



# Full wwPDB NMR Structure Validation Report ⓘ

Apr 26, 2016 – 07:14 PM BST

PDB ID : 2BZM  
Title : SOLUTION STRUCTURE OF THE PRIMARY HOST RECOGNITION REGION OF COMPLEMENT FACTOR H  
Authors : Herbert, A.P.; Uhrin, D.; Lyon, M.; Pangburn, M.K.; Barlow, P.N.  
Deposited on : 2005-08-18

This is a Full wwPDB NMR Structure Validation Report for a publicly released PDB entry.  
We welcome your comments at [validation@mail.wwpdb.org](mailto:validation@mail.wwpdb.org)  
A user guide is available at  
<http://wwpdb.org/validation/2016/NMRValidationReportHelp>  
with specific help available everywhere you see the ⓘ symbol.

---

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

Cyrange : Kirchner and Güntert (2011)  
NmrClust : Kelley et al. (1996)  
MolProbity : 4.02b-467  
Mogul : unknown  
Percentile statistics : 20151230.v01 (using entries in the PDB archive December 30th 2015)  
RCI : v\_1n\_11\_5\_13\_A (Berjanski et al., 2005)  
PANAV : Wang et al. (2010)  
ShiftChecker : rb-20027457  
Ideal geometry (proteins) : Engh & Huber (2001)  
Ideal geometry (DNA, RNA) : Parkinson et al. (1996)  
Validation Pipeline (wwPDB-VP) : rb-20027457

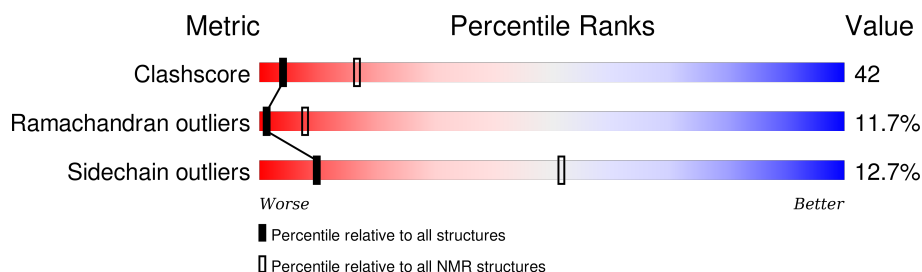
# 1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:

*SOLUTION NMR*

The overall completeness of chemical shifts assignment was not calculated.

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)	NMR archive (#Entries)
Clashscore	114402	11133
Ramachandran outliers	111179	9975
Sidechain outliers	111093	9958

The table below summarises the geometric issues observed across the polymeric chains and their fit to the experimental data. The red, orange, yellow and green segments indicate the fraction of residues that contain outliers for  $\geq 3$ , 2, 1 and 0 types of geometric quality criteria. A cyan segment indicates the fraction of residues that are not part of the well-defined cores, and a grey segment represents the fraction of residues that are not modelled. The numeric value for each fraction is indicated below the corresponding segment, with a dot representing fractions  $\leq 5\%$

Mol	Chain	Length	Quality of chain
1	A	129	<div> <div></div> <div>24%</div> <div>63%</div> <div>10%</div> <div>.</div> </div>

## 2 Ensemble composition and analysis

This entry contains 26 models. Model 17 is the overall representative, medoid model (most similar to other models). The authors have identified model 1 as representative.

The following residues are included in the computation of the global validation metrics.

Well-defined (core) protein residues			
Well-defined core	Residue range (total)	Backbone RMSD (Å)	Medoid model
1	A:1107-A:1231 (125)	0.81	17

Ill-defined regions of proteins are excluded from the global statistics.

Ligands and non-protein polymers are included in the analysis.

The models can be grouped into 5 clusters and 2 single-model clusters were found.

Cluster number	Models
1	8, 9, 10, 12, 17, 25, 26
2	3, 11, 14, 18, 20, 24
3	2, 5, 21, 22
4	7, 15, 16, 19
5	1, 6, 13
Single-model clusters	4; 23

### 3 Entry composition [i](#)

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 2040 atoms, of which 1006 are hydrogens and 0 are deuteriums.

- Molecule 1 is a protein called COMPLEMENT FACTOR H.

