



Full wwPDB X-ray Structure Validation Report

Feb 28, 2014 – 10:58 PM GMT

PDB ID : 2EC6
Title : Placopecten Striated Muscle Myosin II
Authors : Yang, Y.; Brown, J.; Samudrala, G.; Reutzel, R.; Szent-Gyorgyi, A.
Deposited on : 2007-02-10
Resolution : 3.25 Å(reported)

This is a full wwPDB validation report for a publicly released PDB entry.
We welcome your comments at validation@mail.wwpdb.org
A user guide is available at <http://wwpdb.org/ValidationPDFNotes.html>

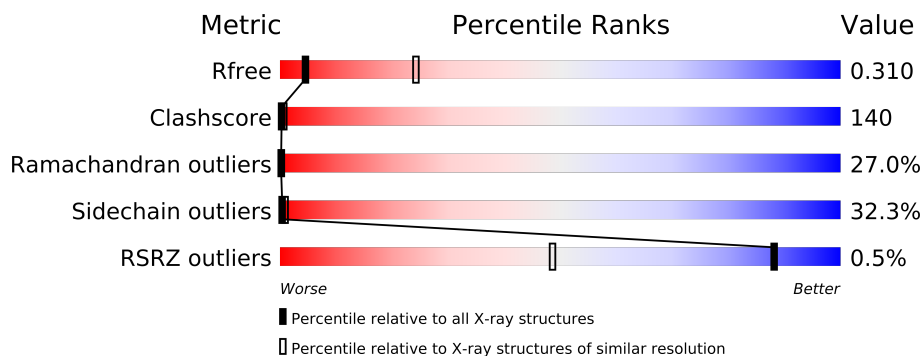
The following versions of software and data (see [references](#)) were used in the production of this report:

MolProbity : 4.02b-467
Mogul : 1.15 2013
Xtriage (Phenix) : dev-1323
EDS : stable22639
Percentile statistics : 21963
Refmac : 5.8.0049
CCP4 : 6.3.0 (Settle)
Ideal geometry (proteins) : Engh & Huber (2001)
Ideal geometry (DNA, RNA) : Parkinson et. al. (1996)
Validation Pipeline (wwPDB-VP) : stable22683

1 Overall quality at a glance


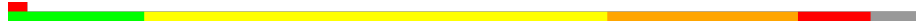

The reported resolution of this entry is 3.25 Å.

Percentile scores (ranging between 0-100) for global validation metrics of the entry are shown in the following graphic. The table shows the number of entries on which the scores are based.



Metric	Whole archive (#Entries)	Similar resolution (#Entries, resolution range(Å))
R_{free}	66092	1085 (3.32-3.20)
Clashscore	79885	1374 (3.32-3.20)
Ramachandran outliers	78287	1348 (3.32-3.20)
Sidechain outliers	78261	1346 (3.32-3.20)
RSRZ outliers	66119	1086 (3.32-3.20)

The table below summarises the geometric issues observed across the polymeric chains and their fit to the electron density. The red, orange, yellow and green segments on the lower bar indicate the fraction of residues that contain outliers for ≥ 3 , 2, 1 and 0 types of geometric quality criteria. The upper red bar (where present) indicates the fraction of residues that have poor fit to the electron density.

Mol	Chain	Length	Quality of chain
1	A	838	
2	B	133	
3	C	156	

2 Entry composition

There are 5 unique types of molecules in this entry. The entry contains 8577 atoms, of which 0 are hydrogen and 0 are deuterium.

In the tables below, the ZeroOcc column contains the number of atoms modelled with zero occupancy, the AltConf column contains the number of residues with at least one atom in alternate conformation and the Trace column contains the number of residues modelled with at most 2 atoms.

- Molecule 1 is a protein called Myosin heavy chain.

Mol	Chain	Residues	Atoms					ZeroOcc	AltConf	Trace
1	A	802	Total	C	N	O	S	0	0	0
			6338	4031	1084	1186	37			

- Molecule 2 is a protein called Myosin regulatory light chain.

Mol	Chain	Residues	Atoms					ZeroOcc	AltConf	Trace
2	B	126	Total	C	N	O	S	0	0	0
			979	624	154	191	10			

There are 3 discrepancies between the modelled and reference sequences:

Chain	Residue	Modelled	Actual	Comment	Reference
B	49	GLU	MET	CONFLICT	UNP Q26069
B	105	ASP	LEU	CONFLICT	UNP Q26069
B	106	ALA	ASP	CONFLICT	UNP Q26069

- Molecule 3 is a protein called Myosin essential light chain.

Mol	Chain	Residues	Atoms					ZeroOcc	AltConf	Trace
3	C	155	Total	C	N	O	S	0	0	0
			1228	776	195	250	7			

There are 4 discrepancies between the modelled and reference sequences:

Chain	Residue	Modelled	Actual	Comment	Reference
C	14	ASP	GLU	CONFLICT	UNP Q26066
C	34	LEU	ILE	CONFLICT	UNP Q26066
C	84	PHE	TYR	ENGINEERED	UNP Q26066
C	151	ALA	THR	ENGINEERED	UNP Q26066

- Molecule 4 is CALCIUM ION (three-letter code: CA) (formula: Ca).

Mol	Chain	Residues	Atoms		ZeroOcc	AltConf
4	C	1	Total 1	Ca 1	0	0

- Molecule 5 is water.

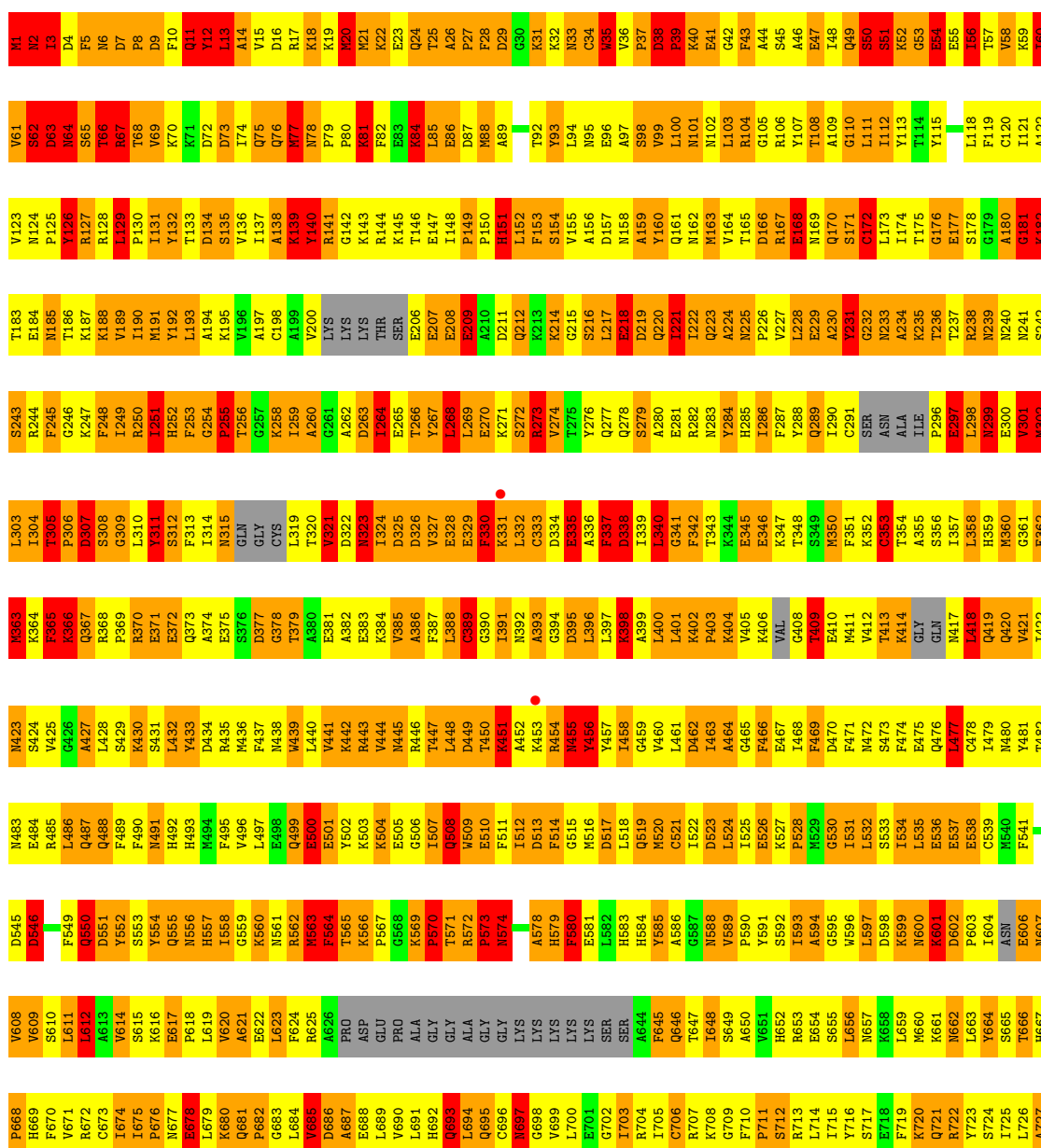
Mol	Chain	Residues	Atoms		ZeroOcc	AltConf
5	A	16	Total 16	O 16	0	0
5	B	3	Total 3	O 3	0	0
5	C	12	Total 12	O 12	0	0

3 Residue-property plots

These plots are drawn for all protein, RNA and DNA chains in the entry. The first graphic for a chain summarises the proportions of errors displayed in the second graphic. The second graphic shows the sequence view annotated by issues in geometry and electron density. Residues are color-coded according to the number of geometric quality criteria for which they contain at least one outlier: green = 0, yellow = 1, orange = 2 and red = 3 or more. A red dot above a residue indicates a poor fit to the electron density ($RSRZ > 2$). Stretches of 2 or more consecutive residues without any outlier are shown as a green connector. Residues present in the sample, but not in the model, are shown in grey.

• Molecule 1: Myosin heavy chain

Chain A:



Q728 N729 A790 A730 I731 P732 Q733 GLY PHE VAL D737 G738 K739 A800 Y801 T740 K802 S742 E743 K744 I745 L746 T747 G749 M751 D752 P753 S754 E755 Y756 R757 L758 G759 T760 I761 K762 V763 L764 F765 F766 A767 G768 V769 L770 G771 N772 L773 E774 K775 M776 R777 D778 E779 R780 L781 S782 K783 I784 I785 S786 M787 F788

Q789 A790 H791 I792 R793 Q794 Y795 L796 I797 K798 R799 A800 Y801 K802 K803 L804 D805 K806 Q807 R808 I809 S810 L811 S812 V813 I814 Q815 R816 N817 I818 R819 K820 W821 L822 V823 ASP L824 F825 R826 W827 Q828 W829 L830 K831 N832 Y833 A834 K835 V836 K837 P838

• Molecule 2: Myosin regulatory light chain

Chain B: 

M23 Q24 E25 M26 K27 E28 A29 F30 T31 M32 I33 D34 A35 N36 A37 D38 M39 F40 G41 I42 D43 T44 K45 L46 K47 E48 E49 S52 S53 I54 G55 R56 T57 P58 ASP M59 LYS G60 L62 T63 A64 M65 L66 K67 E68 A69 P70 M71 G72 I73 N74 F75 T76 M77 S80 T81 P82 Y83 D84

K85 L86 T89 D90 S91 E92 E93 T94 I95 R96 N97 A98 F99 G100 M101 D102 F103 D104 I105 A106 T107 K108 L109 K110 I111 I112 E113 Y114 I115 I116 K117 D117 L118 L119 M121 M122 LYS G123 D124 M125 F126 M127 K128 D129 E130 M131 R132 M133 T134 F135 K136 E137 E141 K144 F145 D146 Y147 V148

R149 F150 V151 A152 M153 I154 K155

• Molecule 3: Myosin essential light chain

Chain C: 

F2 K3 L4 S5 Q6 D7 E8 I9 D10 D11 L12 K13 D14 V15 F16 E17 L18 F19 D20 F21 W22 R25 A28 V29 D30 A31 F32 K33 D34 C35 D36 V37 G38 R39 C40 L41 G42 I43 N44 P45 R46 M47 E48 D49 V50 F51 A52 V53 G54 G55 T56 H57 K58 M59 G60 E61 L64

P65 F66 E67 E68 F69 L70 P71 A72 Y73 L76 M77 D78 C79 E80 Q81 G82 T83 F84 A85 D86 Y87 M88 E89 F91 K92 T93 F94 D95 R96 E97 G98 Q99 G100 F101 I102 S103 G104 A105 E106 L107 R108 H109 V110 L111 L114 G115 E116 R117 S119 D120 E121 E122 V123 D124 I125 I126

I127 M128 L129 T130 D131 L132 Q133 E134 D135 L136 E137 G138 M139 V140 K141 Y142 E143 K144 F145 V146 K147 K148 V149 P153 Y154 P155 D156 LYS

4 Data and refinement statistics

Property	Value	Source
Space group	P 1 21 1	Depositor
Cell constants a, b, c, α , β , γ	85.27Å 50.37Å 156.77Å 90.00° 101.04° 90.00°	Depositor
Resolution (Å)	20.00 – 3.25 19.94 – 3.25	Depositor EDS
% Data completeness (in resolution range)	89.4 (20.00-3.25) 89.4 (19.94-3.25)	Depositor EDS
R_{merge}	0.07	Depositor
R_{sym}	(Not available)	Depositor
$\langle I/\sigma(I) \rangle$ ¹	1.47 (at 3.22Å)	Xtriage
Refinement program	CNS 1.1	Depositor
R, R_{free}	0.279 , 0.300 0.289 , 0.310	Depositor DCC
R_{free} test set	1851 reflections (10.90%)	DCC
Wilson B-factor (Å ²)	72.6	Xtriage
Anisotropy	0.085	Xtriage
Bulk solvent k_{sol} (e/Å ³), B_{sol} (Å ²)	0.20 , 14.8	EDS
Estimated twinning fraction	No twinning to report.	Xtriage
L-test for twinning	$\langle L \rangle = 0.47$, $\langle L^2 \rangle = 0.30$	Xtriage
Outliers	0 of 19945 reflections	Xtriage
F_o, F_c correlation	0.86	EDS
Total number of atoms	8577	wwPDB-VP
Average B, all atoms (Å ²)	38.0	wwPDB-VP

Xtriage's analysis on translational NCS is as follows: *The largest off-origin peak in the Patterson function is 4.91% of the height of the origin peak. No significant pseudotranslation is detected.*

¹Intensities estimated from amplitudes.

5 Model quality i

5.1 Standard geometry i

Bond lengths and bond angles in the following residue types are not validated in this section: CA

The Z score for a bond length (or angle) is the number of standard deviations the observed value is removed from the expected value. A bond length (or angle) with $|Z| > 5$ is considered an outlier worth inspection. RMSZ is the root-mean-square of all Z scores of the bond lengths (or angles).

Mol	Chain	Bond lengths		Bond angles	
		RMSZ	# $ Z > 5$	RMSZ	# $ Z > 5$
1	A	0.65	13/6463 (0.2%)	1.10	55/8722 (0.6%)
2	B	0.91	4/993 (0.4%)	1.09	8/1326 (0.6%)
3	C	0.53	0/1253	0.81	0/1686
All	All	0.67	17/8709 (0.2%)	1.06	63/11734 (0.5%)

Chiral center outliers are detected by calculating the chiral volume of a chiral center and verifying if the center is modelled as a planar moiety or with the opposite hand. A planarity outlier is detected by checking planarity of atoms in a peptide group, atoms in a mainchain group or atoms of a sidechain that are expected to be planar.

Mol	Chain	#Chirality outliers	#Planarity outliers
1	A	0	24
2	B	0	1
3	C	0	1
All	All	0	26

All (17) bond length outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(Å)	Ideal(Å)
1	A	456	TYR	CE1-CZ	-15.72	1.18	1.38
1	A	63	ASP	CB-CG	-11.48	1.27	1.51
2	B	105	ASP	C-N	11.45	1.60	1.34
1	A	456	TYR	CD1-CE1	-11.26	1.22	1.39
1	A	67	ARG	C-N	10.33	1.57	1.34
2	B	105	ASP	C-O	-10.05	1.04	1.23
1	A	64	ASN	CB-CG	-7.34	1.34	1.51
2	B	71	GLY	C-O	-7.33	1.11	1.23
1	A	612	LEU	C-O	-6.66	1.10	1.23
1	A	456	TYR	CD2-CE2	-6.64	1.29	1.39
1	A	456	TYR	CZ-OH	-5.68	1.28	1.37
2	B	148	VAL	C-N	-5.54	1.21	1.34

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(Å)	Ideal(Å)
1	A	68	THR	C-N	-5.50	1.21	1.34
1	A	63	ASP	CA-C	-5.30	1.39	1.52
1	A	611	LEU	C-N	-5.28	1.22	1.34
1	A	612	LEU	C-N	5.22	1.46	1.34
1	A	456	TYR	CG-CD2	-5.07	1.32	1.39

All (63) bond angle outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
1	A	564	PHE	N-CA-C	11.40	141.79	111.00
1	A	127	ARG	N-CA-C	-11.03	81.22	111.00
1	A	340	LEU	CA-CB-CG	9.88	138.01	115.30
1	A	66	THR	N-CA-C	-9.72	84.75	111.00
1	A	794	GLY	N-CA-C	-8.77	91.19	113.10
1	A	228	LEU	N-CA-C	-8.62	87.72	111.00
1	A	68	THR	O-C-N	8.54	136.37	122.70
1	A	565	THR	N-CA-C	8.24	133.25	111.00
1	A	35	TRP	N-CA-C	8.24	133.24	111.00
2	B	105	ASP	CA-C-N	-8.13	99.32	117.20
1	A	159	ALA	N-CA-C	-8.09	89.17	111.00
1	A	68	THR	CA-C-N	-8.07	99.44	117.20
1	A	33	ASN	N-CA-C	8.06	132.78	111.00
2	B	105	ASP	CA-C-O	7.80	136.49	120.10
1	A	302	MET	N-CA-C	7.35	130.85	111.00
1	A	585	TYR	N-CA-C	-7.32	91.23	111.00
1	A	181	GLY	N-CA-C	-7.12	95.29	113.10
1	A	530	GLY	N-CA-C	-6.93	95.77	113.10
1	A	456	TYR	N-CA-CB	-6.87	98.23	110.60
1	A	601	LYS	N-CA-C	6.87	129.55	111.00
1	A	209	GLU	N-CA-C	-6.83	92.55	111.00
1	A	68	THR	C-N-CA	-6.68	105.01	121.70
1	A	456	TYR	CB-CG-CD2	6.65	124.99	121.00
1	A	564	PHE	CA-C-N	-6.65	102.57	117.20
1	A	305	THR	C-N-CD	-6.59	106.10	120.60
1	A	63	ASP	CB-CA-C	-6.58	97.23	110.40
1	A	185	ASN	N-CA-C	-6.51	93.42	111.00
2	B	25	GLU	N-CA-C	-6.43	93.63	111.00
1	A	135	SER	N-CA-C	-6.42	93.66	111.00
1	A	821	TRP	N-CA-C	-6.40	93.72	111.00
2	B	45	ASP	N-CA-C	-6.27	94.07	111.00
1	A	455	ASN	O-C-N	-6.27	112.67	122.70
1	A	456	TYR	CG-CD2-CE2	-6.20	116.34	121.30

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
1	A	456	TYR	CE1-CZ-OH	-6.11	103.59	120.10
1	A	455	ASN	N-CA-C	6.03	127.27	111.00
1	A	685	VAL	N-CA-C	6.02	127.27	111.00
1	A	64	ASN	CA-C-N	6.01	130.43	117.20
1	A	51	SER	C-N-CA	6.01	136.71	121.70
1	A	31	LYS	N-CA-C	-5.97	94.88	111.00
1	A	64	ASN	N-CA-CB	-5.97	99.85	110.60
1	A	208	GLU	N-CA-C	-5.91	95.04	111.00
2	B	85	LYS	N-CA-C	-5.87	95.14	111.00
1	A	63	ASP	CB-CG-OD2	-5.86	113.03	118.30
1	A	20	MET	N-CA-C	5.85	126.81	111.00
2	B	148	VAL	C-N-CA	5.80	136.20	121.70
1	A	366	LYS	N-CA-C	5.71	126.42	111.00
1	A	823	VAL	N-CA-C	-5.68	95.66	111.00
1	A	564	PHE	C-N-CA	5.52	135.50	121.70
1	A	64	ASN	CA-C-O	-5.51	108.52	120.10
1	A	62	SER	C-N-CA	5.43	135.26	121.70
1	A	612	LEU	CA-C-N	-5.39	105.33	117.20
2	B	31	THR	N-CA-C	-5.37	96.50	111.00
1	A	612	LEU	CA-C-O	5.36	131.35	120.10
1	A	574	ASN	N-CA-C	-5.33	96.62	111.00
1	A	77	MET	N-CA-C	5.31	125.34	111.00
1	A	566	LYS	N-CA-C	-5.23	96.88	111.00
2	B	67	LYS	N-CA-C	-5.20	96.95	111.00
1	A	60	ILE	N-CA-C	5.14	124.88	111.00
1	A	151	HIS	N-CA-C	-5.07	97.30	111.00
1	A	600	ASN	N-CA-C	-5.05	97.36	111.00
1	A	223	GLN	N-CA-C	-5.04	97.39	111.00
1	A	302	MET	CA-C-N	-5.03	106.14	117.20
1	A	182	LYS	N-CA-C	-5.02	97.45	111.00

There are no chirality outliers.

All (26) planarity outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Group
1	A	1	MET	Peptide
1	A	11	GLN	Peptide
1	A	12	TYR	Peptide
1	A	13	LEU	Peptide
1	A	2	ASN	Peptide
1	A	230	ALA	Peptide
1	A	231	TYR	Peptide

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Group
1	A	232	GLY	Peptide
1	A	24	GLN	Peptide
1	A	38	ASP	Peptide
1	A	388	LEU	Peptide
1	A	389	CYS	Peptide
1	A	39	PRO	Peptide
1	A	40	LYS	Peptide
1	A	455	ASN	Mainchain
1	A	50	SER	Peptide
1	A	51	SER	Peptide
1	A	53	GLY	Peptide
1	A	56	ILE	Peptide
1	A	564	PHE	Sidechain
1	A	63	ASP	Peptide
1	A	64	ASN	Peptide
1	A	67	ARG	Mainchain
1	A	8	PRO	Peptide
2	B	149	ARG	Mainchain
3	C	144	GLU	Mainchain

5.2 Close contacts ⓘ

In the following table, the Non-H and H(model) columns list the number of non-hydrogen atoms and hydrogen atoms in the chain respectively. The H(added) column lists the number of hydrogens added by MolProbity. The Clashes column lists the number of clashes within the asymmetric unit, and the number in parentheses is this value normalized per 1000 atoms of the molecule in the chain. The Symm-Clashes column gives symmetry related clashes, in the same way as for the Clashes column.

Mol	Chain	Non-H	H(model)	H(added)	Clashes	Symm-Clashes
1	A	6338	0	6173	1960	0
2	B	979	0	936	192	0
3	C	1228	0	1149	249	0
4	C	1	0	0	0	0
5	A	16	0	0	0	0
5	B	3	0	0	0	0
5	C	12	0	0	1	0
All	All	8577	0	8258	2347	0

Clashscore is defined as the number of clashes calculated for the entry per 1000 atoms (including hydrogens) of the entry. The overall clashscore for this entry is 140.

All (2347) close contacts within the same asymmetric unit are listed below.

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:53:GLY:CA	1:A:54:GLU:HB2	1.39	1.43
1:A:231:TYR:HB2	1:A:437:PHE:CE1	1.56	1.40
1:A:56:ILE:HD12	1:A:57:THR:CA	1.53	1.36
1:A:230:ALA:N	1:A:232:GLY:HA3	1.35	1.35
1:A:103:LEU:HD23	1:A:104:ARG:N	1.43	1.31
1:A:56:ILE:HD11	1:A:67:ARG:O	1.26	1.30
1:A:226:PRO:O	1:A:230:ALA:HB2	1.30	1.28
1:A:55:GLU:HA	1:A:69:VAL:O	1.35	1.21
1:A:60:ILE:HG13	1:A:61:VAL:N	1.55	1.16
1:A:289:GLN:CA	1:A:326:ASP:HB3	1.76	1.16
1:A:191:MET:O	1:A:195:LYS:HG2	1.45	1.14
1:A:223:GLN:O	1:A:226:PRO:HD2	1.44	1.14
1:A:200:VAL:HG21	1:A:258:LYS:HE2	1.26	1.14
1:A:193:LEU:H	1:A:193:LEU:HD12	1.14	1.13
1:A:229:GLU:C	1:A:232:GLY:HA3	1.69	1.13
1:A:289:GLN:HA	1:A:326:ASP:CB	1.79	1.13
1:A:391:ILE:HD12	1:A:611:LEU:HD23	1.18	1.13
2:B:34:ASP:HA	2:B:45:ASP:O	1.46	1.13
1:A:328:GLU:HA	1:A:332:LEU:HD23	1.24	1.12
1:A:134:ASP:HA	1:A:137:ILE:HG22	1.18	1.12
2:B:64:ALA:HA	2:B:67:LYS:HB3	1.20	1.11
1:A:8:PRO:HB2	1:A:10:PHE:HB2	1.19	1.11
1:A:572:ARG:HG2	1:A:573:PRO:HD2	1.26	1.11
1:A:290:ILE:HB	1:A:330:PHE:CZ	1.86	1.11
1:A:298:LEU:HD23	1:A:301:VAL:HG21	1.28	1.10
1:A:232:GLY:O	1:A:245:PHE:CE1	2.03	1.10
1:A:3:ILE:HG22	1:A:4:ASP:N	1.55	1.10
1:A:178:SER:HB2	1:A:239:ASN:HD21	1.10	1.10
1:A:53:GLY:CA	1:A:54:GLU:CB	2.30	1.10
1:A:607:ASN:O	1:A:608:VAL:HG12	1.52	1.09
1:A:100:LEU:HD12	1:A:103:LEU:HD21	1.28	1.09
1:A:77:MET:HG3	1:A:98:SER:HB2	1.34	1.09
1:A:297:GLU:HG2	1:A:298:LEU:HD12	1.30	1.08
1:A:188:LYS:HZ2	1:A:188:LYS:HB2	1.06	1.08
1:A:300:GLU:C	1:A:302:MET:H	1.49	1.08
1:A:229:GLU:N	1:A:232:GLY:HA2	1.67	1.07
1:A:286:ILE:O	1:A:290:ILE:HG23	1.53	1.07
1:A:231:TYR:CB	1:A:437:PHE:HE1	1.67	1.07
1:A:253:PHE:HB2	1:A:457:TYR:HA	1.33	1.07
1:A:3:ILE:HG22	1:A:4:ASP:H	1.06	1.07
1:A:186:THR:HG23	1:A:460:VAL:HG11	1.11	1.06
1:A:398:LYS:HD3	1:A:399:ALA:H	1.21	1.05
1:A:56:ILE:CD1	1:A:57:THR:HA	1.85	1.04

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:287:PHE:O	1:A:290:ILE:HG12	1.56	1.04
1:A:56:ILE:HD12	1:A:57:THR:N	1.72	1.04
3:C:58:LYS:HB2	3:C:61:GLU:HG2	1.38	1.04
1:A:391:ILE:CD1	1:A:611:LEU:HD23	1.88	1.04
1:A:367:GLN:HG2	1:A:418:LEU:HD13	1.40	1.03
1:A:56:ILE:HD12	1:A:57:THR:HA	1.06	1.03
1:A:601:LYS:O	1:A:603:PRO:HD3	1.56	1.03
1:A:803:LYS:O	1:A:807:GLN:HG2	1.59	1.03
1:A:368:ARG:HG3	1:A:371:GLU:O	1.58	1.03
1:A:124:ASN:HB2	1:A:674:ILE:HG21	1.38	1.03
1:A:455:ASN:O	1:A:456:TYR:HB2	1.58	1.03
1:A:606:GLU:HA	1:A:610:SER:HB3	1.40	1.03
1:A:38:ASP:CB	1:A:39:PRO:HD3	1.87	1.03
1:A:53:GLY:N	1:A:54:GLU:HB2	1.72	1.03
1:A:310:LEU:HG	1:A:311:TYR:H	1.17	1.02
1:A:365:PHE:HB2	1:A:377:ASP:HB3	1.38	1.02
1:A:304:ILE:HD12	1:A:305:THR:N	1.73	1.02
1:A:100:LEU:C	1:A:103:LEU:HD22	1.80	1.02
1:A:484:GLU:OE1	1:A:584:HIS:HB3	1.60	1.02
1:A:26:ALA:HB3	1:A:27:PRO:HD3	1.41	1.02
3:C:118:LEU:HD22	3:C:122:GLU:OE1	1.60	1.01
1:A:184:GLU:HA	1:A:187:LYS:HB3	1.43	1.01
1:A:348:THR:HA	1:A:351:PHE:HE1	1.24	1.01
1:A:618:PRO:HA	1:A:621:ALA:HB3	1.38	1.01
1:A:348:THR:HA	1:A:351:PHE:CE1	1.95	1.00
1:A:86:GLU:OE1	1:A:150:PRO:HD3	1.61	1.00
1:A:185:ASN:O	1:A:189:VAL:HG22	1.62	1.00
1:A:232:GLY:O	1:A:245:PHE:HE1	1.42	1.00
1:A:32:LYS:HA	1:A:48:ILE:HG22	1.44	1.00
3:C:107:LEU:CD1	3:C:111:LEU:HD11	1.93	0.99
1:A:53:GLY:HA3	1:A:54:GLU:HB2	1.00	0.99
1:A:37:PRO:HB3	1:A:43:PHE:CD2	1.98	0.99
1:A:229:GLU:CA	1:A:232:GLY:CA	2.41	0.98
1:A:55:GLU:CA	1:A:69:VAL:O	2.11	0.98
1:A:152:LEU:N	1:A:152:LEU:HD23	1.78	0.98
1:A:184:GLU:HA	1:A:187:LYS:CB	1.94	0.98
1:A:41:GLU:HA	1:A:41:GLU:OE1	1.59	0.98
1:A:401:LEU:HD12	1:A:402:LYS:HD2	1.44	0.98
1:A:493:HIS:O	1:A:496:VAL:HG12	1.64	0.97
1:A:153:PHE:HA	1:A:156:ALA:HB3	1.44	0.97
1:A:472:ASN:HB2	1:A:591:TYR:HA	1.45	0.97
1:A:301:VAL:O	1:A:302:MET:HB3	1.63	0.97

