

ORIGINAL RESEARCH ARTICLE

Ethnogenetic-specific mutations in Alzheimer’s disease: A marker of clinical outcomes

Supplementary Files

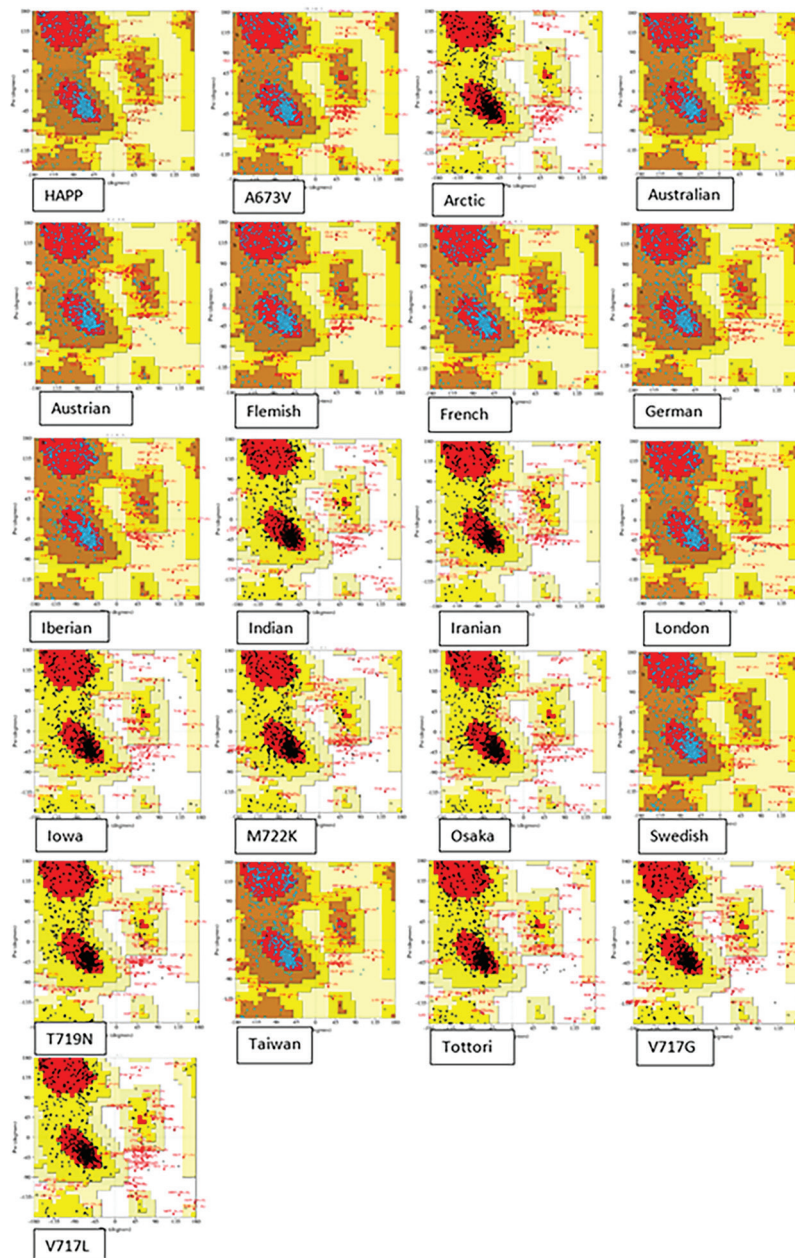


Figure S1. Ramachandran plot of the non-refined (initial) protein three-dimensional structure of the wild-type and 20 mutated human amyloid precursor protein predicted through the I-TASSER server.

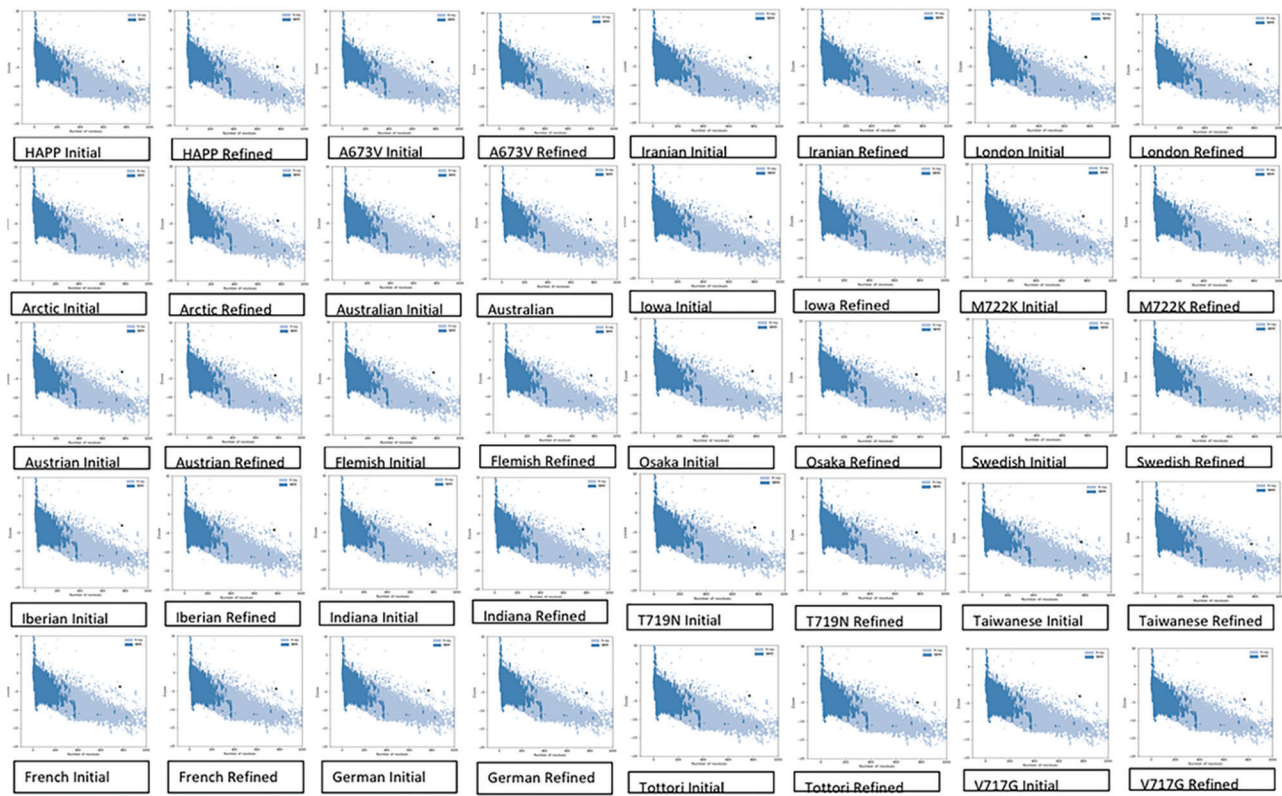


Figure S2. ProSA Z-score plot of the refined and non-refined protein three-dimensional structure of the wild-type and 20 mutated human amyloid precursor protein.



Figure S3. Overall model quality predicted by the ProSA server for the refined and non-refined protein three-dimensional structure of the wild-type and 20 mutated human amyloid precursor protein.

Table S1. Different structural properties of the I-TASSER predicted three-dimensional protein structure of wild-type and 20 mutated human amyloid precursor protein

Mutation	Templates	C-score	Estimated TM-score	Estimated RMSD	No. of decoys	Cluster density
wild-type APP	3ktmA, 7wb4N, 3ktm, 3ktm, 6n7pX, 3ktm, 4yn0B, 3ktmE, 7wooD, 6aayA	-0.94	0.60±0.14	10.5±4.6 Å	600	0.1405
V717F (Ind)	5owvA,3ktmA,5ijoJ,3ktm,3ktm,5lqwQ, 3ktm,3umhA,3ktmE,1qbkB	-1.00	0.59±0.14	10.7±4.6 Å	600	0.1171
A673V	3ktmA, 7wb4N, 3ktm, 3ktm, 5lqwQ, 3ktm, 4yn0B, 3ktmE, 7wooD, 6aayA	-1.02	0.59±0.14	10.7±4.6 Å	600	0.1301
E693G (Arc)	3q7gA, 7wb4N, 3ktm, 3ktm, 6z9lA, 3ktm, 4yn0B, 3ktmE, 7wooD, 3q7gA	-0.96	0.59±0.14	10.6±4.6 Å	600	0.1326
L723P (Australian)	3ktmA, 7wb4N, 3ktm, 3ktm, 6z9lA, 3ktm, 4yn0B, 3ktmE, 7rhqA, 6aayA	-0.87	0.60±0.14	10.4±4.6 Å	600	0.1532
T714I (Austrian)	3q7gA, 7wb4N, 3ktm, 3ktm, 5lqwQ, 3ktm, 4yn0B, 3ktmE, 7rhqA, 3q7gA	-1.25	0.56±0.15	11.3±4.5 Å	600	0.0994
A692G (Fle)	3q7gA, 7wb4N, 3ktm, 3ktm, 6rlbA, 3ktm, 4yn0B, 3ktmE, 7wooD, 7drrD	-0.68	0.63±0.14	9.9±4.6 Å	600	0.1832
V715M (Fre)	3ktmA, 7wb4N, 3ktm, 3ktm, 5lqwQ, 3ktm, 4yn0B, 3ktmE, 7wooD, 3q7gA	-1.28	0.56±0.15	11.4±4.5 Å	600	0.0966
V715A (Ger)	3ktmA, 7wb4N, 3ktm, 3ktm, 6n7pX, 3ktm, 4yn0B, 3ktmE, 7wooD, 7w0aA	-0.83	0.61±0.14	10.3±4.6 Å	600	0.1568
I716F (Ibe)	3ktmA, 7wb4N, 3ktm, 3ktm, 6z9lA, 3ktm, 4yn0B, 3ktmE, 7rhqA, 6aayA	-1.35	0.55±0.15	11.6±4.5 Å	600	0.0935
T714A (Ira)	3ktmA, 7wb4N, 3ktm, 3ktm, 6z9lA, 3ktm, 4yn0B, 3ktmE, 7rhqA, 7drrD	-1.28	0.56±0.15	11.4±4.5 Å	600	0.1009
V717I (Lon)	3ktmA, 7wb4N, 3ktm, 3ktm, 6z9lA, 3ktm, 4yn0B, 3ktmE, 7wooD, 3q7gA	-0.77	0.62±0.14	10.1±4.6 Å	600	0.1601
D694N (Iow)	3ktmA, 7wb4N, 3ktm, 3ktm, 6z9lA, 3ktm, 4yn0B, 3ktmE, 7drrD, 7drrD	-0.73	0.62±0.14	10.0±4.6 Å	600	0.1751
M722K	3ktmA, 7t3uA, 3ktm, 3ktm, 6z9lA, 3ktm, 4yn0B, 3ktmE, 7wooD, 7drrD	-0.79	0.61±0.14	10.2±4.6 Å	600	0.1630
E693Del (Osa)	3ktmA, 7wb4N, 3ktm, 3ktm, 5lqwQ, 3ktm, 4yn0B, 3ktmE, 7rhqA, 3q7gA	-1.34	0.55±0.15	11.5±4.5 Å	600	0.0911
KM670/671NL (Swe)	3ktmA, 7wb4N, 3ktm, 3ktm, 6z9lA, 3ktm, 4yn0B, 3ktmE, 7rhqA, 7drrD	-0.96	0.59±0.14	10.6±4.6 Å	600	0.1377
T719N	3ktmA, 7wb4N, 3ktm, 3ktm, 6z9lA, 3ktm, 4yn0B, 3ktmE, 7rhqA, 7drrD	-1.18	0.57±0.15	11.1±4.6 Å	600	0.1111
D678H (Tai)	3q7gA, 7wb4N, 3ktm, 3ktm, 5lqwQ, 3ktm, 4yn0B, 3ktmE, 7wooD, 3q7gA	-1.29	0.55±0.15	11.4±4.5 Å	600	0.0954
D678N (Tot)	3ktmA, 7wb4N, 3ktm, 3ktm, 6z9lA, 3ktm, 4yn0B, 3ktmE, 7drrD, 3q7gA	-0.68	0.63±0.14	9.9±4.6 Å	600	0.1753
V717G	3ktmA, 7wb4N, 3ktm, 3ktm, 6z9lA, 3ktm, 4yn0B, 3ktmE, 7rhqA, 6aayA	-1.43	0.54±0.15	11.8±4.5 Å	600	0.0862
V717L	3ktmA, 7wb4N, 3ktm, 3ktm, 6z9lA, 3ktm, 4yn0B, 3ktmE, 7wooD, 7drrD	-1.39	0.54±0.15	11.7±4.5 Å	600	0.0895

Abbreviations: APP: Amyloid precursor protein; RMSD: Root mean square deviation; TM-score: Template modeling.

Table S2. Ramachandran plot statistics of the non-refined and refined three-dimensional protein structure of the wild-type and 20 mutated human amyloid precursor protein

Mutations	Non-refined structure				Refined structure			
	MFR	AAR	GAR	DR	MFR	AAR	GAR	DR
Wild-type APP	68.6	23.2	6.0	2.2	83.2	13.5	1.6	1.7
A673V	69.9	21.4	4.7	3.9	83.2	10.8	2.7	3.3
E693G (Arc)	69.6	22.3	4.5	3.6	70.7	21.6	3.7	3.9
L723P (Australian)	69.7	23.1	4.8	2.4	83.3	13.1	1.4	2.2
T714I (Austrian)	67.8	25.2	5.3	1.7	81.3	16.0	1.2	1.6
A692G (Fle)	69.3	24.1	4.2	2.4	83.4	13.3	0.7	2.6
V715M (Fre)	68.1	23.6	5.0	3.3	82.3	12.8	1.6	3.3
V715A (Ger)	69.1	23.9	4.2	2.9	82.4	12.7	2.0	2.9
I716F (Ibe)	70.2	22.0	4.0	3.7	84.0	12.1	1.4	2.3
V717F (Ind)	68.1	24.2	3.7	4.0	80.7	14.0	2.7	2.6
T714A (Ira)	68.1	24.0	6.0	1.9	81.4	14.2	2.0	2.3
V717I (Lon)	66.6	25.2	4.9	3.3	81.3	13.4	1.9	3.5
D694N (Iow)	69.8	23.5	4.2	2.6	84.0	11.7	1.3	3.0
M722K	66.5	25.3	5.8	2.4	80.9	14.5	2.0	2.6
E693Del (Osa)	67.6	24.8	4.2	3.5	83.1	11.4	1.7	3.7
KM670/671NL (Swe)	69.9	22.2	4.9	3.0	84.2	10.8	2.2	2.9
T719N	70.2	22.3	4.0	3.5	82.3	13.5	0.7	3.5
D678H (Tai)	68.3	25.0	4.5	2.2	85.2	11.7	0.9	2.3
D678N (Tot)	68.1	24.9	4.7	2.3	82.7	13.4	1.7	2.2
V717G	67.1	25.2	5.6	2.0	81.3	14.7	1.9	2.2
V717L	72.8	19.0	4.2	4.0	83.0	10.1	3.3	3.6

Abbreviations: AAR: Additional allowed regions; APP: Amyloid precursor protein; DR: disallowed regions; GAR: Generously allowed regions; MFR: Most favored regions.

