

**Supplemental Table 1.** The detailed comparison of four methods (CONFOLD, customized CNS, Modeller, and Reconstruct) on 150 proteins in the FRAGFOLD dataset.

PDB	Native				CONFOLD		customized CNS				Modeller				Reconstruct					
	L	N <sub>c</sub>	H	E	TM-score	RMSD	H	E	TM-score	RMSD	H	E	TM-score	RMSD	H	E	TM-score	RMSD	H	E
3bor	194	437	84	28	0.95	1.50	85	26	0.89	2.12	4	18	0.63	6.38	77	4	0.88	2.12	0	0
laoe	192	403	39	65	0.91	1.80	37	35	0.86	2.23	4	14	0.57	7.99	35	6	0.84	2.44	0	12
lvp6	133	276	51	33	0.92	1.40	50	32	0.82	2.64	0	14	0.44	8.97	44	0	0.80	2.72	0	11
lbd0	80	192	0	36	0.82	1.65	0	18	0.84	1.78	0	0	0.55	4.32	0	0	0.83	1.71	0	4
lxkr	205	432	84	56	0.96	1.37	82	51	0.89	2.03	4	10	0.70	7.00	82	22	0.88	2.19	8	14
1m8a	61	95	10	17	0.77	1.78	10	11	0.70	2.47	0	0	0.50	8.45	11	0	0.64	2.50	0	0
lj3a	129	251	49	17	0.88	1.77	48	17	0.80	2.65	0	8	0.81	2.64	51	4	0.72	3.59	0	0
ljbe	126	247	54	22	0.92	1.32	53	19	0.83	2.17	0	5	0.87	1.89	54	15	0.81	2.58	7	15
lrw7	235	606	73	33	0.94	1.50	68	27	0.90	2.05	4	4	0.53	9.11	52	0	0.89	2.27	4	8
li58	189	360	79	46	0.90	1.80	80	39	0.73	4.04	0	8	0.40	11.37	70	6	0.70	4.21	0	0
1mug	165	353	53	28	0.92	1.51	54	28	0.89	1.81	4	17	0.32	13.13	45	0	0.88	2.13	0	11
lxdz	238	545	92	53	0.95	1.42	92	40	0.89	2.24	8	8	0.88	2.34	96	41	0.87	2.61	4	8
lkw4	68	72	40	0	0.78	2.46	38	0	0.57	3.53	0	0	0.77	2.60	39	0	0.54	3.77	0	0
1w0h	194	403	54	31	0.90	2.46	50	19	0.83	2.90	0	8	0.50	11.72	50	0	0.83	2.82	0	4
1h98	77	137	18	12	0.86	1.40	19	0	0.78	2.00	0	10	0.65	3.08	19	4	0.76	2.06	0	0
1ej8	140	365	0	72	0.82	2.28	0	63	0.88	1.88	0	4	0.73	4.32	0	22	0.86	1.98	0	0
1chd	198	562	57	47	0.96	1.15	57	38	0.92	1.74	4	8	0.91	1.81	59	43	0.92	1.71	5	10
1atz	184	452	67	40	0.94	1.40	65	37	0.91	1.79	0	4	0.39	12.03	53	0	0.90	1.75	4	8
1vjk	87	192	17	22	0.89	1.34	17	19	0.77	2.08	0	6	0.86	1.65	17	20	0.78	2.03	0	4
1qjp	137	392	0	107	0.92	1.76	0	95	0.77	2.99	0	15	0.51	9.35	0	7	0.71	3.56	0	0
1dqg	134	346	0	42	0.90	1.69	0	34	0.91	1.43	0	5	0.91	1.41	0	28	0.90	1.60	0	8
lj0s	100	169	44	22	0.89	1.72	43	11	0.77	2.88	0	6	0.55	6.59	39	0	0.70	3.10	0	5
1gmX	107	217	45	20	0.92	1.23	43	14	0.82	2.20	8	4	0.39	8.97	41	4	0.79	2.36	0	10
1fvG	189	439	49	25	0.91	1.83	48	21	0.87	2.45	0	6	0.67	5.74	45	6	0.84	2.98	0	8
1a6m	151	200	112	0	0.94	1.25	105	0	0.67	3.96	0	0	0.90	1.68	114	0	0.58	5.83	0	0