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:103:LEU:HD23	1:A:104:ARG:H	1.05	0.97
1:A:85:LEU:H	1:A:102:ASN:HD21	1.11	0.97
3:C:110:VAL:HG13	3:C:114:LEU:HD12	1.43	0.97
1:A:383:GLU:HA	1:A:393:ALA:HB2	1.47	0.96
1:A:472:ASN:ND2	1:A:589:VAL:HG12	1.81	0.96
1:A:53:GLY:HA3	1:A:54:GLU:CB	1.92	0.96
1:A:231:TYR:CB	1:A:437:PHE:CE1	2.43	0.96
1:A:100:LEU:O	1:A:103:LEU:HD22	1.65	0.95
1:A:56:ILE:HD13	1:A:58:VAL:H	1.30	0.95
1:A:375:GLU:HG2	1:A:377:ASP:H	1.32	0.95
1:A:305:THR:OG1	1:A:306:PRO:HD2	1.67	0.95
1:A:305:THR:CB	1:A:306:PRO:HD2	1.95	0.95
1:A:685:VAL:HG22	1:A:686:ASP:H	1.31	0.95
1:A:56:ILE:CD1	1:A:67:ARG:O	2.13	0.95
3:C:96:ARG:O	3:C:97:GLU:HG2	1.67	0.94
1:A:230:ALA:N	1:A:232:GLY:CA	2.30	0.94
1:A:53:GLY:N	1:A:54:GLU:CB	2.31	0.94
1:A:214:LYS:HD2	1:A:214:LYS:H	1.32	0.94
1:A:78:ASN:HB3	1:A:82:PHE:CB	1.98	0.94
1:A:451:LYS:NZ	1:A:451:LYS:HB2	1.80	0.94
1:A:230:ALA:H	1:A:232:GLY:HA3	1.28	0.94
1:A:304:ILE:HD12	1:A:305:THR:H	1.31	0.94
2:B:118:LEU:HA	2:B:122:MET:HG3	1.49	0.93
2:B:47:LYS:HG3	2:B:48:GLU:N	1.84	0.93
1:A:161:GLN:O	1:A:165:THR:HB	1.68	0.93
1:A:190:ILE:H	1:A:193:LEU:HD13	1.33	0.93
1:A:233:ASN:CB	1:A:243:SER:HA	1.98	0.93
1:A:273:ARG:HG3	1:A:284:TYR:CE1	2.03	0.93
1:A:392:ASN:O	1:A:394:GLY:N	2.01	0.93
1:A:189:VAL:HB	1:A:193:LEU:HD11	1.50	0.93
1:A:3:ILE:CG2	1:A:4:ASP:N	2.30	0.93
1:A:507:ILE:HG12	1:A:508:GLN:N	1.82	0.93
1:A:229:GLU:HA	1:A:233:ASN:N	1.83	0.93
2:B:112:ILE:HG22	2:B:116:LYS:HG3	1.48	0.93
1:A:404:LYS:HA	1:A:412:VAL:O	1.67	0.93
1:A:188:LYS:NZ	1:A:188:LYS:HB2	1.82	0.93
1:A:77:MET:CG	1:A:98:SER:HB2	1.99	0.93
1:A:311:TYR:HA	1:A:362:GLU:OE2	1.67	0.93
1:A:672:ARG:HD2	1:A:697:ASN:HB3	1.51	0.92
1:A:789:GLN:HE22	3:C:111:LEU:HA	1.33	0.92
1:A:727:ALA:HB1	1:A:730:ALA:HB3	1.52	0.92
1:A:569:LYS:NZ	1:A:569:LYS:HB3	1.83	0.92

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:4:ASP:C	1:A:5:PHE:CD2	2.42	0.92
1:A:297:GLU:CG	1:A:298:LEU:HD12	1.99	0.92
1:A:787:MET:SD	3:C:80:GLU:HG2	2.10	0.92
1:A:350:MET:HA	1:A:353:CYS:SG	2.10	0.91
1:A:417:ASN:O	1:A:419:GLN:N	2.04	0.91
1:A:443:ARG:HA	1:A:446:ARG:CG	1.99	0.91
1:A:133:THR:HG22	1:A:134:ASP:H	1.36	0.91
1:A:185:ASN:H	1:A:188:LYS:H	1.18	0.91
1:A:182:LYS:NZ	1:A:182:LYS:HB3	1.85	0.91
1:A:300:GLU:C	1:A:302:MET:N	2.19	0.91
1:A:212:GLN:HG3	1:A:214:LYS:HZ1	1.33	0.91
1:A:618:PRO:O	1:A:623:LEU:HD11	1.70	0.91
1:A:674:ILE:HB	1:A:676:PRO:HD3	1.52	0.91
2:B:41:ILE:HG12	2:B:45:ASP:HA	1.50	0.91
1:A:77:MET:HG3	1:A:98:SER:CB	2.00	0.90
1:A:112:ILE:HB	1:A:123:VAL:HB	1.51	0.90
1:A:324:ILE:HD13	1:A:325:ASP:H	1.36	0.90
1:A:26:ALA:HB3	1:A:27:PRO:CD	2.01	0.90
1:A:355:ALA:HA	1:A:358:LEU:CD1	2.01	0.90
1:A:24:GLN:O	1:A:25:THR:HG22	1.72	0.90
1:A:233:ASN:HB2	1:A:243:SER:HA	1.54	0.90
1:A:697:ASN:N	1:A:697:ASN:HD22	1.65	0.90
1:A:697:ASN:H	1:A:697:ASN:HD22	1.16	0.90
1:A:532:LEU:HD23	1:A:533:SER:N	1.87	0.90
2:B:34:ASP:HB2	2:B:45:ASP:HA	1.54	0.90
1:A:38:ASP:CG	1:A:39:PRO:HD3	1.92	0.90
1:A:328:GLU:CA	1:A:332:LEU:HD23	2.02	0.89
1:A:788:PHE:O	1:A:792:ILE:HG22	1.72	0.89
1:A:675:ILE:H	1:A:676:PRO:HD3	1.35	0.89
1:A:141:ARG:HD2	1:A:142:GLY:H	1.37	0.89
1:A:175:THR:HB	1:A:672:ARG:NE	1.87	0.89
1:A:308:SER:HA	1:A:311:TYR:CE1	2.07	0.89
1:A:421:VAL:HG23	1:A:422:ILE:H	1.38	0.89
1:A:189:VAL:O	1:A:191:MET:N	2.05	0.89
3:C:10:ASP:HA	3:C:13:LYS:HE3	1.55	0.89
1:A:815:GLN:HE22	2:B:124:ASP:H	1.19	0.89
1:A:226:PRO:O	1:A:230:ALA:CB	2.21	0.88
1:A:180:ALA:H	1:A:674:ILE:HG12	1.38	0.88
1:A:461:LEU:HD13	1:A:462:ASP:N	1.88	0.88
1:A:123:VAL:HA	1:A:674:ILE:HG22	1.55	0.88
1:A:332:LEU:H	1:A:332:LEU:HD22	1.37	0.88
1:A:231:TYR:HB2	1:A:437:PHE:HE1	0.77	0.88

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:466:PHE:N	1:A:483:ASN:ND2	2.22	0.88
1:A:472:ASN:HB3	1:A:591:TYR:HD1	1.38	0.88
1:A:614:VAL:HG22	1:A:615:SER:N	1.87	0.88
1:A:190:ILE:HD12	1:A:218:GLU:HB3	1.53	0.88
1:A:237:THR:HG23	1:A:238:ARG:N	1.89	0.88
1:A:48:ILE:HG12	1:A:49:GLN:H	1.35	0.88
3:C:107:LEU:HD12	3:C:111:LEU:HD11	1.54	0.88
1:A:439:TRP:NE1	1:A:623:LEU:HG	1.89	0.88
1:A:229:GLU:N	1:A:232:GLY:CA	2.36	0.87
1:A:308:SER:HA	1:A:311:TYR:HE1	1.35	0.87
1:A:696:CYS:O	1:A:698:GLY:N	2.07	0.87
1:A:322:ASP:O	1:A:324:ILE:HG23	1.74	0.87
1:A:55:GLU:HG2	1:A:68:THR:HG22	1.54	0.87
1:A:310:LEU:HG	1:A:311:TYR:N	1.90	0.87
1:A:327:VAL:HG23	1:A:328:GLU:N	1.89	0.87
2:B:56:THR:HG23	2:B:57:PRO:HD2	1.53	0.87
1:A:532:LEU:HD11	1:A:653:ARG:CZ	2.03	0.87
1:A:234:ALA:O	1:A:285:HIS:HB2	1.74	0.87
1:A:421:VAL:HA	1:A:424:SER:HB2	1.55	0.87
1:A:178:SER:CB	1:A:239:ASN:HD21	1.88	0.87
1:A:477:LEU:HD22	1:A:477:LEU:O	1.74	0.87
1:A:229:GLU:HA	1:A:232:GLY:C	1.95	0.87
1:A:291:CYS:O	1:A:306:PRO:HD3	1.72	0.87
1:A:37:PRO:HB3	1:A:43:PHE:HD2	1.31	0.87
3:C:117:ARG:H	3:C:117:ARG:HE	1.19	0.87
1:A:551:ASP:O	1:A:554:TYR:HB2	1.75	0.86
1:A:95:ASN:OD1	1:A:98:SER:HB3	1.75	0.86
1:A:29:ASP:HB2	1:A:33:ASN:HD22	1.38	0.86
1:A:176:GLY:CA	1:A:673:CYS:HB2	2.05	0.86
1:A:75:GLN:HG2	1:A:95:ASN:HD22	1.40	0.86
3:C:106:GLU:O	3:C:109:HIS:HB3	1.75	0.86
1:A:332:LEU:N	1:A:332:LEU:HD22	1.90	0.86
1:A:100:LEU:CD1	1:A:103:LEU:HD21	2.05	0.86
1:A:157:ASP:HB2	1:A:192:TYR:OH	1.75	0.86
1:A:320:THR:HG23	1:A:324:ILE:CG1	2.05	0.86
1:A:695:GLN:HA	1:A:700:LEU:HD12	1.55	0.86
3:C:31:ALA:HB3	3:C:56:THR:HG22	1.58	0.86
1:A:186:THR:CG2	1:A:460:VAL:HG11	2.02	0.86
1:A:56:ILE:CD1	1:A:57:THR:CA	2.46	0.86
1:A:303:LEU:HG	1:A:359:HIS:CE1	2.10	0.86
1:A:621:ALA:H	1:A:623:LEU:CD1	1.89	0.85
1:A:169:ASN:O	1:A:666:THR:HG22	1.76	0.85

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:320:THR:HG23	1:A:324:ILE:HG13	1.58	0.85
1:A:53:GLY:H	1:A:54:GLU:CB	1.88	0.85
1:A:617:GLU:OE1	1:A:619:LEU:HD23	1.77	0.85
1:A:100:LEU:O	1:A:102:ASN:N	2.09	0.85
1:A:152:LEU:O	1:A:155:VAL:HG22	1.75	0.85
1:A:253:PHE:N	1:A:456:TYR:O	2.09	0.85
1:A:108:THR:HG23	1:A:684:LEU:HD22	1.59	0.85
1:A:74:ILE:HG23	1:A:75:GLN:H	1.40	0.85
1:A:4:ASP:C	1:A:5:PHE:HD2	1.79	0.85
1:A:189:VAL:HB	1:A:193:LEU:CD1	2.06	0.85
1:A:386:ALA:CB	1:A:393:ALA:N	2.40	0.85
1:A:176:GLY:HA3	1:A:673:CYS:HB2	1.57	0.85
1:A:304:ILE:O	1:A:305:THR:HB	1.73	0.85
1:A:214:LYS:CD	1:A:214:LYS:H	1.88	0.85
1:A:374:ALA:HB2	1:A:418:LEU:HB2	1.58	0.85
1:A:674:ILE:HG13	1:A:675:ILE:N	1.91	0.85
1:A:569:LYS:HG2	1:A:570:PRO:HD2	1.58	0.85
1:A:103:LEU:CD2	1:A:104:ARG:N	2.37	0.85
1:A:399:ALA:HA	1:A:403:PRO:CB	2.06	0.85
1:A:126:TYR:HE2	1:A:680:LYS:HB3	1.42	0.84
1:A:479:ILE:HG23	1:A:483:ASN:ND2	1.92	0.84
1:A:340:LEU:HD21	1:A:444:VAL:HA	1.60	0.84
1:A:761:THR:HG23	1:A:762:LYS:HG2	1.58	0.84
1:A:796:LEU:HD21	3:C:126:ILE:HG12	1.58	0.84
1:A:100:LEU:HD12	1:A:103:LEU:CD2	2.06	0.84
1:A:466:PHE:H	1:A:483:ASN:HD21	1.26	0.84
1:A:55:GLU:HB3	1:A:68:THR:CG2	2.08	0.84
1:A:834:ALA:HB2	1:A:837:LYS:HD2	1.58	0.83
1:A:55:GLU:HB3	1:A:68:THR:HG23	1.61	0.83
1:A:55:GLU:CB	1:A:68:THR:HG23	2.08	0.83
1:A:397:LEU:HA	1:A:400:LEU:HD12	1.58	0.83
1:A:578:ALA:O	1:A:579:HIS:HB2	1.75	0.83
3:C:12:LEU:HA	3:C:41:LEU:HD11	1.59	0.83
1:A:184:GLU:CA	1:A:187:LYS:HB3	2.09	0.83
1:A:298:LEU:C	1:A:300:GLU:H	1.82	0.83
1:A:19:LYS:HG3	1:A:20:MET:H	1.43	0.83
1:A:112:ILE:HG13	1:A:113:TYR:CE1	2.14	0.83
1:A:567:PRO:HG3	1:A:580:PHE:N	1.94	0.83
1:A:572:ARG:HG2	1:A:573:PRO:CD	2.08	0.83
1:A:303:LEU:HD23	1:A:388:LEU:HD11	1.61	0.83
1:A:308:SER:O	1:A:310:LEU:N	2.12	0.83
1:A:513:ASP:O	1:A:516:MET:HG2	1.78	0.83

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:43:PHE:CE2	1:A:97:ALA:HB2	2.13	0.83
1:A:60:ILE:HG13	1:A:61:VAL:H	1.41	0.83
1:A:824:LEU:O	1:A:826:ASN:N	2.12	0.83
1:A:103:LEU:CD2	1:A:104:ARG:H	1.90	0.83
1:A:228:LEU:O	1:A:230:ALA:N	2.12	0.83
1:A:229:GLU:C	1:A:232:GLY:CA	2.47	0.82
1:A:479:ILE:CG2	1:A:483:ASN:ND2	2.41	0.82
1:A:276:TYR:CD2	1:A:277:GLN:N	2.48	0.82
1:A:389:CYS:SG	1:A:390:GLY:N	2.51	0.82
3:C:58:LYS:HB2	3:C:61:GLU:CG	2.09	0.82
1:A:725:ILE:HD13	1:A:780:ARG:O	1.79	0.82
1:A:298:LEU:HD23	1:A:301:VAL:CG2	2.07	0.82
1:A:328:GLU:HA	1:A:332:LEU:CD2	2.08	0.82
1:A:180:ALA:HB2	1:A:674:ILE:HG23	1.61	0.82
1:A:37:PRO:CD	1:A:73:ASP:O	2.27	0.82
1:A:134:ASP:CA	1:A:137:ILE:HG22	2.07	0.82
1:A:390:GLY:HA3	1:A:615:SER:HB2	1.59	0.82
1:A:716:TYR:HE1	1:A:763:VAL:HB	1.44	0.82
1:A:60:ILE:CG1	1:A:61:VAL:N	2.39	0.82
2:B:110:LEU:HB2	2:B:115:ILE:HD11	1.62	0.82
1:A:185:ASN:N	1:A:188:LYS:H	1.77	0.82
1:A:175:THR:HB	1:A:672:ARG:HE	1.42	0.81
1:A:55:GLU:CB	1:A:68:THR:CG2	2.58	0.81
1:A:327:VAL:HG23	1:A:328:GLU:H	1.43	0.81
1:A:55:GLU:HG2	1:A:68:THR:CG2	2.09	0.81
2:B:83:SER:C	2:B:85:LYS:H	1.78	0.81
1:A:229:GLU:CA	1:A:233:ASN:H	1.93	0.81
1:A:466:PHE:HE2	1:A:468:ILE:HG23	1.44	0.81
1:A:715:ILE:HA	1:A:762:LYS:HB3	1.61	0.81
1:A:439:TRP:HE1	1:A:623:LEU:HG	1.42	0.81
1:A:48:ILE:HA	1:A:58:VAL:HG21	1.61	0.81
1:A:572:ARG:CG	1:A:573:PRO:HD2	2.11	0.81
2:B:40:PHE:O	2:B:73:LEU:HG	1.81	0.81
2:B:54:GLY:O	2:B:55:ARG:HG3	1.81	0.81
1:A:302:MET:CG	1:A:303:LEU:HD22	2.11	0.80
1:A:32:LYS:HE3	1:A:47:GLU:HG3	1.61	0.80
1:A:435:ARG:CZ	1:A:624:PHE:HA	2.11	0.80
1:A:92:THR:OG1	1:A:768:GLY:HA2	1.81	0.80
1:A:252:HIS:HA	1:A:457:TYR:HB3	1.63	0.80
2:B:56:THR:HG23	2:B:57:PRO:CD	2.09	0.80
1:A:126:TYR:CE2	1:A:680:LYS:HB3	2.17	0.80
3:C:107:LEU:HD11	3:C:111:LEU:HD11	1.63	0.80

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:140:TYR:HA	1:A:143:LYS:HG3	1.63	0.80
1:A:77:MET:HG3	1:A:98:SER:HA	1.63	0.80
1:A:458:ILE:HG13	1:A:459:GLY:N	1.95	0.80
1:A:785:ILE:O	1:A:789:GLN:HG2	1.80	0.80
3:C:124:ASP:O	3:C:128:ASN:HB2	1.81	0.80
1:A:137:ILE:HG23	1:A:138:ALA:H	1.47	0.80
1:A:359:HIS:O	1:A:362:GLU:HG2	1.82	0.80
1:A:367:GLN:HG2	1:A:418:LEU:CD1	2.11	0.80
1:A:443:ARG:HA	1:A:446:ARG:HG2	1.63	0.80
1:A:365:PHE:CB	1:A:377:ASP:HB3	2.12	0.80
1:A:563:MET:HE2	1:A:564:PHE:HE1	1.47	0.80
1:A:753:PRO:HA	1:A:756:TYR:CE1	2.17	0.80
3:C:5:SER:O	3:C:9:ILE:HG22	1.82	0.80
1:A:435:ARG:NH1	1:A:624:PHE:HA	1.97	0.79
1:A:723:TYR:HB3	1:A:726:LEU:HD12	1.64	0.79
1:A:147:GLU:O	1:A:148:ILE:HG12	1.81	0.79
1:A:472:ASN:CB	1:A:591:TYR:HA	2.12	0.79
1:A:354:THR:O	1:A:357:ILE:HG23	1.82	0.79
1:A:386:ALA:HB1	1:A:393:ALA:N	1.97	0.79
3:C:125:GLU:O	3:C:129:LEU:HD12	1.81	0.79
1:A:22:LYS:N	1:A:22:LYS:HD3	1.98	0.79
1:A:443:ARG:HA	1:A:446:ARG:HG3	1.61	0.79
1:A:549:PHE:HD2	1:A:593:ILE:HG13	1.48	0.79
1:A:57:THR:O	1:A:57:THR:HG22	1.82	0.79
1:A:600:ASN:O	1:A:648:ILE:HG23	1.83	0.79
1:A:222:ILE:HA	1:A:225:ASN:OD1	1.83	0.79
1:A:56:ILE:CD1	1:A:58:VAL:H	1.94	0.79
1:A:303:LEU:HG	1:A:359:HIS:HE1	1.47	0.79
1:A:399:ALA:HA	1:A:403:PRO:HB3	1.62	0.79
1:A:451:LYS:HB2	1:A:451:LYS:HZ3	1.47	0.79
1:A:569:LYS:CG	1:A:570:PRO:HD2	2.12	0.79
1:A:481:TYR:CE1	1:A:525:ILE:HD11	2.18	0.78
1:A:427:ALA:CB	1:A:603:PRO:HD2	2.13	0.78
1:A:11:GLN:CB	1:A:12:TYR:C	2.52	0.78
3:C:67:GLU:O	3:C:69:PHE:N	2.15	0.78
1:A:401:LEU:CD1	1:A:402:LYS:HD2	2.13	0.78
1:A:675:ILE:N	1:A:676:PRO:HD3	1.98	0.78
1:A:32:LYS:CE	1:A:47:GLU:HG3	2.13	0.78
1:A:229:GLU:C	1:A:233:ASN:H	1.87	0.78
1:A:303:LEU:O	1:A:304:ILE:HG13	1.83	0.78
1:A:697:ASN:N	1:A:697:ASN:ND2	2.31	0.78
1:A:160:TYR:O	1:A:163:MET:HB2	1.84	0.78

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:48:ILE:HG12	1:A:49:GLN:N	1.99	0.78
1:A:495:PHE:CD2	1:A:513:ASP:HA	2.19	0.78
1:A:63:ASP:C	1:A:64:ASN:CG	2.39	0.78
1:A:807:GLN:HB2	3:C:22:TRP:HZ2	1.49	0.78
1:A:112:ILE:HD12	1:A:123:VAL:O	1.84	0.78
1:A:567:PRO:HD3	1:A:580:PHE:HA	1.64	0.78
1:A:609:VAL:HG11	1:A:624:PHE:HD2	1.47	0.78
1:A:78:ASN:HB3	1:A:82:PHE:HB2	1.64	0.78
2:B:118:LEU:O	2:B:122:MET:HB2	1.84	0.78
1:A:500:GLU:CD	1:A:501:GLU:H	1.86	0.77
1:A:106:ARG:NE	1:A:111:LEU:HD12	1.98	0.77
1:A:189:VAL:O	1:A:190:ILE:HG13	1.83	0.77
1:A:190:ILE:N	1:A:193:LEU:HD13	1.98	0.77
1:A:346:GLU:N	1:A:346:GLU:CD	2.37	0.77
1:A:828:GLN:C	1:A:830:TRP:H	1.86	0.77
1:A:794:GLY:HA2	3:C:39:ARG:HG2	1.66	0.77
1:A:487:GLN:O	1:A:490:PHE:N	2.16	0.77
1:A:242:SER:O	1:A:244:ARG:N	2.18	0.77
2:B:64:ALA:CA	2:B:67:LYS:HB3	2.08	0.77
1:A:253:PHE:O	1:A:455:ASN:O	2.03	0.77
1:A:337:PHE:CD1	1:A:347:LYS:HE2	2.20	0.77
1:A:472:ASN:HD21	1:A:589:VAL:HG12	1.47	0.77
1:A:182:LYS:HZ2	1:A:182:LYS:HB3	1.50	0.77
1:A:368:ARG:CG	1:A:371:GLU:O	2.33	0.77
1:A:398:LYS:CD	1:A:399:ALA:H	1.96	0.77
1:A:150:PRO:O	1:A:151:HIS:HB2	1.83	0.77
1:A:251:ILE:O	1:A:457:TYR:HB2	1.85	0.77
1:A:684:LEU:HD12	1:A:685:VAL:HB	1.64	0.77
1:A:181:GLY:O	1:A:185:ASN:OD1	2.03	0.77
1:A:237:THR:CG2	1:A:238:ARG:H	1.97	0.77
1:A:427:ALA:HB2	1:A:603:PRO:HD2	1.66	0.77
1:A:674:ILE:CG1	1:A:675:ILE:H	1.98	0.77
2:B:23:MET:O	2:B:24:GLN:HB3	1.84	0.77
1:A:532:LEU:HD11	1:A:653:ARG:NE	2.00	0.76
1:A:725:ILE:O	1:A:728:PRO:HD3	1.84	0.76
1:A:235:LYS:HA	1:A:240:ASN:O	1.84	0.76
1:A:597:LEU:CD1	1:A:597:LEU:H	1.98	0.76
1:A:619:LEU:HD22	1:A:619:LEU:H	1.49	0.76
1:A:85:LEU:HD23	1:A:102:ASN:ND2	1.99	0.76
1:A:87:ASP:C	1:A:89:ALA:H	1.89	0.76
1:A:505:GLU:OE2	1:A:761:THR:HG22	1.86	0.76
1:A:298:LEU:CD2	1:A:301:VAL:HG21	2.13	0.76

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:606:GLU:HB2	1:A:610:SER:N	2.00	0.76
1:A:120:CYS:HB3	1:A:671:VAL:HG22	1.64	0.76
1:A:75:GLN:HG2	1:A:95:ASN:ND2	2.00	0.76
1:A:237:THR:CG2	1:A:238:ARG:N	2.49	0.76
1:A:554:TYR:C	1:A:556:ASN:N	2.35	0.76
1:A:77:MET:HG3	1:A:98:SER:CA	2.16	0.76
1:A:695:GLN:CA	1:A:700:LEU:HD12	2.16	0.76
3:C:91:PHE:O	3:C:92:LYS:HG3	1.85	0.76
1:A:764:PHE:N	1:A:764:PHE:HD1	1.83	0.76
1:A:404:LYS:HB2	1:A:411:MET:HB3	1.65	0.76
1:A:597:LEU:HD13	1:A:597:LEU:H	1.51	0.76
2:B:120:GLU:OE2	2:B:131:MET:HG3	1.86	0.76
3:C:127:ILE:O	3:C:127:ILE:HG13	1.86	0.76
3:C:38:CYS:HB3	3:C:43:ILE:HD11	1.68	0.76
1:A:525:ILE:HG22	1:A:531:ILE:HG23	1.68	0.75
1:A:55:GLU:C	1:A:56:ILE:HG23	2.07	0.75
2:B:63:THR:O	2:B:67:LYS:HB2	1.86	0.75
1:A:803:LYS:O	1:A:807:GLN:CG	2.34	0.75
1:A:421:VAL:HG23	1:A:422:ILE:N	1.98	0.75
1:A:466:PHE:CE2	1:A:468:ILE:HG23	2.22	0.75
1:A:180:ALA:H	1:A:674:ILE:CG1	1.99	0.75
1:A:253:PHE:CB	1:A:456:TYR:O	2.34	0.75
1:A:325:ASP:O	1:A:327:VAL:HG22	1.87	0.75
1:A:455:ASN:HB3	1:A:456:TYR:CD2	2.21	0.75
1:A:104:ARG:HA	1:A:107:TYR:CD2	2.21	0.75
1:A:302:MET:HG2	1:A:303:LEU:N	1.99	0.75
1:A:552:TYR:HD1	1:A:552:TYR:C	1.90	0.75
1:A:386:ALA:CB	1:A:393:ALA:H	1.99	0.75
1:A:569:LYS:HE2	1:A:570:PRO:HD2	1.68	0.75
3:C:70:LEU:HD23	3:C:71:PRO:CD	2.16	0.75
1:A:111:LEU:HD13	1:A:112:ILE:N	2.03	0.74
1:A:229:GLU:HA	1:A:233:ASN:H	1.48	0.74
1:A:229:GLU:CA	1:A:232:GLY:HA3	2.14	0.74
1:A:233:ASN:HB3	1:A:243:SER:HA	1.68	0.74
1:A:32:LYS:HA	1:A:48:ILE:CG2	2.16	0.74
1:A:720:LYS:HG3	1:A:721:GLN:N	2.02	0.74
1:A:157:ASP:C	1:A:160:TYR:HB3	2.08	0.74
1:A:332:LEU:CD2	1:A:332:LEU:H	1.99	0.74
1:A:56:ILE:HG21	1:A:69:VAL:HG22	1.69	0.74
1:A:608:VAL:HG13	1:A:611:LEU:HA	1.68	0.74
2:B:24:GLN:C	2:B:26:MET:H	1.87	0.74
1:A:105:GLY:O	1:A:109:ALA:HB3	1.87	0.74