Table S3. Evaluation of the non-refined and refined three-dimensional protein structure of the wild-type and 20 mutated human amyloid precursor protein (APP) through PROSA, ERRAT score, and Verify3D

Mutations	PROSA Z-Score		ERRAT SCORE		VERIFY 3D SCORE (%)	
	Non-refined	Refined	Non-refined	Refined	Non-refined	Refined
Wild-type APP	-3.45	-4.63	90.99	91.03	19.74	28.70
A673V	-3.32	-4.42	91.25	82.9	36.36	39.61
E693G (Arc)	-3.96	-4.25	92.44	92.44	30.39	30.00
L723P (Australian)	-3.22	-4.28	84.17	81.73	27.40	28.70
T714I (Austrian)	-3.14	-4.16	86.21	84.50	32.99	30.39
A692G (Fle)	-3.43	-4.25	89.67	84.76	25.32	28.18
V715M (Fre)	-3.73	-4.38	91.13	88.77	30.78	34.16
V715A (Ger)	-4.58	-5.16	84.02	69.73	28.57	29.35
I716F (Ibe)	-3.04	-4.12	83.99	78.31	20.13	32.60
V717F (Ind)	-2.99	-3.91	82.21	78.55	23.77	28.83
T714A (Ira)	-2.64	-3.84	87.35	87.15	28.96	27.40
V717I (Lon)	-2.50	-3.62	87.5	77.16	25.19	21.69
D694N (Iow)	-3.81	-4.70	85.83	81.40	27.27	30.00
M722K	-3.75	-4.45	84.47	86.04	31.56	32.47
E693Del (Osa)	-3.74	-4.23	89.49	87.37	31.60	35.63
KM670/671NL (Swe)	-3.17	-4.43	92.99	93.78	35.58	30.52
T719N	-3.82	-4.47	89.54	83.58	31.56	32.47
D678H (Tai)	-6.16	-6.75	87.97	88.66	30.39	28.18
D678N (Tot)	-3.60	-4.99	84.59	81.02	29.74	31.69
V717G	-3.05	-4.13	81.67	79.65	24.94	25.19
V717L	-4.21	-5.11	90.99	84.36	37.92	35.84

Table S4. Full list of conformational B-Cell epitopes for wild-type and all mutated subtypes of amyloid precursor protein

Wild-type amyloid precursor protein			
No.	Residues	Number of residues	Score
1	A:A524, A:R527, A:S528, A:Q529, A:V530, A:M531, A:T532, A:H533, A:L534, A:R535, A:V536, A:I537, A:Y538, A:E539, A:R540, A:M541, A:N542, A:Q543, A:S544, A:L545, A:S546, A:L547, A:L548, A:Y549, A:N550, A:V551, A:P552, A:A553, A:V554, A:A555, A:E556, A:E557, A:I558, A:Q559, A:D560, A:E561, A:V562, A:D563, A:E564, A:L565, A:L566, A:Q567, A:K568, A:E569, A:Q570, A:N571, A:Y572, A:S573, A:D574, A:D575, A:V576, A:L577, A:A578, A:N579, A:M580, A:I581, A:S582, A:E583, A:P584, A:R585, A:I586, A:S587, A:Y588, A:G589, A:N590, A:D591, A:A592, A:L593, A:M594, A:P595, A:S596, A:L597, A:T598, A:E599, A:T600, A:K601, A:T602, A:T603, A:E605, A:L606, A:N610, A:P620, A:H622, A:S623, A:F624, A:G625, A:A626, A:D627, A:S628, A:V629, A:P630, A:A631, A:N632, A:T633, A:E634, A:N635, A:E636, A:V637, A:E638, A:P639, A:V640, A:D641, A:A642, A:R643, A:P644, A:A645, A:A646, A:D647, A:R648, A:G649, A:L650, A:T651, A:T652, A:R653, A:P654, A:G655, A:S656, A:G657, A:L658, A:T659, A:N660, A:I661, A:K662, A:T663, A:E664, A:E665, A:I666, A:S667, A:E668, A:V669, A:K670, A:M671, A:D672, A:A673, A:E674, A:F675, A:R676, A:H677, A:D678, A:S679, A:G680, A:Y681, A:E682, A:V683, A:H684, A:H685, A:Q686, A:K687, A:L688, A:V689, A:F690, A:F691, A:A692, A:D694, A:V695	155	0.788
2	A:C98, A:G101, A:R102	3	0.71
3	A:M1, A:L2, A:P3, A:G4, A:L5, A:A6, A:L7, A:L8, A:L9, A:L10, A:A11, A:A12, A:W13, A:T14, A:A15, A:R16, A:A17, A:L18, A:E19, A:V20, A:P21, A:T22, A:A30, A:Q33, A:I34, A:A35, A:M36, A:F37, A:C38, A:G39, A:R40, A:L41, A:N42, A:M43, A:H44, A:M45, A:N46, A:V47, A:Q48, A:N49, A:G50, A:K51, A:W52, A:D53, A:S54, A:D55, A:P56, A:S57, A:G58, A:T59, A:K60, A:T61, A:C62, A:I63, A:D64, A:T65, A:K66, A:E67, A:G68, A:I69, A:L70, A:Q71, A:Y72, A:C73, A:Q74, A:E75, A:V76, A:Y77, A:P78, A:Q81, A:I82, A:T83, A:N84, A:I94, A:Q95, A:N96, A:K99, A:R100, A:K103, A:Q104, A:C105, A:K106, A:T107, A:H108, A:P109, A:H110, A:F111, A:V112, A:I113, A:P114, A:Y115, A:R116, A:C117, A:L118, A:V119	95	0.699
4	A:D177, A:G181, A:V182, A:E183, A:F184, A:V185, A:C186, A:C187, A:P188, A:L189, A:A190, A:E191, A:S193, A:N195, A:S198, A:A199, A:D200, A:A201, A:E202, A:E203, A:D204, A:D205, A:S206, A:D207, A:V208, A:W209, A:W210, A:G211, A:G212, A:A213, A:D214, A:T215, A:D216, A:Y217, A:A218, A:D219, A:G220, A:S221, A:E222, A:D223, A:K224, A:V225, A:V226, A:E227, A:V228, A:A229, A:E230, A:E231, A:E232, A:E233, A:V234, A:A235, A:E236, A:V237, A:E238, A:E240, A:E241, A:A242, A:D243, A:D244, A:D245, A:E246, A:D247, A:D248, A:E249, A:D250, A:G251, A:D252, A:E253, A:V254, A:E255, A:E256, A:E257, A:E259, A:E260, A:P261, A:Y262, A:E264, A:A265, A:T266, A:E267, A:R268, A:T269, A:T270, A:S271, A:I272, A:A273, A:T274, A:T275, A:T276, A:T277, A:T278, A:T279, A:T280, A:E281, A:S282, A:V283, A:E284, A:E285, A:V286, A:V287, A:R288, A:E289, A:V290, A:C291, A:S292, A:E293, A:Q294, A:A295, A:E296, A:T297, A:G298, A:P299, A:C300, A:A302, A:M303, A:I304, A:S305, A:R306, A:W307, A:Y308, A:F309, A:D310, A:V311, A:K315, A:G326, A:N327, A:R328, A:N329, A:N330, A:F331, A:D332, A:T333, A:E334, A:E335, A:E437, A:K438, A:V439, A:E440, A:S441, A:L442, A:E443, A:Q444, A:E445, A:A446, A:A447, A:N448	147	0.673
5	A:R397, A:M406, A:S407, A:Q408, A:M410, A:R411, A:E414, A:E415, A:A416, A:R418	10	0.548
6	A:H402, A:R403, A:R405	3	0.532
Australian			
1	A:S528, A:V530, A:M531, A:T532, A:H533, A:L534, A:R535, A:V536, A:I537, A:Y538, A:E539, A:R540, A:M541, A:N542, A:Q543, A:S544, A:L545, A:S546, A:L547, A:L548, A:Y549, A:N550, A:V551, A:P552, A:A553, A:V554, A:A555, A:E556, A:E557, A:I558, A:Q559, A:D560, A:E561, A:V562, A:D563, A:E564, A:L565, A:L566, A:Q567, A:K568, A:E569, A:Q570, A:N571, A:Y572, A:S573, A:D574, A:D575, A:V576, A:L577, A:A578, A:N579, A:M580, A:I581, A:S582, A:E583, A:P584, A:R585, A:I586, A:S587, A:Y588, A:G589, A:N590, A:D591, A:A592, A:L593, A:M594, A:P595, A:S596, A:L597, A:T598, A:E599, A:T600, A:K601, A:T602, A:T603, A:V604, A:E605, A:L606, A:P620, A:W621, A:H622, A:S623, A:F624, A:G625, A:A626, A:D627, A:S628, A:V629, A:P630, A:A631, A:N632, A:T633, A:E634, A:N635, A:E636, A:V637, A:E638, A:P639, A:V640, A:D641, A:A642, A:R643, A:P644, A:A645, A:A646, A:D647, A:R648, A:G649, A:L650, A:T651, A:T652, A:R653, A:P654, A:G655, A:S656, A:G657, A:L658, A:T659, A:N660, A:I661, A:K662, A:T663, A:E664, A:E665, A:I666, A:S667, A:E668, A:V669, A:K670, A:M671, A:D672, A:A673, A:E674, A:F675, A:R676, A:H677, A:D678, A:S679, A:G680, A:Y681, A:E682, A:V683, A:H684, A:H685, A:Q686, A:K687, A:L688, A:V689, A:F690, A:F691, A:A692, A:D694, A:V695, A:S697	154	0.782

(Cont'd...)

Table S4. (Continued)

No.	Residues	Wild-type amyloid precursor protein	Number of residues	Score
2	A:G211, A:Y217, A:A218, A:D219, A:G220, A:S221, A:E222, A:D223, A:K224, A:A229, A:E230, A:E231, A:E232, A:E233, A:V234, A:A235, A:E236, A:V237, A:E238, A:E239, A:E240, A:E241, A:A242, A:D243, A:D244, A:D245, A:E246, A:D247, A:D248, A:E249, A:D250, A:G251, A:D252, A:E253, A:V254, A:E255, A:E257, A:A258, A:E259, A:E260, A:P261, A:Y262, A:E264, A:A265, A:T266, A:E267, A:R268, A:T269, A:T270, A:S271, A:I272, A:A273, A:T274, A:T275, A:T276, A:T277, A:T278, A:T279, A:T280, A:E281, A:S282, A:V283, A:E284, A:R288, A:E289, A:V290, A:C291, A:S292, A:E293, A:Q294, A:A295, A:E296, A:T297, A:G298, A:P299, A:C300, A:R301, A:A302, A:M303, A:I304, A:S305, A:R306, A:W307, A:Y308, A:F309, A:D310, A:V311, A:T312, A:K315, A:G325, A:G326, A:N327, A:R328, A:N329, A:N330, A:F331, A:D332, A:T333, A:E334, A:E335, A:Y336, A:P356, A:L357, A:A358, A:R359	105	0.76	
3	A:E285, A:V286, A:V287		3	0.756
4	A:M1, A:L2, A:P3, A:G4, A:L5, A:A6, A:L7, A:L8, A:L9, A:L10, A:A11, A:A12, A:W13, A:T14, A:A15, A:R16, A:A17, A:L18, A:E19, A:V20, A:P21, A:T22, A:D23, A:G24, A:N25, A:A26, A:G27, A:L28, A:L29, A:A30, A:E31, A:P32, A:Q33, A:I34, A:F37, A:C38, A:G39, A:R40, A:L41, A:G50, A:S54, A:D55, A:P56, A:S57, A:G58, A:T59, A:K60, A:T61, A:C62, A:I63, A:D64, A:T65, A:K66, A:E67, A:G68, A:I69, A:L70, A:Q71, A:Y72, A:C73, A:Q74, A:V76, A:Y77, A:P78, A:E79, A:L80, A:Q81, A:I82, A:T83, A:N84, A:V85, A:V86, A:E87, A:A88, A:N89, A:Q90, A:P91, A:V92, A:P109, A:H110, A:F111, A:V112, A:I113, A:P114, A:Y115, A:R116, A:V119, A:G120, A:K134, A:F135, A:L136, A:H137, A:Q138, A:R140, A:M141, A:D142, A:V143, A:C144, A:E145, A:T146, A:H147, A:L148, A:H149, A:T152, A:V153, A:A154, A:K155, A:E156	108	0.657	
5	A:I432, A:H434, A:Q436, A:E437, A:K438, A:V439, A:E440, A:S441, A:L442, A:E443, A:E445, A:A446, A:A447, A:N448, A:E449, A:R450		16	0.555
6	A:A400, A:R403, A:E404, A:S407, A:Q408, A:M410, A:R411, A:E415, A:A416, A:R418		10	0.546
German				
1	A:R527, A:S528, A:V530, A:M531, A:T532, A:H533, A:L534, A:R535, A:V536, A:I537, A:Y538, A:E539, A:R540, A:M541, A:N542, A:Q543, A:S544, A:L545, A:S546, A:L547, A:L548, A:Y549, A:N550, A:V551, A:P552, A:A553, A:V554, A:A555, A:E556, A:E557, A:I558, A:Q559, A:D560, A:E561, A:V562, A:D563, A:E564, A:L565, A:L566, A:Q567, A:Q570, A:N571, A:Y572, A:S573, A:D574, A:D575, A:V576, A:L577, A:A578, A:N579, A:M580, A:I581, A:S582, A:E583, A:P584, A:R585, A:I586, A:S587, A:Y588, A:G589, A:N590, A:D591, A:A592, A:L593, A:M594, A:P595, A:S596, A:L597, A:T598, A:E599, A:T600, A:K601, A:T602, A:T603, A:V604, A:E605, A:L606, A:V609, A:N610, A:P620, A:H622, A:S623, A:F624, A:G625, A:A626, A:D627, A:S628, A:V629, A:P630, A:A631, A:N632, A:T633, A:E634, A:N635, A:E636, A:V637, A:E638, A:P639, A:V640, A:D641, A:A642, A:R643, A:P644, A:A645, A:A646, A:D647, A:R648, A:G649, A:L650, A:T651, A:T652, A:R653, A:P654, A:G655, A:S656, A:G657, A:L658, A:T659, A:N660, A:I661, A:K662, A:T663, A:E664, A:E665, A:I666, A:S667, A:E668, A:V669, A:K670, A:M671, A:D672, A:A673, A:E674, A:F675, A:R676, A:H677, A:D678, A:S679, A:G680, A:Y681, A:E682, A:V683, A:H684, A:H685, A:Q686, A:K687, A:L688, A:V689, A:F690, A:F691, A:A692, A:D694, A:V695, A:G696	154	0.785	
2	A:M1, A:L2, A:P3, A:G4, A:L5, A:A6, A:L7, A:L8, A:L9, A:L10, A:A11, A:A12, A:W13, A:T14, A:A15, A:R16, A:A17, A:L18, A:E19, A:V20, A:P21, A:A30, A:I34, A:A35, A:M36, A:F37, A:C38, A:G39, A:R40, A:L41, A:N42, A:M43, A:H44, A:M45, A:N46, A:V47, A:Q48, A:N49, A:G50, A:K51, A:W52, A:D53, A:S54, A:D55, A:P56, A:S57, A:K60, A:T61, A:C62, A:I63, A:D64, A:T65, A:K66, A:E67, A:G68, A:I69, A:L70, A:Q71, A:Y72, A:C73, A:Q74, A:E75, A:V76, A:Y77, A:P78, A:Q81, A:I82, A:T83, A:I94, A:C98, A:K99, A:R100, A:G101, A:R102, A:K103, A:Q104, A:C105, A:K106, A:T107, A:H108, A:P109, A:H110, A:F111, A:V112, A:I113, A:P114, A:Y115, A:R116, A:C117, A:L118	90	0.706	
3	A:M170, A:P173, A:C174, A:G175, A:I176, A:D177, A:K178, A:F179, A:R180, A:V185, A:C186, A:C187, A:P188, A:L189, A:A190, A:E191, A:E192, A:S193, A:D194, A:N195, A:V196, A:E202, A:E203, A:D204, A:D205, A:S206, A:D207, A:V208, A:W209, A:W210, A:G211, A:G212, A:A213, A:D214, A:T215, A:D216, A:Y217, A:A218, A:D219, A:G220, A:S221, A:E222, A:D223, A:K224, A:V225, A:V226, A:E227, A:V228, A:A229, A:E230, A:E231, A:E232, A:E233, A:V234, A:A235, A:E236, A:V237, A:E238, A:E239, A:E240, A:E241, A:A242, A:D243, A:D244, A:D245, A:E246, A:D247, A:D248, A:E249, A:D250, A:G251, A:D252, A:E253, A:V254, A:E255, A:E256, A:E257, A:A258, A:E259, A:E260, A:P261, A:Y262, A:E263, A:E264, A:A265, A:T266, A:E267, A:R268, A:T269, A:T270, A:S271, A:I272, A:A273, A:T274, A:T275, A:T276, A:T277, A:T278, A:T279, A:S292, A:E293, A:Q294, A:A295, A:E296, A:T297, A:G298, A:P299, A:C300, A:R301, A:A302, A:M303, A:W307, A:G323, A:C324, A:G325, A:G326, A:T333, A:E334, A:E335, A:M338, A:A368, A:A369, A:S370, A:T371, A:P372, A:D373, A:H402, A:Q436, A:E437, A:K438, A:V439, A:E440, A:S441, A:L442, A:E443, A:Q444, A:E445, A:A446	138	0.696	

(Cont'd...)