1iib	103	200	50	21	0.93	1.04	49	19	0.84	2.12	0	8	0.74	3.59	45	8	0.80	2.79	0	0
1tqh	242	542	109	34	0.94	1.58	98	31	0.87	2.77	0	13	0.36	13.42	94	0	0.85	2.79	0	4
5ptp	222	653	16	72	0.95	1.30	16	54	0.93	1.61	4	6	0.84	3.16	16	42	0.93	1.71	0	10
2vxn	249	563	98	39	0.95	1.50	88	34	0.91	1.94	4	10	0.77	4.94	87	18	0.88	2.48	4	14
1a70	97	220	13	33	0.90	1.24	11	24	0.85	1.67	0	8	0.84	1.78	13	22	0.82	2.07	0	0
1htw	158	335	47	46	0.94	1.29	47	46	0.86	2.30	0	0	0.85	2.54	44	15	0.85	2.26	0	4
1ag6	99	237	4	35	0.88	1.56	4	27	0.85	1.80	0	4	0.42	7.78	0	4	0.83	1.78	0	0
1dlw	116	148	73	0	0.92	1.48	67	0	0.66	3.63	4	0	0.90	1.54	75	0	0.61	3.92	4	0
1h4x	110	195	46	36	0.88	1.62	48	26	0.77	2.42	0	6	0.73	2.80	45	10	0.75	2.81	0	6
2cua	122	313	0	56	0.91	1.39	0	52	0.89	1.53	0	4	0.37	11.66	0	0	0.85	1.88	0	20
1dsx	87	138	30	18	0.89	1.30	28	15	0.73	2.55	0	4	0.89	1.30	33	12	0.72	2.49	0	0
1bkr	108	158	58	0	0.91	1.28	55	0	0.78	2.50	0	0	0.85	1.96	55	0	0.75	2.86	0	0
1i4j	110	230	38	34	0.79	3.95	33	32	0.63	3.60	4	0	0.73	4.07	37	0	0.65	5.46	0	6
1i1n	224	570	65	57	0.94	1.63	69	41	0.92	1.92	8	8	0.94	1.75	68	39	0.91	1.94	0	0
1r26	113	199	43	28	0.86	1.71	42	26	0.77	2.72	5	0	0.60	7.07	38	0	0.76	2.92	0	6
1dmg	172	329	76	30	0.88	2.83	66	23	0.82	4.20	8	4	0.78	4.08	71	18	0.81	4.24	0	6
1k7c	233	591	77	33	0.95	1.39	74	28	0.91	1.83	0	0	0.91	2.20	81	24	0.90	2.04	4	6
1k6k	142	231	89	4	0.93	1.33	88	0	0.78	2.65	0	0	0.84	2.50	83	0	0.74	3.39	0	0
1smx	87	172	0	29	0.77	2.33	0	29	0.77	3.14	4	8	0.40	7.13	0	0	0.75	2.73	0	0
1ny1	231	522	79	32	0.94	1.72	75	24	0.89	2.39	0	8	0.57	9.54	71	4	0.87	2.42	0	4
1qf9	194	349	104	29	0.94	1.35	100	23	0.83	2.70	4	19	0.68	7.20	98	6	0.80	3.13	9	10
1nps	88	213	6	40	0.93	1.00	7	32	0.85	1.64	0	4	0.61	6.90	6	4	0.83	1.65	0	8
1d0q	102	175	36	17	0.87	1.65	35	11	0.73	2.67	0	0	0.78	2.31	36	0	0.73	2.59	0	0
1fvk	188	329	95	20	0.92	1.61	91	17	0.81	2.82	0	0	0.58	6.50	85	0	0.75	3.79	0	12
1jfx	217	543	62	53	0.93	1.59	60	47	0.89	2.09	0	0	0.85	3.57	61	30	0.92	1.77	0	0
1beh	184	477	14	49	0.93	1.54	13	44	0.92	1.60	0	0	0.68	7.52	13	17	0.90	1.88	0	6
1vhu	187	458	68	40	0.95	1.34	65	34	0.90	1.92	0	19	0.81	3.29	70	20	0.86	2.50	0	4
1fey	236	378	148	8	0.95	1.40	142	10	0.84	2.97	12	0	0.56	10.69	139	0	0.71	4.79	4	0