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
3:C:32:PHE:H	3:C:56:THR:HG22	1.51	0.74
1:A:229:GLU:CA	1:A:233:ASN:N	2.49	0.74
1:A:327:VAL:CG2	1:A:328:GLU:H	1.93	0.74
1:A:467:GLU:OE2	1:A:479:ILE:HD12	1.88	0.74
1:A:567:PRO:CD	1:A:580:PHE:HA	2.17	0.74
1:A:743:GLU:O	1:A:747:THR:HG23	1.87	0.74
3:C:18:LEU:HD12	3:C:18:LEU:O	1.87	0.74
1:A:38:ASP:CB	1:A:39:PRO:CD	2.66	0.74
1:A:569:LYS:HB3	1:A:569:LYS:HZ3	1.53	0.74
1:A:7:ASP:N	1:A:9:ASP:H	1.86	0.74
2:B:83:SER:C	2:B:85:LYS:N	2.41	0.74
1:A:723:TYR:O	1:A:745:ILE:HD13	1.88	0.74
1:A:720:LYS:CG	1:A:721:GLN:N	2.51	0.73
1:A:458:ILE:CG1	1:A:459:GLY:H	1.99	0.73
1:A:346:GLU:CD	1:A:346:GLU:H	1.90	0.73
1:A:341:GLY:O	1:A:443:ARG:NE	2.21	0.73
1:A:674:ILE:CG1	1:A:675:ILE:N	2.48	0.73
1:A:87:ASP:O	1:A:89:ALA:N	2.20	0.73
1:A:396:LEU:CD2	1:A:396:LEU:H	2.01	0.73
1:A:466:PHE:H	1:A:483:ASN:ND2	1.85	0.73
1:A:63:ASP:O	1:A:64:ASN:CG	2.27	0.73
3:C:125:GLU:O	3:C:129:LEU:CD1	2.36	0.73
2:B:82:PHE:HD1	2:B:83:SER:HG	1.36	0.73
1:A:703:ILE:HA	1:A:706:CYS:HB2	1.71	0.73
1:A:722:ARG:HD3	1:A:777:ARG:NE	2.03	0.73
1:A:792:ILE:HG12	1:A:792:ILE:O	1.88	0.73
1:A:178:SER:HB2	1:A:239:ASN:ND2	1.96	0.73
1:A:273:ARG:NE	1:A:273:ARG:HA	2.04	0.73
1:A:304:ILE:HD13	1:A:311:TYR:CD2	2.24	0.73
1:A:180:ALA:N	1:A:674:ILE:HG12	2.04	0.73
1:A:137:ILE:HG23	1:A:138:ALA:N	2.03	0.73
1:A:525:ILE:HG22	1:A:531:ILE:CG2	2.19	0.73
1:A:78:ASN:HB3	1:A:82:PHE:HB3	1.69	0.73
1:A:55:GLU:O	1:A:56:ILE:CG2	2.37	0.73
1:A:807:GLN:CB	3:C:22:TRP:HZ2	2.02	0.73
1:A:158:ASN:HA	1:A:161:GLN:HB3	1.71	0.72
1:A:237:THR:HG21	1:A:281:GLU:OE1	1.89	0.72
1:A:449:ASP:O	1:A:451:LYS:N	2.16	0.72
1:A:225:ASN:O	1:A:228:LEU:C	2.27	0.72
1:A:255:PRO:HD3	1:A:454:ARG:CB	2.19	0.72
1:A:535:LEU:HD21	1:A:600:ASN:ND2	2.03	0.72
1:A:310:LEU:CG	1:A:311:TYR:H	1.93	0.72

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:554:TYR:O	1:A:556:ASN:N	2.21	0.72
1:A:288:TYR:C	1:A:290:ILE:H	1.90	0.72
1:A:401:LEU:C	1:A:402:LYS:HG3	2.08	0.72
1:A:525:ILE:O	1:A:532:LEU:HB3	1.89	0.72
1:A:545:ASP:O	1:A:546:ASP:HB2	1.90	0.72
1:A:337:PHE:HD1	1:A:347:LYS:HE2	1.53	0.72
1:A:340:LEU:HB2	1:A:447:THR:HB	1.69	0.72
1:A:73:ASP:N	1:A:73:ASP:OD2	2.22	0.72
3:C:52:ALA:O	3:C:53:VAL:HG13	1.90	0.72
1:A:162:ASN:HB3	1:A:170:GLN:NE2	2.04	0.72
1:A:163:MET:O	1:A:165:THR:N	2.22	0.72
1:A:229:GLU:C	1:A:233:ASN:N	2.43	0.72
1:A:253:PHE:CA	1:A:456:TYR:O	2.38	0.72
3:C:96:ARG:O	3:C:97:GLU:CG	2.38	0.72
1:A:75:GLN:OE1	1:A:97:ALA:HB2	1.90	0.72
1:A:12:TYR:HB2	1:A:14:ALA:H	1.55	0.72
1:A:351:PHE:O	1:A:354:THR:HB	1.90	0.71
1:A:55:GLU:O	1:A:56:ILE:HG22	1.89	0.71
1:A:500:GLU:CG	1:A:501:GLU:H	2.01	0.71
1:A:458:ILE:HG13	1:A:459:GLY:H	1.51	0.71
1:A:162:ASN:HB3	1:A:170:GLN:HE22	1.55	0.71
1:A:368:ARG:HG2	1:A:373:GLN:O	1.91	0.71
1:A:507:ILE:CG1	1:A:508:GLN:N	2.52	0.71
1:A:54:GLU:CA	1:A:55:GLU:OE1	2.39	0.71
1:A:84:LYS:HE3	1:A:102:ASN:HA	1.73	0.71
1:A:764:PHE:N	1:A:764:PHE:CD1	2.57	0.71
1:A:4:ASP:O	1:A:5:PHE:HD2	1.73	0.71
1:A:77:MET:HG2	1:A:78:ASN:OD1	1.89	0.71
1:A:608:VAL:HG13	1:A:611:LEU:CA	2.20	0.71
1:A:56:ILE:CG2	1:A:69:VAL:HG22	2.21	0.70
1:A:614:VAL:C	1:A:616:LYS:H	1.92	0.70
1:A:801:TYR:CD2	1:A:805:GLN:NE2	2.59	0.70
1:A:337:PHE:HB3	1:A:342:PHE:CE2	2.25	0.70
1:A:674:ILE:HD12	1:A:676:PRO:HD2	1.70	0.70
1:A:807:GLN:HB2	3:C:22:TRP:CZ2	2.25	0.70
2:B:108:LYS:O	2:B:109:LYS:HG2	1.90	0.70
1:A:19:LYS:CG	1:A:20:MET:H	2.04	0.70
1:A:524:LEU:O	1:A:524:LEU:HD23	1.92	0.70
2:B:41:ILE:HG12	2:B:45:ASP:CA	2.19	0.70
1:A:800:ALA:O	1:A:804:LEU:HB2	1.90	0.70
1:A:153:PHE:CD2	1:A:153:PHE:N	2.56	0.70
1:A:443:ARG:HG2	1:A:446:ARG:HG3	1.73	0.70

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:479:ILE:HG23	1:A:483:ASN:HD21	1.56	0.70
1:A:226:PRO:C	1:A:230:ALA:HB2	2.11	0.70
1:A:609:VAL:HG11	1:A:624:PHE:CD2	2.25	0.70
1:A:737:ASP:HB3	1:A:740:THR:OG1	1.91	0.70
1:A:791:HIS:HA	3:C:44:ASN:OD1	1.91	0.70
1:A:85:LEU:N	1:A:102:ASN:HD21	1.85	0.70
1:A:431:SER:O	1:A:434:ASP:HB3	1.92	0.70
1:A:660:MET:C	1:A:662:ASN:H	1.93	0.70
1:A:206:GLU:HG2	1:A:207:GLU:H	1.56	0.70
1:A:305:THR:CG2	1:A:306:PRO:HD2	2.21	0.70
1:A:535:LEU:HD13	1:A:536:GLU:N	2.06	0.70
1:A:731:ILE:CG2	1:A:732:PRO:HD2	2.22	0.70
1:A:304:ILE:CD1	1:A:305:THR:H	2.04	0.70
1:A:466:PHE:N	1:A:483:ASN:HD21	1.87	0.70
1:A:622:GLU:O	1:A:622:GLU:HG2	1.91	0.70
1:A:343:THR:HG23	1:A:343:THR:O	1.89	0.70
1:A:350:MET:HA	1:A:353:CYS:HG	1.57	0.70
1:A:357:ILE:HG13	1:A:358:LEU:H	1.56	0.70
1:A:55:GLU:CG	1:A:68:THR:CG2	2.70	0.70
2:B:150:PHE:O	2:B:153:MET:HG3	1.92	0.70
1:A:35:TRP:HH2	1:A:101:ASN:CB	2.05	0.69
1:A:52:LYS:CB	1:A:54:GLU:O	2.40	0.69
1:A:535:LEU:HA	1:A:549:PHE:CE1	2.27	0.69
1:A:441:VAL:HA	1:A:444:VAL:CG2	2.22	0.69
1:A:807:GLN:CB	3:C:22:TRP:CZ2	2.74	0.69
2:B:114:TYR:O	2:B:118:LEU:HG	1.92	0.69
1:A:55:GLU:C	1:A:56:ILE:CG2	2.61	0.69
1:A:564:PHE:CZ	1:A:583:HIS:CB	2.74	0.69
1:A:237:THR:HG23	1:A:238:ARG:H	1.53	0.69
1:A:19:LYS:HG3	1:A:20:MET:N	2.07	0.69
1:A:535:LEU:HB2	1:A:549:PHE:HZ	1.55	0.69
1:A:233:ASN:O	1:A:234:ALA:HB2	1.93	0.69
1:A:289:GLN:HA	1:A:326:ASP:HB3	0.84	0.69
1:A:425:VAL:O	1:A:427:ALA:N	2.24	0.69
2:B:108:LYS:HA	2:B:147:TYR:OH	1.92	0.69
1:A:250:ARG:HG2	1:A:250:ARG:O	1.93	0.69
1:A:450:THR:O	1:A:452:ALA:N	2.19	0.69
1:A:184:GLU:HB3	1:A:187:LYS:HE3	1.73	0.69
1:A:350:MET:CA	1:A:353:CYS:SG	2.80	0.69
1:A:49:GLN:N	1:A:58:VAL:HG21	2.08	0.69
1:A:801:TYR:OH	3:C:15:VAL:HG22	1.93	0.69
2:B:154:ILE:O	2:B:155:LYS:HB2	1.91	0.69

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:501:GLU:O	1:A:504:LYS:N	2.25	0.69
1:A:182:LYS:C	1:A:184:GLU:N	2.40	0.69
1:A:435:ARG:HD3	1:A:623:LEU:O	1.92	0.69
1:A:440:LEU:O	1:A:444:VAL:HG22	1.93	0.69
1:A:614:VAL:HG22	1:A:615:SER:H	1.58	0.69
3:C:49:ASP:CG	3:C:79:CYS:SG	2.72	0.69
1:A:267:TYR:CZ	1:A:659:LEU:HD13	2.28	0.69
1:A:487:GLN:HG3	1:A:585:TYR:CE2	2.27	0.68
1:A:599:LYS:C	1:A:601:LYS:N	2.44	0.68
1:A:24:GLN:O	1:A:25:THR:CG2	2.41	0.68
1:A:552:TYR:CD1	1:A:552:TYR:C	2.63	0.68
1:A:837:LYS:HA	1:A:837:LYS:HZ2	1.56	0.68
3:C:38:CYS:CB	3:C:43:ILE:HD11	2.22	0.68
2:B:68:GLU:C	2:B:70:PRO:HD3	2.14	0.68
1:A:108:THR:HG23	1:A:684:LEU:CD2	2.23	0.68
1:A:48:ILE:CA	1:A:58:VAL:HG21	2.22	0.68
3:C:32:PHE:H	3:C:56:THR:CG2	2.07	0.68
1:A:193:LEU:O	1:A:197:ALA:HB2	1.94	0.68
1:A:153:PHE:HA	1:A:156:ALA:CB	2.22	0.68
1:A:551:ASP:O	1:A:554:TYR:N	2.26	0.68
1:A:124:ASN:CB	1:A:674:ILE:HG21	2.22	0.68
1:A:819:ARG:O	1:A:823:VAL:HB	1.94	0.68
2:B:64:ALA:HA	2:B:67:LYS:CB	2.11	0.68
1:A:391:ILE:HG21	1:A:611:LEU:CD2	2.23	0.68
1:A:675:ILE:H	1:A:676:PRO:CD	2.06	0.68
1:A:225:ASN:O	1:A:229:GLU:HB2	1.94	0.68
1:A:337:PHE:HB3	1:A:342:PHE:HE2	1.57	0.68
1:A:834:ALA:C	1:A:836:VAL:N	2.42	0.68
1:A:284:TYR:HD2	1:A:433:TYR:HH	1.41	0.68
1:A:535:LEU:HB2	1:A:549:PHE:CZ	2.29	0.68
3:C:142:TYR:O	3:C:145:PHE:HB3	1.94	0.68
1:A:123:VAL:CG1	1:A:124:ASN:N	2.56	0.68
1:A:140:TYR:CE2	1:A:148:ILE:HG21	2.29	0.68
1:A:161:GLN:O	1:A:163:MET:O	2.11	0.68
1:A:193:LEU:H	1:A:193:LEU:CD1	1.96	0.68
1:A:536:GLU:OE1	1:A:653:ARG:NH1	2.27	0.68
1:A:487:GLN:NE2	1:A:698:GLY:HA2	2.09	0.68
3:C:118:LEU:CD2	3:C:122:GLU:OE1	2.41	0.68
1:A:190:ILE:HG13	1:A:191:MET:H	1.58	0.67
1:A:593:ILE:O	1:A:594:ALA:HB2	1.93	0.67
1:A:680:LYS:O	1:A:682:PRO:HD3	1.94	0.67
1:A:38:ASP:HB3	1:A:39:PRO:HD3	1.76	0.67

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:104:ARG:HA	1:A:107:TYR:CE2	2.29	0.67
1:A:347:LYS:HD3	1:A:351:PHE:CZ	2.28	0.67
1:A:606:GLU:CA	1:A:610:SER:HB3	2.22	0.67
2:B:33:ILE:HG12	2:B:34:ASP:N	2.09	0.67
2:B:148:VAL:O	2:B:148:VAL:HG12	1.94	0.67
1:A:334:ASP:O	1:A:335:GLU:HB2	1.93	0.67
3:C:34:LEU:HD12	3:C:69:PHE:CE1	2.29	0.67
1:A:375:GLU:HG2	1:A:377:ASP:N	2.08	0.67
1:A:719:PHE:CE1	1:A:723:TYR:HD1	2.11	0.67
1:A:469:PHE:O	1:A:471:PHE:N	2.27	0.67
1:A:189:VAL:HG23	1:A:190:ILE:N	2.10	0.67
1:A:55:GLU:CB	1:A:69:VAL:O	2.43	0.67
1:A:794:GLY:CA	3:C:39:ARG:HG2	2.23	0.67
3:C:132:LEU:HD22	3:C:145:PHE:CE1	2.28	0.67
1:A:302:MET:SD	1:A:388:LEU:HD21	2.34	0.67
1:A:487:GLN:O	1:A:489:PHE:N	2.27	0.67
1:A:822:LEU:HD23	1:A:822:LEU:O	1.94	0.67
1:A:569:LYS:HG2	1:A:570:PRO:CD	2.25	0.67
1:A:112:ILE:HG13	1:A:113:TYR:CD1	2.29	0.67
1:A:50:SER:C	1:A:52:LYS:N	2.47	0.67
2:B:33:ILE:O	2:B:46:LEU:HA	1.95	0.67
1:A:184:GLU:HA	1:A:187:LYS:HB2	1.76	0.67
1:A:421:VAL:CG2	1:A:422:ILE:H	2.08	0.67
1:A:441:VAL:O	1:A:442:LYS:C	2.33	0.67
1:A:556:ASN:OD1	1:A:557:HIS:N	2.27	0.67
1:A:56:ILE:CD1	1:A:57:THR:N	2.56	0.67
1:A:614:VAL:HG23	1:A:616:LYS:HE3	1.76	0.67
3:C:117:ARG:H	3:C:117:ARG:NE	1.93	0.67
1:A:182:LYS:NZ	1:A:182:LYS:CB	2.57	0.67
1:A:191:MET:O	1:A:195:LYS:CG	2.35	0.67
1:A:220:GLN:O	1:A:222:ILE:N	2.27	0.67
1:A:324:ILE:H	1:A:324:ILE:HD13	1.59	0.67
1:A:443:ARG:O	1:A:446:ARG:N	2.27	0.67
1:A:253:PHE:HB2	1:A:456:TYR:O	1.95	0.67
1:A:615:SER:C	1:A:617:GLU:H	1.98	0.67
1:A:836:VAL:O	1:A:838:PRO:HD3	1.95	0.67
1:A:7:ASP:H	1:A:9:ASP:H	1.41	0.67
1:A:153:PHE:O	1:A:157:ASP:N	2.24	0.67
1:A:329:GLU:O	1:A:333:CYS:HB3	1.94	0.67
2:B:56:THR:CG2	2:B:57:PRO:HD2	2.24	0.67
3:C:129:LEU:H	3:C:129:LEU:HD12	1.58	0.67
2:B:27:LYS:HD3	2:B:27:LYS:C	2.15	0.67

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:55:GLU:CG	1:A:68:THR:HG22	2.23	0.67
1:A:685:VAL:HG22	1:A:686:ASP:N	2.09	0.67
1:A:131:ILE:HG22	1:A:151:HIS:CE1	2.29	0.66
1:A:259:ILE:O	1:A:260:ALA:HB2	1.95	0.66
1:A:322:ASP:O	1:A:324:ILE:N	2.28	0.66
1:A:418:LEU:HD23	1:A:419:GLN:N	2.10	0.66
1:A:618:PRO:HD2	1:A:619:LEU:HD22	1.76	0.66
1:A:694:LEU:C	1:A:696:CYS:H	1.98	0.66
2:B:62:LEU:HG	2:B:63:THR:N	2.09	0.66
2:B:77:MET:HG2	2:B:77:MET:O	1.93	0.66
1:A:793:ARG:O	3:C:39:ARG:HD3	1.95	0.66
1:A:412:VAL:HG12	1:A:413:THR:H	1.59	0.66
1:A:692:HIS:O	1:A:695:GLN:HB3	1.95	0.66
1:A:180:ALA:HB2	1:A:674:ILE:HG12	1.77	0.66
1:A:481:TYR:CD1	1:A:525:ILE:HD11	2.31	0.66
1:A:618:PRO:HA	1:A:621:ALA:CB	2.21	0.66
1:A:17:ARG:C	1:A:18:LYS:HD3	2.16	0.66
1:A:225:ASN:O	1:A:228:LEU:O	2.14	0.66
1:A:367:GLN:CG	1:A:418:LEU:HD13	2.22	0.66
1:A:567:PRO:HG3	1:A:580:PHE:H	1.59	0.66
1:A:186:THR:HG23	1:A:460:VAL:CG1	2.06	0.66
1:A:193:LEU:N	1:A:193:LEU:HD12	1.98	0.66
1:A:229:GLU:CA	1:A:232:GLY:HA2	2.19	0.66
1:A:64:ASN:OD1	1:A:64:ASN:C	2.30	0.66
1:A:828:GLN:HA	1:A:831:LYS:HB3	1.77	0.66
3:C:10:ASP:OD2	3:C:10:ASP:N	2.20	0.66
1:A:209:GLU:HG2	1:A:211:ASP:OD2	1.96	0.66
1:A:319:LEU:O	1:A:320:THR:HB	1.95	0.66
1:A:367:GLN:HG2	1:A:418:LEU:HD22	1.78	0.66
1:A:80:PRO:C	1:A:82:PHE:H	1.99	0.66
1:A:248:PHE:O	1:A:250:ARG:N	2.27	0.66
1:A:271:LYS:O	1:A:274:VAL:HG23	1.96	0.66
1:A:412:VAL:HG12	1:A:413:THR:N	2.10	0.66
1:A:129:LEU:H	1:A:129:LEU:HD23	1.60	0.66
1:A:184:GLU:O	1:A:186:THR:N	2.29	0.66
1:A:236:THR:O	1:A:280:ALA:O	2.14	0.66
1:A:78:ASN:ND2	1:A:92:THR:O	2.28	0.66
1:A:832:LEU:HD13	2:B:46:LEU:HD13	1.76	0.66
1:A:826:ASN:HA	1:A:831:LYS:NZ	2.11	0.66
1:A:7:ASP:H	1:A:9:ASP:N	1.94	0.66
1:A:597:LEU:HD13	1:A:597:LEU:N	2.11	0.65
1:A:776:MET:O	1:A:780:ARG:N	2.26	0.65

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:228:LEU:C	1:A:230:ALA:H	1.97	0.65
1:A:579:HIS:O	1:A:591:TYR:O	2.15	0.65
1:A:277:GLN:OE1	1:A:283:ASN:HB3	1.97	0.65
1:A:834:ALA:CB	1:A:837:LYS:HD2	2.26	0.65
1:A:256:THR:HG23	1:A:258:LYS:HG2	1.78	0.65
1:A:26:ALA:H	1:A:27:PRO:HD2	1.61	0.65
1:A:255:PRO:HD3	1:A:454:ARG:HB2	1.77	0.65
1:A:690:VAL:HA	1:A:693:GLN:HG3	1.79	0.65
1:A:133:THR:HG22	1:A:134:ASP:N	2.08	0.65
1:A:152:LEU:H	1:A:152:LEU:HD23	1.56	0.65
1:A:176:GLY:HA2	1:A:673:CYS:HB2	1.78	0.65
1:A:305:THR:HG23	1:A:306:PRO:HD2	1.77	0.65
1:A:50:SER:O	1:A:52:LYS:N	2.30	0.65
1:A:59:LYS:CB	1:A:65:SER:OG	2.44	0.65
3:C:10:ASP:HA	3:C:13:LYS:CE	2.25	0.65
1:A:141:ARG:HD2	1:A:142:GLY:N	2.11	0.65
1:A:475:GLU:OE2	1:A:475:GLU:N	2.30	0.65
1:A:290:ILE:HB	1:A:330:PHE:CE1	2.32	0.65
1:A:672:ARG:CD	1:A:697:ASN:HB3	2.25	0.65
2:B:33:ILE:HG12	2:B:34:ASP:H	1.60	0.65
3:C:67:GLU:O	3:C:71:PRO:HD3	1.96	0.65
1:A:228:LEU:C	1:A:230:ALA:N	2.50	0.65
1:A:528:PRO:C	1:A:530:GLY:H	1.98	0.65
3:C:134:GLU:OE2	3:C:138:GLY:C	2.35	0.65
1:A:220:GLN:O	1:A:223:GLN:N	2.31	0.65
1:A:391:ILE:HD12	1:A:611:LEU:CD2	2.12	0.65
1:A:600:ASN:HB3	1:A:647:THR:OG1	1.96	0.65
1:A:614:VAL:C	1:A:616:LYS:N	2.48	0.65
1:A:797:ILE:HG22	3:C:40:CYS:SG	2.37	0.65
1:A:699:VAL:HG13	1:A:700:LEU:H	1.62	0.64
1:A:84:LYS:HD3	1:A:105:GLY:O	1.97	0.64
1:A:253:PHE:O	1:A:454:ARG:O	2.14	0.64
1:A:549:PHE:CD2	1:A:593:ILE:HG13	2.32	0.64
1:A:69:VAL:HG23	1:A:70:LYS:N	2.13	0.64
1:A:828:GLN:C	1:A:830:TRP:N	2.50	0.64
1:A:230:ALA:H	1:A:232:GLY:CA	2.04	0.64
1:A:296:PRO:N	1:A:299:ASN:CB	2.61	0.64
1:A:321:VAL:H	1:A:324:ILE:HG13	1.62	0.64
1:A:512:ILE:O	1:A:514:PHE:N	2.30	0.64
2:B:43:ILE:HG13	2:B:66:LEU:CD2	2.27	0.64
1:A:802:LYS:HA	1:A:805:GLN:HG2	1.79	0.64
1:A:172:CYS:SG	1:A:174:ILE:HD11	2.38	0.64

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:297:GLU:O	1:A:298:LEU:HG	1.97	0.64
1:A:43:PHE:CD2	1:A:97:ALA:HB2	2.31	0.64
1:A:686:ASP:O	1:A:690:VAL:HG23	1.96	0.64
2:B:41:ILE:HG12	2:B:45:ASP:HB3	1.78	0.64
1:A:38:ASP:O	1:A:42:GLY:N	2.30	0.64
1:A:38:ASP:N	1:A:42:GLY:O	2.30	0.64
2:B:77:MET:HB2	2:B:80:SER:HB3	1.77	0.64
1:A:731:ILE:HG23	1:A:732:PRO:HD2	1.79	0.64
1:A:37:PRO:HA	1:A:43:PHE:HA	1.78	0.64
1:A:392:ASN:C	1:A:394:GLY:H	2.00	0.64
3:C:58:LYS:HD2	3:C:61:GLU:OE2	1.97	0.64
1:A:810:GLY:HA3	2:B:101:MET:CE	2.27	0.64
1:A:659:LEU:O	1:A:663:LEU:HD12	1.97	0.64
1:A:184:GLU:CB	1:A:187:LYS:HB3	2.27	0.64
1:A:233:ASN:OD1	1:A:242:SER:O	2.16	0.64
1:A:324:ILE:H	1:A:324:ILE:CD1	2.10	0.64
1:A:466:PHE:HE2	1:A:468:ILE:CG2	2.10	0.64
1:A:485:ARG:HE	1:A:660:MET:HG2	1.63	0.64
1:A:712:SER:HB3	1:A:770:LEU:HD22	1.80	0.64
1:A:312:SER:O	1:A:313:PHE:HB2	1.97	0.64
1:A:171:SER:O	1:A:172:CYS:HB3	1.97	0.64
1:A:280:ALA:C	1:A:282:ARG:H	2.01	0.64
1:A:230:ALA:HB1	1:A:286:ILE:HD12	1.78	0.64
1:A:597:LEU:HD22	1:A:598:ASP:N	2.13	0.64
3:C:47:ASN:O	3:C:50:VAL:HG23	1.98	0.64
1:A:54:GLU:HA	1:A:55:GLU:OE1	1.98	0.64
3:C:96:ARG:N	3:C:96:ARG:HD2	2.12	0.64
1:A:302:MET:HG2	1:A:303:LEU:HD22	1.79	0.64
1:A:475:GLU:HB2	1:A:476:GLN:OE1	1.98	0.64
1:A:46:ALA:HA	1:A:60:ILE:HA	1.79	0.64
1:A:63:ASP:OD2	1:A:63:ASP:N	2.29	0.64
1:A:675:ILE:N	1:A:676:PRO:CD	2.61	0.64
1:A:725:ILE:HD11	1:A:777:ARG:HA	1.79	0.64
3:C:92:LYS:C	3:C:94:PHE:H	2.01	0.64
1:A:171:SER:O	1:A:172:CYS:CB	2.45	0.63
1:A:252:HIS:HA	1:A:457:TYR:CB	2.27	0.63
2:B:47:LYS:HG3	2:B:48:GLU:H	1.59	0.63
1:A:152:LEU:N	1:A:152:LEU:CD2	2.48	0.63
1:A:277:GLN:NE2	1:A:282:ARG:HA	2.12	0.63
1:A:75:GLN:OE1	1:A:97:ALA:CB	2.47	0.63
2:B:41:ILE:HD12	2:B:41:ILE:C	2.17	0.63
3:C:67:GLU:H	3:C:67:GLU:CD	2.00	0.63

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
3:C:47:ASN:HD22	3:C:116:GLU:HG2	1.61	0.63
2:B:149:ARG:O	2:B:152:ALA:N	2.31	0.63
1:A:647:THR:OG1	1:A:648:ILE:N	2.31	0.63
2:B:33:ILE:O	2:B:45:ASP:C	2.37	0.63
1:A:212:GLN:HG3	1:A:214:LYS:NZ	2.11	0.63
1:A:441:VAL:HA	1:A:444:VAL:HG22	1.80	0.63
1:A:832:LEU:HD21	1:A:835:LYS:HB2	1.79	0.63
1:A:8:PRO:HG2	1:A:10:PHE:H	1.63	0.63
1:A:153:PHE:CA	1:A:156:ALA:HB3	2.24	0.63
1:A:28:PHE:O	1:A:29:ASP:HB2	1.99	0.63
1:A:367:GLN:HE21	1:A:368:ARG:H	1.46	0.63
1:A:85:LEU:HD23	1:A:102:ASN:HD21	1.61	0.63
2:B:62:LEU:HG	2:B:64:ALA:H	1.62	0.63
1:A:537:GLU:O	1:A:539:CYS:N	2.26	0.63
1:A:208:GLU:O	1:A:209:GLU:HB2	1.99	0.63
1:A:134:ASP:C	1:A:136:VAL:H	1.99	0.63
1:A:345:GLU:HG3	1:A:346:GLU:HG3	1.80	0.63
1:A:368:ARG:HB2	1:A:371:GLU:O	1.99	0.63
1:A:674:ILE:HD12	1:A:676:PRO:CD	2.29	0.63
1:A:256:THR:HG23	1:A:258:LYS:CG	2.29	0.63
1:A:262:ALA:O	1:A:263:ASP:CB	2.47	0.63
1:A:703:ILE:O	1:A:707:ARG:N	2.31	0.63
1:A:392:ASN:O	1:A:395:ASP:N	2.22	0.62
1:A:439:TRP:CD1	1:A:623:LEU:HG	2.33	0.62
1:A:56:ILE:CD1	1:A:58:VAL:N	2.62	0.62
2:B:82:PHE:HD1	2:B:83:SER:OG	1.81	0.62
2:B:77:MET:CG	2:B:77:MET:O	2.46	0.62
1:A:112:ILE:C	1:A:113:TYR:HD1	2.02	0.62
1:A:458:ILE:CG1	1:A:459:GLY:N	2.59	0.62
1:A:86:GLU:CD	1:A:150:PRO:HD3	2.20	0.62
1:A:383:GLU:CA	1:A:393:ALA:HB2	2.26	0.62
1:A:397:LEU:HB3	1:A:401:LEU:HD11	1.81	0.62
1:A:595:GLY:O	1:A:599:LYS:HB3	2.00	0.62
2:B:126:PHE:HB3	2:B:131:MET:HG2	1.81	0.62
1:A:725:ILE:HD12	1:A:725:ILE:C	2.20	0.62
3:C:70:LEU:HD23	3:C:71:PRO:N	2.15	0.62
1:A:100:LEU:O	1:A:103:LEU:N	2.32	0.62
1:A:455:ASN:C	1:A:456:TYR:CG	2.71	0.62
1:A:493:HIS:O	1:A:497:LEU:HD12	1.98	0.62
1:A:685:VAL:CG2	1:A:686:ASP:H	2.09	0.62
1:A:2:ASN:ND2	1:A:3:ILE:O	2.33	0.62
1:A:81:LYS:O	1:A:81:LYS:CD	2.48	0.62