Table S4. (Continued)

Wild-type amyloid precursor protein			
No.	Residues	Number of residues	Score
4	A:P760, A:T761, A:K763, A:F764, A:E766, A:Q767, A:M768	7	0.548
Austrian			
1	A:A524, A:R527, A:S528, A:V530, A:M531, A:T532, A:H533, A:L534, A:R535, A:V536, A:I537, A:Y538, A:E539, A:R540, A:M541, A:N542, A:Q543, A:S544, A:L545, A:S546, A:L547, A:L548, A:Y549, A:N550, A:V551, A:P552, A:A553, A:V554, A:A555, A:E556, A:E557, A:I558, A:Q559, A:D560, A:E561, A:V562, A:D563, A:E564, A:L565, A:L566, A:Q567, A:K568, A:E569, A:Q570, A:N571, A:Y572, A:S573, A:D574, A:D575, A:V576, A:L577, A:A578, A:N579, A:M580, A:I581, A:S582, A:E583, A:P584, A:R585, A:I586, A:S587, A:Y588, A:G589, A:N590, A:D591, A:A592, A:L593, A:M594, A:P595, A:S596, A:L597, A:T598, A:E599, A:T600, A:K601, A:T602, A:T603, A:E605, A:P620, A:S623, A:F624, A:G625, A:A626, A:D627, A:S628, A:V629, A:P630, A:A631, A:N632, A:T633, A:E634, A:N635, A:E636, A:V637, A:E638, A:P639, A:V640, A:D641, A:A642, A:R643, A:P644, A:A645, A:A646, A:D647, A:R648, A:G649, A:L650, A:T651, A:T652, A:R653, A:P654, A:G655, A:S656, A:G657, A:L658, A:T659, A:N660, A:I661, A:K662, A:T663, A:E664, A:E665, A:I666, A:S667, A:E668, A:V669, A:K670, A:M671, A:D672, A:A673, A:E674, A:F675, A:R676, A:H677, A:D678, A:S679, A:G680, A:Y681, A:E682, A:V683, A:H684, A:H685, A:Q686, A:K687, A:L688, A:V689, A:F690, A:F691, A:A692, A:D694, A:V695	151	0.797
2	A:M1, A:L2, A:P3, A:G4, A:L5, A:A6, A:L7, A:L8, A:L9, A:L10, A:A11, A:A12, A:W13, A:T14, A:A15, A:R16, A:A17, A:L18, A:E19, A:V20, A:P21, A:A30, A:I34, A:A35, A:M36, A:F37, A:C38, A:G39, A:R40, A:L41, A:N42, A:M43, A:H44, A:M45, A:N46, A:V47, A:Q48, A:N49, A:G50, A:K51, A:W52, A:D53, A:S54, A:D55, A:P56, A:S57, A:G58, A:K60, A:T61, A:C62, A:I63, A:D64, A:T65, A:K66, A:E67, A:G68, A:I69, A:L70, A:Q71, A:Y72, A:C73, A:Q74, A:E75, A:V76, A:Y77, A:P78, A:Q81, A:I82, A:T83, A:I94, A:Q95, A:C98, A:K99, A:R100, A:G101, A:R102, A:K103, A:Q104, A:C105, A:K106, A:T107, A:H108, A:P109, A:H110, A:F111, A:V112, A:I113, A:P114, A:Y115, A:R116, A:C117, A:L118, A:V119	93	0.724
3	A:L171, A:C174, A:I176, A:D177, A:K178, A:F179, A:R180, A:G181, A:V182, A:E183, A:F184, A:V185, A:C186, A:S193, A:D194, A:N195, A:V196, A:D197, A:S198, A:A199, A:D200, A:A201, A:E202, A:E203, A:D204, A:D205, A:S206, A:D207, A:V208, A:W209, A:W210, A:G211, A:G212, A:A213, A:D214, A:T215, A:D216, A:Y217, A:A218, A:D219, A:G220, A:S221, A:E222, A:D223, A:K224, A:V225, A:V226, A:E227, A:V228, A:A229, A:E230, A:E232, A:E233, A:V234, A:A235, A:E236, A:V237, A:E238, A:E239, A:E240, A:E241, A:A242, A:D243, A:D244, A:D245, A:E246, A:D247, A:D248, A:E249, A:D250, A:G251, A:D252, A:E253, A:V254, A:E255, A:E256, A:E257, A:A258, A:E259, A:E260, A:P261, A:Y262, A:E263, A:E264, A:T266, A:S282, A:V283, A:E284, A:E285, A:V286, A:V287, A:R288, A:E289, A:V290, A:C291, A:S292, A:E293, A:T297, A:G298, A:P299, A:C300, A:R301, A:A302, A:M303, A:I304, A:S305, A:T366, A:A369, A:S370, A:T371, A:P372, A:D373, A:A374	113	0.707
4	A:E437, A:K438, A:V439, A:E440, A:S441, A:L442, A:E443, A:Q444, A:E445, A:A446, A:A447	11	0.62
5	A:E396, A:E399, A:A400, A:K401, A:R403	5	0.598
French			
1	A:S528, A:V530, A:M531, A:T532, A:H533, A:L534, A:R535, A:V536, A:I537, A:Y538, A:E539, A:R540, A:M541, A:N542, A:Q543, A:S544, A:L545, A:S546, A:L547, A:L548, A:Y549, A:N550, A:V551, A:P552, A:A553, A:V554, A:A555, A:E556, A:E557, A:I558, A:Q559, A:D560, A:E561, A:V562, A:D563, A:E564, A:L565, A:L566, A:Q567, A:K568, A:E569, A:Q570, A:N571, A:Y572, A:S573, A:D574, A:D575, A:V576, A:L577, A:A578, A:N579, A:M580, A:I581, A:S582, A:E583, A:P584, A:R585, A:I586, A:S587, A:Y588, A:G589, A:N590, A:D591, A:A592, A:L593, A:M594, A:P595, A:S596, A:L597, A:T598, A:E599, A:T600, A:K601, A:T602, A:T603, A:V604, A:E605, A:L606, A:L607, A:P620, A:H622, A:S623, A:F624, A:G625, A:A626, A:D627, A:S628, A:V629, A:P630, A:A631, A:N632, A:T633, A:E634, A:N635, A:E636, A:V637, A:E638, A:P639, A:V640, A:D641, A:A642, A:R643, A:P644, A:A645, A:A646, A:D647, A:R648, A:G649, A:L650, A:T651, A:T652, A:R653, A:P654, A:G655, A:S656, A:G657, A:L658, A:T659, A:N660, A:I661, A:K662, A:T663, A:E664, A:E665, A:I666, A:S667, A:E668, A:V669, A:K670, A:M671, A:D672, A:A673, A:E674, A:F675, A:R676, A:H677, A:D678, A:S679, A:G680, A:Y681, A:E682, A:V683, A:H684, A:H685, A:Q686, A:K687, A:L688, A:V689, A:F690, A:F691, A:A692, A:D694, A:V695, A:G696, A:S697	155	0.788

(Cont'd...)

Table S4. (Continued)

Wild-type amyloid precursor protein			
No.	Residues	Number of residues	Score
2	A:M1, A:L2, A:P3, A:G4, A:L5, A:A6, A:L7, A:L8, A:L9, A:L10, A:A11, A:A12, A:W13, A:T14, A:A15, A:R16, A:A17, A:L18, A:E19, A:V20, A:P21, A:I34, A:A35, A:M36, A:F37, A:C38, A:G39, A:R40, A:L41, A:N42, A:M43, A:H44, A:M45, A:N46, A:V47, A:Q48, A:N49, A:G50, A:K51, A:W52, A:D53, A:S54, A:D55, A:P56, A:S57, A:G58, A:K60, A:T61, A:C62, A:I63, A:D64, A:T65, A:K66, A:E67, A:G68, A:I69, A:L70, A:Q71, A:Y72, A:C73, A:Q74, A:E75, A:V76, A:Y77, A:P78, A:L80, A:Q81, A:I82, A:T83, A:V86, A:I94, A:Q95, A:N96, A:W97, A:C98, A:K99, A:R100, A:G101, A:R102, A:K103, A:Q104, A:C105, A:K106, A:T107, A:H108, A:P109, A:H110, A:F111, A:V112, A:I113, A:P114, A:Y115, A:R116, A:C117, A:L118, A:V119, A:Q769	97	0.705
3	A:G181, A:V182, A:E183, A:F184, A:V185, A:C186, A:C187, A:P188, A:L189, A:A190, A:E191, A:E192, A:S193, A:D194, A:D200, A:A201, A:E202, A:E203, A:D204, A:D205, A:S206, A:D207, A:V208, A:W209, A:W210, A:G211, A:G212, A:A213, A:D214, A:T215, A:D216, A:Y217, A:A218, A:D219, A:G220, A:S221, A:E222, A:D223, A:K224, A:V225, A:V226, A:E227, A:V228, A:A229, A:E230, A:E231, A:E232, A:E233, A:V234, A:A235, A:E236, A:V237, A:E238, A:E239, A:E240, A:E241, A:A242, A:D243, A:D244, A:D245, A:E246, A:D247, A:D248, A:E249, A:D250, A:G251, A:D252, A:E253, A:V254, A:E255, A:E256, A:E257, A:E260, A:P261, A:E263, A:E264, A:A265, A:T266, A:E267, A:R268, A:T269, A:T270, A:S271, A:I272, A:A273, A:T274, A:T275, A:T276, A:T277, A:T278, A:T279, A:T280, A:E281, A:S282, A:V283, A:E284, A:E285, A:V286, A:V287, A:R288, A:E289, A:V290, A:C291, A:S292, A:E293, A:Q294, A:A295, A:E296, A:T297, A:G298, A:P299, A:I304, A:S305, A:F309, A:D310, A:V311, A:K315, A:R328, A:N329, A:N330, A:F331, A:D332, A:T333, A:E335, A:Q433, A:E437, A:K438, A:V439, A:E440, A:S441, A:L442, A:E443, A:Q444, A:E445, A:A446	135	0.695
4	A:E414, A:E415, A:A416	3	0.637
5	A:L398, A:E399, A:A400, A:K401, A:H402, A:E404, A:S407, A:R411	8	0.534
Indiana			
1	A:A524, A:R527, A:S528, A:V530, A:M531, A:T532, A:H533, A:L534, A:R535, A:V536, A:I537, A:Y538, A:E539, A:R540, A:M541, A:N542, A:Q543, A:S544, A:L545, A:S546, A:L547, A:L548, A:Y549, A:N550, A:V551, A:P552, A:A553, A:V554, A:A555, A:E556, A:E557, A:I558, A:Q559, A:D560, A:E561, A:V562, A:D563, A:E564, A:L565, A:L566, A:Q567, A:Q570, A:N571, A:Y572, A:S573, A:D574, A:D575, A:V576, A:L577, A:A578, A:N579, A:M580, A:I581, A:S582, A:E583, A:P584, A:R585, A:I586, A:S587, A:Y588, A:G589, A:N590, A:D591, A:A592, A:L593, A:M594, A:P595, A:S596, A:L597, A:T598, A:E599, A:T600, A:K601, A:T602, A:T603, A:V604, A:E605, A:L606, A:V609, A:N610, A:P620, A:S623, A:F624, A:G625, A:A626, A:D627, A:S628, A:V629, A:P630, A:A631, A:N632, A:T633, A:E634, A:N635, A:E636, A:V637, A:E638, A:P639, A:V640, A:D641, A:A642, A:R643, A:P644, A:A645, A:A646, A:D647, A:R648, A:G649, A:L650, A:T651, A:T652, A:R653, A:P654, A:G655, A:S656, A:G657, A:L658, A:T659, A:N660, A:I661, A:K662, A:T663, A:E664, A:E665, A:I666, A:S667, A:E668, A:V669, A:K670, A:M671, A:D672, A:A673, A:E674, A:F675, A:R676, A:H677, A:D678, A:S679, A:G680, A:Y681, A:E682, A:V683, A:H684, A:H685, A:Q686, A:K687, A:L688, A:V689, A:F690, A:F691, A:A692, A:E693, A:D694, A:V695, A:G696, A:N698	156	0.779
2	A:C187, A:P188, A:L189, A:A190, A:E191, A:E192, A:S193, A:A199, A:D200, A:A201, A:E202, A:E203, A:D204, A:D205, A:S206, A:D207, A:V208, A:W209, A:W210, A:G211, A:G212, A:A213, A:D214, A:T215, A:D216, A:Y217, A:A218, A:D219, A:G220, A:S221, A:E222, A:D223, A:K224, A:V225, A:V226, A:E227, A:V228, A:A229, A:E230, A:E231, A:E232, A:E233, A:V234, A:A235, A:E236, A:V237, A:E238, A:E239, A:E240, A:E241, A:A242, A:D243, A:D244, A:D245, A:E246, A:D247, A:D248, A:E249, A:D250, A:G251, A:D252, A:E253, A:V254, A:E255, A:E256, A:E257, A:A258, A:E259, A:E260, A:P261, A:Y262, A:E263, A:E264, A:A265, A:T266, A:E267, A:R268, A:T269, A:T270, A:S271, A:I272, A:A273, A:T274, A:T275, A:T276, A:T277, A:T278, A:T279, A:T280, A:E281, A:A295, A:E296, A:T297, A:G298, A:P299, A:C300, A:R301, A:A302, A:M303, A:I304, A:S305, A:R306, A:W307	103	0.752
3	A:M1, A:L2, A:P3, A:G4, A:L5, A:A6, A:L7, A:L8, A:L9, A:L10, A:A11, A:A12, A:W13, A:T14, A:A15, A:R16, A:A17, A:L18, A:E19, A:V20, A:P21, A:T22, A:I34, A:A35, A:M36, A:F37, A:C38, A:G39, A:R40, A:L41, A:N42, A:M43, A:H44, A:M45, A:N46, A:V47, A:Q48, A:N49, A:G50, A:K51, A:W52, A:D53, A:S54, A:D55, A:P56, A:S57, A:G58, A:K60, A:T61, A:C62, A:I63, A:D64, A:T65, A:K66, A:E67, A:G68, A:I69, A:L70, A:Q71, A:Y72, A:C73, A:Q74, A:E75, A:V76, A:Y77, A:P78, A:E79, A:L80, A:Q81, A:I82, A:T83, A:I94, A:Q95, A:N96, A:C98, A:K99, A:R100, A:G101, A:R102, A:K103, A:Q104, A:C105, A:K106, A:T107, A:H108, A:P109, A:H110, A:F111, A:V112, A:I113, A:P114, A:Y115, A:R116, A:C117, A:L118, A:V119, A:R405	97	0.706

(Cont'd...)