1hh8	192	322	119	6	0.92	1.68	113	4	0.84	2.57	4	0	0.78	4.11	114	0	0.76	3.51	4	0
1p90	123	255	36	36	0.89	1.51	33	26	0.79	2.51	0	7	0.72	3.73	37	8	0.76	3.01	0	0
1t8k	77	108	42	0	0.89	1.17	38	0	0.76	2.24	0	0	0.88	1.33	42	0	0.68	2.56	0	0
1cxy	81	131	19	16	0.81	1.91	13	12	0.73	2.52	0	4	0.59	4.42	18	0	0.69	2.79	0	0
1ku3	61	57	36	0	0.73	3.42	35	0	0.38	7.82	0	0	0.78	3.04	38	0	0.39	4.97	0	0
1hfc	157	339	40	23	0.92	1.51	39	15	0.88	1.84	0	0	0.65	6.08	39	0	0.86	2.13	0	0
1pko	123	299	0	59	0.81	3.78	0	44	0.77	4.55	0	0	0.63	4.78	0	8	0.79	3.97	0	13
1lpy	147	186	66	14	0.85	2.08	61	0	0.57	4.92	0	7	0.44	10.06	48	0	0.59	5.28	0	0
1atl	200	453	72	39	0.93	1.52	71	25	0.91	1.86	4	8	0.70	4.65	67	11	0.88	2.16	4	4
1eaz	103	210	21	39	0.89	1.53	20	36	0.83	2.14	0	4	0.77	2.77	21	4	0.79	2.33	0	6
1h0p	182	506	20	64	0.91	1.71	20	36	0.90	1.77	4	9	0.38	12.58	7	0	0.89	1.94	0	16

lql0	241	613	41	47	0.94	1.57	32	38	0.92	1.81	8	12	0.56	8.06	30	0	0.90	2.12	0	14
ltif	76	116	24	22	0.78	2.12	24	14	0.55	6.77	0	0	0.57	5.08	23	4	0.58	5.23	0	4
lfk5	93	140	51	0	0.90	1.27	54	0	0.75	2.50	4	0	0.60	4.23	47	0	0.68	2.84	0	0
lfna	91	194	0	42	0.81	2.11	0	38	0.81	2.36	0	11	0.39	9.40	0	0	0.75	2.61	0	0
lh2e	207	458	73	36	0.94	1.52	74	27	0.87	2.30	0	0	0.40	13.02	63	4	0.86	2.58	0	12
lczn	169	406	46	37	0.94	1.31	45	32	0.90	1.73	0	15	0.37	11.04	36	0	0.89	1.86	0	10
ljo8	58	127	0	23	0.76	1.72	0	15	0.80	1.50	0	4	0.71	2.53	0	0	0.73	1.81	0	0
ljcx	209	463	68	52	0.93	1.62	68	33	0.87	2.42	0	0	0.87	2.60	68	24	0.87	2.34	0	21
ldbx	150	387	39	34	0.93	1.51	38	26	0.90	1.79	0	6	0.57	6.10	30	0	0.87	1.97	0	9
lej0	180	415	67	50	0.94	1.34	63	40	0.88	2.15	0	0	0.56	9.25	58	8	0.85	2.45	0	8
llo7	140	287	32	62	0.90	1.57	31	44	0.75	2.92	0	4	0.72	4.28	30	17	0.71	3.38	0	4
lne2	172	416	63	41	0.89	1.94	61	35	0.84	2.35	4	6	0.81	3.35	66	29	0.80	2.94	0	4
ld1q	159	353	56	23	0.93	1.41	56	17	0.87	2.16	0	0	0.39	11.87	49	0	0.86	2.17	0	4
lsvy	101	224	23	26	0.89	1.43	24	22	0.84	1.89	0	0	0.87	2.11	23	22	0.80	2.26	0	12
lkqr	160	441	10	90	0.91	1.58	9	68	0.90	1.74	0	16	0.37	11.28	10	6	0.90	1.70	0	14
2phy	125	258	30	35	0.90	1.53	26	31	0.83	2.13	0	11	0.36	11.44	14	0	0.80	2.34	0	0
lgbs	185	390	92	4	0.93	1.52	89	0	0.85	2.36	15	0	0.83	2.96	90	0	0.84	2.54	4	0
lryb	186	455	61	40	0.93	1.59	59	40	0.87	2.42	4	4	0.79	5.51	61	20	0.86	2.84	0	16