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:304:ILE:CD1	1:A:305:THR:N	2.56	0.62
1:A:396:LEU:HD22	1:A:396:LEU:H	1.63	0.62
1:A:623:LEU:HD12	1:A:623:LEU:N	2.14	0.62
1:A:532:LEU:HD12	1:A:653:ARG:HD3	1.81	0.62
1:A:377:ASP:OD1	1:A:378:GLY:N	2.33	0.62
1:A:118:LEU:HD12	1:A:118:LEU:N	2.15	0.62
1:A:535:LEU:O	1:A:535:LEU:HD22	2.00	0.62
1:A:55:GLU:HB3	1:A:68:THR:HG22	1.82	0.62
1:A:124:ASN:CB	1:A:674:ILE:HD13	2.30	0.62
1:A:10:PHE:C	1:A:12:TYR:N	2.52	0.62
3:C:31:ALA:O	3:C:32:PHE:C	2.36	0.62
1:A:720:LYS:CG	1:A:721:GLN:H	2.12	0.62
1:A:173:LEU:HD13	1:A:461:LEU:HB3	1.82	0.62
1:A:276:TYR:CE2	1:A:278:GLN:NE2	2.68	0.62
1:A:420:GLN:O	1:A:422:ILE:N	2.33	0.62
1:A:558:ILE:O	1:A:558:ILE:HG23	1.98	0.62
1:A:11:GLN:CB	1:A:13:LEU:N	2.63	0.62
1:A:772:ASN:O	1:A:776:MET:HG3	2.00	0.62
1:A:808:ARG:HG3	3:C:21:PHE:CE2	2.34	0.62
1:A:15:VAL:HG23	1:A:15:VAL:O	1.98	0.62
1:A:84:LYS:HA	1:A:102:ASN:ND2	2.14	0.62
1:A:479:ILE:CG2	1:A:483:ASN:HD21	2.10	0.62
1:A:480:ASN:O	1:A:484:GLU:HB3	2.00	0.62
1:A:75:GLN:O	1:A:76:GLN:HB2	2.00	0.62
1:A:229:GLU:HA	1:A:232:GLY:CA	2.20	0.61
1:A:621:ALA:H	1:A:623:LEU:HD13	1.65	0.61
1:A:819:ARG:NE	2:B:130:GLU:OE2	2.25	0.61
1:A:716:TYR:CE1	1:A:763:VAL:HB	2.31	0.61
1:A:362:GLU:OE1	1:A:362:GLU:CA	2.48	0.61
2:B:41:ILE:HG12	2:B:45:ASP:CB	2.29	0.61
3:C:107:LEU:HD12	3:C:111:LEU:CD1	2.28	0.61
2:B:94:THR:O	2:B:97:ASN:N	2.32	0.61
1:A:554:TYR:O	1:A:555:GLN:C	2.36	0.61
1:A:184:GLU:C	1:A:187:LYS:H	2.03	0.61
1:A:554:TYR:C	1:A:556:ASN:H	2.02	0.61
1:A:74:ILE:HG23	1:A:75:GLN:N	2.11	0.61
1:A:4:ASP:CA	1:A:5:PHE:CD2	2.84	0.61
1:A:38:ASP:HB3	1:A:39:PRO:CD	2.30	0.61
1:A:715:ILE:CA	1:A:762:LYS:HB3	2.30	0.61
1:A:569:LYS:CE	1:A:570:PRO:HD2	2.30	0.61
2:B:68:GLU:HG2	2:B:68:GLU:O	1.99	0.61
1:A:176:GLY:O	1:A:177:GLU:O	2.19	0.61

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:279:SER:C	1:A:281:GLU:N	2.54	0.61
1:A:618:PRO:O	1:A:623:LEU:CD1	2.45	0.61
3:C:142:TYR:O	3:C:143:GLU:C	2.39	0.61
1:A:273:ARG:HE	1:A:273:ARG:HA	1.65	0.61
2:B:67:LYS:HD2	2:B:67:LYS:O	2.00	0.61
1:A:112:ILE:CD1	1:A:125:PRO:HD3	2.31	0.61
1:A:184:GLU:C	1:A:186:THR:N	2.53	0.61
1:A:20:MET:HA	1:A:23:GLU:HG2	1.81	0.61
1:A:245:PHE:HA	1:A:268:LEU:O	2.01	0.61
1:A:278:GLN:H	1:A:281:GLU:HB3	1.66	0.61
1:A:397:LEU:O	1:A:399:ALA:N	2.33	0.61
1:A:479:ILE:O	1:A:482:THR:N	2.34	0.61
2:B:92:GLU:HG3	2:B:92:GLU:O	2.00	0.61
1:A:103:LEU:HA	1:A:106:ARG:CG	2.30	0.61
1:A:255:PRO:HD3	1:A:454:ARG:HB3	1.83	0.61
1:A:172:CYS:HB2	1:A:669:HIS:HB2	1.82	0.61
1:A:703:ILE:HD12	1:A:703:ILE:C	2.21	0.61
1:A:296:PRO:O	1:A:298:LEU:N	2.33	0.61
1:A:351:PHE:O	1:A:354:THR:N	2.30	0.61
1:A:519:GLN:HE22	1:A:523:ASP:CG	2.04	0.61
1:A:674:ILE:CB	1:A:676:PRO:HD3	2.29	0.61
1:A:683:GLY:O	1:A:684:LEU:HB3	2.01	0.61
1:A:132:TYR:CD2	1:A:188:LYS:HD3	2.36	0.60
1:A:534:ILE:HD11	1:A:553:SER:OG	2.01	0.60
1:A:500:GLU:O	1:A:502:TYR:N	2.34	0.60
1:A:367:GLN:CG	1:A:418:LEU:HD22	2.32	0.60
3:C:67:GLU:O	3:C:71:PRO:CD	2.49	0.60
1:A:21:MET:C	1:A:22:LYS:HD3	2.21	0.60
1:A:103:LEU:HA	1:A:106:ARG:HG3	1.83	0.60
1:A:85:LEU:C	1:A:86:GLU:HG2	2.22	0.60
1:A:810:GLY:HA3	2:B:101:MET:HE3	1.82	0.60
1:A:182:LYS:C	1:A:184:GLU:H	2.04	0.60
1:A:227:VAL:O	1:A:231:TYR:HD1	1.84	0.60
1:A:403:PRO:HB3	1:A:607:ASN:OD1	2.00	0.60
1:A:656:LEU:O	1:A:659:LEU:HB3	2.02	0.60
1:A:239:ASN:O	1:A:240:ASN:ND2	2.34	0.60
1:A:304:ILE:HD13	1:A:311:TYR:HD2	1.63	0.60
1:A:398:LYS:H	1:A:401:LEU:CD1	2.14	0.60
1:A:231:TYR:CB	1:A:437:PHE:CD1	2.83	0.60
1:A:445:ASN:N	1:A:445:ASN:HD22	1.99	0.60
1:A:56:ILE:HD13	1:A:58:VAL:N	2.11	0.60
1:A:115:TYR:HE2	1:A:145:LYS:HG2	1.67	0.60

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:254:GLY:HA2	1:A:454:ARG:HB2	1.83	0.60
1:A:478:CYS:O	1:A:481:TYR:HB3	2.00	0.60
1:A:75:GLN:O	1:A:76:GLN:CB	2.50	0.60
1:A:774:GLU:O	1:A:778:ASP:HB3	2.02	0.60
2:B:124:ASP:OD1	3:C:25:ARG:NH2	2.35	0.60
2:B:31:THR:O	2:B:32:MET:HB3	2.00	0.60
1:A:134:ASP:HA	1:A:137:ILE:CG2	2.12	0.60
2:B:77:MET:CB	2:B:80:SER:HB3	2.32	0.60
1:A:303:LEU:C	1:A:304:ILE:HG13	2.22	0.60
1:A:362:GLU:OE1	1:A:362:GLU:HA	2.02	0.60
1:A:449:ASP:C	1:A:451:LYS:H	2.04	0.60
1:A:807:GLN:HB3	3:C:22:TRP:CZ2	2.37	0.60
3:C:9:ILE:O	3:C:12:LEU:HB3	2.02	0.60
1:A:206:GLU:HG2	1:A:207:GLU:N	2.16	0.60
1:A:152:LEU:O	1:A:155:VAL:N	2.35	0.60
1:A:300:GLU:O	1:A:302:MET:N	2.34	0.60
1:A:341:GLY:HA3	1:A:443:ARG:HD2	1.82	0.60
1:A:391:ILE:HG21	1:A:611:LEU:HD21	1.84	0.60
1:A:383:GLU:HA	1:A:393:ALA:CB	2.27	0.60
1:A:567:PRO:HG3	1:A:580:PHE:CA	2.32	0.60
1:A:693:GLN:O	1:A:696:CYS:N	2.35	0.60
1:A:725:ILE:HG22	3:C:89:GLU:HB3	1.84	0.60
1:A:189:VAL:O	1:A:191:MET:HG2	2.01	0.59
1:A:37:PRO:CG	1:A:73:ASP:O	2.49	0.59
3:C:125:GLU:O	3:C:128:ASN:HB2	2.02	0.59
1:A:263:ASP:O	1:A:264:ILE:HG22	2.03	0.59
1:A:357:ILE:HG13	1:A:358:LEU:N	2.16	0.59
1:A:64:ASN:OD1	1:A:64:ASN:N	2.27	0.59
1:A:796:LEU:HD21	3:C:126:ILE:CG1	2.31	0.59
2:B:112:ILE:HD13	2:B:145:PHE:HB2	1.84	0.59
1:A:184:GLU:HB3	1:A:187:LYS:CE	2.32	0.59
1:A:238:ARG:O	1:A:239:ASN:HB2	2.01	0.59
1:A:346:GLU:O	1:A:347:LYS:C	2.40	0.59
1:A:386:ALA:HB1	1:A:393:ALA:H	1.60	0.59
1:A:284:TYR:HD2	1:A:433:TYR:OH	1.83	0.59
1:A:43:PHE:CE1	1:A:97:ALA:HA	2.36	0.59
2:B:81:ILE:CG1	2:B:82:PHE:H	2.15	0.59
1:A:451:LYS:HB2	1:A:451:LYS:HZ2	1.62	0.59
1:A:519:GLN:O	1:A:520:MET:C	2.41	0.59
1:A:737:ASP:C	1:A:737:ASP:OD1	2.40	0.59
1:A:123:VAL:HG12	1:A:124:ASN:N	2.17	0.59
1:A:129:LEU:HB2	1:A:131:ILE:HD11	1.84	0.59

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:495:PHE:O	1:A:499:GLN:HB2	2.03	0.59
1:A:550:GLN:CG	1:A:551:ASP:N	2.63	0.59
1:A:824:LEU:C	1:A:826:ASN:H	2.04	0.59
3:C:32:PHE:HB2	3:C:56:THR:HG23	1.82	0.59
3:C:102:ILE:O	3:C:140:VAL:HG22	2.02	0.59
2:B:83:SER:HB3	2:B:86:LEU:HD22	1.83	0.59
2:B:73:LEU:O	2:B:74:ASN:CG	2.41	0.59
1:A:94:LEU:O	1:A:703:ILE:HD13	2.01	0.59
1:A:340:LEU:HG	1:A:444:VAL:O	2.03	0.59
2:B:63:THR:HG23	2:B:63:THR:O	2.00	0.59
3:C:127:ILE:O	3:C:128:ASN:CG	2.41	0.59
1:A:799:LYS:HD3	3:C:153:PRO:HB3	1.84	0.59
1:A:180:ALA:CA	1:A:674:ILE:HG12	2.33	0.59
1:A:235:LYS:CA	1:A:240:ASN:O	2.50	0.59
1:A:321:VAL:C	1:A:324:ILE:HD12	2.23	0.59
1:A:95:ASN:CG	1:A:98:SER:HB3	2.23	0.59
3:C:107:LEU:CD2	3:C:140:VAL:HG21	2.33	0.59
2:B:103:ASP:HB2	2:B:110:LEU:CD2	2.33	0.59
2:B:99:PHE:CD2	2:B:147:TYR:HB2	2.37	0.59
1:A:190:ILE:O	1:A:191:MET:C	2.40	0.59
1:A:200:VAL:CG2	1:A:258:LYS:HE2	2.17	0.59
1:A:237:THR:CG2	1:A:281:GLU:OE1	2.51	0.59
1:A:304:ILE:HD12	1:A:305:THR:CA	2.32	0.59
1:A:18:LYS:HE2	1:A:21:MET:HG3	1.85	0.59
1:A:113:TYR:HD2	1:A:151:HIS:HA	1.67	0.59
1:A:160:TYR:O	1:A:163:MET:N	2.36	0.59
1:A:185:ASN:C	1:A:187:LYS:N	2.50	0.59
1:A:53:GLY:H	1:A:54:GLU:HB3	1.66	0.59
1:A:75:GLN:CG	1:A:95:ASN:HD22	2.12	0.59
1:A:604:ILE:HD12	1:A:604:ILE:N	2.16	0.59
1:A:104:ARG:HA	1:A:107:TYR:HD2	1.68	0.59
1:A:231:TYR:CE1	1:A:440:LEU:HD11	2.38	0.59
1:A:35:TRP:NE1	1:A:77:MET:HB2	2.18	0.59
1:A:385:VAL:C	1:A:387:PHE:H	2.06	0.59
1:A:84:LYS:H	1:A:84:LYS:HZ1	1.50	0.59
3:C:21:PHE:CD2	3:C:21:PHE:C	2.76	0.59
1:A:229:GLU:H	1:A:232:GLY:HA2	1.62	0.58
1:A:57:THR:HG23	1:A:66:THR:HA	1.84	0.58
1:A:789:GLN:O	3:C:118:LEU:HD21	2.02	0.58
1:A:126:TYR:CD1	1:A:126:TYR:N	2.72	0.58
1:A:140:TYR:HA	1:A:143:LYS:CG	2.34	0.58
1:A:552:TYR:O	1:A:552:TYR:HD1	1.84	0.58

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
2:B:45:ASP:N	2:B:45:ASP:OD2	2.30	0.58
3:C:12:LEU:HD13	3:C:73:TYR:CE2	2.38	0.58
1:A:500:GLU:CG	1:A:501:GLU:N	2.65	0.58
1:A:507:ILE:CD1	1:A:757:ARG:HG2	2.33	0.58
1:A:288:TYR:O	1:A:290:ILE:N	2.37	0.58
1:A:555:GLN:O	1:A:556:ASN:HB3	2.02	0.58
1:A:593:ILE:HA	1:A:596:TRP:CE2	2.38	0.58
1:A:124:ASN:N	1:A:674:ILE:CG2	2.66	0.58
3:C:124:ASP:O	3:C:128:ASN:CB	2.51	0.58
3:C:51:PHE:CD2	3:C:51:PHE:N	2.72	0.58
1:A:258:LYS:HE3	1:A:258:LYS:HA	1.84	0.58
1:A:270:GLU:O	1:A:273:ARG:HB2	2.04	0.58
1:A:561:ASN:O	1:A:562:ARG:CB	2.52	0.58
1:A:593:ILE:HD13	1:A:593:ILE:C	2.24	0.58
1:A:152:LEU:C	1:A:154:SER:H	2.05	0.58
1:A:324:ILE:CD1	1:A:325:ASP:H	2.14	0.58
1:A:607:ASN:O	1:A:608:VAL:CG1	2.41	0.58
1:A:603:PRO:HB2	1:A:645:PHE:CD2	2.39	0.58
3:C:66:PHE:C	3:C:66:PHE:HD1	2.07	0.58
2:B:24:GLN:C	2:B:26:MET:N	2.51	0.58
1:A:765:PHE:HB3	1:A:769:VAL:CG1	2.33	0.58
1:A:189:VAL:HG23	1:A:190:ILE:H	1.68	0.58
1:A:231:TYR:HB2	1:A:437:PHE:CD1	2.27	0.58
1:A:296:PRO:N	1:A:299:ASN:HB2	2.19	0.58
1:A:358:LEU:H	1:A:358:LEU:HD12	1.68	0.58
2:B:41:ILE:CG1	2:B:45:ASP:HA	2.29	0.58
1:A:124:ASN:HB2	1:A:674:ILE:HD13	1.86	0.58
1:A:385:VAL:O	1:A:389:CYS:HB3	2.04	0.58
1:A:826:ASN:HA	1:A:831:LYS:HZ1	1.68	0.58
1:A:125:PRO:O	1:A:127:ARG:N	2.37	0.58
1:A:192:TYR:O	1:A:194:ALA:N	2.36	0.58
1:A:418:LEU:O	1:A:421:VAL:HG22	2.03	0.58
1:A:484:GLU:OE1	1:A:584:HIS:CB	2.45	0.58
1:A:615:SER:OG	1:A:617:GLU:HB2	2.04	0.58
1:A:821:TRP:C	1:A:823:VAL:H	2.07	0.58
2:B:120:GLU:HB2	2:B:131:MET:HE2	1.85	0.58
2:B:32:MET:O	2:B:49:GLU:CB	2.51	0.58
1:A:271:LYS:O	1:A:272:SER:C	2.42	0.58
1:A:355:ALA:HA	1:A:358:LEU:HD13	1.85	0.58
1:A:32:LYS:NZ	1:A:47:GLU:HG3	2.19	0.58
1:A:618:PRO:C	1:A:620:VAL:H	2.06	0.58
1:A:312:SER:HB3	1:A:361:GLY:O	2.04	0.58

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:232:GLY:O	1:A:233:ASN:HB2	2.04	0.58
1:A:234:ALA:O	1:A:235:LYS:CB	2.51	0.58
1:A:236:THR:OG1	1:A:237:THR:N	2.37	0.58
1:A:398:LYS:HD3	1:A:399:ALA:N	2.05	0.58
1:A:441:VAL:CA	1:A:444:VAL:HG22	2.34	0.58
1:A:474:PHE:HB2	1:A:596:TRP:CD2	2.39	0.58
1:A:618:PRO:C	1:A:620:VAL:N	2.50	0.58
3:C:123:VAL:O	3:C:127:ILE:HG12	2.04	0.58
1:A:810:GLY:O	2:B:98:ALA:HB1	2.03	0.58
1:A:129:LEU:N	1:A:129:LEU:HD23	2.18	0.57
1:A:194:ALA:O	1:A:197:ALA:N	2.32	0.57
1:A:325:ASP:HB3	1:A:327:VAL:HG13	1.84	0.57
1:A:384:LYS:O	1:A:387:PHE:HB3	2.04	0.57
1:A:615:SER:C	1:A:617:GLU:N	2.56	0.57
1:A:792:ILE:CG1	1:A:792:ILE:O	2.51	0.57
1:A:808:ARG:HG3	3:C:21:PHE:CZ	2.39	0.57
1:A:115:TYR:CD2	1:A:145:LYS:HD2	2.39	0.57
1:A:137:ILE:O	1:A:139:LYS:N	2.37	0.57
1:A:157:ASP:O	1:A:160:TYR:HB3	2.04	0.57
1:A:337:PHE:O	1:A:339:ILE:N	2.37	0.57
1:A:533:SER:HA	1:A:536:GLU:HB2	1.86	0.57
1:A:783:LYS:HG3	1:A:783:LYS:O	2.03	0.57
1:A:214:LYS:CD	1:A:214:LYS:N	2.60	0.57
1:A:100:LEU:HA	1:A:103:LEU:HD13	1.85	0.57
1:A:270:GLU:HB2	1:A:284:TYR:OH	2.03	0.57
1:A:324:ILE:HD13	1:A:325:ASP:N	2.13	0.57
1:A:399:ALA:HA	1:A:403:PRO:CG	2.35	0.57
1:A:65:SER:O	1:A:66:THR:HB	2.03	0.57
1:A:819:ARG:O	1:A:821:TRP:O	2.22	0.57
1:A:501:GLU:HA	1:A:504:LYS:HB3	1.87	0.57
1:A:160:TYR:CD1	1:A:160:TYR:C	2.78	0.57
1:A:290:ILE:HG13	1:A:291:CYS:N	2.19	0.57
1:A:296:PRO:N	1:A:299:ASN:HB3	2.18	0.57
1:A:463:ILE:HD13	1:A:464:ALA:N	2.19	0.57
1:A:50:SER:OG	1:A:56:ILE:HA	2.03	0.57
1:A:721:GLN:CD	1:A:722:ARG:N	2.58	0.57
1:A:206:GLU:CG	1:A:207:GLU:H	2.17	0.57
1:A:247:LYS:HG2	1:A:248:PHE:H	1.69	0.57
1:A:272:SER:O	1:A:274:VAL:N	2.37	0.57
1:A:119:PHE:CE2	1:A:490:PHE:CZ	2.93	0.57
1:A:501:GLU:O	1:A:505:GLU:N	2.38	0.57
1:A:656:LEU:O	1:A:659:LEU:N	2.34	0.57

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:247:LYS:O	1:A:248:PHE:HB2	2.05	0.57
1:A:26:ALA:O	1:A:28:PHE:N	2.37	0.57
1:A:427:ALA:HB1	1:A:603:PRO:HD2	1.86	0.57
1:A:48:ILE:C	1:A:58:VAL:HG11	2.25	0.57
1:A:34:CYS:HB3	1:A:76:GLN:HA	1.86	0.57
1:A:725:ILE:C	1:A:728:PRO:HD3	2.24	0.57
3:C:108:ARG:HA	3:C:111:LEU:HD12	1.85	0.57
3:C:51:PHE:N	3:C:51:PHE:HD2	2.03	0.57
1:A:353:CYS:C	1:A:356:SER:OG	2.43	0.57
1:A:123:VAL:CA	1:A:674:ILE:HG22	2.30	0.57
2:B:133:MET:HA	2:B:136:LYS:HG3	1.86	0.57
3:C:66:PHE:CD1	3:C:66:PHE:C	2.78	0.57
1:A:759:GLY:O	1:A:760:THR:HG23	2.04	0.57
2:B:108:LYS:O	2:B:109:LYS:CG	2.53	0.57
1:A:120:CYS:SG	1:A:120:CYS:O	2.63	0.57
1:A:156:ALA:O	1:A:160:TYR:HB2	2.04	0.57
1:A:397:LEU:CA	1:A:400:LEU:HB3	2.35	0.57
1:A:56:ILE:HD12	1:A:56:ILE:C	2.25	0.57
1:A:35:TRP:CH2	1:A:101:ASN:CB	2.86	0.57
1:A:162:ASN:CB	1:A:170:GLN:NE2	2.68	0.57
1:A:223:GLN:O	1:A:226:PRO:CD	2.37	0.57
1:A:249:ILE:O	1:A:249:ILE:HG22	2.04	0.57
1:A:26:ALA:C	1:A:28:PHE:N	2.58	0.57
1:A:298:LEU:O	1:A:300:GLU:N	2.38	0.57
1:A:346:GLU:N	1:A:346:GLU:OE2	2.29	0.57
1:A:561:ASN:OD1	1:A:563:MET:HB2	2.04	0.57
1:A:794:GLY:HA2	3:C:39:ARG:CG	2.32	0.57
1:A:797:ILE:HD12	3:C:36:ASP:OD2	2.05	0.57
1:A:277:GLN:HG3	1:A:281:GLU:O	2.05	0.56
1:A:531:ILE:HA	1:A:534:ILE:HD12	1.88	0.56
1:A:85:LEU:HD11	1:A:88:MET:HA	1.86	0.56
1:A:823:VAL:HG12	1:A:824:LEU:N	2.20	0.56
1:A:740:THR:HA	1:A:743:GLU:OE2	2.05	0.56
3:C:101:PHE:HB2	5:C:166:HOH:O	2.05	0.56
3:C:107:LEU:HD23	3:C:140:VAL:HG21	1.85	0.56
3:C:96:ARG:H	3:C:96:ARG:HD2	1.70	0.56
1:A:569:LYS:HZ2	1:A:569:LYS:HB3	1.66	0.56
1:A:152:LEU:C	1:A:154:SER:N	2.56	0.56
1:A:235:LYS:N	1:A:240:ASN:O	2.38	0.56
1:A:386:ALA:HB1	1:A:392:ASN:HA	1.87	0.56
1:A:439:TRP:O	1:A:440:LEU:C	2.43	0.56
1:A:443:ARG:O	1:A:444:VAL:C	2.43	0.56

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:580:PHE:HE1	1:A:591:TYR:HB2	1.69	0.56
1:A:180:ALA:CB	1:A:674:ILE:HG23	2.33	0.56
1:A:397:LEU:O	1:A:398:LYS:C	2.44	0.56
1:A:401:LEU:O	1:A:402:LYS:HG3	2.05	0.56
1:A:698:GLY:O	1:A:702:GLY:N	2.38	0.56
1:A:106:ARG:O	1:A:111:LEU:N	2.39	0.56
1:A:335:GLU:O	1:A:336:ALA:C	2.43	0.56
1:A:434:ASP:O	1:A:438:ASN:ND2	2.37	0.56
1:A:445:ASN:ND2	1:A:445:ASN:H	2.03	0.56
1:A:684:LEU:HD12	1:A:685:VAL:CB	2.35	0.56
3:C:11:ASP:O	3:C:15:VAL:HG23	2.05	0.56
3:C:144:GLU:HA	3:C:147:LYS:HG3	1.87	0.56
1:A:137:ILE:CG2	1:A:138:ALA:H	2.18	0.56
1:A:563:MET:CE	1:A:564:PHE:HE1	2.17	0.56
1:A:61:VAL:HG23	1:A:62:SER:N	2.20	0.56
1:A:4:ASP:O	1:A:5:PHE:CD2	2.54	0.56
3:C:49:ASP:OD2	3:C:79:CYS:SG	2.63	0.56
1:A:601:LYS:HG2	1:A:601:LYS:O	2.05	0.56
1:A:722:ARG:O	1:A:777:ARG:HD2	2.06	0.56
1:A:175:THR:CG2	1:A:176:GLY:N	2.67	0.56
1:A:288:TYR:C	1:A:290:ILE:N	2.57	0.56
1:A:330:PHE:O	1:A:332:LEU:N	2.38	0.56
1:A:368:ARG:CB	1:A:371:GLU:O	2.54	0.56
1:A:531:ILE:HA	1:A:534:ILE:HG23	1.87	0.56
3:C:20:ASP:OD1	3:C:28:ALA:O	2.23	0.56
1:A:231:TYR:CD1	1:A:440:LEU:HD11	2.41	0.56
1:A:61:VAL:O	1:A:62:SER:C	2.44	0.56
1:A:37:PRO:HD3	1:A:73:ASP:O	2.05	0.56
2:B:34:ASP:OD2	2:B:41:ILE:HD13	2.05	0.56
1:A:189:VAL:O	1:A:190:ILE:CG1	2.53	0.56
1:A:98:SER:O	1:A:99:VAL:O	2.24	0.56
1:A:827:TRP:O	1:A:828:GLN:HB2	2.04	0.56
1:A:828:GLN:HA	1:A:828:GLN:OE1	2.05	0.56
2:B:27:LYS:CD	2:B:27:LYS:C	2.73	0.56
1:A:160:TYR:O	1:A:163:MET:CB	2.53	0.56
1:A:447:THR:HG23	1:A:448:LEU:CD2	2.36	0.56
1:A:567:PRO:CG	1:A:580:PHE:H	2.17	0.56
1:A:723:TYR:OH	1:A:774:GLU:OE2	2.20	0.56
2:B:123:GLY:HA2	3:C:21:PHE:CD1	2.41	0.56
1:A:832:LEU:HD13	2:B:46:LEU:CD1	2.36	0.56
1:A:81:LYS:C	1:A:81:LYS:HD3	2.26	0.56
1:A:267:TYR:CE2	1:A:659:LEU:HD13	2.41	0.56