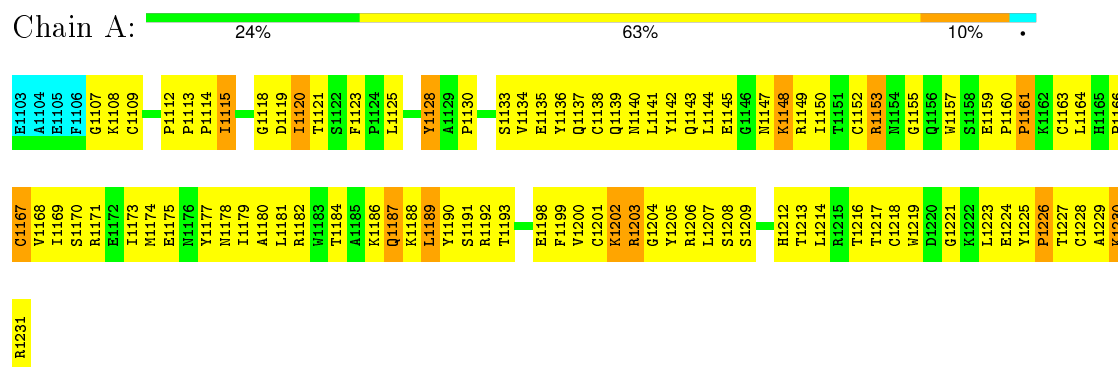
Mol	Chain	Residues	Atoms						Trace
1	A	129	Total	C	H	N	O	S	0
			2040	647	1006	185	193	9	

## 4 Residue-property plots

### 4.1 Average score per residue in the NMR ensemble

These plots are provided for all protein, RNA and DNA chains in the entry. The first graphic is the same as shown in the summary in section 1 of this report. The second graphic shows the sequence where residues are colour-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. Stretches of 2 or more consecutive residues without any outliers are shown as green connectors. Residues which are classified as ill-defined in the NMR ensemble, are shown in cyan with an underline colour-coded according to the previous scheme. Residues which were present in the experimental sample, but not modelled in the final structure are shown in grey.

- Molecule 1: COMPLEMENT FACTOR H

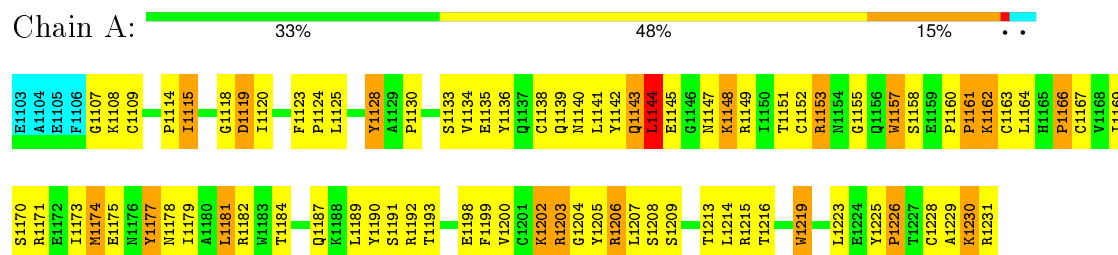


### 4.2 Scores per residue for each member of the ensemble

Colouring as in section 4.1 above.

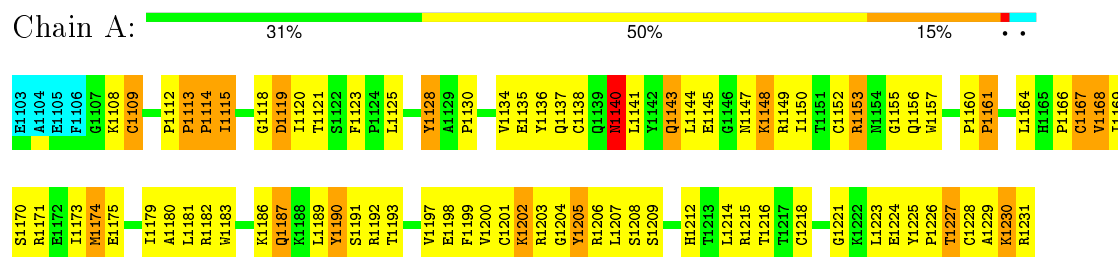
#### 4.2.1 Score per residue for model 1

- Molecule 1: COMPLEMENT FACTOR H



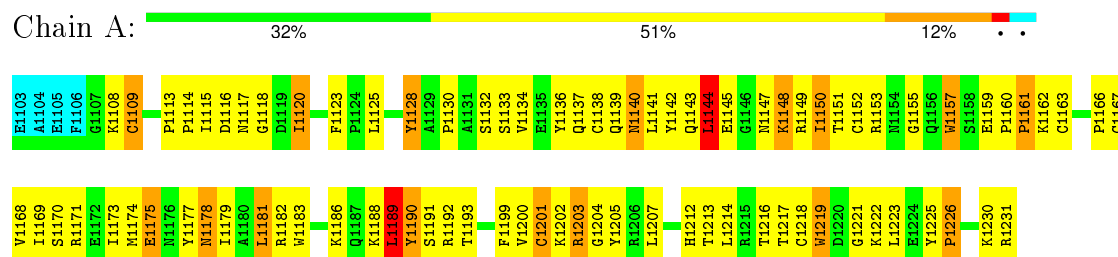
#### 4.2.2 Score per residue for model 2