lbrf	53	91	0	10	0.80	1.30	0	4	0.77	1.47	0	0	0.64	2.73	0	0	0.72	1.85	0	8
lbeb	156	382	15	66	0.90	1.67	15	46	0.88	1.84	0	10	0.52	9.22	14	0	0.88	1.91	4	6
laba	87	140	30	16	0.89	1.33	30	16	0.74	2.24	0	0	0.52	6.26	25	0	0.67	3.25	0	4
lk7j	199	480	48	37	0.91	1.82	46	32	0.90	1.87	4	8	0.52	11.59	42	4	0.87	2.23	0	20
lj1l	152	346	53	44	0.89	2.20	49	40	0.79	3.22	0	15	0.51	8.82	49	7	0.76	3.61	4	0
lvfy	67	109	12	16	0.66	2.58	12	10	0.55	3.51	0	0	0.55	5.67	12	0	0.59	4.61	0	4
llm4	189	461	39	43	0.88	2.45	43	27	0.85	2.76	4	5	0.46	9.40	34	0	0.83	2.98	0	4
ld4o	177	404	58	30	0.94	1.28	56	26	0.91	1.79	4	8	0.33	14.94	38	0	0.87	2.19	0	8
2mhr	118	149	76	0	0.92	1.25	77	0	0.67	3.58	0	0	0.47	8.59	70	0	0.68	3.25	4	0
lavs	81	88	51	4	0.87	1.41	48	0	0.65	3.52	0	0	0.83	1.84	51	0	0.60	3.52	4	0
lc9o	66	155	0	40	0.84	1.41	0	34	0.80	1.62	0	0	0.61	3.63	0	0	0.81	1.65	0	4
lnrv	100	209	18	26	0.90	1.31	18	19	0.86	1.66	0	0	0.81	2.68	19	19	0.82	1.98	0	14
lwjx	112	232	19	51	0.84	1.94	18	38	0.84	2.04	0	4	0.47	7.61	12	0	0.80	2.24	0	4
laap	56	114	8	14	0.81	1.39	7	14	0.77	1.48	4	0	0.64	2.61	8	0	0.68	2.24	0	8
lek0	168	396	47	46	0.94	1.33	45	42	0.89	1.87	0	0	0.86	2.69	48	36	0.87	2.13	0	12
lf6b	176	361	43	38	0.91	1.77	43	38	0.85	2.33	0	15	0.72	4.98	42	21	0.84	2.43	0	8
lmk0	97	181	38	21	0.91	1.27	37	14	0.77	2.35	4	6	0.76	2.62	37	0	0.75	2.65	0	8
2tps	226	525	96	35	0.95	1.48	94	34	0.90	2.24	0	6	0.44	12.27	70	6	0.88	2.37	5	8
lgz2	138	333	21	40	0.90	1.71	21	29	0.87	1.89	0	0	0.47	7.92	20	0	0.83	2.45	0	8
lvmb	107	200	36	47	0.85	1.87	36	32	0.74	3.18	0	4	0.86	1.67	37	29	0.65	4.90	0	0
ljbk	189	355	84	29	0.92	1.81	77	27	0.86	2.44	4	0	0.46	10.49	61	0	0.82	2.85	0	4
lf10	164	421	4	61	0.91	1.63	4	41	0.91	1.68	0	18	0.49	9.30	0	0	0.89	1.77	0	10
lcc8	72	137	21	26	0.89	1.17	21	15	0.75	2.24	0	0	0.75	2.13	24	4	0.66	2.61	0	0
lilj	106	255	0	37	0.84	1.90	0	33	0.82	2.44	0	4	0.54	7.50	0	4	0.80	2.15	0	9
lm4j	133	259	50	40	0.88	1.72	47	33	0.83	2.65	4	4	0.61	5.84	46	0	0.83	2.59	4	6
lgzc	239	726	4	101	0.95	1.41	4	83	0.93	1.71	0	8	0.70	6.70	4	32	0.89	2.13	0	4
lctf	68	126	35	18	0.87	1.44	33	9	0.78	1.97	0	4	0.82	1.59	34	6	0.63	2.81	0	0
2arc	161	348	35	55	0.91	1.68	33	45	0.84	2.50	0	12	0.44	10.11	33	0	0.83	2.51	0	0
lkq6	136	197	44	22	0.85	2.01	35	8	0.67	3.73	4	4	0.42	10.97	35	0	0.71	3.68	0	0