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
2:B:104:GLU:C	2:B:106:ALA:H	2.09	0.56
1:A:29:ASP:CB	1:A:33:ASN:HD22	2.15	0.55
3:C:30:ASP:OD2	3:C:60:GLY:N	2.38	0.55
1:A:166:ASP:O	1:A:167:ARG:HB2	2.05	0.55
1:A:397:LEU:HA	1:A:401:LEU:HG	1.87	0.55
1:A:595:GLY:HA2	1:A:598:ASP:OD2	2.06	0.55
1:A:621:ALA:N	1:A:623:LEU:HD13	2.21	0.55
1:A:3:ILE:CG2	1:A:4:ASP:H	1.88	0.55
1:A:6:ASN:O	1:A:7:ASP:CB	2.54	0.55
1:A:502:TYR:O	1:A:507:ILE:O	2.24	0.55
3:C:102:ILE:CG2	3:C:107:LEU:HB2	2.36	0.55
1:A:152:LEU:O	1:A:154:SER:N	2.40	0.55
1:A:397:LEU:HD22	1:A:401:LEU:HD21	1.88	0.55
1:A:403:PRO:CB	1:A:607:ASN:OD1	2.53	0.55
1:A:433:TYR:HA	1:A:436:MET:SD	2.46	0.55
1:A:545:ASP:O	1:A:546:ASP:CB	2.54	0.55
1:A:583:HIS:CB	1:A:588:ASN:HA	2.36	0.55
1:A:532:LEU:CD1	1:A:653:ARG:HD3	2.36	0.55
1:A:687:ALA:O	1:A:691:LEU:N	2.22	0.55
1:A:152:LEU:H	1:A:152:LEU:CD2	2.12	0.55
1:A:279:SER:C	1:A:281:GLU:H	2.07	0.55
1:A:230:ALA:O	1:A:285:HIS:O	2.24	0.55
1:A:299:ASN:O	1:A:299:ASN:ND2	2.37	0.55
1:A:305:THR:HG23	1:A:306:PRO:CD	2.37	0.55
1:A:563:MET:C	1:A:564:PHE:CD1	2.80	0.55
1:A:792:ILE:HG12	3:C:126:ILE:HG13	1.89	0.55
3:C:133:GLN:O	3:C:134:GLU:O	2.25	0.55
1:A:100:LEU:HD12	1:A:103:LEU:HD11	1.89	0.55
1:A:310:LEU:CG	1:A:311:TYR:N	2.56	0.55
1:A:50:SER:C	1:A:52:LYS:H	2.10	0.55
2:B:62:LEU:HD23	2:B:62:LEU:N	2.22	0.55
2:B:62:LEU:HD11	2:B:64:ALA:HB3	1.89	0.55
1:A:330:PHE:O	1:A:331:LYS:C	2.44	0.55
1:A:535:LEU:C	1:A:535:LEU:HD13	2.27	0.55
1:A:827:TRP:O	1:A:828:GLN:CB	2.54	0.55
2:B:56:THR:HG23	2:B:57:PRO:CG	2.35	0.55
1:A:786:SER:HA	1:A:789:GLN:HG3	1.89	0.55
1:A:192:TYR:HB3	1:A:193:LEU:HD12	1.89	0.55
1:A:296:PRO:HD2	1:A:299:ASN:OD1	2.06	0.55
1:A:343:THR:N	1:A:346:GLU:OE1	2.39	0.55
1:A:54:GLU:C	1:A:55:GLU:OE1	2.44	0.55
1:A:620:VAL:O	1:A:620:VAL:HG12	2.07	0.55

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:2:ASN:CG	1:A:3:ILE:N	2.59	0.55
1:A:790:ALA:HA	1:A:793:ARG:CG	2.37	0.55
3:C:145:PHE:O	3:C:149:VAL:HG23	2.07	0.55
2:B:23:MET:O	2:B:24:GLN:CB	2.54	0.55
2:B:154:ILE:O	2:B:155:LYS:CB	2.54	0.55
1:A:334:ASP:O	1:A:335:GLU:CB	2.54	0.55
1:A:546:ASP:CG	1:A:597:LEU:HD11	2.27	0.55
1:A:551:ASP:O	1:A:554:TYR:CB	2.52	0.55
1:A:602:ASP:OD2	1:A:648:ILE:HG22	2.06	0.55
3:C:103:SER:OG	3:C:106:GLU:HB2	2.07	0.55
1:A:324:ILE:N	1:A:324:ILE:HD13	2.21	0.55
1:A:340:LEU:HB2	1:A:447:THR:CB	2.36	0.55
1:A:396:LEU:O	1:A:398:LYS:HG3	2.07	0.55
1:A:421:VAL:CA	1:A:424:SER:HB2	2.32	0.55
1:A:518:LEU:O	1:A:519:GLN:C	2.46	0.55
3:C:7:ASP:N	3:C:10:ASP:OD2	2.40	0.55
1:A:507:ILE:HG22	1:A:759:GLY:HA2	1.89	0.55
1:A:140:TYR:CZ	1:A:148:ILE:HG21	2.42	0.54
1:A:405:VAL:HG22	1:A:412:VAL:HB	1.87	0.54
1:A:48:ILE:O	1:A:49:GLN:CG	2.55	0.54
1:A:56:ILE:HG12	1:A:69:VAL:HG13	1.88	0.54
3:C:70:LEU:HD23	3:C:71:PRO:HD3	1.88	0.54
3:C:144:GLU:O	3:C:145:PHE:HB2	2.07	0.54
1:A:28:PHE:O	1:A:29:ASP:CB	2.55	0.54
1:A:404:LYS:CB	1:A:411:MET:HB3	2.34	0.54
1:A:528:PRO:C	1:A:530:GLY:N	2.61	0.54
3:C:43:ILE:HG12	3:C:45:PRO:HD3	1.89	0.54
1:A:371:GLU:O	1:A:373:GLN:N	2.40	0.54
3:C:89:GLU:O	3:C:90:ALA:C	2.46	0.54
2:B:98:ALA:HA	2:B:101:MET:HE3	1.90	0.54
3:C:103:SER:HA	3:C:139:ASN:CG	2.27	0.54
1:A:139:LYS:O	1:A:140:TYR:C	2.44	0.54
1:A:115:TYR:CE2	1:A:145:LYS:HD2	2.42	0.54
1:A:367:GLN:NE2	1:A:368:ARG:H	2.04	0.54
1:A:232:GLY:N	1:A:437:PHE:CE1	2.74	0.54
2:B:42:ASP:CG	2:B:43:ILE:H	2.10	0.54
1:A:3:ILE:O	1:A:4:ASP:HB3	2.07	0.54
1:A:125:PRO:C	1:A:127:ARG:H	2.11	0.54
1:A:184:GLU:CG	1:A:188:LYS:HZ3	2.21	0.54
1:A:227:VAL:C	1:A:228:LEU:O	2.42	0.54
1:A:302:MET:HG3	1:A:303:LEU:HD22	1.89	0.54
1:A:43:PHE:CZ	1:A:97:ALA:HB2	2.42	0.54

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:48:ILE:O	1:A:49:GLN:CB	2.55	0.54
1:A:65:SER:O	1:A:66:THR:CB	2.54	0.54
1:A:180:ALA:CB	1:A:674:ILE:HG12	2.37	0.54
1:A:681:GLN:O	1:A:683:GLY:N	2.41	0.54
3:C:9:ILE:O	3:C:9:ILE:HD13	2.07	0.54
3:C:89:GLU:O	3:C:92:LYS:HB2	2.07	0.54
1:A:298:LEU:C	1:A:300:GLU:N	2.55	0.54
1:A:29:ASP:HB3	1:A:32:LYS:HB2	1.89	0.54
1:A:357:ILE:CG1	1:A:358:LEU:N	2.70	0.54
1:A:536:GLU:O	1:A:537:GLU:C	2.45	0.54
2:B:57:PRO:HB2	2:B:62:LEU:HD22	1.90	0.54
2:B:62:LEU:HG	2:B:63:THR:H	1.71	0.54
1:A:502:TYR:HB3	1:A:508:GLN:HA	1.90	0.54
3:C:124:ASP:O	3:C:128:ASN:ND2	2.41	0.54
3:C:101:PHE:HA	3:C:140:VAL:O	2.06	0.54
2:B:81:ILE:HG13	2:B:82:PHE:H	1.72	0.54
1:A:123:VAL:HG13	1:A:124:ASN:H	1.73	0.54
1:A:425:VAL:C	1:A:427:ALA:N	2.61	0.54
1:A:693:GLN:O	1:A:694:LEU:C	2.46	0.54
1:A:832:LEU:CD2	1:A:835:LYS:HB2	2.37	0.54
2:B:43:ILE:HG13	2:B:66:LEU:HD21	1.90	0.54
2:B:43:ILE:HG13	2:B:66:LEU:HD22	1.88	0.54
1:A:200:VAL:HG21	1:A:258:LYS:CE	2.18	0.54
1:A:367:GLN:HG2	1:A:418:LEU:CD2	2.37	0.54
1:A:119:PHE:CE2	1:A:490:PHE:CE2	2.96	0.54
3:C:153:PRO:O	3:C:155:PRO:HD3	2.08	0.54
1:A:373:GLN:OE1	1:A:373:GLN:HA	2.08	0.54
1:A:556:ASN:O	1:A:558:ILE:N	2.40	0.54
1:A:593:ILE:O	1:A:594:ALA:CB	2.55	0.54
1:A:119:PHE:HE1	1:A:699:VAL:N	2.06	0.54
3:C:65:PRO:CG	3:C:68:GLU:OE1	2.55	0.54
1:A:815:GLN:NE2	2:B:124:ASP:H	1.98	0.54
1:A:126:TYR:HD1	1:A:126:TYR:N	2.05	0.54
1:A:185:ASN:N	1:A:187:LYS:H	2.06	0.54
1:A:335:GLU:C	1:A:337:PHE:N	2.57	0.54
1:A:800:ALA:O	1:A:804:LEU:N	2.42	0.54
1:A:784:ILE:HD13	1:A:787:MET:CE	2.37	0.54
1:A:233:ASN:O	1:A:234:ALA:CB	2.55	0.53
1:A:286:ILE:O	1:A:290:ILE:CG2	2.42	0.53
1:A:304:ILE:CD1	1:A:311:TYR:CD2	2.91	0.53
1:A:390:GLY:C	1:A:391:ILE:HG12	2.29	0.53
1:A:608:VAL:HG13	1:A:611:LEU:N	2.23	0.53

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
2:B:153:MET:SD	2:B:154:ILE:HG22	2.48	0.53
1:A:303:LEU:HD11	1:A:384:LYS:HD3	1.91	0.53
1:A:37:PRO:CB	1:A:43:PHE:CD2	2.85	0.53
1:A:563:MET:CE	1:A:564:PHE:CE1	2.91	0.53
1:A:677:ASN:HB3	1:A:685:VAL:O	2.08	0.53
1:A:34:CYS:CB	1:A:77:MET:H	2.21	0.53
3:C:126:ILE:HG22	3:C:127:ILE:N	2.23	0.53
1:A:99:VAL:HG12	1:A:100:LEU:N	2.23	0.53
1:A:578:ALA:O	1:A:579:HIS:CB	2.53	0.53
1:A:64:ASN:HA	1:A:65:SER:HB3	1.90	0.53
1:A:679:LEU:O	1:A:681:GLN:N	2.40	0.53
1:A:572:ARG:CG	1:A:573:PRO:CD	2.77	0.53
3:C:64:LEU:HD12	3:C:69:PHE:HD1	1.72	0.53
3:C:122:GLU:O	3:C:124:ASP:N	2.42	0.53
1:A:798:ARG:HG2	3:C:40:CYS:HA	1.90	0.53
2:B:123:GLY:HA2	3:C:21:PHE:CE1	2.43	0.53
1:A:813:VAL:O	1:A:817:ASN:HB2	2.07	0.53
1:A:112:ILE:O	1:A:113:TYR:HD1	1.91	0.53
1:A:399:ALA:HA	1:A:403:PRO:HG3	1.91	0.53
1:A:532:LEU:CD1	1:A:653:ARG:CD	2.86	0.53
1:A:10:PHE:O	1:A:12:TYR:N	2.41	0.53
3:C:5:SER:H	3:C:8:GLU:HB3	1.73	0.53
1:A:263:ASP:C	1:A:264:ILE:HG22	2.28	0.53
1:A:382:ALA:O	1:A:385:VAL:HG13	2.09	0.53
1:A:486:LEU:O	1:A:487:GLN:C	2.47	0.53
3:C:12:LEU:HD12	3:C:41:LEU:CD1	2.39	0.53
1:A:16:ASP:O	1:A:17:ARG:CB	2.56	0.53
1:A:251:ILE:HA	1:A:262:ALA:O	2.09	0.53
1:A:554:TYR:CE2	1:A:558:ILE:HB	2.44	0.53
1:A:621:ALA:H	1:A:623:LEU:HD12	1.73	0.53
1:A:220:GLN:HE22	1:A:448:LEU:HD22	1.73	0.53
1:A:346:GLU:OE2	1:A:347:LYS:N	2.37	0.53
1:A:48:ILE:C	1:A:58:VAL:HG21	2.28	0.53
1:A:606:GLU:HB2	1:A:610:SER:H	1.71	0.53
3:C:89:GLU:OE2	3:C:89:GLU:N	2.42	0.53
3:C:92:LYS:C	3:C:94:PHE:N	2.61	0.53
1:A:123:VAL:CG1	1:A:124:ASN:H	2.21	0.53
1:A:245:PHE:N	1:A:245:PHE:CD1	2.77	0.53
1:A:284:TYR:N	1:A:284:TYR:CD1	2.75	0.53
1:A:421:VAL:O	1:A:425:VAL:N	2.41	0.53
1:A:248:PHE:HA	1:A:460:VAL:O	2.09	0.53
1:A:468:ILE:HG22	1:A:589:VAL:CG1	2.39	0.53

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:487:GLN:NE2	1:A:698:GLY:CA	2.71	0.53
1:A:489:PHE:CE2	1:A:668:PRO:HB3	2.44	0.53
1:A:648:ILE:HG13	1:A:649:SER:N	2.22	0.53
2:B:63:THR:O	2:B:67:LYS:CB	2.56	0.53
3:C:111:LEU:HB3	3:C:118:LEU:HD12	1.91	0.53
3:C:83:THR:O	3:C:84:PHE:C	2.45	0.53
1:A:24:GLN:O	1:A:25:THR:CB	2.57	0.53
1:A:22:LYS:CD	1:A:22:LYS:N	2.67	0.53
1:A:231:TYR:HA	1:A:433:TYR:OH	2.09	0.53
1:A:368:ARG:CG	1:A:373:GLN:O	2.57	0.53
1:A:397:LEU:O	1:A:400:LEU:HB3	2.08	0.53
1:A:522:ILE:H	1:A:522:ILE:HD12	1.73	0.53
1:A:821:TRP:O	1:A:823:VAL:N	2.41	0.53
3:C:34:LEU:HB2	3:C:69:PHE:HE1	1.74	0.53
1:A:502:TYR:CB	1:A:508:GLN:HG2	2.38	0.53
2:B:115:ILE:C	2:B:117:ASP:N	2.63	0.53
1:A:312:SER:C	1:A:314:ILE:H	2.09	0.53
1:A:340:LEU:HG	1:A:447:THR:CG2	2.39	0.53
1:A:347:LYS:CD	1:A:351:PHE:HZ	2.21	0.53
1:A:436:MET:HA	1:A:439:TRP:HB2	1.90	0.53
1:A:489:PHE:HE1	1:A:664:TYR:HA	1.74	0.53
1:A:693:GLN:O	1:A:695:GLN:N	2.41	0.53
1:A:501:GLU:O	1:A:502:TYR:C	2.48	0.53
1:A:227:VAL:O	1:A:231:TYR:CD1	2.61	0.52
1:A:418:LEU:HD23	1:A:419:GLN:HG2	1.90	0.52
1:A:56:ILE:HG13	1:A:68:THR:HA	1.90	0.52
1:A:837:LYS:HA	1:A:837:LYS:NZ	2.24	0.52
3:C:64:LEU:HB2	3:C:69:PHE:HB2	1.91	0.52
1:A:788:PHE:O	1:A:791:HIS:N	2.42	0.52
1:A:29:ASP:O	1:A:33:ASN:N	2.38	0.52
1:A:400:LEU:N	1:A:403:PRO:HG3	2.24	0.52
1:A:420:GLN:HG3	1:A:421:VAL:HG13	1.91	0.52
1:A:41:GLU:CA	1:A:41:GLU:OE1	2.45	0.52
1:A:719:PHE:HD2	1:A:742:SER:HG	1.56	0.52
1:A:509:TRP:O	1:A:510:GLU:C	2.47	0.52
1:A:337:PHE:C	1:A:342:PHE:CE2	2.83	0.52
1:A:355:ALA:HA	1:A:358:LEU:HD11	1.91	0.52
1:A:623:LEU:C	1:A:624:PHE:CD1	2.82	0.52
1:A:74:ILE:O	1:A:75:GLN:HB2	2.09	0.52
3:C:12:LEU:HD13	3:C:73:TYR:CD2	2.44	0.52
1:A:324:ILE:O	1:A:325:ASP:C	2.48	0.52
1:A:367:GLN:HA	1:A:418:LEU:HD13	1.91	0.52

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:386:ALA:HB1	1:A:392:ASN:CA	2.39	0.52
1:A:532:LEU:HD23	1:A:533:SER:CA	2.39	0.52
1:A:63:ASP:C	1:A:64:ASN:OD1	2.46	0.52
1:A:98:SER:O	1:A:99:VAL:C	2.48	0.52
1:A:99:VAL:O	1:A:100:LEU:C	2.47	0.52
2:B:81:ILE:HD12	2:B:82:PHE:N	2.24	0.52
2:B:150:PHE:O	2:B:154:ILE:HG23	2.09	0.52
2:B:27:LYS:O	2:B:27:LYS:HD3	2.10	0.52
1:A:675:ILE:O	1:A:689:LEU:HD23	2.08	0.52
3:C:13:LYS:HG2	3:C:14:ASP:H	1.75	0.52
3:C:65:PRO:HG2	3:C:68:GLU:OE1	2.10	0.52
1:A:789:GLN:NE2	3:C:111:LEU:HA	2.12	0.52
2:B:115:ILE:O	2:B:117:ASP:N	2.43	0.52
1:A:96:GLU:H	1:A:96:GLU:CD	2.11	0.52
1:A:220:GLN:O	1:A:223:GLN:CG	2.58	0.52
1:A:327:VAL:CG2	1:A:328:GLU:N	2.53	0.52
1:A:455:ASN:C	1:A:456:TYR:CD2	2.83	0.52
1:A:608:VAL:HG11	1:A:611:LEU:HD12	1.92	0.52
1:A:674:ILE:O	1:A:675:ILE:CB	2.58	0.52
3:C:84:PHE:O	3:C:85:ALA:C	2.46	0.52
1:A:468:ILE:HG22	1:A:589:VAL:HG13	1.91	0.52
1:A:505:GLU:OE2	1:A:761:THR:CG2	2.56	0.52
1:A:19:LYS:CG	1:A:20:MET:N	2.71	0.52
1:A:398:LYS:C	1:A:400:LEU:H	2.11	0.52
1:A:418:LEU:C	1:A:420:GLN:N	2.61	0.52
1:A:652:HIS:O	1:A:655:SER:N	2.37	0.52
1:A:119:PHE:CE1	1:A:699:VAL:N	2.78	0.52
1:A:132:TYR:CG	1:A:188:LYS:HD3	2.43	0.52
1:A:258:LYS:C	1:A:259:ILE:O	2.47	0.52
1:A:308:SER:OG	1:A:309:GLY:N	2.43	0.52
1:A:391:ILE:HB	1:A:395:ASP:OD2	2.10	0.52
1:A:463:ILE:HD13	1:A:464:ALA:O	2.10	0.52
1:A:565:THR:OG1	1:A:581:GLU:HB3	2.10	0.52
1:A:612:LEU:O	1:A:620:VAL:O	2.28	0.52
1:A:347:LYS:HD3	1:A:351:PHE:HZ	1.72	0.52
1:A:730:ALA:O	1:A:744:LYS:HD3	2.10	0.52
1:A:783:LYS:O	1:A:787:MET:HE2	2.10	0.52
1:A:312:SER:C	1:A:314:ILE:N	2.61	0.52
1:A:113:TYR:OH	1:A:132:TYR:OH	2.26	0.51
1:A:217:LEU:O	1:A:220:GLN:HB2	2.10	0.51
1:A:242:SER:O	1:A:243:SER:C	2.48	0.51
1:A:262:ALA:O	1:A:263:ASP:HB2	2.10	0.51

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:37:PRO:HG3	1:A:73:ASP:O	2.09	0.51
1:A:484:GLU:OE2	1:A:518:LEU:HB3	2.10	0.51
1:A:103:LEU:HD23	1:A:103:LEU:C	2.23	0.51
1:A:227:VAL:O	1:A:230:ALA:HB3	2.10	0.51
1:A:233:ASN:HB3	1:A:243:SER:CA	2.40	0.51
1:A:36:VAL:O	1:A:43:PHE:HB3	2.10	0.51
1:A:558:ILE:O	1:A:558:ILE:CG2	2.58	0.51
3:C:10:ASP:C	3:C:12:LEU:H	2.13	0.51
1:A:789:GLN:O	1:A:792:ILE:HG23	2.11	0.51
3:C:44:ASN:N	3:C:45:PRO:HD3	2.24	0.51
1:A:221:ILE:N	1:A:221:ILE:HD13	2.26	0.51
1:A:399:ALA:HA	1:A:403:PRO:CA	2.40	0.51
1:A:483:ASN:O	1:A:486:LEU:N	2.43	0.51
1:A:834:ALA:C	1:A:836:VAL:H	2.09	0.51
2:B:33:ILE:O	2:B:45:ASP:O	2.29	0.51
1:A:81:LYS:O	1:A:81:LYS:HD3	2.10	0.51
2:B:72:PRO:O	2:B:74:ASN:ND2	2.44	0.51
2:B:149:ARG:O	2:B:150:PHE:C	2.48	0.51
1:A:304:ILE:CD1	1:A:311:TYR:HD2	2.22	0.51
1:A:63:ASP:O	1:A:64:ASN:OD1	2.27	0.51
2:B:132:ARG:O	2:B:136:LYS:HG2	2.11	0.51
1:A:39:PRO:C	1:A:41:GLU:N	2.63	0.51
3:C:108:ARG:NH2	3:C:124:ASP:OD1	2.43	0.51
1:A:35:TRP:CH2	1:A:101:ASN:HB2	2.45	0.51
3:C:10:ASP:CA	3:C:13:LYS:HE3	2.35	0.51
3:C:107:LEU:O	3:C:111:LEU:HD12	2.11	0.51
1:A:765:PHE:HB3	1:A:769:VAL:HG12	1.92	0.51
1:A:231:TYR:N	1:A:231:TYR:CD1	2.76	0.51
1:A:328:GLU:O	1:A:332:LEU:HB2	2.11	0.51
1:A:352:LYS:O	1:A:354:THR:N	2.43	0.51
1:A:617:GLU:CD	1:A:619:LEU:HD23	2.31	0.51
1:A:74:ILE:CG2	1:A:75:GLN:H	2.19	0.51
1:A:744:LYS:HA	1:A:747:THR:OG1	2.11	0.51
3:C:91:PHE:O	3:C:92:LYS:CG	2.58	0.51
3:C:95:ASP:O	3:C:97:GLU:N	2.43	0.51
2:B:75:PHE:CG	2:B:75:PHE:O	2.63	0.51
1:A:175:THR:O	1:A:673:CYS:SG	2.65	0.51
1:A:445:ASN:ND2	1:A:445:ASN:N	2.59	0.51
1:A:502:TYR:HB2	1:A:508:GLN:HG2	1.92	0.51
1:A:776:MET:O	1:A:777:ARG:C	2.49	0.51
2:B:122:MET:O	2:B:123:GLY:C	2.49	0.51
1:A:660:MET:C	1:A:662:ASN:N	2.63	0.51

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:657:ASN:C	1:A:659:LEU:H	2.14	0.51
1:A:428:LEU:O	1:A:432:LEU:N	2.26	0.51
1:A:350:MET:C	1:A:353:CYS:SG	2.89	0.51
1:A:830:TRP:O	1:A:833:TYR:N	2.43	0.51
1:A:828:GLN:NE2	1:A:831:LYS:HD2	2.26	0.51
2:B:34:ASP:HA	2:B:45:ASP:C	2.28	0.51
1:A:716:TYR:O	1:A:719:PHE:HB3	2.11	0.51
1:A:48:ILE:O	1:A:49:GLN:HG2	2.11	0.51
1:A:584:HIS:NE2	1:A:591:TYR:OH	2.41	0.51
1:A:720:LYS:NZ	1:A:720:LYS:HB2	2.26	0.51
1:A:790:ALA:HA	1:A:793:ARG:HG2	1.92	0.51
3:C:121:GLU:O	3:C:122:GLU:O	2.29	0.51
2:B:52:SER:C	2:B:53:LEU:HG	2.31	0.51
1:A:112:ILE:HD12	1:A:123:VAL:C	2.31	0.51
1:A:124:ASN:N	1:A:674:ILE:HG21	2.26	0.51
1:A:190:ILE:HD12	1:A:218:GLU:CB	2.32	0.51
1:A:381:GLU:OE1	1:A:384:LYS:HD2	2.11	0.51
1:A:48:ILE:CG1	1:A:49:GLN:H	2.17	0.51
1:A:593:ILE:HA	1:A:596:TRP:NE1	2.26	0.51
1:A:125:PRO:O	1:A:682:PRO:HB3	2.11	0.51
1:A:694:LEU:O	1:A:696:CYS:N	2.43	0.51
1:A:720:LYS:HG2	1:A:721:GLN:H	1.76	0.51
1:A:185:ASN:C	1:A:187:LYS:H	2.14	0.50
1:A:296:PRO:CD	1:A:299:ASN:HB2	2.41	0.50
1:A:340:LEU:HB2	1:A:447:THR:CG2	2.41	0.50
1:A:357:ILE:O	1:A:359:HIS:N	2.44	0.50
1:A:437:PHE:C	1:A:439:TRP:N	2.62	0.50
1:A:495:PHE:CE2	1:A:513:ASP:HA	2.46	0.50
1:A:599:LYS:C	1:A:601:LYS:H	2.13	0.50
1:A:595:GLY:O	1:A:599:LYS:HE3	2.10	0.50
1:A:606:GLU:O	1:A:607:ASN:HB2	2.09	0.50
1:A:608:VAL:HG11	1:A:611:LEU:CD1	2.41	0.50
1:A:39:PRO:C	1:A:41:GLU:H	2.13	0.50
2:B:26:MET:C	2:B:28:GLU:H	2.12	0.50
2:B:26:MET:O	2:B:28:GLU:N	2.45	0.50
1:A:813:VAL:HG12	1:A:814:ILE:N	2.26	0.50
1:A:160:TYR:HD1	1:A:160:TYR:C	2.14	0.50
1:A:272:SER:O	1:A:273:ARG:C	2.49	0.50
1:A:346:GLU:HG2	1:A:443:ARG:NH2	2.27	0.50
2:B:103:ASP:O	2:B:103:ASP:CG	2.49	0.50
1:A:155:VAL:O	1:A:159:ALA:CB	2.59	0.50
1:A:180:ALA:N	1:A:674:ILE:CD1	2.75	0.50

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:522:ILE:HD12	1:A:522:ILE:N	2.27	0.50
1:A:599:LYS:HA	1:A:601:LYS:HB3	1.93	0.50
1:A:12:TYR:O	1:A:12:TYR:HD2	1.93	0.50
1:A:801:TYR:O	1:A:804:LEU:HB3	2.11	0.50
3:C:11:ASP:OD2	3:C:11:ASP:N	2.43	0.50
3:C:89:GLU:O	3:C:93:THR:HG23	2.11	0.50
1:A:155:VAL:O	1:A:159:ALA:HB2	2.12	0.50
1:A:26:ALA:N	1:A:27:PRO:HD2	2.24	0.50
1:A:290:ILE:CG1	1:A:291:CYS:N	2.74	0.50
1:A:119:PHE:HE2	1:A:490:PHE:CE2	2.29	0.50
1:A:402:LYS:N	1:A:403:PRO:HD3	2.26	0.50
1:A:830:TRP:O	1:A:831:LYS:C	2.49	0.50
2:B:34:ASP:HB2	2:B:41:ILE:HG12	1.92	0.50
1:A:124:ASN:O	1:A:126:TYR:CE1	2.65	0.50
1:A:113:TYR:HH	1:A:132:TYR:HH	1.58	0.50
1:A:140:TYR:O	1:A:157:ASP:OD2	2.29	0.50
1:A:223:GLN:O	1:A:225:ASN:N	2.45	0.50
1:A:249:ILE:O	1:A:251:ILE:HG23	2.12	0.50
1:A:398:LYS:HE3	1:A:404:LYS:HZ3	1.76	0.50
3:C:119:SER:C	3:C:121:GLU:N	2.65	0.50
2:B:114:TYR:CE1	2:B:118:LEU:HD21	2.47	0.50
2:B:115:ILE:C	2:B:117:ASP:H	2.15	0.50
2:B:83:SER:HB3	2:B:86:LEU:CD2	2.41	0.50
1:A:746:LEU:CD2	1:A:751:MET:HE1	2.42	0.50
1:A:625:ARG:O	1:A:625:ARG:CG	2.59	0.50
1:A:335:GLU:O	1:A:338:ASP:N	2.45	0.50
1:A:412:VAL:CG1	1:A:414:LYS:HD3	2.42	0.50
1:A:445:ASN:HD22	1:A:445:ASN:H	1.59	0.50
1:A:553:SER:O	1:A:554:TYR:O	2.29	0.50
1:A:606:GLU:O	1:A:607:ASN:CB	2.60	0.50
1:A:217:LEU:HD12	1:A:218:GLU:N	2.27	0.50
1:A:32:LYS:O	1:A:48:ILE:HB	2.12	0.50
1:A:352:LYS:C	1:A:354:THR:N	2.65	0.50
1:A:466:PHE:H	1:A:479:ILE:CG2	2.25	0.50
1:A:519:GLN:O	1:A:522:ILE:N	2.45	0.50
1:A:546:ASP:O	1:A:549:PHE:HB3	2.11	0.50
1:A:84:LYS:H	1:A:84:LYS:NZ	2.10	0.50
3:C:13:LYS:HG2	3:C:14:ASP:N	2.27	0.50
3:C:67:GLU:N	3:C:67:GLU:CD	2.65	0.50
2:B:151:VAL:O	2:B:154:ILE:HG13	2.12	0.50
1:A:176:GLY:C	1:A:177:GLU:O	2.49	0.49
1:A:222:ILE:O	1:A:222:ILE:HG12	2.12	0.49

