## Instruction
| Unnamed: 0 | Unnamed: 1 | Unnamed: 2 |
| --- | --- | --- |
| NaN | Instruction | Cell on Calculation Sheet |
| NaN | Fill in Sequences | NaN |
| NaN | 1. Fill in sequence of upstream gene with TAA/TGA at the end | A2 |
| NaN | 2. Fill in sequence of downstream gene with ATG | A17 |
| NaN | 3. Open EMOPEC (http://emopec.biosustain.dtu.dk/) | NaN |
| NaN | 4. Copy shortened upstream sequence into Pre-sequence-Field of EMOPEC | A3 |
| NaN | 5. Copy constrained upstream sequence into Constraints-Field of EMOPEC | A8 |
| NaN | 6. Remove last nt of Pre-sequence-Field and Constraints-Field to make TA/TG and TR | NaN |
| NaN | No-Codon optimization: | NaN |
| NaN | 7. Copy Downstream gene sequence into Coding sequence-Field of EMOPEC | A17 |
| NaN | Codon optimization | NaN |
| NaN | 7. Copy CO Downstream gene sequence into Coding sequence-Field of EMOPEC | A22 |
| NaN | Run EMOPEC | NaN |
| NaN | 8. Run EMOPEC (don't bother about errors saying EMOPEC could not generate enough alternatives) | NaN |
| NaN | 9. Click on Show Library to see all variances built (e.g. RFP-YFP has no, then there is no list opening) | NaN |
| NaN | Analyse results and make sure no AA-change happened | NaN |
| NaN | 10. Check for performance of SDs (measured in % of strongest SD they measured in their assays) | NaN |
| NaN | 11. Copy changed upstream gene with TAA/TGA into H11. Make sure to copy full codons | A11 |
| NaN | 12. Check line 14 whether there are AA-changes marked as "ERROR". Disgard these alternatives if no AA-change is desired | 14 |
| NaN | NaN | NaN |
| NaN | NaN | NaN |
| NaN | Explanation why to check for AA-change: | NaN |
| NaN | In Columns A-G data to set placeholders and codon optimization is sourced. ARG and SER have overlapping construction rules. Thus placeholders are not mutually exclusive | NaN |

## Calculation
| Unnamed: 0 | Unnamed: 1 | Unnamed: 2 | Unnamed: 3 | Unnamed: 4 | Unnamed: 5 | Unnamed: 6 | Unnamed: 7 | Unnamed: 8 | Unnamed: 9 | Unnamed: 10 | Unnamed: 11 | Unnamed: 12 | Unnamed: 13 | Unnamed: 14 | Unnamed: 15 | Unnamed: 16 | Unnamed: 17 | Unnamed: 18 | Unnamed: 19 | Unnamed: 20 |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| Input Pre-Sequence (Min 60): | atgagcaaaggtgaagaactgttcaccggcgttgtgccaattctggttgagctggatggtgacgtgaatggccacaaattttccgtgtctggtgaaggcgagggtgatgctacttatggcaaactgactctgaaactgatctgtaccaccggcaaactgcctgttccgtggccaactctggtcactactctgggttacggcctgatgtgttttgcgcgttacccggatcacatgaaacagcatgacttcttcaaatctgccatgccggaaggctatgtccaagaacgtacgatctttttcaaggacgacggcaactataaaacccgtgccgaagttaaattcgagggtgacaccctggttaaccgcatcgaactgaaaggcattgacttcaaagaggacggcaacattctgggtcacaagctggaatacaactacaactcccacaacgtttacattactgctgacaagcagaaaaacggcatcaaagcaaacttcaagatccgtcacaacattgaagatggtggcgtacagctggcagatcactaccagcagaacactccaatcggtgatggcccagtactgctgccagataaccattacctgtcctaccagagcaaactgtctaaagacccgaacgaaaaacgtgaccacatggtactgctggaatttgttaccgcggcaggcattacccacggtatggacgaactgtataaataa | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| Copy this sequence as Pre-Sequence with TA at the end: | ctgctggaatttgttaccgcggcaggcattacccacggtatggacgaactgtataaataa | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | 1 | 4 | 7 | 10 | 13 | 16 | 19 | 22 | 25 | 28 | 31 | 34 | 37 | 40 | 43 | 46 | 49 | 52 | 55 | 58 |
| NaN | ctg | ctg | gaa | ttt | gtt | acc | gcg | gca | ggc | att | acc | cac | ggt | atg | gac | gaa | ctg | tat | aaa | taa |
| NaN | YTN | YTN | GAR | TTY | GTN | ACN | GCN | GCN | GCN | ATH | ACN | CAY | GCN | ATG | GAY | GAR | YTN | TAY | AAR | TRR |
| NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| Copy this as constraint Sequence with TR at the end: | YTNYTNGARTTYGTNACNGCNGCNGCNATHACNCAYGCNATGGAYGARYTNTAYAARTRR | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| Input EMOPEC Seq for Check if same AA is used: | cagagcGTTTCTAA | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | 59 | 56 | 53 | 50 | 47 | 44 | 41 | 38 | 35 | 32 | 29 | 26 | 23 | 20 | 17 | 14 | 11 | 8 | 5 | 2 |
| NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | gag | cGT | TTC | TAA |
| NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| Input Coding Seq (min 33) | atgagcaaaggtgaagaactgttcaccggcgttgtgccaattctggttgagctggatggtgacgtgaatggccacaaattttccgtgtctggtgaaggcgagggtgatgctacttatggcaaactgactctgaaactgatctgtaccaccggcaaactgcctgttccgtggccaactctggtcactactctgggttacggcctgatgtgttttgcgcgttacccggatcacatgaaacagcatgacttcttcaaatctgccatgccggaaggctatgtccaagaacgtacgatctttttcaaggacgacggcaactataaaacccgtgccgaagttaaattcgagggtgacaccctggttaaccgcatcgaactgaaaggcattgacttcaaagaggacggcaacattctgggtcacaagctggaatacaactacaactcccacaacgtttacattactgctgacaagcagaaaaacggcatcaaagcaaacttcaagatccgtcacaacattgaagatggtggcgtacagctggcagatcactaccagcagaacactccaatcggtgatggcccagtactgctgccagataaccattacctgtcctaccagagcaaactgtctaaagacccgaacgaaaaacgtgaccacatggtactgctggaatttgttaccgcggcaggcattacccacggtatggacgaactgtataaataa | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | 1 | 4 | 7 | 10 | 13 | 16 | 19 | 22 | 25 | 28 | 31 | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | atg | agc | aaa | ggt | gaa | gaa | ctg | ttc | acc | ggc | gtt | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | ATG | TCA | AAA | GGA | GAA | GAA | CTA | TTT | ACA | GGA | GTA | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| Use