lpch	88	185	32	22	0.92	1.14	32	19	0.78	2.07	0	17	0.70	4.36	32	0	0.76	2.08	0	0
lnb9	147	295	31	44	0.89	1.73	26	37	0.84	2.36	0	15	0.49	10.30	31	4	0.77	3.12	0	8
ltqg	105	120	88	0	0.95	1.06	89	0	0.47	6.40	0	0	0.94	1.06	88	0	0.52	5.52	0	0
lcjw	166	349	44	47	0.89	2.02	39	28	0.86	2.55	8	12	0.74	6.28	35	23	0.84	2.62	0	12
lbsg	266	655	109	44	0.96	1.33	105	38	0.91	2.12	8	16	0.56	10.58	96	0	0.89	2.40	4	0
lktg	137	311	37	60	0.87	2.37	36	47	0.85	2.05	4	16	0.48	10.13	35	0	0.82	2.37	0	6
lwkc	166	373	40	41	0.93	1.37	39	32	0.89	1.88	4	4	0.83	2.63	41	24	0.87	2.16	0	4
lg9o	91	183	13	31	0.81	2.91	13	21	0.79	3.17	0	6	0.37	11.35	9	0	0.75	2.95	0	0
ldix	208	436	52	40	0.92	1.63	48	30	0.89	2.17	0	18	0.82	4.69	53	32	0.86	2.45	0	4
lfqt	109	281	0	44	0.90	1.33	0	35	0.87	1.56	0	17	0.46	7.95	0	0	0.87	1.73	0	11
lhxn	210	512	15	72	0.90	1.86	5	32	0.92	1.78	0	24	0.90	1.99	13	13	0.90	1.91	0	10
lwhi	122	328	10	39	0.87	1.75	6	31	0.86	1.87	0	4	0.58	6.91	6	0	0.86	2.03	0	5
lxff	238	698	52	79	0.97	1.12	49	69	0.93	1.66	0	8	0.57	8.88	44	4	0.92	1.76	0	12
ljyh	155	317	33	62	0.87	2.39	29	54	0.68	4.63	4	0	0.51	8.75	30	0	0.68	4.39	0	6
li5g	144	300	42	34	0.91	1.55	40	21	0.88	1.84	0	0	0.35	10.86	35	4	0.84	2.18	0	12
2hs1	99	210	4	49	0.84	1.92	0	37	0.80	2.77	0	0	0.52	6.47	0	0	0.81	2.05	0	4
lhdo	205	515	62	43	0.95	1.38	63	35	0.92	1.75	0	8	0.42	11.75	55	0	0.90	2.15	10	6
lcke	212	398	101	38	0.88	2.50	94	33	0.77	3.86	4	4	0.45	14.58	91	4	0.73	4.45	0	0
lgmi	135	336	8	74	0.85	2.18	8	58	0.85	1.99	0	14	0.66	6.33	4	25	0.82	2.35	0	0
ljwq	179	458	72	39	0.95	1.15	72	27	0.88	2.05	4	6	0.73	4.84	58	15	0.85	2.50	4	0
3dqg	148	329	18	57	0.75	6.33	19	46	0.72	7.14	0	6	0.40	10.89	17	10	0.75	5.32	0	10
lfx2	235	528	86	53	0.93	1.76	78	45	0.86	2.89	0	6	0.67	8.78	73	4	0.84	2.89	0	0
ljo0	97	157	40	20	0.89	1.41	38	15	0.76	2.49	0	6	0.44	10.21	37	0	0.72	3.08	0	4

lkid	193	434	75	39	0.90	2.64	74	30	0.82	3.13	4	0	0.64	6.06	70	0	0.81	3.59	4	4
lguu	50	45	32	0	0.86	1.48	31	0	0.44	4.84	0	0	0.85	1.67	32	0	0.48	4.39	0	0
lihz	136	309	33	40	0.88	1.90	33	24	0.83	2.38	0	16	0.81	3.44	33	22	0.78	3.17	0	6
lrw1	111	160	49	16	0.88	1.59	44	13	0.73	2.85	0	0	0.55	7.49	42	0	0.70	3.14	0	0
lg2r	94	159	35	16	0.88	2.22	36	18	0.74	3.09	0	0	0.67	3.62	35	0	0.67	3.35	0	0
la3a	145	325	53	28	0.92	1.47	55	12	0.89	1.73	4	6	0.87	1.84	49	8	0.88	1.77	0	0
