LCNAMSRLG	0.4578	353.0	WB

DRB1_0802	254	GVTLISKAGLRLQGID	GVTLISKAGL	0.4545	365.7	WB
DRB1_0802	249	MSRLGGVTLISKAGLR	GGVTLISKAG	0.4517	377.1	WB
DRB1_0802	113	TPYYSKPPQRGLQAH	TPYYSKPPQ	0.4423	417.7	WB
DRB1_0802	2	TVGFDVAARLGTLTLLT	GFDVAARLG	0.4314	469.9	WB
DRB1_0802	109	LLVVTPYYSKPPQRG	VTPYYSKPP	0.4308	472.8	WB
DRB1_0802	7	VAARLGTLTAMVTP	VAARLGTLT	0.4224	517.6	
DRB1_0802	141	LYDIPGRSAVPIEPD	LYDIPGRSA	0.4197	533.1	
DRB1_0802	10	RLGTLLTAMVTPFSG	RLGTLLTAM	0.4151	560.4	
DRB1_0802	108	GLLVVTPYYSKPPQR	GLLVVTPYY	0.4128	574.3	
DRB1_0802	87	GTYDTAHSIRLAKAC	YDTAHSIRL	0.4124	577.1	
DRB1_0802	241	AVAPLCNAMSRLGGV	LCNAMSRLG	0.4121	578.9	
DRB1_0802	6	DVAARLGTLTAMVT	RLGTLLTAM	0.4069	612.0	
DRB1_0802	1	TTVGFDAARLGTLTLL	GFDVAARLG	0.4023	643.6	
DRB1_0802	9	ARLGTLTAMVTPFS	RLGTLLTAM	0.4018	646.8	
DRB1_0802	140	LLYDIPGRSAVPIEP	YDIPGRSAV	0.4010	652.4	
DRB1_0802	8	AARLGTLTAMVTPF	RLGTLLTAM	0.3994	664.1	
DRB1_0802	86	AGTYDTAHSIRLAKA	YDTAHSIRL	0.3988	668.6	
DRB1_0802	5	FDVAARLGTLTAMV	FDVAARLGT	0.3961	688.1	
DRB1_0802	63	GEKIELLRAVLEAVG	KIELLRAVL	0.3958	690.5	
DRB1_0802	247	NAMSRLGGVTLISKAG	MSRLGGVTL	0.3928	713.2	
DRB1_0802	246	CNAMSRLGGVTLSKA	AMSRLGGVT	0.3914	724.2	
DRB1_0802	115	YYSKPPQRGLQAHFT	YYSKPPQRG	0.3902	733.3	
DRB1_0802	114	PYYSKPPQRGLQAHF	YYSKPPQRG	0.3885	747.5	
DRB1_0802	256	TLISKAGLRLQIDVG	LSKAGLRLQ	0.3859	768.3	
DRB1_0802	255	VTLISKAGLRLQIDV	LSKAGLRLQ	0.3844	781.0	
DRB1_0802	240	IAVAPLCNAMSRLGG	LCNAMSRLG	0.3774	842.1	
DRB1_0802	139	MLLYDIPGRSAVPIE	YDIPGRSAV	0.3708	904.9	
DRB1_0802	85	GAGTYDTAHSIRLAK	YDTAHSIRL	0.3706	907.2	
DRB1_0802	142	YDIPGRSAVPIEPDT	YDIPGRSAV	0.3701	912.0	
DRB1_0802	12	GTLLTAMVTPFSGDG	GTLLTAMVT	0.3688	925.1	
DRB1_0802	107	HGLLVVTPYYSKPPQ	VVTPYYSKP	0.3663	949.9	
DRB1_0802	92	AHSIRLAKACAAEGA	SIRLAKACA	0.3639	974.5	
DRB1_0802	91	TAHSIRLAKACAAEG	SIRLAKACA	0.3606	1010.4	
DRB1_0802	90	DTAHSIRLAKACAAE	SIRLAKACA	0.3588	1030.8	
DRB1_0802	75	AVGDRARVIAGAGTY	AVGDRARVI	0.3583	1036.3	
DRB1_0802	64	EKIELLRAVLEAVGD	KIELLRAVL	0.3554	1068.7	
DRB1_0802	230	GDIATARKINIAVAP	DIATARKIN	0.3550	1073.6	
DRB1_0802	93	HSIRLAKACAAEGAH	HSIRLAKAC	0.3547	1076.7	
DRB1_0802	0	VTTVGFDAARLGTL	GFDVAARLG	0.3544	1080.0	
DRB1_0802	138	PMLLYDIPGRSAVPI	YDIPGRSAV	0.3525	1102.5	
DRB1_0802	257	LSKAGLRLQIDVGD	LSKAGLRLQ	0.3502	1130.7	
DRB1_0802	65	KIELLRAVLEAVGDR	KIELLRAVL	0.3479	1159.5	
DRB1_0802	106	AHGLLVVTPYYSKPP	VVTPYYSKP	0.3431	1221.6	
DRB1_0802	231	DIATARKINIAVAPL	IATARKINI	0.3428	1225.6	
DRB1_0802	74	EAVGDRARVIAGAGT	AVGDRARVI	0.3381	1289.6	
DRB1_0802	73	LEAVGDRARVIAGAG	RARVIAGAG	0.3305	1400.0	
DRB1_0802	62	DGEKIELLRAVLEAV	KIELLRAVL	0.3294	1417.0	
DRB1_0802	84	AGAGTYDTAHSIRLA	YDTAHSIRL	0.3272	1450.5	
DRB1_0802	137	LPMLLYDIPGRSAVP	YDIPGRSAV	0.3265	1460.6	
DRB1_0802	239	NIAVAPLCNAMSRLG	LCNAMSRLG	0.3263	1464.2	
DRB1_0802	105	GAHGLLVVTPYYSKP	GLLVVTPYY	0.3213	1545.5	
DRB1_0802	209	ISVIAHLAAGQLREL	ISVIAHLAA	0.3165	1627.6	
DRB1_0802	229	SGDIATARKINIAVA	DIATARKIN	0.3161	1635.7	
DRB1_0802	236	RKINIAVAPLCNAMS	RKINIAVAP	0.3144	1666.7	
DRB1_0802	11	LGTLLTAMVTPFSGD	GTLLTAMVT	0.3124	1701.3	
DRB1_0802	13	TLLTAMVTPFSGDGS	LTAMVTPFS	0.3095	1755.6	
DRB1_0802	155	DTIRAASHPNIVGVK	TIRAASHPN	0.3056	1831.9	
DRB1_0802	214	HLAAGQLRELLSAFG	QLRELLSAF	0.3040	1865.1	
DRB1_0802	94	SIRLAKACAAEGAHG	SIRLAKACA	0.3035	1874.6	
DRB1_0802	235	ARKINIAVAPLCNAM	KINIAVAPL	0.3027	1890.8	

DRB1_0802	116	YSKPPQ RGLQAHFTA	YSKPPQ RGL	0.3001	1943.7
DRB1_0802	228	GSGDIATARKINIAV	GDIATARKI	0.2997	1952.5
DRB1_0802	216	AAGQLRELLSAFGSG	AAGQLRELL	0.2992	1963.6
DRB1_0802	232	IATARKINIAVAPLC	IATARKINI	0.2978	1993.9
DRB1_0802	76	VGDRARVIAGAGTYD	VGDRARVIA	0.2976	1997.5
DRB1_0802	154	PDTIRAASHPNIVGV	TIRAASHPN	0.2959	2034.1
DRB1_0802	227	FGSGDIATARKINIA	GDIATARKI	0.2950	2054.4
DRB1_0802	233	ATARKINIAVAPLCN	ATARKINIA	0.2948	2058.7
DRB1_0802	14	LLTAMVTPFSGDGSL	LTAMVTPFS	0.2927	2106.3
DRB1_0802	83	IAGAGTYDTAHSIRL	YDTAHSIRL	0.2922	2117.8
DRB1_0802	261	GLRLQGIDVGDPRLP	GLRLQGIDV	0.2919	2126.0
DRB1_0802	163	PNIVGVKDAKADLHS	PNIVGVKDA	0.2901	2167.7
DRB1_0802	215	LAAGQLRELLSAFGS	QLRELLSAF	0.2894	2182.2
DRB1_0802	72	VLEAVGDRARVIAGA	VGDRARVIA	0.2893	2185.3
DRB1_0802	61	TDGEKIELLRVLEA	KIELLRAVL	0.2840	2314.8
DRB1_0802	284	IDALAADMRAASVLR	ALAADMRAA	0.2838	2319.4
DRB1_0802	162	HPNIVGVKDAKADLH	IVGVKDAKA	0.2828	2343.9
DRB1_0802	153	EPDTIRAASHPNIVG	TIRAASHPN	0.2821	2362.8
DRB1_0802	118	KPPQ RGLQAHFTAVA	KPPQ RGLQA	0.2821	2363.0
DRB1_0802	195	ALNLPWLAMGATGFI	LNL PWLAMG	0.2792	2437.6
DRB1_0802	234	TARKINIAVAPLCNA	TARKINIAV	0.2787	2450.6
DRB1_0802	267	IDVGDPRLPQVAATP	RLPQVAATP	0.2784	2460.2
DRB1_0802	152	IEPDTIRAASHPNIV	TIRAASHPN	0.2775	2483.1
DRB1_0802	161	SHPNIVGVKDAKADL	IVGVKDAKA	0.2774	2486.5
DRB1_0802	136	ELPMLLYDIPGRSAV	YDIPGRSAV	0.2769	2500.3
DRB1_0802	266	GIDVGDPRLPQVAAT	GIDVGDPRL	0.2766	2507.3
DRB1_0802	226	AFGSGDIATARKINI	DIATARKIN	0.2755	2537.8
DRB1_0802	143	DIPGRSAVPIEPDTI	DIPGRSAVP	0.2752	2545.0
DRB1_0802	265	QGIDVGDPRLPQVAA	IDVGDPRLP	0.2736	2591.5
DRB1_0802	213	AHLAAGQLRELLSAF	GQLRELLSA	0.2735	2592.7
DRB1_0802	196	LNL PWLAMGATGFIS	LNL PWLAMG	0.2715	2649.9
DRB1_0802	122	RGLQAHFTAVADATE	RGLQAHFTA	0.2709	2668.1
DRB1_0802	71	AVLEAVGDRARVIAG	VGDRARVIA	0.2706	2674.9
DRB1_0802	151	PIEPDTIRAASHPNI	DTIRAASHP	0.2689	2725.4
DRB1_0802	217	AGQLRELLSAFGSGD	QLRELLSAF	0.2679	2755.2
DRB1_0802	60	TTDGEKIELLRAVLE	KIELLRAVL	0.2675	2765.4
DRB1_0802	258	SKAGLRLQGIDVGDP	SKAGLRLQG	0.2673	2773.9
DRB1_0802	237	KINIAVAPLCNAMSR	KINIAVAPL	0.2664	2800.3
DRB1_0802	194	DALNLPWLAMGATGF	LNL PWLAMG	0.2658	2817.0
DRB1_0802	15	LTAMVTPFSGDGSLD	LTAMVTPFS	0.2625	2920.9
DRB1_0802	121	QRGLQAHFTAVADAT	RGLQAHFTA	0.2603	2991.5
DRB1_0802	104	EGAHGLLVVTPYYSK	GLLVVTPYY	0.2592	3026.4
DRB1_0802	67	ELLRAVLEAVGDRAR	LLRAVLEAV	0.2558	3141.0
DRB1_0802	77	GDRARVIAGAGTYDT	GDRARVIAG	0.2552	3159.8
DRB1_0802	59	TTTTDGEKIELLRAVL	KIELLRAVL	0.2547	3178.8
DRB1_0802	260	AGLRLQGIDVGDPRL	GLRLQGIDV	0.2545	3186.5
DRB1_0802	270	GDPRLPQVAATPEQI	RLPQVAATP	0.2536	3216.1
DRB1_0802	269	VGDPRLPQVAATPEQ	RLPQVAATP	0.2525	3253.0
DRB1_0802	160	ASHPNIVGVKDAKAD	IVGVKDAKA	0.2524	3259.6
DRB1_0802	69	LRAVLEAVGDRARVI	LRAVLEAVG	0.2507	3317.4
DRB1_0802	47	GLVVS GTTGESPTTT	GLVVS GTTG	0.2498	3352.8
DRB1_0802	66	IELLRVLEAVGDRA	LLRAVLEAV	0.2497	3356.2
DRB1_0802	201	LAMGATGFISVIAHL	GFISVIAHL	0.2495	3360.7
DRB1_0802	68	LLRAVLEAVGDRARV	LLRAVLEAV	0.2489	3383.4
DRB1_0802	268	DVGDPRLPQVAATPE	RLPQVAATP	0.2481	3414.6
DRB1_0802	117	SKPPQ RGLQAHFTAV	KPPQ RGLQA	0.2477	3426.7
DRB1_0802	44	GCDGLVVS GTTGES	GLVVS GTTG	0.2472	3446.1
DRB1_0802	79	RARVIAGAGTYDTAH	RARVIAGAG	0.2472	3446.5
DRB1_0802	159	AASHPNIVGVKDAKA	IVGVKDAKA	0.2429	3610.9
DRB1_0802	193	DDALNLPWLAMGATG	ALNLPWLAM	0.2411	3681.2



DRB1_0802	198	LPWLAMGATGFISVI	LPWLAMGAT	0.2397	3738.1
DRB1_0802	119	PPQRGLQAHFTAVAD	PPQRGLQAH	0.2396	3740.8
DRB1_0802	123	GLQAHFTAVADATEL	LQAHFTAVA	0.2392	3758.1
DRB1_0802	70	RAVLEAVGDRARVIA	VLEAVGDRA	0.2390	3767.9
DRB1_0802	43	QGCDGLVVSGETTGES	GLVVSGETTG	0.2380	3807.4
DRB1_0802	259	KAGLRLQGIDVGDPR	GLRLQGIDV	0.2368	3856.3
DRB1_0802	218	GQLRELLSAFGSGDI	LRELLSAFG	0.2359	3894.0
DRB1_0802	192	GDDALNLPWLAMGAT	LNLPLWAMG	0.2346	3950.7
DRB1_0802	264	LQGIDVGDPRLPQVA	GIDVGDPRL	0.2343	3961.0
DRB1_0802	262	LRLQGIDVGDPRLPQ	IDVGDPRLP	0.2341	3971.8
DRB1_0802	46	DGLVVSGETTGESPTT	GLVVSGETTG	0.2338	3982.3
DRB1_0802	81	RVIAGAGTYDTAHSI	RVIAGAGTY	0.2322	4051.8
DRB1_0802	103	AEGAHLVVTPTYYS	GLLVVTPTY	0.2298	4159.2
DRB1_0802	45	CDGLVVSGETTGESPT	GLVVSGETTG	0.2297	4165.5
DRB1_0802	78	DRARVIAGAGTYDTA	RARVIAGAG	0.2296	4168.4
DRB1_0802	199	PWLAMGATGFISVIA	PWLAMGATG	0.2295	4175.4
DRB1_0802	28	LDTATAARLANHLVD	DTATAARLA	0.2285	4221.4
DRB1_0802	225	SAFGSGDIATARKIN	GDIATARKI	0.2285	4221.6
DRB1_0802	197	NLPWLAMGATGFISV	LPWLAMGAT	0.2269	4294.7
DRB1_0802	124	LQAHFTAVADATELP	HFTAVADAT	0.2267	4304.2
DRB1_0802	283	QIDALAADMRAASVL	ALAADMRAA	0.2187	4691.6
DRB1_0802	156	TIRAASHPNIVGVKD	TIRAASHPN	0.2157	4843.9
DRB1_0802	212	IAHLAAGQLRELLSA	HLAAGQLRE	0.2154	4859.4
DRB1_0802	18	MVTPFSGDGLDGTAT	MVTPFSGDG	0.2154	4862.1
DRB1_0802	164	NIVGVKDAKADLHSG	NIVGVKDAK	0.2145	4907.4
DRB1_0802	144	IPGRSAVPIEPDTIR	PGRSAVPIE	0.2137	4951.6
DRB1_0802	27	SLDTATAARLANHLV	DTATAARLA	0.2134	4966.2
DRB1_0802	238	INIAVAPLCNAMSRL	PLCNAMSRL	0.2126	5011.9
DRB1_0802	271	DPRLPQVAATPEQID	RLPQVAATP	0.2109	5104.4
DRB1_0802	263	RLQGIDVGDPRLPQV	GIDVGDPRL	0.2106	5119.3
DRB1_0802	120	PQRGLQAHFTAVADA	RGLQAHFTA	0.2095	5184.1
DRB1_0802	29	DTATAARLANHLVDQ	DTATAARLA	0.2088	5220.7
DRB1_0802	219	QLRELLSAFGSGDIA	LRELLSAFG	0.2088	5223.3
DRB1_0802	200	WLAMGATGFISVIAH	WLAMGATGF	0.2084	5247.1
DRB1_0802	32	TAARLANHLVDQGC	AARLANHLV	0.2069	5331.8
DRB1_0802	191	SGDDALNLPWLAMGA	LNLPLWAMG	0.2033	5543.4
DRB1_0802	150	VPIEPDTIRAASHPN	DTIRAASHP	0.2023	5600.7
DRB1_0802	30	TATAARLANHLVDQG	AARLANHLV	0.2007	5701.1
DRB1_0802	17	AMVTPFSGDGLDGTAT	MVTPFSGDG	0.2003	5723.8
DRB1_0802	31	ATAARLANHLVDQGC	AARLANHLV	0.1995	5775.1
DRB1_0802	16	TAMVTPFSGDGLDGT	MVTPFSGDG	0.1993	5784.5
DRB1_0802	80	ARVIAGAGTYDTAHS	RVIAGAGTY	0.1991	5799.4
DRB1_0802	42	DQGCGLVVSGETTGE	GLVVSGETTG	0.1979	5874.0
DRB1_0802	180	QIMADTGLAYYSGDD	QIMADTGLA	0.1971	5925.0
DRB1_0802	158	RAASHPNIVGVKDAK	PNIVGVKDA	0.1957	6013.8
DRB1_0802	210	SVIAHLAAGQLRELL	SVIAHLAAG	0.1947	6084.1
DRB1_0802	157	IRAASHPNIVGVKDA	IRAASHPNI	0.1944	6101.0
DRB1_0802	174	DLHSGAQIMADTGLA	LHSGAQIMA	0.1935	6158.7
DRB1_0802	272	PRLPQVAATPEQIDA	RLPQVAATP	0.1922	6249.8
DRB1_0802	125	QAHFTAVADATELPM	HFTAVADAT	0.1891	6463.9
DRB1_0802	26	GSLDTATAARLANHL	LDTATAARL	0.1889	6477.3
DRB1_0802	211	VIAHLAAGQLRELLS	VIAHLAAGQ	0.1888	6485.9
DRB1_0802	282	EQIDALAADMRAASV	ALAADMRAA	0.1885	6503.0
DRB1_0802	190	YSGDDALNLPWLAMG	LNLPLWAMG	0.1880	6538.0
DRB1_0802	41	VDQGCGLVVSGETTG	GLVVSGETTG	0.1876	6568.1
DRB1_0802	273	RLPQVAATPEQIDAL	RLPQVAATP	0.1872	6595.3
DRB1_0802	126	AHFTAVADATELPM	HFTAVADAT	0.1851	6749.2
DRB1_0802	33	AARLANHLVDQGC	AARLANHLV	0.1838	6843.7
DRB1_0802	179	AQIMADTGLAYYSGD	QIMADTGLA	0.1827	6926.2
DRB1_0802	127	HFTAVADATELPM	HFTAVADAT	0.1816	7008.1

DRB1_0802	175	LHSGAQIMADTGLAY	LHSGAQIMA	0.1815	7017.7
DRB1_0802	165	IVGVKDAKADLHSGA	IVGVKDAKA	0.1808	7070.1
DRB1_0802	135	TELPMLLYDIPGRSA	LYDIPGRSA	0.1804	7103.8
DRB1_0802	95	IRLAKACAAEGAHGL	RLAKACAAE	0.1802	7112.2
DRB1_0802	178	GAQIMADTGLAYYSG	QIMADTGLA	0.1799	7140.5
DRB1_0802	24	GDGSLDTATAARLAN	LDTATAARL	0.1774	7331.8
DRB1_0802	25	DGSLDTATAARLANH	LDTATAARL	0.1753	7506.3
DRB1_0802	224	LSAFGSGDIATARKI	GDIATARKI	0.1752	7511.5
DRB1_0802	281	PEQIDALAADMRAAS	ALAADMRAA	0.1750	7526.6
DRB1_0802	102	AAEGAHGLLVVTPYY	GLLVVTPYY	0.1697	7968.8
DRB1_0802	23	SGDGS�DTATAARLA	LDTATAARL	0.1681	8113.8
DRB1_0802	220	LRELLSAFGSGDIAT	LRELLSAFG	0.1609	8770.6
DRB1_0802	145	PGRSAVPIEPDTIRA	GRSAVPIEP	0.1597	8884.5
DRB1_0802	96	RLAKACAAEGAHGLL	RLAKACAAE	0.1596	8893.1
DRB1_0802	177	SGAQIMADTGLAYYS	QIMADTGLA	0.1513	9729.8
DRB1_0802	82	VIAGAGTYDTAHSIR	TYDTAHSIR	0.1509	9774.9
DRB1_0802	58	PTTTDGEKIELLRV	GEKIELLRA	0.1498	9885.3
DRB1_0802	280	TPEQIDALAADMRAA	QIDALAADM	0.1497	9899.0
DRB1_0802	22	FSGDGS�DTATAARL	LDTATAARL	0.1487	10000.9
DRB1_0802	146	GRSAVPIEPDTIRAA	GRSAVPIEP	0.1477	10115.7
DRB1_0802	221	RELLSAFGSGDIATA	RELLSAFGS	0.1467	10219.9
DRB1_0802	186	GLAYYSGDDALNLPW	YYSGDDALN	0.1457	10337.0
DRB1_0802	189	YYSGDDALNLPWLAM	YYSGDDALN	0.1449	10420.5
DRB1_0802	176	HSGAQIMADTGLAYY	QIMADTGLA	0.1432	10619.4
DRB1_0802	223	LLSAFGSGDIATARK	FGSGDIATA	0.1430	10637.4
DRB1_0802	149	AVPIEPDTIRAASHP	PIEPDTIRA	0.1407	10904.3
DRB1_0802	20	TPFSGDGS�DTATAA	PFSGDGS�D	0.1393	11078.3
DRB1_0802	166	VGKDAKADLHSGAQ	GVKDAKADL	0.1385	11169.3
DRB1_0802	188	AYYSGDDALNLPWLA	YYSGDDALN	0.1378	11256.7
DRB1_0802	48	LVVSGTTGESPTTTD	LVVSGTTGE	0.1362	11457.9
DRB1_0802	222	ELLSAFGSGDIATAR	FGSGDIATA	0.1355	11537.3
DRB1_0802	21	PFSGDGS�DTATAAR	PFSGDGS�D	0.1349	11622.8
DRB1_0802	184	DTGLAYYSGDDALNL	YYSGDDALN	0.1348	11633.2
DRB1_0802	172	KADLHSGAQIMADTG	LHSGAQIMA	0.1338	11755.4
DRB1_0802	19	VTPFSGDGS�DTATA	PFSGDGS�D	0.1337	11769.9
DRB1_0802	173	ADLHSGAQIMADTGL	LHSGAQIMA	0.1334	11800.4
DRB1_0802	187	LAYYSGDDALNLPWL	YYSGDDALN	0.1324	11935.9
DRB1_0802	183	ADTGLAYYSGDDALN	YYSGDDALN	0.1315	12053.9
DRB1_0802	134	ATELPMLLYDIPGRS	PMLLYDIPG	0.1294	12332.3
DRB1_0802	49	VVSGTTGESPTTTDG	VVSGTTGES	0.1289	12391.3
DRB1_0802	185	TGLAYYSGDDALNLP	YYSGDDALN	0.1260	12797.0
DRB1_0802	34	ARLANHLVDQGC DGL	ARLANHLVD	0.1257	12834.7
DRB1_0802	181	IMADTGLAYYSGDDA	ADTGLAYYS	0.1209	13519.0
DRB1_0802	171	AKADLHSGAQIMADT	LHSGAQIMA	0.1203	13606.2
DRB1_0802	279	ATPEQIDALAADMRA	QIDALAADM	0.1194	13735.6
DRB1_0802	57	SPTTTDGEKIELLRA	GEKIELLRA	0.1181	13926.2
DRB1_0802	167	GVKDAKADLHSGAQI	GVKDAKADL	0.1175	14024.1
DRB1_0802	182	MADTGLAYYSGDDAL	ADTGLAYYS	0.1168	14134.5
DRB1_0802	50	VSGTTGESPTTTDGE	GTTGESPTT	0.1166	14166.4
DRB1_0802	169	KDAKADLHSGAQIMA	LHSGAQIMA	0.1161	14244.1
DRB1_0802	101	CAAEGAHGLLVVTPY	CAAEGAHGL	0.1151	14396.9
DRB1_0802	170	DAKADLHSGAQIMAD	LHSGAQIMA	0.1150	14407.3
DRB1_0802	39	HLVDQGC DGLVVSGT	CDGLVVSGT	0.1131	14714.4
DRB1_0802	278	AATPEQIDALAADM	QIDALAADM	0.1096	15267.7
DRB1_0802	35	RLANHLVDQGC DGLV	RLANHLVDQ	0.1074	15647.2
DRB1_0802	99	KACAAEGAHGLLVVT	KACAAEGAH	0.1035	16309.1
DRB1_0802	133	DATELPMLLYDIPGR	LPMLLYDIP	0.1029	16416.4
DRB1_0802	40	LVDQGC DGLVVSGTT	QGCDGLVVS	0.1013	16710.3
DRB1_0802	147	RSAVPIEPDTIRAAS	PIEPDTIRA	0.1008	16807.5
DRB1_0802	148	SAVPIEPDTIRAASH	PIEPDTIRA	0.1002	16914.0

DRB1_0802	38	NHLVDQGCGLVVSG	DQGCGLVV	0.0965	17602.8
DRB1_0802	36	LANHLVDQGCGLVV	LANHLVDQG	0.0964	17625.8
DRB1_0802	97	LAKACAAEGAHGLLV	LAKACAAEG	0.0952	17854.2
DRB1_0802	100	ACAAEGAHGLLVVTP	GAHGLLVVT	0.0944	18003.8
DRB1_0802	275	PQVAATPEQIDALAA	PQVAATPEQ	0.0928	18314.8
DRB1_0802	277	VAATPEQIDALAADM	QIDALAADM	0.0919	18493.8
DRB1_0802	128	FTAVADATELPMMLY	FTAVADATE	0.0905	18779.3
DRB1_0802	168	VKDAKADLHSGAQIM	DLHSGAQIM	0.0901	18865.1
DRB1_0802	51	SGTTGESPTTTDGEK	GTTGESPTT	0.0897	18952.4
DRB1_0802	130	AVADATELPMMLYDI	AVADATELP	0.0888	19124.9
DRB1_0802	52	GTTGESPTTTDGEKI	GTTGESPTT	0.0868	19547.2
DRB1_0802	129	TAVADATELPMMLYD	AVADATELP	0.0859	19740.0
DRB1_0802	132	ADATELPMMLYDIPG	LPMLLYDIP	0.0845	20031.1
DRB1_0802	274	LPQVAATPEQIDALA	PQVAATPEQ	0.0842	20104.5
DRB1_0802	98	AKACAAEGAHGLLVV	KACAAEGAH	0.0795	21158.1
DRB1_0802	37	ANHLVDQGCGLVVS	LVDQGCGL	0.0760	21960.9
DRB1_0802	131	VADATELPMMLYDIP	LPMLLYDIP	0.0725	22817.7
DRB1_0802	276	QVAATPEQIDALAAD	QVAATPEQI	0.0674	24114.8
DRB1_0802	56	ESPTTTDGEKIELLR	PTTTDGEKI	0.0536	27981.8
DRB1_0802	55	GESPTTTDGEKIELL	PTTTDGEKI	0.0531	28155.5
DRB1_0802	54	TGESPTTTDGEKIEL	PTTTDGEKI	0.0522	28417.8
DRB1_0802	53	TTGESPTTTDGEKIE	PTTTDGEKI	0.0482	29675.0

Allele: DRB1\_0802. Number of high binders 0. Number of weak binders 28. Number of pe

Allele	pos	peptide	core	1-log50k(aff)	affinity(nM)	Bind Level
DRB1_0901	173	ADLHSGAQIMADTGL	LHSGAQIMA	0.6325	53.3	WB
DRB1_0901	174	DLHSGAQIMADTGLA	LHSGAQIMA	0.6325	53.3	WB
DRB1_0901	206	TGFISVIAHLAAGQL	IAHLAAGQL	0.6094	68.5	WB
DRB1_0901	207	GFISVIAHLAAGQLR	GFISVIAHL	0.5937	81.1	WB
DRB1_0901	218	GQLRELLSAFGSGDI	LSAFSGDI	0.5936	81.2	WB
DRB1_0901	219	QLRELLSAFGSGDIA	LSAFSGDI	0.5824	91.7	WB
DRB1_0901	124	LQAHFTAVADATELP	HFTAVADAT	0.5821	92.0	WB
DRB1_0901	172	KADLHSGAQIMADTG	LHSGAQIMA	0.5792	94.9	WB
DRB1_0901	94	SIRLAKACAAEGAHG	LAKACAAEG	0.5650	110.6	WB
DRB1_0901	93	HSIRLAKACAAEGAH	LAKACAAEG	0.5613	115.2	WB
DRB1_0901	11	LGTLLTAMVTPFSGD	LGTLLTAMV	0.5611	115.4	WB
DRB1_0901	122	RGLQAHFTAVADATE	HFTAVADAT	0.5591	118.0	WB
DRB1_0901	220	LRELLSAFGSGDIAT	LSAFSGDI	0.5575	120.0	WB
DRB1_0901	175	LHSGAQIMADTGLAY	LHSGAQIMA	0.5574	120.1	WB
DRB1_0901	123	GLQAHFTAVADATEL	HFTAVADAT	0.5573	120.3	WB
DRB1_0901	203	MGATGFISVIAHLAA	GFISVIAHL	0.5553	122.9	WB
DRB1_0901	221	RELLSAFGSGDIATA	LSAFSGDI	0.5547	123.8	WB
DRB1_0901	201	LAMGATGFISVIAHL	LAMGATGFI	0.5478	133.3	WB
DRB1_0901	15	LTAMVTPFSGDGLD	LTAMVTPFS	0.5460	135.9	WB
DRB1_0901	171	AKADLHSGAQIMADT	LHSGAQIMA	0.5449	137.6	WB
DRB1_0901	95	IRLAKACAAEGAHGL	LAKACAAEG	0.5440	138.9	WB
DRB1_0901	12	GTLTAMVTPFSGDG	LTAMVTPFS	0.5384	147.6	WB
DRB1_0901	125	QAHFTAVADATELPM	HFTAVADAT	0.5373	149.3	WB
DRB1_0901	185	TGLAYYSGDDALNLP	YYSGDDALN	0.5348	153.5	WB
DRB1_0901	208	FISVIAHLAAGQLRE	LAKVIAHLA	0.5339	154.9	WB
DRB1_0901	92	AHSIRLAKACAAEGA	LAKACAAEG	0.5336	155.4	WB
DRB1_0901	205	ATGFISVIAHLAAGQ	GFISVIAHL	0.5336	155.5	WB
DRB1_0901	13	TLLTAMVTPFSGDGS	LTAMVTPFS	0.5316	158.9	WB
DRB1_0901	10	RLGTLLTAMVTPFSG	LGTLLTAMV	0.5306	160.6	WB
DRB1_0901	110	LVVTPYYSKPPQRGL	YSKPPQRGL	0.5246	171.4	WB

DRB1_0901	222	ELLSAFGSGDIATAR	LSAFGSGDI	0.5244	171.7	WB
DRB1_0901	217	AGQLRELLSAFGSGD	LRELLSAFG	0.5207	178.8	WB
DRB1_0901	111	VVTPYYSKPPQRGLQ	YSKPPQRGL	0.5196	180.8	WB
DRB1_0901	184	DTGLAYYSGDDALNL	YYSGDDALN	0.5183	183.5	WB
DRB1_0901	202	AMGATGFISVIAHLA	MGATGFISV	0.5165	187.1	WB
DRB1_0901	282	EQIDALAADMRAASV	QIDALAADM	0.5134	193.4	WB
DRB1_0901	204	GATGFISVIAHLAAG	GFISVIAHL	0.5127	195.0	WB
DRB1_0901	121	QRGLQAHFTAVADAT	LQAHFTAVA	0.5096	201.5	WB
DRB1_0901	170	DAKADLHSGAQIMAD	LHSGAQIMA	0.5090	202.9	WB
DRB1_0901	17	AMVTPFSGDGLDTA	TPFSGDGLS	0.5085	204.0	WB
DRB1_0901	126	AHFTAVADATELPLM	HFTAVADAT	0.5083	204.4	WB
DRB1_0901	91	TAHSIRLAKACAAEG	LAKACAAEG	0.5057	210.3	WB
DRB1_0901	89	YDTAHSIRLAKACAA	YDTAHSIRL	0.5014	220.3	WB
DRB1_0901	16	TAMVTPFSGDGLDT	PFSGDGLSD	0.5003	222.8	WB
DRB1_0901	280	TPEQIDALAADMRAA	QIDALAADM	0.4987	226.8	WB
DRB1_0901	186	GLAYYSGDDALNLPW	YYSGDDALN	0.4987	226.8	WB
DRB1_0901	283	QIDALAADMRAASVL	QIDALAADM	0.4984	227.6	WB
DRB1_0901	67	ELLRAVLEAVGDRAR	LLRAVLEAV	0.4977	229.4	WB
DRB1_0901	281	PEQIDALAADMRAAS	QIDALAADM	0.4931	241.0	WB
DRB1_0901	14	LLTAMVTPFSGDGLS	LTAMVTPFS	0.4926	242.2	WB
DRB1_0901	9	ARLGTLLTAMVTPFS	LGTLLTAMV	0.4926	242.3	WB
DRB1_0901	183	ADTGLAYYSGDDALN	YYSGDDALN	0.4922	243.2	WB
DRB1_0901	90	DTAHSIRLAKACAAE	IRLAKACAA	0.4896	250.1	WB
DRB1_0901	244	PLCNAMSRLGGVTLS	LCNAMSRLG	0.4894	250.7	WB
DRB1_0901	236	RKINIAVAPLCNAMS	KINIAVAPL	0.4891	251.5	WB
DRB1_0901	235	ARKINIAVAPLCNAM	KINIAVAPL	0.4879	255.0	WB
DRB1_0901	271	DPRLPQVAATPEQID	QVAATPEQI	0.4870	257.3	WB
DRB1_0901	249	MSRLGGVTLSKAGLR	MSRLGGVTLS	0.4867	258.2	WB
DRB1_0901	200	WLAMGATGFISVIAH	LAMGATGFI	0.4862	259.6	WB
DRB1_0901	216	AAGQLRELLSAFGSG	LRELLSAFG	0.4851	262.9	WB
DRB1_0901	187	LAYYSGDDALNLPWL	YYSGDDALN	0.4828	269.5	WB
DRB1_0901	279	ATPEQIDALAADMRA	QIDALAADM	0.4789	281.1	WB
DRB1_0901	196	LNLPLWAMGATGFIS	WLAMGATGF	0.4778	284.5	WB
DRB1_0901	198	LPWLAMGATGFISVI	WLAMGATGF	0.4760	289.8	WB
DRB1_0901	245	LCNAMSRLGGVTLSK	LCNAMSRLG	0.4759	290.2	WB
DRB1_0901	212	IAHLAAGQLRELLSA	IAHLAAGQL	0.4758	290.6	WB
DRB1_0901	209	ISVIAHLAAGQLREL	IAHLAAGQL	0.4757	290.8	WB
DRB1_0901	87	GTYDTAHSIRLAKAC	YDTAHSIRL	0.4734	298.2	WB
DRB1_0901	96	RLAKACAAEGAHGLL	LAKACAAEG	0.4729	299.9	WB
DRB1_0901	113	TPYYSKPPQRGLQAH	YSKPPQRGL	0.4725	301.0	WB
DRB1_0901	195	ALNLPWLAMGATGFI	WLAMGATGF	0.4721	302.4	WB
DRB1_0901	211	VIAHLAAGQLRELLS	IAHLAAGQL	0.4719	303.2	WB
DRB1_0901	112	VTPYYSKPPQRGLQA	PYYSKPPQR	0.4715	304.4	WB
DRB1_0901	65	KIELLRVLEAVGDR	LLRAVLEAV	0.4711	305.6	WB
DRB1_0901	88	TYDTAHSIRLAKACA	YDTAHSIRL	0.4702	308.6	WB
DRB1_0901	66	IELLRVLEAVGDRA	LLRAVLEAV	0.4699	309.5	WB
DRB1_0901	234	TARKINIAVAPLCNA	KINIAVAPL	0.4694	311.2	WB
DRB1_0901	86	AGTYDTAHSIRLAKA	YDTAHSIRL	0.4688	313.2	WB
DRB1_0901	272	PRLPQVAATPEQIDA	QVAATPEQI	0.4683	315.1	WB
DRB1_0901	199	PWLAMGATGFISVIA	LAMGATGFI	0.4683	315.2	WB
DRB1_0901	210	SVIAHLAAGQLRELL	IAHLAAGQL	0.4666	320.9	WB
DRB1_0901	8	AARLGTLLTAMVTPF	LGTLLTAMV	0.4653	325.4	WB
DRB1_0901	237	KINIAVAPLCNAMSR	KINIAVAPL	0.4646	327.9	WB
DRB1_0901	68	LLRAVLEAVGDRARV	LLRAVLEAV	0.4638	331.0	WB
DRB1_0901	197	NLPWLAMGATGFISV	WLAMGATGF	0.4611	340.7	WB
DRB1_0901	64	EKIELLRVLEAVGD	LLRAVLEAV	0.4606	342.6	WB
DRB1_0901	3	VGFDVAARLGTLLTA	VGFDVAARL	0.4604	343.0	WB
DRB1_0901	250	SRLGGVTLSKAGLRL	LGGVTLSKA	0.4596	346.3	WB
DRB1_0901	223	LLSAFGSGDIATARK	LSAFGSGDI	0.4589	349.0	WB
DRB1_0901	215	LAAGQLRELLSAFGS	LRELLSAFG	0.4569	356.4	WB