Table S4. (Continued)

No.	Residues	Wild-type amyloid precursor protein	Number of residues	Score
4	A:P356, A:L357, A:E399, A:A400, A:K401, A:H402, A:R403		7	0.519
5	A:P173, A:C174, A:G175, A:I176, A:D177, A:K178, A:F179, A:G181, A:V182, A:E183, A:F184, A:V185, A:C186, A:P424, A:K425, A:D427, A:K428, A:K429, A:A430, A:Q433, A:Q436, A:E437, A:K438, A:V439, A:E440, A:S441, A:L442, A:E443, A:E445, A:A446, A:A447, A:E449, A:R450		33	0.513
Iberian				
1	A:A524, A:R527, A:S528, A:V530, A:M531, A:T532, A:H533, A:L534, A:R535, A:V536, A:I537, A:Y538, A:E539, A:R540, A:M541, A:N542, A:Q543, A:S544, A:L545, A:S546, A:L547, A:L548, A:Y549, A:N550, A:V551, A:P552, A:A553, A:V554, A:A555, A:E556, A:E557, A:I558, A:Q559, A:D560, A:E561, A:V562, A:D563, A:E564, A:L565, A:L566, A:Q567, A:Q570, A:N571, A:Y572, A:S573, A:D574, A:D575, A:V576, A:L577, A:A578, A:N579, A:M580, A:I581, A:S582, A:E583, A:P584, A:R585, A:I586, A:S587, A:Y588, A:G589, A:N590, A:D591, A:A592, A:L593, A:M594, A:P595, A:S596, A:L597, A:T598, A:E599, A:T600, A:K601, A:T602, A:T603, A:V604, A:E605, A:L606, A:V609, A:P620, A:W621, A:H622, A:S623, A:P624, A:G625, A:A626, A:D627, A:S628, A:V629, A:P630, A:A631, A:N632, A:T633, A:E634, A:N635, A:E636, A:V637, A:E638, A:P639, A:V640, A:D641, A:A642, A:R643, A:P644, A:A645, A:A646, A:D647, A:R648, A:G649, A:L650, A:T651, A:T652, A:R653, A:P654, A:G655, A:S656, A:G657, A:L658, A:T659, A:N660, A:I661, A:K662, A:T663, A:E664, A:E665, A:I666, A:S667, A:E668, A:V669, A:K670, A:M671, A:D672, A:A673, A:E674, A:F675, A:R676, A:H677, A:D678, A:S679, A:G680, A:Y681, A:E682, A:V683, A:H684, A:H685, A:Q686, A:K687, A:L688, A:V689, A:F690, A:F691, A:A692, A:D694, A:V695, A:G696, A:S697		156	0.779
2	A:P173, A:C174, A:F184, A:V185, A:C186, A:C187, A:P188, A:L189, A:A190, A:E191, A:E192, A:S193, A:A199, A:D200, A:A201, A:E202, A:E203, A:D204, A:D205, A:S206, A:D207, A:V208, A:W209, A:W210, A:G211, A:G212, A:A213, A:D214, A:T215, A:D216, A:Y217, A:A218, A:D219, A:G220, A:S221, A:E222, A:D223, A:K224, A:V225, A:V226, A:E227, A:V228, A:A229, A:E230, A:E231, A:E232, A:E233, A:V234, A:A235, A:E236, A:V237, A:E238, A:E239, A:E240, A:E241, A:A242, A:D243, A:D244, A:D245, A:E246, A:D247, A:D248, A:E249, A:D250, A:G251, A:D252, A:E253, A:V254, A:E255, A:E256, A:E257, A:A258, A:E259, A:E260, A:P261, A:Y262, A:E263, A:E264, A:A265, A:T266, A:E267, A:R268, A:T269, A:T270, A:S271, A:I272, A:A273, A:T274, A:T275, A:T276, A:T277, A:T278, A:T279, A:T280, A:E281, A:Q294, A:A295, A:E296, A:T297, A:G298, A:P299, A:C300, A:R301, A:A302, A:M303, A:I304, A:S305, A:R306, A:W307		109	0.751
3	A:L2, A:P3, A:G4, A:L5, A:A6, A:L7, A:L8, A:L9, A:L10, A:A11, A:A12, A:W13, A:T14, A:A15, A:R16, A:A17, A:L18, A:E19, A:V20, A:P21, A:I34, A:A35, A:M36, A:F37, A:C38, A:G39, A:R40, A:L41, A:N42, A:M43, A:H44, A:M45, A:N46, A:V47, A:Q48, A:N49, A:G50, A:K51, A:W52, A:D53, A:S54, A:D55, A:P56, A:S57, A:K60, A:T61, A:C62, A:I63, A:D64, A:T65, A:K66, A:E67, A:G68, A:I69, A:L70, A:Q71, A:Y72, A:C73, A:Q74, A:E75, A:V76, A:Y77, A:P78, A:Q81, A:I82, A:T83, A:N84, A:I94, A:Q95, A:C98, A:K99, A:R100, A:G101, A:R102, A:K103, A:Q104, A:C105, A:K106, A:T107, A:H108, A:P109, A:H110, A:F111, A:V112, A:I113, A:P114, A:Y115, A:C117, A:L118, A:V119, A:L364		91	0.69
4	A:G181, A:V182, A:E183, A:I432, A:Q433, A:Q436, A:E437, A:K438, A:V439, A:E440, A:S441, A:L442, A:E443, A:Q444		14	0.593
5	A:E396, A:R397, A:L398, A:E399, A:A400, A:K401, A:H402, A:E404, A:R405, A:M406, A:S407, A:M410, A:R411, A:E412, A:W413, A:R418		16	0.516
Iranian				
1	A:S528, A:V530, A:M531, A:T532, A:H533, A:L534, A:R535, A:V536, A:I537, A:Y538, A:E539, A:R540, A:M541, A:N542, A:Q543, A:S544, A:L545, A:S546, A:L547, A:L548, A:Y549, A:N550, A:V551, A:P552, A:A553, A:V554, A:A555, A:E556, A:E557, A:I558, A:Q559, A:D560, A:E561, A:V562, A:D563, A:E564, A:L565, A:L566, A:Q567, A:Q570, A:N571, A:Y572, A:S573, A:D574, A:D575, A:V576, A:L577, A:A578, A:N579, A:M580, A:I581, A:S582, A:E583, A:P584, A:R585, A:I586, A:S587, A:Y588, A:G589, A:N590, A:D591, A:A592, A:L593, A:M594, A:P595, A:S596, A:L597, A:T598, A:E599, A:T600, A:K601, A:T602, A:T603, A:V604, A:E605, A:L606, A:V609, A:N610, A:P620, A:H622, A:S623, A:F624, A:G625, A:A626, A:D627, A:S628, A:V629, A:P630, A:A631, A:N632, A:T633, A:E634, A:N635, A:E636, A:V637, A:E638, A:P639, A:V640, A:D641, A:A642, A:R643, A:P644, A:A645, A:A646, A:D647, A:R648, A:G649, A:L650, A:T651, A:T652, A:R653, A:P654, A:G655, A:S656, A:G657, A:L658, A:T659, A:N660, A:I661, A:K662, A:T663, A:E664, A:E665, A:I666, A:S667, A:E668, A:V669, A:K670, A:M671, A:D672, A:A673, A:E674, A:F675, A:R676, A:H677, A:D678, A:S679, A:G680, A:Y681, A:E682, A:V683, A:H684, A:H685, A:Q686, A:K687, A:L688, A:V689, A:F690, A:F691, A:A692, A:D694, A:V695, A:S697		153	0.784

(Cont'd...)

Table S4. (Continued)

Wild-type amyloid precursor protein			
No.	Residues	Number of residues	Score
2	A:C174, A:I176, A:D177, A:K178, A:F179, A:G181, A:V182, A:E183, A:F184, A:V185, A:E191, A:E192, A:S193, A:D194, A:N195, A:V196, A:D197, A:S198, A:A199, A:D200, A:A201, A:E202, A:E203, A:D204, A:D205, A:S206, A:D207, A:V208, A:W209, A:W210, A:G211, A:G212, A:A213, A:D214, A:T215, A:D216, A:Y217, A:A218, A:D219, A:G220, A:S221, A:E222, A:D223, A:K224, A:V225, A:V226, A:E227, A:V228, A:A229, A:E230, A:E231, A:E232, A:V234, A:A235, A:E236, A:V237, A:E238, A:E239, A:E240, A:E241, A:A242, A:D243, A:D244, A:D245, A:E246, A:D247, A:D248, A:E249, A:D250, A:G251, A:D252, A:E253, A:V254, A:E255, A:E256, A:E257, A:A258, A:E259, A:E260, A:P261, A:Y262, A:E263, A:E264, A:A265, A:T266, A:E267, A:T280, A:E281, A:S282, A:V283, A:E284, A:E285, A:V286, A:V287, A:R288, A:E289, A:V290, A:C291, A:S292, A:E293, A:Q294, A:A295, A:E296, A:T297, A:G298, A:P299, A:C300, A:R301, A:A302, A:M303, A:I304, A:S305, A:R306, A:T333, A:E334, A:E335, A:M338	117	0.723
3	A:E766, A:Q767, A:Q769, A:N770	4	0.707
4	A:M1, A:L2, A:P3, A:G4, A:L5, A:A6, A:L7, A:L8, A:L9, A:L10, A:A11, A:A12, A:W13, A:T14, A:A15, A:R16, A:A17, A:L18, A:E19, A:V20, A:P21, A:I34, A:A35, A:M36, A:F37, A:C38, A:G39, A:R40, A:L41, A:N42, A:M43, A:H44, A:M45, A:N46, A:V47, A:Q48, A:N49, A:G50, A:K51, A:W52, A:D53, A:S54, A:D55, A:S57, A:K60, A:T61, A:C62, A:I63, A:D64, A:T65, A:K66, A:E67, A:G68, A:I69, A:L70, A:Q71, A:Y72, A:C73, A:Q74, A:E75, A:V76, A:Y77, A:P78, A:E79, A:L80, A:Q81, A:I82, A:T83, A:I94, A:N96, A:W97, A:C98, A:K99, A:R100, A:G101, A:R102, A:K103, A:C105, A:K106, A:T107, A:H108, A:P109, A:H110, A:F111, A:V112, A:I113, A:P114, A:Y115, A:R116, A:C117, A:L118, A:V119, A:E758	93	0.686
5	A:E396, A:E399, A:A400, A:K401, A:H402, A:R403	6	0.564
6	A:E437, A:K438, A:V439, A:E440, A:S441, A:L442, A:E443, A:E445, A:A446, A:A447, A:N448, A:E449, A:R450	13	0.551
London			
1	A:A524, A:R527, A:S528, A:V530, A:M531, A:T532, A:H533, A:L534, A:R535, A:V536, A:I537, A:Y538, A:E539, A:R540, A:M541, A:N542, A:Q543, A:S544, A:L545, A:S546, A:L547, A:L548, A:Y549, A:N550, A:V551, A:P552, A:A553, A:V554, A:A555, A:E556, A:E557, A:I558, A:Q559, A:D560, A:E561, A:V562, A:D563, A:E564, A:L565, A:L566, A:Q567, A:K568, A:E569, A:Q570, A:N571, A:Y572, A:S573, A:D574, A:D575, A:V576, A:L577, A:A578, A:N579, A:M580, A:I581, A:S582, A:E583, A:P584, A:R585, A:I586, A:S587, A:Y588, A:G589, A:N590, A:D591, A:A592, A:L593, A:M594, A:P595, A:S596, A:L597, A:T598, A:E599, A:T600, A:K601, A:T602, A:T603, A:V604, A:E605, A:L606, A:L607, A:P620, A:W621, A:H622, A:S623, A:F624, A:G625, A:A626, A:D627, A:S628, A:V629, A:P630, A:A631, A:N632, A:T633, A:E634, A:N635, A:E636, A:V637, A:E638, A:P639, A:V640, A:D641, A:A642, A:R643, A:P644, A:A645, A:A646, A:D647, A:R648, A:G649, A:L650, A:T651, A:T652, A:R653, A:P654, A:G655, A:S656, A:G657, A:L658, A:T659, A:N660, A:I661, A:K662, A:T663, A:E664, A:E665, A:I666, A:S667, A:E668, A:V669, A:K670, A:M671, A:D672, A:A673, A:E674, A:F675, A:R676, A:H677, A:D678, A:S679, A:G680, A:Y681, A:E682, A:V683, A:H684, A:H685, A:Q686, A:K687, A:L688, A:V689, A:F690, A:A692, A:D694, A:V695, A:G696, A:S697	157	0.78
2	A:P173, A:G181, A:V182, A:E183, A:F184, A:V185, A:C186, A:C187, A:P188, A:L189, A:A190, A:E191, A:E192, A:S193, A:A199, A:D200, A:A201, A:E202, A:E203, A:D204, A:D205, A:S206, A:D207, A:V208, A:W209, A:W210, A:G211, A:G212, A:A213, A:D214, A:T215, A:D216, A:Y217, A:A218, A:D219, A:G220, A:S221, A:E222, A:D223, A:K224, A:V225, A:V226, A:E227, A:V228, A:A229, A:E230, A:E231, A:E232, A:E233, A:V234, A:A235, A:E236, A:V237, A:E238, A:E239, A:E240, A:E241, A:A242, A:D243, A:D244, A:D245, A:E246, A:D247, A:D248, A:E249, A:D250, A:G251, A:D252, A:E253, A:V254, A:E255, A:E256, A:E257, A:A258, A:E259, A:E260, A:P261, A:Y262, A:E263, A:E264, A:A265, A:T266, A:E267, A:R268, A:T269, A:T270, A:S271, A:I272, A:A273, A:T274, A:T275, A:T276, A:T277, A:T278, A:T279, A:T280, A:E281, A:E293, A:Q294, A:A295, A:E296, A:T297, A:G298, A:P299, A:C300, A:R301, A:A302, A:M303, A:I304, A:S305, A:R306, A:Q433, A:H434, A:Q436, A:E437, A:K438, A:V439, A:E440, A:S441, A:L442, A:E443, A:E445, A:A446, A:A447, A:N448, A:E449, A:R450	127	0.717
3	A:M1, A:L2, A:P3, A:G4, A:L5, A:A6, A:L7, A:L8, A:L9, A:L10, A:A11, A:A12, A:W13, A:T14, A:A15, A:R16, A:A17, A:L18, A:E19, A:V20, A:P21, A:I34, A:A35, A:M36, A:F37, A:C38, A:G39, A:R40, A:L41, A:N42, A:M43, A:H44, A:M45, A:N46, A:V47, A:Q48, A:N49, A:G50, A:K51, A:W52, A:D53, A:S54, A:D55, A:P56, A:S57, A:G58, A:K60, A:T61, A:C62, A:I63, A:D64, A:T65, A:K66, A:E67, A:G68, A:I69, A:L70, A:Q71, A:Y72, A:C73, A:Q74, A:E75, A:V76, A:Y77, A:P78, A:E79, A:L80, A:Q81, A:I82, A:T83, A:I94, A:Q95, A:W97, A:C98, A:K99, A:R100, A:K103, A:Q104, A:C105, A:K106, A:T107, A:H108, A:P109, A:H110, A:F111, A:V112, A:I113, A:P114, A:Y115, A:R116, A:C117, A:L118, A:V119	93	0.701

(Cont'd...)