liwd	215	549	50	40	0.93	1.61	41	25	0.93	1.56	4	0	0.67	5.88	42	0	0.91	1.77	4	13
lc44	123	247	45	29	0.88	1.67	43	23	0.79	2.64	0	4	0.75	3.78	41	26	0.74	3.44	0	0
lim5	179	438	44	38	0.93	1.53	44	22	0.89	2.05	4	18	0.74	5.62	46	15	0.89	1.96	0	0
lroa	111	248	16	56	0.85	1.81	16	46	0.74	2.92	0	16	0.67	4.32	17	0	0.77	2.67	0	4
lc52	131	236	57	14	0.91	1.43	54	14	0.84	1.98	0	0	0.33	12.49	46	0	0.81	2.34	0	0
ljfu	176	417	53	35	0.93	1.42	53	27	0.90	1.78	0	11	0.61	7.33	49	0	0.88	1.92	0	8
ltzv	141	190	97	0	0.92	1.65	93	0	0.77	3.37	4	0	0.76	3.94	92	0	0.71	3.77	4	0
ljvw	160	349	46	40	0.91	1.67	46	33	0.80	3.00	0	12	0.42	10.69	43	0	0.74	4.19	0	0
lo1z	226	500	78	51	0.94	1.53	72	40	0.90	2.11	8	10	0.55	11.03	71	12	0.88	2.25	0	8
li71	83	178	0	10	0.80	2.22	0	0	0.78	2.05	0	0	0.59	4.41	0	0	0.79	2.71	0	0
Avg	147	319	45	35	0.89	1.70	43	27	0.81	2.52004	2	6	0.63	6.30	41	7	0.79	2.75	1	5

**Supplemental Table 2.** The detailed prediction results of the first stage and the second stage of CONFOLD on FRAGFOLD dataset.

PDB	Native			stage 1			CONFOLD		
	L	H	E	TM-score	H	E	TM-score	H	E
la3aA	145	53	28	0.650	63	0	0.697	63	8
la6mA	151	112	0	0.576	103	0	0.610	108	0
la70A	97	13	33	0.409	8	0	0.443	7	0
laapA	56	8	14	0.485	8	0	0.492	8	10
labaA	87	30	16	0.533	30	4	0.559	19	8
lag6A	99	4	35	0.439	8	0	0.435	0	8
laoeA	192	39	65	0.572	28	0	0.626	31	20
latlA	200	72	39	0.372	53	0	0.363	42	16
latzA	75	26	21	0.634	27	4	0.620	28	12
lavsA	81	51	4	0.674	53	0	0.678	54	0
lbd0A	80	0	36	0.519	6	4	0.523	5	0
lbebA	156	15	66	0.310	16	0	0.305	13	6
lbehA	184	14	49	0.348	4	0	0.336	13	4
lbkrA	108	58	0	0.622	48	0	0.705	50	0
lbrfA	53	0	10	0.369	0	0	0.371	0	0
lbsgA	266	109	44	0.647	81	0	0.735	102	0
lc44A	123	45	29	0.367	22	0	0.386	32	0
lc52A	131	57	14	0.481	59	0	0.484	59	0
lc90A	66	0	40	0.443	0	0	0.469	0	0
lcc8A	72	21	26	0.661	24	4	0.720	24	12
lchdA	198	57	47	0.729	62	18	0.760	62	16
lcjwA	166	44	47	0.604	41	0	0.610	48	10
lckeA	212	101	38	0.567	85	0	0.645	88	10
lctfA	68	35	18	0.606	28	0	0.582	29	0
lctxA	81	19	16	0.443	27	0	0.455	26	0
lcznA	169	46	37	0.493	40	0	0.603	65	6
ld0qA	102	36	17	0.570	26	8	0.617	23	9
ld1qA	159	56	23	0.664	62	0	0.745	61	16
ld40A	177	58	30	0.340	39	0	0.411	31	0
ldbxA	152	39	38	0.469	39	0	0.581	21	14
ldixA	208	52	40	0.303	46	0	0.300	24	0
ldlwA	116	73	0	0.570	82	0	0.654	81	0