DRB1_0901	76	VGDRARVIAGAGTYD	VGDRARVIA	0.4508	380.9	WB
DRB1_0901	109	LLVVTPYYSKPPQRG	YYSKPPQRG	0.4500	383.9	WB
DRB1_0901	18	MVTPFSGDGLDTAT	TPFSGDGL	0.4486	390.0	WB
DRB1_0901	169	KDAKADLHSGAQIMA	LHSGAQIMA	0.4471	396.5	WB
DRB1_0901	248	AMSRLGGVTLSKAGL	MSRLGGVTLSKAGL	0.4469	397.3	WB
DRB1_0901	85	GAGTYDTAHSIRLAK	YDTAHSIRL	0.4466	398.5	WB
DRB1_0901	247	NAMSRLGGVTLSKAG	MSRLGGVTLSKAG	0.4461	400.5	WB
DRB1_0901	70	RAVLEAVGDRARVIA	VLEAVGDRA	0.4461	400.8	WB
DRB1_0901	120	PQRGLQAHFTAVADA	LQAHFTAVA	0.4451	405.0	WB
DRB1_0901	80	ARVIAGAGTYDTAHS	VIAGAGTYD	0.4441	409.6	WB
DRB1_0901	114	PYYSKPPQRGLQAHF	YSKPPQRGL	0.4435	412.2	WB
DRB1_0901	273	RLPQVAATPEQIDAL	QVAATPEQI	0.4435	412.3	WB
DRB1_0901	116	YSKPPQRGLQAHFTA	YSKPPQRGL	0.4434	412.6	WB
DRB1_0901	270	GDPRLPQVAATPEQI	QVAATPEQI	0.4427	415.6	WB
DRB1_0901	2	TVGFDVAARLGTLLT	VGFDVAARL	0.4402	427.0	WB
DRB1_0901	243	APLCNAMSRLGGVTLSKAGL	LCNAMSRLG	0.4366	444.0	WB
DRB1_0901	69	LRAVLEAVGDRARVI	VLEAVGDRA	0.4363	445.3	WB
DRB1_0901	84	AGAGTYDTAHSIRLA	YDTAHSIRL	0.4362	446.2	WB
DRB1_0901	81	RVIAGAGTYDTAHSI	VIAGAGTYD	0.4356	448.6	WB
DRB1_0901	144	IPGRSAVPIEPDTIR	IPGRSAVPI	0.4351	451.3	WB
DRB1_0901	79	RARVIAGAGTYDTAH	RVIAGAGTYD	0.4343	455.2	WB
DRB1_0901	77	GDRARVIAGAGTYDT	VIAGAGTYD	0.4313	470.3	WB
DRB1_0901	19	VTPFSGDGLDTATA	TPFSGDGL	0.4292	481.1	WB
DRB1_0901	214	HLAAGQLRELLSAFG	LRELLSAFG	0.4289	482.5	WB
DRB1_0901	176	HSGAQIMADTGLAYY	QIMADTGLA	0.4279	487.8	WB
DRB1_0901	115	YYSKPPQRGLQAHFT	YSKPPQRGL	0.4268	493.9	WB
DRB1_0901	284	IDALAADMRAASVLR	DMRAASVLR	0.4266	494.8	WB
DRB1_0901	63	GEKIELLRAVLEAVG	KIELLRAVL	0.4261	497.7	WB
DRB1_0901	127	HFTAVADATELPMML	HFTAVADAT	0.4259	498.7	WB
DRB1_0901	233	ATARKINIAVAPLCN	KINIAVAPL	0.4250	503.4	WB
DRB1_0901	78	DRARVIAGAGTYDTA	VIAGAGTYD	0.4242	507.9	WB
DRB1_0901	162	HPNIVGVKDAKADLH	VGKDAKAD	0.4195	534.0	WB
DRB1_0901	20	TPFSGDGLDTATAA	TPFSGDGL	0.4193	535.5	WB
DRB1_0901	251	RLGGVTLSKAGLRLQ	LGGVTLSKA	0.4188	538.0	WB
DRB1_0901	164	NIVGVKDAKADLHSG	IVGVKDAKA	0.4172	547.7	WB
DRB1_0901	104	EGAHGLLVVTPYYSK	EGAHGLLVV	0.4159	555.3	WB
DRB1_0901	163	PNIVGVKDAKADLHS	IVGVKDAKA	0.4129	574.0	WB
DRB1_0901	97	LAKACAAEGAHGLLV	LAKACAAEG	0.4122	578.2	WB
DRB1_0901	5	FDVAARLGTLLTAMV	LGTLLTAMV	0.4119	580.3	WB
DRB1_0901	246	CNAMSRLGGVTLSKA	LGGVTLSKA	0.4089	599.5	WB
DRB1_0901	119	PPQRGLQAHFTAVAD	LQAHFTAVA	0.4087	600.2	WB
DRB1_0901	278	AATPEQIDALAADM	QIDALAADM	0.4085	601.9	WB
DRB1_0901	7	VAARLGTLLTAMVTP	LGTLLTAMV	0.4069	612.6	WB
DRB1_0901	71	AVLEAVGDRARVIAG	VLEAVGDRA	0.4060	618.4	WB
DRB1_0901	242	VAPLCNAMSRLGGVT	LCNAMSRLG	0.4056	621.0	WB
DRB1_0901	165	IVGVKDAKADLHSGA	IVGVKDAKA	0.4054	622.0	WB
DRB1_0901	232	IATARKINIAVAPLC	INIAVAPLC	0.4053	623.2	WB
DRB1_0901	27	SLDTATAARLANHLV	LDTATAARL	0.4047	627.1	WB
DRB1_0901	224	LSAFGSGDIATARKI	LSAFGSGDI	0.4046	627.8	WB
DRB1_0901	118	KPPQRGLQAHFTAVA	LQAHFTAVA	0.4042	630.2	WB
DRB1_0901	238	INIAVAPLCNAMSRL	INIAVAPLC	0.4036	634.8	WB
DRB1_0901	83	IAGAGTYDTAHSIRL	YDTAHSIRL	0.4020	645.8	WB
DRB1_0901	142	YDIPGRSAVPIEPDT	PGRSAVPIE	0.4008	653.9	WB
DRB1_0901	240	IAVAPLCNAMSRLGG	LCNAMSRLG	0.4003	657.4	WB
DRB1_0901	1	TTVGFDVAARLGTLL	VGFDVAARL	0.4002	658.0	WB
DRB1_0901	102	AAEGAHGLLVVTPYY	EGAHGLLVV	0.4001	658.8	WB
DRB1_0901	62	DGEKIELLRAVLEAV	KIELLRAVL	0.4001	659.1	WB
DRB1_0901	141	LYDIPGRSAVPIEPD	IPGRSAVPI	0.3953	694.4	WB
DRB1_0901	143	DIPGRSAVPIEPDTI	IPGRSAVPI	0.3950	696.6	WB
DRB1_0901	108	GLLVVTPYYSKPPQR	VVTPYYSKP	0.3948	697.7	WB

DRB1_0901	188	AYYSGDDALNLPWLA	YYSGDDALN	0.3940	703.7
DRB1_0901	75	AVGDRARVIAGAGTY	VGDRARVIA	0.3939	705.0
DRB1_0901	269	VGDPRLPQVAATPEQ	VGDPRLPQV	0.3933	709.5
DRB1_0901	277	VAATPEQIDALAADM	QIDALAADM	0.3926	714.4
DRB1_0901	213	AHLAAGQLRELLSAF	AHLAAGQLR	0.3913	724.9
DRB1_0901	274	LPQVAATPEQIDALA	QVAATPEQI	0.3907	729.7
DRB1_0901	145	PGRSAVPIEPDTIRA	PGRSAVPIE	0.3883	748.5
DRB1_0901	252	LGGVTLKAGLRLQG	LGGVTLSKA	0.3864	763.9
DRB1_0901	268	DVGDPRLPQVAATPE	VGDPRLPQV	0.3857	770.1
DRB1_0901	103	AEGAHLVVTPTYYS	EGAHLVVV	0.3856	770.6
DRB1_0901	161	SHPNIVGVKDAKADL	VGKDAKAD	0.3848	778.1
DRB1_0901	0	VTTVGFDAARLGTL	VGFDAARL	0.3844	781.0
DRB1_0901	154	PDTIRAASHPNIVGV	RAASHPNIV	0.3843	781.6
DRB1_0901	28	LDTATAARLANHLVD	LDTATAARL	0.3838	785.8
DRB1_0901	155	DTIRAASHPNIVGVK	RAASHPNIV	0.3834	789.8
DRB1_0901	153	EPDTIRAASHPNIVG	DTIRAASHP	0.3810	810.1
DRB1_0901	82	VIAGAGTYDTAHSIR	VIAGAGTYD	0.3810	810.7
DRB1_0901	239	NIAVAPLCNAMSRG	PLCNAMSR	0.3800	819.0
DRB1_0901	107	HGLLVVTPYYSKPPQ	VVTPYYSK	0.3792	826.7
DRB1_0901	177	SGAQIMADTGLAYYS	AQIMADTGL	0.3786	831.5
DRB1_0901	255	VTLKAGLRLQIDV	VTLKAGLR	0.3778	839.3
DRB1_0901	241	AVAPLCNAMSRGGV	VAPLCNAM	0.3767	849.3
DRB1_0901	139	MLLYDIPGRSAVPIE	IPGRSAVPI	0.3766	849.7
DRB1_0901	140	LLYDIPGRSAVPIEP	IPGRSAVPI	0.3744	870.0
DRB1_0901	26	GSLDTATAARLANHL	LDTATAARL	0.3736	877.5
DRB1_0901	101	CAAEGAHLVVTPTY	EGAHLVVV	0.3733	880.8
DRB1_0901	276	QVAATPEQIDALAAD	QVAATPEQI	0.3728	885.7
DRB1_0901	179	AQIMADTGLAYYSGD	QIMADTGLA	0.3717	895.7
DRB1_0901	6	DVAARLGTLTAMVT	LGTLTAMV	0.3699	913.8
DRB1_0901	267	IDVGDPRLPQVAATP	VGDPRLPQV	0.3616	999.5
DRB1_0901	166	VGKDAKADLHSGAQ	VGKDAKAD	0.3596	1021.1
DRB1_0901	194	DALNLPWLAMGATGF	WLAMGATGF	0.3590	1028.5
DRB1_0901	152	IEPDTIRAASHPNIV	RAASHPNIV	0.3585	1033.5
DRB1_0901	231	DIATARKINIAVAPL	KINIAVAPL	0.3583	1035.7
DRB1_0901	254	GVTLSKAGLRLQID	VTLKAGLR	0.3575	1045.2
DRB1_0901	156	TIRAASHPNIVGVKD	RAASHPNIV	0.3555	1068.3
DRB1_0901	25	DGSLDTATAARLANH	LDTATAARL	0.3546	1078.3
DRB1_0901	160	ASHPNIVGVKDAKAD	IVGVKDAKA	0.3544	1080.2
DRB1_0901	227	FGSGDIATARKINIA	FGSGDIATA	0.3537	1089.0
DRB1_0901	4	GFDVAARLGTLTAM	GFDVAARLG	0.3533	1093.7
DRB1_0901	48	LVVSGTTGESPTTTD	VVSGTTGES	0.3531	1095.4
DRB1_0901	275	PQVAATPEQIDALAA	QVAATPEQI	0.3481	1156.6
DRB1_0901	256	TLSKAGLRLQIDVG	LSKAGLRLQ	0.3478	1160.7
DRB1_0901	178	GAQIMADTGLAYYSG	QIMADTGLA	0.3462	1180.9
DRB1_0901	61	TDGEKIELLRVLEA	KIELLRVLE	0.3453	1192.5
DRB1_0901	182	MADTGLAYYSGDDAL	AYYSGDDAL	0.3447	1200.1
DRB1_0901	100	ACAAEGAHLVVTPT	EGAHLVVV	0.3443	1205.1
DRB1_0901	253	GGVTLKAGLRLQGI	VTLKAGLR	0.3433	1218.9
DRB1_0901	21	PFGSGDGLDTATAAR	FGSGDGLDT	0.3418	1238.9
DRB1_0901	99	KACAAEGAHLVVT	EGAHLVVV	0.3407	1252.7
DRB1_0901	98	AKACAAEGAHLVVT	EGAHLVVV	0.3399	1264.1
DRB1_0901	158	RAASHPNIVGVKDAK	RAASHPNIV	0.3379	1292.1
DRB1_0901	49	VVSGTTGESPTTTDG	VVSGTTGES	0.3365	1311.4
DRB1_0901	226	AFGSGDIATARKINI	FGSGDIATA	0.3362	1316.4
DRB1_0901	72	VLEAVGDRARVIAGA	VLEAVGDRA	0.3335	1354.6
DRB1_0901	24	GDGSLDTATAARLAN	SLDTATAAR	0.3324	1370.8
DRB1_0901	189	YYSGDDALNLPWLAM	YYSGDDALN	0.3312	1388.8
DRB1_0901	46	DGLVVSGTTGESPTT	VVSGTTGES	0.3310	1391.8
DRB1_0901	117	SKPPQRGLQAHFTAV	PQRGLQAHF	0.3304	1401.2
DRB1_0901	157	IRAASHPNIVGVKDA	RAASHPNIV	0.3303	1402.1

DRB1_0901	146	GRSAVPIEPDTIRAA	VPIEPDTIR	0.3302	1403.2
DRB1_0901	260	AGLRLQGIDVGDPR	GLRLQGIDV	0.3280	1437.2
DRB1_0901	261	GLRLQGIDVGDPR	LRLQGIDVG	0.3268	1456.9
DRB1_0901	257	LSKAGLRLQGIDVG	LSKAGLRLQ	0.3246	1491.2
DRB1_0901	225	SAFGSGDIATARKIN	FGSGDIATA	0.3229	1518.6
DRB1_0901	106	AHGLLVVTPYYSKPP	VVTPYYSKP	0.3225	1526.1
DRB1_0901	230	GDIATARKINIAVAP	GDIATARKI	0.3221	1532.3
DRB1_0901	60	TTDGEKIELLR AVL	KIELLR AVL	0.3205	1558.7
DRB1_0901	138	PMLLYDIPGRSAVPI	IPGRSAVPI	0.3197	1572.6
DRB1_0901	43	QGC DGLVVS GTTGES	DGLVVS GTT	0.3182	1598.2
DRB1_0901	33	AARLANHLVDQGC DG	AARLANHLV	0.3144	1665.5
DRB1_0901	168	VKDAKADLHSGAQIM	DLHSGAQIM	0.3130	1690.3
DRB1_0901	128	FTAVADATEL PMLLY	FTAVADATE	0.3103	1740.4
DRB1_0901	29	DTATAARLANHLVDQ	DTATAARLA	0.3096	1755.1
DRB1_0901	167	GVKDAKADLHSGAQI	ADLHSGAQI	0.3083	1779.7
DRB1_0901	59	TTT DGEKIELLR AVL	KIELLR AVL	0.3082	1781.9
DRB1_0901	47	GLVVS GTTGES PTTT	LVS GTTGE	0.3079	1788.1
DRB1_0901	147	RSAPVPIEPDTIRAAS	VPIEPDTIR	0.3076	1793.3
DRB1_0901	105	GAHGLLVVTPYYSKPP	HGLLVVTPY	0.3045	1853.2
DRB1_0901	45	CDGLVVS GTTGES P	VVS GTTGES	0.3004	1937.2
DRB1_0901	41	VDQGC DGLVVS GTTG	VDQGC DGLV	0.2999	1947.8
DRB1_0901	30	TATAARLANHLVDQG	AARLANHLV	0.2991	1965.4
DRB1_0901	74	EAVGDRARVIAGAGT	VGDRARVIA	0.2981	1987.2
DRB1_0901	266	GIDVGDPRLPQVAAT	VGDPRLPQV	0.2974	2003.0
DRB1_0901	159	AASHPNIVGVKDAKA	IVGVKDAKA	0.2970	2011.6
DRB1_0901	22	FSGDGS LDTATAARL	FSGDGS LDT	0.2961	2030.9
DRB1_0901	229	SGDIATARKINIAVA	SGDIATARK	0.2948	2059.8
DRB1_0901	32	TAARLANHLVDQGC D	AARLANHLV	0.2943	2071.4
DRB1_0901	129	TAVADATEL PMLLYD	VADATELPM	0.2939	2079.9
DRB1_0901	40	LVDQGC DGLVVS GTT	VDQGC DGLV	0.2919	2124.6
DRB1_0901	23	SGDGS LDTATAARLA	DTATAARLA	0.2918	2126.8
DRB1_0901	50	VSGTTGES PTTT DGE	SGTTGES P	0.2893	2186.0
DRB1_0901	259	KAGLRLQGIDVGDPR	GLRLQGIDV	0.2860	2264.5
DRB1_0901	44	GCDGLVVS GTTGES P	DGLVVS GTT	0.2860	2265.8
DRB1_0901	54	TGES PTTT DGEKIEL	TGES PTTT	0.2841	2311.9
DRB1_0901	258	SKAGLRLQGIDVGD	GLRLQGIDV	0.2839	2316.7
DRB1_0901	130	AVADATEL PMLLYDI	VADATELPM	0.2835	2327.8
DRB1_0901	35	RLANHLVDQGC DGLV	VDQGC DGLV	0.2817	2373.5
DRB1_0901	73	LEAVGDRARVIAGAG	VGDRARVIA	0.2805	2403.7
DRB1_0901	150	VPIEPDTIRAASHPN	VPIEPDTIR	0.2763	2516.1
DRB1_0901	228	GSGDIATARKINIAV	GDIATARKI	0.2760	2523.5
DRB1_0901	42	DQGC DGLVVS GTTGE	LVS GTTGE	0.2755	2537.0
DRB1_0901	51	SGTTGES PTTT DGEK	TGES PTTT	0.2751	2549.4
DRB1_0901	34	ARLANHLVDQGC DGL	ARLANHLVD	0.2749	2554.8
DRB1_0901	137	LPMLLYDIPGRSAVP	LYDIPGRSA	0.2747	2558.4
DRB1_0901	180	QIMADTGLAYYS GDD	QIMADTGLA	0.2743	2570.7
DRB1_0901	151	PIEPDTIRAASHPNI	IRAASHPNI	0.2731	2605.5
DRB1_0901	31	ATAARLANHLVDQGC	AARLANHLV	0.2699	2695.6
DRB1_0901	39	HLVDQGC DGLVVS G	VDQGC DGLV	0.2647	2851.1
DRB1_0901	38	NHLVDQGC DGLVVS G	VDQGC DGLV	0.2643	2865.8
DRB1_0901	262	LRLQGIDVGDPRLPQ	LRLQGIDVG	0.2641	2869.5
DRB1_0901	53	TTGES PTTT DGEKIE	TGES PTTT	0.2624	2923.1
DRB1_0901	181	IMADTGLAYYS GDDA	LAYYS GDDA	0.2590	3033.9
DRB1_0901	135	TELPMLLYDIPGRSA	LYDIPGRSA	0.2581	3064.4
DRB1_0901	131	VADATEL PMLLYDIP	VADATELPM	0.2545	3183.9
DRB1_0901	149	AVPIEPDTIRAASHP	VPIEPDTIR	0.2527	3248.0
DRB1_0901	136	ELPMLLYDIPGRSAV	LYDIPGRSA	0.2525	3255.6
DRB1_0901	52	GTTGES PTTT DGEKI	TGES PTTT	0.2505	3325.2
DRB1_0901	36	LANHLVDQGC DGLVV	LANHLVDQ	0.2504	3331.0
DRB1_0901	193	DDALNLPWLAMGATG	LPWLAMGAT	0.2429	3611.9

DRB1_0901	265	QGIDVGDPRLPQVAA	VGDPRLPQV	0.2425	3626.2
DRB1_0901	58	PTTTDGEKIELLRRAV	TTDGEKIEL	0.2335	3995.1
DRB1_0901	134	AATELPMMLLYDIPGRS	AATELPMMLLY	0.2325	4042.8
DRB1_0901	57	SPTTTDGEKIELLRA	TTDGEKIEL	0.2293	4181.3
DRB1_0901	148	SAVPIEPDTIRAASH	VPIEPDTIR	0.2269	4294.0
DRB1_0901	37	ANHLVDQGC DGLVVS	VDQGC DGLV	0.2233	4461.7
DRB1_0901	133	DATELPMMLLYDIPGR	AATELPMMLLY	0.2093	5195.9
DRB1_0901	56	ESPTTTDGEKIELLR	TTDGEKIEL	0.2046	5467.4
DRB1_0901	132	ADATELPMMLLYDIPG	AATELPMMLLY	0.2004	5717.2
DRB1_0901	192	GDDALNLPW LAMGAT	LPW LAMGAT	0.1985	5837.5
DRB1_0901	55	GESPTTTDGEKIELL	TTDGEKIEL	0.1874	6583.2
DRB1_0901	263	RLQGIDVGDPRLPQV	VGDPRLPQV	0.1862	6669.6
DRB1_0901	190	YSGDDALNLPW LAMG	YSGDDALNL	0.1778	7300.0
DRB1_0901	264	LQGIDVGDPRLPQVA	GIDVGDPRL	0.1776	7316.2
DRB1_0901	191	SGDDALNLPW LAMGA	LNLPW LAMG	0.1414	10832.7

Allele: DRB1\_0901. Number of high binders 0. Number of weak binders 119. Number of p

Allele	pos	peptide	core	1-log50k(aff)	affinity(nM)	Bind Level
DRB1_1101	206	TGFISVIAHLAAGQL	ISVIAHLAA	0.7059	24.1	SB
DRB1_1101	207	GFISVIAHLAAGQLR	ISVIAHLAA	0.6848	30.3	SB
DRB1_1101	205	ATGFISVIAHLAAGQ	ISVIAHLAA	0.6718	34.8	SB
DRB1_1101	208	FISVIAHLAAGQLRE	ISVIAHLAA	0.6395	49.5	SB
DRB1_1101	204	GATGFISVIAHLAAG	ISVIAHLAA	0.6227	59.3	WB
DRB1_1101	63	GEKIELLRVLEAVG	IELLRVLE	0.5965	78.7	WB
DRB1_1101	92	AHSIRLAKACAAEGA	IRLAKACAA	0.5754	98.9	WB
DRB1_1101	203	MGATGFISVIAHLAA	FISVIAHLA	0.5708	103.9	WB
DRB1_1101	64	EKIELLRVLEAVGD	IELLRVLE	0.5705	104.3	WB
DRB1_1101	91	TAHSIRLAKACAAEG	SIRLAKACA	0.5684	106.7	WB
DRB1_1101	62	DGEKIELLRVLEAV	IELLRVLE	0.5586	118.6	WB
DRB1_1101	240	IAVAPLCNAMSRLGG	VAPLCNAMS	0.5446	138.0	WB
DRB1_1101	242	VAPLCNAMSRLGGVT	LCNAMSRLG	0.5409	143.6	WB
DRB1_1101	65	KIELLRVLEAVGDR	IELLRVLE	0.5363	151.0	WB
DRB1_1101	93	HSIRLAKACAAEGAH	IRLAKACAA	0.5320	158.2	WB
DRB1_1101	241	AVAPLCNAMSRLGGV	LCNAMSRLG	0.5313	159.4	WB
DRB1_1101	90	DTAHSIRLAKACAAE	SIRLAKACA	0.5299	161.8	WB
DRB1_1101	239	NIAPVAPLCNAMSRLG	VAPLCNAMS	0.5145	191.2	WB
DRB1_1101	3	VGFDVAARLGTLLTA	FDVAARLGT	0.5132	193.8	WB
DRB1_1101	2	TVGFDVAARLGTLLT	FDVAARLGT	0.5086	203.8	WB
DRB1_1101	4	GFDVAARLGTLLTAM	FDVAARLGT	0.5071	207.2	WB
DRB1_1101	243	APLCNAMSRLGGVTL	LCNAMSRLG	0.5024	217.9	WB
DRB1_1101	61	TDGEKIELLRVLEA	IELLRVLE	0.5003	222.9	WB
DRB1_1101	244	PLCNAMSRLGGVTLS	LCNAMSRLG	0.4878	255.0	WB
DRB1_1101	1	TTVGFDVAARLGTLL	FDVAARLGT	0.4822	271.1	WB
DRB1_1101	209	ISVIAHLAAGQLREL	ISVIAHLAA	0.4822	271.1	WB
DRB1_1101	89	YDTAHSIRLAKACAA	IRLAKACAA	0.4772	286.2	WB
DRB1_1101	245	LCNAMSRLGGVTL SK	LCNAMSRLG	0.4712	305.5	WB
DRB1_1101	217	AGQLRELLSAFGSGD	LRELLSAFG	0.4635	331.9	WB
DRB1_1101	229	SGDIATARKINIAVA	IATARKINI	0.4624	336.0	WB
DRB1_1101	218	GQLRELLSAFGSGDI	LRELLSAFG	0.4580	352.4	WB
DRB1_1101	66	IELLRVLEAVGDRA	IELLRVLE	0.4537	369.2	WB
DRB1_1101	94	SIRLAKACAAEGAHG	IRLAKACAA	0.4509	380.3	WB
DRB1_1101	202	AMGATGFISVIAHLA	TGFISVIAH	0.4493	386.9	WB
DRB1_1101	216	AAGQLRELLSAFGSG	LRELLSAFG	0.4483	391.4	WB
DRB1_1101	238	INIAVAPLCNAMSRL	IAPVAPLCNA	0.4440	410.0	WB
DRB1_1101	228	GSGDIATARKINIAV	IATARKINI	0.4422	417.8	WB



DRB1_1101	230	GDIATARKINIAVAP	IATARKINI	0.4370	442.1	WB
DRB1_1101	0	VTTVGFVDVAARLGT	FDVAARLGT	0.4322	465.9	WB
DRB1_1101	215	LAAGQLRELLSAFGS	LRELLSAFG	0.4318	467.5	WB
DRB1_1101	60	TTDGEKIELLRAVLE	KIELLRAVL	0.4305	474.2	WB
DRB1_1101	252	LGGVTLSKAGLRLQG	VTLSKAGLR	0.4286	484.0	WB
DRB1_1101	253	GGVTLSKAGLRLQGI	VTLSKAGLR	0.4223	518.1	
DRB1_1101	219	QLRELLSAFGSGDIA	LRELLSAFG	0.4198	532.8	
DRB1_1101	5	FDVAARLGTLLTAMV	FDVAARLGT	0.4187	539.0	
DRB1_1101	231	DIATARKINIAVAPL	IATARKINI	0.4139	567.7	
DRB1_1101	237	KINIAVAPLCNAMSR	IAVAPLCNA	0.4014	650.1	
DRB1_1101	227	FGSGDIATARKINIA	IATARKINI	0.3959	689.7	
DRB1_1101	251	RLGGVTLSKAGLRLQ	VTLSKAGLR	0.3958	690.8	
DRB1_1101	214	HLAAGQLRELLSAFG	AGQLRELLS	0.3930	711.6	
DRB1_1101	246	CNAMSRLGGVTLSKA	MSRLGGVT	0.3923	717.2	
DRB1_1101	254	GVTLSKAGLRLQGI	VTLSKAGLR	0.3866	762.6	
DRB1_1101	236	RKINIAVAPLCNAMS	IAVAPLCNA	0.3825	797.4	
DRB1_1101	255	VTLSKAGLRLQGI	VTLSKAGLR	0.3809	811.2	
DRB1_1101	232	IATARKINIAVAPLC	IATARKINI	0.3769	847.1	
DRB1_1101	178	GAQIMADTGLAYYS	IMADTGLAY	0.3740	874.4	
DRB1_1101	250	SRLGGVTLSKAGLRL	VTLSKAGLR	0.3676	936.7	
DRB1_1101	67	ELLRAVLEAVGDRAR	LRAVLEAVG	0.3666	946.5	
DRB1_1101	12	GTLLTAMVTPFSGDG	LTAMVTPFS	0.3631	983.8	
DRB1_1101	9	ARLGTLLTAMVTPFS	GTLLTAMVT	0.3560	1061.9	
DRB1_1101	10	RLGTLLTAMVTPFSG	LGTLTAMV	0.3558	1064.6	
DRB1_1101	88	TYDTAHSIRLAKACA	TAHSIRLAK	0.3546	1078.2	
DRB1_1101	11	LGTLTAMVTPFSGD	LTAMVTPFS	0.3543	1081.4	
DRB1_1101	235	ARKINIAVAPLCNAM	RKINIAVAP	0.3532	1095.2	
DRB1_1101	8	AARLGTLLTAMVTPF	LGTLTAMV	0.3526	1101.5	
DRB1_1101	7	VAARLGTLLTAMVTP	AARLGTLLT	0.3525	1102.8	
DRB1_1101	13	TLLTAMVTPFSGDGS	LTAMVTPFS	0.3518	1111.5	
DRB1_1101	226	AFGSGDIATARKINI	IATARKINI	0.3518	1111.7	
DRB1_1101	154	PDTIRAASHPNIVGV	TIRAASHPN	0.3494	1140.5	
DRB1_1101	6	DVAARLGTLLTAMVT	AARLGTLLT	0.3441	1207.8	
DRB1_1101	177	SGAQIMADTGLAYYS	IMADTGLAY	0.3431	1220.9	
DRB1_1101	153	EPDTIRAASHPNIVG	TIRAASHPN	0.3346	1338.7	
DRB1_1101	247	NAMSRLGGVTLSKAG	MSRLGGVT	0.3344	1341.5	
DRB1_1101	249	MSRLGGVTLSKAGLR	VTLSKAGLR	0.3341	1346.2	
DRB1_1101	29	DTATAARLANHLVDQ	TATAARLAN	0.3337	1351.7	
DRB1_1101	30	TATAARLANHLVDQG	AARLANHLV	0.3332	1358.7	
DRB1_1101	220	LRELLSAFGSGDIAT	LRELLSAFG	0.3295	1414.8	
DRB1_1101	28	LDTATAARLANHLVD	TATAARLAN	0.3285	1430.6	
DRB1_1101	201	LAMGATGFISVIAHL	TGFISVIAH	0.3279	1439.9	
DRB1_1101	234	TARKINIAVAPLCNA	RKINIAVAP	0.3269	1455.6	
DRB1_1101	179	AQIMADTGLAYYS	IMADTGLAY	0.3266	1459.4	
DRB1_1101	27	SLDTATAARLANHLV	TATAARLAN	0.3264	1462.6	
DRB1_1101	68	LLRAVLEAVGDRARV	LRAVLEAVG	0.3245	1493.8	
DRB1_1101	155	DTIRAASHPNIVGVK	TIRAASHPN	0.3231	1516.4	
DRB1_1101	256	TLKAGLRLQGI	SKAGLRLQG	0.3219	1536.2	
DRB1_1101	257	LSKAGLRLQGI	SKAGLRLQG	0.3184	1595.9	
DRB1_1101	95	IRLAKACAAEGAHGL	IRLAKACAA	0.3183	1597.8	
DRB1_1101	19	VTPFSGDGLDTATA	FSGDGLDT	0.3165	1628.1	
DRB1_1101	248	AMSRLGGVTLSKAGL	MSRLGGVT	0.3148	1659.3	
DRB1_1101	139	MLLYDIPGRSAVPIE	LYDIPGRSA	0.3129	1692.9	
DRB1_1101	258	SKAGLRLQGI	SKAGLRLQG	0.3100	1747.1	
DRB1_1101	14	LLTAMVTPFSGDGL	LTAMVTPFS	0.3096	1755.3	
DRB1_1101	138	PMLLYDIPGRSAVPI	LYDIPGRSA	0.3085	1775.9	
DRB1_1101	180	QIMADTGLAYYS	IMADTGLAY	0.3079	1787.0	
DRB1_1101	213	AHLAAGQLRELLSAF	AGQLRELLS	0.3072	1800.7	
DRB1_1101	105	GAHGLLVVTPYYSKP	LLVVTYYS	0.3037	1870.7	
DRB1_1101	195	ALNLPWLAMGATGFI	PWLAMGATG	0.3032	1881.2	

DRB1_1101	75	AVGDRARVIAGAGTY	RARVIAGAG	0.3004	1939.2
DRB1_1101	194	DALNLPWLMGATGF	ALNLPWLM	0.2997	1953.1
DRB1_1101	18	MVTPFSGDGLDTAT	FSGDGLDT	0.2973	2004.8
DRB1_1101	152	IEPDTIRAASHPNIV	TIRAASHPN	0.2953	2049.1
DRB1_1101	20	TPFSGDGLDTATAA	FSGDGLDT	0.2939	2078.8
DRB1_1101	79	RARVIAGAGTYDTAH	RVIAGAGTY	0.2931	2098.6
DRB1_1101	284	IDALAADMRAASVLR	LAADMRAAS	0.2917	2128.4
DRB1_1101	196	LNLPLWLMGATGFIS	PWLMGATG	0.2910	2146.4
DRB1_1101	74	EAVGDRARVIAGAGT	AVGDRARVI	0.2896	2179.0
DRB1_1101	140	LLYDIPGRSAVPIEP	LYDIPGRSA	0.2880	2215.4
DRB1_1101	197	NLPWLMGATGFISV	PWLMGATG	0.2871	2238.0
DRB1_1101	104	EGAHGLLVVTPYYSK	HGLLVVTPY	0.2869	2243.8
DRB1_1101	176	HSGAQIMADTGLAYY	IMADTGLAY	0.2862	2259.1
DRB1_1101	156	TIRAASHPNIVGVKD	TIRAASHPN	0.2861	2262.2
DRB1_1101	78	DRARVIAGAGTYDTA	RVIAGAGTY	0.2855	2278.3
DRB1_1101	73	LEAVGDRARVIAGAG	VGDRARVIA	0.2848	2295.7
DRB1_1101	233	ATARKINIAVAPLCN	RKINIAVAP	0.2837	2322.8
DRB1_1101	106	AHGLLVVTPYYSKPP	LLVVTPYYS	0.2836	2325.3
DRB1_1101	76	VGDRARVIAGAGTYD	RARVIAGAG	0.2797	2425.5
DRB1_1101	107	HGLLVVTPYYSKPPQ	LLVVTPYYS	0.2794	2432.8
DRB1_1101	15	LTAMVTPFSGDGLD	LTAMVTPFS	0.2769	2499.8
DRB1_1101	198	LPWLMGATGFISVI	PWLMGATG	0.2740	2579.4
DRB1_1101	72	VLEAVGDRARVIAGA	AVGDRARVI	0.2702	2686.4
DRB1_1101	200	WLAMGATGFISVIAH	TGFISVIAH	0.2698	2697.5
DRB1_1101	87	GTYDTAHSIRLAKAC	TAHSIRLAK	0.2695	2708.7
DRB1_1101	59	TTTTDGEKIELLRVL	KIELLRVL	0.2680	2750.9
DRB1_1101	137	LPMLLYDIPGRSAVP	LYDIPGRSA	0.2666	2793.2
DRB1_1101	17	AMVTPFSGDGLDTA	FSGDGLDT	0.2662	2807.6
DRB1_1101	103	AEGAHGLLVVTPYYS	HGLLVVTPY	0.2653	2833.9
DRB1_1101	80	ARVIAGAGTYDTAHS	RVIAGAGTY	0.2639	2877.6
DRB1_1101	77	GDRARVIAGAGTYDT	RARVIAGAG	0.2636	2885.5
DRB1_1101	193	DDALNLPWLMGATG	ALNLPWLM	0.2633	2896.4
DRB1_1101	259	KAGLRLQGIDVGDP	GLRLQGIDV	0.2622	2929.0
DRB1_1101	21	PFSGDGLDTATAAR	FSGDGLDT	0.2622	2930.0
DRB1_1101	108	GLLVVTPYYSKPPQR	LLVVTPYYS	0.2569	3103.5
DRB1_1101	31	ATAARLANHLVDQGC	AARLANHLV	0.2566	3112.2
DRB1_1101	131	VADATELPMMLLYDIP	ATELPMMLLY	0.2522	3264.2
DRB1_1101	115	YYSKPPQRGLQAHFT	YYSKPPQRG	0.2498	3351.8
DRB1_1101	16	TAMVTPFSGDGLDT	FSGDGLDT	0.2496	3359.7
DRB1_1101	175	LHSGAQIMADTGLAY	IMADTGLAY	0.2488	3388.7
DRB1_1101	199	PWLMGATGFISVIA	PWLMGATG	0.2482	3408.5
DRB1_1101	113	TPYYSKPPQRGLQAH	YYSKPPQRG	0.2444	3550.8
DRB1_1101	112	VTPYYSKPPQRGLQA	YYSKPPQRG	0.2444	3552.9
DRB1_1101	124	LQAHFTAVADATELP	HFTAVADAT	0.2442	3560.0
DRB1_1101	283	QIDALAADMRAASVL	LAADMRAAS	0.2438	3574.5
DRB1_1101	26	GSLDTATAARLANHL	TATAARLAN	0.2428	3616.5
DRB1_1101	114	PYYSKPPQRGLQAHF	YYSKPPQRG	0.2426	3623.6
DRB1_1101	212	IAHLAAGQLRELLSA	AGQLRELLS	0.2415	3666.2
DRB1_1101	141	LYDIPGRSAVPIEPD	LYDIPGRSA	0.2403	3711.9
DRB1_1101	151	PIEPDTIRAASHPNI	TIRAASHPN	0.2401	3721.8
DRB1_1101	109	LLVVTPYYSKPPQRG	LLVVTPYYS	0.2399	3728.3
DRB1_1101	181	IMADTGLAYYSGDDA	IMADTGLAY	0.2393	3755.7
DRB1_1101	69	LRAVLEAVGDRARVI	LRAVLEAVG	0.2393	3756.1
DRB1_1101	71	AVLEAVGDRARVIAG	LEAVGDRAR	0.2386	3783.6
DRB1_1101	260	AGLRLQGIDVGDPRL	GLRLQGIDV	0.2381	3802.5
DRB1_1101	261	GLRLQGIDVGDPRLP	GLRLQGIDV	0.2371	3843.9
DRB1_1101	211	VIAHLAAGQLRELLS	HLAAGQLRE	0.2369	3853.6
DRB1_1101	125	QAHFTAVADATELPM	HFTAVADAT	0.2323	4051.6
DRB1_1101	172	KADLHSGAQIMADTG	LHSGAQIMA	0.2317	4077.2
DRB1_1101	132	ADATELPMMLLYDIPG	ATELPMMLLY	0.2310	4105.0

DRB1_1101	32	TAARLANHLVDQGCD	AARLANHLV	0.2310	4107.7
DRB1_1101	192	GDDALNLPWLMGAT	ALNLPWLM	0.2307	4122.1
DRB1_1101	221	RELLSAFGSGDIATA	RELLSAFGS	0.2290	4198.0
DRB1_1101	123	GLQAHFTAVADATEL	HFTAVADAT	0.2285	4218.9
DRB1_1101	136	ELPMLLYDIPGRSAV	LYDIPGRSA	0.2281	4237.7
DRB1_1101	130	AVADATELPMMLLYDI	AATELPMMLLY	0.2272	4281.1
DRB1_1101	102	AAEGAHGLLVVTPYY	HGLLVVTPY	0.2231	4475.7
DRB1_1101	81	RVIAGAGTYDTAHSI	RVIAGAGTY	0.2223	4511.6
DRB1_1101	122	RGLQAHFTAVADATE	HFTAVADAT	0.2217	4541.2
DRB1_1101	210	SVIAHLAAGQLRELL	HLAAGQLRE	0.2201	4618.8
DRB1_1101	171	AKADLHSGAQIMADT	LHSGAQIMA	0.2194	4655.9
DRB1_1101	70	RAVLEAVGDRARVIA	VLEAVGDRA	0.2168	4786.4
DRB1_1101	121	QRGLQAHFTAVADAT	HFTAVADAT	0.2168	4786.9
DRB1_1101	110	LVVTPYYSKPPQRGL	YYSKPPQRG	0.2144	4914.4
DRB1_1101	174	DLHSGAQIMADTGLA	LHSGAQIMA	0.2142	4925.8
DRB1_1101	86	AGTYDTAHSIRLAKA	YDTAHSIRL	0.2138	4948.1
DRB1_1101	134	AATELPMMLLYDIPGRS	AATELPMMLLY	0.2136	4958.2
DRB1_1101	133	DATELPMMLLYDIPGR	AATELPMMLLY	0.2132	4978.4
DRB1_1101	111	VVTPYYSKPPQRGLQ	YYSKPPQRG	0.2130	4991.8
DRB1_1101	120	PQRGLQAHFTAVADA	RGLQAHFTA	0.2055	5411.0
DRB1_1101	118	KPPQRGLQAHFTAVA	RGLQAHFTA	0.2052	5428.0
DRB1_1101	119	PPQRGLQAHFTAVAD	RGLQAHFTA	0.2043	5484.4
DRB1_1101	189	YYSGDDALNLPWLM	ALNLPWLM	0.2018	5631.1
DRB1_1101	173	ADLHSGAQIMADTGL	LHSGAQIMA	0.2016	5644.4
DRB1_1101	126	AHFTAVADATELPM	HFTAVADAT	0.2014	5654.8
DRB1_1101	33	AARLANHLVDQGCDG	AARLANHLV	0.1994	5781.3
DRB1_1101	170	DAKADLHSGAQIMAD	LHSGAQIMA	0.1980	5868.4
DRB1_1101	186	GLAYYSGDDALNLPW	YYSGDDALN	0.1976	5893.6
DRB1_1101	22	FSGDGLSDDTATAARL	FSGDGLSDDT	0.1948	6078.1
DRB1_1101	223	LLSAFGSGDIATARK	AFSGSGDIAT	0.1917	6284.7
DRB1_1101	222	ELLSAFSGSGDIATAR	LSAFSGSGDI	0.1917	6285.5
DRB1_1101	282	EQIDALAADMRAASV	LAADMRAAS	0.1915	6293.8
DRB1_1101	191	SGDDALNLPWLMGA	ALNLPWLM	0.1913	6309.0
DRB1_1101	117	SKPPQRGLQAHFTAV	RGLQAHFTA	0.1912	6316.3
DRB1_1101	25	DGSLDTATAARLANH	TATAARLAN	0.1904	6375.1
DRB1_1101	129	TAVADATELPMMLLYD	AATELPMMLLY	0.1902	6384.3
DRB1_1101	224	LSAFSGSGDIATARKI	FGSGDIATA	0.1897	6422.5
DRB1_1101	101	CAAEGAHGLLVVTPY	HGLLVVTPY	0.1894	6443.4
DRB1_1101	187	LAYYSGDDALNLPWL	YYSGDDALN	0.1889	6476.8
DRB1_1101	225	SAFGSGDIATARKIN	FGSGDIATA	0.1873	6586.9
DRB1_1101	185	TGLAYYSGDDALNLP	YYSGDDALN	0.1849	6759.7
DRB1_1101	135	TELPMLLYDIPGRSA	LYDIPGRSA	0.1825	6940.3
DRB1_1101	44	GCDGLVVSGTTGES	GLVVSGTTG	0.1815	7012.6
DRB1_1101	169	KDAKADLHSGAQIMA	LHSGAQIMA	0.1812	7037.7
DRB1_1101	188	AYYSGDDALNLPWLA	YYSGDDALN	0.1745	7565.1
DRB1_1101	46	DGLVVSGTTGESPTT	GLVVSGTTG	0.1723	7750.3
DRB1_1101	128	FTAVADATELPMMLLY	AATELPMMLLY	0.1707	7886.0
DRB1_1101	45	CDGLVVSGTTGESPT	GLVVSGTTG	0.1707	7889.8
DRB1_1101	116	YSKPPQRGLQAHFTA	RGLQAHFTA	0.1704	7914.0
DRB1_1101	43	QGCDGLVVSGTTGES	GLVVSGTTG	0.1656	8331.3
DRB1_1101	184	DTGLAYYSGDDALNL	YYSGDDALN	0.1644	8441.5
DRB1_1101	162	HPNIVGVKDAKADLH	IVGVKDAKA	0.1642	8463.1
DRB1_1101	262	LRLQGIDVGDPRLPQ	RLQGIDVGD	0.1631	8566.1
DRB1_1101	150	VPIEPDTIRAASHPN	TIRAASHPN	0.1616	8700.6
DRB1_1101	127	HFTAVADATELPMML	HFTAVADAT	0.1616	8704.5
DRB1_1101	183	ADTGLAYYSGDDALN	YYSGDDALN	0.1570	9145.0
DRB1_1101	85	GAGTYDTAHSIRLAK	YDTAHSIRL	0.1560	9243.4
DRB1_1101	190	YSGDDALNLPWLMG	ALNLPWLM	0.1522	9637.9
DRB1_1101	163	PNIVGVKDAKADLHS	IVGVKDAKA	0.1504	9827.6
DRB1_1101	182	MADTGLAYYSGDDAL	ADTGLAYYS	0.1462	10281.9