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:392:ASN:H	1:A:395:ASP:HB2	1.76	0.49
1:A:421:VAL:O	1:A:425:VAL:HG23	2.12	0.49
1:A:58:VAL:O	1:A:59:LYS:CB	2.58	0.49
1:A:676:PRO:O	1:A:686:ASP:CB	2.60	0.49
1:A:507:ILE:HD12	1:A:757:ARG:HG2	1.94	0.49
1:A:368:ARG:HD2	1:A:373:GLN:HB2	1.94	0.49
1:A:466:PHE:H	1:A:479:ILE:HG21	1.75	0.49
1:A:483:ASN:O	1:A:486:LEU:CB	2.59	0.49
1:A:609:VAL:CG1	1:A:624:PHE:HD2	2.21	0.49
1:A:837:LYS:O	1:A:838:PRO:O	2.29	0.49
1:A:351:PHE:O	1:A:352:LYS:C	2.49	0.49
1:A:535:LEU:C	1:A:535:LEU:HD22	2.32	0.49
1:A:600:ASN:HB3	1:A:647:THR:CB	2.42	0.49
1:A:77:MET:HG2	1:A:98:SER:HB2	1.92	0.49
1:A:820:LYS:O	1:A:824:LEU:HG	2.11	0.49
1:A:825:ARG:O	1:A:825:ARG:HG3	2.12	0.49
1:A:398:LYS:O	1:A:400:LEU:N	2.38	0.49
1:A:441:VAL:O	1:A:444:VAL:HG22	2.13	0.49
1:A:827:TRP:O	1:A:828:GLN:HG2	2.13	0.49
3:C:41:LEU:HD23	3:C:41:LEU:O	2.12	0.49
1:A:781:LEU:O	1:A:785:ILE:HG12	2.12	0.49
1:A:430:LYS:O	1:A:431:SER:C	2.50	0.49
1:A:97:ALA:O	1:A:98:SER:C	2.49	0.49
1:A:830:TRP:HA	1:A:833:TYR:HB2	1.95	0.49
3:C:141:LYS:O	3:C:142:TYR:C	2.51	0.49
1:A:469:PHE:N	1:A:469:PHE:CD2	2.80	0.49
1:A:112:ILE:C	1:A:113:TYR:CD1	2.84	0.49
1:A:165:THR:HG22	1:A:166:ASP:N	2.27	0.49
1:A:194:ALA:HA	1:A:197:ALA:HB3	1.94	0.49
1:A:249:ILE:HG22	1:A:251:ILE:CG2	2.43	0.49
1:A:253:PHE:HB2	1:A:457:TYR:CA	2.22	0.49
1:A:608:VAL:O	1:A:608:VAL:HG13	2.11	0.49
1:A:688:GLU:HA	1:A:691:LEU:HB2	1.94	0.49
1:A:786:SER:HA	1:A:789:GLN:CG	2.43	0.49
3:C:47:ASN:HD22	3:C:116:GLU:CG	2.25	0.49
1:A:232:GLY:H	1:A:437:PHE:HE1	1.56	0.49
1:A:580:PHE:CD1	1:A:580:PHE:C	2.85	0.49
1:A:614:VAL:HG13	1:A:615:SER:H	1.76	0.49
3:C:143:GLU:O	3:C:145:PHE:N	2.44	0.49
1:A:178:SER:CB	1:A:239:ASN:ND2	2.67	0.49
1:A:43:PHE:CD1	1:A:43:PHE:N	2.80	0.49
1:A:449:ASP:C	1:A:451:LYS:N	2.63	0.49

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:833:TYR:O	1:A:834:ALA:HB3	2.12	0.49
2:B:56:THR:CB	2:B:57:PRO:HD2	2.39	0.49
1:A:159:ALA:O	1:A:170:GLN:NE2	2.46	0.49
1:A:259:ILE:O	1:A:260:ALA:CB	2.60	0.49
1:A:487:GLN:HG3	1:A:585:TYR:CZ	2.47	0.49
1:A:739:LYS:O	1:A:743:GLU:HG3	2.13	0.49
1:A:247:LYS:O	1:A:461:LEU:HD22	2.12	0.49
1:A:473:SER:C	1:A:475:GLU:H	2.15	0.49
1:A:48:ILE:HA	1:A:58:VAL:CG2	2.38	0.49
1:A:32:LYS:HD2	1:A:48:ILE:HG22	1.94	0.49
1:A:620:VAL:HA	1:A:623:LEU:HD13	1.95	0.49
1:A:695:GLN:HG3	1:A:695:GLN:O	2.13	0.49
1:A:87:ASP:C	1:A:89:ALA:N	2.58	0.49
1:A:710:PHE:HB3	1:A:764:PHE:HB3	1.95	0.49
1:A:175:THR:HG22	1:A:176:GLY:N	2.28	0.48
1:A:28:PHE:O	1:A:33:ASN:ND2	2.46	0.48
1:A:609:VAL:C	1:A:611:LEU:N	2.61	0.48
1:A:820:LYS:C	1:A:821:TRP:O	2.51	0.48
2:B:83:SER:O	2:B:85:LYS:N	2.46	0.48
1:A:374:ALA:HB2	1:A:418:LEU:CB	2.37	0.48
1:A:442:LYS:O	1:A:446:ARG:HG2	2.13	0.48
1:A:525:ILE:HD12	1:A:526:GLU:N	2.29	0.48
1:A:553:SER:O	1:A:557:HIS:HD2	1.96	0.48
1:A:8:PRO:C	1:A:10:PHE:N	2.66	0.48
3:C:31:ALA:O	3:C:34:LEU:HB3	2.12	0.48
1:A:169:ASN:OD1	1:A:666:THR:HG23	2.14	0.48
1:A:148:ILE:O	1:A:149:PRO:O	2.31	0.48
1:A:28:PHE:CD1	1:A:80:PRO:HD3	2.48	0.48
1:A:472:ASN:HB3	1:A:591:TYR:CD1	2.31	0.48
1:A:53:GLY:N	1:A:54:GLU:HB3	2.25	0.48
1:A:567:PRO:CG	1:A:580:PHE:HA	2.43	0.48
3:C:56:THR:OG1	3:C:57:HIS:N	2.46	0.48
1:A:727:ALA:HB1	1:A:730:ALA:CB	2.34	0.48
2:B:125:ASN:N	2:B:125:ASN:OD1	2.46	0.48
1:A:273:ARG:HG3	1:A:284:TYR:CZ	2.48	0.48
1:A:31:LYS:O	1:A:48:ILE:HG21	2.13	0.48
1:A:320:THR:HG23	1:A:324:ILE:CD1	2.43	0.48
1:A:322:ASP:C	1:A:324:ILE:N	2.66	0.48
1:A:614:VAL:CG2	1:A:615:SER:N	2.61	0.48
3:C:67:GLU:C	3:C:69:PHE:N	2.66	0.48
2:B:77:MET:HB2	2:B:80:SER:CB	2.43	0.48
1:A:450:THR:C	1:A:452:ALA:H	2.14	0.48

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
3:C:134:GLU:O	3:C:135:ASP:CB	2.61	0.48
1:A:286:ILE:HG23	1:A:287:PHE:N	2.28	0.48
1:A:360:MET:C	1:A:362:GLU:N	2.66	0.48
3:C:125:GLU:O	3:C:129:LEU:HD11	2.13	0.48
1:A:814:ILE:HD12	2:B:99:PHE:CE2	2.48	0.48
1:A:814:ILE:CG2	1:A:818:ILE:HD13	2.43	0.48
1:A:15:VAL:CG2	1:A:15:VAL:O	2.61	0.48
2:B:81:ILE:CD1	2:B:82:PHE:H	2.26	0.48
2:B:153:MET:SD	2:B:154:ILE:CG2	3.02	0.48
1:A:324:ILE:O	1:A:325:ASP:O	2.32	0.48
1:A:484:GLU:HA	1:A:585:TYR:HE2	1.78	0.48
1:A:532:LEU:HD23	1:A:533:SER:CB	2.43	0.48
1:A:536:GLU:O	1:A:538:GLU:N	2.47	0.48
3:C:66:PHE:O	3:C:69:PHE:HB3	2.14	0.48
1:A:502:TYR:N	1:A:502:TYR:CD1	2.79	0.48
1:A:308:SER:CA	1:A:311:TYR:CE1	2.90	0.48
1:A:366:LYS:HG3	1:A:367:GLN:N	2.29	0.48
1:A:612:LEU:CB	1:A:624:PHE:CE2	2.97	0.48
1:A:694:LEU:HA	1:A:699:VAL:CG1	2.44	0.48
1:A:695:GLN:N	1:A:700:LEU:HD12	2.29	0.48
1:A:801:TYR:CE1	3:C:18:LEU:HD23	2.49	0.48
1:A:772:ASN:HA	1:A:775:GLU:HG2	1.95	0.48
1:A:124:ASN:N	1:A:674:ILE:HG22	2.29	0.48
1:A:182:LYS:HZ1	1:A:182:LYS:HB3	1.73	0.48
1:A:224:ALA:O	1:A:225:ASN:C	2.50	0.48
1:A:302:MET:CG	1:A:303:LEU:N	2.70	0.48
1:A:321:VAL:O	1:A:324:ILE:HD12	2.14	0.48
1:A:534:ILE:HG12	1:A:534:ILE:O	2.13	0.48
1:A:564:PHE:CD2	1:A:565:THR:HG23	2.48	0.48
1:A:50:SER:CB	1:A:56:ILE:HA	2.44	0.48
1:A:600:ASN:CB	1:A:647:THR:OG1	2.62	0.48
2:B:41:ILE:HD12	2:B:42:ASP:N	2.27	0.48
3:C:67:GLU:C	3:C:69:PHE:H	2.17	0.48
1:A:793:ARG:HD2	3:C:118:LEU:CD2	2.44	0.48
3:C:103:SER:O	3:C:104:GLY:C	2.51	0.48
1:A:185:ASN:HA	1:A:188:LYS:HB3	1.95	0.48
1:A:29:ASP:O	1:A:32:LYS:HB2	2.14	0.48
1:A:418:LEU:O	1:A:420:GLN:N	2.46	0.48
1:A:441:VAL:O	1:A:443:ARG:N	2.46	0.48
1:A:483:ASN:HA	1:A:486:LEU:HB2	1.96	0.48
1:A:514:PHE:O	1:A:515:GLY:C	2.52	0.48
1:A:552:TYR:O	1:A:553:SER:C	2.51	0.48

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
3:C:102:ILE:HG22	3:C:102:ILE:O	2.13	0.48
3:C:107:LEU:HD12	3:C:107:LEU:C	2.34	0.48
3:C:84:PHE:O	3:C:88:MET:N	2.45	0.48
2:B:81:ILE:HD12	2:B:82:PHE:H	1.79	0.48
1:A:408:GLY:O	1:A:409:THR:C	2.52	0.48
1:A:357:ILE:O	1:A:360:MET:SD	2.71	0.47
1:A:514:PHE:O	1:A:517:ASP:N	2.40	0.47
1:A:63:ASP:O	1:A:64:ASN:ND2	2.47	0.47
1:A:681:GLN:C	1:A:683:GLY:H	2.17	0.47
1:A:657:ASN:C	1:A:659:LEU:N	2.68	0.47
1:A:124:ASN:C	1:A:126:TYR:HD1	2.17	0.47
1:A:600:ASN:O	1:A:602:ASP:N	2.46	0.47
2:B:30:PHE:HA	2:B:33:ILE:HD12	1.96	0.47
3:C:34:LEU:HD23	3:C:35:GLY:N	2.29	0.47
1:A:505:GLU:O	1:A:507:ILE:HG22	2.14	0.47
1:A:507:ILE:HD12	1:A:757:ARG:CG	2.44	0.47
3:C:83:THR:O	3:C:84:PHE:O	2.32	0.47
2:B:112:ILE:CD1	2:B:145:PHE:HB2	2.42	0.47
1:A:167:ARG:HD3	1:A:168:GLU:N	2.30	0.47
1:A:227:VAL:HG21	1:A:337:PHE:CE2	2.49	0.47
1:A:186:THR:HG22	1:A:249:ILE:HD12	1.96	0.47
1:A:677:ASN:O	1:A:678:GLU:C	2.52	0.47
1:A:507:ILE:CG1	1:A:508:GLN:H	2.27	0.47
1:A:775:GLU:O	1:A:779:GLU:HB3	2.15	0.47
1:A:184:GLU:CD	1:A:188:LYS:HZ3	2.17	0.47
1:A:220:GLN:NE2	1:A:221:ILE:HG23	2.29	0.47
1:A:513:ASP:O	1:A:516:MET:CG	2.58	0.47
1:A:694:LEU:C	1:A:696:CYS:N	2.66	0.47
1:A:502:TYR:N	1:A:502:TYR:HD1	2.12	0.47
3:C:119:SER:C	3:C:121:GLU:H	2.17	0.47
1:A:209:GLU:HG2	1:A:211:ASP:CG	2.35	0.47
1:A:255:PRO:HD2	1:A:256:THR:HG22	1.97	0.47
1:A:269:LEU:O	1:A:271:LYS:N	2.47	0.47
1:A:341:GLY:O	1:A:342:PHE:CD1	2.68	0.47
1:A:489:PHE:CE1	1:A:664:TYR:HA	2.48	0.47
2:B:43:ILE:CG1	2:B:44:ASN:N	2.78	0.47
1:A:723:TYR:CE2	1:A:773:LEU:O	2.68	0.47
1:A:727:ALA:N	1:A:728:PRO:CD	2.77	0.47
2:B:110:LEU:HB2	2:B:115:ILE:CD1	2.40	0.47
1:A:312:SER:HB2	1:A:315:ASN:OD1	2.14	0.47
1:A:141:ARG:HE	1:A:143:LYS:CG	2.27	0.47
1:A:238:ARG:O	1:A:239:ASN:CB	2.62	0.47

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:32:LYS:HZ2	1:A:47:GLU:HB3	1.80	0.47
1:A:35:TRP:HB3	1:A:44:ALA:C	2.34	0.47
1:A:446:ARG:HA	1:A:449:ASP:HB2	1.97	0.47
1:A:519:GLN:NE2	1:A:523:ASP:HB2	2.30	0.47
1:A:719:PHE:O	1:A:720:LYS:C	2.52	0.47
1:A:104:ARG:C	1:A:106:ARG:H	2.18	0.47
1:A:154:SER:O	1:A:158:ASN:ND2	2.47	0.47
1:A:217:LEU:O	1:A:218:GLU:C	2.52	0.47
1:A:398:LYS:O	1:A:402:LYS:C	2.53	0.47
1:A:479:ILE:HG22	1:A:483:ASN:HD22	1.80	0.47
1:A:621:ALA:C	1:A:623:LEU:H	2.18	0.47
1:A:107:TYR:C	1:A:109:ALA:H	2.17	0.47
1:A:87:ASP:HA	1:A:115:TYR:HB2	1.97	0.47
1:A:330:PHE:O	1:A:333:CYS:SG	2.72	0.47
1:A:391:ILE:CD1	1:A:611:LEU:CD2	2.78	0.47
1:A:403:PRO:O	1:A:413:THR:HG23	2.14	0.47
1:A:420:GLN:O	1:A:421:VAL:HG22	2.15	0.47
1:A:483:ASN:O	1:A:487:GLN:N	2.47	0.47
1:A:532:LEU:O	1:A:536:GLU:HG3	2.15	0.47
1:A:64:ASN:CA	1:A:65:SER:HB3	2.44	0.47
2:B:33:ILE:CG1	2:B:34:ASP:N	2.78	0.47
2:B:56:THR:HG23	2:B:57:PRO:HG2	1.95	0.47
3:C:10:ASP:O	3:C:13:LYS:HG2	2.14	0.47
1:A:501:GLU:C	1:A:504:LYS:H	2.18	0.47
1:A:722:ARG:CD	1:A:777:ARG:NE	2.74	0.47
1:A:19:LYS:HD3	1:A:20:MET:HG2	1.96	0.47
2:B:54:GLY:C	2:B:55:ARG:HG3	2.33	0.47
1:A:100:LEU:CA	1:A:103:LEU:HD22	2.44	0.47
1:A:280:ALA:C	1:A:282:ARG:N	2.68	0.47
3:C:34:LEU:O	3:C:37:VAL:HB	2.15	0.47
2:B:103:ASP:OD2	2:B:108:LYS:N	2.48	0.47
2:B:109:LYS:HD2	2:B:144:LYS:HB3	1.96	0.47
1:A:106:ARG:HB3	1:A:111:LEU:O	2.15	0.47
1:A:343:THR:O	1:A:343:THR:CG2	2.60	0.47
1:A:447:THR:HG23	1:A:448:LEU:HD23	1.96	0.47
1:A:688:GLU:O	1:A:692:HIS:HB2	2.14	0.47
1:A:811:LEU:C	1:A:813:VAL:N	2.68	0.47
1:A:125:PRO:CD	1:A:126:TYR:H	2.26	0.47
1:A:160:TYR:HD1	1:A:161:GLN:N	2.13	0.47
1:A:324:ILE:CG1	1:A:325:ASP:N	2.78	0.47
1:A:525:ILE:HG13	1:A:526:GLU:H	1.80	0.47
1:A:567:PRO:HG3	1:A:580:PHE:HA	1.95	0.47

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:579:HIS:O	1:A:580:PHE:HD1	1.97	0.47
1:A:123:VAL:C	1:A:674:ILE:HG22	2.35	0.47
3:C:10:ASP:C	3:C:12:LEU:N	2.68	0.47
3:C:65:PRO:O	3:C:66:PHE:C	2.53	0.47
3:C:131:ASP:O	3:C:131:ASP:OD2	2.32	0.47
3:C:127:ILE:HG22	3:C:145:PHE:CE1	2.50	0.47
1:A:206:GLU:CG	1:A:207:GLU:N	2.76	0.47
2:B:154:ILE:HD12	2:B:154:ILE:O	2.14	0.47
1:A:328:GLU:C	1:A:330:PHE:N	2.67	0.46
1:A:476:GLN:N	1:A:476:GLN:CD	2.68	0.46
1:A:57:THR:CG2	1:A:57:THR:O	2.55	0.46
1:A:84:LYS:N	1:A:84:LYS:NZ	2.63	0.46
2:B:112:ILE:CG2	2:B:116:LYS:HG3	2.35	0.46
1:A:200:VAL:HG11	1:A:258:LYS:HZ1	1.80	0.46
1:A:234:ALA:HA	1:A:241:ASN:HA	1.96	0.46
1:A:357:ILE:HD12	1:A:358:LEU:N	2.31	0.46
1:A:490:PHE:O	1:A:493:HIS:HB3	2.15	0.46
1:A:551:ASP:O	1:A:552:TYR:C	2.54	0.46
1:A:54:GLU:CG	1:A:55:GLU:OE1	2.63	0.46
1:A:564:PHE:CE1	1:A:583:HIS:CB	2.97	0.46
1:A:579:HIS:HB3	1:A:592:SER:HA	1.97	0.46
1:A:37:PRO:HD2	1:A:73:ASP:O	2.14	0.46
3:C:58:LYS:HD2	3:C:61:GLU:CD	2.36	0.46
3:C:31:ALA:O	3:C:33:LYS:N	2.48	0.46
3:C:84:PHE:O	3:C:87:TYR:N	2.48	0.46
1:A:180:ALA:N	1:A:674:ILE:CG1	2.72	0.46
1:A:220:GLN:HE21	1:A:221:ILE:HG23	1.80	0.46
1:A:341:GLY:O	1:A:342:PHE:HB3	2.16	0.46
1:A:357:ILE:O	1:A:358:LEU:C	2.52	0.46
1:A:535:LEU:O	1:A:536:GLU:O	2.33	0.46
1:A:593:ILE:HG12	1:A:594:ALA:N	2.30	0.46
1:A:680:LYS:O	1:A:682:PRO:CD	2.63	0.46
2:B:129:ASP:O	2:B:130:GLU:C	2.52	0.46
1:A:795:TYR:N	1:A:798:ARG:NH2	2.63	0.46
1:A:184:GLU:HG3	1:A:188:LYS:HZ3	1.80	0.46
1:A:585:TYR:CD1	1:A:586:ALA:N	2.83	0.46
3:C:129:LEU:C	3:C:131:ASP:N	2.68	0.46
2:B:105:ASP:O	2:B:106:ALA:C	2.54	0.46
1:A:341:GLY:O	1:A:342:PHE:CB	2.63	0.46
1:A:463:ILE:HD13	1:A:463:ILE:C	2.36	0.46
1:A:593:ILE:HA	1:A:596:TRP:CD1	2.50	0.46
1:A:603:PRO:HB2	1:A:645:PHE:CE2	2.50	0.46

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:687:ALA:O	1:A:690:VAL:N	2.49	0.46
3:C:118:LEU:O	3:C:119:SER:C	2.54	0.46
1:A:784:ILE:HD12	3:C:86:ASP:HB3	1.98	0.46
2:B:118:LEU:HA	2:B:122:MET:CG	2.32	0.46
1:A:811:LEU:C	1:A:813:VAL:H	2.19	0.46
1:A:18:LYS:HD3	1:A:18:LYS:N	2.30	0.46
1:A:323:ASN:HD22	1:A:323:ASN:C	2.18	0.46
1:A:187:LYS:HA	1:A:190:ILE:HD11	1.98	0.46
1:A:223:GLN:C	1:A:225:ASN:N	2.68	0.46
1:A:35:TRP:HH2	1:A:101:ASN:HB3	1.80	0.46
1:A:611:LEU:O	1:A:612:LEU:CB	2.64	0.46
1:A:820:LYS:O	1:A:823:VAL:HG12	2.15	0.46
3:C:70:LEU:HD23	3:C:71:PRO:CG	2.45	0.46
1:A:500:GLU:OE2	1:A:501:GLU:N	2.41	0.46
1:A:725:ILE:HD12	1:A:726:LEU:N	2.30	0.46
2:B:81:ILE:CG1	2:B:82:PHE:N	2.79	0.46
1:A:100:LEU:HA	1:A:103:LEU:CD1	2.46	0.46
1:A:103:LEU:HD23	1:A:104:ARG:CA	2.39	0.46
1:A:111:LEU:HD13	1:A:111:LEU:C	2.35	0.46
1:A:165:THR:CG2	1:A:166:ASP:N	2.78	0.46
1:A:170:GLN:O	1:A:171:SER:OG	2.30	0.46
1:A:384:LYS:O	1:A:388:LEU:N	2.42	0.46
1:A:403:PRO:O	1:A:412:VAL:O	2.33	0.46
1:A:423:ASN:C	1:A:425:VAL:N	2.66	0.46
2:B:33:ILE:HA	2:B:46:LEU:HD23	1.97	0.46
2:B:65:MET:O	2:B:66:LEU:CB	2.64	0.46
3:C:64:LEU:HD12	3:C:69:PHE:CD1	2.49	0.46
1:A:792:ILE:CG1	3:C:126:ILE:HG13	2.45	0.46
2:B:118:LEU:CA	2:B:122:MET:HG3	2.33	0.46
1:A:703:ILE:HD12	1:A:703:ILE:O	2.15	0.46
2:B:84:ASP:CG	2:B:84:ASP:O	2.54	0.46
1:A:80:PRO:C	1:A:82:PHE:N	2.68	0.46
1:A:84:LYS:CA	1:A:102:ASN:ND2	2.78	0.46
1:A:797:ILE:C	1:A:799:LYS:H	2.19	0.46
3:C:83:THR:HG23	3:C:86:ASP:CG	2.36	0.46
1:A:246:GLY:O	1:A:267:TYR:HD1	1.99	0.46
1:A:663:LEU:C	1:A:665:SER:H	2.19	0.46
1:A:84:LYS:HE2	1:A:105:GLY:HA3	1.98	0.46
1:A:107:TYR:C	1:A:109:ALA:N	2.69	0.46
1:A:147:GLU:O	1:A:148:ILE:CG1	2.58	0.46
1:A:218:GLU:HG3	1:A:218:GLU:H	1.36	0.46
1:A:357:ILE:HA	1:A:360:MET:SD	2.56	0.46

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:391:ILE:C	1:A:392:ASN:OD1	2.54	0.46
1:A:399:ALA:CA	1:A:403:PRO:HG3	2.46	0.46
1:A:563:MET:HA	1:A:563:MET:HE3	1.98	0.46
1:A:603:PRO:HB2	1:A:645:PHE:HD2	1.80	0.46
1:A:667:HIS:HA	1:A:668:PRO:HD2	1.66	0.46
1:A:793:ARG:NH2	3:C:47:ASN:OD1	2.45	0.46
1:A:139:LYS:HA	1:A:139:LYS:HD2	1.43	0.46
1:A:397:LEU:CA	1:A:401:LEU:HG	2.46	0.46
1:A:473:SER:C	1:A:475:GLU:N	2.68	0.46
1:A:527:LYS:HD3	1:A:530:GLY:HA2	1.98	0.46
1:A:12:TYR:O	1:A:12:TYR:CD2	2.69	0.46
2:B:141:GLU:O	2:B:144:LYS:HB2	2.16	0.46
1:A:569:LYS:HE2	1:A:570:PRO:CD	2.43	0.46
1:A:705:ILE:O	1:A:706:CYS:C	2.54	0.46
1:A:322:ASP:O	1:A:324:ILE:CG2	2.54	0.45
1:A:367:GLN:HB3	1:A:368:ARG:H	1.37	0.45
1:A:451:LYS:NZ	1:A:451:LYS:CB	2.66	0.45
1:A:827:TRP:CE3	1:A:830:TRP:HB2	2.51	0.45
3:C:120:ASP:O	3:C:124:ASP:OD1	2.34	0.45
1:A:559:GLY:O	1:A:560:LYS:CB	2.63	0.45
1:A:151:HIS:C	1:A:152:LEU:HD23	2.35	0.45
1:A:180:ALA:H	1:A:674:ILE:CD1	2.29	0.45
1:A:396:LEU:H	1:A:396:LEU:HD23	1.79	0.45
1:A:398:LYS:C	1:A:400:LEU:N	2.69	0.45
1:A:61:VAL:O	1:A:63:ASP:N	2.50	0.45
1:A:674:ILE:O	1:A:693:GLN:OE1	2.33	0.45
1:A:837:LYS:NZ	1:A:838:PRO:HD2	2.31	0.45
1:A:796:LEU:HD21	3:C:126:ILE:CD1	2.46	0.45
3:C:38:CYS:HB3	3:C:43:ILE:CD1	2.42	0.45
1:A:569:LYS:CB	1:A:570:PRO:HD2	2.45	0.45
1:A:352:LYS:C	1:A:354:THR:H	2.18	0.45
1:A:303:LEU:HD11	1:A:384:LYS:HE2	1.98	0.45
1:A:55:GLU:CB	1:A:68:THR:HG22	2.35	0.45
3:C:70:LEU:O	3:C:73:TYR:HB3	2.17	0.45
3:C:46:ARG:O	3:C:49:ASP:HB2	2.16	0.45
3:C:82:GLY:C	3:C:83:THR:HG22	2.36	0.45
1:A:107:TYR:O	1:A:110:GLY:N	2.50	0.45
1:A:256:THR:OG1	1:A:256:THR:O	2.28	0.45
1:A:276:TYR:HE2	1:A:278:GLN:NE2	2.13	0.45
1:A:579:HIS:CB	1:A:592:SER:HB2	2.46	0.45
1:A:49:GLN:HG2	1:A:58:VAL:HG13	1.98	0.45
1:A:676:PRO:O	1:A:686:ASP:HB2	2.15	0.45