ldmgA	172	76	30	0.365	43	0	0.400	48	7
ldqgA	134	0	42	0.259	0	0	0.268	0	4
ldsxA	87	30	18	0.357	18	0	0.373	22	0
leazA	103	21	39	0.685	18	4	0.707	16	31
lej0A	180	67	50	0.608	56	0	0.594	53	0
lej8A	140	0	72	0.265	0	0	0.289	4	4
lek0A	168	47	46	0.714	37	8	0.735	45	6
lf6bA	176	43	38	0.550	32	4	0.553	37	18
lfcyA	236	148	8	0.322	115	0	0.325	90	0
lfk5A	93	51	0	0.339	28	4	0.394	40	0
lfl0A	164	4	61	0.352	12	8	0.419	13	24
lfinA	91	0	42	0.574	0	11	0.597	0	27

lfqtA	109	0	44	0.632	0	4	0.677	0	28
lfvgA	192	49	35	0.629	34	4	0.633	47	6
lfvkA	188	95	20	0.357	50	0	0.424	64	0
lfx2A	112	58	17	0.434	47	0	0.434	58	10
lg2rA	94	35	16	0.517	35	0	0.581	36	6
lg9oA	91	13	31	0.522	10	8	0.571	14	13
lgbsA	185	92	4	0.463	76	0	0.476	86	0
lgniA	135	8	74	0.473	10	6	0.512	6	21
lgmxA	107	45	20	0.647	44	11	0.655	38	6
lguuA	50	32	0	0.640	27	0	0.683	27	0
lgz2A	138	21	40	0.596	26	0	0.642	26	11
lgzcA	239	4	101	0.350	0	0	0.333	0	7
lh0pA	182	20	64	0.675	15	0	0.686	20	8
lh2eA	207	73	36	0.753	80	7	0.819	74	31
lh4xA	110	46	36	0.565	47	0	0.646	41	6
lh98A	77	18	12	0.395	14	0	0.395	13	0
lhdoA	205	62	43	0.749	64	19	0.753	58	15
lhfcA	157	40	23	0.488	37	0	0.461	32	4
lhh8A	192	119	6	0.347	95	0	0.396	110	0
lhtwA	158	47	46	0.616	45	0	0.656	48	10
lhxnA	210	15	72	0.264	7	0	0.256	10	0
li1jA	106	0	37	0.265	0	0	0.264	0	0
li1nA	224	65	57	0.644	54	0	0.692	68	18
li4jA	110	38	34	0.527	38	0	0.529	33	0
li58A	189	79	46	0.535	67	14	0.606	67	26
li5gA	144	42	34	0.466	41	0	0.497	39	17
li71A	83	0	10	0.376	0	0	0.364	0	0
lihZ	136	33	40	0.654	34	8	0.658	31	9
liibA	103	50	21	0.623	41	0	0.629	48	0
lim5A	179	44	38	0.562	45	4	0.588	39	4
liwdA	215	50	40	0.651	36	7	0.724	37	14
lj3aA	129	49	17	0.452	45	0	0.550	51	6
ljbeA	126	54	22	0.804	55	8	0.833	58	12
ljbkA	189	84	29	0.332	85	0	0.318	73	0
ljfuA	176	53	35	0.602	56	6	0.616	63	20
ljfxA	217	62	53	0.634	62	4	0.661	62	11
ljxxA	209	68	52	0.635	66	6	0.679	70	29
lj11A	152	53	44	0.658	53	8	0.694	54	10
ljo0A	97	40	20	0.395	39	0	0.435	36	0
ljo8A	58	0	23	0.504	0	0	0.547	0	4
ljosA	100	44	22	0.585	44	0	0.623	44	0
ljvwA	160	46	40	0.518	40	6	0.571	34	8
ljwqA	179	72	39	0.794	62	4	0.793	60	6
ljyhA	155	33	62	0.322	26	0	0.362	35	6
lk6kA	142	89	4	0.626	94	0	0.658	91	0
lk7cA	233	77	33	0.533	72	0	0.522	95	4
lk7jA	206	56	47	0.596	54	0	0.626	53	16