DRB1_1101	281	PEQIDALAADMRAAS	LAADMRAAS	0.1448	10435.2
DRB1_1101	82	VIAGAGTYDTAHSIR	IAGAGTYDT	0.1433	10605.3
DRB1_1101	157	IRAASHPNIVGVKDA	IRAASHPNI	0.1432	10624.0
DRB1_1101	24	GDGSLDTATAARLAN	TATAARLAN	0.1423	10722.4
DRB1_1101	161	SHPNIVGVKDAKADL	IVGVKDAKA	0.1396	11045.3
DRB1_1101	47	GLVVSGETTGESPTTT	GLVVSGETTG	0.1387	11153.7
DRB1_1101	100	ACAAEGAHGLLVVTP	AHGLLVVTP	0.1357	11513.9
DRB1_1101	263	RLQGIDVGDPRLPQV	LQGIDVGDP	0.1356	11534.7
DRB1_1101	164	NIVGVKDAKADLHSG	IVGVKDAKA	0.1355	11537.9
DRB1_1101	42	DQGC DGLVVSGETTGE	GLVVSGETTG	0.1300	12244.5
DRB1_1101	41	VDQGC DGLVVSGETTG	DGLVVSGETT	0.1219	13371.6
DRB1_1101	168	VKDAKADLHSGAQIM	DLHSGAQIM	0.1208	13527.0
DRB1_1101	165	IVGVKDAKADLHSGA	IVGVKDAKA	0.1206	13567.1
DRB1_1101	160	ASHPNIVGVKDAKAD	IVGVKDAKA	0.1126	14788.9
DRB1_1101	36	LANHLVDQGC DGLVV	HLVDQGC DG	0.1114	14975.2
DRB1_1101	83	IAGAGTYDTAHSIRL	IAGAGTYDT	0.1088	15407.8
DRB1_1101	280	TPEQIDALAADMRAA	IDALAADM	0.1028	16440.5
DRB1_1101	264	LQCIDVGDPRLPQVA	IDVGDPRLP	0.1025	16488.4
DRB1_1101	38	NHLVDQGC DGLVVS	HLVDQGC DG	0.1024	16514.7
DRB1_1101	159	AASHPNIVGVKDAKA	HPNIVGVKD	0.1017	16636.7
DRB1_1101	37	ANHLVDQGC DGLVVS	HLVDQGC DG	0.0999	16967.0
DRB1_1101	34	ARLANHLVDQGC DGL	ARLANHLVD	0.0992	17101.5
DRB1_1101	39	HLVDQGC DGLVVS	HLVDQGC DG	0.0946	17972.1
DRB1_1101	266	GIDVGDPRLPQVAAT	DPRLPQVAA	0.0944	18010.6
DRB1_1101	267	IDVGDPRLPQVAATP	DPRLPQVAA	0.0913	18620.9
DRB1_1101	35	RLANHLVDQGC DGLV	HLVDQGC DG	0.0910	18674.4
DRB1_1101	40	LVDQGC DGLVVS	DGLVVSGETT	0.0910	18684.3
DRB1_1101	99	KACAAEGAHGLLVVT	AEGAHGLLV	0.0905	18779.1
DRB1_1101	84	AGAGTYDTAHSIRLA	YDTAHSIRL	0.0902	18839.6
DRB1_1101	58	PTTTDGEKIELLRVAV	GEKIELLRA	0.0899	18900.0
DRB1_1101	96	RLAKACAAEGAHGLL	LAKACAAEG	0.0899	18900.8
DRB1_1101	23	SGDGLSLDTATAARLA	LDTATAARL	0.0893	19035.5
DRB1_1101	265	QGIDVGDPRLPQVAA	IDVGDPRLP	0.0883	19228.4
DRB1_1101	97	LAKACAAEGAHGLLV	LAKACAAEG	0.0829	20381.3
DRB1_1101	158	RAASHPNIVGVKDAK	HPNIVGVKD	0.0780	21510.8
DRB1_1101	268	DVGDPRLPQVAATPE	DPRLPQVAA	0.0779	21520.1
DRB1_1101	167	GVKDAKADLHSGAQI	GVKDAKADL	0.0758	22010.2
DRB1_1101	273	RLPQVAATPEQIDAL	QVAATPEQI	0.0743	22380.7
DRB1_1101	48	LVVSGETTGESPTTTD	VVSGETTGES	0.0734	22590.7
DRB1_1101	270	GDPRLPQVAATPEQI	DPRLPQVAA	0.0732	22636.9
DRB1_1101	149	AVPIEPDTIRAASHP	PIEPDTIRA	0.0724	22842.1
DRB1_1101	269	VGDPRLPQVAATPEQ	DPRLPQVAA	0.0707	23275.5
DRB1_1101	274	LPQVAATPEQIDALA	QVAATPEQI	0.0703	23357.5
DRB1_1101	166	VGKDAKADLHSGAQ	GVKDAKADL	0.0687	23783.1
DRB1_1101	271	DPRLPQVAATPEQID	DPRLPQVAA	0.0678	24007.8
DRB1_1101	98	AKACAAEGAHGLLVV	AEGAHGLLV	0.0662	24415.6
DRB1_1101	279	ATPEQIDALAADMRA	QIDALAADM	0.0656	24587.1
DRB1_1101	142	YDIPGRSAVPIEPDT	YDIPGRSAV	0.0655	24618.8
DRB1_1101	275	PQVAATPEQIDALAA	QVAATPEQI	0.0640	25008.4
DRB1_1101	49	VVSGETTGESPTTTDG	VVSGETTGES	0.0629	25309.2
DRB1_1101	272	PRLPQVAATPEQIDA	QVAATPEQI	0.0624	25442.6
DRB1_1101	276	QVAATPEQIDALAAD	QVAATPEQI	0.0591	26366.0
DRB1_1101	148	SAVPIEPDTIRAASH	PIEPDTIRA	0.0553	27474.5
DRB1_1101	278	AATPEQIDALAADM	PEQIDALAA	0.0521	28461.4
DRB1_1101	277	VAATPEQIDALAADM	VAATPEQID	0.0473	29971.5
DRB1_1101	57	SPTTTDGEKIELLRVAV	GEKIELLRA	0.0436	31210.2
DRB1_1101	143	DIPGRSAVPIEPDTI	IPGRSAVPI	0.0387	32878.9
DRB1_1101	50	VSGTTGESPTTTDGE	GTTGESPTT	0.0325	35169.3
DRB1_1101	56	ESPTTTDGEKIELLR	PTTTDGEKI	0.0317	35483.5
DRB1_1101	144	IPGRSAVPIEPDTIR	IPGRSAVPI	0.0266	37508.7

DRB1_1101	147	RSAPVPIEPDTIRAAS	SAVPIEPDT	0.0264	37577.4
DRB1_1101	146	GRSAVPIEPDTIRAA	SAVPIEPDT	0.0244	38384.9
DRB1_1101	52	GTTGESPTTTDGEKI	TTGESPTTT	0.0235	38754.2
DRB1_1101	51	SGTTGESPTTTDGEK	GTTGESPTT	0.0224	39219.5
DRB1_1101	55	GESPTTTDGEKIELL	PTTTDGEKI	0.0224	39240.2
DRB1_1101	145	PGRSAVPIEPDTIRA	SAVPIEPDT	0.0200	40253.8
DRB1_1101	54	TGESPTTTDGEKIEL	PTTTDGEKI	0.0190	40723.5
DRB1_1101	53	TTGESPTTTDGEKIE	TTGESPTTT	0.0170	41590.9

Allele: DRB1\_1101. Number of high binders 4. Number of weak binders 38. Number of pe

Allele	pos	peptide	core	1-log50k(aff)	affinity(nM)	Bind Level
DRB1_1302	207	GFISVIAHLAAGQLR	IAHLAAGQL	0.7012	25.4	SB
DRB1_1302	206	TGFISVIAHLAAGQL	IAHLAAGQL	0.6839	30.6	SB
DRB1_1302	208	FISVIAHLAAGQLRE	IAHLAAGQL	0.6691	35.9	SB
DRB1_1302	209	ISVIAHLAAGQLREL	IAHLAAGQL	0.6656	37.3	SB
DRB1_1302	195	ALNLPWLMGATGFI	LAMGATGFI	0.6642	37.8	SB
DRB1_1302	197	NLPWLMGATGFISV	LAMGATGFI	0.6546	42.0	SB
DRB1_1302	198	LPWLMGATGFISVI	LAMGATGFI	0.6534	42.5	SB
DRB1_1302	196	LNLPLWLMGATGFIS	LAMGATGFI	0.6466	45.8	SB
DRB1_1302	231	DIATARKINIAVAPL	IATARKINI	0.6416	48.3	SB
DRB1_1302	210	SVIAHLAAGQLRELL	IAHLAAGQL	0.6350	51.9	WB
DRB1_1302	229	SGDIATARKINIAVA	IATARKINI	0.6306	54.5	WB
DRB1_1302	199	PWLMGATGFISVIA	LAMGATGFI	0.6276	56.2	WB
DRB1_1302	226	AFSGDIATARKINI	IATARKINI	0.6262	57.1	WB
DRB1_1302	227	FGSGDIATARKINIA	IATARKINI	0.6236	58.7	WB
DRB1_1302	232	IATARKINIAVAPLC	IATARKINI	0.6216	60.0	WB
DRB1_1302	230	GDIATARKINIAVAP	IATARKINI	0.6180	62.4	WB
DRB1_1302	8	AARLGTLLTAMVTPF	LGTLLTAMV	0.6157	63.9	WB
DRB1_1302	5	FDVAARLGTLLTAMV	LGTLLTAMV	0.6157	64.0	WB
DRB1_1302	228	GSGDIATARKINIAV	IATARKINI	0.6145	64.8	WB
DRB1_1302	200	WLAMGATGFISVIAH	LAMGATGFI	0.6094	68.4	WB
DRB1_1302	6	DVAARLGTLLTAMVT	LGTLLTAMV	0.6049	71.9	WB
DRB1_1302	211	VIAHLAAGQLRELLS	IAHLAAGQL	0.5954	79.6	WB
DRB1_1302	9	ARLGTLLTAMVTPFS	LGTLLTAMV	0.5842	89.9	WB
DRB1_1302	212	IAHLAAGQLRELLSA	IAHLAAGQL	0.5701	104.7	WB
DRB1_1302	201	LAMGATGFISVIAHL	LAMGATGFI	0.5577	119.7	WB
DRB1_1302	7	VAARLGTLLTAMVTP	LGTLLTAMV	0.5573	120.2	WB
DRB1_1302	10	RLGTLLTAMVTPFSG	LGTLLTAMV	0.5518	127.7	WB
DRB1_1302	75	AVGDRARVIAGAGTY	RVIAGAGTY	0.5231	174.2	WB
DRB1_1302	11	LGTLLTAMVTPFSGD	LGTLLTAMV	0.5163	187.5	WB
DRB1_1302	76	VGDRARVIAGAGTYD	RVIAGAGTY	0.5104	199.8	WB
DRB1_1302	77	GDRARVIAGAGTYDT	RVIAGAGTY	0.5020	218.9	WB
DRB1_1302	175	LHSGAQIMADTGLAY	QIMADTGLA	0.4973	230.2	WB
DRB1_1302	176	HSGAQIMADTGLAYY	QIMADTGLA	0.4959	233.7	WB
DRB1_1302	233	ATARKINIAVAPLCN	KINIAVAPL	0.4908	247.1	WB
DRB1_1302	78	DRARVIAGAGTYDTA	RVIAGAGTY	0.4855	261.6	WB
DRB1_1302	177	SGAQIMADTGLAYYS	QIMADTGLA	0.4833	267.8	WB
DRB1_1302	234	TARKINIAVAPLCNA	KINIAVAPL	0.4803	276.7	WB
DRB1_1302	174	DLHSGAQIMADTGLA	QIMADTGLA	0.4786	281.7	WB
DRB1_1302	24	GDGSLDTATAARLAN	LDTATAARL	0.4779	284.1	WB
DRB1_1302	79	RARVIAGAGTYDTAH	RVIAGAGTY	0.4758	290.4	WB
DRB1_1302	27	SLDTATAARLANHLV	LDTATAARL	0.4739	296.7	WB
DRB1_1302	28	LDTATAARLANHLVD	LDTATAARL	0.4737	297.2	WB
DRB1_1302	22	FSGDGLDTATAARL	LDTATAARL	0.4719	303.1	WB
DRB1_1302	243	APLCNAMSRLLGGVTL	MSRLLGGVTL	0.4694	311.2	WB

DRB1_1302	23	SGDGSLDTATAARLA	LDTATAARL	0.4691	312.3	WB
DRB1_1302	178	GAQIMADTGLAYYSG	QIMADTGLA	0.4679	316.4	WB
DRB1_1302	25	DGSLDTATAARLANH	LDTATAARL	0.4617	338.3	WB
DRB1_1302	244	PLCNAMSRLGGVTLS	MSRLGGVTL	0.4594	346.9	WB
DRB1_1302	235	ARKINIAVAPLCNAM	KINIAVAPL	0.4587	349.5	WB
DRB1_1302	154	PDTIRAASHPNIVGV	ASHPNIVGV	0.4487	389.4	WB
DRB1_1302	80	ARVIAGAGTYDTAHS	RVIAGAGTY	0.4417	420.1	WB
DRB1_1302	249	MSRLGGVTLSKAGLR	MSRLGGVTL	0.4414	421.4	WB
DRB1_1302	179	AQIMADTGLAYYSGD	QIMADTGLA	0.4412	422.6	WB
DRB1_1302	26	GSLDTATAARLANHL	LDTATAARL	0.4410	423.3	WB
DRB1_1302	155	DTIRAASHPNIVGVK	ASHPNIVGV	0.4377	439.0	WB
DRB1_1302	236	RKINIAVAPLCNAMS	KINIAVAPL	0.4329	462.0	WB
DRB1_1302	1	TTVGFVDVAARLGTL	VGFDVAARL	0.4260	498.2	WB
DRB1_1302	248	AMSRLGGVTLSKAGL	MSRLGGVTL	0.4242	507.5	
DRB1_1302	156	TIRAASHPNIVGVKD	ASHPNIVGV	0.4242	507.8	
DRB1_1302	3	VGFDVAARLGTL	VGFDVAARL	0.4183	541.4	
DRB1_1302	2	TVGFDVAARLGTL	VGFDVAARL	0.4179	543.9	
DRB1_1302	81	RVIAGAGTYDTAHSI	RVIAGAGTY	0.4144	564.4	
DRB1_1302	237	KINIAVAPLCNAMSR	KINIAVAPL	0.4119	579.9	
DRB1_1302	157	IRAASHPNIVGVKDA	ASHPNIVGV	0.4118	581.0	
DRB1_1302	245	LCNAMSRLGGVTLSK	MSRLGGVTL	0.4068	612.6	
DRB1_1302	180	QIMADTGLAYYSGDD	QIMADTGLA	0.4008	653.9	
DRB1_1302	246	CNAMSRLGGVTLSKA	MSRLGGVTL	0.3964	685.8	
DRB1_1302	0	VTTVGFVDVAARLGT	VGFDVAARL	0.3939	704.9	
DRB1_1302	169	KDAKADLHSGAQIMA	DLHSGAQIM	0.3926	714.5	
DRB1_1302	247	NAMSRLGGVTLSKAG	MSRLGGVTL	0.3902	733.2	
DRB1_1302	89	YDTAHSIRLAKACAA	IRLAKACAA	0.3821	801.0	
DRB1_1302	194	DALNLPWLAGATGF	WLAMGATGF	0.3808	812.2	
DRB1_1302	239	NIAVAPLCNAMSR	PLCNAMSRL	0.3804	815.6	
DRB1_1302	118	KPPQRGLQAHFTAVA	GLQAHFTAV	0.3793	825.2	
DRB1_1302	84	AGAGTYDTAHSIRLA	YDTAHSIRL	0.3789	829.2	
DRB1_1302	170	DAKADLHSGAQIMAD	DLHSGAQIM	0.3784	833.6	
DRB1_1302	205	ATGFISVIAHLAAGQ	ISVIAHLAA	0.3743	871.0	
DRB1_1302	241	AVAPLCNAMSR	PLCNAMSRL	0.3728	885.2	
DRB1_1302	204	GATGFISVIAHLAAG	ISVIAHLAA	0.3703	910.2	
DRB1_1302	240	IAPVAPLCNAMSR	PLCNAMSRL	0.3681	931.7	
DRB1_1302	171	AKADLHSGAQIMADT	DLHSGAQIM	0.3669	944.2	
DRB1_1302	12	GTLTAMVTPFSGDG	LLTAMVTPF	0.3663	950.3	
DRB1_1302	203	MGATGFISVIAHLAA	ISVIAHLAA	0.3650	963.0	
DRB1_1302	85	GAGTYDTAHSIRLAK	YDTAHSIRL	0.3644	969.5	
DRB1_1302	74	EAVGDRARVIAGAGT	ARVIAGAGT	0.3643	970.6	
DRB1_1302	159	AASHPNIVGVKDAKA	ASHPNIVGV	0.3636	977.7	
DRB1_1302	86	AGTYDTAHSIRLAKA	YDTAHSIRL	0.3621	993.8	
DRB1_1302	158	RAASHPNIVGVKDAK	ASHPNIVGV	0.3613	1002.4	
DRB1_1302	238	INIAVAPLCNAMSR	PLCNAMSRL	0.3607	1009.0	
DRB1_1302	168	VKDAKADLHSGAQIM	DLHSGAQIM	0.3582	1037.2	
DRB1_1302	83	IAGAGTYDTAHSIRL	YDTAHSIRL	0.3580	1039.8	
DRB1_1302	172	KADLHSGAQIMADTG	DLHSGAQIM	0.3577	1042.2	
DRB1_1302	173	ADLHSGAQIMADTGL	DLHSGAQIM	0.3538	1087.6	
DRB1_1302	119	PPQRGLQAHFTAVAD	GLQAHFTAV	0.3484	1153.1	
DRB1_1302	30	TATAARLANHLVDQG	AARLANHLV	0.3421	1234.6	
DRB1_1302	152	IEPDTIRAASHPNIV	RAASHPNIV	0.3388	1279.1	
DRB1_1302	123	GLQAHFTAVADATEL	TAVADATEL	0.3385	1283.8	
DRB1_1302	250	SRLGGVTLSKAGLRL	GVTLKAGL	0.3377	1294.2	
DRB1_1302	153	EPDTIRAASHPNIVG	RAASHPNIV	0.3373	1300.7	
DRB1_1302	91	TAHSIRLAKACAAEG	IRLAKACAA	0.3370	1304.1	
DRB1_1302	160	ASHPNIVGVKDAKAD	ASHPNIVGV	0.3363	1314.7	
DRB1_1302	242	VAPLCNAMSR	PLCNAMSRL	0.3336	1353.0	
DRB1_1302	251	RLGGVTLSKAGLRLQ	GVTLKAGL	0.3333	1357.5	
DRB1_1302	87	GTYDTAHSIRLAKAC	YDTAHSIRL	0.3331	1360.8	

DRB1_1302	29	DTATAARLANHLVDQ	AARLANHLV	0.3331	1361.2
DRB1_1302	120	PQRGLQAHFTAVADA	GLQAHFTAV	0.3330	1361.6
DRB1_1302	62	DGEKIELLRAVLEAV	LLRAVLEAV	0.3305	1399.7
DRB1_1302	92	AHSIRLAKACAAEGA	IRLAKACAA	0.3292	1418.6
DRB1_1302	13	TLLTAMVTPFSGDGS	LLTAMVTPF	0.3291	1421.4
DRB1_1302	282	EQIDALAADMRAASV	AADMRAASV	0.3269	1454.3
DRB1_1302	90	DTAHSIRLAKACAAE	IRLAKACAA	0.3269	1454.9
DRB1_1302	31	ATAARLANHLVDQGC	AARLANHLV	0.3260	1468.5
DRB1_1302	284	IDALAADMRAASVLR	AADMRAASV	0.3236	1508.4
DRB1_1302	283	QIDALAADMRAASVL	AADMRAASV	0.3187	1590.2
DRB1_1302	252	LGGVTLSKAGLRLQG	GVTLKAGL	0.3172	1616.7
DRB1_1302	4	GFDVAARLGTLLTAM	VAARLGTLL	0.3165	1628.8
DRB1_1302	253	GGVTLSKAGLRLQGI	GVTLKAGL	0.3163	1632.6
DRB1_1302	71	AVLEAVGDRARVIAG	AVGDRARVI	0.3158	1641.6
DRB1_1302	70	RAVLEAVGDRARVIA	AVGDRARVI	0.3152	1651.2
DRB1_1302	117	SKPPQRGLQAHFTAV	GLQAHFTAV	0.3150	1655.3
DRB1_1302	63	GEKIELLRAVLEAVG	LLRAVLEAV	0.3141	1671.0
DRB1_1302	43	QGC DGLVVS GTTGES	GLVVS GTTG	0.3138	1677.4
DRB1_1302	93	HSIRLAKACAAEGAH	IRLAKACAA	0.3130	1691.9
DRB1_1302	103	AEGAHLVVTPTYYS	LLVVTPTYYS	0.3118	1713.8
DRB1_1302	73	LEAVGDRARVIAGAG	AVGDRARVI	0.3101	1744.7
DRB1_1302	202	AMGATGFISVIAHLA	GFISVIAHL	0.3064	1817.0
DRB1_1302	64	EKIELLRAVLEAVGD	LLRAVLEAV	0.3049	1846.1
DRB1_1302	162	HPNIVGVKDAKADLH	IVGVKDAKA	0.3028	1888.7
DRB1_1302	14	LLTAMVTPFSGDGSL	LLTAMVTPF	0.3028	1889.3
DRB1_1302	69	LRAVLEAVGDRARVI	AVGDRARVI	0.3016	1912.3
DRB1_1302	121	QRGLQAHFTAVADAT	GLQAHFTAV	0.2992	1962.9
DRB1_1302	32	TAARLANHLVDQGCD	AARLANHLV	0.2983	1983.2
DRB1_1302	72	VLEAVGDRARVIAGA	AVGDRARVI	0.2978	1993.1
DRB1_1302	102	AAEGAHLVVTPTYYP	AEGAHLV	0.2975	1999.2
DRB1_1302	94	SIRLAKACAAEGAHG	IRLAKACAA	0.2959	2035.7
DRB1_1302	68	LLRAVLEAVGDRARV	EAVGDRARV	0.2929	2101.7
DRB1_1302	254	GVTLKAGLRLQGID	GVTLKAGL	0.2918	2126.9
DRB1_1302	138	PMLLYDIPGRSAVPI	IPGRSAVPI	0.2898	2174.0
DRB1_1302	60	TTDGEKIELLRAVLE	KIELLRAVL	0.2897	2176.5
DRB1_1302	61	TDGEKIELLRAVLEA	KIELLRAVL	0.2856	2274.7
DRB1_1302	99	KACAAEGAHLVVT	AEGAHLV	0.2846	2300.4
DRB1_1302	44	GCDGLVVS GTTGESP	GLVVS GTTG	0.2840	2314.5
DRB1_1302	163	PNIVGVKDAKADLHS	IVGVKDAKA	0.2835	2326.1
DRB1_1302	95	IRLAKACAAEGAHL	IRLAKACAA	0.2810	2392.1
DRB1_1302	181	IMADTGLAYYSGDDA	IMADTGLAY	0.2784	2459.3
DRB1_1302	139	MLLYDIPGRSAVPIE	IPGRSAVPI	0.2766	2508.4
DRB1_1302	214	HLAAGQLRELLSAFG	LRELLSAFG	0.2760	2523.7
DRB1_1302	65	KIELLRAVLEAVGDR	LLRAVLEAV	0.2747	2559.5
DRB1_1302	88	TYDTAHSIRLAKACA	YDTAHSIRL	0.2735	2594.1
DRB1_1302	33	AARLANHLVDQGCDG	AARLANHLV	0.2705	2679.7
DRB1_1302	256	TLKAGLRLQGIDVG	GLRLQGIDV	0.2700	2693.5
DRB1_1302	42	DQGC DGLVVS GTTGE	LVVS GTTGE	0.2694	2711.3
DRB1_1302	164	NIVGVKDAKADLHSG	IVGVKDAKA	0.2684	2738.7
DRB1_1302	105	GAHGLLVVTPTYYSKP	LLVVTPTYYS	0.2669	2783.5
DRB1_1302	100	ACAAEGAHLVVT	AEGAHLV	0.2662	2806.8
DRB1_1302	59	TTT DGEKIELLR AVL	KIELLR AVL	0.2662	2807.3
DRB1_1302	122	RGLQAHFTAVADATE	GLQAHFTAV	0.2661	2807.7
DRB1_1302	101	CAAEGAHLVVT	AEGAHLV	0.2657	2820.4
DRB1_1302	161	SHPNIVGVKDAKADL	IVGVKDAKA	0.2655	2827.7
DRB1_1302	270	GDPRLPQVAATPEQI	QVAATPEQI	0.2650	2841.7
DRB1_1302	45	CDGLVVS GTTGESPT	GLVVS GTTG	0.2623	2925.7
DRB1_1302	124	LQAHFTAVADATELP	TAVADATEL	0.2621	2931.9
DRB1_1302	66	IELLRAVLEAVGDRA	LLRAVLEAV	0.2589	3035.6
DRB1_1302	167	GVKDAKADLHSGAQI	ADLHSGAQI	0.2573	3089.0

DRB1_1302	215	LAAGQLRELLSAFGS	LRELLSAFG	0.2567	3109.0
DRB1_1302	104	EGAHGLLVVTPYYSK	LLVVTPYYYS	0.2544	3188.3
DRB1_1302	165	IVGVKDAKADLHSGA	IVGVKDAKA	0.2530	3236.0
DRB1_1302	255	VTLKAGLRLQGIDV	GLRLQGIDV	0.2525	3253.3
DRB1_1302	140	LLYDIPGRSAVPIEP	IPGRSAVPI	0.2516	3286.8
DRB1_1302	281	PEQIDALAADMRAAS	QIDALAADM	0.2483	3406.1
DRB1_1302	98	AKACAAEGAHGLLVV	AEGAHGLLV	0.2477	3428.8
DRB1_1302	46	DGLVVSGETTGESPTT	GLVVSGETTG	0.2475	3435.4
DRB1_1302	271	DPRLPQVAATPEQID	QVAATPEQI	0.2442	3560.0
DRB1_1302	128	FTAVADATELPMMLY	TAVADATEL	0.2440	3567.2
DRB1_1302	106	AHGLLVVTPYYSKPP	LLVVTPYYYS	0.2436	3582.4
DRB1_1302	257	LSKAGLRLQGIDVGD	GLRLQGIDV	0.2408	3692.7
DRB1_1302	151	PIEPDTIRAASHPNI	IRAASHPNI	0.2407	3699.1
DRB1_1302	125	QAHFTAVADATELPM	TAVADATEL	0.2404	3710.5
DRB1_1302	67	ELLRAVLEAVGDRAR	LLRAVLEAV	0.2384	3788.8
DRB1_1302	47	GLVVSGETTGESPTTT	LVVSGETTGE	0.2357	3902.8
DRB1_1302	141	LYDIPGRSAVPIEPD	IPGRSAVPI	0.2322	4054.2
DRB1_1302	272	PRLPQVAATPEQIDA	QVAATPEQI	0.2313	4094.3
DRB1_1302	129	TAVADATELPMMLYD	TAVADATEL	0.2308	4113.6
DRB1_1302	280	TPEQIDALAADMRAA	QIDALAADM	0.2308	4117.4
DRB1_1302	218	GQLRELLSAFGSGDI	LSAFSGSDI	0.2304	4133.9
DRB1_1302	127	HFTAVADATELPMML	TAVADATEL	0.2300	4150.4
DRB1_1302	216	AAGQLRELLSAFGSG	LRELLSAFG	0.2295	4175.4
DRB1_1302	146	GRSAVPIEPDTIRAA	AVPIEPDTI	0.2291	4193.0
DRB1_1302	107	HGLLVVTPYYSKPPQ	LLVVTPYYYS	0.2284	4223.1
DRB1_1302	143	DIPGRSAVPIEPDTI	IPGRSAVPI	0.2284	4224.3
DRB1_1302	273	RLPQVAATPEQIDAL	QVAATPEQI	0.2273	4274.9
DRB1_1302	213	AHLAAGQLRELLSAF	QLRELLSAF	0.2265	4313.3
DRB1_1302	126	AHFTAVADATELPM	TAVADATEL	0.2260	4335.4
DRB1_1302	224	LSAFSGSDIATARKI	GDIATARKI	0.2238	4438.8
DRB1_1302	115	YYSKPPQRGLQAHFT	PQRGLQAHF	0.2212	4564.3
DRB1_1302	217	AGQLRELLSAFGSGD	LRELLSAFG	0.2200	4625.4
DRB1_1302	277	VAATPEQIDALAADM	QIDALAADM	0.2152	4873.2
DRB1_1302	137	LPMLLYDIPGRSAVP	DIPGRSAVP	0.2151	4880.3
DRB1_1302	258	SKAGLRLQGIDVGD	GLRLQGIDV	0.2150	4885.2
DRB1_1302	144	IPGRSAVPIEPDTIR	AVPIEPDTI	0.2122	5033.8
DRB1_1302	82	VIAGAGTYDTAHSIR	GTYDTAHSI	0.2121	5040.8
DRB1_1302	219	QLRELLSAFGSGDIA	LSAFSGSDI	0.2117	5060.3
DRB1_1302	97	LAKACAAEGAHGLLV	AEGAHGLLV	0.2111	5093.3
DRB1_1302	108	GLLVVTPYYSKPPQR	LLVVTPYYYS	0.2104	5130.0
DRB1_1302	147	RSAPVPIEPDTIRAAS	PIEPDTIRA	0.2101	5150.0
DRB1_1302	41	VDQGCGLVVSGETTG	GLVVSGETTG	0.2096	5178.9
DRB1_1302	116	YSKPPQRGLQAHFTA	PQRGLQAHF	0.2076	5291.1
DRB1_1302	166	VGKDAKADLHSGAQ	GVKDAKADL	0.2073	5309.1
DRB1_1302	142	YDIPGRSAVPIEPDT	IPGRSAVPI	0.2069	5331.8
DRB1_1302	148	SAVPIEPDTIRAASH	IEPDTIRAA	0.2065	5356.3
DRB1_1302	259	KAGLRLQGIDVGDP	GLRLQGIDV	0.2039	5508.7
DRB1_1302	278	AATPEQIDALAADMR	QIDALAADM	0.2034	5536.8
DRB1_1302	225	SAFGSGDIATARKIN	GDIATARKI	0.2030	5557.8
DRB1_1302	114	PYYKPPQRGLQAHF	PQRGLQAHF	0.2027	5577.8
DRB1_1302	274	LPQVAATPEQIDALA	QVAATPEQI	0.1987	5824.2
DRB1_1302	279	ATPEQIDALAADMRA	QIDALAADM	0.1957	6014.8
DRB1_1302	260	AGLRLQGIDVGDPR	GLRLQGIDV	0.1892	6456.1
DRB1_1302	149	AVPIEPDTIRAASHP	AVPIEPDTI	0.1890	6466.5
DRB1_1302	275	PQVAATPEQIDALAA	QVAATPEQI	0.1878	6552.9
DRB1_1302	276	QVAATPEQIDALAAD	QVAATPEQI	0.1842	6812.1
DRB1_1302	136	ELPMLLYDIPGRSAV	LLYDIPGRS	0.1838	6846.6
DRB1_1302	192	GDDALNLPWLAMGAT	LPWLAMGAT	0.1835	6867.0
DRB1_1302	150	VPIEPDTIRAASHPN	TIRAASHPN	0.1834	6870.0
DRB1_1302	268	DVGDPRLPQVAATPE	LPQVAATPE	0.1808	7066.2



DRB1_1302	109	LLVVTPYYSKPPQRG	LLVVTPYYS	0.1787	7232.0
DRB1_1302	261	GLRLQGIDVGDPRLP	GLRLQGIDV	0.1763	7419.5
DRB1_1302	135	TELPMLLYDIPGRSA	LLYDIPGRS	0.1746	7556.5
DRB1_1302	58	PTTTDGEKIELLR	EKIELLR	0.1742	7595.2
DRB1_1302	134	AATELPMLLYDIPGRS	LLYDIPGRS	0.1740	7613.5
DRB1_1302	35	RLANHLVDQGC DGLV	VDQGC DGLV	0.1686	8070.4
DRB1_1302	130	AVADATELPMLLYDI	DATELPMLL	0.1683	8095.0
DRB1_1302	269	VGDPRLPQVAATPEQ	LPQVAATPE	0.1671	8201.2
DRB1_1302	48	LVVSGTTGESPTTTD	LVVSGTTGE	0.1665	8251.7
DRB1_1302	193	DDALNLPW LAMGATG	LPW LAMGAT	0.1648	8403.3
DRB1_1302	220	LRELLSAFGSGDIAT	LSAFSGSDI	0.1645	8428.9
DRB1_1302	145	PGRSAVPIEPDTIRA	AVPIEPDTI	0.1627	8598.4
DRB1_1302	37	ANHLVDQGC DGLVVS	VDQGC DGLV	0.1597	8883.2
DRB1_1302	221	RELLSAFGSGDIATA	LSAFSGSDI	0.1594	8908.4
DRB1_1302	96	RLAKACAAEGAHGLL	LAKACAAEG	0.1577	9081.1
DRB1_1302	131	VADATELPMLLYDIP	DATELPMLL	0.1551	9337.7
DRB1_1302	133	DATELPMLLYDIPGR	DATELPMLL	0.1544	9403.0
DRB1_1302	38	NHLVDQGC DGLVVS	VDQGC DGLV	0.1506	9798.6
DRB1_1302	36	LANHLVDQGC DGLV	VDQGC DGLV	0.1499	9875.0
DRB1_1302	40	LVDQGC DGLVVS	DGLVVS	0.1461	10293.9
DRB1_1302	222	ELLSAFSGSDIATAR	LSAFSGSDI	0.1459	10317.5
DRB1_1302	223	LLSAFGSGDIATARK	LSAFSGSDI	0.1440	10524.9
DRB1_1302	39	HLVDQGC DGLVVS	VDQGC DGLV	0.1421	10741.1
DRB1_1302	34	ARLANHLVDQGC DGL	LVDQGC DGL	0.1403	10960.8
DRB1_1302	110	LVVTPYYSKPPQRGL	VVTPYYSKP	0.1398	11022.7
DRB1_1302	112	VTPYYSKPPQRGLQA	KPPQRGLQA	0.1356	11525.2
DRB1_1302	267	IDVGDPRLPQVAATP	RLPQVAATP	0.1339	11737.5
DRB1_1302	132	ADATELPMLLYDIPG	DATELPMLL	0.1312	12091.6
DRB1_1302	113	TPYYSKPPQRGLQAH	KPPQRGLQA	0.1299	12256.3
DRB1_1302	189	YYSGDDALNLPW LAM	ALNLPW LAM	0.1258	12823.7
DRB1_1302	57	SPTTTDGEKIELLRA	PTTTDGEKI	0.1200	13653.2
DRB1_1302	191	SGDDALNLPW LAMGA	ALNLPW LAM	0.1195	13721.5
DRB1_1302	190	YSGDDALNLPW LAMG	ALNLPW LAM	0.1195	13723.0
DRB1_1302	111	VVTPYYSKPPQRGLQ	VVTPYYSKP	0.1170	14094.3
DRB1_1302	262	LRLQGIDVGDPRLPQ	GIDVGDPRL	0.1023	16524.0
DRB1_1302	188	AYYSGDDALNLPW LA	YSGDDALNL	0.1000	16939.6
DRB1_1302	21	PFSGDGSLDTATAAR	GSLDTATAA	0.0979	17331.0
DRB1_1302	266	GIDVGDPRLPQVAAT	PRLPQVAAT	0.0941	18068.6
DRB1_1302	263	RLQGIDVGDPRLPQV	GIDVGDPRL	0.0916	18565.6
DRB1_1302	187	LAYYSGDDALNLPW L	YSGDDALNL	0.0900	18876.3
DRB1_1302	20	TPFSGDGSLDTATAA	GSLDTATAA	0.0866	19585.8
DRB1_1302	55	GESPTTTDGEKIELL	PTTTDGEKI	0.0860	19726.1
DRB1_1302	56	ESPTTTDGEKIELLR	PTTTDGEKI	0.0852	19892.0
DRB1_1302	186	GLAYYSGDDALNLPW	GDDALNLPW	0.0845	20049.5
DRB1_1302	49	VVSGTTGESPTTTDG	VVSGTTGES	0.0835	20255.6
DRB1_1302	54	TGESPTTTDGEKIEL	PTTTDGEKI	0.0830	20359.3
DRB1_1302	264	LQGIDVGDPRLPQVA	GIDVGDPRL	0.0813	20745.1
DRB1_1302	52	GTTGESPTTTDGEKI	PTTTDGEKI	0.0805	20926.6
DRB1_1302	53	TTGESPTTTDGEKIE	PTTTDGEKI	0.0765	21853.1
DRB1_1302	182	MADTGLAYYSGDDAL	MADTGLAYY	0.0745	22326.8
DRB1_1302	265	QGIDVGDPRLPQVAA	GIDVGDPRL	0.0738	22506.3
DRB1_1302	185	TGLAYYSGDDALNLP	YSGDDALNL	0.0562	27209.4
DRB1_1302	184	DTGLAYYSGDDALNL	YSGDDALNL	0.0553	27498.5
DRB1_1302	15	LTAMVTPFSGDGLD	MVTPFSGDG	0.0526	28307.6
DRB1_1302	16	TAMVTPFSGDGLD	MVTPFSGDG	0.0464	30251.7
DRB1_1302	17	AMVTPFSGDGLDTA	MVTPFSGDG	0.0416	31861.2
DRB1_1302	19	VTPFSGDGLDTATA	DGSLDTATA	0.0405	32262.6
DRB1_1302	183	ADTGLAYYSGDDALN	LAYYSGDDA	0.0396	32565.3
DRB1_1302	50	VSGTTGESPTTTDGE	GTTGESPTT	0.0394	32660.5
DRB1_1302	18	MVTPFSGDGLDTAT	MVTPFSGDG	0.0385	32978.0

DRB1\_1302 51 SGTGGESPTTTDGEK GTTGESPTT 0.0362 33813.3

Allele: DRB1\_1302. Number of high binders 9. Number of weak binders 48. Number of pe