- Molecule 1: COMPLEMENT FACTOR H



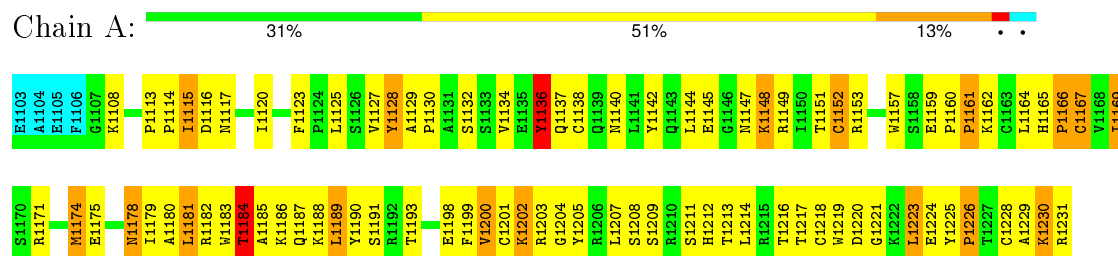
#### 4.2.3 Score per residue for model 3

- Molecule 1: COMPLEMENT FACTOR H



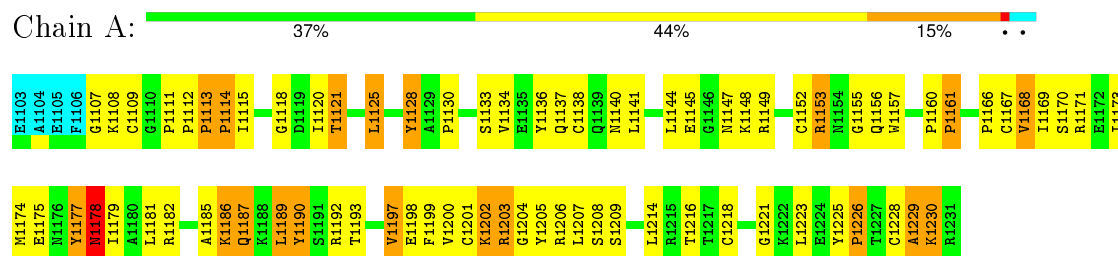
#### 4.2.4 Score per residue for model 4

- Molecule 1: COMPLEMENT FACTOR H



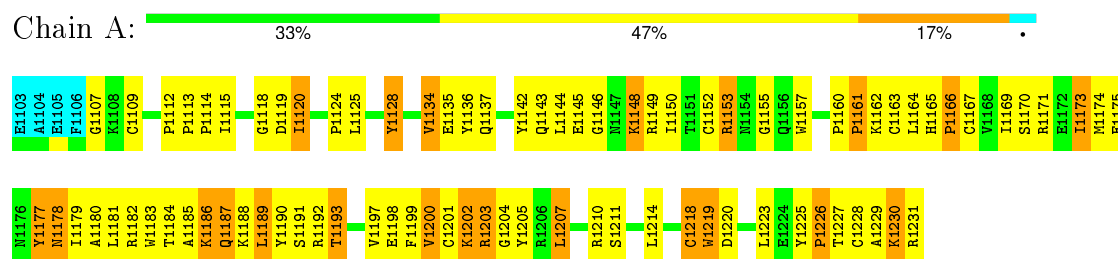
#### 4.2.5 Score per residue for model 5