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:722:ARG:HD3	1:A:777:ARG:HE	1.79	0.45
3:C:47:ASN:O	3:C:48:GLU:C	2.53	0.45
2:B:151:VAL:HA	2:B:154:ILE:CG1	2.46	0.45
1:A:408:GLY:O	1:A:409:THR:O	2.33	0.45
1:A:398:LYS:O	1:A:402:LYS:N	2.34	0.45
1:A:398:LYS:N	1:A:401:LEU:CD1	2.80	0.45
1:A:563:MET:HE2	1:A:564:PHE:CE1	2.36	0.45
3:C:4:LEU:HA	3:C:8:GLU:OE1	2.16	0.45
1:A:312:SER:OG	1:A:313:PHE:N	2.50	0.45
1:A:140:TYR:N	1:A:140:TYR:CD1	2.84	0.45
1:A:180:ALA:HB2	1:A:674:ILE:CG2	2.38	0.45
1:A:421:VAL:O	1:A:424:SER:N	2.50	0.45
1:A:438:ASN:HD22	1:A:438:ASN:H	1.65	0.45
1:A:481:TYR:CD1	1:A:481:TYR:O	2.70	0.45
1:A:517:ASP:C	1:A:517:ASP:OD1	2.54	0.45
1:A:53:GLY:H	1:A:54:GLU:CA	2.30	0.45
1:A:49:GLN:H	1:A:58:VAL:HG21	1.81	0.45
1:A:619:LEU:O	1:A:623:LEU:HD21	2.17	0.45
1:A:65:SER:OG	1:A:66:THR:N	2.49	0.45
1:A:126:TYR:HE2	1:A:680:LYS:CB	2.22	0.45
1:A:290:ILE:CG2	1:A:330:PHE:CE1	3.00	0.45
1:A:320:THR:CG2	1:A:321:VAL:N	2.79	0.45
1:A:528:PRO:O	1:A:530:GLY:N	2.45	0.45
1:A:4:ASP:HA	1:A:5:PHE:CD2	2.51	0.45
1:A:810:GLY:CA	2:B:101:MET:CE	2.95	0.45
1:A:170:GLN:CA	1:A:170:GLN:OE1	2.65	0.45
1:A:328:GLU:O	1:A:332:LEU:HD23	2.17	0.45
1:A:418:LEU:C	1:A:420:GLN:H	2.20	0.45
1:A:232:GLY:N	1:A:437:PHE:HE1	2.14	0.45
1:A:340:LEU:HG	1:A:447:THR:HG21	1.97	0.45
1:A:468:ILE:HG13	1:A:468:ILE:O	2.17	0.45
1:A:772:ASN:HA	1:A:775:GLU:CG	2.46	0.45
3:C:101:PHE:O	3:C:102:ILE:HD12	2.16	0.45
3:C:124:ASP:O	3:C:128:ASN:CG	2.55	0.45
1:A:115:TYR:HE2	1:A:145:LYS:CG	2.28	0.45
1:A:276:TYR:CG	1:A:277:GLN:N	2.85	0.45
1:A:305:THR:HG23	1:A:306:PRO:CG	2.47	0.45
1:A:311:TYR:O	1:A:311:TYR:HD1	2.00	0.45
1:A:37:PRO:HA	1:A:43:PHE:CA	2.46	0.45
1:A:491:ASN:O	1:A:492:HIS:C	2.55	0.45
1:A:794:GLY:HA2	3:C:39:ARG:HB3	1.98	0.45
1:A:81:LYS:HG2	1:A:722:ARG:NH2	2.32	0.45

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
2:B:74:ASN:OD1	2:B:76:THR:N	2.49	0.45
1:A:509:TRP:O	1:A:510:GLU:O	2.35	0.45
1:A:625:ARG:HG3	1:A:625:ARG:O	2.17	0.45
1:A:110:GLY:O	1:A:111:LEU:HB2	2.17	0.45
1:A:192:TYR:O	1:A:195:LYS:N	2.50	0.45
1:A:385:VAL:HG22	1:A:386:ALA:N	2.32	0.45
1:A:386:ALA:HB1	1:A:392:ASN:C	2.37	0.45
1:A:398:LYS:CE	1:A:404:LYS:NZ	2.80	0.45
1:A:419:GLN:O	1:A:423:ASN:OD1	2.35	0.45
1:A:456:TYR:CD2	1:A:456:TYR:N	2.82	0.45
1:A:466:PHE:CA	1:A:483:ASN:ND2	2.80	0.45
1:A:691:LEU:HD23	1:A:691:LEU:HA	1.83	0.45
3:C:134:GLU:O	3:C:135:ASP:HB2	2.17	0.45
1:A:159:ALA:CB	1:A:669:HIS:CE1	2.99	0.44
3:C:126:ILE:HA	3:C:129:LEU:CD1	2.46	0.44
3:C:92:LYS:C	3:C:95:ASP:H	2.20	0.44
1:A:206:GLU:HG2	1:A:207:GLU:HG2	1.99	0.44
1:A:188:LYS:CB	1:A:188:LYS:HZ2	1.99	0.44
1:A:184:GLU:HB2	1:A:188:LYS:NZ	2.31	0.44
1:A:189:VAL:C	1:A:191:MET:N	2.70	0.44
1:A:303:LEU:HA	1:A:303:LEU:HD12	1.54	0.44
1:A:685:VAL:HG13	1:A:686:ASP:N	2.33	0.44
2:B:33:ILE:O	2:B:46:LEU:CA	2.64	0.44
2:B:62:LEU:CG	2:B:63:THR:N	2.72	0.44
3:C:10:ASP:O	3:C:12:LEU:N	2.51	0.44
3:C:84:PHE:CD1	3:C:88:MET:HG2	2.52	0.44
2:B:86:LEU:O	2:B:89:THR:HB	2.17	0.44
1:A:140:TYR:HA	1:A:143:LYS:HB2	1.99	0.44
1:A:162:ASN:O	1:A:165:THR:O	2.36	0.44
1:A:172:CYS:SG	1:A:174:ILE:CD1	3.04	0.44
1:A:345:GLU:HG3	1:A:346:GLU:CG	2.46	0.44
1:A:423:ASN:O	1:A:425:VAL:N	2.50	0.44
1:A:505:GLU:C	1:A:507:ILE:H	2.20	0.44
1:A:507:ILE:HD11	1:A:757:ARG:HG2	1.98	0.44
2:B:109:LYS:N	2:B:147:TYR:HE1	2.15	0.44
2:B:77:MET:O	2:B:81:ILE:HG13	2.17	0.44
2:B:69:ALA:O	2:B:70:PRO:C	2.55	0.44
1:A:282:ARG:NH1	1:A:285:HIS:HA	2.33	0.44
1:A:518:LEU:O	1:A:521:CYS:N	2.49	0.44
1:A:567:PRO:O	1:A:581:GLU:OE2	2.35	0.44
1:A:649:SER:O	1:A:650:ALA:C	2.55	0.44
1:A:56:ILE:HG23	1:A:69:VAL:HG22	1.99	0.44

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:55:GLU:HB3	1:A:69:VAL:O	2.18	0.44
1:A:11:GLN:CB	1:A:12:TYR:O	2.65	0.44
3:C:66:PHE:O	3:C:67:GLU:O	2.36	0.44
3:C:67:GLU:O	3:C:71:PRO:HD2	2.18	0.44
1:A:703:ILE:HG13	1:A:704:ARG:N	2.31	0.44
2:B:149:ARG:O	2:B:152:ALA:HB3	2.16	0.44
1:A:329:GLU:O	1:A:329:GLU:OE1	2.36	0.44
1:A:397:LEU:C	1:A:400:LEU:HB3	2.38	0.44
1:A:532:LEU:CD2	1:A:533:SER:N	2.70	0.44
1:A:585:TYR:O	1:A:586:ALA:HB3	2.18	0.44
1:A:123:VAL:HG13	1:A:676:PRO:HG3	1.99	0.44
1:A:84:LYS:HD3	1:A:105:GLY:C	2.37	0.44
1:A:788:PHE:O	1:A:789:GLN:C	2.56	0.44
1:A:646:GLN:HE21	1:A:646:GLN:HB2	1.59	0.44
1:A:156:ALA:O	1:A:160:TYR:CB	2.64	0.44
1:A:286:ILE:O	1:A:287:PHE:C	2.55	0.44
1:A:398:LYS:H	1:A:401:LEU:HD11	1.80	0.44
1:A:492:HIS:O	1:A:495:PHE:HB3	2.17	0.44
1:A:614:VAL:O	1:A:616:LYS:N	2.50	0.44
1:A:695:GLN:O	1:A:695:GLN:CG	2.66	0.44
2:B:133:MET:O	2:B:134:THR:C	2.56	0.44
1:A:485:ARG:HG3	1:A:485:ARG:O	2.18	0.44
1:A:104:ARG:CA	1:A:107:TYR:CD2	2.99	0.44
1:A:158:ASN:HA	1:A:161:GLN:CB	2.45	0.44
1:A:157:ASP:CA	1:A:160:TYR:HB3	2.48	0.44
1:A:421:VAL:O	1:A:422:ILE:C	2.54	0.44
1:A:532:LEU:HD11	1:A:653:ARG:CD	2.46	0.44
1:A:104:ARG:HD3	1:A:685:VAL:HG21	2.00	0.44
1:A:704:ARG:NH1	1:A:705:ILE:HG12	2.32	0.44
1:A:325:ASP:HB3	1:A:327:VAL:CG1	2.48	0.44
1:A:490:PHE:O	1:A:491:ASN:C	2.57	0.44
1:A:513:ASP:O	1:A:516:MET:N	2.43	0.44
1:A:699:VAL:HG13	1:A:700:LEU:N	2.30	0.44
3:C:123:VAL:O	3:C:127:ILE:N	2.40	0.44
1:A:212:GLN:HE21	1:A:212:GLN:HB2	1.56	0.44
2:B:73:LEU:HA	2:B:73:LEU:HD13	1.66	0.44
1:A:139:LYS:HB3	1:A:140:TYR:H	1.58	0.44
1:A:237:THR:HG22	1:A:238:ARG:H	1.81	0.44
1:A:33:ASN:HA	1:A:46:ALA:O	2.18	0.44
1:A:517:ASP:OD1	1:A:518:LEU:HD23	2.18	0.44
3:C:102:ILE:HG21	3:C:107:LEU:HB2	1.99	0.44
3:C:102:ILE:HG22	3:C:107:LEU:HB2	1.99	0.44

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
3:C:76:LEU:HD12	3:C:76:LEU:HA	1.59	0.44
3:C:45:PRO:HG2	3:C:76:LEU:HB3	2.00	0.44
1:A:808:ARG:HG3	3:C:21:PHE:CD2	2.52	0.44
1:A:703:ILE:HD12	1:A:707:ARG:HB2	2.00	0.44
1:A:112:ILE:O	1:A:122:ALA:HA	2.18	0.43
1:A:157:ASP:HA	1:A:160:TYR:HB3	1.99	0.43
1:A:308:SER:CA	1:A:311:TYR:HE1	2.18	0.43
1:A:386:ALA:HB3	1:A:393:ALA:H	1.81	0.43
1:A:684:LEU:CD1	1:A:685:VAL:HB	2.43	0.43
1:A:5:PHE:O	1:A:6:ASN:O	2.35	0.43
3:C:4:LEU:HD11	3:C:77:MET:HE2	2.00	0.43
1:A:719:PHE:CD1	1:A:723:TYR:HD1	2.36	0.43
3:C:100:GLY:O	3:C:141:LYS:HA	2.18	0.43
3:C:43:ILE:HG12	3:C:45:PRO:CD	2.48	0.43
1:A:146:THR:O	1:A:146:THR:HG22	2.18	0.43
1:A:243:SER:HB3	1:A:245:PHE:CZ	2.53	0.43
1:A:326:ASP:O	1:A:327:VAL:O	2.35	0.43
1:A:347:LYS:O	1:A:351:PHE:CE1	2.71	0.43
1:A:391:ILE:O	1:A:392:ASN:OD1	2.36	0.43
1:A:397:LEU:N	1:A:400:LEU:HB3	2.33	0.43
1:A:412:VAL:HG12	1:A:414:LYS:HD3	2.00	0.43
1:A:438:ASN:ND2	1:A:438:ASN:H	2.16	0.43
1:A:221:ILE:HG21	1:A:448:LEU:HD13	2.00	0.43
1:A:476:GLN:H	1:A:476:GLN:CD	2.21	0.43
1:A:476:GLN:O	1:A:478:CYS:N	2.51	0.43
1:A:464:ALA:CB	1:A:479:ILE:HD11	2.48	0.43
1:A:55:GLU:HB2	1:A:68:THR:HG23	1.94	0.43
1:A:78:ASN:HA	1:A:79:PRO:HD2	1.84	0.43
3:C:60:GLY:O	3:C:61:GLU:OE1	2.36	0.43
3:C:34:LEU:HD12	3:C:69:PHE:HE1	1.81	0.43
3:C:41:LEU:CD2	3:C:41:LEU:O	2.65	0.43
3:C:67:GLU:O	3:C:70:LEU:N	2.50	0.43
1:A:141:ARG:HH21	1:A:143:LYS:HD3	1.82	0.43
1:A:167:ARG:O	1:A:168:GLU:O	2.37	0.43
1:A:278:GLN:H	1:A:281:GLU:CB	2.29	0.43
1:A:345:GLU:HG3	1:A:346:GLU:OE1	2.18	0.43
1:A:490:PHE:HD2	1:A:670:PHE:CE1	2.36	0.43
1:A:556:ASN:OD1	1:A:557:HIS:CD2	2.71	0.43
1:A:608:VAL:O	1:A:611:LEU:HA	2.18	0.43
1:A:693:GLN:C	1:A:695:GLN:N	2.70	0.43
1:A:75:GLN:CG	1:A:95:ASN:ND2	2.75	0.43
1:A:15:VAL:HG21	1:A:18:LYS:HG3	2.00	0.43

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:163:MET:CE	1:A:170:GLN:H	2.30	0.43
1:A:699:VAL:O	1:A:702:GLY:N	2.48	0.43
3:C:107:LEU:HD12	3:C:107:LEU:O	2.19	0.43
3:C:95:ASP:OD2	3:C:100:GLY:N	2.46	0.43
2:B:102:PHE:O	2:B:110:LEU:HD22	2.18	0.43
1:A:815:GLN:HE22	2:B:124:ASP:N	2.01	0.43
1:A:417:ASN:O	1:A:418:LEU:C	2.56	0.43
1:A:48:ILE:O	1:A:49:GLN:HB3	2.18	0.43
1:A:608:VAL:C	1:A:611:LEU:H	2.22	0.43
1:A:180:ALA:N	1:A:674:ILE:HD11	2.34	0.43
1:A:694:LEU:HA	1:A:699:VAL:HG11	2.00	0.43
1:A:837:LYS:HA	1:A:837:LYS:CE	2.48	0.43
3:C:65:PRO:HG3	3:C:68:GLU:OE1	2.17	0.43
1:A:772:ASN:C	1:A:774:GLU:H	2.21	0.43
1:A:746:LEU:HD23	1:A:751:MET:CE	2.48	0.43
1:A:194:ALA:O	1:A:195:LYS:C	2.55	0.43
2:B:33:ILE:CG1	2:B:34:ASP:H	2.27	0.43
3:C:55:GLY:O	3:C:56:THR:O	2.37	0.43
1:A:20:MET:HA	1:A:23:GLU:CG	2.46	0.43
1:A:625:ARG:HD3	1:A:625:ARG:O	2.19	0.43
1:A:103:LEU:HA	1:A:106:ARG:HG2	1.99	0.43
1:A:113:TYR:N	1:A:113:TYR:CD1	2.84	0.43
1:A:305:THR:OG1	1:A:306:PRO:CD	2.53	0.43
1:A:307:ASP:N	1:A:311:TYR:OH	2.52	0.43
1:A:514:PHE:C	1:A:516:MET:N	2.70	0.43
1:A:472:ASN:HD22	1:A:590:PRO:C	2.22	0.43
1:A:34:CYS:HB3	1:A:77:MET:N	2.34	0.43
2:B:62:LEU:CG	2:B:63:THR:H	2.27	0.43
3:C:9:ILE:C	3:C:9:ILE:HD13	2.39	0.43
1:A:504:LYS:CG	1:A:504:LYS:O	2.66	0.43
1:A:505:GLU:O	1:A:507:ILE:N	2.52	0.43
3:C:89:GLU:OE2	3:C:89:GLU:CA	2.66	0.43
1:A:195:LYS:HB3	1:A:195:LYS:HE3	1.76	0.43
1:A:249:ILE:HG22	1:A:251:ILE:HG22	1.99	0.43
1:A:254:GLY:N	1:A:258:LYS:O	2.49	0.43
1:A:299:ASN:HD22	1:A:299:ASN:C	2.19	0.43
1:A:324:ILE:CD1	1:A:325:ASP:N	2.78	0.43
1:A:311:TYR:HB2	1:A:358:LEU:HB3	2.01	0.43
1:A:606:GLU:CD	1:A:606:GLU:N	2.70	0.43
1:A:395:ASP:HB3	1:A:611:LEU:CD2	2.48	0.43
1:A:681:GLN:C	1:A:683:GLY:N	2.72	0.43
1:A:763:VAL:O	1:A:763:VAL:HG13	2.18	0.43

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
3:C:106:GLU:CA	3:C:106:GLU:OE1	2.66	0.43
1:A:26:ALA:O	1:A:28:PHE:HB2	2.17	0.43
1:A:368:ARG:HD3	1:A:371:GLU:HB3	2.00	0.43
1:A:479:ILE:C	1:A:481:TYR:N	2.72	0.43
1:A:49:GLN:N	1:A:58:VAL:CG2	2.80	0.43
1:A:606:GLU:OE1	1:A:607:ASN:N	2.52	0.43
1:A:834:ALA:O	1:A:835:LYS:C	2.57	0.43
3:C:66:PHE:O	3:C:67:GLU:C	2.58	0.43
1:A:214:LYS:HG2	1:A:215:GLY:H	1.83	0.43
2:B:28:GLU:O	2:B:29:ALA:HB3	2.19	0.43
1:A:660:MET:O	1:A:662:ASN:N	2.50	0.43
1:A:250:ARG:O	1:A:250:ARG:CG	2.63	0.43
1:A:340:LEU:CB	1:A:447:THR:CG2	2.97	0.43
1:A:606:GLU:CB	1:A:610:SER:N	2.79	0.43
1:A:836:VAL:HG13	1:A:836:VAL:O	2.19	0.43
1:A:721:GLN:NE2	1:A:722:ARG:HA	2.34	0.43
2:B:115:ILE:HD12	2:B:145:PHE:CD2	2.54	0.43
2:B:112:ILE:O	2:B:115:ILE:N	2.51	0.43
1:A:770:LEU:HD12	1:A:770:LEU:HA	1.72	0.43
1:A:182:LYS:O	1:A:184:GLU:N	2.50	0.42
1:A:26:ALA:C	1:A:28:PHE:H	2.22	0.42
1:A:286:ILE:HG23	1:A:287:PHE:H	1.83	0.42
1:A:340:LEU:CB	1:A:447:THR:HB	2.44	0.42
1:A:608:VAL:C	1:A:609:VAL:HG23	2.39	0.42
1:A:647:THR:O	1:A:650:ALA:HB3	2.19	0.42
2:B:34:ASP:OD2	2:B:41:ILE:CD1	2.67	0.42
3:C:46:ARG:O	3:C:50:VAL:HG22	2.19	0.42
1:A:72:ASP:OD2	1:A:72:ASP:O	2.37	0.42
1:A:184:GLU:CG	1:A:188:LYS:NZ	2.81	0.42
1:A:306:PRO:C	1:A:311:TYR:OH	2.57	0.42
1:A:352:LYS:O	1:A:355:ALA:N	2.52	0.42
1:A:398:LYS:H	1:A:401:LEU:HD12	1.84	0.42
1:A:455:ASN:HB3	1:A:456:TYR:CE2	2.53	0.42
1:A:49:GLN:O	1:A:58:VAL:HG22	2.19	0.42
3:C:9:ILE:HG23	3:C:10:ASP:N	2.35	0.42
1:A:502:TYR:C	1:A:507:ILE:O	2.58	0.42
1:A:507:ILE:HG22	1:A:759:GLY:CA	2.49	0.42
1:A:715:ILE:HA	1:A:762:LYS:CB	2.40	0.42
3:C:127:ILE:O	3:C:128:ASN:OD1	2.38	0.42
1:A:217:LEU:HB3	1:A:218:GLU:H	1.59	0.42
1:A:495:PHE:CE2	1:A:513:ASP:N	2.87	0.42
3:C:12:LEU:O	3:C:15:VAL:N	2.48	0.42

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:214:LYS:CG	1:A:215:GLY:H	2.32	0.42
2:B:124:ASP:OD1	3:C:25:ARG:CZ	2.67	0.42
1:A:120:CYS:O	1:A:121:ILE:C	2.58	0.42
1:A:191:MET:HG2	1:A:191:MET:H	1.65	0.42
1:A:370:ARG:HG2	1:A:370:ARG:O	2.16	0.42
1:A:465:GLY:O	1:A:466:PHE:HB3	2.19	0.42
1:A:620:VAL:CA	1:A:623:LEU:HD13	2.50	0.42
2:B:129:ASP:OD1	2:B:132:ARG:NH1	2.51	0.42
3:C:143:GLU:HG2	3:C:144:GLU:N	2.35	0.42
1:A:106:ARG:HE	1:A:111:LEU:HD12	1.78	0.42
1:A:221:ILE:N	1:A:221:ILE:CD1	2.83	0.42
1:A:239:ASN:C	1:A:240:ASN:ND2	2.72	0.42
1:A:255:PRO:CD	1:A:256:THR:H	2.31	0.42
1:A:305:THR:HG1	1:A:306:PRO:HD2	1.80	0.42
1:A:367:GLN:OE1	1:A:418:LEU:HB3	2.19	0.42
1:A:423:ASN:O	1:A:424:SER:C	2.57	0.42
1:A:532:LEU:HD23	1:A:533:SER:H	1.75	0.42
1:A:550:GLN:O	1:A:551:ASP:C	2.57	0.42
2:B:131:MET:SD	2:B:135:PHE:HE2	2.42	0.42
1:A:571:THR:HG23	1:A:572:ARG:H	1.85	0.42
2:B:112:ILE:O	2:B:113:GLU:C	2.57	0.42
1:A:26:ALA:CB	1:A:27:PRO:HD3	2.27	0.42
1:A:437:PHE:O	1:A:438:ASN:C	2.57	0.42
1:A:645:PHE:HA	1:A:645:PHE:HD2	1.66	0.42
1:A:833:TYR:C	1:A:833:TYR:CD2	2.92	0.42
1:A:361:GLY:O	1:A:363:MET:HG3	2.20	0.42
1:A:124:ASN:O	1:A:126:TYR:HE1	2.03	0.42
1:A:367:GLN:CA	1:A:418:LEU:HD13	2.50	0.42
1:A:399:ALA:C	1:A:403:PRO:HG3	2.40	0.42
1:A:530:GLY:O	1:A:534:ILE:CG2	2.67	0.42
1:A:391:ILE:CG2	1:A:611:LEU:HD21	2.46	0.42
1:A:1:MET:O	1:A:2:ASN:CB	2.67	0.42
1:A:790:ALA:O	3:C:44:ASN:OD1	2.37	0.42
3:C:129:LEU:N	3:C:129:LEU:HD12	2.32	0.42
1:A:705:ILE:O	1:A:708:LYS:HB2	2.20	0.42
1:A:192:TYR:HD1	1:A:193:LEU:N	2.18	0.42
1:A:303:LEU:HD11	1:A:384:LYS:CD	2.50	0.42
1:A:519:GLN:O	1:A:521:CYS:N	2.53	0.42
1:A:623:LEU:HD13	1:A:624:PHE:HE1	1.84	0.42
1:A:827:TRP:HE3	1:A:830:TRP:HB2	1.84	0.42
1:A:814:ILE:HG23	1:A:818:ILE:HD13	2.00	0.42
1:A:829:TRP:HA	1:A:829:TRP:CE3	2.54	0.42

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:265:GLU:O	1:A:266:THR:HG23	2.20	0.42
1:A:125:PRO:C	1:A:127:ARG:N	2.73	0.42
1:A:273:ARG:HH22	1:A:281:GLU:HG2	1.85	0.42
1:A:310:LEU:O	1:A:311:TYR:C	2.57	0.42
1:A:290:ILE:CB	1:A:330:PHE:CE1	3.02	0.42
1:A:404:LYS:N	1:A:404:LYS:HD3	2.35	0.42
1:A:50:SER:HB2	1:A:52:LYS:H	1.85	0.42
1:A:527:LYS:HD3	1:A:530:GLY:CA	2.49	0.42
1:A:552:TYR:C	1:A:554:TYR:N	2.68	0.42
1:A:34:CYS:HB3	1:A:77:MET:H	1.85	0.42
1:A:804:LEU:HD12	1:A:804:LEU:O	2.20	0.42
1:A:807:GLN:HB3	3:C:22:TRP:CH2	2.54	0.42
1:A:719:PHE:HD2	1:A:742:SER:OG	2.02	0.42
1:A:107:TYR:O	1:A:109:ALA:N	2.53	0.42
1:A:311:TYR:CA	1:A:362:GLU:OE2	2.53	0.42
1:A:284:TYR:CE2	1:A:433:TYR:HE2	2.38	0.42
1:A:474:PHE:N	1:A:596:TRP:CZ2	2.88	0.42
1:A:531:ILE:O	1:A:534:ILE:N	2.53	0.42
1:A:579:HIS:HB3	1:A:592:SER:CB	2.50	0.42
1:A:599:LYS:O	1:A:600:ASN:C	2.56	0.42
1:A:7:ASP:N	1:A:9:ASP:N	2.55	0.42
1:A:728:PRO:HG2	1:A:729:ASN:H	1.85	0.42
3:C:78:ASP:O	3:C:79:CYS:C	2.58	0.42
1:A:731:ILE:HG22	1:A:732:PRO:CD	2.49	0.42
2:B:151:VAL:HA	2:B:154:ILE:HG13	2.02	0.42
1:A:406:LYS:O	1:A:409:THR:O	2.38	0.42
3:C:130:THR:O	3:C:148:LYS:HD3	2.19	0.42
1:A:229:GLU:CA	1:A:232:GLY:C	2.67	0.41
1:A:368:ARG:O	1:A:369:PRO:C	2.59	0.41
1:A:445:ASN:O	1:A:446:ARG:C	2.58	0.41
1:A:479:ILE:O	1:A:483:ASN:N	2.53	0.41
1:A:491:ASN:HD22	1:A:491:ASN:N	2.17	0.41
1:A:77:MET:HE3	1:A:78:ASN:HB2	2.02	0.41
1:A:524:LEU:CD2	1:A:524:LEU:C	2.88	0.41
3:C:135:ASP:O	3:C:137:GLU:N	2.52	0.41
1:A:409:THR:HB	1:A:410:GLU:H	1.57	0.41
1:A:144:ARG:HH21	1:A:147:GLU:HG3	1.83	0.41
1:A:303:LEU:O	1:A:304:ILE:C	2.59	0.41
1:A:337:PHE:CB	1:A:342:PHE:CE2	3.01	0.41
1:A:473:SER:OG	1:A:474:PHE:N	2.52	0.41
1:A:546:ASP:OD1	1:A:597:LEU:HD11	2.20	0.41
2:B:136:LYS:HE3	2:B:136:LYS:HA	2.02	0.41

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:744:LYS:O	1:A:748:GLY:N	2.41	0.41
3:C:147:LYS:HG2	3:C:147:LYS:H	1.67	0.41
3:C:103:SER:C	3:C:105:ALA:N	2.73	0.41
1:A:247:LYS:CG	1:A:248:PHE:H	2.34	0.41
1:A:273:ARG:HG3	1:A:284:TYR:HE1	1.75	0.41
1:A:26:ALA:CB	1:A:27:PRO:CD	2.70	0.41
1:A:328:GLU:HB3	1:A:332:LEU:HG	2.01	0.41
1:A:472:ASN:HA	1:A:476:GLN:HG2	2.03	0.41
1:A:487:GLN:O	1:A:490:PHE:HB3	2.20	0.41
1:A:675:ILE:CB	1:A:693:GLN:NE2	2.83	0.41
1:A:78:ASN:CB	1:A:82:PHE:HB3	2.43	0.41
1:A:723:TYR:HB3	1:A:726:LEU:CD1	2.43	0.41
1:A:777:ARG:O	1:A:780:ARG:N	2.52	0.41
1:A:783:LYS:HZ1	3:C:46:ARG:NH1	2.19	0.41
1:A:216:SER:CB	1:A:219:ASP:OD2	2.68	0.41
1:A:524:LEU:C	1:A:524:LEU:HD23	2.40	0.41
1:A:111:LEU:C	1:A:112:ILE:HG23	2.40	0.41
1:A:129:LEU:HB2	1:A:131:ILE:CD1	2.49	0.41
1:A:190:ILE:CD1	1:A:218:GLU:HB3	2.38	0.41
1:A:412:VAL:CG1	1:A:413:THR:H	2.28	0.41
1:A:462:ASP:OD2	1:A:463:ILE:N	2.53	0.41
1:A:77:MET:CG	1:A:98:SER:HA	2.42	0.41
1:A:98:SER:OG	1:A:99:VAL:N	2.52	0.41
2:B:64:ALA:C	2:B:66:LEU:H	2.22	0.41
1:A:802:LYS:HA	1:A:805:GLN:CG	2.49	0.41
3:C:13:LYS:CG	3:C:14:ASP:N	2.84	0.41
3:C:94:PHE:CB	3:C:102:ILE:HD11	2.50	0.41
2:B:115:ILE:HD12	2:B:145:PHE:CG	2.55	0.41
1:A:829:TRP:HA	1:A:829:TRP:HE3	1.85	0.41
1:A:194:ALA:HA	1:A:197:ALA:CB	2.49	0.41
1:A:304:ILE:HD13	1:A:311:TYR:CE2	2.56	0.41
1:A:333:CYS:SG	1:A:334:ASP:N	2.92	0.41
1:A:368:ARG:CD	1:A:373:GLN:HB2	2.51	0.41
1:A:439:TRP:CD1	1:A:623:LEU:CG	3.02	0.41
1:A:50:SER:O	1:A:52:LYS:CA	2.68	0.41
1:A:514:PHE:O	1:A:516:MET:N	2.53	0.41
1:A:95:ASN:OD1	1:A:98:SER:CB	2.59	0.41
1:A:821:TRP:CE3	1:A:822:LEU:HB2	2.55	0.41
1:A:144:ARG:O	1:A:145:LYS:C	2.58	0.41
1:A:153:PHE:HB3	1:A:192:TYR:CE2	2.56	0.41
1:A:162:ASN:O	1:A:166:ASP:HB2	2.20	0.41
1:A:328:GLU:O	1:A:329:GLU:C	2.59	0.41