Allele	pos	peptide	core	1-log50k(aff)	affinity(nM)	Bind Level
DRB1_1501	62	DGEKIELLRVLEAV	KIELLR AVL	0.6537	42.4	SB
DRB1_1501	63	GEKIELLRVLEAVG	KIELLR AVL	0.6488	44.7	SB
DRB1_1501	61	TDGEKIELLRVLEA	KIELLR AVL	0.6470	45.6	SB
DRB1_1501	108	GLLVVTPYYSKPPQR	VVTPYYSKP	0.6311	54.1	WB
DRB1_1501	106	AHGLLVVTPYYSKPP	VVTPYYSKP	0.6265	56.9	WB
DRB1_1501	107	HGLLVVTPYYSKPPQ	VVTPYYSKP	0.6224	59.5	WB
DRB1_1501	110	LVVTPYYSKPPQRGL	VVTPYYSKP	0.6209	60.5	WB
DRB1_1501	109	LLVVTPYYSKPPQRG	VVTPYYSKP	0.6207	60.6	WB
DRB1_1501	60	TTDGEKIELLRVLE	KIELLR AVL	0.6206	60.6	WB
DRB1_1501	105	GAHGLLVVTPYYSKP	VVTPYYSKP	0.6124	66.3	WB
DRB1_1501	8	AARLGTLLTAMVTPF	RLGTLLTAM	0.6115	67.0	WB
DRB1_1501	219	QLRELLSAFGSGDIA	QLRELLSAF	0.6101	68.0	WB
DRB1_1501	218	GQLRELLSAFGSGDI	QLRELLSAF	0.6077	69.8	WB
DRB1_1501	64	EKIELLRVLEAVGD	KIELLR AVL	0.6071	70.1	WB
DRB1_1501	209	ISVIAHLAAGQLREL	SVIAHLAAG	0.6005	75.4	WB
DRB1_1501	9	ARLGTLLTAMVTPFS	RLGTLLTAM	0.5933	81.5	WB
DRB1_1501	208	FISVIAHLAAGQLRE	SVIAHLAAG	0.5897	84.8	WB
DRB1_1501	210	SVIAHLAAGQLRELL	SVIAHLAAG	0.5849	89.3	WB
DRB1_1501	10	RLGTLLTAMVTPFSG	TLLTAMVTP	0.5843	89.8	WB
DRB1_1501	7	VAARLGTLLTAMVTP	RLGTLLTAM	0.5814	92.7	WB
DRB1_1501	240	IAVAPLCNAMSRLGG	AVAPLCNAM	0.5809	93.2	WB
DRB1_1501	207	GFISVIAHLAAGQLR	SVIAHLAAG	0.5725	102.0	WB
DRB1_1501	239	NIAVAPLCNAMSRLG	AVAPLCNAM	0.5701	104.7	WB
DRB1_1501	59	TTTDGEKIELLR AVL	KIELLR AVL	0.5631	113.0	WB
DRB1_1501	217	AGQLRELLSAFGSGD	QLRELLSAF	0.5578	119.6	WB
DRB1_1501	241	AVAPLCNAMSRLGGV	AVAPLCNAM	0.5558	122.3	WB
DRB1_1501	220	LRELLSAFGSGDIAT	ELLSAFGSG	0.5550	123.4	WB
DRB1_1501	65	KIELLRVLEAVGDR	KIELLR AVL	0.5508	129.0	WB
DRB1_1501	13	TLLTAMVTPFSGDGS	LLTAMVTPF	0.5497	130.6	WB
DRB1_1501	6	DVAARLGTLLTAMVT	RLGTLLTAM	0.5455	136.7	WB
DRB1_1501	5	FDVAARLGTLLTAMV	RLGTLLTAM	0.5414	142.9	WB
DRB1_1501	12	GTLLTAMVTPFSGDG	LLTAMVTPF	0.5405	144.2	WB
DRB1_1501	206	TGFISVIAHLAAGQL	SVIAHLAAG	0.5394	146.0	WB
DRB1_1501	238	INIAVAPLCNAMSRL	AVAPLCNAM	0.5369	150.0	WB
DRB1_1501	237	KINIAVAPLCNAMSRL	AVAPLCNAM	0.5356	152.2	WB
DRB1_1501	11	LGTLLTAMVTPFSGD	LLTAMVTPF	0.5348	153.4	WB
DRB1_1501	4	GFDVAARLGTLLTAM	RLGTLLTAM	0.5310	159.9	WB
DRB1_1501	221	RELLSAFGSGDIATA	LLSAFGSGD	0.5261	168.7	WB
DRB1_1501	244	PLCNAMSRLGGVTL	AMSRLGGVT	0.5255	169.6	WB
DRB1_1501	243	APLCNAMSRLGGVTL	AMSRLGGVT	0.5224	175.4	WB
DRB1_1501	236	RKINIAVAPLCNAMS	AVAPLCNAM	0.5193	181.5	WB
DRB1_1501	216	AAGQLRELLSAFGSG	QLRELLSAF	0.5181	183.9	WB
DRB1_1501	205	ATGFISVIAHLAAGQ	SVIAHLAAG	0.5134	193.4	WB
DRB1_1501	104	EGAHGLLVVTPYYSK	LVVTPYYSK	0.5127	194.9	WB
DRB1_1501	195	ALNLPWLAMGATGFI	NLPWLAMGA	0.5011	221.1	WB
DRB1_1501	136	ELPMLLYDIPGRSAV	MLLYDIPGR	0.4959	233.9	WB
DRB1_1501	242	VAPLCNAMSRLGGVT	AMSRLGGVT	0.4958	234.0	WB
DRB1_1501	194	DALNLPWLAMGATGF	NLPWLAMGA	0.4934	240.2	WB
DRB1_1501	70	RAVLEAVGDRARVIA	AVLEAVGDR	0.4930	241.2	WB
DRB1_1501	204	GATGFISVIAHLAAG	ATGFISVIA	0.4929	241.5	WB
DRB1_1501	135	TELPMLLYDIPGRSA	MLLYDIPGR	0.4879	255.0	WB

DRB1_1501	71	AVLEAVGDRARVIAG	VLEAVGDRA	0.4877	255.4	WB
DRB1_1501	137	LPMLLYDIPGRSAVP	MLLYDIPGR	0.4870	257.4	WB
DRB1_1501	245	LCNAMSRLLGGVTLSK	AMSRLLGGVT	0.4870	257.4	WB
DRB1_1501	69	LRAVLEAVGDRARVI	AVLEAVGDR	0.4870	257.5	WB
DRB1_1501	222	ELLSAFGSGDIATAR	LLSAFGSGD	0.4862	259.6	WB
DRB1_1501	196	LNLPLWAMGATGFIS	NLPWAMGA	0.4823	270.9	WB
DRB1_1501	14	LLTAMVTPFSGDGS	LLTAMVTPF	0.4821	271.5	WB
DRB1_1501	111	VVTPPYYSKPPQRGLQ	VVTPPYYSKP	0.4725	301.0	WB
DRB1_1501	138	PMLLYDIPGRSAVPI	PMLLYDIPG	0.4714	304.7	WB
DRB1_1501	193	DDALNLPWAMGATG	NLPWAMGA	0.4586	350.0	WB
DRB1_1501	79	RARVIAGAGTYDTAH	RVIAGAGTY	0.4564	358.4	WB
DRB1_1501	197	NLPWAMGATGFISV	NLPWAMGA	0.4549	364.1	WB
DRB1_1501	215	LAAGQLRELLSAFGS	QLRELLSAF	0.4546	365.3	WB
DRB1_1501	134	ATELPMLLYDIPGRS	MLLYDIPGR	0.4535	369.8	WB
DRB1_1501	68	LLRAVLEAVGDRARV	AVLEAVGDR	0.4531	371.5	WB
DRB1_1501	253	GGVTLSKAGLRLQGI	VTLSKAGLR	0.4496	385.6	WB
DRB1_1501	67	ELLRAVLEAVGDRAR	AVLEAVGDR	0.4496	385.8	WB
DRB1_1501	246	CNAMSRLLGGVTLSKA	AMSRLLGGVT	0.4462	400.4	WB
DRB1_1501	121	QRGLQAHFTAVADAT	LQAHFTAVA	0.4429	414.7	WB
DRB1_1501	120	PQRGLQAHFTAVADA	GLQAHFTAV	0.4396	429.8	WB
DRB1_1501	78	DRARVIAGAGTYDTA	RVIAGAGTY	0.4372	441.1	WB
DRB1_1501	2	TVGFDVAARLGTLT	TVGFDVAAR	0.4370	441.9	WB
DRB1_1501	251	RLGGVTLSKAGLRLQ	VTLSKAGLR	0.4360	447.1	WB
DRB1_1501	66	IELLRAVLEAVGDRA	AVLEAVGDR	0.4356	448.8	WB
DRB1_1501	3	VGFDVAARLGTLT	VAARLGTLT	0.4338	457.6	WB
DRB1_1501	122	RGLQAHFTAVADATE	LQAHFTAVA	0.4329	462.0	WB
DRB1_1501	80	ARVIAGAGTYDTAHS	RVIAGAGTY	0.4328	462.7	WB
DRB1_1501	235	ARKINIAVAPLCNAM	AVAPLCNAM	0.4325	464.1	WB
DRB1_1501	247	NAMSRLLGGVTLSKAG	AMSRLLGGVT	0.4285	484.4	WB
DRB1_1501	77	GDRARVIAGAGTYDT	RVIAGAGTY	0.4276	489.4	WB
DRB1_1501	255	VTLSKAGLRLQGIDV	VTLSKAGLR	0.4266	494.6	WB
DRB1_1501	252	LGGVTLSKAGLRLQG	VTLSKAGLR	0.4248	504.3	WB
DRB1_1501	75	AVGDRARVIAGAGTY	RVIAGAGTY	0.4240	508.7	WB
DRB1_1501	254	GVTLSKAGLRLQID	VTLSKAGLR	0.4224	517.8	WB
DRB1_1501	250	SRLGGVTLSKAGLRL	VTLSKAGLR	0.4187	539.1	WB
DRB1_1501	119	PPQRGLQAHFTAVAD	GLQAHFTAV	0.4178	544.1	WB
DRB1_1501	256	TLKAGLRLQIDVG	TLKAGLRL	0.4167	550.7	WB
DRB1_1501	214	HLAAGQLRELLSAFG	QLRELLSAF	0.4149	561.6	WB
DRB1_1501	133	DATELPMLLYDIPGR	MLLYDIPGR	0.4147	562.5	WB
DRB1_1501	202	AMGATGFISVIAHLA	ATGFISVIA	0.4137	568.8	WB
DRB1_1501	81	RVIAGAGTYDTAHSI	RVIAGAGTY	0.4113	583.7	WB
DRB1_1501	203	MGATGFISVIAHLAA	ATGFISVIA	0.4090	598.3	WB
DRB1_1501	103	AEGAHLVVTPTYYS	HGLLVVTPY	0.4053	623.1	WB
DRB1_1501	76	VGDRARVIAGAGTYD	RVIAGAGTY	0.4050	625.1	WB
DRB1_1501	1	TTVGFDVAARLGTL	TVGFDVAAR	0.4025	642.1	WB
DRB1_1501	201	LAMGATGFISVIAHL	ATGFISVIA	0.3996	662.9	WB
DRB1_1501	232	IATARKINIAVAPLC	KINIAVAPL	0.3931	711.2	WB
DRB1_1501	139	MLLYDIPGRSAVPIE	MLLYDIPGR	0.3930	712.0	WB
DRB1_1501	231	DIATARKINIAVAPL	KINIAVAPL	0.3902	733.5	WB
DRB1_1501	118	KPPQRGLQAHFTAVA	GLQAHFTAV	0.3848	777.8	WB
DRB1_1501	192	GDDALNLPWAMGAT	NLPWAMGA	0.3823	799.2	WB
DRB1_1501	15	LTAMVTPFSGDGS	MVTPFSGDG	0.3813	807.5	WB
DRB1_1501	249	MSRLLGGVTLSKAGLR	RLGGVTLSK	0.3789	828.7	WB
DRB1_1501	211	VIAHLAAGQLRELLS	VIAHLAAGQ	0.3782	835.6	WB
DRB1_1501	102	AAEGAHLVVTPTYYS	AHGLLVVTP	0.3775	841.7	WB
DRB1_1501	234	TARKINIAVAPLCNA	KINIAVAPL	0.3746	868.2	WB
DRB1_1501	16	TAMVTPFSGDGS	MVTPFSGDG	0.3725	888.3	WB
DRB1_1501	17	AMVTPFSGDGS	MVTPFSGDG	0.3720	893.3	WB
DRB1_1501	233	ATARKINIAVAPLCN	KINIAVAPL	0.3713	899.7	WB
DRB1_1501	72	VLEAVGDRARVIAGA	AVGDRARVI	0.3699	914.2	WB

DRB1_1501	248	AMSRLGGVTLISKAGL	AMSRLGGVVT	0.3657	956.7
DRB1_1501	123	GLQAHFTAVADATEL	LQAHFTAVA	0.3644	970.0
DRB1_1501	0	VTTVGFVDVAARLGT	TVGFVDVAAR	0.3608	1008.6
DRB1_1501	223	LLSAFGSGDIATARK	LLSAFGSGD	0.3548	1076.4
DRB1_1501	284	IDALAADMRAASVLR	DMRAASVLR	0.3506	1126.2
DRB1_1501	257	LSKAGLRLQGIDVGD	GLRLQGIDV	0.3502	1131.0
DRB1_1501	199	PWLAMGATGFISVIA	PWLAMGATG	0.3456	1189.0
DRB1_1501	177	SGAQIMADTGLAYYS	QIMADTGLA	0.3434	1216.7
DRB1_1501	213	AHLAAGQLRELLSAF	QLRELLSAF	0.3432	1219.8
DRB1_1501	191	SGDDALNLPWLAMGA	NLPWLAMGA	0.3415	1242.5
DRB1_1501	200	WLAMGATGFISVIAH	ATGFISVIA	0.3347	1336.6
DRB1_1501	117	SKPPQRGLQAHFTAV	GLQAHFTAV	0.3343	1342.6
DRB1_1501	198	LPWLAMGATGFISVI	PWLAMGATG	0.3328	1365.5
DRB1_1501	176	HSGAQIMADTGLAYY	QIMADTGLA	0.3321	1375.0
DRB1_1501	178	GAQIMADTGLAYYSG	QIMADTGLA	0.3313	1386.7
DRB1_1501	101	CAAEGAHGLLVVTPY	HGLLVVTPY	0.3288	1425.7
DRB1_1501	258	SKAGLRLQGIDVGD	GLRLQGIDV	0.3237	1505.7
DRB1_1501	230	GDIATARKINIAP	TARKINIAP	0.3228	1521.7
DRB1_1501	259	KAGLRLQGIDVGDPR	TLRLQGIDV	0.3172	1615.7
DRB1_1501	27	SLDTATAARLANHLV	TAARLANHL	0.3114	1721.0
DRB1_1501	91	TAHSIRLAKACAAEG	HSIRLAKAC	0.3074	1797.2
DRB1_1501	90	DTAHSIRLAKACAAE	HSIRLAKAC	0.3052	1839.9
DRB1_1501	74	EAVGDRARVIAGAGT	AVGDRARVI	0.3050	1843.7
DRB1_1501	89	YDTAHSIRLAKACAA	HSIRLAKAC	0.3032	1881.3
DRB1_1501	18	MVTPFSGDGLDTAT	MVTPFSGDG	0.3024	1897.7
DRB1_1501	124	LQAHFTAVADATELP	LQAHFTAVA	0.3016	1914.0
DRB1_1501	73	LEAVGDRARVIAGAG	AVGDRARVI	0.3001	1944.0
DRB1_1501	132	ADATELPMLLYDIPG	PMLLYDIPG	0.2996	1954.5
DRB1_1501	260	AGLRLQGIDVGDPR	LRLQGIDVG	0.2987	1973.9
DRB1_1501	43	QGCDDLVSSTTGES	LVVSGTTGE	0.2973	2005.3
DRB1_1501	140	LLYDIPGRSAVPIEP	DIPGRSAVP	0.2970	2010.4
DRB1_1501	184	DTGLAYYSGDDALNL	TGLAYYSGD	0.2955	2044.5
DRB1_1501	88	TYDTAHSIRLAKACA	TAHSIRLAK	0.2944	2068.3
DRB1_1501	229	SGDIATARKINIAVA	TARKINIAP	0.2938	2081.4
DRB1_1501	30	TATAARLANHLVDQG	TAARLANHL	0.2929	2102.0
DRB1_1501	179	AQIMADTGLAYYSGD	QIMADTGLA	0.2916	2130.9
DRB1_1501	92	AHSIRLAKACAAEGA	HSIRLAKAC	0.2907	2153.0
DRB1_1501	175	LHSGAQIMADTGLAY	QIMADTGLA	0.2905	2157.1
DRB1_1501	261	GLRLQGIDVGDPRLP	RLQGIDVGD	0.2895	2181.3
DRB1_1501	29	DTATAARLANHLVDQ	TAARLANHL	0.2879	2218.4
DRB1_1501	283	QIDALAADMRAASVL	LAADMRAAS	0.2865	2253.4
DRB1_1501	183	ADTGLAYYSGDDALN	TGLAYYSGD	0.2860	2264.6
DRB1_1501	180	QIMADTGLAYYSGDD	QIMADTGLA	0.2828	2345.5
DRB1_1501	182	MADTGLAYYSGDDAL	TGLAYYSGD	0.2826	2351.1
DRB1_1501	42	DQCDGLVVSSTTGE	LVVSGTTGE	0.2805	2404.0
DRB1_1501	185	TGLAYYSGDDALNLP	TGLAYYSGD	0.2792	2436.7
DRB1_1501	31	ATAARLANHLVDQGC	TAARLANHL	0.2786	2454.1
DRB1_1501	44	GCDGLVVSSTTGES	LVVSGTTGE	0.2759	2527.5
DRB1_1501	141	LYDIPGRSAVPIEPD	DIPGRSAVP	0.2733	2599.7
DRB1_1501	28	LDTATAARLANHLVD	TAARLANHL	0.2661	2808.7
DRB1_1501	162	HPNIVGVKDAKADLH	IVGVKDAKA	0.2656	2824.0
DRB1_1501	163	PNIVGVKDAKADLHS	NIVGVKDAK	0.2644	2862.5
DRB1_1501	87	GTYDTAHSIRLAKAC	TAHSIRLAK	0.2626	2917.3
DRB1_1501	26	GSLDTATAARLANHL	TAARLANHL	0.2615	2953.6
DRB1_1501	181	IMADTGLAYYSGDDA	IMADTGLAY	0.2584	3054.2
DRB1_1501	212	IAHLAAGQLRELLSA	HLAAGQLRE	0.2570	3099.3
DRB1_1501	41	VDQCDGLVVSSTTGG	GCDGLVVS	0.2555	3149.3
DRB1_1501	282	EQIDALAADMRAASV	ALAADMRAA	0.2539	3204.1
DRB1_1501	93	HSIRLAKACAAEGAH	RLAKACAAE	0.2533	3226.1
DRB1_1501	161	SHPNIVGVKDAKADL	NIVGVKDAK	0.2525	3253.0

DRB1_1501	154	PDTIRAASHPNIVGV	TIRAASHPN	0.2508	3313.1
DRB1_1501	164	NIVGVKDAKADLHSG	IVGVKDAKA	0.2505	3326.8
DRB1_1501	172	KADLHSGAQIMADTG	DLHSGAQIM	0.2468	3459.9
DRB1_1501	224	LSAFSGDIATARKI	LSAFSGDI	0.2446	3545.5
DRB1_1501	142	YDIPGRSAVPIEPDT	DIPGRSAVP	0.2446	3545.8
DRB1_1501	174	DLHSGAQIMADTGLA	QIMADTGLA	0.2436	3581.7
DRB1_1501	155	DTIRAASHPNIVGVK	TIRAASHPN	0.2436	3582.1
DRB1_1501	58	PTTTDGEKIELLRV	EKIELLRV	0.2421	3641.3
DRB1_1501	99	KACAAEGAHGLLVVT	KACAAEGAH	0.2421	3643.1
DRB1_1501	173	ADLHSGAQIMADTGL	ADLHSGAQI	0.2420	3645.2
DRB1_1501	45	CDGLVVSGETTGESPT	LVSGETTGE	0.2413	3674.0
DRB1_1501	228	GSGDIATARKINIAV	TARKINIAV	0.2397	3736.6
DRB1_1501	46	DGLVVSGETTGESPTT	LVSGETTGE	0.2365	3868.7
DRB1_1501	40	LVDQGCGLVVSGETT	GCDGLVVS	0.2361	3886.7
DRB1_1501	100	ACAAEGAHGLLVVTP	AHGLLVVTP	0.2349	3937.8
DRB1_1501	160	ASHPNIVGVKDAKAD	NIVGVKDAK	0.2314	4090.5
DRB1_1501	131	VADATELPMMLLYDIP	ATELPMMLLY	0.2310	4107.1
DRB1_1501	169	KDAKADLHSGAQIMA	DLHSGAQIM	0.2308	4113.6
DRB1_1501	262	LRLQGIDVGDPRLPQ	RLOGIDVGD	0.2304	4134.6
DRB1_1501	153	EPDTIRAASHPNIVG	TIRAASHPN	0.2299	4157.2
DRB1_1501	186	GLAYYSGDDALNLPW	AYYSGDDAL	0.2242	4422.7
DRB1_1501	171	AKADLHSGAQIMADT	DLHSGAQIM	0.2229	4481.4
DRB1_1501	86	AGTYDTAHSIRLAKA	TAHSIRLAK	0.2211	4571.3
DRB1_1501	170	DAKADLHSGAQIMAD	DLHSGAQIM	0.2194	4653.7
DRB1_1501	94	SIRLAKACAAEGAHG	RLAKACAAE	0.2165	4802.8
DRB1_1501	47	GLVVSGETTGESPTTT	GLVVSGETTG	0.2148	4892.6
DRB1_1501	96	RLAKACAAEGAHGLL	RLAKACAAE	0.2141	4933.5
DRB1_1501	152	IEPDTIRAASHPNIV	TIRAASHPN	0.2136	4958.2
DRB1_1501	39	HLVDQGCGLVVSGET	LVDQGCGL	0.2121	5036.7
DRB1_1501	116	YSKPPQRGLQAHFTA	RGLQAHFTA	0.2116	5068.4
DRB1_1501	130	AVADATELPMMLLYDI	ELPMMLLYDI	0.2105	5127.8
DRB1_1501	190	YSGDDALNLPWLAMG	LNLPWLAMG	0.2093	5194.9
DRB1_1501	159	AASHPNIVGVKDAKA	IVGVKDAKA	0.2074	5299.0
DRB1_1501	32	TAARLANHLVDQGCD	TAARLANHL	0.2062	5373.0
DRB1_1501	98	AKACAAEGAHGLLVV	KACAAEGAH	0.2054	5418.2
DRB1_1501	38	NHLVDQGCGLVVS	LVDQGCGL	0.2048	5454.4
DRB1_1501	156	TIRAASHPNIVGVK	TIRAASHPN	0.2032	5549.6
DRB1_1501	25	DGSLDTATAARLANH	SLDTATAAR	0.2023	5605.3
DRB1_1501	95	IRLAKACAAEGAHGL	RLAKACAAE	0.2012	5667.9
DRB1_1501	85	GAGTYDTAHSIRLAK	TAHSIRLAK	0.2009	5689.4
DRB1_1501	281	PEQIDALAADMRAAS	ALAADMRAA	0.2007	5702.3
DRB1_1501	168	VKDAKADLHSGAQIM	DLHSGAQIM	0.1961	5993.9
DRB1_1501	143	DIPGRSAVPIEPDTI	DIPGRSAVP	0.1947	6082.3
DRB1_1501	150	VPIEPDTIRAASHPN	TIRAASHPN	0.1923	6239.6
DRB1_1501	227	FGSGDIATARKINIA	ATARKINIA	0.1878	6553.9
DRB1_1501	151	PIEPDTIRAASHPNI	TIRAASHPN	0.1872	6595.5
DRB1_1501	97	LAKACAAEGAHGLLV	KACAAEGAH	0.1861	6677.8
DRB1_1501	125	QAHFTAVADATELPM	HFTAVADAT	0.1838	6844.1
DRB1_1501	226	AFSGDIATARKINI	AFSGDIAT	0.1835	6868.9
DRB1_1501	165	IVGVKDAKADLHSGA	IVGVKDAKA	0.1818	6989.8
DRB1_1501	35	RLANHLVDQGCGLV	LVDQGCGL	0.1808	7066.3
DRB1_1501	280	TPEQIDALAADMRAA	QIDALAADM	0.1787	7231.2
DRB1_1501	19	VTPFSGDGLDTATA	VTPFSGDGS	0.1785	7249.1
DRB1_1501	225	SAFGSGDIATARKIN	AFSGDIAT	0.1732	7674.0
DRB1_1501	84	AGAGTYDTAHSIRLA	GAGTYDTAH	0.1707	7884.7
DRB1_1501	270	GDPRLPQVAATPEQI	RLPQVAATP	0.1706	7894.6
DRB1_1501	269	VGDPRLPQVAATPEQ	RLPQVAATP	0.1680	8115.7
DRB1_1501	271	DPRLPQVAATPEQID	RLPQVAATP	0.1677	8150.2
DRB1_1501	37	ANHLVDQGCGLVVS	LVDQGCGL	0.1672	8194.7
DRB1_1501	158	RAASHPNIVGVKDAK	NIVGVKDAK	0.1655	8343.1

DRB1_1501	272	PRLPQVAATPEQIDA	RLPQVAATP	0.1653	8357.7
DRB1_1501	263	RLQGIDVGDPRLPQV	RLQGIDVGD	0.1632	8550.1
DRB1_1501	82	VIAGAGTYDTAHSIR	VIAGAGTYD	0.1620	8663.0
DRB1_1501	48	LVVSGTTGESPTTTD	LVVSGTTGE	0.1616	8700.7
DRB1_1501	268	DVGDPRLPQVAATPE	RLPQVAATP	0.1616	8705.0
DRB1_1501	115	YYSKPPQRGLQAHFT	PQRGLQAHF	0.1594	8915.4
DRB1_1501	112	VTPYYSKPPQRGLQA	VTPYYSKPP	0.1591	8940.7
DRB1_1501	24	GDGSLDTATAARLAN	SLDTATAAR	0.1585	9001.0
DRB1_1501	187	LAYYSGDDALNLPWL	AYYSGDDAL	0.1568	9163.7
DRB1_1501	34	ARLANHLVDQGC DGL	LVDQGC DGL	0.1560	9249.3
DRB1_1501	83	IAGAGTYDTAHSIRL	GAGTYDTAH	0.1555	9296.5
DRB1_1501	273	RLPQVAATPEQIDAL	RLPQVAATP	0.1551	9336.0
DRB1_1501	33	AARLANHLVDQGC DG	RLANHLVDQ	0.1541	9440.0
DRB1_1501	36	LANHLVDQGC DGLVV	LVDQGC DGL	0.1540	9449.2
DRB1_1501	126	AHFTAVADATEL PML	HFTAVADAT	0.1528	9569.2
DRB1_1501	189	YYSGDDALNLPWLAM	ALNLPWLAM	0.1505	9810.0
DRB1_1501	267	IDVGDPRLPQVAATP	RLPQVAATP	0.1502	9841.3
DRB1_1501	23	SGDGLSDTATAARLA	SLDTATAAR	0.1499	9871.7
DRB1_1501	146	GRSAVPIEPDTIRAA	AVPIEPDTI	0.1497	9900.3
DRB1_1501	147	RSAPVPIEPDTIRAAS	PIEPDTIRA	0.1473	10153.2
DRB1_1501	129	TAVADATEL PMLLYD	ATEL PMLLY	0.1463	10273.3
DRB1_1501	144	IPGRSAVPIEPDTIR	IPGRSAVPI	0.1448	10435.7
DRB1_1501	22	FSGDGLSDTATAARL	SLDTATAAR	0.1444	10476.9
DRB1_1501	148	SAVPIEPDTIRAASH	PIEPDTIRA	0.1427	10675.4
DRB1_1501	149	AVPIEPDTIRAASHP	PIEPDTIRA	0.1412	10850.0
DRB1_1501	167	GVKDAKADLHSGAQI	ADLHSGAQI	0.1397	11032.2
DRB1_1501	145	PGRSAVPIEPDTIRA	AVPIEPDTI	0.1344	11683.5
DRB1_1501	21	PFSGDGLSDTATAAR	SLDTATAAR	0.1280	12510.3
DRB1_1501	279	ATPEQIDALAADMRA	QIDALAADM	0.1259	12810.9
DRB1_1501	166	VGKDAKADLHSGAQ	GVKDAKADL	0.1251	12917.4
DRB1_1501	188	AYYSGDDALNLPWLA	DALNLPWLA	0.1214	13445.5
DRB1_1501	128	FTAVADATEL PMLLY	AVADATELP	0.1213	13459.0
DRB1_1501	278	AATPEQIDALAADM	QIDALAADM	0.1173	14050.3
DRB1_1501	157	IRAASHPNIVGVKDA	RAASHPNIV	0.1146	14472.0
DRB1_1501	114	PYYSKPPQRGLQAHF	PQRGLQAHF	0.1095	15282.6
DRB1_1501	264	LQGIDVGDPRLPQVA	QGIDVGDPR	0.1067	15757.1
DRB1_1501	20	TPFSGDGLSDTATAA	PFSGDGLSD	0.1066	15777.3
DRB1_1501	57	SPTTTDGEKIELLRA	GEKIELLRA	0.1064	15808.4
DRB1_1501	127	HFTAVADATEL PMLL	HFTAVADAT	0.0995	17031.2
DRB1_1501	265	QGIDVGDPRLPQVAA	QGIDVGDPR	0.0987	17181.1
DRB1_1501	277	VAATPEQIDALAADM	QIDALAADM	0.0934	18209.9
DRB1_1501	266	GIDVGDPRLPQVAAT	DVGDPRLPQ	0.0879	19323.3
DRB1_1501	49	VVSGTTGESPTTTDGD	VVSGTTGES	0.0764	21877.7
DRB1_1501	50	VSGTTGESPTTTDGE	GTTGESPTT	0.0685	23840.0
DRB1_1501	113	TPYYSKPPQRGLQAH	YSKPPQRGL	0.0673	24144.8
DRB1_1501	51	SGTTGESPTTTDGEK	GTTGESPTT	0.0642	24974.9
DRB1_1501	276	QVAATPEQIDALAAD	PEQIDALAA	0.0620	25556.6
DRB1_1501	275	PQVAATPEQIDALAA	PEQIDALAA	0.0546	27705.5
DRB1_1501	274	LPQVAATPEQIDALA	LPQVAATPE	0.0536	27994.5
DRB1_1501	52	GTTGESPTTTDGEKI	GTTGESPTT	0.0504	28980.1
DRB1_1501	56	ESPTTTDGEKIELLR	PTTTDGEKI	0.0497	29211.2
DRB1_1501	55	GESPTTTDGEKIELL	TTDGEKIEL	0.0378	33203.2
DRB1_1501	53	TTGESPTTTDGEKIE	TTGESPTTT	0.0348	34325.4
DRB1_1501	54	TGESPTTTDGEKIEL	TGESPTTTD	0.0334	34853.8

-----

Allele: DRB1\_1501. Number of high binders 3. Number of weak binders 79. Number of pe

-----

-----

Allele	pos	peptide	core	1-log50k(aff)	affinity(nM)	Bind	Level
DRB3_0101	202	AMGATGFISVIAHLA	FISVIAHLA	0.5058	210.0		WB
DRB3_0101	203	MGATGFISVIAHLAA	FISVIAHLA	0.4806	275.9		WB
DRB3_0101	184	DTGLAYYSGDDALNL	YSGDDALNL	0.4594	346.9		WB
DRB3_0101	185	TGLAYYSGDDALNLP	YSGDDALNL	0.4575	354.2		WB
DRB3_0101	186	GLAYYSGDDALNLPW	YSGDDALNL	0.4511	379.5		WB
DRB3_0101	187	LAYYSGDDALNLPWL	YSGDDALNL	0.4456	402.8		WB
DRB3_0101	204	GATGFISVIAHLAAG	FISVIAHLA	0.4433	413.1		WB
DRB3_0101	188	AYYSGDDALNLPWLA	YSGDDALNL	0.4209	526.4		
DRB3_0101	83	IAGAGTYDTAHSIRL	GTYDTAHSI	0.4183	541.3		
DRB3_0101	84	AGAGTYDTAHSIRLA	GTYDTAHSI	0.4056	620.9		
DRB3_0101	205	ATGFISVIAHLAAGQ	FISVIAHLA	0.3984	671.1		
DRB3_0101	189	YYSGDDALNLPWLAM	YSGDDALNL	0.3963	686.8		
DRB3_0101	17	AMVTPFSGDGLSDTA	FSGDGLSDT	0.3963	686.8		
DRB3_0101	16	TAMVTPFSGDGLSDT	FSGDGLSDT	0.3962	687.7		
DRB3_0101	18	MVTPFSGDGLSDTAT	FSGDGLSDT	0.3953	694.3		
DRB3_0101	85	GAGTYDTAHSIRLAK	GTYDTAHSI	0.3923	717.3		
DRB3_0101	19	VTPFSGDGLSDTATA	FSGDGLSDT	0.3915	723.2		
DRB3_0101	86	AGTYDTAHSIRLAKA	GTYDTAHSI	0.3765	851.2		
DRB3_0101	136	ELPMLLYDIPGRSAV	LLYDIPGRS	0.3760	855.7		
DRB3_0101	206	TGFISVIAHLAAGQL	FISVIAHLA	0.3723	890.5		
DRB3_0101	20	TPFSGDGLSDTATAA	FSGDGLSDT	0.3696	916.4		
DRB3_0101	82	VIAGAGTYDTAHSIR	GTYDTAHSI	0.3646	967.8		
DRB3_0101	134	A TELPMLLYDIPGRS	LLYDIPGRS	0.3642	971.8		
DRB3_0101	81	RVIAGAGTYDTAHSI	GTYDTAHSI	0.3639	974.9		
DRB3_0101	21	PFSGDGLSDTATAAR	FSGDGLSDT	0.3618	997.9		
DRB3_0101	190	YSGDDALNLPWLAMG	YSGDDALNL	0.3533	1093.5		
DRB3_0101	135	TELPMLLYDIPGRSA	LLYDIPGRS	0.3525	1102.4		
DRB3_0101	69	LRAVLEAVGDRARVI	AVGDRARVI	0.3519	1110.4		
DRB3_0101	137	LPMLLYDIPGRSAVP	LLYDIPGRS	0.3518	1111.9		
DRB3_0101	207	GFISVIAHLAAGQLR	FISVIAHLA	0.3463	1179.4		
DRB3_0101	22	FSGDGLSDTATAARL	FSGDGLSDT	0.3448	1198.3		
DRB3_0101	70	RAVLEAVGDRARVIA	AVGDRARVI	0.3430	1222.7		
DRB3_0101	87	GTYDTAHSIRLAKAC	GTYDTAHSI	0.3396	1268.2		
DRB3_0101	71	AVLEAVGDRARVIAG	AVGDRARVI	0.3385	1283.4		
DRB3_0101	177	SGAQIMADTGLAYYS	IMADTGLAY	0.3349	1334.4		
DRB3_0101	175	LHSGAQIMADTGLAY	IMADTGLAY	0.3345	1340.0		
DRB3_0101	176	HSGAQIMADTGLAYY	IMADTGLAY	0.3342	1344.1		
DRB3_0101	72	VLEAVGDRARVIAGA	AVGDRARVI	0.3195	1576.2		
DRB3_0101	178	GAQIMADTGLAYYSG	IMADTGLAY	0.3145	1664.0		
DRB3_0101	138	PMLLYDIPGRSAVPI	LLYDIPGRS	0.3071	1802.8		
DRB3_0101	208	FISVIAHLAAGQLRE	FISVIAHLA	0.3053	1838.1		
DRB3_0101	179	AQIMADTGLAYYSGD	IMADTGLAY	0.3009	1927.2		
DRB3_0101	0	VTTVGFVDVAARLGT	VGFDVAARL	0.2951	2053.1		
DRB3_0101	73	LEAVGDRARVIAGAG	AVGDRARVI	0.2949	2056.7		
DRB3_0101	180	QIMADTGLAYYSGDD	IMADTGLAY	0.2865	2252.8		
DRB3_0101	139	MLLYDIPGRSAVPIE	LLYDIPGRS	0.2858	2270.4		
DRB3_0101	74	EAVGDRARVIAGAGT	AVGDRARVI	0.2811	2388.9		
DRB3_0101	1	TTVGFVDVAARLGTLL	VGFDVAARL	0.2790	2443.9		
DRB3_0101	181	IMADTGLAYYSGDDA	IMADTGLAY	0.2757	2531.0		
DRB3_0101	37	ANHLVDQGC DGLVVS	VDQGC DGLV	0.2666	2794.8		
DRB3_0101	35	RLANHLVDQGC DGLV	VDQGC DGLV	0.2656	2825.8		
DRB3_0101	2	TVGFVDVAARLGTLLT	VGFDVAARL	0.2629	2908.4		
DRB3_0101	75	AVGDRARVIAGAGTY	AVGDRARVI	0.2548	3175.0		
DRB3_0101	38	NHLVDQGC DGLVVS	VDQGC DGLV	0.2537	3213.6		
DRB3_0101	152	IEPDTIRAASHPNIV	IEPDTIRAA	0.2532	3228.7		
DRB3_0101	36	LANHLVDQGC DGLVV	VDQGC DGLV	0.2510	3307.8		
DRB3_0101	140	LLYDIPGRSAVPIEP	LLYDIPGRS	0.2446	3546.4		
DRB3_0101	3	VGFDVAARLGTLLTA	VGFDVAARL	0.2421	3640.5		

DRB3_0101	39	HLVDQGCGLVVSGET	VDQGCGLV	0.2392	3758.1
DRB3_0101	103	AEGAHGLLVVTPYYS	LLVVTPYYS	0.2390	3765.0
DRB3_0101	62	DGEKIELLRVLEAV	LLRAVLEAV	0.2365	3868.4
DRB3_0101	146	GRSAVPIEPDTIRAA	IEPDTIRAA	0.2337	3988.2
DRB3_0101	147	RSAPVPIEPDTIRAAS	IEPDTIRAA	0.2245	4407.0
DRB3_0101	63	GEKIELLRVLEAVG	LLRAVLEAV	0.2206	4597.0
DRB3_0101	148	SAVPIEPDTIRAASH	IEPDTIRAA	0.2192	4665.0
DRB3_0101	104	EGAHGLLVVTPYYSK	LLVVTPYYS	0.2156	4851.7
DRB3_0101	64	EKIELLRVLEAVGD	LLRAVLEAV	0.2080	5270.0
DRB3_0101	40	LVDQGCGLVVSGETT	VDQGCGLV	0.2061	5378.5
DRB3_0101	41	VDQGCGLVVSGETTG	VDQGCGLV	0.2048	5452.4
DRB3_0101	149	AVPIEPDTIRAASHP	IEPDTIRAA	0.2045	5470.4
DRB3_0101	34	ARLANHLVDQGCGL	HLVDQGCGL	0.2022	5610.3
DRB3_0101	33	AARLANHLVDQGCGL	HLVDQGCGL	0.2016	5646.7
DRB3_0101	105	GAHGLLVVTPYYSKP	LLVVTPYYS	0.1988	5820.2
DRB3_0101	183	ADTGLAYYSGDDALN	YYSGDDALN	0.1945	6093.9
DRB3_0101	213	AHLAAGQLRELLSAF	QLRELLSAF	0.1937	6149.4
DRB3_0101	5	FDVAARLGTLLTAMV	LGTLLTAMV	0.1884	6513.4
DRB3_0101	150	VPIEPDTIRAASHPN	IEPDTIRAA	0.1836	6856.4
DRB3_0101	153	EPDTIRAASHPNIVG	RAASHPNIV	0.1835	6866.8
DRB3_0101	214	HLAAGQLRELLSAFG	QLRELLSAF	0.1821	6968.4
DRB3_0101	65	KIELLRVLEAVGDR	LLRAVLEAV	0.1820	6976.9
DRB3_0101	151	PIEPDTIRAASHPNI	IEPDTIRAA	0.1791	7199.2
DRB3_0101	154	PDTIRAASHPNIVGV	RAASHPNIV	0.1780	7287.9
DRB3_0101	8	AARLGTLLTAMVTPF	LLTAMVTPF	0.1768	7384.2
DRB3_0101	106	AHGLLVVTPYYSKPP	LLVVTPYYS	0.1720	7772.2
DRB3_0101	215	LAAGQLRELLSAFGS	QLRELLSAF	0.1717	7801.3
DRB3_0101	89	YDTAHSIRLAKACAA	YDTAHSIRL	0.1717	7802.1
DRB3_0101	281	PEQIDALAADMRAAS	LAADMRAAS	0.1710	7858.5
DRB3_0101	133	DATELPMLLYDIPGR	DATELPMLL	0.1673	8177.8
DRB3_0101	195	ALNLPWLMGATGFI	LAMGATGFI	0.1666	8240.0
DRB3_0101	282	EQIDALAADMRAASV	LAADMRAAS	0.1658	8316.3
DRB3_0101	102	AAEGAHGLLVVTPYY	GLLVVTPYY	0.1657	8326.8
DRB3_0101	9	ARLGTLLTAMVTPFS	LLTAMVTPF	0.1654	8354.9
DRB3_0101	127	HFTAVADATELPMLL	DATELPMLL	0.1649	8392.6
DRB3_0101	66	IELLRVLEAVGDRA	LLRAVLEAV	0.1621	8655.4
DRB3_0101	155	DTIRAASHPNIVGVK	RAASHPNIV	0.1615	8715.9
DRB3_0101	283	QIDALAADMRAASVL	LAADMRAAS	0.1601	8847.4
DRB3_0101	129	TAVADATELPMLLYD	DATELPMLL	0.1594	8914.8
DRB3_0101	107	HGLLVVTPYYSKPPQ	LLVVTPYYS	0.1589	8964.0
DRB3_0101	6	DVAARLGTLLTAMVT	LGTLLTAMV	0.1587	8983.9
DRB3_0101	88	TYDTAHSIRLAKACA	YDTAHSIRL	0.1585	9000.1
DRB3_0101	201	LAMGATGFISVIAHL	LAMGATGFI	0.1572	9131.0
DRB3_0101	128	FTAVADATELPMLLY	DATELPMLL	0.1563	9213.1
DRB3_0101	101	CAAEGAHGLLVVTPY	HGLLVVTPY	0.1561	9232.1
DRB3_0101	58	PTTTDGEKIELLRVAV	EKIELLRVAV	0.1561	9233.6
DRB3_0101	162	HPNIVGVKDAKADLH	VKDAKADLH	0.1558	9262.5
DRB3_0101	216	AAGQLRELLSAFGSG	QLRELLSAF	0.1543	9421.5
DRB3_0101	163	PNIVGVKDAKADLHS	VKDAKADLH	0.1534	9506.5
DRB3_0101	59	TTTTDGEKIELLRVAVL	EKIELLRVAV	0.1528	9567.3
DRB3_0101	68	LLRAVLEAVGDRARV	LLRAVLEAV	0.1528	9568.3
DRB3_0101	165	IVGVKDAKADLHSGA	VKDAKADLH	0.1524	9613.6
DRB3_0101	10	RLGTLLTAMVTPFSG	LLTAMVTPF	0.1513	9725.6
DRB3_0101	224	LSAFGSGDIATARKI	FGSGDIATA	0.1513	9732.6
DRB3_0101	222	ELLSAFGSGDIATAR	FGSGDIATA	0.1497	9900.9
DRB3_0101	167	GVKDAKADLHSGAQI	VKDAKADLH	0.1490	9975.9
DRB3_0101	67	ELLRVLEAVGDRAR	LLRAVLEAV	0.1488	9990.3
DRB3_0101	196	LNLPLWLMGATGFIS	LAMGATGFI	0.1485	10027.3
DRB3_0101	164	NIVGVKDAKADLHSG	VKDAKADLH	0.1481	10073.5
DRB3_0101	166	VGKDAKADLHSGAQ	VKDAKADLH	0.1477	10109.3