Table S4. (Continued)

No.	Residues	Wild-type amyloid precursor protein	Number of residues	Score
4	A:E396, A:E399, A:A400, A:K401, A:R403		5	0.583
M722K				
1	A:S528, A:V530, A:M531, A:T532, A:H533, A:L534, A:R535, A:V536, A:I537, A:Y538, A:E539, A:R540, A:M541, A:N542, A:Q543, A:Y549, A:N550, A:V551, A:P552, A:A553, A:V554, A:A555, A:E556, A:E557, A:I558, A:Q559, A:D560, A:E561, A:V562, A:D563, A:E564, A:L565, A:L566, A:Q567, A:K568, A:E569, A:Q570, A:N571, A:Y572, A:S573, A:D574, A:D575, A:V576, A:L577, A:A578, A:N579, A:M580, A:I581, A:S582, A:E583, A:P584, A:R585, A:I586, A:S587, A:Y588, A:G589, A:N590, A:D591, A:A592, A:L593, A:M594, A:P595, A:S596, A:L597, A:T598, A:E599, A:T600, A:K601, A:T602, A:T603, A:V604, A:E605, A:L606, A:V609, A:N610, A:P620, A:W621, A:H622, A:S623, A:F624, A:G625, A:A626, A:D627, A:S628, A:V629, A:P630, A:A631, A:N632, A:T633, A:E634, A:N635, A:E636, A:V637, A:E638, A:P639, A:V640, A:D641, A:A642, A:R643, A:P644, A:A645, A:A646, A:D647, A:R648, A:G649, A:L650, A:T651, A:T652, A:R653, A:P654, A:G655, A:S656, A:G657, A:L658, A:T659, A:N660, A:I661, A:K662, A:T663, A:E664, A:E665, A:I666, A:S667, A:E668, A:V669, A:K670, A:M671, A:D672, A:A673, A:E674, A:F675, A:R676, A:H677, A:D678, A:S679, A:G680, A:Y681, A:E682, A:V683, A:H684, A:H685, A:Q686, A:K687, A:L688, A:V689, A:F690, A:F691, A:A692, A:E693, A:D694, A:V695, A:G696		152	0.784
2	A:S544, A:L545, A:S546, A:L547, A:L548		5	0.76
3	A:L171, A:L172, A:P173, A:C174, A:G175, A:I176, A:D177, A:K178, A:F179, A:R180, A:F184, A:V185, A:C186, A:C187, A:P188, A:L189, A:A190, A:E191, A:E192, A:S193, A:D200, A:A201, A:E202, A:E203, A:D204, A:D205, A:S206, A:D207, A:V208, A:W209, A:W210, A:G211, A:G212, A:A213, A:D214, A:T215, A:D216, A:Y217, A:A218, A:D219, A:G220, A:S221, A:E222, A:D223, A:K224, A:V225, A:V226, A:E227, A:V228, A:A229, A:E230, A:E231, A:E232, A:E233, A:V234, A:A235, A:E236, A:V237, A:E238, A:E239, A:E240, A:E241, A:A242, A:D243, A:D244, A:D245, A:E246, A:D248, A:E249, A:D250, A:G251, A:D252, A:E253, A:V254, A:E255, A:E256, A:E257, A:A258, A:E259, A:E260, A:P261, A:Y262, A:E263, A:E264, A:A265, A:T266, A:E267, A:R268, A:T269, A:T270, A:S271, A:I272, A:A273, A:T274, A:T275, A:T276, A:T277, A:T278, A:T279, A:T280, A:E281, A:Q294, A:A295, A:E296, A:T297, A:G298, A:P299, A:C300, A:R301, A:A302, A:M303, A:I304, A:S305, A:R306, A:W307, A:P424, A:K425, A:A426, A:D427, A:K429, A:A430, A:H434, A:F435, A:Q436, A:E437, A:K438, A:V439, A:E440, A:S441, A:L442, A:E443, A:Q444, A:E445, A:A446, A:A447, A:N448, A:E449		137	0.704
4	A:M1, A:L2, A:P3, A:G4, A:L5, A:A6, A:L7, A:L8, A:L9, A:L10, A:A11, A:A12, A:W13, A:T14, A:A15, A:R16, A:A17, A:L18, A:E19, A:V20, A:P21, A:T22, A:A30, A:E31, A:P32, A:Q33, A:I34, A:A35, A:M36, A:F37, A:C38, A:G39, A:R40, A:L41, A:N42, A:M43, A:H44, A:M45, A:N46, A:V47, A:Q48, A:N49, A:G50, A:K51, A:W52, A:D53, A:S54, A:D55, A:P56, A:S57, A:G58, A:T59, A:K60, A:T61, A:C62, A:I63, A:D64, A:T65, A:K66, A:E67, A:G68, A:I69, A:L70, A:Q71, A:Y72, A:C73, A:Q74, A:E75, A:V76, A:Y77, A:P78, A:E79, A:L80, A:Q81, A:I82, A:T83, A:I94, A:Q95, A:N96, A:W97, A:C98, A:K99, A:R100, A:G101, A:R102, A:K103, A:Q104, A:C105, A:K106, A:T107, A:H108, A:P109, A:H110, A:F111, A:V112, A:I113, A:P114, A:Y115, A:V362, A:P760, A:T761, A:Y762, A:F764, A:E766, A:Q767, A:M768		106	0.656
5	A:E399, A:A400, A:K401, A:R403, A:E404		5	0.604
6	A:M706, A:V707, A:V710		3	0.519
7	A:T333, A:E334, A:E335, A:M338		4	0.505
T719N				
1	A:S528, A:Q529, A:V530, A:M531, A:T532, A:H533, A:L534, A:R535, A:V536, A:I537, A:Y538, A:E539, A:R540, A:M541, A:N542, A:Q543, A:S544, A:L545, A:S546, A:L547, A:L548, A:Y549, A:N550, A:V551, A:P552, A:A553, A:V554, A:A555, A:E556, A:E557, A:I558, A:Q559, A:D560, A:E561, A:V562, A:D563, A:E564, A:L565, A:L566, A:Q567, A:Q570, A:N571, A:Y572, A:S573, A:D574, A:D575, A:V576, A:L577, A:A578, A:N579, A:M580, A:I581, A:S582, A:E583, A:P584, A:R585, A:I586, A:S587, A:Y588, A:G589, A:N590, A:D591, A:A592, A:L593, A:M594, A:P595, A:S596, A:L597, A:T598, A:E599, A:T600, A:K601, A:T602, A:T603, A:V604, A:E605, A:L606, A:V609, A:N610, A:P620, A:W621, A:H622, A:S623, A:F624, A:G625, A:A626, A:D627, A:S628, A:V629, A:P630, A:A631, A:N632, A:T633, A:E634, A:N635, A:E636, A:V637, A:E638, A:P639, A:V640, A:D641, A:A642, A:R643, A:P644, A:A645, A:A646, A:D647, A:R648, A:G649, A:L650, A:T651, A:T652, A:R653, A:P654, A:G655, A:S656, A:G657, A:L658, A:T659, A:N660, A:I661, A:K662, A:T663, A:E664, A:E665, A:I666, A:S667, A:E668, A:V669, A:K670, A:M671, A:D672, A:A673, A:E674, A:F675, A:R676, A:H677, A:D678, A:S679, A:G680, A:Y681, A:E682, A:V683, A:H684, A:H685, A:Q686, A:K687, A:L688, A:V689, A:F690, A:F691, A:A692, A:D694, A:V695		153	0.785

(Cont'd...)

Table S4. (Continued)

Wild-type amyloid precursor protein			
No.	Residues	Number of residues	Score
2	A:C174, A:F184, A:V185, A:C186, A:C187, A:P188, A:L189, A:A190, A:E191, A:E192, A:S193, A:D200, A:A201, A:E202, A:E203, A:D204, A:D205, A:S206, A:D207, A:V208, A:W209, A:W210, A:G211, A:G212, A:A213, A:D214, A:T215, A:D216, A:Y217, A:A218, A:D219, A:G220, A:S221, A:E222, A:D223, A:K224, A:V225, A:V226, A:E227, A:V228, A:A229, A:E230, A:E231, A:E232, A:E233, A:V234, A:A235, A:E236, A:V237, A:E238, A:E239, A:E240, A:E241, A:A242, A:D243, A:D244, A:D245, A:E246, A:D247, A:D248, A:E249, A:D250, A:G251, A:D252, A:E253, A:V254, A:E255, A:E256, A:E257, A:A258, A:E259, A:E260, A:P261, A:Y262, A:E264, A:A265, A:T266, A:E267, A:R268, A:T269, A:T270, A:S271, A:I272, A:A273, A:T274, A:T275, A:T276, A:T277, A:T278, A:Q294, A:A295, A:E296, A:T297, A:G298, A:P299, A:C300, A:R301, A:A302, A:M303, A:I304, A:S305, A:R306, A:W307	103	0.765
3	A:M1, A:L2, A:P3, A:G4, A:L5, A:A6, A:L7, A:L8, A:L9, A:L10, A:A11, A:A12, A:W13, A:T14, A:A15, A:R16, A:A17, A:L18, A:E19, A:V20, A:P21, A:I34, A:A35, A:M36, A:F37, A:C38, A:G39, A:R40, A:L41, A:N42, A:M43, A:H44, A:M45, A:N46, A:V47, A:Q48, A:N49, A:G50, A:K51, A:W52, A:D53, A:S54, A:D55, A:P56, A:S57, A:T59, A:K60, A:T61, A:C62, A:I63, A:D64, A:T65, A:K66, A:E67, A:G68, A:I69, A:L70, A:Q71, A:Y72, A:C73, A:Q74, A:E75, A:Y77, A:P78, A:Q81, A:I82, A:T83, A:N84, A:I94, A:C98, A:K99, A:G101, A:R102, A:K103, A:C105, A:K106, A:T107, A:H108, A:P109, A:H110, A:F111, A:V112, A:I113, A:P114, A:Y115, A:C117, A:L118, A:V119	88	0.691
4	A:E766, A:Q769, A:N770	3	0.67
5	A:A400, A:K401, A:H402, A:R403	4	0.603
6	A:R180, A:G181, A:V182, A:E183, A:A426, A:D427, A:K428, A:K429, A:A430, A:H434, A:F435, A:Q436, A:E437, A:K438, A:V439, A:E440, A:S441, A:L442, A:E443, A:Q444, A:E445, A:A446	22	0.543
7	A:T366, A:A369, A:S370, A:T371, A:P372, A:D373	6	0.525
Swedish			
1	A:S528, A:V530, A:M531, A:T532, A:H533, A:L534, A:R535, A:V536, A:I537, A:Y538, A:E539, A:R540, A:M541, A:N542, A:Q543, A:S544, A:L545, A:S546, A:L547, A:L548, A:Y549, A:N550, A:V551, A:P552, A:A553, A:V554, A:A555, A:E556, A:E557, A:I558, A:Q559, A:D560, A:E561, A:V562, A:D563, A:E564, A:L565, A:L566, A:Q567, A:K568, A:E569, A:Q570, A:N571, A:Y572, A:S573, A:D574, A:D575, A:V576, A:L577, A:A578, A:N579, A:M580, A:I581, A:S582, A:E583, A:P584, A:R585, A:I586, A:S587, A:Y588, A:G589, A:N590, A:D591, A:A592, A:L593, A:M594, A:P595, A:S596, A:L597, A:T598, A:E599, A:T600, A:K601, A:T602, A:T603, A:V604, A:E605, A:L606, A:V609, A:P620, A:S623, A:F624, A:G625, A:A626, A:D627, A:S628, A:V629, A:P630, A:A631, A:N632, A:T633, A:E634, A:N635, A:E636, A:V637, A:E638, A:P639, A:V640, A:D641, A:A642, A:R643, A:P644, A:A645, A:A646, A:D647, A:R648, A:G649, A:L650, A:T651, A:T652, A:R653, A:P654, A:G655, A:S656, A:G657, A:L658, A:T659, A:N660, A:I661, A:K662, A:T663, A:E664, A:E665, A:I666, A:S667, A:E668, A:V669, A:N670, A:L671, A:D672, A:A673, A:E674, A:F675, A:R676, A:H677, A:D678, A:S679, A:G680, A:Y681, A:E682, A:V683, A:H684, A:H685, A:Q686, A:K687, A:L688, A:V689, A:F690, A:F691, A:A692, A:D694, A:V695, A:S697	153	0.783
2	A:D197, A:D200, A:A201, A:E202, A:E203, A:D204, A:D205, A:S206, A:D207, A:V208, A:W209, A:G211, A:G212, A:D216, A:A218, A:D219, A:G220, A:S221, A:E222, A:D223, A:K224, A:V225, A:V226, A:E227, A:V228, A:A229, A:E230, A:E231, A:E232, A:E233, A:V234, A:A235, A:E236, A:V237, A:E238, A:E239, A:E240, A:E241, A:A242, A:D243, A:D244, A:D245, A:E246, A:D247, A:D248, A:E249, A:D250, A:G251, A:D252, A:E253, A:V254, A:E255, A:E256, A:E257, A:A258, A:E259, A:E260, A:P261, A:Y262, A:E263, A:E264, A:A265, A:T266, A:E267, A:R268, A:T269, A:T270, A:S271, A:I272, A:A273, A:T274, A:T275, A:T276, A:T277, A:T278, A:T279, A:T280, A:E281, A:S282, A:V283, A:E284, A:E285, A:V286, A:V287, A:R288, A:E289, A:V290, A:C291, A:S292, A:E293, A:Q294, A:A295, A:E296, A:T297, A:G298, A:P299, A:C300, A:R301, A:A302, A:M303, A:I304, A:S305, A:R306, A:W307, A:Y308, A:F309, A:G326, A:N327, A:R328, A:N329, A:N330, A:F331, A:D332, A:T333, A:E334, A:E335	116	0.741

(Cont'd...)

Table S4. (Continued)