this as codon optimized sequence: | ATGTCAAAAGGAGAAGAACTATTTACAGGAGTAgtgccaattctggttgagctggatggtgacgtgaatggccacaaattttccgtgtctggtgaaggcgagggtgatgctacttatggcaaactgactctgaaactgatctgtaccaccggcaaactgcctgttccgtggccaactctggtcactactctgggttacggcctgatgtgttttgcgcgttacccggatcacatgaaacagcatgacttcttcaaatctgccatgccggaaggctatgtccaagaacgtacgatctttttcaaggacgacggcaactataaaacccgtgccgaagttaaattcgagggtgacaccctggttaaccgcatcgaactgaaaggcattgacttcaaagaggacggcaacattctgggtcacaagctggaatacaactacaactcccacaacgtttacattactgctgacaagcagaaaaacggcatcaaagcaaacttcaagatccgtcacaacattgaagatggtggcgtacagctggcagatcactaccagcagaacactccaatcggtgatggcccagtactgctgccagataaccattacctgtcctaccagagcaaactgtctaaagacccgaacgaaaaacgtgaccacatggtactgctggaatttgttaccgcggcaggcattacccacggtatggacgaactgtataaataa | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | Test-Data: | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | YFP: | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | atgagcaaaggtgaagaactgttcaccggcgttgtgccaattctggttgagctggatggtgacgtgaatggccacaaattttccgtgtctggtgaaggcgagggtgatgctacttatggcaaactgactctgaaactgatctgtaccaccggcaaactgcctgttccgtggccaactctggtcactactctgggttacggcctgatgtgttttgcgcgttacccggatcacatgaaacagcatgacttcttcaaatctgccatgccggaaggctatgtccaagaacgtacgatctttttcaaggacgacggcaactataaaacccgtgccgaagttaaattcgagggtgacaccctggttaaccgcatcgaactgaaaggcattgacttcaaagaggacggcaacattctgggtcacaagctggaatacaactacaactcccacaacgtttacattactgctgacaagcagaaaaacggcatcaaagcaaacttcaagatccgtcacaacattgaagatggtggcgtacagctggcagatcactaccagcagaacactccaatcggtgatggcccagtactgctgccagataaccattacctgtcctaccagagcaaactgtctaaagacccgaacgaaaaacgtgaccacatggtactgctggaatttgttaccgcggcaggcattacccacggtatggacgaactgtataaataa | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | sGFP: | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | atgcgtaaaggcgaagagctgttcactggtgtcgtccctattctggtggaactggatggtgatgtcaacggtcataagttttccgtgcgtggcgagggtgaaggtgacgcaactaatggtaaactgacgctgaagttcatctgtactactggtaaactgccggtaccttggccgactctggtaacgacgctgacttatggtgttcagtgctttgctcgttatccggaccatatgaagcagcatgacttcttcaagtccgccatgccggaaggctatgtgcaggaacgcacgatttcctttaaggatgacggcacgtacaaaacgcgtgcggaagtgaaatttgaaggcgataccctggtaaaccgcattgagctgaaaggcattgactttaaagaagacggcaatatcctgggccataagctggaatacaattttaacagccacaatgtttacatcaccgccgataaacaaaaaaatggcattaaagcgaattttaaaattcgccacaacgtggaggatggcagcgtgcagctggctgatcactaccagcaaaacactccaatcggtgatggtcctgttctgctgccagacaatcactatctgagcacgcaaagcgttctgtctaaagatccgaacgagaaacgcgatcatatggttctgctggagttcgtaaccgcagcgggcatcacgcatggtatggatgaactgtacaaatga | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | CFP: | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | atggtgagcaagggcgaggagctgttcaccggggtggtgcccatcctggtcgagctggacggcgacgtaaacggccacaagttcagcgtgtccggcgagggcgagggcgatgccacctacggcaagctgaccctgaagttcatctgcaccaccggcaagctgcccgtgccctggcccaccctcgtgaccaccctgtcctggggcgtgcagtgcttcgcccgctaccccgaccacatgaagcagcacgacttcttcaagtccgccatgcccgaaggctacgtccaggagcgcaccatcttcttcaaggacgacggcaactacaagacccgcgccgaggtgaagttcgagggcgacaccctggtgaaccgcatcgagctgaagggcatcgacttcaaggaggacggcaacatcctggggcacaagctggagtacaactactttagcgacaacgtctatatcaccgccgacaagcagaagaacggcatcaaggccaacttcaagatccgccacaacatcgaggacggcggcgtgcagctcgccgaccactaccagcagaacacccccatcggcgacggccccgtgctgctgcccgacaaccactacctgagcacccagtccaagctgagcaaagaccccaacgagaagcgcgatcacatggtcctgctggagttcgtgaccgccgccgggatcactctcggcatggacgagctgtacaagtga | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | RFP: | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | ATGGCGAGTAGCGAAGACGTTATCAAAGAGTTCATGCGTTTCAAAGTTCGTATGGAAGGTTCCGTTAACGGTCACGAGTTCGAAATCGAAGGTGAAGGTGAAGGTCGTCCGTACGAAGGTACCCAGACCGCTAAACTGAAAGTTACCAAAGGTGGTCCGCTGCCGTTCGCTTGGGACATCCTGTCCCCGCAGTTCCAGTACGGTTCCAAAGCTTACGTTAAACACCCGGCTGACATCCCGGACTACCTGAAACTGTCCTTCCCGGAAGGTTTCAAATGGGAACGTGTTATGAACTTCGAAGACGGTGGTGTTGTTACCGTTACCCAGGACTCCTCCCTGCAAGACGGTGAGTTCATCTACAAAGTTAAACTGCGTGGTACCAACTTCCCGTCCGACGGTCCGGTTATGCAGAAAAAAACCATGGGTTGGGAAGCTTCCACCGAACGTATGTACCCGGAAGACGGTGCTCTGAAAGGTGAAATCAAAATGCGTCTGAAACTGAAAGACGGTGGTCACTACGACGCTGAAGTTAAAACCACCTACATGGCTAAAAAACCGGTTCAGCTGCCGGGTGCTTACAAAACCGACATCAAACTGGACATCACCTCCCACAACGAAGACTACACCATCGTTGAACAGTACGAACGTGCTGAAGGTCGTCACTCCACCGGTGCTTAA | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | RFP - YFP | 0.278 | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | YFP-RFP | 0.189 | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | CFP-RFP | 0.814 | cgagct | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | NaN | 40.7 | tgagtt | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | RFP-CFP | 0.278 | ACCGGT | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | upstream of FliD | GTATTCGTTTTACGTGTCGAAAGATAAAAGGAAATCGC | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | fliD | ATGGCAAGTATTTCATCGCTGGGAGTCGGGTCAGGTCTGGATTTAAGTTCCATCCTTGATAGCCTCACCGCCGCGCAAAAAGCGACGCTAACCCCCATTTCAAATCAGCAATCGTCGTTTACCGCTAAACTTAGCGCCTACGGTACGCTGAAAAGCGCGCTGACGACTTTCCAGACCGCCAATACTGCATTGTCTAAAGCCGATCTTTTTTCCGCCACCAGCACCACCAGCAGCACCACCGCGTTCAGTGCCACCACTGCGGGTAACGCCATCGCCGGGAAATACACCATCAGCGTCACCCATCTGGCGCAGGCGCAAACCCTGACCACGCGCACCACCAGAGACGATACGAAAACGGCGATCGCCACCAGCGACAGTAAACTCACCATTCAACAAGGCGGCGACAAAGATCCGATTACCATTGATATCAGCGCGGCTAACTCATCGTTAAGCGGGATCCGTGATGCCATCAACAACGCAAAAGCAGGCGTAAGCGCAAGCATCATTAACGTGGGTAACGGTGAATATCGTCTGTCAGTCACATCAAATGACACCGGCCTTGATAATGCGATGACACTCTCGGTCAGCGGTGATGATGCGCTACAAAGTTTTATGGGCTATGACGCCAGTGCCAGCAGCAACGGTATGGAGGTCTCGGTTGCCGCCCAGAATGCGCAGCTGACAGTCAACAACGTCGCCATCGAGAACAGCAGCAACACCATCAGCGACGCGCTGGAAAACATCACCCTGAACCTGAACGATGTCACCACGGGCAACCAGACGCTAACCATCACTCAGGACACCTCCAAAGCGCAAACGGCGATTAAAGACTGGGTGAATGCCTACAACTCGCTAATAGATACCTTCAGCAGCCTGACCAAATACACCGCCGTAGATGCGGGAGCTGATAGCCAGAGTTCTAGCAATGGTGCACTGCTCGGCGACTCCACGCTGCGGACGATTCAGACGCAGTTGAAATCGATGCTGAGTAATACCGTCAGTTCTTCCAGCTATAAAACGTTGGCGCAGATTGGTATCACGACCGATCCCAGCGATGGCAAACTGGAACTGGATGCCGACAAACTCACCGCTGCACTGAAAAAAGATGCCAGCGGCGTAGGTGCATTGATTGTTGGCGATGGTAAAAAAACCGGCATCACGACCACCATCGGCAGCAACCTGACCAGTTGGCTTTCGACAACGGGCATTATTAAAGCCGCTACCGATGGCGTTAGTAAGACCCTGAATAAATTAACTAAAGACTACAACGCCGCCAGCGATCGCATTGATGCGCAGGTCGCTCGCTACAAAGAACAATTTACCCAACTGGACGTTTTAATGACCTCGTTAAACAGCACCAGCAGCTACTTAACGCAGCAGTTCGAAAACAACAGTAATTCCAAGTAA | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | fliS | ATGTACGCGGCAAAAGGCACCCAGGCCTATGCACAAATTGGCGTCGAAAGCGCCGTAATGAGCGCCAGCCAGCAGCAGCTGGTCACCATGCTATTTGATGGAGTGCTGAGCGCACTGGTTAGAGCGAGCCTGTTTATGCAGGACAACAATCAGCAAGGCAAAGGCGTCTCTTTGTCAAAAGCGATCAACATCATTGAGAACGGACTGCGGGTGAGTCTTGATGAAGAGAGCAAAGACGAACTAACCCAAAACTTGATTGCTCTTTATAGCTATATGGTCAGGCGCTTGCTGCAAGCCAATTTACGCAACGATGTCTCCGCAGTCGAAGAAGTGGAAGCATTAATGCGCAATATTGCCGATGCCTGGAAAGAGTCGTTACTCTCCCCTTCTTTGATTCAGGACCCAGTCTGA | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | fliT | ATGAACCATGCACCGCATTTATATTTCGCCTGGCAACAACTCGTCGAAAAAAGCCAGCTCATGTTACGCCTGGCAACGGAAGAACAATGGGACGAACTCATCGCCAGCGAAATGGCGTATGTGAATGCGGTGCAGGAGATTGCACATTTGACTGAAGAGGTTGACCCGTCCACCACGATGCAGGAGCAGCTCCGCCCGATGCTGCGCCTGATTCTCGACAACGAAAGCAAGGTAAAGCAGTTATTACAGATTCGGATGGATGAACTGGCGAAACTGGTCGGTCAGTCATCGGTGCAAAAATCGGTGTTAAGTGCCTATGGCGATCAGGGCGGCTTTGTGCTGGCTCCGCAGGATAACCTCTTTTGA | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | SD Change of FliD - FliS | NaN | AACAGCACCAGCAGCTACTTAACGCAGCAGTTCGAAAACAACagtaacTCCAAGTAA | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | 0.236 | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | FliS - FliT | AGGACCCAGTCTG A | NaN | 84.4 | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | NaN | aggatcCAGTCTGA | NaN | 94.2 | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | BCD SI High - CFP | 0.883 | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| NaN | BCD SI High 2 + RFP | 0.901 | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |

## Data
| RNA | DNA | AA | Placeholders RNA | Placeholders DNA | Coding Sequence higher Expression |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN |
| UUU | TTT | (Phe/F)Phenylalanine | UUY | TTY | TTT |
| UUC | TTC | NaN | UUY | TTY | TTT |