DRB3_0101	284	IDALAADMRAASVLR	LAADMRAAS	0.1476	10123.3
DRB3_0101	156	TIRAASHPNIVGVKD	RAASHPNIV	0.1472	10166.9
DRB3_0101	108	GLLVVTPYYSKPPQR	LLVVTPYYYS	0.1469	10197.3
DRB3_0101	132	ADATELPMLLYDIPG	DATELPMLL	0.1463	10267.6
DRB3_0101	7	VAARLGTLTAMVTP	LGTLLTAMV	0.1461	10285.4
DRB3_0101	4	GFDVAARLGTLTAM	FDVAARLGT	0.1457	10330.8
DRB3_0101	131	VADATELPMLLYDIP	DATELPMLL	0.1453	10380.2
DRB3_0101	217	AGQLRELLSAFGSGD	QLRELLSAF	0.1442	10506.5
DRB3_0101	221	RELLSAFGSGDIATA	FGSGDIATA	0.1434	10599.6
DRB3_0101	109	LLVVTPYYSKPPQRG	LLVVTPYYYS	0.1432	10613.7
DRB3_0101	11	LGTLLTAMVTPFSGD	LLTAMVTPF	0.1425	10699.9
DRB3_0101	225	SAFGSGDIATARKIN	FGSGDIATA	0.1425	10700.4
DRB3_0101	60	TTDGEKIELLRAVLE	EKIELLRAV	0.1422	10737.5
DRB3_0101	97	LAKACAAEGAHGLLV	CAAEGAHGL	0.1420	10752.5
DRB3_0101	198	LPWLAMGATGFISVI	LAMGATGFI	0.1417	10792.7
DRB3_0101	232	IATARKINIAVAPLC	INIAVAPLC	0.1415	10812.8
DRB3_0101	218	GQLRELLSAFGSGDI	QLRELLSAF	0.1415	10816.7
DRB3_0101	157	IRAASHPNIVGVKDA	RAASHPNIV	0.1411	10858.2
DRB3_0101	234	TARKINIAVAPLCNA	INIAVAPLC	0.1408	10894.2
DRB3_0101	99	KACAAEGAHGLLVVT	CAAEGAHGL	0.1401	10978.0
DRB3_0101	95	IRLAKACAAEGAHGL	CAAEGAHGL	0.1400	10990.8
DRB3_0101	61	TDGEKIELLRAVLEA	EKIELLRAV	0.1400	10997.5
DRB3_0101	130	AVADATELPMLLYDI	DATELPMLL	0.1388	11139.6
DRB3_0101	197	NLPWLAMGATGFISV	LAMGATGFI	0.1367	11388.0
DRB3_0101	261	GLRLQGIDVGDPRLP	QGIDVGDPR	0.1364	11429.3
DRB3_0101	98	AKACAAEGAHGLLVV	CAAEGAHGL	0.1356	11526.0
DRB3_0101	219	QLRELLSAFGSGDIA	QLRELLSAF	0.1355	11542.9
DRB3_0101	100	ACAAEGAHGLLVVTP	CAAEGAHGL	0.1336	11777.6
DRB3_0101	226	AFSGSGDIATARKINI	FGSGDIATA	0.1328	11881.5
DRB3_0101	223	LLSAFGSGDIATARK	FGSGDIATA	0.1326	11911.8
DRB3_0101	141	LYDIPGRSAVPIEPD	YDIPGRSAV	0.1320	11991.4
DRB3_0101	158	RAASHPNIVGVKDAK	RAASHPNIV	0.1317	12026.8
DRB3_0101	235	ARKINIAVAPLCNAM	INIAVAPLC	0.1313	12074.0
DRB3_0101	199	PWLAMGATGFISVIA	LAMGATGFI	0.1305	12179.1
DRB3_0101	233	ATARKINIAVAPLCN	INIAVAPLC	0.1305	12182.7
DRB3_0101	200	WLAMGATGFISVIAH	LAMGATGFI	0.1303	12214.2
DRB3_0101	23	SGDGLDTATAARLA	GSLDTATAA	0.1294	12330.9
DRB3_0101	168	VKDAKADLHSGAQIM	VKDAKADLH	0.1280	12512.6
DRB3_0101	96	RLAKACAAEGAHGLL	CAAEGAHGL	0.1252	12895.4
DRB3_0101	126	AHFTAVADATELPML	HFTAVADAT	0.1251	12914.9
DRB3_0101	124	LQAHFTAVADATELP	HFTAVADAT	0.1244	13020.3
DRB3_0101	123	GLQAHFTAVADATEL	HFTAVADAT	0.1239	13089.5
DRB3_0101	24	GDGSLDTATAARLAN	GSLDTATAA	0.1234	13156.1
DRB3_0101	278	AATPEQIDALAADM	IDALAADM	0.1228	13242.8
DRB3_0101	182	MADTGLAYYSGDDAL	AYYSGDDAL	0.1226	13268.2
DRB3_0101	262	LRLQGIDVGDPRLPQ	QGIDVGDPR	0.1223	13311.9
DRB3_0101	227	FGSGDIATARKINIA	FGSGDIATA	0.1216	13419.3
DRB3_0101	236	RKINIAVAPLCNAMS	INIAVAPLC	0.1213	13461.2
DRB3_0101	142	YDIPGRSAVPIEPDT	YDIPGRSAV	0.1206	13555.8
DRB3_0101	25	DGSLDTATAARLANH	GSLDTATAA	0.1204	13596.6
DRB3_0101	276	QVAATPEQIDALAAD	EQIDALAAD	0.1203	13606.3
DRB3_0101	125	QAHFTAVADATELPM	HFTAVADAT	0.1182	13918.9
DRB3_0101	259	KAGLRLQGIDVGDPR	QGIDVGDPR	0.1179	13962.6
DRB3_0101	13	TLLTAMVTPFSGDGS	LLTAMVTPF	0.1165	14169.7
DRB3_0101	209	ISVIAHLAAGQLREL	LAAGQLREL	0.1164	14184.0
DRB3_0101	14	LLTAMVTPFSGDGS	LLTAMVTPF	0.1163	14207.6
DRB3_0101	210	SVIAHLAAGQLRELL	LAAGQLREL	0.1153	14365.8
DRB3_0101	277	VAATPEQIDALAADM	EQIDALAAD	0.1147	14448.9
DRB3_0101	263	RLQGIDVGDPRLPQV	QGIDVGDPR	0.1146	14474.1
DRB3_0101	279	ATPEQIDALAADMRA	IDALAADM	0.1145	14492.1

DRB3_0101	110	LVVTPYYSKPPQRGL	YYSKPPQRG	0.1142	14537.2
DRB3_0101	80	ARVIAGAGTYDTAHS	IAGAGTYDT	0.1119	14897.2
DRB3_0101	237	KINIHAVAPLCNAMSR	INIHAVAPLC	0.1119	14897.8
DRB3_0101	161	SHPNIVGVKDAKADL	GVKDAKADL	0.1114	14987.2
DRB3_0101	55	GESPTTTDGEKIELL	TDGEKIELL	0.1112	15012.2
DRB3_0101	77	GDRARVIAGAGTYDT	IAGAGTYDT	0.1106	15102.5
DRB3_0101	260	AGLRLQGIDVGDPR	QGIDVGDPR	0.1106	15107.0
DRB3_0101	90	DTAHSIRLAKACAAE	IRLAKACAA	0.1085	15459.6
DRB3_0101	264	LQGIDVGDPRLPQVA	QGIDVGDPR	0.1083	15487.5
DRB3_0101	12	GTLTAMVTPFSGDG	LLTAMVTPF	0.1079	15554.9
DRB3_0101	121	QRGLQAHFTAVADAT	LQAHFTAVA	0.1075	15621.5
DRB3_0101	280	TPEQIDALAADMRAA	IDALAADMR	0.1072	15673.3
DRB3_0101	122	RGLQAHFTAVADATE	LQAHFTAVA	0.1070	15703.5
DRB3_0101	211	VIAHLAAGQLRELLS	IAHLAAGQL	0.1064	15805.4
DRB3_0101	111	VVTPYYSKPPQRGLQ	YYSKPPQRG	0.1062	15843.6
DRB3_0101	191	SGDDALNLPWLAMGA	LNLPLWAMG	0.1060	15879.0
DRB3_0101	56	ESPTTTDGEKIELLR	TDGEKIELL	0.1046	16126.8
DRB3_0101	57	SPTTTDGEKIELLRA	TDGEKIELL	0.1042	16194.8
DRB3_0101	238	INIHAVAPLCNAMSR	INIHAVAPLC	0.1041	16217.0
DRB3_0101	91	TAHSIRLAKACAAEG	IRLAKACAA	0.1023	16527.6
DRB3_0101	212	IAHLAAGQLRELLSA	IAHLAAGQL	0.1022	16549.8
DRB3_0101	265	QGIDVGDPRLPQVAA	QGIDVGDPR	0.1017	16643.0
DRB3_0101	43	QGCDGLVVSGETTGES	VVSGETTGES	0.1013	16705.4
DRB3_0101	42	DQGCGLVVSGETTGE	QGCGLVVS	0.1012	16731.8
DRB3_0101	192	GDDALNLPWLAMGAT	DALNLPWLA	0.0982	17284.5
DRB3_0101	249	MSRLGGVTLKAGLR	VTLKAGLR	0.0964	17614.8
DRB3_0101	174	DLHSGAQIMADTGLA	QIMADTGLA	0.0942	18044.5
DRB3_0101	92	AHSIRLAKACAAEGA	IRLAKACAA	0.0941	18054.5
DRB3_0101	78	DRARVIAGAGTYDTA	IAGAGTYDT	0.0936	18157.7
DRB3_0101	228	GSGDIATARKINIAV	GSGDIATAR	0.0934	18191.2
DRB3_0101	94	SIRLAKACAAEGAAG	IRLAKACAA	0.0930	18276.4
DRB3_0101	26	GSLDTATAARLANHL	GSLDTATAA	0.0929	18289.8
DRB3_0101	194	DALNLPWLAMGATGF	DALNLPWLA	0.0924	18404.4
DRB3_0101	79	RARVIAGAGTYDTAH	IAGAGTYDT	0.0924	18407.4
DRB3_0101	250	SRLGGVTLKAGLRL	VTLKAGLR	0.0923	18418.3
DRB3_0101	170	DAKADLHSGAQIMAD	AKADLHSGA	0.0922	18431.7
DRB3_0101	193	DDALNLPWLAMGATG	DALNLPWLA	0.0917	18529.9
DRB3_0101	112	VTPYYSKPPQRGLQA	YYSKPPQRG	0.0910	18687.7
DRB3_0101	27	SLDTATAARLANHLV	AARLANHLV	0.0900	18879.4
DRB3_0101	93	HSIRLAKACAAEGA	IRLAKACAA	0.0893	19034.2
DRB3_0101	32	TAARLANHLVDQGC	AARLANHLV	0.0889	19109.7
DRB3_0101	28	LDTATAARLANHLVD	AARLANHLV	0.0875	19402.3
DRB3_0101	171	AKADLHSGAQIMADT	AKADLHSGA	0.0854	19841.9
DRB3_0101	120	PQRGLQAHFTAVADA	LQAHFTAVA	0.0854	19854.8
DRB3_0101	251	RLGGVTLKAGLRLQ	VTLKAGLR	0.0854	19855.2
DRB3_0101	30	TATAARLANHLVDQG	AARLANHLV	0.0852	19897.8
DRB3_0101	15	LTAMVTPFSGDGSLD	MVTPFSGDG	0.0847	19988.7
DRB3_0101	239	NIHAVAPLCNAMSR	IHAVAPLCNA	0.0846	20017.2
DRB3_0101	144	IPGRSAVPIEPDTIR	AVPIEPDTI	0.0844	20056.5
DRB3_0101	145	PGRSAVPIEPDTIRA	AVPIEPDTI	0.0839	20164.8
DRB3_0101	31	ATAARLANHLVDQGC	AARLANHLV	0.0839	20169.0
DRB3_0101	76	VGDRARVIAGAGTYD	RVIAGAGTY	0.0833	20308.9
DRB3_0101	169	KDAKADLHSGAQIMA	AKADLHSGA	0.0827	20442.1
DRB3_0101	241	AVAPLCNAMSRGGV	NAMSRGGV	0.0815	20701.1
DRB3_0101	229	SGDIATARKINIAVA	GDIATARKI	0.0814	20722.7
DRB3_0101	240	IHAVAPLCNAMSR	IHAVAPLCNA	0.0808	20857.0
DRB3_0101	230	GDIATARKINIAVAP	GDIATARKI	0.0805	20932.5
DRB3_0101	118	KPPQRGLQAHFTAVA	LQAHFTAVA	0.0794	21183.3
DRB3_0101	114	PYYSKPPQRGLQAHF	YYSKPPQRG	0.0778	21537.4
DRB3_0101	29	DTATAARLANHLVDQ	AARLANHLV	0.0773	21672.7

DRB3_0101	252	LGGVTLSKAGLRLQG	VTLSKAGLR	0.0770	21730.0
DRB3_0101	266	GIDVGDPRLPQVAAT	VGDPRLPQV	0.0766	21835.4
DRB3_0101	113	TPYYSKPPQRGLQAH	YYSKPPQRG	0.0759	22004.9
DRB3_0101	119	PPQRGLQAHFTAVAD	LQAHFTAVA	0.0753	22129.8
DRB3_0101	258	SKAGLRLQGIDVGDP	GLRLQGIDV	0.0748	22263.6
DRB3_0101	173	ADLHSGAQIMADTGL	LHSGAQIMA	0.0720	22931.5
DRB3_0101	275	PQVAATPEQIDALAA	VAATPEQID	0.0718	22994.6
DRB3_0101	242	VAPLCNAMSRLGGVT	NAMSRLGGV	0.0717	23028.2
DRB3_0101	115	YYSKPPQRGLQAHFT	YYSKPPQRG	0.0715	23070.1
DRB3_0101	172	KADLHSGAQIMADTG	LHSGAQIMA	0.0713	23121.9
DRB3_0101	143	DIPGRSAVPIEPDTI	AVPIEPDTI	0.0702	23405.5
DRB3_0101	273	RLPQVAATPEQIDAL	ATPEQIDAL	0.0696	23534.8
DRB3_0101	220	LRELLSAFGSGDIAT	LSAFSGSDI	0.0695	23575.6
DRB3_0101	231	DIATARKINIAVAPL	IATARKINI	0.0694	23590.4
DRB3_0101	255	VTLSKAGLRLQGIDV	VTLSKAGLR	0.0688	23759.4
DRB3_0101	253	GGVTLSKAGLRLQGI	VTLSKAGLR	0.0684	23849.1
DRB3_0101	257	LSKAGLRLQGIDVGD	LRLQGIDVG	0.0684	23850.1
DRB3_0101	256	TLISKAGLRLQGIDVG	LRLQGIDVG	0.0680	23955.3
DRB3_0101	274	LPQVAATPEQIDALA	VAATPEQID	0.0669	24240.6
DRB3_0101	254	GVTLSKAGLRLQGI	VTLSKAGLR	0.0666	24316.5
DRB3_0101	44	GCDGLVVSGETTGESP	VVSGETTGES	0.0656	24576.0
DRB3_0101	271	DPRLPQVAATPEQID	QVAATPEQI	0.0656	24589.0
DRB3_0101	267	IDVGDPRLPQVAATP	VGDPRLPQV	0.0655	24612.7
DRB3_0101	243	APLCNAMSRLGGVTL	NAMSRLGGV	0.0654	24642.8
DRB3_0101	244	PLCNAMSRLGGVTLS	NAMSRLGGV	0.0636	25130.7
DRB3_0101	45	CDGLVVSGETTGESPT	VVSGETTGES	0.0627	25359.9
DRB3_0101	272	PRLPQVAATPEQIDA	QVAATPEQI	0.0610	25844.9
DRB3_0101	246	CNAMSRLGGVTLSKA	GGVTLSKA	0.0599	26147.3
DRB3_0101	270	GDPRLPQVAATPEQI	QVAATPEQI	0.0579	26712.9
DRB3_0101	247	NAMSRLGGVTLSKAG	GGVTLSKA	0.0546	27690.5
DRB3_0101	117	SKPPQRGLQAHFTAV	GLQAHFTAV	0.0525	28335.5
DRB3_0101	248	AMSRLGGVTLSKAGL	GGVTLSKA	0.0521	28460.5
DRB3_0101	47	GLVVSGETTGESPTTT	VVSGETTGES	0.0511	28762.0
DRB3_0101	46	DGLVVSGETTGESPTT	VVSGETTGES	0.0495	29272.8
DRB3_0101	116	YSKPPQRGLQAHFTA	YSKPPQRGL	0.0492	29366.7
DRB3_0101	245	LCNAMSRLGGVTLSK	NAMSRLGGV	0.0490	29435.8
DRB3_0101	160	ASHPNIVGVKDAKAD	VGKDAKAD	0.0469	30116.8
DRB3_0101	268	DVGDPRLPQVAATPE	VGDPRLPQV	0.0421	31699.3
DRB3_0101	48	LVVSGETTGESPTTTD	VVSGETTGES	0.0417	31831.3
DRB3_0101	269	VGDPRLPQVAATPEQ	VGDPRLPQV	0.0402	32372.7
DRB3_0101	49	VVSGETTGESPTTTDG	VVSGETTGES	0.0401	32399.4
DRB3_0101	159	AASHPNIVGVKDAKA	IVGVKDAKA	0.0358	33955.2
DRB3_0101	50	VSGTTGESPTTTDGE	TTGESPTTT	0.0331	34932.7
DRB3_0101	54	TGESPTTTDGEKIEL	TTDGEKIEL	0.0326	35122.9
DRB3_0101	53	TTGESPTTTDGEKIE	TTDGEKIE	0.0274	37173.8
DRB3_0101	52	GTTGESPTTTDGEKI	TTGESPTTT	0.0230	38964.4
DRB3_0101	51	SGTTGESPTTTDGEK	TTGESPTTT	0.0203	40124.3

Allele: DRB3\_0101. Number of high binders 0. Number of weak binders 7. Number of pep

Allele	pos	peptide	core	1-log50k(aff)	affinity(nM)	Bind Level
DRB4_0101	258	SKAGLRLQGIDVGDP	AGLRLQGID	0.6922	28.0	SB
DRB4_0101	259	KAGLRLQGIDVGDP	AGLRLQGID	0.6884	29.1	SB
DRB4_0101	257	LSKAGLRLQGIDVGD	LRLQGIDVG	0.6863	29.8	SB
DRB4_0101	207	GFISVIAHLAAGQLR	ISVIAHLAA	0.6787	32.3	SB
DRB4_0101	206	TGFISVIAHLAAGQL	ISVIAHLAA	0.6737	34.1	SB

DRB4_0101	256	TLISKAGLRLQGIDVG	LRLQGIDVG	0.6676	36.5	SB
DRB4_0101	205	ATGFISVIAHLAAGQ	ISVIAHLAA	0.6619	38.8	SB
DRB4_0101	134	AATELPMMLLYDIPGRS	LPMLLYDIP	0.6519	43.2	SB
DRB4_0101	135	TELPMLLYDIPGRSA	LPMLLYDIP	0.6509	43.7	SB
DRB4_0101	260	AGLRLQGIDVGDPRRL	AGLRLQGID	0.6496	44.3	SB
DRB4_0101	133	DATELPMMLLYDIPGR	LPMLLYDIP	0.6485	44.9	SB
DRB4_0101	204	GATGFISVIAHLAAG	ISVIAHLAA	0.6359	51.4	WB
DRB4_0101	132	ADATELPMMLLYDIPG	LPMLLYDIP	0.6338	52.6	WB
DRB4_0101	136	ELPMLLYDIPGRSAV	LPMLLYDIP	0.6191	61.6	WB
DRB4_0101	208	FISVIAHLAAGQLRE	ISVIAHLAA	0.6185	62.0	WB
DRB4_0101	203	MGATGFISVIAHLAA	ISVIAHLAA	0.6080	69.5	WB
DRB4_0101	131	VADATELPMMLLYDIP	LPMLLYDIP	0.6045	72.2	WB
DRB4_0101	209	ISVIAHLAAGQLREL	ISVIAHLAA	0.5831	91.0	WB
DRB4_0101	63	GEKIELLRVLEAVG	IELLRVLE	0.5603	116.4	WB
DRB4_0101	105	GAHGLLVVTPYYSKP	HGLLVVTPY	0.5547	123.7	WB
DRB4_0101	261	GLRLQGIDVGDPRLP	LRLQGIDVG	0.5536	125.2	WB
DRB4_0101	104	EGAHGLLVVTPYYSK	HGLLVVTPY	0.5533	125.6	WB
DRB4_0101	106	AHGLLVVTPYYSKPP	GLLVVTPYY	0.5506	129.3	WB
DRB4_0101	103	AEGAHGLLVVTPYY	HGLLVVTPY	0.5424	141.4	WB
DRB4_0101	64	EKIELLRVLEAVGD	IELLRVLE	0.5409	143.6	WB
DRB4_0101	62	DGEKIELLRVLEAV	IELLRVLE	0.5391	146.4	WB
DRB4_0101	107	HGLLVVTPYYSKPPQ	LLVVTPYY	0.5357	152.0	WB
DRB4_0101	137	LPMLLYDIPGRSAVP	LPMLLYDIP	0.5280	165.2	WB
DRB4_0101	65	KIELLRVLEAVGDR	IELLRVLE	0.5176	184.8	WB
DRB4_0101	234	TARKINIAVAPLCNA	ARKINIAVA	0.5155	189.0	WB
DRB4_0101	193	DDALNLPWLMGATG	LPWLMGAT	0.5129	194.5	WB
DRB4_0101	192	GDDALNLPWLMGAT	LPWLMGAT	0.5114	197.6	WB
DRB4_0101	255	VTLISKAGLRLQGIDV	AGLRLQGID	0.5079	205.4	WB
DRB4_0101	61	TDGEKIELLRVLEA	IELLRVLE	0.5076	206.0	WB
DRB4_0101	194	DALNLPWLMGATGF	DALNLPWLA	0.5074	206.5	WB
DRB4_0101	235	ARKINIAVAPLCNAM	ARKINIAVA	0.5043	213.4	WB
DRB4_0101	233	ATARKINIAVAPLCN	ARKINIAVA	0.4910	246.4	WB
DRB4_0101	66	IELLRVLEAVGDRA	ELLRVLEA	0.4893	251.0	WB
DRB4_0101	91	TAHSIRLAKACAAEG	AHSIRLAKA	0.4893	251.0	WB
DRB4_0101	90	DTAHSIRLAKACAAE	AHSIRLAKA	0.4844	264.7	WB
DRB4_0101	232	IATARKINIAVAPLC	ARKINIAVA	0.4837	266.7	WB
DRB4_0101	108	GLLVVTPYYSKPPQR	GLLVVTPYY	0.4811	274.3	WB
DRB4_0101	92	AHSIRLAKACAAEGA	AHSIRLAKA	0.4741	295.8	WB
DRB4_0101	89	YDTAHSIRLAKACAA	AHSIRLAKA	0.4642	329.5	WB
DRB4_0101	60	TTDGEKIELLRVLE	IELLRVLE	0.4608	341.9	WB
DRB4_0101	102	AAEGAHGLLVVTPYY	HGLLVVTPY	0.4598	345.6	WB
DRB4_0101	262	LRLQGIDVGDPRLPQ	LRLQGIDVG	0.4582	351.4	WB
DRB4_0101	118	KPPQRGLQAHFTAVA	PQRGLQAHF	0.4569	356.6	WB
DRB4_0101	117	SKPPQRGLQAHFTAV	PQRGLQAHF	0.4567	357.4	WB
DRB4_0101	248	AMSRLGGVTLSKAGL	LGGVTLSKA	0.4537	368.9	WB
DRB4_0101	202	AMGATGFISVIAHLA	TGFISVIAH	0.4533	370.7	WB
DRB4_0101	119	PPQRGLQAHFTAVAD	PQRGLQAHF	0.4529	372.1	WB
DRB4_0101	249	MSRLGGVTLSKAGLR	LGGVTLSKA	0.4497	385.4	WB
DRB4_0101	254	GVTLSKAGLRLQGID	AGLRLQGID	0.4472	395.9	WB
DRB4_0101	195	ALNLPWLMGATGFI	LPWLMGAT	0.4465	398.8	WB
DRB4_0101	120	PQRGLQAHFTAVADA	PQRGLQAHF	0.4448	406.1	WB
DRB4_0101	250	SRLGGVTLSKAGLRL	LGGVTLSKA	0.4442	408.9	WB
DRB4_0101	67	ELLRVLEAVGDRAR	LRVLEAVG	0.4407	424.8	WB
DRB4_0101	183	ADTGLAYYSGDDALN	LAYYSGDDA	0.4397	429.3	WB
DRB4_0101	231	DIATARKINIAVAPL	ARKINIAVA	0.4381	437.1	WB
DRB4_0101	236	RKINIAVAPLCNAMS	KINIAVAPL	0.4370	441.9	WB
DRB4_0101	182	MADTGLAYYSGDDAL	LAYYSGDDA	0.4346	453.9	WB
DRB4_0101	213	AHLAAGQLRELLSAF	AHLAAGQLR	0.4346	454.0	WB
DRB4_0101	116	YSKPPQRGLQAHFTA	PQRGLQAHF	0.4314	469.9	WB
DRB4_0101	246	CNAMSRLGGVTLSKA	LGGVTLSKA	0.4303	475.2	WB

DRB4_0101	0	VTTVGFVDVAARLGTL	VTTVGFVDVA	0.4301	476.5	WB
DRB4_0101	216	AAGQLRELLSAFGSG	QLRELLSAF	0.4281	486.8	WB
DRB4_0101	247	NAMSRLGGVTLSKAG	LGGVTLSKA	0.4274	490.5	WB
DRB4_0101	184	DTGLAYYSGDDALNL	LAYYSGDDA	0.4263	496.5	WB
DRB4_0101	215	LAAGQLRELLSAFGS	QLRELLSAF	0.4249	503.8	
DRB4_0101	281	PEQIDALAADMRAAS	QIDALAADM	0.4244	506.5	
DRB4_0101	280	TPEQIDALAADMRAA	IDALAADMR	0.4232	513.1	
DRB4_0101	191	SGDDALNLPWLAMGA	DALNLPWLA	0.4230	514.4	
DRB4_0101	181	IMADTGLAYYSGDDA	LAYYSGDDA	0.4210	525.8	
DRB4_0101	7	VAARLGTLTAMVTP	RLGTLTAM	0.4206	527.7	
DRB4_0101	282	EQIDALAADMRAASV	QIDALAADM	0.4206	527.9	
DRB4_0101	88	TYDTAHSIRLAKACA	AHSIRLAKA	0.4195	534.3	
DRB4_0101	283	QIDALAADMRAASVL	QIDALAADM	0.4173	547.4	
DRB4_0101	130	AVADATELPMLLYDI	ELPMLLYDI	0.4163	553.2	
DRB4_0101	237	KINIAVAPLCNAMSR	KINIAVAPL	0.4141	566.1	
DRB4_0101	279	ATPEQIDALAADMRA	IDALAADMR	0.4135	570.3	
DRB4_0101	214	HLAAGQLRELLSAFG	LRELLSAFG	0.4130	573.1	
DRB4_0101	6	DVAARLGTLTAMVT	RLGTLTAM	0.4126	575.7	
DRB4_0101	8	AARLGTLTAMVTPF	LGTLLTAMV	0.4119	580.1	
DRB4_0101	210	SVIAHLAAGQLRELL	AHLAAGQLR	0.4113	584.0	
DRB4_0101	9	ARLGTLTAMVTPFS	ARLGTLTAM	0.4106	588.2	
DRB4_0101	5	FDVAARLGTLTAMV	RLGTLTAM	0.4105	589.2	
DRB4_0101	251	RLGGVTLSKAGLRLQ	LGGVTLSKA	0.4103	590.1	
DRB4_0101	78	DRARVIAGAGTYDTA	ARVIAGAGT	0.4085	601.7	
DRB4_0101	185	TGLAYYSGDDALNLP	LAYYSGDDA	0.4039	632.8	
DRB4_0101	196	LNLPLWAMGATGFIS	LPWAMGAT	0.4011	651.7	
DRB4_0101	217	AGQLRELLSAFGSGD	LRELLSAFG	0.4000	659.7	
DRB4_0101	79	RARVIAGAGTYDTAH	ARVIAGAGT	0.3994	663.8	
DRB4_0101	278	AATPEQIDALAADMR	IDALAADMR	0.3991	666.0	
DRB4_0101	218	GQLRELLSAFGSGDI	LRELLSAFG	0.3990	666.9	
DRB4_0101	87	GTYDTAHSIRLAKAC	AHSIRLAKA	0.3988	668.5	
DRB4_0101	77	GDRARVIAGAGTYDT	ARVIAGAGT	0.3962	687.2	
DRB4_0101	252	LGGVTLSKAGLRLQG	LGGVTLSKA	0.3928	713.2	
DRB4_0101	80	ARVIAGAGTYDTAHS	ARVIAGAGT	0.3908	729.0	
DRB4_0101	230	GDIATARKINIAVAP	ARKINIAVA	0.3897	737.6	
DRB4_0101	212	IAHLAAGQLRELLSA	AHLAAGQLR	0.3885	746.8	
DRB4_0101	76	VGDRARVIAGAGTYD	ARVIAGAGT	0.3859	768.5	
DRB4_0101	201	LAMGATGFISVIAHL	TGFISVIAH	0.3833	790.1	
DRB4_0101	75	AVGDRARVIAGAGTY	ARVIAGAGT	0.3819	802.6	
DRB4_0101	138	PMLLYDIPGRSAVPI	PMLLYDIPG	0.3802	817.6	
DRB4_0101	253	GGVTLSKAGLRLQGI	KAGLRLQGI	0.3797	821.4	
DRB4_0101	10	RLGTLTAMVTPFSG	LGTLLTAMV	0.3794	824.8	
DRB4_0101	186	GLAYYSGDDALNLPW	LAYYSGDDA	0.3793	825.7	
DRB4_0101	115	YYSKPPQRGLQAHFT	PQRGLQAHF	0.3786	832.0	
DRB4_0101	219	QLRELLSAFGSGDIA	LRELLSAFG	0.3758	857.0	
DRB4_0101	190	YSGDDALNLPWLAMG	ALNLPWLAM	0.3751	864.2	
DRB4_0101	211	VIAHLAAGQLRELLS	AHLAAGQLR	0.3748	866.8	
DRB4_0101	59	TTTDGEKIELLRAVL	EKIELLRAV	0.3733	880.8	
DRB4_0101	3	VGFDVAARLGTLTAM	VGFDVAARL	0.3708	904.8	
DRB4_0101	4	GFDVAARLGTLTAM	RLGTLTAM	0.3701	911.3	
DRB4_0101	245	LCNAMSRGGVTLSK	MSRGGVTLS	0.3699	913.6	
DRB4_0101	197	NLPWAMGATGFISV	LPWAMGAT	0.3623	991.6	
DRB4_0101	1	TTVGFVDVAARLGTL	VGFDVAARL	0.3606	1010.5	
DRB4_0101	173	ADLHSGAQIMADTGL	LHSGAQIMA	0.3574	1046.0	
DRB4_0101	238	INIAVAPLCNAMSR	INIAVAPLC	0.3570	1051.2	
DRB4_0101	11	LGTLLTAMVTPFSGD	LGTLLTAMV	0.3555	1068.1	
DRB4_0101	269	VGDPRLPQVAATPEQ	LPQVAATPE	0.3544	1081.1	
DRB4_0101	163	PNIVGVKDAKADLHS	NIVGVKDAK	0.3518	1111.0	
DRB4_0101	270	GDPRLPQVAATPEQI	LPQVAATPE	0.3514	1116.3	
DRB4_0101	86	AGTYDTAHSIRLAKA	AHSIRLAKA	0.3499	1134.6	

DRB4_0101	284	IDALAADMRAASVLR	IDALAADMR	0.3472	1168.0
DRB4_0101	187	LAYYSGDDALNLPWL	LAYYSGDDA	0.3466	1175.6
DRB4_0101	229	SGDIATARKINIAVA	ARKINIAVA	0.3463	1179.6
DRB4_0101	174	DLHSGAQIMADTGLA	LHSGAQIMA	0.3449	1197.0
DRB4_0101	162	HPNIVGVKDAKADLH	PNIVGVKDA	0.3443	1205.7
DRB4_0101	178	GAQIMADTGLAYYSG	AQIMADTGL	0.3439	1210.5
DRB4_0101	74	EAVGDRARVIAGAGT	ARVIAGAGT	0.3429	1223.4
DRB4_0101	268	DVGDPRLPQVAATPE	LPQVAATPE	0.3428	1225.1
DRB4_0101	2	TVGFDVAARLGTLT	VGFDVAARL	0.3422	1233.3
DRB4_0101	68	LLRAVLEAVGDRARV	LRAVLEAVG	0.3412	1246.6
DRB4_0101	144	IPGRSAVPIEPDTIR	IPGRSAVPI	0.3410	1249.2
DRB4_0101	93	HSIRLAKACAAEGAH	HSIRLAKAC	0.3398	1266.1
DRB4_0101	243	APLCNAMSRLGGVTL	MSRLGGVTL	0.3396	1268.1
DRB4_0101	271	DPRLPQVAATPEQID	LPQVAATPE	0.3369	1305.2
DRB4_0101	175	LHSGAQIMADTGLAY	LHSGAQIMA	0.3359	1319.4
DRB4_0101	244	PLCNAMSRLGGVTL	MSRLGGVTL	0.3351	1331.3
DRB4_0101	101	CAAEGAHGLLVVTPY	HGLLVVTPY	0.3344	1342.0
DRB4_0101	177	SGAQIMADTGLAYYS	AQIMADTGL	0.3336	1352.6
DRB4_0101	189	YYSGDDALNLPWLAM	DALNLPWLA	0.3327	1366.2
DRB4_0101	34	ARLANHLVDQGC DGL	LVDQGC DGL	0.3317	1381.5
DRB4_0101	153	EPDTIRAASHPNIVG	IRAASHPNI	0.3303	1402.6
DRB4_0101	172	KADLHSGAQIMADTG	LHSGAQIMA	0.3278	1440.5
DRB4_0101	114	PYYSKPPQRGLQAHF	PQRGLQAHF	0.3273	1448.9
DRB4_0101	241	AVAPLCNAMSRLGGV	VAPLCNAMS	0.3249	1487.0
DRB4_0101	272	PRLPQVAATPEQIDA	LPQVAATPE	0.3229	1519.2
DRB4_0101	242	VAPLCNAMSRLGGVT	VAPLCNAMS	0.3227	1522.1
DRB4_0101	154	PDTIRAASHPNIVGV	IRAASHPNI	0.3218	1537.2
DRB4_0101	152	IEPDTIRAASHPNIV	PDTIRAASH	0.3196	1574.1
DRB4_0101	179	AQIMADTGLAYYSGD	AQIMADTGL	0.3196	1575.4
DRB4_0101	273	RLPQVAATPEQIDAL	LPQVAATPE	0.3183	1597.2
DRB4_0101	240	IAVAPLCNAMSRLGG	VAPLCNAMS	0.3180	1601.9
DRB4_0101	164	NIVGVKDAKADLHSG	NIVGVKDAK	0.3167	1625.7
DRB4_0101	12	GTLLTAMVTPFSGDG	GTLLTAMVT	0.3149	1656.2
DRB4_0101	35	RLANHLVDQGC DGLV	LVDQGC DGL	0.3117	1715.1
DRB4_0101	109	LLVVTPYYSKPPQRG	LLVVTPYYS	0.3117	1715.3
DRB4_0101	263	RLQGIDVGDPRLPQV	IDVGDPRLP	0.3105	1737.8
DRB4_0101	220	LRELLSAFGSGDIAT	LRELLSAFG	0.3104	1739.9
DRB4_0101	145	PGRSAVPIEPDTIRA	SAVPIEPDT	0.3097	1751.7
DRB4_0101	146	GRSAVPIEPDTIRAA	SAVPIEPDT	0.3087	1772.4
DRB4_0101	176	HSGAQIMADTGLAYY	AQIMADTGL	0.3084	1776.6
DRB4_0101	151	PIEPDTIRAASHPNI	IRAASHPNI	0.3037	1871.1
DRB4_0101	267	IDVGDPRLPQVAATP	IDVGDPRLP	0.3036	1872.3
DRB4_0101	143	DIPGRSAVPIEPDTI	IPGRSAVPI	0.3032	1880.4
DRB4_0101	161	SHPNIVGVKDAKADL	IVGVKDAKA	0.3017	1911.2
DRB4_0101	150	VPIEPDTIRAASHPN	VPIEPDTIR	0.3011	1924.6
DRB4_0101	58	PTTTDGEKIELLRV	EKIELLRV	0.3008	1930.1
DRB4_0101	148	SAVPIEPDTIRAASH	SAVPIEPDT	0.2997	1953.8
DRB4_0101	239	NIAVAPLCNAMSRLG	VAPLCNAMS	0.2993	1961.9
DRB4_0101	264	LQGIDVGDPRLPQVA	LQGIDVGDP	0.2980	1989.1
DRB4_0101	171	AKADLHSGAQIMADT	LHSGAQIMA	0.2968	2015.9
DRB4_0101	36	LANHLVDQGC DGLVV	ANHLVDQGC	0.2952	2051.3
DRB4_0101	121	QRGLQAHFTA VADAT	RGLQAHFTA	0.2951	2051.9
DRB4_0101	180	QIMADTGLAYYSGDD	QIMADTGLA	0.2935	2088.0
DRB4_0101	31	ATAARLANHLVDQGC	ARLANHLVD	0.2919	2124.5
DRB4_0101	147	RSAPVPIEPDTIRAAS	SAVPIEPDT	0.2919	2124.6
DRB4_0101	32	TAARLANHLVDQGC D	ARLANHLVD	0.2906	2155.8
DRB4_0101	37	ANHLVDQGC DGLVVS	ANHLVDQGC	0.2836	2324.1
DRB4_0101	160	ASHPNIVGVKDAKAD	IVGVKDAKA	0.2816	2374.2
DRB4_0101	265	QGIDVGDPRLPQVAA	GIDVGDPRL	0.2788	2448.6
DRB4_0101	170	DAKADLHSGAQIMAD	LHSGAQIMA	0.2760	2522.5