Wild-type amyloid precursor protein			
No.	Residues	Number of residues	Score
3	A:M1, A:L2, A:P3, A:G4, A:L5, A:A6, A:L7, A:L8, A:L9, A:L10, A:A11, A:A12, A:W13, A:T14, A:A15, A:R16, A:A17, A:L18, A:E19, A:V20, A:P21, A:T22, A:D23, A:G24, A:N25, A:A26, A:G27, A:L28, A:L29, A:A30, A:E31, A:P32, A:Q33, A:I34, A:G39, A:R40, A:L41, A:S54, A:D55, A:P56, A:S57, A:G58, A:T59, A:K60, A:T61, A:C62, A:I63, A:D64, A:T65, A:K66, A:E67, A:G68, A:I69, A:L70, A:Q71, A:C73, A:Q74, A:Y77, A:P78, A:E79, A:L80, A:Q81, A:I82, A:T83, A:N84, A:V85, A:V86, A:E87, A:A88, A:N89, A:Q90, A:P91, A:V92, A:T93, A:Q95, A:N96, A:V112, A:Y115, A:R116, A:C117, A:L118, A:V119, A:G120, A:E121, A:F122, A:V123, A:S124, A:D125, A:A126, A:L127, A:L128, A:V129, A:P130, A:D131, A:K132, A:C133, A:F135, A:L136, A:H137, A:Q138	100	0.695
4	A:F435, A:Q436, A:E437, A:K438, A:V439, A:E440, A:S441, A:L442, A:E443, A:Q444, A:E445, A:A446, A:A447, A:N448	14	0.555
5	A:R397, A:L398, A:E399, A:A400, A:K401, A:H402, A:R403, A:E404, A:R405, A:S407, A:Q408, A:V409, A:M410, A:R411, A:E412, A:W413, A:E414, A:E415, A:A416, A:R418	20	0.526
Taiwanese			
1	A:E766, A:Q769, A:N770	3	0.955
2	A:A645, A:A646, A:D647, A:G649, A:L650, A:T651, A:T652, A:R653, A:P654, A:G655, A:S656, A:G657, A:L658, A:T659, A:N660, A:I661, A:K662, A:T663, A:E664, A:E665, A:S679, A:G680, A:Y681, A:E682, A:V683, A:H684, A:H685, A:Q686, A:K687, A:L688, A:V689, A:F690, A:F691, A:A692, A:E693, A:D694, A:V695, A:G696, A:S697, A:N698, A:K699, A:G700, A:A701, A:I702, A:I703, A:G704, A:L705, A:M706, A:V707, A:G708, A:G709, A:V710, A:V711, A:I712, A:A713, A:T714, A:V715, A:I716, A:V717, A:I718, A:T719, A:L720, A:V721, A:M722, A:L723, A:K724, A:K725, A:K726, A:Q727, A:Y728, A:T729, A:S730, A:I731, A:H732, A:H733, A:G734, A:V735, A:V736, A:E737, A:V738, A:D739, A:A740, A:A741, A:V742, A:T743, A:P744, A:E745, A:E746, A:R747, A:H748, A:L749, A:S750, A:K751, A:M752, A:Q753, A:Q754, A:N755, A:G756, A:Y757, A:E758, A:N759, A:P760, A:T761, A:Y762, A:K763, A:F764, A:F765, A:Q767, A:M768	109	0.846
3	A:A17, A:L18, A:E19, A:V20, A:P21, A:T22, A:D23, A:G24, A:N25, A:A26, A:G27, A:L28, A:L29, A:A30, A:E31, A:P32, A:Q33, A:I34, A:A35, A:M36, A:F37, A:C38, A:G39, A:R40, A:L41, A:N42, A:M43, A:H44, A:M45, A:N46, A:V47, A:Q48, A:N49, A:G50, A:K51, A:W52, A:D53, A:S54, A:D55, A:P56, A:S57, A:G58, A:T59, A:K60, A:T61, A:C62, A:I63, A:D64, A:T65, A:K66, A:E67, A:G68, A:I69, A:L70, A:Q71, A:Y72, A:C73, A:Q74, A:E75, A:V76, A:Y77, A:P78, A:E79, A:L80, A:Q81, A:I82, A:T83, A:N84, A:V85, A:V86, A:E87, A:A88, A:N89, A:Q90, A:P91, A:V92, A:T93, A:I94, A:Q95, A:N96, A:W97, A:C98, A:K99, A:R100, A:G101, A:R102, A:K103, A:Q104, A:C105, A:K106, A:T107, A:H108, A:P109, A:H110, A:F111, A:V112, A:I113, A:P114, A:Y115, A:D131, A:C133, A:M141, A:D142, A:V143, A:E145, A:W150, A:H151, A:T152, A:V153, A:A154, A:K155, A:E156, A:T157, A:C158, A:S159, A:E160, A:K161, A:S162, A:T163, A:N164, A:L165	121	0.72
4	A:E241, A:A242, A:D243, A:D244, A:D245, A:E264, A:A265, A:T266, A:E267, A:R268, A:T269, A:T270, A:S271, A:I272, A:A273, A:T274, A:T275, A:T276, A:T277, A:T278, A:T279, A:T280, A:E281, A:S282, A:V283, A:E284, A:E285, A:V286, A:V287, A:R288, A:E289, A:V290, A:S292	33	0.701
5	A:M345, A:S348, A:L349, A:L350, A:K351, A:T352, A:T353, A:Q354, A:E355, A:P356, A:L357, A:A358, A:R359, A:D360, A:P361, A:V362, A:K363, A:L364, A:A374, A:V375, A:D376, A:L379, A:N386, A:E387, A:H388, A:A389, A:H390, A:F391, A:Q392, A:K393, A:A394, A:K395, A:E396, A:R397, A:L398, A:E399, A:A400, A:K401, A:H402, A:R403, A:E404, A:R405, A:M406, A:S407, A:Q408, A:V409, A:M410, A:R411, A:E412, A:W413, A:E415, A:A416, A:E417, A:R418, A:Q419, A:A420, A:K421, A:N422, A:L423, A:P424, A:R470, A:L471, A:A472, A:L473, A:E474, A:N475, A:Y476, A:I477, A:T478, A:A479, A:L480, A:Q481, A:A482, A:V483, A:P484, A:P485, A:R486, A:H489	78	0.69
6	A:S667, A:E668, A:K670, A:M671, A:D672, A:A673, A:E674, A:F675, A:R676, A:H677, A:H678	11	0.608
7	A:S614, A:P630, A:A631, A:N632, A:T633, A:E634, A:N635, A:E636, A:V637, A:E638, A:P639, A:V640, A:D641, A:A642, A:R643	15	0.598
8	A:L7, A:L8, A:L9, A:L10, A:A11, A:A12, A:W13	7	0.572
9	A:T367, A:S370, A:T371	3	0.563
10	A:D200, A:A201, A:E202, A:E203	4	0.561

(Cont'd...)

Table S4. (Continued)

Wild-type amyloid precursor protein				
No.	Residues		Number of residues	Score
11	A:P608, A:V609, A:N610, A:G611, A:E612, A:F613		6	0.54
12	A:R116, A:C117, A:L118, A:V119, A:G120, A:R140		6	0.526
V717G				
1	A:S528, A:V530, A:M531, A:T532, A:H533, A:L534, A:R535, A:V536, A:I537, A:Y538, A:E539, A:R540, A:M541, A:N542, A:Q543, A:S544, A:L545, A:S546, A:L547, A:L548, A:Y549, A:N550, A:V551, A:P552, A:A553, A:V554, A:A555, A:E556, A:E557, A:I558, A:Q559, A:D560, A:E561, A:V562, A:D563, A:E564, A:L565, A:L566, A:Q567, A:K568, A:E569, A:Q570, A:N571, A:Y572, A:S573, A:D574, A:D575, A:V576, A:L577, A:A578, A:N579, A:M580, A:I581, A:S582, A:E583, A:P584, A:R585, A:I586, A:S587, A:Y588, A:G589, A:N590, A:D591, A:A592, A:L593, A:M594, A:P595, A:S596, A:L597, A:T598, A:E599, A:T600, A:K601, A:T602, A:T603, A:V604, A:E605, A:L606, A:V609, A:P620, A:H622, A:S623, A:F624, A:G625, A:A626, A:D627, A:S628, A:V629, A:P630, A:A631, A:N632, A:T633, A:E634, A:N635, A:E636, A:V637, A:E638, A:P639, A:V640, A:D641, A:A642, A:R643, A:P644, A:A645, A:A646, A:D647, A:R648, A:G649, A:L650, A:T651, A:T652, A:R653, A:P654, A:G655, A:S656, A:G657, A:L658, A:T659, A:N660, A:I661, A:K662, A:T663, A:E664, A:E665, A:I666, A:S667, A:E668, A:V669, A:K670, A:M671, A:D672, A:A673, A:E674, A:F675, A:R676, A:H677, A:D678, A:S679, A:G680, A:Y681, A:E682, A:V683, A:H684, A:H685, A:Q686, A:K687, A:L688, A:V689, A:F690, A:F691, A:A692, A:D694, A:V695, A:G696, A:S697		155	0.788
2	A:M170, A:L171, A:L172, A:C174, A:R180, A:G181, A:V182, A:E183, A:F184, A:V185, A:C186, A:C187, A:P188, A:L189, A:A190, A:E191, A:E192, A:S193, A:A199, A:D200, A:A201, A:E202, A:E203, A:D204, A:D205, A:S206, A:D207, A:V208, A:W209, A:W210, A:G211, A:G212, A:A213, A:D214, A:T215, A:D216, A:Y217, A:A218, A:D219, A:G220, A:S221, A:E222, A:D223, A:K224, A:V225, A:V226, A:E227, A:V228, A:A229, A:E230, A:E231, A:E232, A:E233, A:V234, A:A235, A:E236, A:V237, A:E238, A:E240, A:E241, A:A242, A:D243, A:D244, A:D245, A:E246, A:D247, A:D248, A:E249, A:D250, A:G251, A:D252, A:E253, A:V254, A:E255, A:E256, A:E257, A:A258, A:E259, A:E260, A:P261, A:Y262, A:E263, A:E264, A:A265, A:T266, A:E267, A:R268, A:T269, A:T270, A:S271, A:I272, A:A273, A:T274, A:T275, A:T276, A:E289, A:V290, A:C291, A:S292, A:E293, A:Q294, A:A295, A:E296, A:T297, A:G298, A:P299, A:C300, A:R301, A:A302, A:M303, A:I304, A:S305, A:R306, A:W307, A:Y308, A:T333, A:E334, A:E335, A:M338, A:H434, A:E437, A:K438, A:V439, A:E440, A:S441, A:L442, A:E443, A:Q444, A:E445, A:A446, A:A447, A:N448, A:E449, A:R450		134	0.702
3	A:M1, A:L2, A:P3, A:G4, A:L5, A:A6, A:L7, A:L8, A:L9, A:L10, A:A11, A:A12, A:W13, A:R16, A:A17, A:L18, A:E19, A:V20, A:P21, A:A30, A:E31, A:P32, A:Q33, A:I34, A:A35, A:M36, A:F37, A:C38, A:G39, A:R40, A:L41, A:N42, A:M43, A:H44, A:M45, A:N46, A:V47, A:Q48, A:N49, A:G50, A:K51, A:W52, A:D53, A:S54, A:D55, A:P56, A:S57, A:K60, A:T61, A:C62, A:I63, A:D64, A:T65, A:K66, A:E67, A:G68, A:I69, A:L70, A:Q71, A:Y72, A:C73, A:Q74, A:E75, A:Y77, A:P78, A:Q81, A:I82, A:T83, A:I94, A:Q95, A:C98, A:K99, A:R100, A:K103, A:Q104, A:C105, A:K106, A:T107, A:H108, A:P109, A:H110, A:F111, A:V112, A:I113, A:P114, A:V362, A:L364, A:P365, A:T366, A:A369, A:S370, A:T371, A:P372, A:D373		94	0.679
4	A:E396, A:E399, A:A400, A:K401, A:R403, A:E404, A:R405, A:M406		8	0.59
5	A:M706, A:V707, A:V710		3	0.533
6	A:N84, A:Y115, A:R116, A:C117, A:L118, A:V119		6	0.515
V717L				
1	A:S528, A:V530, A:M531, A:T532, A:H533, A:L534, A:R535, A:V536, A:I537, A:Y538, A:E539, A:R540, A:M541, A:N542, A:Q543, A:S544, A:L545, A:S546, A:L547, A:L548, A:Y549, A:N550, A:V551, A:P552, A:A553, A:V554, A:A555, A:E556, A:E557, A:I558, A:Q559, A:D560, A:E561, A:V562, A:D563, A:E564, A:L565, A:L566, A:Q567, A:Q570, A:N571, A:Y572, A:S573, A:D574, A:D575, A:V576, A:L577, A:A578, A:N579, A:M580, A:I581, A:S582, A:E583, A:P584, A:R585, A:I586, A:S587, A:Y588, A:G589, A:N590, A:D591, A:A592, A:L593, A:M594, A:P595, A:S596, A:L597, A:T598, A:E599, A:T600, A:K601, A:T602, A:T603, A:V604, A:E605, A:L606, A:P620, A:H622, A:S623, A:F624, A:G625, A:A626, A:D627, A:S628, A:V629, A:P630, A:A631, A:N632, A:T633, A:E634, A:N635, A:E636, A:V637, A:E638, A:P639, A:V640, A:D641, A:A642, A:R643, A:P644, A:A645, A:A646, A:D647, A:R648, A:G649, A:L650, A:T651, A:T652, A:R653, A:P654, A:G655, A:S656, A:G657, A:L658, A:T659, A:N660, A:I661, A:K662, A:T663, A:E664, A:E665, A:I666, A:S667, A:E668, A:V669, A:K670, A:M671, A:D672, A:A673, A:E674, A:F675, A:R676, A:H677, A:D678, A:S679, A:G680, A:Y681, A:E682, A:V683, A:H684, A:H685, A:Q686, A:K687, A:L688, A:V689, A:F690, A:F691, A:A692, A:D694, A:V695, A:G696, A:S697		152	0.782

(Cont'd...)

Table S4. (Continued)

Wild-type amyloid precursor protein			
No.	Residues	Number of residues	Score
2	A:N195, A:A199, A:D200, A:A201, A:E202, A:E203, A:D204, A:D205, A:S206, A:D207, A:V208, A:W209, A:T215, A:D216, A:A218, A:D219, A:G220, A:S221, A:E222, A:D223, A:K224, A:V225, A:V226, A:E227, A:V228, A:A229, A:E230, A:E231, A:E232, A:E233, A:V234, A:A235, A:E236, A:V237, A:E238, A:E239, A:E240, A:E241, A:A242, A:D243, A:D244, A:D245, A:E246, A:D247, A:D248, A:E249, A:D250, A:G251, A:D252, A:E253, A:V254, A:E255, A:E256, A:E257, A:A258, A:E259, A:E260, A:P261, A:Y262, A:E263, A:E264, A:A265, A:T266, A:E267, A:R268, A:T269, A:T270, A:S271, A:I272, A:A273, A:T274, A:T275, A:T276, A:T277, A:T278, A:T279, A:T280, A:E281, A:S282, A:V283, A:E284, A:E285, A:V286, A:V287, A:R288, A:E289, A:V290, A:C291, A:S292, A:E293, A:Q294, A:A295, A:E296, A:T297, A:G298, A:P299, A:R301, A:M303, A:I304, A:S305, A:R306, A:W307, A:Y308, A:R328, A:N329, A:N330, A:F331, A:D332, A:T333, A:E334, A:E335	111	0.735
3	A:M1, A:L2, A:P3, A:G4, A:L5, A:A6, A:L7, A:L8, A:L9, A:L10, A:A11, A:A12, A:W13, A:T14, A:A15, A:R16, A:A17, A:L18, A:E19, A:V20, A:P21, A:T22, A:D23, A:G24, A:N25, A:A26, A:G27, A:L28, A:L29, A:A30, A:E31, A:P32, A:Q33, A:I34, A:G39, A:R40, A:L41, A:S54, A:D55, A:P56, A:S57, A:G58, A:T59, A:K60, A:T61, A:C62, A:I63, A:D64, A:T65, A:K66, A:E67, A:G68, A:I69, A:L70, A:Q71, A:C73, A:Q74, A:P78, A:E79, A:L80, A:Q81, A:I82, A:T83, A:N84, A:V85, A:V86, A:E87, A:A88, A:N89, A:Q90, A:P91, A:V92, A:T93, A:Q95, A:N96, A:K99, A:R100, A:Y115, A:R116, A:C117, A:L118, A:V119, A:G120, A:E121, A:F122, A:V123, A:S124, A:D125, A:A126, A:L127, A:V129, A:P130, A:D131, A:K132, A:C133, A:E139	96	0.708
4	A:E437, A:K438, A:V439, A:E440, A:S441, A:L442, A:E443, A:Q444, A:E445, A:A446	10	0.602
5	A:L398, A:E399, A:A400, A:K401, A:H402, A:E404, A:M410, A:E414, A:R418	9	0.557
6	A:L357, A:A358, A:R359	3	0.514
7	A:T761, A:K763, A:E766	3	0.51
A673V			
1	A:S528, A:V530, A:M531, A:T532, A:H533, A:L534, A:R535, A:V536, A:I537, A:Y538, A:E539, A:R540, A:M541, A:N542, A:Q543, A:N550, A:V551, A:P552, A:A553, A:V554, A:A555, A:E556, A:E557, A:I558, A:Q559, A:D560, A:E561, A:V562, A:D563, A:E564, A:L565, A:L566, A:Q567, A:K568, A:E569, A:Q570, A:N571, A:Y572, A:S573, A:D574, A:D575, A:V576, A:L577, A:A578, A:N579, A:M580, A:I581, A:S582, A:E583, A:P584, A:R585, A:I586, A:S587, A:Y588, A:G589, A:N590, A:D591, A:A592, A:L593, A:M594, A:P595, A:S596, A:L597, A:T598, A:E599, A:T600, A:K601, A:P620, A:H622, A:S623, A:F624, A:G625, A:A626, A:D627, A:S628, A:V629, A:P630, A:A631, A:N632, A:T633, A:E634, A:N635, A:E636, A:V637, A:E638, A:P639, A:V640, A:D641, A:A642, A:R643, A:P644, A:A645, A:A646, A:D647, A:R648, A:G649, A:L650, A:T651, A:T652, A:R653, A:P654, A:G655, A:S656, A:G657, A:L658, A:T659, A:N660, A:I661, A:K662, A:T663, A:E664, A:E665, A:I666, A:S667, A:E668, A:V669, A:K670, A:M671, A:D672, A:V673, A:E674, A:F675, A:R676, A:H677, A:D678, A:S679, A:G680, A:Y681, A:E682, A:V683, A:H684, A:H685, A:Q686, A:K687, A:L688, A:V689, A:F690, A:F691, A:A692, A:E693, A:D694, A:V695, A:S697, A:N698, A:K699	145	0.792
2	A:S544, A:L545, A:S546, A:L547, A:L548, A:Y549	6	0.754
3	A:D197, A:D204, A:D205, A:S206, A:D207, A:V208, A:W209, A:W210, A:G211, A:D214, A:T215, A:D216, A:Y217, A:A218, A:D219, A:G220, A:S221, A:E222, A:D223, A:K224, A:V225, A:V226, A:E227, A:V228, A:A229, A:E230, A:E231, A:E232, A:E233, A:V234, A:A235, A:E236, A:V237, A:E238, A:E239, A:E240, A:E241, A:A242, A:D243, A:D244, A:D245, A:E246, A:D247, A:D248, A:E249, A:D250, A:G251, A:D252, A:E253, A:V254, A:E255, A:E256, A:E257, A:A258, A:E259, A:E260, A:P261, A:Y262, A:E263, A:E264, A:A265, A:T266, A:E267, A:R268, A:T269, A:T270, A:S271, A:I272, A:A273, A:T274, A:T275, A:T276, A:T277, A:T278, A:T279, A:T280, A:E281, A:S282, A:V283, A:E284, A:E285, A:V286, A:V287, A:R288, A:E289, A:V290, A:C291, A:S292, A:E293, A:Q294, A:A295, A:E296, A:T297, A:G298, A:P299, A:C300, A:R301, A:A302, A:M303, A:I304, A:S305, A:R306, A:W307, A:Y308, A:F309, A:D310, A:V311, A:G325, A:G326, A:N327, A:R328, A:N329, A:N330, A:F331, A:D332, A:T333, A:E334, A:E335, A:Y336, A:L357, A:A358, A:R359	122	0.719

(Cont'd...)