lkidA	193	75	39	0.402	56	4	0.412	68	6
lkq6A	140	47	32	0.354	30	0	0.386	34	0
lkqrA	160	10	90	0.219	8	0	0.230	9	6
lktgA	137	37	60	0.520	30	0	0.586	36	0
lku3A	61	36	0	0.602	36	0	0.660	39	0
lkw4A	70	40	0	0.535	37	0	0.520	17	0
llm4A	189	39	43	0.615	51	4	0.638	50	14
llo7A	140	32	62	0.496	30	13	0.566	30	15
llpyA	162	101	14	0.518	83	0	0.568	87	0
lm4jA	133	50	40	0.304	33	0	0.333	38	0
lm8aA	61	10	17	0.417	8	0	0.502	15	6
lmk0A	97	38	21	0.332	35	0	0.394	37	0
lmugA	165	53	28	0.372	53	0	0.378	61	0
lnb9A	147	31	44	0.576	23	4	0.620	25	18
lne2A	176	63	53	0.404	47	4	0.455	48	4
lnpsA	88	6	40	0.441	4	0	0.507	6	12
lnrvA	100	18	26	0.506	19	0	0.617	20	17
lny1A	235	96	32	0.526	79	0	0.526	72	4
lo1zA	226	78	51	0.561	64	0	0.638	59	4
lp90A	123	36	36	0.521	36	0	0.485	37	0
lpchA	88	32	22	0.685	34	11	0.688	32	14
lpkoA	124	0	60	0.490	4	0	0.545	0	20
lqf9A	194	104	29	0.677	99	0	0.692	106	4

lqjpA	137	0	107	0.451	0	0	0.556	0	34
lql0A	241	41	47	0.335	40	0	0.385	37	6
lr26A	113	43	28	0.689	36	8	0.736	37	18
lroaA	111	16	56	0.382	16	0	0.413	17	0
lrw1A	114	57	16	0.594	48	0	0.692	43	0
lrw7A	235	73	33	0.513	58	4	0.595	52	4
lrybA	186	61	40	0.629	58	0	0.720	56	4
lsmxA	87	0	29	0.287	8	0	0.283	19	0
lsvyA	101	23	26	0.423	25	0	0.407	22	0
l8kA	77	42	0	0.664	45	0	0.646	41	0
ltifA	76	24	22	0.458	24	0	0.517	23	0
ltqgA	105	88	0	0.743	79	0	0.768	78	0
ltqhA	242	109	34	0.646	82	12	0.671	97	14
ltzvA	141	97	0	0.742	89	0	0.735	98	0
lvfyA	67	12	16	0.336	10	0	0.374	10	0
lvhuA	192	76	41	0.656	70	4	0.666	74	10
lvjkA	87	17	22	0.568	24	0	0.614	25	13
lvmbA	107	36	47	0.502	31	0	0.549	36	4
lvp6A	133	51	33	0.609	41	0	0.724	42	8
lw0hA	200	70	35	0.690	69	6	0.699	69	10
lwhiA	122	10	39	0.395	8	0	0.466	7	10
lwjxA	112	19	51	0.567	18	12	0.595	6	12
lwkcA	168	44	41	0.641	38	0	0.681	37	8
lxdzA	238	92	53	0.534	96	13	0.544	93	7
lxffA	238	52	79	0.627	52	0	0.689	69	34
lxkrA	205	84	56	0.377	77	0	0.407	68	0
2arcA	161	35	55	0.305	30	0	0.287	40	0
2cuaA	122	0	56	0.390	0	0	0.441	0	0
2hs1A	99	4	49	0.397	6	0	0.384	11	0
2mhrA	118	76	0	0.646	82	0	0.662	80	0
2phyA	125	30	35	0.361	36	0	0.390	30	0
2tpsA	226	96	35	0.727	98	15	0.757	103	11
2vxnA	249	98	39	0.706	114	0	0.754	108	12
3borA	194	84	28	0.711	69	0	0.759	61	6
3dqgA	148	18	57	0.455	36	0	0.457	26	9
5ptpA	222	16	72	0.777	19	16	0.823	21	25
Avg	146	45	35	0.519	41	2	0.551	41	7