DRB4_0101	122	RGLQAHFTAVADATE	AHFTAVADA	0.2760	2523.4
DRB4_0101	274	LPQVAATPEQIDALA	LPQVAATPE	0.2748	2557.8
DRB4_0101	139	MLLYDIPGRSAVPIE	IPGRSAVPI	0.2745	2565.3
DRB4_0101	266	GIDVGDPRLPQVAAT	IDVGDPRLP	0.2740	2578.4
DRB4_0101	169	KDAKADLHSGAQIMA	LHSGAQIMA	0.2739	2580.5
DRB4_0101	33	AARLANHLVDQGCDG	ARLANHLVD	0.2736	2591.6
DRB4_0101	155	DTIRAASHPNIVGVK	IRAASHPNI	0.2734	2595.2
DRB4_0101	198	LPWLAMGATGFISVI	LPWLAMGAT	0.2734	2595.9
DRB4_0101	149	AVPIEPDTIRAASHP	AVPIEPDTI	0.2724	2624.8
DRB4_0101	13	TLLTAMVTPFSGDGS	TLLTAMVTP	0.2719	2638.0
DRB4_0101	69	LRAVLEAVGDRARVI	LRAVLEAVG	0.2718	2640.6
DRB4_0101	159	AASHPNIVGVKDAKA	PNIVGVKDA	0.2718	2642.6
DRB4_0101	142	YDIPGRSAVPIEPDT	IPGRSAVPI	0.2682	2745.5
DRB4_0101	277	VAATPEQIDALAADM	QIDALAADM	0.2670	2781.4
DRB4_0101	30	TATAARLANHLVDQG	ARLANHLVD	0.2618	2941.5
DRB4_0101	123	GLQAHFTAVADATEL	AHFTAVADA	0.2606	2981.7
DRB4_0101	188	AYYSGDALNLPWLA	DALNLPWLA	0.2545	3184.5
DRB4_0101	140	LLYDIPGRSAVPIEP	IPGRSAVPI	0.2521	3270.3
DRB4_0101	165	IVGVKDAKADLHSGA	IVGVKDAKA	0.2519	3274.0
DRB4_0101	141	LYDIPGRSAVPIEPD	IPGRSAVPI	0.2518	3280.8
DRB4_0101	113	TPYYSKPPQRGLQAH	TPYYSKPPQ	0.2452	3523.4
DRB4_0101	129	TAVADATELPMLLYD	ATELPMLLY	0.2415	3664.8
DRB4_0101	157	IRAASHPNIVGVKDA	IRAASHPNI	0.2383	3795.1
DRB4_0101	94	SIRLAKACAAEGAHG	IRLAKACAA	0.2382	3798.9
DRB4_0101	124	LQAHFTAVADATELP	AHFTAVADA	0.2380	3808.3
DRB4_0101	29	DTATAARLANHLVDQ	ARLANHLVD	0.2363	3875.9
DRB4_0101	168	VKDAKADLHSGAQIM	VKDAKADLH	0.2360	3891.2
DRB4_0101	14	LLTAMVTPFSGDGSL	LLTAMVTPF	0.2312	4096.9
DRB4_0101	167	GVKDAKADLHSGAQI	VKDAKADLH	0.2306	4125.6
DRB4_0101	158	RAASHPNIVGVKDAK	PNIVGVKDA	0.2303	4138.6
DRB4_0101	125	QAHFTAVADATELPM	AHFTAVADA	0.2300	4149.3
DRB4_0101	40	LVDQGCGLVVSGETT	CDGLVVSGET	0.2294	4176.6
DRB4_0101	126	AHFTAVADATELPM	AHFTAVADA	0.2285	4218.1
DRB4_0101	200	WLAMGATGFISVIAH	TGFISVIAH	0.2281	4237.2
DRB4_0101	39	HLVDQGCGLVVSGET	CDGLVVSGET	0.2271	4283.7
DRB4_0101	112	VTPYYSKPPQRGLQA	TPYYSKPPQ	0.2241	4425.8
DRB4_0101	28	LDTATAARLANHLVD	ARLANHLVD	0.2193	4660.3
DRB4_0101	16	TAMVTPFSGDGLD	TAMVTPFSG	0.2187	4691.2
DRB4_0101	166	VGKDAKADLHSGAQ	VKDAKADLH	0.2153	4867.4
DRB4_0101	156	TIRAASHPNIVGVKD	IRAASHPNI	0.2141	4928.4
DRB4_0101	73	LEAVGDRARVIAGAG	VGDRARVIA	0.2136	4958.7
DRB4_0101	81	RVIAGAGTYDTAHSI	RVIAGAGTY	0.2131	4982.3
DRB4_0101	72	VLEAVGDRARVIAGA	VGDRARVIA	0.2120	5045.0
DRB4_0101	38	NHLVDQGCGLVVS	LVDQGCGL	0.2118	5054.5
DRB4_0101	15	LTAMVTPFSGDGLD	VTPFSGDGS	0.2057	5397.2
DRB4_0101	17	AMVTPFSGDGLD	VTPFSGDGS	0.2022	5606.3
DRB4_0101	228	GSGDIATARKINIAV	IATARKINI	0.1989	5813.1
DRB4_0101	276	QVAATPEQIDALAAD	PEQIDALAA	0.1977	5885.6
DRB4_0101	71	AVLEAVGDRARVIAG	VGDRARVIA	0.1971	5928.6
DRB4_0101	275	PQVAATPEQIDALAA	PEQIDALAA	0.1968	5947.6
DRB4_0101	110	LVVTPYYSKPPQRGL	LVVTPYYSK	0.1936	6157.6
DRB4_0101	85	GAGTYDTAHSIRLAK	YDTAHSIRL	0.1932	6180.0
DRB4_0101	44	GCDGLVVSGETTGESP	DGLVVSGETT	0.1929	6203.1
DRB4_0101	221	RELLSAFGSGDIATA	RELLSAFGS	0.1914	6305.0
DRB4_0101	27	SLDTATAARLANHLV	LDTATAARL	0.1906	6358.7
DRB4_0101	95	IRLAKACAAEGAHGL	IRLAKACAA	0.1902	6388.0
DRB4_0101	43	QGCGLVVSGETTGES	CDGLVVSGET	0.1900	6401.5
DRB4_0101	128	FTAVADATELPMLLY	ATELPMLLY	0.1900	6401.7
DRB4_0101	18	MVTPFSGDGLD	VTPFSGDGS	0.1889	6476.3
DRB4_0101	70	RAVLEAVGDRARVIA	VGDRARVIA	0.1886	6494.8

DRB4_0101	111	VVTPYYSKPPQRGLQ	TPYYSKPPQ	0.1857	6702.8
DRB4_0101	45	CDGLVVSGTTGESPT	DGLVVSGTT	0.1856	6711.0
DRB4_0101	41	VDQGDGLVVSGTTG	CDGLVVSGT	0.1845	6793.9
DRB4_0101	57	SPTTTDGEKIELLRA	GEKIELLRA	0.1825	6943.5
DRB4_0101	42	DQGDGLVVSGTTGE	CDGLVVSGT	0.1794	7180.7
DRB4_0101	100	ACAAEGAHGLLVVTP	AHGLLVVTP	0.1698	7961.5
DRB4_0101	227	FGSGDIATARKINIA	IATARKINI	0.1668	8226.0
DRB4_0101	46	DGLVVSGTTGESPTT	DGLVVSGTT	0.1644	8446.4
DRB4_0101	84	AGAGTYDTAHSIRLA	AGTYDTAHS	0.1628	8589.9
DRB4_0101	19	VTPFSGDGLDTATA	VTPFSGDGS	0.1623	8636.9
DRB4_0101	22	FSGDGLDTATAARL	LDTATAARL	0.1610	8754.1
DRB4_0101	199	PWLAMGATGFISVIA	WLAMGATGF	0.1610	8756.1
DRB4_0101	26	GSLDTATAARLANHL	LDTATAARL	0.1610	8756.3
DRB4_0101	226	AFSGDIATARKINI	IATARKINI	0.1549	9353.4
DRB4_0101	83	IAGAGTYDTAHSIRL	IAGAGTYDT	0.1540	9444.4
DRB4_0101	127	HFTAVADATELPMML	DATELPMML	0.1484	10033.7
DRB4_0101	25	DGSLDTATAARLANH	LDTATAARL	0.1484	10043.0
DRB4_0101	23	SGDGLDTATAARLA	LDTATAARL	0.1469	10200.4
DRB4_0101	24	GDGLDTATAARLAN	LDTATAARL	0.1449	10425.4
DRB4_0101	222	ELLSAFSGDIATAR	LSAFSGDI	0.1433	10610.5
DRB4_0101	47	GLVVSGTTGESPTTT	GLVVSGTTG	0.1414	10830.9
DRB4_0101	224	LSAFSGDIATARKI	LSAFSGDI	0.1340	11726.5
DRB4_0101	82	VIAGAGTYDTAHSIR	IAGAGTYDT	0.1301	12232.9
DRB4_0101	223	LLSAFGSGDIATARK	LSAFSGDI	0.1281	12504.6
DRB4_0101	21	PFSGDGLDTATAAR	FSGDGLDT	0.1274	12596.1
DRB4_0101	20	TPFSGDGLDTATAA	TPFSGDGL	0.1264	12737.3
DRB4_0101	225	SAFGSGDIATARKIN	SAFGSGDIA	0.1136	14619.8
DRB4_0101	99	KACAAEGAHGLLVVT	AEGAHGLLV	0.1041	16214.1
DRB4_0101	48	LVVSGTTGESPTTTD	LVVSGTTGE	0.0981	17293.0
DRB4_0101	97	LAKACAAEGAHGLLV	LAKACAAEG	0.0954	17808.3
DRB4_0101	56	ESPTTTDGEKIELLR	TDGEKIELL	0.0940	18078.2
DRB4_0101	98	AKACAAEGAHGLLVV	AKACAAEGA	0.0904	18790.9
DRB4_0101	96	RLAKACAAEGAHGLL	LAKACAAEG	0.0904	18810.0
DRB4_0101	49	VVSGTTGESPTTTDG	VSGTTGESP	0.0853	19867.1
DRB4_0101	50	VSGTTGESPTTTDGE	VSGTTGESP	0.0761	21944.3
DRB4_0101	55	GESPTTTDGEKIELL	TDGEKIELL	0.0734	22599.7
DRB4_0101	51	SGTTGESPTTTDGEK	SGTTGESPT	0.0515	28633.2
DRB4_0101	52	GTTGESPTTTDGEKI	TTGESPTTT	0.0511	28769.5
DRB4_0101	54	TGESPTTTDGEKIEL	TTDGEKIEL	0.0469	30107.1
DRB4_0101	53	TTGESPTTTDGEKIE	TTGESPTTT	0.0401	32411.6

Allele: DRB4\_0101. Number of high binders 11. Number of weak binders 58. Number of p

Allele	pos	peptide	core	1-log50k(aff)	affinity(nM)	Bind Level
DRB5_0101	206	TGFISVIAHLAAGQL	FISVIAHLA	0.6622	38.7	SB
DRB5_0101	242	VAPLCNAMSRLGGVT	LCNAMSRLG	0.6544	42.0	SB
DRB5_0101	243	APLCNAMSRLGGVTL	LCNAMSRLG	0.6500	44.1	SB
DRB5_0101	205	ATGFISVIAHLAAGQ	FISVIAHLA	0.6485	44.8	SB
DRB5_0101	207	GFISVIAHLAAGQLR	FISVIAHLA	0.6446	46.8	SB
DRB5_0101	241	AVAPLCNAMSRLGGV	LCNAMSRLG	0.6425	47.9	SB
DRB5_0101	204	GATGFISVIAHLAAG	FISVIAHLA	0.6386	49.9	SB
DRB5_0101	240	IAVAPLCNAMSRLGG	LCNAMSRLG	0.6239	58.5	WB
DRB5_0101	252	LGGVTLKAGLRLQG	VTLKAGLR	0.6177	62.6	WB
DRB5_0101	253	GGVTLKAGLRLQGI	VTLKAGLR	0.6139	65.2	WB
DRB5_0101	239	NIAVAPLCNAMSRLG	LCNAMSRLG	0.6132	65.7	WB
DRB5_0101	203	MGATGFISVIAHLAA	FISVIAHLA	0.6121	66.5	WB



DRB5_0101	251	RLGGVTLKAGLRLQ	VTLSKAGLR	0.6116	66.8	WB
DRB5_0101	139	MLLYDIPGRSAVPIE	LLYDIPGRS	0.6072	70.1	WB
DRB5_0101	138	PMLLYDIPGRSAVPI	LLYDIPGRS	0.6048	71.9	WB
DRB5_0101	137	LPMLLYDIPGRSAVP	LLYDIPGRS	0.5872	87.0	WB
DRB5_0101	250	SRLGGVTLKAGLRL	VTLSKAGLR	0.5863	87.9	WB
DRB5_0101	254	GVTLSKAGLRLQGID	VTLSKAGLR	0.5760	98.2	WB
DRB5_0101	202	AMGATGFISVIAHLA	FISVIAHLA	0.5757	98.6	WB
DRB5_0101	136	ELPMLLYDIPGRSAV	LLYDIPGRS	0.5682	106.9	WB
DRB5_0101	25	DGSLDTATAARLANH	LDTATAARL	0.5639	111.9	WB
DRB5_0101	26	GSLDTATAARLANHL	LDTATAARL	0.5622	114.1	WB
DRB5_0101	86	AGTYDTAHSIRLAKA	YDTAHSIRL	0.5593	117.7	WB
DRB5_0101	208	FISVIAHLAAGQLRE	FISVIAHLA	0.5582	119.2	WB
DRB5_0101	27	SLDTATAARLANHLV	LDTATAARL	0.5548	123.5	WB
DRB5_0101	218	GQLRELLSAFGSGDI	LRELLSAFG	0.5540	124.7	WB
DRB5_0101	244	PLCNAMSRLGGVTL	LCNAMSRLG	0.5526	126.6	WB
DRB5_0101	87	GTYDTAHSIRLAKAC	YDTAHSIRL	0.5508	129.1	WB
DRB5_0101	217	AGQLRELLSAFGSGD	LRELLSAFG	0.5505	129.4	WB
DRB5_0101	255	VTLSKAGLRLQGIDV	VTLSKAGLR	0.5472	134.2	WB
DRB5_0101	219	QLRELLSAFGSGDIA	LRELLSAFG	0.5413	143.1	WB
DRB5_0101	85	GAGTYDTAHSIRLAK	YDTAHSIRL	0.5397	145.6	WB
DRB5_0101	216	AAGQLRELLSAFGSG	LRELLSAFG	0.5364	150.8	WB
DRB5_0101	24	GDGSLDTATAARLAN	LDTATAARL	0.5339	155.0	WB
DRB5_0101	88	TYDTAHSIRLAKACA	YDTAHSIRL	0.5322	157.9	WB
DRB5_0101	111	VVTPPYYSKPPQRGLQ	PYYSKPPQR	0.5318	158.6	WB
DRB5_0101	109	LLVVTPPYYSKPPQRG	PYYSKPPQR	0.5317	158.7	WB
DRB5_0101	112	VTPPYYSKPPQRGLQA	PYYSKPPQR	0.5299	161.8	WB
DRB5_0101	210	SVIAHLAAGQLRELL	AHLAAGQLR	0.5277	165.7	WB
DRB5_0101	249	MSRLGGVTLKAGLR	VTLSKAGLR	0.5206	178.9	WB
DRB5_0101	89	YDTAHSIRLAKACAA	YDTAHSIRL	0.5201	179.9	WB
DRB5_0101	110	LVVTPPYYSKPPQRGL	PYYSKPPQR	0.5189	182.2	WB
DRB5_0101	113	TPYYSKPPQRGLQAH	YYSKPPQRG	0.5187	182.7	WB
DRB5_0101	114	PYYSKPPQRGLQAHF	PYYSKPPQR	0.5147	190.6	WB
DRB5_0101	135	TELPMLLYDIPGRSA	LLYDIPGRS	0.5092	202.4	WB
DRB5_0101	209	ISVIAHLAAGQLREL	AHLAAGQLR	0.5078	205.5	WB
DRB5_0101	215	LAAGQLRELLSAFGS	LRELLSAFG	0.5036	215.2	WB
DRB5_0101	68	LLRAVLEAVGDRARV	LRAVLEAVG	0.4892	251.2	WB
DRB5_0101	140	LLYDIPGRSAVPIEP	LLYDIPGRS	0.4886	252.9	WB
DRB5_0101	69	LRAVLEAVGDRARVI	LRAVLEAVGDR	0.4885	253.2	WB
DRB5_0101	23	SGDGLDTATAARLA	LDTATAARL	0.4857	261.2	WB
DRB5_0101	238	INIAVAPLCNAMSRL	APLCNAMSRL	0.4853	262.3	WB
DRB5_0101	220	LRELLSAFGSGDIAT	LRELLSAFG	0.4824	270.6	WB
DRB5_0101	62	DGEKIELLRAVLEAV	IELLRAVLE	0.4797	278.4	WB
DRB5_0101	67	ELLRAVLEAVGDRAR	LRAVLEAVG	0.4797	278.6	WB
DRB5_0101	211	VIAHLAAGQLRELLS	AHLAAGQLR	0.4796	278.9	WB
DRB5_0101	63	GEKIELLRAVLEAVG	IELLRAVLE	0.4752	292.4	WB
DRB5_0101	84	AGAGTYDTAHSIRLA	YDTAHSIRL	0.4749	293.4	WB
DRB5_0101	108	GLLVVTPPYYSKPPQR	LLVVTPPYYS	0.4717	303.8	WB
DRB5_0101	70	RAVLEAVGDRARVIA	RAVLEAVGD	0.4597	345.7	WB
DRB5_0101	2	TVGFDVAARLGTLLT	FDVAARLGT	0.4573	354.8	WB
DRB5_0101	214	HLAAGQLRELLSAFG	LRELLSAFG	0.4553	362.8	WB
DRB5_0101	64	EKIELLRAVLEAVGD	IELLRAVLE	0.4532	371.1	WB
DRB5_0101	284	IDALAADMRAASVLR	DMRAASVLR	0.4519	376.3	WB
DRB5_0101	1	TTVGFDVAARLGTLL	VGFDVAARL	0.4504	382.5	WB
DRB5_0101	213	AHLAAGQLRELLSAF	AHLAAGQLR	0.4474	395.1	WB
DRB5_0101	28	LDTATAARLANHLVD	LDTATAARL	0.4460	400.9	WB
DRB5_0101	3	VGFDVAARLGTLLTA	FDVAARLGT	0.4449	406.1	WB
DRB5_0101	61	TDGEKIELLRAVLEA	IELLRAVLE	0.4431	414.0	WB
DRB5_0101	212	IAHLAAGQLRELLSA	AHLAAGQLR	0.4417	420.2	WB
DRB5_0101	105	GAHGLLVVTPPYYSKP	LLVVTPPYYS	0.4399	428.5	WB
DRB5_0101	134	ATELPMLLYDIPGRS	LLYDIPGRS	0.4392	431.6	WB

DRB5_0101	66	IELLRAVLEAVGDRA	LRAVLEAVG	0.4382	436.3	WB
DRB5_0101	106	AHGLLVVTPYYSKPP	LLVVTPYYS	0.4354	450.0	WB
DRB5_0101	22	FSGDGLSDTATAARL	LDTATAARL	0.4338	457.6	WB
DRB5_0101	104	EGAHGLLVVTPYYSK	LLVVTPYYS	0.4326	463.5	WB
DRB5_0101	65	KIELLRVLEAVGDR	IELLRAVLE	0.4326	463.6	WB
DRB5_0101	228	GSGDIATARKINIAV	GDIATARKI	0.4293	480.4	WB
DRB5_0101	245	LCNAMSRLGGVTLK	LCNAMSRLG	0.4281	486.7	WB
DRB5_0101	83	IAGAGTYDTAHSIRL	YDTAHSIRL	0.4276	489.5	WB
DRB5_0101	107	HGLLVVTPYYSKPPQ	LLVVTPYYS	0.4275	490.1	WB
DRB5_0101	9	ARLGTLLTAMVTPFS	RLGTLLTAM	0.4266	494.6	WB
DRB5_0101	229	SGDIATARKINIAVA	GDIATARKI	0.4205	528.7	
DRB5_0101	227	FGSGDIATARKINIA	GDIATARKI	0.4201	530.6	
DRB5_0101	4	GFDVAARLGTLLTAM	FDVAARLGT	0.4195	534.4	
DRB5_0101	10	RLGTLLTAMVTPFSG	RLGTLLTAM	0.4187	538.9	
DRB5_0101	0	VTTVGFVDVAARLGT	VGFDVAARL	0.4178	544.0	
DRB5_0101	115	YYSKPPQRGLQAHFT	YYSKPPQRG	0.4152	559.9	
DRB5_0101	226	AFGSGDIATARKINI	GDIATARKI	0.4147	562.4	
DRB5_0101	91	TAHSIRLAKACAAEG	IRLAKACAA	0.4082	603.9	
DRB5_0101	90	DTAHSIRLAKACAAE	IRLAKACAA	0.4026	641.3	
DRB5_0101	60	TTDGEKIELLRVLE	IELLRAVLE	0.4026	641.6	
DRB5_0101	8	AARLGTLLTAMVTPF	GTLLTAMVT	0.4000	659.5	
DRB5_0101	71	AVLEAVGDRARVIAG	VLEAVGDRA	0.3999	660.2	
DRB5_0101	230	GDIATARKINIAVAP	GDIATARKI	0.3964	686.3	
DRB5_0101	237	KINIAVAPLCNAMSR	APLCNAMSR	0.3935	708.1	
DRB5_0101	92	AHSIRLAKACAAEGA	IRLAKACAA	0.3875	755.4	
DRB5_0101	7	VAARLGTLLTAMVTP	RLGTLLTAM	0.3828	794.7	
DRB5_0101	5	FDVAARLGTLLTAMV	FDVAARLGT	0.3822	800.0	
DRB5_0101	103	AEGAHGLLVVTPYYS	LLVVTPYYS	0.3815	806.0	
DRB5_0101	221	RELLSAFGSGDIATA	RELLSAFGS	0.3762	853.6	
DRB5_0101	195	ALNLPWLAMGATGFI	PWLAMGATG	0.3753	861.6	
DRB5_0101	196	LNLPLWLAMGATGFIS	PWLAMGATG	0.3748	866.4	
DRB5_0101	197	NLPWLAMGATGFISV	PWLAMGATG	0.3729	884.8	
DRB5_0101	6	DVAARLGTLLTAMVT	RLGTLLTAM	0.3674	939.1	
DRB5_0101	93	HSIRLAKACAAEGAH	IRLAKACAA	0.3636	978.1	
DRB5_0101	194	DALNLPWLAMGATGF	WLAMGATGF	0.3631	983.6	
DRB5_0101	78	DRARVIAGAGTYDTA	RVIAGAGTY	0.3524	1104.0	
DRB5_0101	201	LAMGATGFISVIAHL	GFISVIAHL	0.3480	1157.6	
DRB5_0101	198	LPWLAMGATGFISVI	PWLAMGATG	0.3471	1169.3	
DRB5_0101	79	RARVIAGAGTYDTAH	RVIAGAGTY	0.3457	1187.8	
DRB5_0101	11	LGTLLTAMVTPFSGD	GTLLTAMVT	0.3426	1227.4	
DRB5_0101	236	RKINIAVAPLCNAMS	NIAVAPLCN	0.3412	1246.1	
DRB5_0101	225	SAFGSGDIATARKIN	GDIATARKI	0.3375	1297.2	
DRB5_0101	77	GDRARVIAGAGTYDT	RVIAGAGTY	0.3367	1308.5	
DRB5_0101	12	GTLLTAMVTPFSGDG	LLTAMVTPF	0.3350	1332.6	
DRB5_0101	248	AMSRLGGVTLKAGL	RLGGVTLK	0.3282	1435.2	
DRB5_0101	94	SIRLAKACAAEGAHG	IRLAKACAA	0.3244	1495.1	
DRB5_0101	80	ARVIAGAGTYDTAHS	RVIAGAGTY	0.3193	1580.4	
DRB5_0101	235	ARKINIAVAPLCNAM	KINIAVAPL	0.3171	1617.6	
DRB5_0101	199	PWLAMGATGFISVIA	PWLAMGATG	0.3160	1636.8	
DRB5_0101	163	PNIVGVKDAKADLHS	IVGVKDAKA	0.3156	1644.3	
DRB5_0101	72	VLEAVGDRARVIAGA	VLEAVGDRA	0.3109	1729.9	
DRB5_0101	231	DIATARKINIAVAPL	IATARKINI	0.3096	1753.8	
DRB5_0101	162	HPNIVGVKDAKADLH	IVGVKDAKA	0.3095	1756.9	
DRB5_0101	95	IRLAKACAAEGAHGL	IRLAKACAA	0.3061	1821.6	
DRB5_0101	154	PDTIRAASHPNIVGV	TIRAASHPN	0.3051	1842.6	
DRB5_0101	13	TLLTAMVTPFSGDGS	LLTAMVTPF	0.3035	1873.3	
DRB5_0101	246	CNAMSRLGGVTLKAGL	AMSRLGGVT	0.3009	1927.9	
DRB5_0101	153	EPDTIRAASHPNIVG	TIRAASHPN	0.2995	1957.0	
DRB5_0101	76	VGDRARVIAGAGTYD	RVIAGAGTY	0.2983	1982.7	
DRB5_0101	164	NIVGVKDAKADLHSG	IVGVKDAKA	0.2977	1996.1	

DRB5_0101	247	NAMSRLGGVTLISKAG	RLGGVTLISK	0.2973	2004.8
DRB5_0101	234	TARKINIAVAPLCNA	KINIAVAPL	0.2957	2039.2
DRB5_0101	193	DDALNLPWLAGATG	PWLAGATG	0.2948	2058.3
DRB5_0101	155	DTIRAASHPNIVGVK	TIRAASHPN	0.2944	2067.8
DRB5_0101	81	RVIAGAGTYDTAHSI	RVIAGAGTY	0.2931	2098.1
DRB5_0101	233	ATARKINIAVAPLCN	KINIAVAPL	0.2849	2291.6
DRB5_0101	256	TLISKAGLRLQGIDVG	TLISKAGLRL	0.2847	2297.8
DRB5_0101	161	SHPNIVGVKDAKADL	IVGVKDAKA	0.2837	2323.3
DRB5_0101	232	IATARKINIAVAPLC	IATARKINI	0.2795	2429.4
DRB5_0101	152	IEPDTIRAASHPNIV	TIRAASHPN	0.2760	2523.1
DRB5_0101	46	DGLVVSGETTGESPTT	LVVSGTTGE	0.2746	2562.1
DRB5_0101	200	WLAMGATGFISVIAH	WLAMGATGF	0.2746	2563.0
DRB5_0101	224	LSAFGSGDIATARKI	GDIATARKI	0.2682	2747.3
DRB5_0101	14	LLTAMVTPFSGDGSL	LLTAMVTPF	0.2675	2767.5
DRB5_0101	75	AVGDRARVIAGAGTY	RVIAGAGTY	0.2667	2790.0
DRB5_0101	165	IVGVKDAKADLHSGA	IVGVKDAKA	0.2666	2795.3
DRB5_0101	222	ELLSAFGSGDIATAR	ELLSAFGSG	0.2613	2957.5
DRB5_0101	45	CDGLVVSGETTGESPT	LVVSGTTGE	0.2593	3024.5
DRB5_0101	125	QAHFTAVADATELPM	FTAVADATE	0.2546	3182.8
DRB5_0101	133	DATELPMLLYDIPGR	MLLYDIPGR	0.2533	3225.2
DRB5_0101	29	DTATAARLANHLVDQ	TAARLANHL	0.2528	3245.5
DRB5_0101	141	LYDIPGRSAVPIEPD	YDIPGRSAV	0.2522	3264.0
DRB5_0101	59	TTTTDGEKIELLRAVL	EKIELLRAV	0.2514	3292.4
DRB5_0101	151	PIEPDTIRAASHPNI	TIRAASHPN	0.2509	3310.1
DRB5_0101	47	GLVVSGETTGESPTTT	GLVVSGETT	0.2497	3353.8
DRB5_0101	118	KPPQRGLQAHFTAVA	QRGLQAHFT	0.2463	3478.6
DRB5_0101	127	HFTAVADATELPMML	FTAVADATE	0.2450	3529.0
DRB5_0101	123	GLQAHFTAVADATEL	FTAVADATE	0.2432	3600.2
DRB5_0101	192	GDDALNLPWLAGAT	ALNLPWLAG	0.2423	3634.8
DRB5_0101	160	ASHPNIVGVKDAKAD	IVGVKDAKA	0.2416	3663.6
DRB5_0101	124	LQAHFTAVADATELP	HFTAVADAT	0.2402	3716.4
DRB5_0101	44	GCDGLVVSGETTGES	GLVVSGETT	0.2400	3726.8
DRB5_0101	159	AASHPNIVGVKDAKA	IVGVKDAKA	0.2399	3731.2
DRB5_0101	102	AAEGAHGLLVVTPYY	GLLVVTPYY	0.2399	3731.8
DRB5_0101	126	AHFTAVADATELPM	FTAVADATE	0.2392	3756.5
DRB5_0101	30	TATAARLANHLVDQG	ATAARLANH	0.2383	3795.0
DRB5_0101	120	PQRGLQAHFTAVADA	QRGLQAHFT	0.2347	3947.3
DRB5_0101	119	PPQRGLQAHFTAVAD	QRGLQAHFT	0.2345	3952.4
DRB5_0101	43	QGCDDLVSGETTGES	GLVVSGETT	0.2338	3984.8
DRB5_0101	178	GAQIMADTGLAYYS	IMADTGLAY	0.2337	3989.4
DRB5_0101	15	LTAMVTPFSGDGSLD	LTAMVTPFS	0.2323	4048.3
DRB5_0101	156	TIRAASHPNIVGVKD	TIRAASHPN	0.2320	4060.5
DRB5_0101	179	AQIMADTGLAYYS	IMADTGLAY	0.2312	4099.6
DRB5_0101	122	RGLQAHFTAVADATE	FTAVADATE	0.2280	4243.2
DRB5_0101	177	SGAQIMADTGLAYYS	IMADTGLAY	0.2241	4424.2
DRB5_0101	31	ATAARLANHLVDQGC	TAARLANHL	0.2227	4491.9
DRB5_0101	117	SKPPQRGLQAHFTAV	PQRGLQAHF	0.2227	4492.9
DRB5_0101	42	DQGCDDLVSGETTGE	GLVVSGETT	0.2204	4606.2
DRB5_0101	116	YSKPPQRGLQAHFTA	QRGLQAHFT	0.2195	4649.9
DRB5_0101	130	AVADATELPMMLLYDI	DATELPMML	0.2191	4670.6
DRB5_0101	189	YSGDDALNLPWLAG	ALNLPWLAG	0.2187	4693.3
DRB5_0101	176	HSGAQIMADTGLAY	IMADTGLAY	0.2182	4714.6
DRB5_0101	96	RLAKACAAEGAHGLL	ACAAEGAHG	0.2177	4744.9
DRB5_0101	121	QRGLQAHFTAVADAT	QRGLQAHFT	0.2175	4750.7
DRB5_0101	128	FTAVADATELPMMLY	FTAVADATE	0.2172	4768.3
DRB5_0101	175	LHSGAQIMADTGLAY	IMADTGLAY	0.2161	4822.7
DRB5_0101	150	VPIEPDTIRAASHPN	TIRAASHPN	0.2145	4909.5
DRB5_0101	73	LEAVGDRARVIAGAG	LEAVGDRAR	0.2139	4943.0
DRB5_0101	16	TAMVTPFSGDGSLDT	TAMVTPFSG	0.2129	4993.8
DRB5_0101	191	SGDDALNLPWLAGA	ALNLPWLAG	0.2100	5154.7

DRB5_0101	131	VADATELPMLLYDIP	DATELPMLL	0.2073	5307.2
DRB5_0101	82	VIAGAGTYDTAHSIR	GTYDTAHSI	0.2069	5332.5
DRB5_0101	186	GLAYYSGDDALNLPW	YYSGDDALN	0.2044	5476.8
DRB5_0101	97	LAKACAAEGAHGLLV	ACAAEGAHG	0.2043	5484.1
DRB5_0101	187	LAYYSGDDALNLPWL	YYSGDDALN	0.2040	5497.8
DRB5_0101	132	ADATELPMLLYDIPG	DATELPMLL	0.2016	5643.6
DRB5_0101	21	PFSGDGSLDTATAAR	FSGDGS�DT	0.2012	5667.4
DRB5_0101	180	QIMADTGLAYYSGDD	IMADTGLAY	0.2011	5677.0
DRB5_0101	142	YDIPGRSAVPIEPDT	GRSAVPIEP	0.1993	5786.7
DRB5_0101	283	QIDALAADMRAASVL	DALAADMRA	0.1987	5826.0
DRB5_0101	32	TAARLANHLVDQGCD	TAARLANHL	0.1981	5860.4
DRB5_0101	172	KADLHSGAQIMADTG	LHSGAQIMA	0.1975	5900.1
DRB5_0101	223	LLSAFGSGDIATARK	LLSAFGSGD	0.1959	6006.2
DRB5_0101	171	AKADLHSGAQIMADT	DLHSGAQIM	0.1954	6036.0
DRB5_0101	129	TAVADATELPMLLYD	DATELPMLL	0.1951	6054.3
DRB5_0101	282	EQIDALAADMRAASV	DALAADMRA	0.1950	6061.4
DRB5_0101	188	AYYSGDDALNLPWLA	YYSGDDALN	0.1948	6073.3
DRB5_0101	185	TGLAYYSGDDALNLP	YYSGDDALN	0.1942	6112.4
DRB5_0101	173	ADLHSGAQIMADTGL	LHSGAQIMA	0.1889	6473.9
DRB5_0101	257	LSKAGLRLQGIDVGD	GLRLQGIDV	0.1888	6482.1
DRB5_0101	190	YSGDDALNLPWLAMG	ALNLPWLAM	0.1884	6509.4
DRB5_0101	99	KACAAEGAHGLLVVT	ACAAEGAHG	0.1873	6589.4
DRB5_0101	174	DLHSGAQIMADTGLA	LHSGAQIMA	0.1873	6590.2
DRB5_0101	181	IMADTGLAYYSGDDA	IMADTGLAY	0.1863	6663.8
DRB5_0101	258	SKAGLRLQGIDVGD	GLRLQGIDV	0.1854	6727.0
DRB5_0101	259	KAGLRLQGIDVGDPR	GLRLQGIDV	0.1849	6761.1
DRB5_0101	271	DPRLPQVAATPEQID	RLPQVAATP	0.1841	6822.9
DRB5_0101	41	VDQGCGLVVS	GLVVS	0.1836	6857.9
DRB5_0101	98	AKACAAEGAHGLLVV	ACAAEGAHG	0.1818	6994.1
DRB5_0101	170	DAKADLHSGAQIMAD	ADLHSGAQI	0.1810	7056.6
DRB5_0101	184	DTGLAYYSGDDALNL	YYSGDDALN	0.1790	7205.5
DRB5_0101	260	AGLRLQGIDVGDPR	GLRLQGIDV	0.1771	7358.5
DRB5_0101	48	LVVSGTTGESPTTTD	LVVSGTTGE	0.1756	7481.8
DRB5_0101	261	GLRLQGIDVGDPR	GLRLQGIDV	0.1750	7530.3
DRB5_0101	270	GDPRLPQVAATPEQI	RLPQVAATP	0.1736	7643.6
DRB5_0101	17	AMVTPFSGDGS	AMVTPFSGD	0.1728	7709.3
DRB5_0101	144	IPGRSAVPIEPDTIR	GRSAVPIEP	0.1727	7714.2
DRB5_0101	272	PRLPQVAATPEQIDA	RLPQVAATP	0.1711	7852.9
DRB5_0101	281	PEQIDALAADMRAAS	IDALAADM	0.1704	7911.0
DRB5_0101	273	RLPQVAATPEQIDAL	RLPQVAATP	0.1661	8292.8
DRB5_0101	100	ACAAEGAHGLLVVTP	ACAAEGAHG	0.1660	8297.2
DRB5_0101	58	PTTTDGEKIELLR	EKIELLR	0.1635	8522.9
DRB5_0101	143	DIPGRSAVPIEPDTI	GRSAVPIEP	0.1617	8693.9
DRB5_0101	149	AVPIEPDTIRAASHP	DTIRAASHP	0.1599	8862.6
DRB5_0101	169	KDAKADLHSGAQIMA	DLHSGAQIM	0.1596	8888.7
DRB5_0101	18	MVTPFSGDGS	FSGDGS	0.1595	8906.6
DRB5_0101	146	GRSAVPIEPDTIRAA	GRSAVPIEP	0.1562	9221.6
DRB5_0101	38	NHLVDQGCGLVVS	LVDQGCGL	0.1556	9283.8
DRB5_0101	157	IRAASHPNIVGKDA	IRAASHPNI	0.1529	9560.9
DRB5_0101	39	HLVDQGCGLVVS	LVDQGCGL	0.1503	9828.4
DRB5_0101	280	TPEQIDALAADMRAA	QIDALAADM	0.1496	9913.1
DRB5_0101	33	AARLANHLVDQGC	RLANHLVDQ	0.1494	9931.2
DRB5_0101	269	VGDPRLPQVAATPEQ	RLPQVAATP	0.1489	9978.7
DRB5_0101	40	LVDQGCGLVVS	LVDQGCGL	0.1472	10171.5
DRB5_0101	101	CAAEGAHGLLVVTPY	AHGLLVVTP	0.1470	10186.5
DRB5_0101	145	PGRSAVPIEPDTIRA	GRSAVPIEP	0.1456	10352.0
DRB5_0101	34	ARLANHLVDQGC	ARLANHLVD	0.1436	10568.0
DRB5_0101	158	RAASHPNIVGKDAK	AASHPNIVG	0.1433	10612.0
DRB5_0101	268	DVGDPRLPQVAATPE	RLPQVAATP	0.1414	10829.7
DRB5_0101	166	VGKDAKADLHSGAQ	VKDAKADLH	0.1412	10850.0

DRB5_0101	183	ADTGLAYYSGDDALN	YYSGDDALN	0.1408	10893.5
DRB5_0101	267	IDVGDPRLPQVAATP	RLPQVAATP	0.1406	10925.6
DRB5_0101	19	VTPFSGDGLDTATA	FSGDGLDT	0.1399	11000.3
DRB5_0101	182	MADTGLAYYSGDDAL	MADTGLAYY	0.1392	11082.9
DRB5_0101	74	EAVGDRARVIAGAGT	ARVIAGAGT	0.1357	11520.8
DRB5_0101	266	GIDVGDPRLPQVAAT	GIDVGDPRL	0.1352	11576.8
DRB5_0101	35	RLANHLVDQGCDGLV	RLANHLVDQ	0.1343	11697.6
DRB5_0101	37	ANHLVDQGCDGLVVS	HLVDQCDG	0.1339	11748.2
DRB5_0101	147	RSAPVIEPDTIRAAS	VPIEPDTIR	0.1333	11819.3
DRB5_0101	148	SAVPIEPDTIRAASH	VPIEPDTIR	0.1300	12246.0
DRB5_0101	262	LRLQGIDVGDPRLPQ	LRLQGIDVG	0.1266	12704.4
DRB5_0101	20	TPFSGDGLDTATAA	FSGDGLDT	0.1263	12749.4
DRB5_0101	36	LANHLVDQGCDGLVV	HLVDQCDG	0.1232	13179.0
DRB5_0101	265	QGIDVGDPRLPQVAA	GIDVGDPRL	0.1232	13181.4
DRB5_0101	263	RLQGIDVGDPRLPQV	GIDVGDPRL	0.1215	13430.6
DRB5_0101	279	ATPEQIDALAADMRA	IDALAADM	0.1194	13742.9
DRB5_0101	167	GVKDAKADLHSGAQI	ADLHSGAQI	0.1185	13871.2
DRB5_0101	264	LQGIDVGDPRLPQVA	GIDVGDPRL	0.1169	14112.2
DRB5_0101	274	LPQVAATPEQIDALA	PQVAATPEQ	0.1116	14949.5
DRB5_0101	168	VKDAKADLHSGAQIM	ADLHSGAQI	0.1102	15175.7
DRB5_0101	49	VVSGTTGESPTTDDG	VVSGTTGES	0.1011	16753.7
DRB5_0101	275	PQVAATPEQIDALAA	PQVAATPEQ	0.0960	17701.1
DRB5_0101	278	AATPEQIDALAADM	QIDALAADM	0.0866	19580.0
DRB5_0101	57	SPTTTDGEKIELLRA	GEKIELLRA	0.0806	20893.8
DRB5_0101	276	QVAATPEQIDALAAD	QVAATPEQI	0.0749	22226.8
DRB5_0101	50	VSGTTGESPTTDDGE	GTTGESPTT	0.0627	25361.0
DRB5_0101	51	SGTTGESPTTDDGEK	GTTGESPTT	0.0612	25778.2
DRB5_0101	277	VAATPEQIDALAADM	QIDALAADM	0.0593	26325.8
DRB5_0101	52	GTTGESPTTDDGEKI	GTTGESPTT	0.0560	27281.9
DRB5_0101	56	ESPTTTDGEKIELLR	DGEKIELLR	0.0481	29712.6
DRB5_0101	53	TTGESPTTDDGEKIE	TTGESPTT	0.0403	32340.5
DRB5_0101	55	GESPTTDDGEKIELL	PTTDDGEKI	0.0359	33891.7
DRB5_0101	54	TGESPTTDDGEKIEL	SPTTDDGEK	0.0333	34861.7

Allele: DRB5\_0101. Number of high binders 7. Number of weak binders 75. Number of pe

Allele	pos	peptide	core	1-log50k(aff)	affinity(nM)	Bind Level
IAb	112	VTPYYSKPPQRGLQA	VTPYYSKPP	0.5298	162.0	WB
IAb	111	VVTPYYSKPPQRGLQ	VTPYYSKPP	0.5231	174.1	WB
IAb	110	LVVTPYYSKPPQRGL	VTPYYSKPP	0.5162	187.6	WB
IAb	236	RKINIAVAPLCNAMS	NIAVAPLCN	0.5149	190.3	WB
IAb	235	ARKINIAVAPLCNAM	NIAVAPLCN	0.4990	226.1	WB
IAb	273	RLPQVAATPEQIDAL	QVAATPEQI	0.4968	231.5	WB
IAb	109	LLVVTPTYYSKPPQRG	VTPYYSKPP	0.4947	236.9	WB
IAb	238	INIAVAPLCNAMSRL	NIAVAPLCN	0.4932	240.8	WB
IAb	237	KINIAVAPLCNAMSR	NIAVAPLCN	0.4908	246.9	WB
IAb	239	NIAVAPLCNAMSRLG	NIAVAPLCN	0.4858	260.7	WB
IAb	205	ATGFISVIAHLAGQ	TGFISVIAH	0.4848	263.6	WB
IAb	274	LPQVAATPEQIDALA	QVAATPEQI	0.4816	272.9	WB
IAb	272	PRLPQVAATPEQIDA	QVAATPEQI	0.4811	274.2	WB
IAb	204	GATGFISVIAHLAG	TGFISVIAH	0.4797	278.4	WB
IAb	156	TIRAASHPNIVGVKD	TIRAASHPN	0.4786	281.8	WB
IAb	203	MGATGFISVIAHLAA	TGFISVIAH	0.4770	286.7	WB
IAb	155	DTIRAASHPNIVGVK	RAASHPNIV	0.4689	313.2	WB
IAb	94	SIRLAKACAAEGAAG	IRLAKACAA	0.4649	327.0	WB
IAb	206	TGFISVIAHLAGQL	TGFISVIAH	0.4642	329.4	WB