Table S4. (Continued)

No.	Residues	Wild-type amyloid precursor protein	Number of residues	Score
4	A:M1, A:L2, A:P3, A:G4, A:L5, A:A6, A:L7, A:L8, A:L9, A:L10, A:A11, A:A12, A:W13, A:T14, A:A15, A:R16, A:A17, A:L18, A:E19, A:V20, A:P21, A:T22, A:D23, A:G24, A:N25, A:A26, A:G27, A:L28, A:L29, A:A30, A:E31, A:P32, A:Q33, A:I34, A:L41, A:S54, A:D55, A:P56, A:S57, A:G58, A:T59, A:K60, A:T61, A:C62, A:I63, A:D64, A:T65, A:K66, A:E67, A:G68, A:I69, A:L70, A:Q71, A:C73, A:Q74, A:P78, A:E79, A:L80, A:Q81, A:I82, A:T83, A:N84, A:V85, A:V86, A:E87, A:A88, A:N89, A:Q90, A:P91, A:V92, A:T93, A:Q95, A:N96, A:K99, A:R100, A:V112, A:Y115, A:R116, A:C117, A:L118, A:V119, A:G120, A:E121, A:F122, A:V123, A:S124, A:D125, A:A126, A:L127, A:P130, A:D131, A:K132, A:K134, A:Q138, A:E139, A:P760, A:Y762		97	0.699
5	A:R403, A:E404, A:S407, A:M410, A:E414, A:E415, A:A416, A:R418		8	0.578
6	A:D200, A:A201, A:E202, A:E203, A:E437, A:K438, A:V439, A:E440, A:S441, A:L442, A:E443, A:Q444, A:E445, A:A446, A:A447, A:N448, A:E449, A:R450		18	0.558
7	A:R411, A:E412, A:W413		3	0.537
Arctic				
1	A:R527, A:S528, A:M531, A:T532, A:H533, A:L534, A:R535, A:V536, A:I537, A:Y538, A:E539, A:R540, A:M541, A:N542, A:Q543, A:S544, A:L545, A:S546, A:L547, A:L548, A:Y549, A:N550, A:V551, A:P552, A:A553, A:V554, A:A555, A:E556, A:E557, A:I558, A:Q559, A:D560, A:E561, A:V562, A:D563, A:E564, A:L565, A:L566, A:Q567, A:K568, A:E569, A:Q570, A:N571, A:S573, A:D574, A:D575, A:V576, A:L577, A:A578, A:N579, A:M580, A:I581, A:S582, A:E583, A:P584, A:R585, A:I586, A:S587, A:Y588, A:G589, A:N590, A:D591, A:A592, A:L593, A:M594, A:P595, A:S596, A:L597, A:T598, A:E599, A:T600, A:K601, A:T602, A:T603, A:V604, A:E605, A:L606, A:Q619, A:P620, A:W621, A:H622, A:S623, A:F624, A:G625, A:A626, A:D627, A:S628, A:V629, A:P630, A:A631, A:N632, A:T633, A:E634, A:N635, A:E636, A:V637, A:E638, A:P639, A:V640, A:D641, A:A642, A:R643, A:P644, A:A645, A:A646, A:D647, A:R648, A:G649, A:L650, A:T651, A:T652, A:R653, A:P654, A:G655, A:S656, A:G657, A:L658, A:T659, A:N660, A:I661, A:K662, A:T663, A:E664, A:E665, A:I666, A:S667, A:E668, A:V669, A:K670, A:M671, A:D672, A:A673, A:E674, A:F675, A:R676, A:H677, A:D678, A:S679, A:G680, A:Y681, A:E682, A:V683, A:H684, A:H685, A:Q686, A:K687, A:L688, A:V689, A:F690, A:F691, A:A692, A:D694, A:V695, A:G696		154	0.78
2	A:E203, A:D204, A:D205, A:S206, A:D207, A:V208, A:W209, A:W210, A:G211, A:T215, A:D216, A:Y217, A:A218, A:D219, A:G220, A:S221, A:E222, A:D223, A:K224, A:V225, A:V226, A:E227, A:V228, A:A229, A:E230, A:E231, A:E232, A:E233, A:V234, A:A235, A:E236, A:V237, A:E238, A:E239, A:E240, A:E241, A:A242, A:D243, A:D244, A:D245, A:E246, A:D247, A:D248, A:D250, A:G251, A:D252, A:E253, A:V254, A:E255, A:E256, A:E257, A:A258, A:E259, A:E260, A:P261, A:Y262, A:E263, A:E264, A:A265, A:T266, A:E267, A:R268, A:T269, A:T270, A:S271, A:I272, A:A273, A:T274, A:T275, A:T276, A:T277, A:T278, A:T279, A:T280, A:E281, A:S282, A:V283, A:E284, A:E285, A:V286, A:V287, A:R288, A:E289, A:V290, A:C291, A:S292, A:E293, A:Q294, A:A295, A:E296, A:T297, A:G298, A:A302, A:M303, A:I304, A:S305, A:W307, A:Y308, A:F309, A:D310, A:V311, A:R328, A:N329, A:N330, A:F331, A:D332, A:T333, A:E334, A:E335		109	0.737
3	A:M1, A:L2, A:P3, A:G4, A:L5, A:A6, A:L7, A:L8, A:L9, A:L10, A:A11, A:A12, A:W13, A:T14, A:A15, A:R16, A:A17, A:L18, A:E19, A:V20, A:P21, A:T22, A:D23, A:G24, A:N25, A:A26, A:G27, A:L28, A:L29, A:A30, A:E31, A:P32, A:Q33, A:I34, A:C38, A:G39, A:R40, A:L41, A:N42, A:G50, A:S54, A:D55, A:P56, A:S57, A:G58, A:T59, A:K60, A:T61, A:C62, A:I63, A:D64, A:T65, A:K66, A:E67, A:G68, A:I69, A:L70, A:Q71, A:C73, A:Q74, A:P78, A:E79, A:L80, A:Q81, A:I82, A:T83, A:N84, A:V85, A:V86, A:E87, A:A88, A:N89, A:Q90, A:P91, A:V92, A:T93, A:Q95, A:N96, A:V112, A:I113, A:Y115, A:R116, A:C117, A:L118, A:V119, A:G120, A:E121, A:F122, A:V123, A:S124, A:D125, A:A126, A:L127, A:V129, A:P130, A:D131, A:K132		97	0.698
4	A:K763, A:E766, A:Q767, A:M768, A:N770		5	0.614
5	A:D200, A:A201, A:E202, A:F435, A:Q436, A:E437, A:K438, A:V439, A:E440, A:S441, A:L442, A:E443, A:A446, A:A447		14	0.563
6	A:E355, A:E399, A:A400, A:K401, A:H402, A:R403, A:E404, A:R405, A:M406, A:Q408, A:M410, A:R411, A:E412, A:W413, A:E414, A:E415, A:A416, A:R418		18	0.549
7	A:G326, A:N327, A:R359		3	0.51

(Cont'd...)

Table S4. (Continued)

No.	Residues	Wild-type amyloid precursor protein	Number of residues	Score
Flemish				
1	A:S528, A:V530, A:M531, A:T532, A:H533, A:L534, A:R535, A:V536, A:I537, A:Y538, A:E539, A:R540, A:M541, A:N542, A:Q543, A:S544, A:L545, A:S546, A:L547, A:L548, A:Y549, A:N550, A:V551, A:P552, A:A553, A:V554, A:A555, A:E556, A:E557, A:I558, A:Q559, A:D560, A:E561, A:V562, A:D563, A:E564, A:L565, A:L566, A:Q567, A:K568, A:E569, A:Q570, A:N571, A:Y572, A:S573, A:D574, A:D575, A:V576, A:L577, A:A578, A:N579, A:M580, A:I581, A:S582, A:E583, A:P584, A:R585, A:I586, A:S587, A:Y588, A:G589, A:N590, A:D591, A:A592, A:L593, A:M594, A:P595, A:S596, A:L597, A:T598, A:E599, A:T600, A:K601, A:T602, A:T603, A:E605, A:L606, A:H622, A:S623, A:F624, A:G625, A:A626, A:D627, A:S628, A:V629, A:P630, A:A631, A:N632, A:T633, A:E634, A:N635, A:E636, A:V637, A:E638, A:P639, A:V640, A:D641, A:A642, A:R643, A:P644, A:A645, A:A646, A:D647, A:R648, A:G649, A:L650, A:T651, A:T652, A:R653, A:P654, A:G655, A:S656, A:G657, A:L658, A:T659, A:N660, A:I661, A:K662, A:T663, A:E664, A:E665, A:I666, A:S667, A:E668, A:V669, A:K670, A:M671, A:D672, A:A673, A:E674, A:F675, A:R676, A:H677, A:D678, A:S679, A:G680, A:Y681, A:E682, A:V683, A:H684, A:H685, A:Q686, A:K687, A:L688, A:V689, A:F690, A:F691, A:G692, A:D694, A:V695	150	0.796	
2	A:C187, A:P188, A:L189, A:A190, A:E191, A:E192, A:S193, A:D204, A:D205, A:S206, A:D207, A:V208, A:W209, A:W210, A:G211, A:G212, A:A213, A:D214, A:T215, A:D216, A:Y217, A:A218, A:D219, A:G220, A:S221, A:E222, A:D223, A:K224, A:V225, A:V226, A:E227, A:V228, A:A229, A:E230, A:E231, A:E232, A:E233, A:V234, A:A235, A:E236, A:V237, A:E238, A:E240, A:E241, A:A242, A:D243, A:D244, A:D245, A:E246, A:D247, A:D248, A:E249, A:D250, A:G251, A:D252, A:E253, A:V254, A:E255, A:E256, A:E257, A:A258, A:E259, A:E260, A:P261, A:Y262, A:E263, A:E264, A:A265, A:T266, A:E267, A:R268, A:T269, A:T270, A:S271, A:I272, A:A273, A:T274, A:T275, A:T276, A:T277, A:T278, A:T279, A:T280, A:E281, A:S282, A:V283, A:E284, A:E285, A:V286, A:V287, A:R288, A:E289, A:V290, A:C291, A:S292, A:E293, A:Q294, A:A295, A:E296, A:T297, A:G298, A:I304, A:S305, A:G325, A:G326, A:N327, A:R328, A:N329, A:N330, A:F331, A:D332, A:T333, A:E335	113	0.725	
3	A:M1, A:L2, A:P3, A:G4, A:L5, A:A6, A:L7, A:L8, A:L9, A:L10, A:A11, A:A12, A:W13, A:T14, A:A15, A:R16, A:A17, A:L18, A:E19, A:V20, A:P21, A:I34, A:A35, A:M36, A:F37, A:C38, A:G39, A:R40, A:L41, A:N42, A:M43, A:H44, A:M45, A:N46, A:V47, A:Q48, A:N49, A:G50, A:K51, A:W52, A:D53, A:S54, A:D55, A:P56, A:S57, A:K60, A:T61, A:C62, A:I63, A:D64, A:T65, A:K66, A:E67, A:G68, A:I69, A:L70, A:Q71, A:Y72, A:C73, A:Q74, A:E75, A:V76, A:Y77, A:P78, A:Q81, A:I82, A:T83, A:I94, A:Q95, A:N96, A:W97, A:C98, A:K99, A:R100, A:G101, A:R102, A:K103, A:Q104, A:C105, A:K106, A:T107, A:H108, A:P109, A:H110, A:F111, A:V112, A:I113, A:P114, A:Y115, A:A400, A:R403, A:E404, A:S407, A:M410, A:R411, A:E414, A:E415, A:A416, A:R418	99	0.697	
4	A:D200, A:A201, A:E202, A:E203	4	0.588	
5	A:R180, A:G181, A:V182, A:E183, A:F184, A:Q436, A:E437, A:K438, A:V439, A:E440, A:S441, A:L442, A:E443, A:Q444, A:E445	15	0.564	
6	A:N759, A:T761, A:Y762, A:K763, A:F765, A:E766, A:Q767	7	0.559	
7	A:R116, A:C117, A:L118, A:V119	4	0.52	
Lowa				
1	A:A524, A:R527, A:S528, A:V530, A:M531, A:T532, A:H533, A:L534, A:R535, A:V536, A:I537, A:Y538, A:E539, A:R540, A:M541, A:N542, A:Q543, A:S544, A:L545, A:S546, A:L547, A:L548, A:Y549, A:N550, A:V551, A:P552, A:A553, A:V554, A:A555, A:E556, A:E557, A:I558, A:Q559, A:D560, A:E561, A:V562, A:D563, A:E564, A:L565, A:L566, A:Q567, A:K568, A:E569, A:Q570, A:N571, A:Y572, A:S573, A:D574, A:D575, A:V576, A:L577, A:A578, A:N579, A:M580, A:I581, A:S582, A:E583, A:P584, A:R585, A:I586, A:S587, A:Y588, A:G589, A:N590, A:D591, A:A592, A:L593, A:M594, A:P595, A:S596, A:L597, A:T598, A:E599, A:T600, A:K601, A:T602, A:V604, A:E605, A:L606, A:L607, A:P620, A:S623, A:F624, A:G625, A:A626, A:D627, A:S628, A:V629, A:P630, A:A631, A:N632, A:T633, A:E634, A:N635, A:E636, A:V637, A:E638, A:P639, A:V640, A:D641, A:A642, A:R643, A:P644, A:A645, A:A646, A:D647, A:R648, A:G649, A:L650, A:T651, A:T652, A:R653, A:P654, A:G655, A:S656, A:G657, A:L658, A:T659, A:N660, A:I661, A:K662, A:T663, A:E664, A:E665, A:I666, A:S667, A:E668, A:V669, A:K670, A:M671, A:D672, A:A673, A:E674, A:F675, A:R676, A:H677, A:D678, A:S679, A:G680, A:Y681, A:E682, A:V683, A:H684, A:H685, A:Q686, A:K687, A:L688, A:V689, A:F690, A:F691, A:A692, A:E693, A:N694, A:V695, A:S697, A:N698, A:K699	157	0.78	

(Cont'd...)