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:337:PHE:CD2	1:A:342:PHE:CZ	3.09	0.41
1:A:448:LEU:HG	1:A:448:LEU:H	1.66	0.41
1:A:495:PHE:HA	1:A:514:PHE:CE2	2.55	0.41
1:A:92:THR:O	1:A:93:TYR:C	2.57	0.41
3:C:127:ILE:O	3:C:128:ASN:CB	2.68	0.41
2:B:69:ALA:N	2:B:70:PRO:HD3	2.34	0.41
3:C:136:LEU:HB2	3:C:137:GLU:H	1.77	0.41
1:A:486:LEU:HA	1:A:486:LEU:HD12	1.68	0.41
1:A:696:CYS:O	1:A:697:ASN:C	2.57	0.41
2:B:131:MET:O	2:B:134:THR:OG1	2.28	0.41
3:C:58:LYS:HB2	3:C:61:GLU:CD	2.41	0.41
3:C:50:VAL:O	3:C:53:VAL:HG23	2.20	0.41
1:A:477:LEU:HD13	1:A:477:LEU:C	2.41	0.41
1:A:113:TYR:HE2	1:A:151:HIS:CD2	2.39	0.41
1:A:191:MET:SD	1:A:218:GLU:OE1	2.79	0.41
1:A:220:GLN:C	1:A:222:ILE:H	2.24	0.41
1:A:324:ILE:HG12	1:A:325:ASP:N	2.36	0.41
1:A:353:CYS:O	1:A:356:SER:OG	2.38	0.41
1:A:359:HIS:O	1:A:362:GLU:CG	2.62	0.41
1:A:445:ASN:HD22	1:A:446:ARG:H	1.68	0.41
1:A:532:LEU:HD23	1:A:533:SER:OG	2.19	0.41
1:A:619:LEU:CD2	1:A:619:LEU:H	2.25	0.41
1:A:85:LEU:N	1:A:85:LEU:HD23	2.36	0.41
2:B:41:ILE:HD11	2:B:43:ILE:O	2.20	0.41
2:B:64:ALA:C	2:B:66:LEU:N	2.74	0.41
3:C:70:LEU:HD23	3:C:71:PRO:HG3	2.02	0.41
1:A:728:PRO:C	1:A:730:ALA:H	2.24	0.41
3:C:43:ILE:CG1	3:C:45:PRO:HD3	2.49	0.41
2:B:103:ASP:HB2	2:B:110:LEU:HD22	2.02	0.41
1:A:569:LYS:CB	1:A:569:LYS:NZ	2.68	0.41
1:A:20:MET:H	1:A:20:MET:HG2	1.68	0.41
1:A:277:GLN:HE22	1:A:282:ARG:HA	1.84	0.41
1:A:440:LEU:O	1:A:444:VAL:HG13	2.20	0.41
1:A:479:ILE:C	1:A:482:THR:H	2.24	0.41
1:A:535:LEU:HD21	1:A:600:ASN:HD21	1.81	0.41
1:A:297:GLU:CG	1:A:298:LEU:CD1	2.86	0.41
1:A:340:LEU:HG	1:A:447:THR:HG22	2.02	0.41
1:A:472:ASN:HD21	1:A:590:PRO:HD2	1.86	0.41
1:A:565:THR:HB	1:A:566:LYS:H	1.58	0.41
1:A:501:GLU:C	1:A:503:LYS:N	2.70	0.41
1:A:797:ILE:C	1:A:799:LYS:N	2.73	0.41
2:B:117:ASP:OD1	2:B:117:ASP:O	2.38	0.41

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:24:GLN:O	1:A:24:GLN:HG2	2.21	0.41
2:B:77:MET:HG3	2:B:81:ILE:HG23	2.03	0.41
2:B:94:THR:HG22	2:B:95:ILE:N	2.35	0.41
1:A:124:ASN:HB3	1:A:126:TYR:CE1	2.56	0.41
1:A:220:GLN:HB3	1:A:221:ILE:H	1.72	0.41
1:A:290:ILE:HG22	1:A:330:PHE:CE1	2.55	0.41
1:A:296:PRO:HD2	1:A:299:ASN:HB2	2.03	0.41
1:A:328:GLU:H	1:A:328:GLU:HG3	1.52	0.41
1:A:392:ASN:O	1:A:395:ASP:HB2	2.21	0.41
1:A:802:LYS:O	1:A:803:LYS:C	2.58	0.41
3:C:90:ALA:O	3:C:94:PHE:HD1	2.04	0.41
2:B:151:VAL:O	2:B:152:ALA:C	2.58	0.41
1:A:323:ASN:ND2	1:A:323:ASN:C	2.74	0.41
1:A:151:HIS:CD2	1:A:153:PHE:CZ	3.09	0.40
1:A:192:TYR:C	1:A:194:ALA:N	2.74	0.40
1:A:367:GLN:HG2	1:A:418:LEU:CG	2.49	0.40
1:A:370:ARG:NH2	1:A:371:GLU:OE1	2.55	0.40
1:A:398:LYS:O	1:A:403:PRO:N	2.54	0.40
1:A:447:THR:HG23	1:A:448:LEU:H	1.86	0.40
2:B:44:ASN:O	2:B:45:ASP:C	2.59	0.40
2:B:62:LEU:N	2:B:62:LEU:CD2	2.84	0.40
1:A:113:TYR:O	1:A:150:PRO:CB	2.70	0.40
1:A:124:ASN:C	1:A:126:TYR:CD1	2.94	0.40
1:A:357:ILE:CD1	1:A:358:LEU:N	2.85	0.40
1:A:716:TYR:CE1	1:A:762:LYS:C	2.95	0.40
3:C:116:GLU:HA	3:C:117:ARG:HH21	1.86	0.40
1:A:813:VAL:HG11	2:B:98:ALA:HB2	2.03	0.40
1:A:731:ILE:CG2	1:A:732:PRO:CD	2.96	0.40
1:A:100:LEU:HD12	1:A:103:LEU:CD1	2.51	0.40
1:A:185:ASN:O	1:A:189:VAL:N	2.35	0.40
1:A:189:VAL:C	1:A:190:ILE:CG1	2.90	0.40
1:A:222:ILE:H	1:A:222:ILE:HD13	1.87	0.40
1:A:311:TYR:O	1:A:311:TYR:CD1	2.74	0.40
1:A:338:ASP:N	1:A:342:PHE:HE2	2.20	0.40
1:A:352:LYS:O	1:A:356:SER:N	2.39	0.40
1:A:484:GLU:HA	1:A:585:TYR:CE2	2.55	0.40
1:A:487:GLN:C	1:A:489:PHE:N	2.73	0.40
1:A:49:GLN:C	1:A:50:SER:OG	2.59	0.40
1:A:493:HIS:NE2	1:A:668:PRO:HG2	2.37	0.40
1:A:686:ASP:HB3	1:A:689:LEU:HB3	2.02	0.40
1:A:836:VAL:O	1:A:838:PRO:CD	2.67	0.40
1:A:215:GLY:C	1:A:216:SER:OG	2.59	0.40

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Distance(Å)	Clash(Å)
1:A:655:SER:O	1:A:656:LEU:C	2.59	0.40
2:B:90:ASP:CG	2:B:94:THR:HG21	2.41	0.40
1:A:160:TYR:O	1:A:161:GLN:C	2.59	0.40
1:A:233:ASN:HB2	1:A:245:PHE:HE1	1.87	0.40
1:A:320:THR:O	1:A:321:VAL:HG13	2.21	0.40
1:A:322:ASP:C	1:A:324:ILE:H	2.23	0.40
1:A:290:ILE:CB	1:A:330:PHE:CZ	2.79	0.40
1:A:367:GLN:NE2	1:A:368:ARG:N	2.70	0.40
1:A:405:VAL:O	1:A:411:MET:HA	2.22	0.40
1:A:7:ASP:HA	1:A:8:PRO:HA	1.88	0.40
3:C:15:VAL:O	3:C:16:PHE:C	2.57	0.40
1:A:375:GLU:OE2	1:A:377:ASP:HB2	2.21	0.40
1:A:789:GLN:O	1:A:793:ARG:HG2	2.21	0.40
3:C:125:GLU:C	3:C:129:LEU:HD11	2.42	0.40
1:A:18:LYS:O	1:A:19:LYS:CG	2.70	0.40
1:A:829:TRP:O	2:B:82:PHE:HE2	2.05	0.40
2:B:94:THR:O	2:B:97:ASN:HB2	2.21	0.40
1:A:709:GLY:C	1:A:711:PRO:HD3	2.42	0.40
1:A:106:ARG:CZ	1:A:111:LEU:HD12	2.50	0.40
1:A:325:ASP:C	1:A:327:VAL:H	2.24	0.40
1:A:341:GLY:O	1:A:443:ARG:CZ	2.70	0.40
1:A:367:GLN:OE1	1:A:372:GLU:O	2.39	0.40
1:A:400:LEU:HD13	1:A:400:LEU:C	2.41	0.40
1:A:231:TYR:HB3	1:A:437:PHE:CD1	2.57	0.40
1:A:457:TYR:CD2	1:A:457:TYR:N	2.89	0.40
1:A:464:ALA:CB	1:A:479:ILE:CD1	2.99	0.40
1:A:491:ASN:HB2	1:A:515:GLY:HA2	2.02	0.40
1:A:48:ILE:CA	1:A:58:VAL:HG11	2.51	0.40
1:A:48:ILE:O	1:A:58:VAL:HG11	2.21	0.40
1:A:474:PHE:N	1:A:596:TRP:CE2	2.90	0.40
1:A:7:ASP:H	1:A:8:PRO:C	2.24	0.40
1:A:795:TYR:CD1	3:C:126:ILE:CD1	3.04	0.40
2:B:26:MET:C	2:B:28:GLU:N	2.74	0.40
2:B:151:VAL:O	2:B:154:ILE:N	2.55	0.40
1:A:118:LEU:CD1	1:A:118:LEU:N	2.84	0.40
1:A:765:PHE:HB3	1:A:769:VAL:HG11	2.01	0.40

There are no symmetry-related clashes.

5.3 Torsion angles

5.3.1 Protein backbone ⓘ

In the following table, the Percentiles column shows the percent Ramachandran outliers of the chain as a percentile score with respect to all X-ray entries followed by that with respect to entries of similar resolution. The Analysed column shows the number of residues for which the backbone conformation was analysed, and the total number of residues.

Mol	Chain	Analysed	Favoured	Allowed	Outliers	Percentiles	
1	A	784/838 (94%)	329 (42%)	224 (29%)	231 (30%)	0	0
2	B	120/133 (90%)	69 (58%)	31 (26%)	20 (17%)	0	1
3	C	153/156 (98%)	77 (50%)	42 (28%)	34 (22%)	0	0
All	All	1057/1127 (94%)	475 (45%)	297 (28%)	285 (27%)	0	0

All (285) Ramachandran outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	2	ASN
1	A	5	PHE
1	A	7	ASP
1	A	9	ASP
1	A	11	GLN
1	A	14	ALA
1	A	25	THR
1	A	27	PRO
1	A	29	ASP
1	A	39	PRO
1	A	40	LYS
1	A	49	GLN
1	A	50	SER
1	A	51	SER
1	A	52	LYS
1	A	54	GLU
1	A	60	ILE
1	A	61	VAL
1	A	63	ASP
1	A	64	ASN
1	A	66	THR
1	A	78	ASN
1	A	99	VAL
1	A	100	LEU
1	A	101	ASN

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	110	GLY
1	A	126	TYR
1	A	138	ALA
1	A	139	LYS
1	A	149	PRO
1	A	151	HIS
1	A	167	ARG
1	A	168	GLU
1	A	172	CYS
1	A	177	GLU
1	A	180	ALA
1	A	189	VAL
1	A	221	ILE
1	A	229	GLU
1	A	234	ALA
1	A	235	LYS
1	A	239	ASN
1	A	243	SER
1	A	248	PHE
1	A	250	ARG
1	A	260	ALA
1	A	264	ILE
1	A	273	ARG
1	A	284	TYR
1	A	286	ILE
1	A	297	GLU
1	A	301	VAL
1	A	302	MET
1	A	306	PRO
1	A	308	SER
1	A	321	VAL
1	A	323	ASN
1	A	325	ASP
1	A	327	VAL
1	A	338	ASP
1	A	363	MET
1	A	364	LYS
1	A	365	PHE
1	A	372	GLU
1	A	393	ALA
1	A	409	THR
1	A	418	LEU

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	442	LYS
1	A	450	THR
1	A	451	LYS
1	A	455	ASN
1	A	470	ASP
1	A	488	GLN
1	A	501	GLU
1	A	513	ASP
1	A	536	GLU
1	A	538	GLU
1	A	546	ASP
1	A	550	GLN
1	A	554	TYR
1	A	556	ASN
1	A	560	LYS
1	A	562	ARG
1	A	570	PRO
1	A	578	ALA
1	A	579	HIS
1	A	580	PHE
1	A	594	ALA
1	A	601	LYS
1	A	607	ASN
1	A	612	LEU
1	A	674	ILE
1	A	675	ILE
1	A	680	LYS
1	A	685	VAL
1	A	686	ASP
1	A	697	ASN
1	A	761	THR
1	A	825	ARG
2	B	24	GLN
2	B	42	ASP
2	B	46	LEU
2	B	66	LEU
2	B	73	LEU
2	B	76	THR
2	B	112	ILE
2	B	125	ASN
3	C	7	ASP
3	C	53	VAL

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
3	C	55	GLY
3	C	56	THR
3	C	66	PHE
3	C	67	GLU
3	C	68	GLU
3	C	79	CYS
3	C	84	PHE
3	C	92	LYS
3	C	122	GLU
3	C	123	VAL
3	C	134	GLU
3	C	135	ASP
3	C	136	LEU
3	C	143	GLU
3	C	144	GLU
3	C	145	PHE
1	A	3	ILE
1	A	12	TYR
1	A	35	TRP
1	A	56	ILE
1	A	62	SER
1	A	84	LYS
1	A	88	MET
1	A	140	TYR
1	A	190	ILE
1	A	192	TYR
1	A	193	LEU
1	A	209	GLU
1	A	249	ILE
1	A	259	ILE
1	A	263	ASP
1	A	268	LEU
1	A	270	GLU
1	A	289	GLN
1	A	299	ASN
1	A	304	ILE
1	A	307	ASP
1	A	309	GLY
1	A	311	TYR
1	A	328	GLU
1	A	331	LYS
1	A	333	CYS

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	335	GLU
1	A	337	PHE
1	A	341	GLY
1	A	342	PHE
1	A	353	CYS
1	A	377	ASP
1	A	378	GLY
1	A	386	ALA
1	A	391	ILE
1	A	398	LYS
1	A	419	GLN
1	A	421	VAL
1	A	432	LEU
1	A	444	VAL
1	A	458	ILE
1	A	464	ALA
1	A	477	LEU
1	A	487	GLN
1	A	510	GLU
1	A	537	GLU
1	A	555	GLN
1	A	557	HIS
1	A	608	VAL
1	A	614	VAL
1	A	668	PRO
1	A	678	GLU
1	A	687	ALA
1	A	693	GLN
1	A	721	GLN
1	A	759	GLY
1	A	760	THR
1	A	766	LYS
1	A	826	ASN
1	A	828	GLN
2	B	27	LYS
2	B	28	GLU
2	B	41	ILE
3	C	31	ALA
3	C	32	PHE
3	C	52	ALA
3	C	82	GLY
3	C	97	GLU

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
3	C	125	GLU
3	C	128	ASN
3	C	130	THR
3	C	131	ASP
1	A	6	ASN
1	A	26	ALA
1	A	65	SER
1	A	75	GLN
1	A	130	PRO
1	A	164	VAL
1	A	218	GLU
1	A	224	ALA
1	A	272	SER
1	A	330	PHE
1	A	366	LYS
1	A	400	LEU
1	A	420	GLN
1	A	427	ALA
1	A	466	PHE
1	A	528	PRO
1	A	694	LEU
1	A	695	GLN
1	A	712	SER
2	B	116	LYS
3	C	80	GLU
3	C	105	ALA
3	C	155	PRO
1	A	28	PHE
1	A	37	PRO
1	A	93	TYR
1	A	111	LEU
1	A	153	PHE
1	A	171	SER
1	A	176	GLY
1	A	251	ILE
1	A	254	GLY
1	A	279	SER
1	A	358	LEU
1	A	486	LEU
1	A	499	GLN
1	A	500	GLU
1	A	520	MET

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	574	ASN
1	A	664	TYR
1	A	682	PRO
1	A	711	PRO
1	A	753	PRO
1	A	834	ALA
2	B	149	ARG
3	C	34	LEU
1	A	20	MET
1	A	76	GLN
1	A	81	LYS
1	A	298	LEU
1	A	305	THR
1	A	379	THR
1	A	430	LYS
1	A	433	TYR
1	A	456	TYR
1	A	508	GLN
1	A	563	MET
1	A	621	ALA
1	A	661	LYS
1	A	822	LEU
2	B	33	ILE
2	B	128	LYS
2	B	148	VAL
3	C	11	ASP
1	A	219	ASP
1	A	225	ASN
1	A	441	VAL
1	A	453	LYS
1	A	506	GLY
1	A	609	VAL
1	A	676	PRO
2	B	83	SER
3	C	110	VAL
3	C	142	TYR
1	A	403	PRO
2	B	39	GLY
1	A	129	LEU
1	A	255	PRO
2	B	81	ILE
1	A	131	ILE

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	558	ILE
1	A	620	VAL
1	A	681	GLN
2	B	123	GLY
1	A	112	ILE
1	A	573	PRO
1	A	727	ALA
1	A	181	GLY

5.3.2 Protein sidechains ⓘ

In the following table, the Percentiles column shows the percent sidechain outliers of the chain as a percentile score with respect to all X-ray entries followed by that with respect to entries of similar resolution. The Analysed column shows the number of residues for which the sidechain conformation was analysed, and the total number of residues.

Mol	Chain	Analysed	Rotameric	Outliers	Percentiles	
1	A	671/734 (91%)	443 (66%)	228 (34%)	0	1
2	B	102/118 (86%)	76 (74%)	26 (26%)	1	3
3	C	131/132 (99%)	93 (71%)	38 (29%)	0	2
All	All	904/984 (92%)	612 (68%)	292 (32%)	0	1

All (292) residues with a non-rotameric sidechain are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	1	MET
1	A	3	ILE
1	A	12	TYR
1	A	13	LEU
1	A	18	LYS
1	A	20	MET
1	A	21	MET
1	A	22	LYS
1	A	34	CYS
1	A	35	TRP
1	A	38	ASP
1	A	41	GLU
1	A	43	PHE
1	A	45	SER
1	A	47	GLU

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	50	SER
1	A	51	SER
1	A	54	GLU
1	A	58	VAL
1	A	60	ILE
1	A	66	THR
1	A	67	ARG
1	A	69	VAL
1	A	73	ASP
1	A	77	MET
1	A	81	LYS
1	A	84	LYS
1	A	85	LEU
1	A	86	GLU
1	A	98	SER
1	A	103	LEU
1	A	104	ARG
1	A	108	THR
1	A	126	TYR
1	A	128	ARG
1	A	129	LEU
1	A	132	TYR
1	A	134	ASP
1	A	135	SER
1	A	139	LYS
1	A	140	TYR
1	A	141	ARG
1	A	152	LEU
1	A	154	SER
1	A	160	TYR
1	A	163	MET
1	A	166	ASP
1	A	168	GLU
1	A	170	GLN
1	A	172	CYS
1	A	182	LYS
1	A	183	THR
1	A	188	LYS
1	A	191	MET
1	A	198	CYS
1	A	207	GLU
1	A	212	GLN

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	214	LYS
1	A	216	SER
1	A	217	LEU
1	A	218	GLU
1	A	220	GLN
1	A	221	ILE
1	A	222	ILE
1	A	231	TYR
1	A	233	ASN
1	A	236	THR
1	A	238	ARG
1	A	245	PHE
1	A	251	ILE
1	A	252	HIS
1	A	253	PHE
1	A	255	PRO
1	A	256	THR
1	A	258	LYS
1	A	264	ILE
1	A	266	THR
1	A	267	TYR
1	A	268	LEU
1	A	269	LEU
1	A	273	ARG
1	A	274	VAL
1	A	297	GLU
1	A	299	ASN
1	A	301	VAL
1	A	302	MET
1	A	303	LEU
1	A	307	ASP
1	A	311	TYR
1	A	312	SER
1	A	315	ASN
1	A	321	VAL
1	A	323	ASN
1	A	324	ILE
1	A	326	ASP
1	A	329	GLU
1	A	330	PHE
1	A	332	LEU
1	A	335	GLU

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	337	PHE
1	A	338	ASP
1	A	340	LEU
1	A	345	GLU
1	A	346	GLU
1	A	350	MET
1	A	353	CYS
1	A	360	MET
1	A	362	GLU
1	A	363	MET
1	A	365	PHE
1	A	366	LYS
1	A	367	GLN
1	A	370	ARG
1	A	371	GLU
1	A	379	THR
1	A	385	VAL
1	A	389	CYS
1	A	395	ASP
1	A	396	LEU
1	A	398	LYS
1	A	401	LEU
1	A	402	LYS
1	A	404	LYS
1	A	409	THR
1	A	413	THR
1	A	414	LYS
1	A	418	LEU
1	A	423	ASN
1	A	429	SER
1	A	439	TRP
1	A	443	ARG
1	A	445	ASN
1	A	447	THR
1	A	448	LEU
1	A	449	ASP
1	A	451	LYS
1	A	454	ARG
1	A	462	ASP
1	A	463	ILE
1	A	469	PHE
1	A	477	LEU

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	488	GLN
1	A	491	ASN
1	A	500	GLU
1	A	504	LYS
1	A	507	ILE
1	A	508	GLN
1	A	509	TRP
1	A	511	PHE
1	A	512	ILE
1	A	514	PHE
1	A	517	ASP
1	A	519	GLN
1	A	521	CYS
1	A	523	ASP
1	A	524	LEU
1	A	526	GLU
1	A	531	ILE
1	A	532	LEU
1	A	534	ILE
1	A	535	LEU
1	A	541	PHE
1	A	546	ASP
1	A	550	GLN
1	A	551	ASP
1	A	552	TYR
1	A	563	MET
1	A	569	LYS
1	A	570	PRO
1	A	571	THR
1	A	572	ARG
1	A	573	PRO
1	A	574	ASN
1	A	580	PHE
1	A	588	ASN
1	A	589	VAL
1	A	593	ILE
1	A	597	LEU
1	A	599	LYS
1	A	601	LYS
1	A	602	ASP
1	A	606	GLU
1	A	617	GLU

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	623	LEU
1	A	645	PHE
1	A	646	GLN
1	A	648	ILE
1	A	654	GLU
1	A	656	LEU
1	A	662	ASN
1	A	666	THR
1	A	678	GLU
1	A	685	VAL
1	A	693	GLN
1	A	697	ASN
1	A	703	ILE
1	A	706	CYS
1	A	713	ARG
1	A	714	LEU
1	A	717	SER
1	A	720	LYS
1	A	722	ARG
1	A	724	SER
1	A	737	ASP
1	A	755	GLU
1	A	760	THR
1	A	764	PHE
1	A	766	LYS
1	A	769	VAL
1	A	770	LEU
1	A	778	ASP
1	A	779	GLU
1	A	781	LEU
1	A	783	LYS
1	A	792	ILE
1	A	793	ARG
1	A	797	ILE
1	A	804	LEU
1	A	813	VAL
1	A	820	LYS
1	A	823	VAL
1	A	825	ARG
1	A	830	TRP
1	A	832	LEU
1	A	833	TYR

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	836	VAL
1	A	837	LYS
1	A	838	PRO
2	B	27	LYS
2	B	33	ILE
2	B	38	ASP
2	B	40	PHE
2	B	41	ILE
2	B	45	ASP
2	B	47	LYS
2	B	56	THR
2	B	63	THR
2	B	73	LEU
2	B	77	MET
2	B	83	SER
2	B	84	ASP
2	B	85	LYS
2	B	86	LEU
2	B	90	ASP
2	B	92	GLU
2	B	95	ILE
2	B	97	ASN
2	B	108	LYS
2	B	125	ASN
2	B	127	ASN
2	B	136	LYS
2	B	137	GLU
2	B	153	MET
2	B	155	LYS
3	C	4	LEU
3	C	6	GLN
3	C	7	ASP
3	C	9	ILE
3	C	10	ASP
3	C	11	ASP
3	C	21	PHE
3	C	33	LYS
3	C	34	LEU
3	C	41	LEU
3	C	43	ILE
3	C	50	VAL
3	C	59	MET

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
3	C	61	GLU
3	C	64	LEU
3	C	66	PHE
3	C	67	GLU
3	C	70	LEU
3	C	73	TYR
3	C	76	LEU
3	C	78	ASP
3	C	83	THR
3	C	86	ASP
3	C	89	GLU
3	C	93	THR
3	C	96	ARG
3	C	99	GLN
3	C	102	ILE
3	C	106	GLU
3	C	107	LEU
3	C	111	LEU
3	C	117	ARG
3	C	124	ASP
3	C	126	ILE
3	C	129	LEU
3	C	131	ASP
3	C	135	ASP
3	C	136	LEU

Some sidechains can be flipped to improve hydrogen bonding and reduce clashes. All (35) such sidechains are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	2	ASN
1	A	24	GLN
1	A	33	ASN
1	A	95	ASN
1	A	102	ASN
1	A	158	ASN
1	A	162	ASN
1	A	212	GLN
1	A	220	GLN
1	A	239	ASN
1	A	240	ASN
1	A	252	HIS
1	A	323	ASN

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	438	ASN
1	A	445	ASN
1	A	472	ASN
1	A	480	ASN
1	A	483	ASN
1	A	491	ASN
1	A	519	GLN
1	A	557	HIS
1	A	574	ASN
1	A	646	GLN
1	A	662	ASN
1	A	669	HIS
1	A	681	GLN
1	A	697	ASN
1	A	721	GLN
1	A	789	GLN
1	A	805	GLN
1	A	815	GLN
2	B	97	ASN
2	B	111	ASN
3	C	81	GLN
3	C	99	GLN

5.3.3 RNA ⓘ

There are no RNA chains in this entry.

5.4 Non-standard residues in protein, DNA, RNA chains ⓘ

There are no non-standard protein/DNA/RNA residues in this entry.

5.5 Carbohydrates ⓘ

There are no carbohydrates in this entry.

5.6 Ligand geometry ⓘ

Of 1 ligands modelled in this entry, 1 is monoatomic - leaving 0 for Mogul analysis.

There are no bond length outliers.

There are no bond angle outliers.

There are no chirality outliers.

There are no torsion outliers.

There are no ring outliers.

5.7 Other polymers ⓘ

There are no such residues in this entry.

5.8 Polymer linkage issues

There are no chain breaks in this entry.

6 Fit of model and data ⓘ

6.1 Protein, DNA and RNA chains ⓘ

In the following table, the column labelled ‘#RSRZ> 2’ contains the number (and percentage) of RSRZ outliers, followed by percent RSRZ outliers for the chain as percentile scores relative to all X-ray entries and entries of similar resolution. The OWAB column contains the minimum, median, 95th percentile and maximum values of the occupancy-weighted average B-factor per residue. The column labelled ‘Q< 0.9’ lists the number of (and percentage) of residues with an average occupancy less than 0.9.

Mol	Chain	Analysed	<RSRZ>	#RSRZ>2	OWAB(Å ²)	Q<0.9
1	A	802/838 (95%)	-0.01	2 (0%) 93 67	0, 45, 83, 97	0
2	B	126/133 (94%)	0.06	3 (2%) 56 14	0, 19, 87, 100	0
3	C	155/156 (99%)	-0.23	0 100 100	0, 16, 38, 48	0
All	All	1083/1127 (96%)	-0.04	5 (0%) 88 48	0, 38, 84, 100	0

All (5) RSRZ outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	RSRZ
2	B	34	ASP	2.8
2	B	32	MET	2.3
1	A	453	LYS	2.2
2	B	71	GLY	2.1
1	A	331	LYS	2.1

6.2 Non-standard residues in protein, DNA, RNA chains ⓘ

There are no non-standard protein/DNA/RNA residues in this entry.

6.3 Carbohydrates ⓘ

There are no carbohydrates in this entry.

6.4 Ligands ⓘ

In the following table, the Atoms column lists the number of modelled atoms in the group and the number defined in the chemical component dictionary. LLDF column lists the quality of electron density of the group with respect to its neighbouring residues in protein, DNA or RNA chains. The B-factors column lists the minimum, median, 95th percentile and maximum values of B factors

of atoms in the group. The column labelled 'Q < 0.9' lists the number of atoms with occupancy less than 0.9.

Mol	Type	Chain	Res	Atoms	RSR	LLDF	B-factors(\AA^2)	Q<0.9
4	CA	C	1	1/1	0.31	1.49	23,23,23,23	0

6.5 Other polymers ⓘ

There are no such residues in this entry.