IAb	271	DPRLPQVAATPEQID	QVAATPEQI	0.4609	341.4	WB
IAb	108	GLLVVTPYYSKPPQR	VTPYYSKPP	0.4607	342.0	WB
IAb	270	GDPRLPQVAATPEQI	RLPQVAATP	0.4567	357.2	WB
IAb	93	HSIRLAKACAAEGAH	IRLAKACAA	0.4543	366.7	WB
IAb	95	IRLAKACAAEGAHGL	IRLAKACAA	0.4531	371.4	WB
IAb	196	LNLPLWAMGATGFIS	LPWAMGAT	0.4517	376.9	WB
IAb	197	NLPWAMGATGFISV	LPWAMGAT	0.4515	377.7	WB
IAb	202	AMGATGFISVIAHLA	TGFISVIAH	0.4504	382.6	WB
IAb	154	PDTIRAASHPNIVGV	RAASHPNIV	0.4473	395.3	WB
IAb	194	DALNLPWAMGATGF	LPWAMGAT	0.4465	398.7	WB
IAb	234	TARKINIAVAPLCNA	NIAVAPLCN	0.4435	412.0	WB
IAb	195	ALNLPWAMGATGFI	LPWAMGAT	0.4423	417.5	WB
IAb	140	LLYDIPGRSAVPIEP	LLYDIPGRS	0.4405	425.6	WB
IAb	139	MLLYDIPGRSAVPIE	LLYDIPGRS	0.4373	440.7	WB
IAb	113	TPYYSKPPQRGLQAH	TPYYSKPPQ	0.4332	460.7	WB
IAb	198	LPWAMGATGFISVI	LPWAMGAT	0.4284	485.0	WB
IAb	92	AHSIRLAKACAAEGA	IRLAKACAA	0.4265	495.5	WB
IAb	138	PMLLYDIPGRSAVPI	LLYDIPGRS	0.4248	504.5	WB
IAb	122	RGLQAHFTAVADATE	LQAHFTAVA	0.4166	551.4	WB
IAb	153	EPDTIRAASHPNIVG	TIRAASHPN	0.4138	568.5	WB
IAb	124	LQAHFTAVADATELP	LQAHFTAVA	0.4126	575.5	WB
IAb	123	GLQAHFTAVADATEL	LQAHFTAVA	0.4090	598.8	WB
IAb	233	ATARKINIAVAPLCN	NIAVAPLCN	0.4075	608.1	WB
IAb	107	HGLLVVTPYYSKPPQ	VTPYYSKPP	0.3975	677.5	WB
IAb	121	QRGLQAHFTAVADAT	LQAHFTAVA	0.3972	680.1	WB
IAb	137	LPMLLYDIPGRSAVP	LLYDIPGRS	0.3930	711.8	WB
IAb	275	PQVAATPEQIDALAA	QVAATPEQI	0.3909	727.6	WB
IAb	80	ARVIAGAGTYDTAHS	RVIAGAGTY	0.3889	744.0	WB
IAb	157	IRAASHPNIVGVKDA	RAASHPNIV	0.3873	757.1	WB
IAb	269	VGDPRLPQVAATPEQ	RLPQVAATP	0.3860	767.4	WB
IAb	79	RARVIAGAGTYDTAH	RVIAGAGTY	0.3842	782.9	WB
IAb	152	IEPDTIRAASHPNIV	TIRAASHPN	0.3825	797.4	WB
IAb	91	TAHSIRLAKACAAEG	IRLAKACAA	0.3819	802.8	WB
IAb	224	LSAFGSGDIATARKI	SAFGSGDIA	0.3811	809.5	WB
IAb	200	WLAMGATGFISVIAH	TGFISVIAH	0.3810	810.8	WB
IAb	193	DDALNLPWAMGATG	LPWAMGAT	0.3777	839.8	WB
IAb	141	LYDIPGRSAVPIEPD	IPGRSAVPI	0.3771	845.4	WB
IAb	26	GSLDTATAARLANHL	GSLDTATAA	0.3763	852.7	WB
IAb	78	DRARVIAGAGTYDTA	RVIAGAGTY	0.3763	852.9	WB
IAb	223	LLSAFGSGDIATARK	SAFGSGDIA	0.3705	907.7	WB
IAb	144	IPGRSAVPIEPDTIR	GRSAVPIEP	0.3661	951.6	WB
IAb	143	DIPGRSAVPIEPDTI	GRSAVPIEP	0.3637	977.6	WB
IAb	25	DGSLDTATAARLANH	GSLDTATAA	0.3614	1001.5	WB
IAb	125	QAHFTAVADATELPM	QAHFTAVAD	0.3605	1012.1	WB
IAb	192	GDDALNLPWAMGAT	LPWAMGAT	0.3584	1034.7	WB
IAb	222	ELLSAFGSGDIATAR	SAFGSGDIA	0.3569	1052.0	WB
IAb	221	RELLSAFGSGDIATA	RELLSAFGS	0.3566	1054.7	WB
IAb	142	YDIPGRSAVPIEPDT	YDIPGRSAV	0.3566	1055.4	WB
IAb	120	PQRGLQAHFTAVADA	LQAHFTAVA	0.3561	1061.2	WB
IAb	268	DVGDPRLPQVAATPE	RLPQVAATP	0.3542	1083.0	WB
IAb	136	ELPMLLYDIPGRSAV	LLYDIPGRS	0.3503	1129.5	WB
IAb	208	FISVIAHLAAGQLRE	ISVIAHLAA	0.3481	1156.5	WB
IAb	77	GDRARVIAGAGTYDT	RVIAGAGTY	0.3453	1192.1	WB
IAb	207	GFISVIAHLAAGQLR	ISVIAHLAA	0.3453	1192.6	WB
IAb	201	LAMGATGFISVIAHL	TGFISVIAH	0.3437	1212.9	WB
IAb	267	IDVGDPRLPQVAATP	IDVGDPRLP	0.3407	1252.7	WB
IAb	24	GDGSLDTATAARLAN	GSLDTATAA	0.3395	1270.0	WB
IAb	114	PYYSKPPQRGLQAHF	YYSKPPQRG	0.3393	1271.8	WB
IAb	106	AHGLLVVTPYYSKPP	VTPYYSKPP	0.3393	1272.3	WB
IAb	90	DTAHSIRLAKACAAE	IRLAKACAA	0.3373	1299.6	WB

IAb	86	AGTYDTAHSIRLAKA	YDTAHSIRL	0.3371	1303.6
IAb	209	ISVIAHLAAGQLREL	ISVIAHLAA	0.3342	1344.2
IAb	276	QVAATPEQIDALAAD	QVAATPEQI	0.3340	1346.9
IAb	240	IAVAPLCNAMSRLGG	VAPLCNAMS	0.3330	1362.6
IAb	96	RLAKACAAEGAHGLL	RLAKACAAE	0.3319	1378.9
IAb	186	GLAYYSGDDALNLPW	AYYSGDDAL	0.3316	1382.6
IAb	158	RAASHPNIVGVKDAK	RAASHPNIV	0.3315	1383.7
IAb	27	SLDTATAARLANHLV	TATAARLAN	0.3314	1385.3
IAb	28	LDTATAARLANHLVD	TATAARLAN	0.3302	1404.6
IAb	119	PPQRGLQAHFTAVAD	LQAHFTAVA	0.3279	1439.4
IAb	85	GAGTYDTAHSIRLAK	GTYDTAHSI	0.3268	1456.4
IAb	81	RVIAGAGTYDTAHSI	RVIAGAGTY	0.3268	1456.5
IAb	211	VIAHLAAGQLRELLS	AHLAAGQLR	0.3258	1472.6
IAb	185	TGLAYYSGDDALNLP	AYYSGDDAL	0.3257	1474.0
IAb	145	PGRSAVPIEPDTIRA	GRSAVPIEP	0.3250	1484.9
IAb	210	SVIAHLAAGQLRELL	AHLAAGQLR	0.3209	1552.3
IAb	187	LAYYSGDDALNLPWL	LAYYSGDDA	0.3186	1591.0
IAb	89	YDTAHSIRLAKACAA	IRLAKACAA	0.3163	1631.7
IAb	212	IAHLAAGQLRELLSA	AHLAAGQLR	0.3155	1646.9
IAb	84	AGAGTYDTAHSIRLA	GTYDTAHSI	0.3151	1653.1
IAb	225	SAFGSGDIATARKIN	SAFGSGDIA	0.3132	1688.2
IAb	146	GRSAVPIEPDTIRAA	GRSAVPIEP	0.3125	1701.0
IAb	76	VGDRARVIAGAGTYD	RVIAGAGTY	0.3096	1754.3
IAb	266	GIDVGDPRLPQVAAT	IDVGDPRLP	0.3044	1855.2
IAb	232	IATARKINIAVAPLC	RKINIAVAP	0.3044	1856.2
IAb	13	TLLTAMVTPFSGDGS	TAMVTPFSG	0.3033	1877.7
IAb	23	SGDGSGLDTATAARLA	GSLDTATAA	0.3032	1879.7
IAb	8	AARLGTLTAMVTPF	AARLGTLT	0.3030	1884.0
IAb	199	PWLAMGATGFISVIA	WLAMGATGF	0.3028	1887.7
IAb	14	LLTAMVTPFSGDGSL	TAMVTPFSG	0.3023	1898.3
IAb	87	GTYDTAHSIRLAKAC	GTYDTAHSI	0.2984	1979.6
IAb	9	ARLGTLTAMVTPFS	ARLGTLT	0.2981	1987.4
IAb	184	DTGLAYYSGDDALNL	LAYYSGDDA	0.2979	1992.1
IAb	126	AHFTAVADATELPLM	AHFTAVADA	0.2973	2003.4
IAb	15	LTAMVTPFSGDGSLD	TAMVTPFSG	0.2963	2027.1
IAb	19	VTPFSGDGSLDTATA	TPFSGDGSL	0.2927	2106.6
IAb	16	TAMVTPFSGDGSLDT	TAMVTPFSG	0.2912	2140.3
IAb	83	IAGAGTYDTAHSIRL	GTYDTAHSI	0.2907	2151.8
IAb	151	PIEPDTIRAASHPNI	TIRAASHPN	0.2907	2153.2
IAb	12	GTLTAMVTPFSGDG	LLTAMVTPF	0.2880	2217.2
IAb	241	AVAPLCNAMSRLGGV	VAPLCNAMS	0.2876	2226.7
IAb	188	AYYSGDDALNLPWLA	AYYSGDDAL	0.2867	2247.8
IAb	29	DTATAARLANHLVDQ	TATAARLAN	0.2859	2268.4
IAb	18	MVTPFSGDGSLDTAT	TPFSGDGSL	0.2841	2313.2
IAb	46	DGLVVS GTTGESPTT	LVVSGTTGE	0.2834	2329.2
IAb	191	SGDDALNLPWLAMGA	DALNLPWLA	0.2831	2336.8
IAb	172	KADLHSGAQIMADTG	DLHSGAQIM	0.2830	2340.6
IAb	11	LGTLLTAMVTPFSGD	LLTAMVTPF	0.2825	2351.4
IAb	6	DVAARLGTLTAMVT	AARLGTLT	0.2823	2357.7
IAb	30	TATAARLANHLVDQG	TATAARLAN	0.2818	2370.7
IAb	10	RLGTLLTAMVTPFSG	LLTAMVTPF	0.2815	2377.6
IAb	7	VAARLGTLTAMVTP	AARLGTLT	0.2815	2378.3
IAb	173	ADLHSGAQIMADTGL	DLHSGAQIM	0.2807	2399.4
IAb	1	TTVGFVDVAARLGTL	VGFVDVAARL	0.2793	2435.4
IAb	171	AKADLHSGAQIMADT	DLHSGAQIM	0.2792	2436.9
IAb	135	TELPMLLYDIPGRSA	LLYDIPGRS	0.2787	2450.0
IAb	213	AHLAAGQLRELLSAF	AHLAAGQLR	0.2747	2560.4
IAb	2	TVGFVDVAARLGTLT	VGFVDVAARL	0.2741	2576.4
IAb	47	GLVVS GTTGESPTTT	LVVSGTTGE	0.2740	2578.5
IAb	48	LVVSGTTGESPTTTD	LVVSGTTGE	0.2730	2606.3

IAb	22	FSGDGLSLDTATAARL	GSLDTATAAA	0.2726	2618.1
IAb	17	AMVTPFSGDGLSLDTA	TPFSGDGSL	0.2724	2622.8
IAb	45	CDGLVVSGETTGESPT	LVSGETTGE	0.2721	2632.2
IAb	75	AVGDRARVIAGAGTY	RVIAGAGTY	0.2716	2646.5
IAb	220	LRELLSAFGSGDIAT	RELLSAFGS	0.2708	2670.8
IAb	174	DLHSGAQIMADTGLA	DLHSGAQIM	0.2690	2721.5
IAb	5	FDVAARLGTLLTAMV	AARLGTLLT	0.2687	2731.0
IAb	0	VTTVGFVDVAARLGT	VGFVDVAARL	0.2686	2733.9
IAb	265	QGIDVGDPRLPQVAA	IDVGDPRLP	0.2685	2736.3
IAb	231	DIATARKINIAVAPL	RKINIAVAP	0.2675	2766.0
IAb	97	LAKACAAEGAHGLLV	AKACAAEGA	0.2641	2870.0
IAb	230	GDIATARKINIAVAP	RKINIAVAP	0.2624	2922.3
IAb	118	KPPQRGLQAHFTAVA	LQAHFTAVA	0.2617	2945.7
IAb	284	IDALAADMRAASVLR	ALAADMRAA	0.2593	3024.3
IAb	127	HFTAVADATELPMML	FTAVADATE	0.2589	3035.6
IAb	242	VAPLCNAMSRLLGGVT	VAPLCNAM	0.2588	3040.8
IAb	264	LQGIDVGDPRLPQVA	IDVGDPRLP	0.2576	3080.5
IAb	170	DAKADLHSGAQIMAD	DLHSGAQIM	0.2570	3101.0
IAb	219	QLRELLSAFGSGDIA	RELLSAFGS	0.2535	3219.2
IAb	44	GCDGLVVSGETTGES	VVSGETTGES	0.2484	3403.5
IAb	98	AKACAAEGAHGLLVV	AKACAAEGA	0.2482	3408.4
IAb	183	ADTGLAYYSGDDALN	AYYSGDDAL	0.2475	3434.9
IAb	226	AFSGSDIATARKINI	GDIATARKI	0.2463	3479.6
IAb	4	GFDVAARLGTLLTAM	AARLGTLLT	0.2456	3506.4
IAb	3	VGFVDVAARLGTLLTA	VGFVDVAARL	0.2447	3541.3
IAb	227	FGSGDIATARKINIA	FGSGDIATA	0.2442	3559.5
IAb	283	QIDALAADMRAASVL	ALAADMRAA	0.2440	3568.6
IAb	147	RSAPVIEPDTIRAAS	AVPIEPDTI	0.2427	3619.6
IAb	189	YYSGDDALNLPWLAM	YYSGDDALN	0.2393	3754.3
IAb	128	FTAVADATELPMMLY	TAVADATEL	0.2366	3867.2
IAb	50	VSGTTGESPTTTDGE	TTGESPTTT	0.2363	3877.5
IAb	115	YYSKPPQRGLQAHFT	YYSKPPQRG	0.2359	3894.9
IAb	88	TYDTAHSIRLAKACA	YDTAHSIRL	0.2358	3901.0
IAb	20	TPFSGDGLSLDTATAA	TPFSGDGSL	0.2342	3966.4
IAb	49	VVSGETTGESPTTTDG	TTGESPTTT	0.2321	4058.7
IAb	52	GTTGESPTTTDGEKI	TTGESPTTT	0.2302	4142.2
IAb	249	MSRLGGVTLSKAGLR	MSRLGGVTL	0.2295	4176.1
IAb	150	VPIEPDTIRAASHPN	TIRAASHPN	0.2268	4296.3
IAb	282	EQIDALAADMRAASV	ALAADMRAA	0.2268	4297.6
IAb	51	SGTTGESPTTTDGEK	TTGESPTTT	0.2265	4313.8
IAb	248	AMSRLGGVTLSKAGL	MSRLGGVTL	0.2246	4401.3
IAb	281	PEQIDALAADMRAAS	ALAADMRAA	0.2238	4438.1
IAb	43	QGCGLVVSGETTGES	LVSGETTGE	0.2230	4475.8
IAb	82	VIAGAGTYDTAHSIR	GTYDTAHSI	0.2217	4540.7
IAb	169	KDAKADLHSGAQIMA	DLHSGAQIM	0.2194	4653.8
IAb	218	GQLRELLSAFGSGDI	RELLSAFGS	0.2188	4685.4
IAb	247	NAMSRLLGGVTLSKAG	MSRLGGVTL	0.2144	4912.9
IAb	134	AATELPMMLLYDIPGRS	LLYDIPGRS	0.2140	4935.5
IAb	148	SAVPIEPDTIRAASH	AVPIEPDTI	0.2108	5110.0
IAb	149	AVPIEPDTIRAASHP	AVPIEPDTI	0.2098	5163.7
IAb	53	TTGESPTTTDGEKIE	TTGESPTTT	0.2083	5248.3
IAb	21	PFSGDGLSLDTATAAR	GSLDTATAAA	0.2076	5288.5
IAb	280	TPEQIDALAADMRAA	ALAADMRAA	0.2069	5327.7
IAb	129	TAVADATELPMMLLYD	TAVADATEL	0.2061	5377.2
IAb	190	YSGDDALNLPWLAMG	DALNLPWLA	0.2050	5442.0
IAb	66	IELLRAVLEAVGDRA	IELLRAVLE	0.2025	5589.1
IAb	182	MADTGLAYYSGDDAL	AYYSGDDAL	0.2024	5598.7
IAb	229	SGDIATARKINIAVA	GDIATARKI	0.2016	5644.1
IAb	99	KACAAEGAHGLLVVT	KACAAEGAH	0.1966	5958.5
IAb	163	PNIVGVKDAKADLHS	VGVKDAKAD	0.1959	6002.2



IAb	246	CNAMSRLLGGVTL SKA	MSRLLGGVTL	0.1931	6188.8
IAb	175	LHSGAQIMADTGLAY	HSGAQIMAD	0.1927	6214.1
IAb	117	SKPPQRGLQAHFTAV	GLQAHFTAV	0.1918	6278.3
IAb	116	YSKPPQRGLQAHFTA	PPQRGLQAH	0.1916	6287.6
IAb	65	KIELLRAVLEAVGDR	LLRAVLEAV	0.1915	6294.4
IAb	263	RLQGIDVGDPRLPQV	IDVGDPRLP	0.1914	6300.6
IAb	228	GSGDIATARKINIAV	GDIATARKI	0.1910	6331.6
IAb	179	AQIMADTGLAYYSGD	QIMADTGLA	0.1875	6571.9
IAb	103	AEGAHGLLVVTPYYS	AEGAHGLLV	0.1873	6592.9
IAb	250	SRLGGVTL SKAGLRL	SRLGGVTL S	0.1871	6602.2
IAb	64	EKIELLRAVLEAVGD	LLRAVLEAV	0.1862	6670.3
IAb	165	IVGVKDAKADLHSGA	VGKDAKAD	0.1852	6742.9
IAb	178	GAQIMADTGLAYYSG	QIMADTGLA	0.1837	6850.7
IAb	31	ATAARLANHLVDQGC	ARLANHLVD	0.1808	7069.5
IAb	176	HSGAQIMADTGLAYY	HSGAQIMAD	0.1807	7080.6
IAb	162	HPNIVGVKDAKADLH	VGKDAKAD	0.1796	7162.7
IAb	177	SGAQIMADTGLAYYS	QIMADTGLA	0.1784	7254.0
IAb	164	NIVGVKDAKADLHSG	VGKDAKAD	0.1779	7295.2
IAb	217	AGQLRELLSAFGSGD	RELLSAFGS	0.1748	7542.5
IAb	105	GAHGLLVVTPYYSKP	HGLLVVTPY	0.1737	7633.9
IAb	32	TAARLANHLVDQGCD	ARLANHLVD	0.1719	7780.7
IAb	104	EGAHGLLVVTPYYSK	LLVVTPYYS	0.1716	7807.0
IAb	101	CAAEGAHGLLVVTPY	AEGAHGLLV	0.1708	7873.4
IAb	63	GEKIELLRAVLEAVG	LLRAVLEAV	0.1707	7883.4
IAb	279	ATPEQIDALAADMRA	PEQIDALAA	0.1703	7922.6
IAb	100	ACAAEGAHGLLVVTP	CAAEGAHGL	0.1697	7976.1
IAb	67	ELLRAVLEAVGDRAR	LLRAVLEAV	0.1696	7983.9
IAb	252	LGGVTL SKAGLRLQG	LGGVTL SKA	0.1681	8110.6
IAb	166	VGKDAKADLHSGAQ	VGKDAKAD	0.1677	8147.8
IAb	214	HLAAGQLRELLSAFG	HLAAGQLRE	0.1671	8196.6
IAb	251	RLGGVTL SKAGLRLQ	LGGVTL SKA	0.1645	8434.7
IAb	161	SHPNIVGVKDAKADL	VGKDAKAD	0.1607	8788.4
IAb	181	IMADTGLAYYSGDDA	IMADTGLAY	0.1604	8817.5
IAb	243	APLCNAMSRLLGGVTL	APLCNAMSR	0.1593	8922.8
IAb	180	QIMADTGLAYYSGDD	QIMADTGLA	0.1590	8951.5
IAb	277	VAATPEQIDALAADM	PEQIDALAA	0.1588	8967.6
IAb	33	AARLANHLVDQGCDG	ARLANHLVD	0.1579	9057.1
IAb	262	LRLQGIDVGDPRLPQ	IDVGDPRLP	0.1572	9127.7
IAb	62	DGEKIELLRAVLEAV	IELLRAVLE	0.1569	9152.2
IAb	102	AAEGAHGLLVVTPYY	AEGAHGLLV	0.1549	9352.4
IAb	253	GGVTL SKAGLRLQGI	LSKAGLRLQ	0.1542	9425.6
IAb	42	DQGC DGLVVS GTTGE	LVVSGTTGE	0.1541	9436.3
IAb	278	AATPEQIDALAADM	PEQIDALAA	0.1536	9487.6
IAb	130	AVADATELPMLLYDI	AVADATELP	0.1504	9821.4
IAb	74	EAVGDRARVIAGAGT	ARVIAGAGT	0.1490	9976.2
IAb	254	GVTLSKAGLRLQGID	LSKAGLRLQ	0.1477	10109.0
IAb	255	VTL SKAGLRLQ GIDV	VTL SKAGLR	0.1450	10410.3
IAb	168	VKDAKADLHSGAQIM	DLHSGAQIM	0.1450	10413.7
IAb	68	LLRAVLEAVGDRARV	LLRAVLEAV	0.1437	10563.0
IAb	215	LAAGQLRELLSAFGS	RELLSAFGS	0.1434	10592.3
IAb	160	ASHPNIVGVKDAKAD	VGKDAKAD	0.1418	10781.6
IAb	70	RAVLEAVGDRARVIA	LEAVGDRAR	0.1396	11040.0
IAb	69	LRAVLEAVGDRARVI	LEAVGDRAR	0.1369	11365.8
IAb	261	GLRLQGIDVGDPRLP	IDVGDPRLP	0.1360	11478.8
IAb	245	LCNAMSRLLGGVTL SK	MSRLLGGVTL	0.1353	11568.6
IAb	159	AASHPNIVGVKDAKA	PNIVGVKDA	0.1345	11671.8
IAb	34	ARLANHLVDQGCDGL	ARLANHLVD	0.1327	11895.1
IAb	73	LEAVGDRARVIAGAG	LEAVGDRAR	0.1314	12069.5
IAb	256	TLSKAGLRLQ GIDVG	LSKAGLRLQ	0.1301	12238.4
IAb	71	AVLEAVGDRARVIAG	LEAVGDRAR	0.1290	12377.5

IAb	216	AAGQLRELLSAFGSG	RELLSAFGS	0.1268	12679.9
IAb	244	PLCNAMSRLLGGVTLS	SRLGGVTLS	0.1240	13068.0
IAb	72	VLEAVGDRARVIAGA	LEAVGDRAR	0.1211	13493.9
IAb	133	DATELPMLLYDIPGR	DATELPMLL	0.1177	13997.8
IAb	257	LSKAGLRLQGIDVGD	LSKAGLRLQ	0.1048	16096.1
IAb	131	VADATELPMLLYDIP	VADATELPM	0.1037	16284.0
IAb	132	ADATELPMLLYDIPG	DATELPMLL	0.0997	16999.1
IAb	41	VDQGC DGLVVS GTTG	DGLVVS GTT	0.0906	18750.3
IAb	167	GVKDAKADLHSGAQI	ADLHSGAQI	0.0893	19028.5
IAb	61	TDGEKIELLRVLEA	IELLRVLE	0.0883	19231.7
IAb	260	AGLRLQ GIDVGD PRL	LRLQ GIDVG	0.0865	19609.9
IAb	259	KAGLRLQ GIDVGD PR	LRLQ GIDVG	0.0838	20182.3
IAb	40	LVDQGC DGLVVS GTT	DGLVVS GTT	0.0790	21274.0
IAb	54	TGESPTTTDGEKIEL	TGESPTTTD	0.0769	21763.9
IAb	258	SKAGLRLQ GIDVGD P	LRLQ GIDVG	0.0752	22164.3
IAb	60	TTDGEKIELLRVLE	IELLRVLE	0.0589	26445.5
IAb	35	RLANHLVDQGC DGLV	RLANHLVDQ	0.0545	27730.1
IAb	39	HLVDQGC DGLVVS GT	VDQGC DGLV	0.0495	29263.7
IAb	38	NHLVDQGC DGLVVS G	VDQGC DGLV	0.0456	30522.6
IAb	55	GESPTTTDGEKIELL	ESPTTTDGE	0.0436	31194.4
IAb	37	ANHLVDQGC DGLVVS	VDQGC DGLV	0.0431	31379.2
IAb	59	TTTDGEKIELLRVLE	EKIELLRV	0.0366	33634.5
IAb	36	LANHLVDQGC DGLVV	LVDQGC DGL	0.0365	33677.5
IAb	56	ESPTTTDGEKIELLR	PTTTDGEKI	0.0364	33707.0
IAb	58	PTTTDGEKIELLRV	EKIELLRV	0.0341	34567.6
IAb	57	SPTTTDGEKIELLRA	TTTDGEKIE	0.0266	37499.8

Allele: IAb. Number of high binders 0. Number of weak binders 36. Number of peptides

Allele	pos	peptide	core	1-log50k(aff)	affinity(nM)	Bind Level
IAd	92	AHSIRLAKACAAEGA	AHSIRLAKA	0.6014	74.6	WB
IAd	91	TAHSIRLAKACAAEG	AHSIRLAKA	0.5740	100.4	WB
IAd	90	DTAHSIRLAKACAAE	AHSIRLAKA	0.5076	206.0	WB
IAd	89	YDTAHSIRLAKACAA	AHSIRLAKA	0.4869	257.7	WB
IAd	93	HSIRLAKACAAEGAH	IRLAKACAA	0.4555	361.7	WB
IAd	94	SIRLAKACAAEGAHG	IRLAKACAA	0.4308	472.7	WB
IAd	280	TPEQIDALAADMRAA	PEQIDALAA	0.4166	551.3	
IAd	95	IRLAKACAAEGAHGL	IRLAKACAA	0.4159	555.3	
IAd	281	PEQIDALAADMRAAS	PEQIDALAA	0.4119	580.2	
IAd	278	AATPEQIDALAADMR	PEQIDALAA	0.4013	650.4	
IAd	279	ATPEQIDALAADMRA	PEQIDALAA	0.3994	663.9	
IAd	246	CNAMSRLLGGVTLSKA	MSRLGGVTL	0.3872	757.8	
IAd	88	TYDTAHSIRLAKACA	AHSIRLAKA	0.3796	822.3	
IAd	232	IATARKINIAVAPLC	ARKINIAVA	0.3738	875.8	
IAd	4	GFDVAARLGTLLTAM	ARLGTLLTA	0.3682	930.6	
IAd	5	FDVAARLGTLLTAMV	ARLGTLLTA	0.3656	956.7	
IAd	284	IDALAADMRAASVLR	ALAADMRAA	0.3656	957.6	
IAd	231	DIATARKINIAVAPL	ARKINIAVA	0.3653	960.5	
IAd	3	VGFDVAARLGTLLTA	ARLGTLLTA	0.3630	985.0	
IAd	87	GTYDTAHSIRLAKAC	AHSIRLAKA	0.3609	1007.7	
IAd	247	NAMSRLLGGVTLSKAG	MSRLGGVTL	0.3582	1036.6	
IAd	233	ATARKINIAVAPLCN	ARKINIAVA	0.3566	1055.0	
IAd	283	QIDALAADMRAASVL	ALAADMRAA	0.3538	1087.9	
IAd	277	VAATPEQIDALAADM	PEQIDALAA	0.3512	1118.4	
IAd	6	DVAARLGTLLTAMVT	ARLGTLLTA	0.3484	1152.9	
IAd	234	TARKINIAVAPLCNA	ARKINIAVA	0.3470	1170.7	

IAd	209	ISVIAHLAAGQLREL	ISVIAHLAA	0.3450	1196.7
IAd	282	EQIDALAADMRAASV	ALAADMRAA	0.3442	1206.6
IAd	207	GFISVIAHLAAGQLR	ISVIAHLAA	0.3426	1227.9
IAd	230	GDIATARKINIAVAP	ARKINIAVA	0.3417	1240.2
IAd	244	PLCNAMSRLGGVTL	MSRLGGVTL	0.3395	1269.6
IAd	245	LCNAMSRLGGVTL	NAMSRLGGV	0.3383	1286.8
IAd	235	ARKINIAVAPLCNAM	ARKINIAVA	0.3345	1340.0
IAd	86	AGTYDTAHSIRLAKA	AHSIRLAKA	0.3336	1353.4
IAd	276	QVAATPEQIDALAA	PEQIDALAA	0.3318	1380.4
IAd	7	VAARLGTLLTAMVTP	ARLGTLLTA	0.3316	1383.1
IAd	169	KDAKADLHSGAQIMA	LHSGAQIMA	0.3272	1449.6
IAd	208	FISVIAHLAAGQLRE	ISVIAHLAA	0.3244	1495.5
IAd	170	DAKADLHSGAQIMAD	LHSGAQIMA	0.3205	1558.6
IAd	77	GDRARVIAGAGTYDT	RARVIAGAG	0.3195	1576.8
IAd	78	DRARVIAGAGTYDTA	RARVIAGAG	0.3185	1592.7
IAd	8	AARLGTLLTAMVTPF	ARLGTLLTA	0.3171	1618.2
IAd	22	FSGDGLDTATAARL	LDTATAARL	0.3164	1630.6
IAd	243	APLCNAMSRLGGVTL	MSRLGGVTL	0.3077	1791.3
IAd	96	RLAKACAAEGAHGLL	AKACAAEGA	0.3076	1793.4
IAd	275	PQVAATPEQIDALAA	PEQIDALAA	0.3044	1855.2
IAd	126	AHFTAVADATELPM	AHFTAVADA	0.2991	1965.1
IAd	23	SGDGLDTATAARLA	LDTATAARL	0.2969	2012.1
IAd	63	GEKIELLRVLEAVG	GEKIELLRA	0.2946	2063.2
IAd	62	DGEKIELLRVLEAV	GEKIELLRA	0.2931	2097.7
IAd	9	ARLGTLLTAMVTPFS	ARLGTLLTA	0.2912	2140.8
IAd	175	LHSGAQIMADTGLAY	LHSGAQIMA	0.2871	2237.9
IAd	206	TGFISVIAHLAAGQL	ISVIAHLAA	0.2868	2245.9
IAd	210	SVIAHLAAGQLRELL	AHLAAGQLR	0.2868	2246.0
IAd	197	NLPWLAMGATGFISV	MGATGFISV	0.2844	2304.5
IAd	229	SGDIATARKINIAVA	ARKINIAVA	0.2815	2379.1
IAd	97	LAKACAAEGAHGLLV	AKACAAEGA	0.2793	2435.7
IAd	121	QRGLQAHFTAVADAT	AHFTAVADA	0.2786	2452.6
IAd	248	AMSRLGGVTL	MSRLGGVTL	0.2780	2468.9
IAd	215	LAAGQLRELLSAFGS	RELLSAFGS	0.2772	2491.3
IAd	74	EAVGDRARVIAGAGT	DRARVIAGA	0.2766	2507.0
IAd	75	AVGDRARVIAGAGTY	RARVIAGAG	0.2742	2573.4
IAd	122	RGLQAHFTAVADATE	AHFTAVADA	0.2741	2575.2
IAd	165	IVGVKDAKADLHSGA	DAKADLHSG	0.2730	2607.4
IAd	61	TDGEKIELLRVLEA	GEKIELLRA	0.2716	2646.3
IAd	174	DLHSGAQIMADTGLA	LHSGAQIMA	0.2698	2698.6
IAd	24	GDGLDTATAARLAN	LDTATAARL	0.2690	2723.6
IAd	125	QAHFTAVADATELPM	AHFTAVADA	0.2676	2764.8
IAd	73	LEAVGDRARVIAGAG	RARVIAGAG	0.2653	2834.8
IAd	120	PQRGLQAHFTAVADA	AHFTAVADA	0.2652	2836.6
IAd	60	TTDGEKIELLRVLE	GEKIELLRA	0.2597	3010.4
IAd	164	NIVGVKDAKADLHSG	DAKADLHSG	0.2589	3035.6
IAd	198	LPWLAMGATGFISVI	MGATGFISV	0.2584	3052.5
IAd	76	VGDRARVIAGAGTYD	RARVIAGAG	0.2577	3075.7
IAd	272	PRLPQVAATPEQIDA	PRLPQVAAT	0.2547	3177.4
IAd	25	DGSLDTATAARLANH	LDTATAARL	0.2531	3232.1
IAd	177	SGAQIMADTGLAYYS	QIMADTGLA	0.2509	3309.7
IAd	124	LQAHFTAVADATELP	AHFTAVADA	0.2498	3351.0
IAd	26	GSLDTATAARLANHL	LDTATAARL	0.2465	3471.5
IAd	146	GRSAVPIEPDTIRAA	IEPDTIRAA	0.2462	3485.1
IAd	211	VIAHLAAGQLRELLS	AHLAAGQLR	0.2458	3500.4
IAd	166	VGVKDAKADLHSGAQ	DAKADLHSG	0.2454	3514.3
IAd	123	GLQAHFTAVADATEL	AHFTAVADA	0.2422	3636.3
IAd	213	AHLAAGQLRELLSAF	AHLAAGQLR	0.2419	3651.0
IAd	218	GQLRELLSAFGSGDI	RELLSAFGS	0.2417	3658.3
IAd	79	RARVIAGAGTYDTAH	RARVIAGAG	0.2414	3670.1

IAd	216	AAGQLRELLSAFGSG	RELLSAFGS	0.2410	3685.1
IAd	168	VKDAKADLHSGAQIM	DAKADLHSG	0.2391	3763.1
IAd	167	GVKDAKADLHSGAQI	DAKADLHSG	0.2374	3832.1
IAd	212	IAHLAAGQLRELLSA	IAHLAAGQL	0.2365	3869.7
IAd	171	AKADLHSGAQIMADT	LHSGAQIMA	0.2363	3879.0
IAd	141	LYDIPGRSAVPIEPD	IPGRSAVPI	0.2351	3926.6
IAd	173	ADLHSGAQIMADTGL	LHSGAQIMA	0.2343	3964.9
IAd	144	IPGRSAVPIEPDTIR	RSVAVPIEPD	0.2340	3977.6
IAd	143	DIPGRSAVPIEPDTI	IPGRSAVPI	0.2339	3978.0
IAd	193	DDALNLPWLAMGATG	LPWLAMGAT	0.2337	3990.0
IAd	217	AGQLRELLSAFGSGD	RELLSAFGS	0.2331	4012.9
IAd	194	DALNLPWLAMGATGF	LPWLAMGAT	0.2315	4083.9
IAd	271	DPRLPQVAATPEQID	PRLPQVAAT	0.2308	4117.3
IAd	178	GAQIMADTGLAYYSG	QIMADTGLA	0.2303	4136.0
IAd	242	VAPLCNAMSRLGGVT	NAMSRLGGV	0.2300	4152.6
IAd	270	GDPRLPQVAATPEQI	PRLPQVAAT	0.2293	4184.1
IAd	249	MSRLGGVTLSKAGLR	LGGVTLSKA	0.2280	4241.7
IAd	172	KADLHSGAQIMADTG	LHSGAQIMA	0.2272	4277.3
IAd	64	EKIELLRVLEAVGD	EKIELLRV	0.2271	4285.6
IAd	58	PTTTDGEKIELLRV	GEKIELLRA	0.2263	4320.8
IAd	142	YDIPGRSAVPIEPDT	RSVAVPIEPD	0.2241	4423.2
IAd	27	SLDTATAARLANHLV	LDTATAARL	0.2238	4439.2
IAd	196	LNLPLWAMGATGFIS	LPWLAMGAT	0.2231	4471.3
IAd	176	HSGAQIMADTGLAYY	HSGAQIMAD	0.2231	4474.3
IAd	68	LLRAVLEAVGDRARV	LEAVGDRAR	0.2220	4525.1
IAd	127	HFTAVADATELPMML	VADATELPM	0.2217	4541.4
IAd	192	GDDALNLPWLAMGAT	LPWLAMGAT	0.2192	4665.5
IAd	59	TTTTDGEKIELLRV	GEKIELLRA	0.2191	4669.5
IAd	129	TAVADATELPMMLLYD	VADATELPM	0.2184	4704.1
IAd	72	VLEAVGDRARVIAGA	DRARVIAGA	0.2181	4720.5
IAd	128	FTAVADATELPMMLLY	TAVADATEL	0.2181	4722.0
IAd	21	PFSGDGLDGTATAAR	DGLDGTATA	0.2176	4749.6
IAd	269	VGDPRLPQVAATPEQ	LPQVAATPE	0.2154	4859.4
IAd	199	PWLAMGATGFISVIA	MGATGFISV	0.2154	4862.4
IAd	28	LDTATAARLANHLVD	LDTATAARL	0.2148	4895.2
IAd	241	AVAPLCNAMSRLGGV	APLCNAMS	0.2110	5100.0
IAd	145	PGRSAVPIEPDTIRA	GRSAVPIEP	0.2098	5165.5
IAd	221	RELLSAFGSGDIATA	RELLSAFGS	0.2096	5178.4
IAd	105	GAHGLLVVTPYYSKP	HGLLVVTPY	0.2093	5195.4
IAd	147	RSVAVPIEPDTIRAA	IEPDTIRAA	0.2092	5199.9
IAd	214	HLAAGQLRELLSAFG	GQLRELLSA	0.2090	5208.2
IAd	195	ALNLPWLAMGATGFI	WLAMGATGF	0.2082	5257.7
IAd	104	EGAHGLLVVTPYYSK	HGLLVVTPY	0.2066	5349.0
IAd	205	ATGFISVIAHLAAGQ	ISVIAHLAA	0.2063	5366.6
IAd	67	ELLRAVLEAVGDRAR	LEAVGDRAR	0.2057	5398.4
IAd	160	ASHPNIVGVKDAKAD	PNIVGVKDA	0.2042	5486.8
IAd	10	RLGTLTAMVTPFSG	RLGTLTAM	0.2042	5487.4
IAd	179	AQIMADTGLAYYSGD	QIMADTGLA	0.2037	5519.4
IAd	106	AHGLLVVTPYYSKPP	HGLLVVTPY	0.2030	5562.6
IAd	236	RKINIAVAPLCNAMS	KINIAVAPL	0.2024	5593.4
IAd	237	KINIAVAPLCNAMS	KINIAVAPL	0.2021	5612.2
IAd	224	LSAFSGDIATARKI	FGSGDIATA	0.2020	5619.8
IAd	227	FGSGDIATARKINIA	FGSGDIATA	0.2018	5635.4
IAd	130	AVADATELPMMLLYDI	VADATELPM	0.2012	5671.9
IAd	57	SPTTTDGEKIELLRA	GEKIELLRA	0.2002	5731.4
IAd	273	RLPQVAATPEQIDAL	LPQVAATPE	0.1984	5845.6
IAd	226	AFSGDIATARKINI	FGSGDIATA	0.1980	5867.6
IAd	103	AEGAHGLLVVTPYYS	HGLLVVTPY	0.1979	5877.0
IAd	200	WLAMGATGFISVIAH	MGATGFISV	0.1973	5914.6
IAd	219	QLRELLSAFGSGDIA	RELLSAFGS	0.1966	5961.7