Table S4. (Continued)

No.	Residues	Wild-type amyloid precursor protein	Number of residues	Score
2	A:L172, A:K178, A:V185, A:C186, A:C187, A:P188, A:L189, A:A190, A:E191, A:E192, A:S193, A:A199, A:D200, A:A201, A:E202, A:E203, A:D204, A:D205, A:S206, A:D207, A:V208, A:W209, A:W210, A:G211, A:G212, A:A213, A:D214, A:T215, A:D216, A:Y217, A:A218, A:D219, A:G220, A:S221, A:E222, A:D223, A:K224, A:V225, A:V226, A:E227, A:V228, A:A229, A:E230, A:E231, A:E232, A:E233, A:V234, A:A235, A:E236, A:V237, A:E238, A:E239, A:E240, A:E241, A:A242, A:D243, A:D244, A:D245, A:D247, A:D248, A:E249, A:D250, A:G251, A:D252, A:E253, A:V254, A:E255, A:E256, A:E257, A:A258, A:E259, A:E260, A:P261, A:Y262, A:E263, A:E264, A:A265, A:T266, A:E267, A:R268, A:T269, A:T270, A:S271, A:I272, A:A273, A:T274, A:T275, A:T276, A:T277, A:T278, A:T279, A:T280, A:E281, A:Q294, A:A295, A:E296, A:T297, A:G298, A:P299, A:C300, A:R301, A:A302, A:M303, A:I304, A:S305, A:R306, A:W307	107	0.743	
3	A:M1, A:L2, A:P3, A:G4, A:L5, A:A6, A:L7, A:L8, A:L9, A:L10, A:A11, A:A12, A:W13, A:T14, A:A15, A:R16, A:A17, A:L18, A:E19, A:V20, A:P21, A:Q33, A:I34, A:A35, A:M36, A:F37, A:C38, A:G39, A:R40, A:L41, A:N42, A:M43, A:H44, A:M45, A:N46, A:V47, A:Q48, A:N49, A:G50, A:K51, A:W52, A:D53, A:S54, A:D55, A:P56, A:S57, A:G58, A:K60, A:T61, A:C62, A:I63, A:D64, A:T65, A:K66, A:E67, A:G68, A:I69, A:L70, A:Q71, A:Y72, A:C73, A:Q74, A:E75, A:V76, A:Y77, A:P78, A:Q81, A:I82, A:T83, A:Q90, A:P91, A:V92, A:T93, A:I94, A:Q95, A:W97, A:C98, A:K99, A:R100, A:G101, A:R102, A:K103, A:Q104, A:C105, A:K106, A:T107, A:H108, A:P109, A:H110, A:F111, A:V112, A:I113, A:P114, A:Y115, A:R116, A:C117, A:L118, A:V119	98	0.693	
4	A:A400, A:K401, A:R403		3	0.618
5	A:R180, A:G181, A:V182, A:E183, A:F184, A:H434, A:E437, A:K438, A:V439, A:E440, A:S441, A:L442, A:E443, A:Q444, A:E445, A:A446, A:A447, A:N448, A:E449, A:R450		20	0.58
6	A:P424, A:K425, A:A426, A:D427, A:K428, A:K429, A:A430		7	0.52
7	A:T333, A:E334, A:E335, A:M338		4	0.514
Osaka				
1	A:S528, A:V530, A:M531, A:T532, A:H533, A:L534, A:R535, A:V536, A:I537, A:Y538, A:E539, A:R540, A:M541, A:N542, A:Q543, A:S544, A:L545, A:S546, A:L547, A:L548, A:Y549, A:N550, A:V551, A:P552, A:A553, A:V554, A:A555, A:E556, A:E557, A:I558, A:Q559, A:D560, A:E561, A:V562, A:D563, A:E564, A:L565, A:L566, A:Q567, A:E569, A:Q570, A:N571, A:Y572, A:S573, A:D574, A:D575, A:V576, A:L577, A:A578, A:N579, A:M580, A:I581, A:S582, A:E583, A:P584, A:R585, A:I586, A:S587, A:Y588, A:G589, A:N590, A:D591, A:A592, A:L593, A:M594, A:P595, A:S596, A:L597, A:T598, A:E599, A:T600, A:K601, A:T602, A:T603, A:V604, A:E605, A:L606, A:P620, A:W621, A:H622, A:S623, A:F624, A:G625, A:A626, A:D627, A:S628, A:V629, A:P630, A:A631, A:N632, A:T633, A:E634, A:N635, A:E636, A:V637, A:E638, A:P639, A:V640, A:D641, A:A642, A:R643, A:P644, A:A645, A:A646, A:D647, A:R648, A:G649, A:L650, A:T651, A:T652, A:R653, A:P654, A:G655, A:S656, A:G657, A:L658, A:T659, A:N660, A:I661, A:K662, A:T663, A:E664, A:E665, A:I666, A:S667, A:E668, A:V669, A:K670, A:M671, A:D672, A:A673, A:E674, A:F675, A:R676, A:H677, A:D678, A:S679, A:G680, A:Y681, A:E682, A:V683, A:H684, A:H685, A:Q686, A:K687, A:L688, A:V689, A:F690, A:F691, A:A692, A:D693, A:V694, A:G695	153	0.782	
2	A:E191, A:D200, A:A201, A:E202, A:E203, A:D204, A:D205, A:S206, A:D207, A:V208, A:W209, A:T215, A:D216, A:Y217, A:A218, A:D219, A:G220, A:S221, A:E222, A:D223, A:K224, A:V225, A:E227, A:V228, A:A229, A:E230, A:E231, A:E232, A:E233, A:V234, A:A235, A:E236, A:V237, A:E238, A:E239, A:E240, A:E241, A:A242, A:D243, A:D244, A:D245, A:E246, A:D247, A:D248, A:E249, A:D250, A:G251, A:D252, A:E253, A:V254, A:E255, A:E256, A:E257, A:A258, A:E259, A:E260, A:P261, A:Y262, A:E263, A:E264, A:A265, A:T266, A:E267, A:R268, A:T269, A:T270, A:S271, A:I272, A:A273, A:T274, A:T275, A:T276, A:T277, A:T278, A:T279, A:T280, A:E281, A:S282, A:V283, A:E284, A:E285, A:V286, A:V287, A:R288, A:E289, A:V290, A:C291, A:S292, A:E293, A:Q294, A:A295, A:E296, A:T297, A:G298, A:P299, A:C300, A:R301, A:A302, A:M303, A:I304, A:S305, A:R306, A:W307, A:Y308, A:F309, A:D310, A:V311, A:G325, A:G326, A:N327, A:R328, A:N329, A:N330, A:F331, A:D332, A:T333, A:E335, A:L357, A:A358, A:R359	121	0.731	
3	A:M1, A:L2, A:P3, A:G4, A:L5, A:A6, A:L7, A:L8, A:L9, A:L10, A:A11, A:A12, A:W13, A:T14, A:A15, A:R16, A:A17, A:L18, A:E19, A:V20, A:P21, A:T22, A:D23, A:G24, A:N25, A:A26, A:G27, A:L28, A:L29, A:A30, A:E31, A:P32, A:Q33, A:A35, A:L41, A:G50, A:D53, A:S54, A:D55, A:P56, A:S57, A:G58, A:T59, A:K60, A:T61, A:C62, A:I63, A:D64, A:T65, A:K66, A:E67, A:G68, A:I69, A:L70, A:Q71, A:Y72, A:C73, A:Q74, A:E75, A:V76, A:P78, A:E79, A:L80, A:Q81, A:I82, A:T83, A:N84, A:V85, A:V86, A:E87, A:A88, A:N89, A:Q90, A:P91, A:V92, A:T93, A:I94, A:Q95, A:N96, A:K99, A:R100, A:V112, A:Y115, A:R116, A:C117, A:L118, A:V119, A:G120, A:E121, A:F122, A:V123, A:S124, A:D125, A:A126, A:L127, A:L128, A:P130, A:D131, A:K132, A:H137, A:Q138, A:E139, A:R140, A:P759, A:T760, A:Y761	106	0.671	

(Cont'd...)

Table S4. (Continued)

Wild-type amyloid precursor protein			
No.	Residues	Number of residues	Score
4	A:E404, A:E414, A:E415, A:A416, A:R418	5	0.595
5	A:Q433, A:F435, A:Q436, A:E437, A:K438, A:V439, A:E440, A:S441, A:L442, A:E443, A:Q444, A:E445, A:A446, A:N448, A:E449	15	0.565
6	A:M406, A:S407, A:R411	3	0.521
Tottori			
1	A:A524, A:Q525, A:R527, A:S528, A:Q529, A:V530, A:M531, A:T532, A:H533, A:L534, A:R535, A:V536, A:I537, A:Y538, A:E539, A:R540, A:M541, A:N542, A:Q543, A:S544, A:L545, A:S546, A:L547, A:L548, A:Y549, A:N550, A:V551, A:P552, A:A553, A:V554, A:A555, A:E556, A:E557, A:I558, A:Q559, A:D560, A:E561, A:V562, A:D563, A:E564, A:L565, A:L566, A:Q567, A:K568, A:E569, A:Q570, A:N571, A:Y572, A:S573, A:D574, A:D575, A:V576, A:L577, A:A578, A:N579, A:M580, A:I581, A:S582, A:E583, A:P584, A:R585, A:I586, A:S587, A:Y588, A:G589, A:N590, A:D591, A:A592, A:L593, A:M594, A:P595, A:S596, A:L597, A:T598, A:E599, A:T600, A:K601, A:T602, A:T603, A:V604, A:E605, A:L606, A:V609, A:N610, A:P620, A:W621, A:H622, A:S623, A:F624, A:G625, A:A626, A:D627, A:S628, A:V629, A:P630, A:A631, A:N632, A:T633, A:E634, A:N635, A:E636, A:V637, A:E638, A:P639, A:V640, A:D641, A:A642, A:R643, A:P644, A:A645, A:A646, A:D647, A:R648, A:G649, A:L650, A:T651, A:T652, A:R653, A:P654, A:G655, A:S656, A:G657, A:L658, A:T659, A:N660, A:I661, A:K662, A:T663, A:E664, A:E665, A:I666, A:S667, A:E668, A:V669, A:K670, A:M671, A:D672, A:A673, A:E674, A:F675, A:R676, A:H677, A:N678, A:S679, A:G680, A:Y681, A:E682, A:V683, A:H684, A:H685, A:Q686, A:K687, A:L688, A:V689, A:F690, A:F691, A:A692, A:E693, A:D694, A:V695, A:G696, A:S697	162	0.777
2	A:M170, A:P173, A:S193, A:D194, A:N195, A:V196, A:D197, A:E202, A:E203, A:D204, A:D205, A:S206, A:D207, A:V208, A:W209, A:W210, A:G211, A:G212, A:A213, A:D214, A:T215, A:D216, A:Y217, A:A218, A:D219, A:G220, A:S221, A:E222, A:D223, A:K224, A:V225, A:V226, A:E227, A:V228, A:A229, A:E230, A:E231, A:E232, A:E233, A:V234, A:A235, A:E236, A:V237, A:E238, A:E239, A:E240, A:E241, A:A242, A:D243, A:D244, A:D245, A:E246, A:D247, A:D248, A:E249, A:D250, A:G251, A:D252, A:E253, A:V254, A:E255, A:E256, A:E257, A:A258, A:E259, A:E260, A:P261, A:Y262, A:E263, A:E264, A:A265, A:T266, A:E267, A:R268, A:T269, A:T270, A:S271, A:I272, A:A273, A:T274, A:T275, A:T276, A:T277, A:T278, A:T279, A:S282, A:S292, A:E293, A:Q294, A:A295, A:E296, A:T297, A:G298, A:P299, A:C300, A:R301, A:T333, A:E334, A:E335, A:M338, A:A358, A:D360, A:P361, A:V362, A:K363, A:L364, A:P365, A:T366, A:T367, A:A368, A:A369, A:S370, A:T371, A:P372, A:D373, A:D376	116	0.705
3	A:M1, A:L2, A:P3, A:G4, A:L5, A:A6, A:L7, A:L8, A:L9, A:L10, A:A11, A:A12, A:W13, A:T14, A:A15, A:R16, A:A17, A:L18, A:E19, A:V20, A:P21, A:T22, A:G24, A:Q33, A:I34, A:A35, A:M36, A:F37, A:C38, A:G39, A:R40, A:L41, A:N42, A:M43, A:H44, A:M45, A:N46, A:V47, A:Q48, A:N49, A:G50, A:K51, A:W52, A:D53, A:S54, A:D55, A:P56, A:S57, A:G58, A:T59, A:K60, A:T61, A:C62, A:I63, A:D64, A:T65, A:K66, A:E67, A:G68, A:I69, A:L70, A:Q71, A:Y72, A:C73, A:Q74, A:E75, A:V76, A:Y77, A:P78, A:L80, A:Q81, A:I82, A:T83, A:N84, A:V86, A:I94, A:Q95, A:N96, A:W97, A:C98, A:K99, A:R100, A:G101, A:R102, A:K103, A:Q104, A:C105, A:K106, A:T107, A:H108, A:P109, A:H110, A:F111, A:V112, A:I113, A:P114, A:Y115, A:R116, A:C117, A:L118, A:V119, A:G120, A:E121	103	0.69
4	A:A400, A:K401, A:R403	3	0.621
5	A:D177, A:K178, A:V185, A:C186, A:C187, A:P188, A:L189, A:A190, A:E191, A:E192, A:K425, A:A426, A:D427, A:K428, A:K429, A:A430, A:F435, A:Q436, A:E437, A:K438, A:V439, A:E440, A:S441, A:L442, A:E443, A:Q444, A:E445, A:A446, A:A447, A:E449, A:R450	31	0.539

Table S5. T-cell epitopes from the linear sequence of the human wild type and 20 mutated APP

Mutation type	Different supertypes												Total
	A1	A2	A3	A24	A26	B7	B8	B27	B39	B44	B58	B62	
Wild-type APP	8	21	10	5	12	14	9	11	11	22	10	14	147
KM670/671NL (Swe)	8	21	10	5	12	14	9	11	11	22	10	14	147
A673V	8	21	10	5	12	14	9	11	11	21	10	15	147
D678N (Tot)	8	21	10	5	12	14	9	11	11	20	10	14	145
D678H (Tai)	8	21	9	5	12	14	9	10	11	22	10	14	145
A692G (Fle)	8	21	10	5	12	14	9	11	11	22	10	14	147
E693Del (Osa)	8	20	11	5	12	14	9	11	11	22	10	14	147
E693G (Arctic)	8	20	10	5	12	14	9	11	11	22	10	14	146
D694N (Iowa)	8	21	10	5	12	14	9	11	11	22	10	14	147
T714A (Ira)	8	21	10	5	12	14	9	11	11	22	10	13	146
T714I (Austrian)	8	20	11	5	11	14	9	12	10	22	11	13	146
V715A (Ger)	9	21	11	5	11	14	9	11	11	22	11	11	146
V715M (Fre)	8	21	10	5	12	14	9	11	11	22	10	13	146
I716F (Ibe)	8	21	10	7	12	14	9	11	11	22	11	13	149
V717F (Ind)	8	22	10	5	13	14	10	11	11	22	9	13	148
V717G	8	21	10	5	14	14	9	11	11	22	10	12	147
V717I (Lon)	8	21	10	5	13	14	9	11	11	22	10	12	146
V717L	8	21	10	6	13	15	9	11	11	22	10	12	148
T719N	8	20	9	5	13	14	9	11	11	22	9	14	145
M722K	8	21	11	5	12	14	8	11	11	22	9	13	145
L723P (Australian)	8	21	9	5	12	14	8	11	11	22	10	14	145
Total T-cell epitopes	169	438	211	108	256	295	188	231	230	459	210	280	3075

Abbreviation: APP: Amyloid precursor protein.