| UUA | TTA | (Leu/L)Leucine | YUN | YTN | CTA |
| UUG | TTG | NaN | YUN | YTN | CTA |
| CUU | CTT | NaN | YUN | YTN | CTA |
| CUC | CTC | NaN | YUN | YTN | CTA |
| CUA | CTA | NaN | YUN | YTN | CTA |
| CUG | CTG | NaN | YUN | YTN | CTA |
| AUU | ATT | (Ile/I)Isoleucine | AUH | ATH | ATA |
| AUC | ATC | NaN | AUH | ATH | ATA |
| AUA | ATA | NaN | AUH | ATH | ATA |
| AUG | ATG | (Met/M)Methionine | AUG | ATG | ATG |
| GUU | GTT | (Val/V) Valine | GUN | GTN | GTA |
| GUC | GTC | NaN | GUN | GTN | GTA |
| GUA | GTA | NaN | GUN | GTN | GTA |
| GUG | GTG | NaN | GUN | GTN | GTA |
| UCU | TCT | (Ser/S) Serine | WSN | WSN | TCA |
| UCC | TCC | NaN | WSN | WSN | TCA |
| UCA | TCA | NaN | WSN | WSN | TCA |
| UCG | TCG | NaN | WSN | WSN | TCA |
| AGU | AGT | (Ser/S)Serine | WSN | WSN | TCA |
| AGC | AGC | NaN | WSN | WSN | TCA |
| CCU | CCT | (Pro/P) Proline | CCN | CCN | CCC |
| CCC | CCC | NaN | CCN | CCN | CCC |
| CCA | CCA | NaN | CCN | CCN | CCC |
| CCG | CCG | NaN | CCN | CCN | CCC |
| ACU | ACT | (Thr/T)Threonine | ACN | ACN | ACA |
| ACC | ACC | NaN | ACN | ACN | ACA |
| ACA | ACA | NaN | ACN | ACN | ACA |
| ACG | ACG | NaN | ACN | ACN | ACA |
| GCU | GCT | (Ala/A) Alanine | GCN | GCN | GCT |
| GCC | GCC | NaN | GCN | GCN | GCT |
| GCA | GCA | NaN | GCN | GCN | GCT |
| GCG | GCG | NaN | GCN | GCN | GCT |
| UAU | TAT | (Tyr/Y)Tyrosine | UAY | TAY | TAT |
| UAC | TAC | NaN | UAY | TAY | TAC |
| UAA | TAA | Stop(Ochre) | URR | TRR | TAA |
| UAG | TAG | Stop(Amber) | URR | TRR | TAG |
| CAU | CAT | (His/H)Histidine | CAY | CAY | CAC |
| CAC | CAC | NaN | CAY | CAY | CAC |
| CAA | CAA | (Gln/Q)Glutamine | CAR | CAR | CAA |
| CAG | CAG | NaN | CAR | CAR | CAA |
| AAU | AAT | (Asn/N)Asparagine | AAY | AAY | AAT |
| AAC | AAC | NaN | AAY | AAY | AAT |
| AAA | AAA | (Lys/K)Lysine | AAR | AAR | AAA |
| AAG | AAG | NaN | AAR | AAR | AAA |
| GAU | GAT | (Asp/D)Aspartic acid | GAY | GAY | GAT |
| GAC | GAC | NaN | GAY | GAY | GAT |
| GAA | GAA | (Glu/E)Glutamic acid | GAR | GAR | GAA |
| GAG | GAG | NaN | GAR | GAR | GAG |
| UGU | TGT | (Cys/C)Cysteine | UGY | TGY | TGT |
| UGC | TGC | NaN | UGY | TGY | TGT |
| UGA | TGA | Stop (Opal) | URR | TRR | TGA |
| UGG | TGG | (Trp/W)Tryptophan | UGG | TGG | TGG |
| CGU | CGT | (Arg/R)Arginine | MGN | MGN | AGG |
| CGC | CGC | NaN | MGN | MGN | AGG |
| CGA | CGA | NaN | MGN | MGN | AGG |
| CGG | CGG | NaN | MGN | MGN | AGG |
| AGA | AGA | (Arg/R)Arginine | MGN | MGN | AGG |
| AGG | AGG | NaN | MGN | MGN | AGG |
| GGU | GGT | (Gly/G)Glycine | GCN | GCN | GGA |
| GGC | GGC | NaN | GCN | GCN | GGA |
| GGA | GGA | NaN | GCN | GCN | GGA |
| GGG | GGG | NaN | GCN | GCN | GGA |