IAd	159	AASHPNIVGVKDAKA	SHPNIVGVK	0.1957	6017.2
IAd	71	AVLEAVGDRARVIAG	EAVGDRARV	0.1957	6017.6
IAd	66	IELLRVLEAVGDRA	IELLRVLE	0.1941	6124.3
IAd	268	DVGDPRLPQVAATPE	LPQVAATPE	0.1938	6142.9
IAd	20	TPFSGDGLDTATAA	DGSLDTATA	0.1929	6200.6
IAd	2	TVGFVDVAARLGTLLT	AARLGTLLT	0.1916	6287.4
IAd	225	SAFGSGDIATARKIN	FGSGDIATA	0.1896	6427.1
IAd	98	AKACAAEGAHGLLVV	AKACAAEGA	0.1889	6479.6
IAd	118	KPPQRGLQAHFTAVA	RGLQAHFTA	0.1884	6511.0
IAd	140	LLYDIPGRSAVPIEP	GRSAVPIEP	0.1864	6651.4
IAd	203	MGATGFISVIAHLAA	ISVIAHLAA	0.1864	6655.6
IAd	131	VADATELPMMLLYDIP	VADATELPM	0.1847	6780.3
IAd	274	LPQVAATPEQIDALA	LPQVAATPE	0.1836	6857.4
IAd	70	RAVLEAVGDRARVIA	AVLEAVGDR	0.1832	6888.0
IAd	202	AMGATGFISVIAHLA	MGATGFISV	0.1827	6927.5
IAd	240	IAVAPLCNAMSRLLGG	IAVAPLCNA	0.1822	6966.7
IAd	117	SKPPQRGLQAHFTAV	KPPQRGLQA	0.1802	7113.7
IAd	116	YSKPPQRGLQAHFTA	KPPQRGLQA	0.1784	7259.3
IAd	204	GATGFISVIAHLAAG	ISVIAHLAA	0.1780	7284.9
IAd	138	PMLLYDIPGRSAVPI	MLLYDIPGR	0.1777	7313.9
IAd	65	KIELLRVLEAVGDR	IELLRVLE	0.1767	7389.3
IAd	69	LRVLEAVGDRARVI	LEAVGDRAR	0.1763	7425.4
IAd	132	ADATELPMMLLYDIPG	ADATELPM	0.1762	7431.1
IAd	158	RAASHPNIVGVKDAK	PNIVGVKDA	0.1716	7806.7
IAd	259	KAGLRLQIDVGDPR	LRLQIDVG	0.1714	7828.3
IAd	119	PPQRGLQAHFTAVAD	RGLQAHFTA	0.1687	8054.7
IAd	258	SKAGLRLQIDVGD	LRLQIDVG	0.1682	8103.7
IAd	238	INIAVAPLCNAMSR	IAVAPLCNA	0.1659	8309.1
IAd	157	IRAASHPNIVGVKDA	PNIVGVKDA	0.1651	8377.5
IAd	11	LGTLLTAMVTPFSGD	TAMVTPFSG	0.1648	8409.3
IAd	163	PNIVGVKDAKADLHS	PNIVGVKDA	0.1636	8514.7
IAd	180	QIMADTGLAYYSGDD	QIMADTGLA	0.1625	8615.6
IAd	201	LAMGATGFISVIAHL	MGATGFISV	0.1623	8632.7
IAd	148	SAVPIEPDTIRAASH	IEPDTIRAA	0.1618	8684.7
IAd	222	ELLSAFGSGDIATAR	FGSGDIATA	0.1602	8831.1
IAd	191	SGDDALNLPWLMGA	ALNLPWLM	0.1602	8834.8
IAd	12	GTLLTAMVTPFSGDG	LLTAMVTPF	0.1598	8876.6
IAd	250	SRLGGVTLKAGLRL	LGGVTLKSKA	0.1592	8928.9
IAd	149	AVPIEPDTIRAASHP	IEPDTIRAA	0.1588	8967.9
IAd	239	NIAVAPLCNAMSR	IAVAPLCNA	0.1587	8978.7
IAd	220	LRELLSAFGSGDIAT	RELLSAFGS	0.1583	9018.8
IAd	107	HGLLVVTPYYSKPPQ	HGLLVVTPY	0.1580	9049.2
IAd	161	SHPNIVGVKDAKADL	PNIVGVKDA	0.1579	9056.2
IAd	257	LSKAGLRLQIDVGD	KAGLRLQGI	0.1566	9183.4
IAd	189	YSGDDALNLPWLM	YSGDDALNL	0.1551	9331.3
IAd	139	MLLYDIPGRSAVPIE	IPGRSAVPI	0.1550	9349.2
IAd	31	ATAARLANHLVDQGC	ATAARLANH	0.1543	9415.9
IAd	151	PIEPDTIRAASHPNI	IEPDTIRAA	0.1533	9524.1
IAd	13	TLLTAMVTPFSGDGS	LTAMVTPFS	0.1527	9585.0
IAd	115	YYSKPPQRGLQAHFT	KPPQRGLQA	0.1522	9628.7
IAd	19	VTPFSGDGLDTATA	DGSLDTATA	0.1520	9659.0
IAd	228	GSGDIATARKINIAV	GDIATARKI	0.1519	9665.7
IAd	223	LLSAFGSGDIATARK	FGSGDIATA	0.1510	9763.6
IAd	30	TATAARLANHLVDQG	AARLANHLV	0.1497	9900.6
IAd	256	TLKAGLRLQIDVGI	KAGLRLQGI	0.1492	9947.0
IAd	80	ARVIAGAGTYDTAHS	ARVIAGAGT	0.1487	10000.1
IAd	29	DTATAARLANHLVDQ	AARLANHLV	0.1475	10136.7
IAd	190	YSGDDALNLPWLMG	ALNLPWLM	0.1464	10253.8
IAd	150	VPIEPDTIRAASHPN	IEPDTIRAA	0.1450	10416.2
IAd	133	DATELPMMLLYDIPGR	MLLYDIPGR	0.1431	10629.1

IAd	252	LGGVTLISKAGLRLQG	LGGVTLSKA	0.1419	10769.7
IAd	102	AAEGAHGLLVVTPYY	AHGLLVVTP	0.1418	10786.5
IAd	253	GGVTLISKAGLRLQGI	KAGLRLQGI	0.1407	10910.7
IAd	135	TELPMLLYDIPGRSA	PMLLYDIPG	0.1405	10928.0
IAd	254	GVTLSKAGLRLQGID	KAGLRLQGI	0.1403	10959.1
IAd	134	ATELPMLLYDIPGRS	MLLYDIPGR	0.1400	10998.7
IAd	1	TTVGFVDVAARLGTL	DVAARLGTL	0.1396	11038.0
IAd	16	TAMVTPFSGDGLDT	TAMVTPFSG	0.1379	11244.4
IAd	101	CAAEGAHGLLVVTPY	AHGLLVVTP	0.1372	11333.9
IAd	14	LLTAMVTPFSGDGSL	TAMVTPFSG	0.1368	11380.4
IAd	136	ELPMLLYDIPGRSAV	MLLYDIPGR	0.1366	11402.9
IAd	255	VTLISKAGLRLQGIDV	KAGLRLQGI	0.1332	11826.7
IAd	114	PYYSKPPQRGLQAHF	KPPQRGLQA	0.1332	11833.9
IAd	17	AMVTPFSGDGLDTA	FSGDGLDT	0.1324	11940.4
IAd	188	AYYSGDALNLPWLA	YSGD DALNL	0.1323	11944.9
IAd	251	RLGGVTLISKAGLRLQ	LGGVTLSKA	0.1304	12199.9
IAd	113	TPYYSKPPQRGLQAH	KPPQRGLQA	0.1303	12211.1
IAd	32	TAARLANHLVDQGCD	AARLANHLV	0.1300	12255.6
IAd	81	RVIAGAGTYDTAHSI	AGAGTYDTA	0.1298	12279.9
IAd	99	KACAAEGAHGLLVVT	ACAAEGAHG	0.1283	12472.7
IAd	162	HPNIVGVKDAKADLH	PNIVGVKDA	0.1278	12546.5
IAd	152	IEPDTIRAASHPNIV	IEPDTIRAA	0.1274	12593.5
IAd	83	IAGAGTYDTAHSIRL	AGAGTYDTA	0.1266	12711.5
IAd	0	VTTVGFVDVAARLGTL	DVAARLGTL	0.1248	12954.8
IAd	112	VTPYYSKPPQRGLQA	KPPQRGLQA	0.1246	12983.0
IAd	18	MVTPFSGDGLDTAT	SGDGLDTA	0.1228	13245.9
IAd	181	IMADTGLAYYSGDDA	IMADTGLAY	0.1220	13352.3
IAd	100	ACAAEGAHGLLVVTP	AHGLLVVTP	0.1220	13358.3
IAd	260	AGLRLQGIDVGDPR	LRLQGIDVG	0.1213	13453.0
IAd	261	GLRLQGIDVGDPRLP	LRLQGIDVG	0.1187	13841.7
IAd	82	VIAGAGTYDTAHSIR	AGAGTYDTA	0.1182	13921.3
IAd	137	LPMLLYDIPGRSAVP	MLLYDIPGR	0.1141	14554.1
IAd	156	TIRAASHPNIVGVKD	SHPNIVGVK	0.1117	14932.3
IAd	33	AARLANHLVDQGCDG	AARLANHLV	0.1091	15355.1
IAd	267	IDVGDPRLPQVAATP	PRLPQVAAT	0.1076	15601.1
IAd	84	AGAGTYDTAHSIRLA	DTAHSIRLA	0.1042	16200.6
IAd	187	LAYYSGDALNLPWL	YSGD DALNL	0.1025	16488.1
IAd	15	LTAMVTPFSGDGLD	LTAMVTPFS	0.1017	16636.5
IAd	85	GAGTYDTAHSIRLAK	YDTAHSIRL	0.0976	17394.1
IAd	262	LRLQGIDVGDPRLPQ	LRLQGIDVG	0.0916	18565.8
IAd	155	DTIRAASHPNIVGVK	SHPNIVGVK	0.0849	19944.0
IAd	266	GIDVGDPRLPQVAAT	PRLPQVAAT	0.0808	20866.4
IAd	182	MADTGLAYYSGD DAL	ADTGLAYYS	0.0797	21118.1
IAd	154	PDTIRAASHPNIVGV	ASHPNIVGV	0.0735	22577.2
IAd	186	GLAYYSGDALNLPW	YSGD DALNL	0.0691	23668.1
IAd	34	ARLANHLVDQGCDGL	LANHLVDQG	0.0671	24200.5
IAd	183	ADTGLAYYSGD DALN	ADTGLAYYS	0.0652	24682.6
IAd	108	GLLVVTPYYSKPPQR	LLVVTPYY	0.0643	24947.3
IAd	184	DTGLAYYSGD DALNL	DTGLAYYS	0.0616	25686.8
IAd	185	TGLAYYSGD DALNLP	YSGD DALNL	0.0615	25698.5
IAd	153	EPDTIRAASHPNIVG	PDTIRAASH	0.0604	26009.6
IAd	43	QGC DGLVVS GTTGES	GCDGLVVS	0.0602	26068.7
IAd	35	RLANHLVDQGCDGLV	LANHLVDQG	0.0600	26136.8
IAd	109	LLVVTPYYSKPPQRG	LLVVTPYY	0.0596	26224.1
IAd	36	LANHLVDQGCDGLVV	LANHLVDQG	0.0569	27016.7
IAd	44	GCDGLVVS GTTGES	GCDGLVVS	0.0565	27133.8
IAd	39	HLVDQGCDGLVVS	GCDGLVVS	0.0539	27907.1
IAd	40	LVDQGCDGLVVS	GCDGLVVS	0.0512	28740.9
IAd	37	ANHLVDQGCDGLVVS	ANHLVDQGC	0.0479	29772.8
IAd	263	RLQGIDVGDPRLPQV	LQGIDVGD	0.0478	29818.5

IAd	41	VDQGC DGLVVS GTTG	CDGLVVS GT	0.0474	29943.0
IAd	45	CDGLVVS GTTGES PT	CDGLVVS GT	0.0455	30577.2
IAd	56	ESPTTTD GEKIELLR	PTTTDGEKI	0.0454	30578.8
IAd	53	TTGESPTTTDGEKIE	PTTTDGEKI	0.0442	31002.6
IAd	42	DQGC DGLVVS GTTGE	CDGLVVS GT	0.0437	31160.3
IAd	55	GESPTTTDGEKIELL	PTTTDGEKI	0.0436	31196.7
IAd	111	VVTPYYS KPPQRGLQ	YYSKPPQRG	0.0432	31315.1
IAd	54	TGESPTTTDGEKIEL	PTTTDGEKI	0.0431	31354.8
IAd	52	GTTGESPTTTDGEKI	PTTTDGEKI	0.0423	31649.9
IAd	264	LQGIDVGD PRLPQVA	LQGIDVGD P	0.0411	32060.8
IAd	110	LVVTPYYS KPPQRGL	LVVTPYYS K	0.0395	32614.3
IAd	265	QGIDVGD PRLPQVAA	DPRLPQVAA	0.0375	33321.6
IAd	38	NHLVDQGC DGLVVS G	GCDGLVVS G	0.0360	33866.8
IAd	46	DGLVVS GTTGES PTT	DGLVVS GTT	0.0328	35077.4
IAd	50	VSGTTGES PTTTDGE	GTTGES PTT	0.0314	35600.8
IAd	48	LVVSGTTGES PTTTD	VVSGTTGES	0.0302	36057.9
IAd	49	VVSGTTGES PTTTD G	VVSGTTGES	0.0297	36272.3
IAd	47	GLVVS GTTGES PTTT	VVSGTTGES	0.0280	36930.5
IAd	51	SGTTGES PTTTDGEK	TTGES PTTT	0.0233	38868.8

Allele: IAd. Number of high binders 0. Number of weak binders 6. Number of peptides

Allele	pos	peptide	core	1-log50k(aff)	affinity(nM)	Bind Level
IAs	261	GLRLQGI DVGD PRLP	LQGI DVGD P	0.4479	392.9	WB
IAs	262	LRLQGI DVGD PRLPQ	LQGI DVGD P	0.4346	453.5	WB
IAs	263	RLQGI DVGD PRLPQV	LQGI DVGD P	0.4300	477.1	WB
IAs	264	LQGI DVGD PRLPQVA	LQGI DVGD P	0.4276	489.6	WB
IAs	108	GLLVVTPYYS KPPQR	PYYS KPPQR	0.3613	1003.3	
IAs	109	LLVVTPYYS KPPQRG	PYYS KPPQR	0.3493	1141.3	
IAs	260	AGLRLQGI DVGD PRL	QGIDVGD PR	0.3436	1214.2	
IAs	259	KAGLRLQGI DVGD PR	QGIDVGD PR	0.3435	1216.0	
IAs	110	LVVTPYYS KPPQRGL	PYYS KPPQR	0.3367	1308.6	
IAs	111	VVTPYYS KPPQRGLQ	PYYS KPPQR	0.3304	1401.2	
IAs	265	QGIDVGD PRLPQVAA	IDVGD PRLP	0.3282	1435.4	
IAs	112	VTPYYS KPPQRGLQA	PYYS KPPQR	0.3233	1513.4	
IAs	152	IEPDTIRAASH PNIV	RAASH PNIV	0.3095	1756.1	
IAs	107	HGLLVVTPYYS KPPQ	TPYYS KPPQ	0.3001	1945.2	
IAs	232	IATARKINIAVAPLC	RKINIAVAP	0.2916	2132.5	
IAs	231	DIATARKINIAVAPL	RKINIAVAP	0.2884	2206.7	
IAs	113	TPYYS KPPQRGLQAH	PYYS KPPQR	0.2863	2256.9	
IAs	235	ARKINIAVAPLCNAM	RKINIAVAP	0.2836	2324.6	
IAs	233	ATARKINIAVAPLCN	RKINIAVAP	0.2805	2403.8	
IAs	153	EPDTIRAASH PNIVG	RAASH PNIV	0.2794	2432.1	
IAs	234	TARKINIAVAPLCNA	RKINIAVAP	0.2780	2469.3	
IAs	236	RKINIAVAPLCNAMS	RKINIAVAP	0.2759	2526.9	
IAs	154	PDTIRAASH PNIVGV	RAASH PNIV	0.2652	2836.2	
IAs	155	DTIRAASH PNIVGVK	RAASH PNIV	0.2564	3121.6	
IAs	270	GDPRLPQVAATPEQI	QVAATPEQI	0.2562	3125.8	
IAs	157	IRAASH PNIVGVKDA	RAASH PNIV	0.2539	3203.9	
IAs	143	DIPGRSAVPIEPDTI	AVPIEPDTI	0.2472	3445.8	
IAs	156	TIRAASH PNIVGVKD	RAASH PNIV	0.2458	3497.6	
IAs	144	IPGRSAVPIEPDTIR	RSVAVPIEPD	0.2449	3533.7	
IAs	271	DPRLPQVAATPEQID	QVAATPEQI	0.2423	3635.5	
IAs	249	MSRLGGVTL SKAGLR	VTL SKAGLR	0.2381	3802.0	
IAs	272	PRLPQVAATPEQIDA	QVAATPEQI	0.2369	3851.2	
IAs	103	AEGA HLLVVTPYYS	LLVVTPYYS	0.2361	3886.1	

IAs	142	YDIPGRSAVPIEPDT	RSAVPIEPD	0.2347	3947.3
IAs	273	RLPQVAATPEQIDAL	QVAATPEQI	0.2332	4012.4
IAs	141	LYDIPGRSAVPIEPD	RSAVPIEPD	0.2314	4089.5
IAs	250	SRLGGVTLSKAGLRL	VTLSKAGLR	0.2296	4171.2
IAs	146	GRSAVPIEPDTIRAA	RSAVPIEPD	0.2294	4177.4
IAs	106	AHGLLVVTPYYSKPP	AHGLLVVTP	0.2287	4211.1
IAs	104	EGAHGLLVVTPYYSK	LLVVTPYYS	0.2266	4306.3
IAs	105	GAHGLLVVTPYYSKP	AHGLLVVTP	0.2258	4343.5
IAs	145	PGRSAVPIEPDTIRA	RSAVPIEPD	0.2255	4357.3
IAs	267	IDVGDPRLPQVAATP	IDVGDPRLP	0.2244	4410.2
IAs	266	GIDVGDPRLPQVAAT	IDVGDPRLP	0.2240	4429.4
IAs	237	KINIAVAPLCNAMSR	KINIAVAPL	0.2231	4472.4
IAs	251	RLGGVTLSKAGLRLQ	VTLSKAGLR	0.2227	4491.3
IAs	252	LGGVTLSKAGLRLQG	VTLSKAGLR	0.2204	4606.6
IAs	147	RSVPIEPDTIRAAS	RSVPIEPD	0.2187	4689.2
IAs	102	AAEGAHGLLVVTPYY	GLLVVTPYY	0.2144	4916.2
IAs	158	RAASHPNIVGVKDAK	RAASHPNIV	0.2081	5262.5
IAs	283	QIDALAADMRAASVL	ADMRAASVL	0.2052	5431.8
IAs	254	GVTLSKAGLRLQGID	AGLRLQGID	0.2051	5435.1
IAs	230	GDIATARKINIAVAP	RKINIAVAP	0.2045	5472.5
IAs	284	IDALAADMRAASVLR	ADMRAASVL	0.1984	5842.4
IAs	126	AHFTAVADATEL PML	AVADATELP	0.1885	6503.8
IAs	258	SKAGLRLQGIDVGD	AGLRLQGID	0.1872	6595.8
IAs	255	VTLSKAGLRLQGIDV	AGLRLQGID	0.1856	6714.2
IAs	125	QAHFTAVADATELPM	AVADATELP	0.1851	6745.3
IAs	131	VADATEL PMLLYDIP	LPMLLYDIP	0.1831	6895.6
IAs	274	LPQVAATPEQIDALA	QVAATPEQI	0.1804	7100.2
IAs	127	HFTAVADATEL PMLL	HFTAVADAT	0.1798	7143.2
IAs	253	GGVTLSKAGLRLQGI	VTLSKAGLR	0.1760	7450.4
IAs	75	AVGDRARVIAGAGTY	RVIAGAGTY	0.1700	7946.5
IAs	269	VGDPRLPQVAATPEQ	RLPQVAATP	0.1663	8274.6
IAs	101	CAAEGAHGLLVVTPY	HGLLVVTPY	0.1634	8532.4
IAs	76	VGDRARVIAGAGTYD	RVIAGAGTY	0.1609	8768.6
IAs	268	DVGDPRLPQVAATPE	RLPQVAATP	0.1556	9286.0
IAs	275	PQVAATPEQIDALAA	QVAATPEQI	0.1552	9329.7
IAs	77	GDRARVIAGAGTYDT	RVIAGAGTY	0.1549	9352.8
IAs	124	LQAHFTAVADATELP	TAVADATEL	0.1508	9780.0
IAs	130	AVADATEL PMLLYDI	AVADATELP	0.1504	9825.1
IAs	50	VSGTTGESPTTTDGE	VSGTTGESP	0.1500	9868.1
IAs	78	DRARVIAGAGTYDTA	RVIAGAGTY	0.1492	9952.7
IAs	92	AHSIRLAKACAAEGA	AKACAAEGA	0.1491	9959.9
IAs	129	TAVADATEL PMLLYD	AVADATELP	0.1479	10090.6
IAs	151	PIEPDTIRAASHPNI	DTIRAASHP	0.1464	10255.3
IAs	128	FTAVADATEL PMLLY	AVADATELP	0.1460	10302.3
IAs	276	QVAATPEQIDALAAD	QVAATPEQI	0.1446	10463.3
IAs	137	LPMLLYDIPGRSAVP	LPMLLYDIP	0.1438	10545.8
IAs	49	VVSGTTGESPTTTDG	VSGTTGESP	0.1431	10628.2
IAs	93	HSIRLAKACAAEGAH	AKACAAEGA	0.1430	10636.2
IAs	248	AMSRLGGVTLSKAGL	GGVTLSKAG	0.1422	10737.9
IAs	48	LVVSGTTGESPTTTD	VSGTTGESP	0.1411	10858.0
IAs	47	GLVVSGTTGESPTTT	VSGTTGESP	0.1404	10940.5
IAs	282	EQIDALAADMRAASV	IDALAADMR	0.1394	11064.7
IAs	256	TLKAGLRLQGIDVG	AGLRLQGID	0.1388	11134.2
IAs	207	GFISVIAHLAAGQLR	AHLAAGQLR	0.1380	11233.3
IAs	94	SIRLAKACAAEGAHG	KACAAEGAH	0.1367	11391.4
IAs	95	IRLAKACAAEGAHGL	AKACAAEGA	0.1366	11399.0
IAs	140	LLYDIPGRSAVPIEP	GRSAVPIEP	0.1360	11479.9
IAs	257	LSKAGLRLQGIDVGD	AGLRLQGID	0.1339	11739.5
IAs	114	PYYSKPPQRGLQAHF	PYYSKPPQR	0.1311	12110.2
IAs	136	ELPMLLYDIPGRSAV	LPMLLYDIP	0.1310	12117.5



IAs	96	RLAKACAAEGAHGLL	KACAAEGAH	0.1300	12252.4
IAs	97	LAKACAAEGAHGLLV	KACAAEGAH	0.1295	12312.7
IAs	132	ADATELPMLLYDIPG	LPMLLYDIP	0.1295	12321.5
IAs	160	ASHPNIVGVKDAKAD	VGVKDAKAD	0.1290	12384.8
IAs	133	DATELPMLLYDIPGR	LPMLLYDIP	0.1289	12392.7
IAs	46	DGLVVSGETTGESPTT	VSGTTGESP	0.1268	12686.5
IAs	135	TELPMLLYDIPGRSA	LPMLLYDIP	0.1265	12720.9
IAs	208	FISVIAHLAAGQLRE	AHLAAGQLR	0.1262	12756.3
IAs	162	HPNIVGVKDAKADLH	VGVKDAKAD	0.1261	12783.8
IAs	278	AATPEQIDALAADMR	IDALAADMR	0.1252	12908.9
IAs	134	AATELPMLLYDIPGRS	LPMLLYDIP	0.1235	13135.2
IAs	90	DTAHSIRLAKACAAE	AHSIRLAKA	0.1207	13542.1
IAs	238	INIAVAPLCNAMSRL	INIAVAPLC	0.1205	13571.9
IAs	91	TAHSIRLAKACAAEG	AHSIRLAKA	0.1195	13729.3
IAs	79	RARVIAGAGTYDTAH	RVIAGAGTY	0.1167	14143.4
IAs	149	AVPIEPDTIRAASHP	DTIRAASHP	0.1161	14236.9
IAs	10	RLGTLLTAMVTPFSG	TLLTAMVTP	0.1157	14297.5
IAs	227	FGSGDIATARKINIA	ATARKINIA	0.1149	14427.1
IAs	279	ATPEQIDALAADMRA	IDALAADMR	0.1141	14547.7
IAs	26	GSLDTATAARLANHL	TAARLANHL	0.1127	14776.9
IAs	13	TLLTAMVTPFSGDGS	TLLTAMVTP	0.1124	14825.6
IAs	161	SHPNIVGVKDAKADL	VGVKDAKAD	0.1122	14846.0
IAs	98	AKACAAEGAHGLLVV	AKACAAEGA	0.1121	14869.5
IAs	139	MLLYDIPGRSAVPIE	IPGRSAVPI	0.1114	14977.3
IAs	280	TPEQIDALAADMRAA	IDALAADMR	0.1106	15113.6
IAs	229	SGDIATARKINIAVA	ATARKINIA	0.1100	15205.1
IAs	27	SLDTATAARLANHLV	TAARLANHL	0.1097	15264.4
IAs	11	LGTLLTAMVTPFSGD	TLLTAMVTP	0.1095	15288.2
IAs	12	GTLLTAMVTPFSGDG	TLLTAMVTP	0.1094	15305.5
IAs	28	LDTATAARLANHLVD	TAARLANHL	0.1094	15315.1
IAs	138	PMLLYDIPGRSAVPI	IPGRSAVPI	0.1088	15406.6
IAs	80	ARVIAGAGTYDTAHS	RVIAGAGTY	0.1082	15504.3
IAs	163	PNIVGVKDAKADLHS	VKDAKADLH	0.1081	15526.6
IAs	281	PEQIDALAADMRAAS	IDALAADMR	0.1075	15620.8
IAs	150	VPIEPDTIRAASHPN	DTIRAASHP	0.1063	15837.5
IAs	81	RVIAGAGTYDTAHSI	RVIAGAGTY	0.1054	15984.5
IAs	29	DTATAARLANHLVDQ	TAARLANHL	0.1052	16026.9
IAs	45	CDGLVVSGETTGESPT	VSGTTGESP	0.1026	16481.3
IAs	167	GVKDAKADLHSGAQI	ADLHSGAQI	0.1017	16630.2
IAs	176	HSGAQIMADTGLAYY	HSGAQIMAD	0.1005	16853.2
IAs	209	ISVIAHLAAGQLREL	AHLAAGQLR	0.1002	16907.4
IAs	116	YSKPPQRGLQAHFTA	RGLQAHFTA	0.0999	16964.4
IAs	188	AYYSGDDALNLPWLA	DALNLPWLA	0.0995	17031.9
IAs	148	SAVPIEPDTIRAASH	AVPIEPDTI	0.0989	17149.5
IAs	100	ACAAEGAHGLLVVTP	AHGLLVVTP	0.0983	17269.0
IAs	89	YDTAHSIRLAKACAA	AHSIRLAKA	0.0964	17625.0
IAs	123	GLQAHFTAVADATEL	TAVADATEL	0.0962	17655.0
IAs	189	YYSGDDALNLPWLAM	DALNLPWLA	0.0961	17682.9
IAs	9	ARLGTLLTAMVTPFS	TLLTAMVTP	0.0958	17727.6
IAs	164	NIVGVKDAKADLHSG	VGVKDAKAD	0.0956	17769.0
IAs	210	SVIAHLAAGQLRELL	AHLAAGQLR	0.0953	17832.8
IAs	168	VKDAKADLHSGAQIM	VKDAKADLH	0.0939	18094.8
IAs	191	SGDDALNLPWLAMGA	DALNLPWLA	0.0937	18137.1
IAs	212	IAHLAAGQLRELLSA	AHLAAGQLR	0.0935	18184.3
IAs	190	YSGDDALNLPWLAMG	DALNLPWLA	0.0934	18193.3
IAs	165	IVGVKDAKADLHSGA	VGVKDAKAD	0.0933	18224.5
IAs	31	ATAARLANHLVDQGC	TAARLANHL	0.0931	18258.0
IAs	121	QRGLQAHFTAVADAT	HFTAVADAT	0.0925	18378.9
IAs	173	ADLHSGAQIMADTGL	HSGAQIMAD	0.0919	18489.8
IAs	117	SKPPQRGLQAHFTAV	RGLQAHFTA	0.0916	18559.6

IAs	226	AFGSGDIATARKINI	GDIATARKI	0.0916	18563.0
IAs	211	VIAHLAAGQLRELLS	AHLAAGQLR	0.0915	18571.2
IAs	175	LHSGAQIMADTGLAY	HSGAQIMAD	0.0913	18614.9
IAs	166	VGVKDAKADLHSGAQ	VGVKDAKAD	0.0911	18664.7
IAs	30	TATAARLANHLVDQG	TAARLANHL	0.0894	19012.4
IAs	224	LSAFGSGDIATARKI	GDIATARKI	0.0894	19015.1
IAs	228	GSGDIATARKINIAV	ATARKINIA	0.0890	19092.8
IAs	1	TTVGFVDVAARLGTLL	TVGFVDVAAR	0.0889	19102.7
IAs	159	AASHPNIVGVKDAKA	NIVGVKDAK	0.0889	19108.5
IAs	25	DGSLDTATAARLANH	DTATAARLA	0.0884	19211.8
IAs	2	TVGFVDVAARLGTLLT	TVGFVDVAAR	0.0882	19246.3
IAs	0	VTTVGFVDVAARLGTLL	VGFDVAARL	0.0879	19306.4
IAs	213	AHLAAGQLRELLSAF	AHLAAGQLR	0.0878	19336.0
IAs	44	GCDGLVVSGTTGESP	VSGTTGESP	0.0876	19370.8
IAs	174	DLHSGAQIMADTGLA	QIMADTGLA	0.0873	19436.1
IAs	172	KADLHSGAQIMADTG	HSGAQIMAD	0.0868	19556.5
IAs	118	KPPQRGLQAHFTAVA	QRGLQAHFT	0.0864	19641.2
IAs	225	SAFGSGDIATARKIN	GDIATARKI	0.0862	19664.5
IAs	171	AKADLHSGAQIMADT	ADLHSGAQI	0.0847	19989.1
IAs	88	TYDTAHSIRLAKACA	HSIRLAKAC	0.0839	20164.6
IAs	8	AARLGTLLLTAMVTPF	TLLLTAMVTP	0.0839	20178.4
IAs	122	RGLQAHFTAVADATE	HFTAVADAT	0.0836	20230.2
IAs	239	NIAVAPLCNAMSRLG	APLCNAMS	0.0831	20349.2
IAs	87	GTYDTAHSIRLAKAC	HSIRLAKAC	0.0830	20367.7
IAs	277	VAATPEQIDALAADM	VAATPEQID	0.0822	20547.0
IAs	115	YYSKPPQRGLQAHFT	YYSKPPQRG	0.0816	20677.7
IAs	247	NAMSRLGGVTLKAG	GGVTLKAG	0.0803	20965.1
IAs	240	IAPVAPLCNAMSRLGG	APLCNAMS	0.0799	21059.0
IAs	193	DDALNLPWLAMGATG	DALNLPWLA	0.0779	21524.8
IAs	120	PQRGLQAHFTAVADA	QRGLQAHFT	0.0766	21825.4
IAs	242	VAPLCNAMSRLGGVT	APLCNAMS	0.0763	21893.8
IAs	177	SGAQIMADTGLAYYS	SGAQIMADT	0.0754	22110.7
IAs	192	GDDALNLPWLAMGAT	DALNLPWLA	0.0754	22121.0
IAs	7	VAARLGTLLLTAMVTP	TLLLTAMVTP	0.0747	22274.7
IAs	241	AVAPLCNAMSRLGGV	APLCNAMS	0.0741	22415.6
IAs	243	APLCNAMSRLGGVTL	APLCNAMS	0.0705	23325.1
IAs	74	EAVGDRARVIAGAGT	AVGDRARVI	0.0703	23356.7
IAs	14	LLTAMVTPFSGDGSL	LLTAMVTPF	0.0699	23462.8
IAs	51	SGTTGESPTTTDGEK	TTGESPTTT	0.0699	23470.7
IAs	170	DAKADLHSGAQIMAD	HSGAQIMAD	0.0695	23560.3
IAs	206	TGFISVIAHLAAGQL	GFISVIAHL	0.0689	23729.1
IAs	119	PPQRGLQAHFTAVAD	QRGLQAHFT	0.0684	23845.2
IAs	201	LAMGATGFISVIAHL	GFISVIAHL	0.0674	24110.3
IAs	194	DALNLPWLAMGATGF	DALNLPWLA	0.0673	24129.4
IAs	65	KIELLRAVLEAVGDR	RAVLEAVGD	0.0667	24297.3
IAs	64	EKIELLRAVLEAVGD	RAVLEAVGD	0.0665	24343.9
IAs	69	LRAVLEAVGDRARVI	AVGDRARVI	0.0650	24753.4
IAs	223	LLSAFGSGDIATARK	SAFGSGDIA	0.0640	25004.1
IAs	202	AMGATGFISVIAHLA	GFISVIAHL	0.0637	25085.3
IAs	187	LAYYSGDDALNLPWL	SGDDALNLP	0.0625	25415.4
IAs	195	ALNLPWLAMGATGFI	PWLAMGATG	0.0621	25539.7
IAs	196	LNLNLPWLAMGATGFI	LPWLAMGAT	0.0613	25748.1
IAs	203	MGATGFISVIAHLAA	GFISVIAHL	0.0611	25806.1
IAs	59	TTTDGEKIELLRAVL	TDGEKIELL	0.0610	25835.1
IAs	61	TDGEKIELLRAVLEA	TDGEKIELL	0.0606	25948.3
IAs	60	TTDGEKIELLRAVLE	TDGEKIELL	0.0606	25959.5
IAs	219	QLRELLSAFGSGDIA	SAFGSGDIA	0.0605	25988.5
IAs	15	LTAMVTPFSGDGSLD	LTAMVTPFS	0.0604	26004.0
IAs	68	LLRAVLEAVGDRARV	RAVLEAVGD	0.0603	26033.0
IAs	205	ATGFISVIAHLAAGQ	GFISVIAHL	0.0603	26036.1

IAs	55	GESPTTTDGEKIELL	TDGEKIELL	0.0598	26166.2
IAs	58	PTTTDGEKIELLRVAV	EKIELLRVAV	0.0592	26364.6
IAs	99	KACAAEGAHGLLVVT	KACAAEGAH	0.0591	26371.5
IAs	66	IELLRVAVLEAVGDRA	RAVLEAVGD	0.0590	26404.8
IAs	70	RAVLEAVGDRRARVIA	AVGDRRARVI	0.0586	26532.9
IAs	169	KDAKADLHSGAQIMA	ADLHSGAQI	0.0582	26632.1
IAs	246	CNAMSRLGGVTL SKA	GGVTL SKA	0.0582	26642.2
IAs	52	GTTGESPTTTDGEKI	TTGESPTTT	0.0580	26704.5
IAs	204	GATGFISVIAHLAAG	GFISVIAHL	0.0569	27002.6
IAs	6	DVAARLGTLLTAMVT	GTLLTAMVT	0.0551	27549.8
IAs	67	ELLRAVLEAVGDRAR	RAVLEAVGD	0.0550	27567.3
IAs	73	LEAVGDRARVIAGAG	AVGDRRARVI	0.0550	27581.1
IAs	220	LRELLSAFGSGDIAT	SAFGSGDIA	0.0534	28067.6
IAs	198	LPWLAMGATGFISVI	LPWLAMGAT	0.0529	28206.7
IAs	3	VGFDVAARLGTLLTA	VGFDVAARL	0.0524	28354.5
IAs	221	RELLSAFGSGDIATA	SAFGSGDIA	0.0516	28613.1
IAs	222	ELLSAFGSGDIATAR	SAFGSGDIA	0.0514	28664.2
IAs	23	SGDGSLDTATAARLA	DTATAARLA	0.0511	28755.2
IAs	33	AARLANHLVDQCGDG	HLVDQCGDG	0.0508	28873.1
IAs	185	TGLAYYSGDDALNLP	SGDDALNLP	0.0502	29051.0
IAs	5	FDVAARLGTLLTAMV	RLGTLLTAM	0.0498	29160.6
IAs	86	AGTYDTAHSIRLAKA	AHSIRLAKA	0.0498	29170.1
IAs	197	NLPWLAMGATGFISV	LPWLAMGAT	0.0497	29204.2
IAs	56	ESPTTTDGEKIELLR	TDGEKIELL	0.0496	29237.1
IAs	57	SPTTTDGEKIELLRA	TDGEKIELL	0.0493	29334.7
IAs	63	GEKIELLRVAVLEAVG	EKIELLRVAV	0.0492	29356.9
IAs	4	GFDVAARLGTLLTAM	RLGTLLTAM	0.0490	29425.9
IAs	62	DGEKIELLRVAVLEAV	EKIELLRVAV	0.0483	29651.6
IAs	186	GLAYYSGDDALNLPW	SGDDALNLP	0.0477	29830.5
IAs	72	VLEAVGDRARVIAGA	AVGDRRARVI	0.0475	29892.8
IAs	199	PWLAMGATGFISVIA	PWLAMGATG	0.0464	30280.8
IAs	32	TAARLANHLVDQGCD	TAARLANHL	0.0461	30377.7
IAs	200	WLAMGATGFISVIAH	TGFISVIAH	0.0460	30403.6
IAs	35	RLANHLVDQCDGLV	RLANHLVDQ	0.0456	30528.6
IAs	24	GDGSLDTATAARLAN	DTATAARLA	0.0454	30595.4
IAs	34	ARLANHLVDQCDGL	RLANHLVDQ	0.0452	30654.7
IAs	71	AVLEAVGDRARVIAG	AVGDRRARVI	0.0449	30763.0
IAs	83	IAGAGTYDTAHSIRL	AGAGTYDTA	0.0443	30974.1
IAs	84	AGAGTYDTAHSIRLA	AGAGTYDTA	0.0439	31102.0
IAs	82	VIAGAGTYDTAHSIR	AGAGTYDTA	0.0438	31136.0
IAs	36	LANHLVDQCDGLVV	HLVDQCGDG	0.0426	31524.5
IAs	178	GAQIMADTGLAYYSG	AQIMADTGL	0.0422	31668.1
IAs	16	TAMVTPFSGDGSLDT	TAMVTPFSG	0.0412	32021.9
IAs	39	HLVDQCDGLVVS	CDGLVVS	0.0403	32330.4
IAs	53	TTGESPTTTDGEKIE	SPTTTDGEK	0.0392	32703.7
IAs	214	HLAAGQLRELLSAFG	AAGQLRELL	0.0392	32722.8
IAs	215	LAAGQLRELLSAFGS	AAGQLRELL	0.0389	32807.9
IAs	182	MADTGLAYYSGDDAL	AYYSGDDAL	0.0382	33064.8
IAs	54	TGESPTTTDGEKIEL	ESPTTTDGE	0.0377	33248.8
IAs	37	ANHLVDQCDGLVVS	HLVDQCGDG	0.0374	33358.0
IAs	41	VDQCDGLVVS	CDGLVVS	0.0374	33368.1
IAs	42	DQCGDGLVVS	CDGLVVS	0.0366	33660.0
IAs	180	QIMADTGLAYYSGDD	QIMADTGLA	0.0361	33840.1
IAs	43	QCGDGLVVS	CDGLVVS	0.0358	33951.2
IAs	179	AQIMADTGLAYYSGD	QIMADTGLA	0.0355	34046.5
IAs	38	NHLVDQCDGLVVS	HLVDQCGDG	0.0349	34280.1
IAs	216	AAGQLRELLSAFGSG	AAGQLRELL	0.0347	34358.8
IAs	245	LCNAMSRLGGVTL SK	NAMSRLGGV	0.0346	34377.0
IAs	181	IMADTGLAYYSGDDA	MADTGLAYY	0.0341	34559.8
IAs	244	PLCNAMSRLGGVTL S	NAMSRLGGV	0.0320	35380.8

IAs	40	LVDQGC DGLV VSGTT	DGLV VSGTT	0.0319	35391.9
IAs	22	FSGDGS LDTATAARL	LDTATAARL	0.0317	35463.9
IAs	85	GAGTYDTAHSIRLAK	DTAHSIRLA	0.0298	36225.2
IAs	183	ADTGLAYYS GDDALN	AYYS GDDAL	0.0273	37198.8
IAs	184	DTGLAYYS GDDALNL	AYYS GDDAL	0.0263	37637.2
IAs	218	GQLRELLSAFGSGDI	ELLSAFGSG	0.0249	38189.8
IAs	20	TPFSGDGS LDTATAA	GSLDTATAA	0.0248	38249.7
IAs	21	PFSGDGS LDTATAAR	GSLDTATAA	0.0244	38401.5
IAs	17	AMVTPFSGDGS LDTA	TPFSGDGS L	0.0224	39248.3
IAs	18	MVTPFSGDGS LDTAT	TPFSGDGS L	0.0219	39449.3
IAs	217	AGQLRELLSAFGSGD	ELLSAFGSG	0.0197	40421.4
IAs	19	VTPFSGDGS LDTATA	TPFSGDGS L	0.0195	40491.0

---

Allele: IAs. Number of high binders 0. Number of weak binders 4. Number of peptides

---

**Explain** the output. Go **back**.

---