- Molecule 1: COMPLEMENT FACTOR H



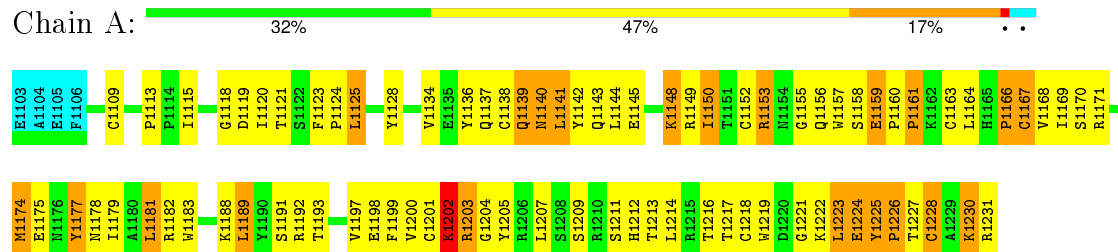
### 4.2.6 Score per residue for model 6

- Molecule 1: COMPLEMENT FACTOR H



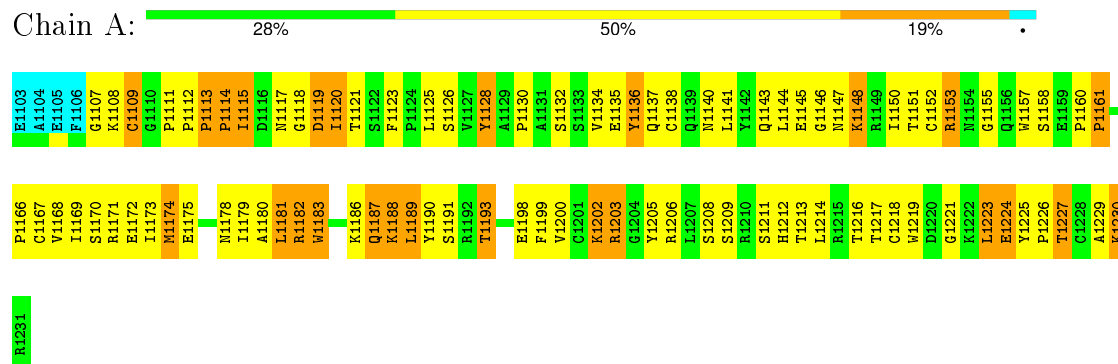
### 4.2.7 Score per residue for model 7

- Molecule 1: COMPLEMENT FACTOR H



### 4.2.8 Score per residue for model 8

- Molecule 1: COMPLEMENT FACTOR H



### 4.2.9 Score per residue for model 9

- Molecule 1: COMPLEMENT FACTOR H

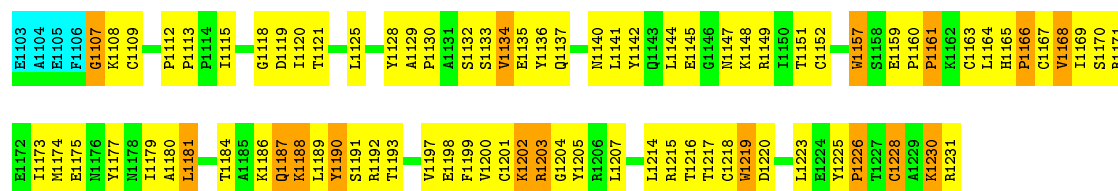




#### 4.2.10 Score per residue for model 10

- Molecule 1: COMPLEMENT FACTOR H

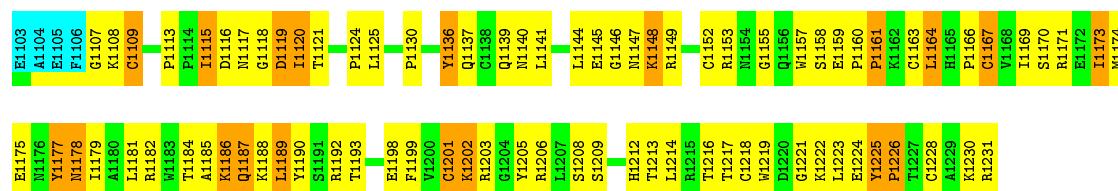
Chain A: 33% 51% 12%



#### 4.2.11 Score per residue for model 11

- Molecule 1: COMPLEMENT FACTOR H

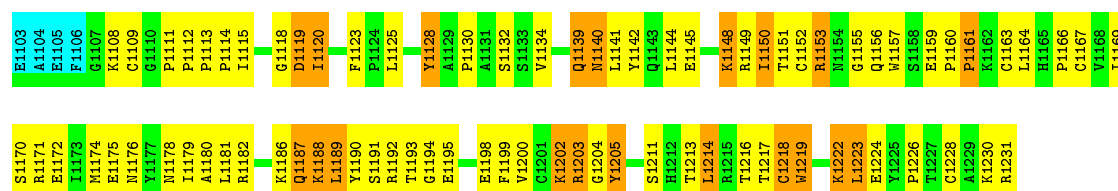
Chain A: 33% 49% 15%



#### 4.2.12 Score per residue for model 12

- Molecule 1: COMPLEMENT FACTOR H

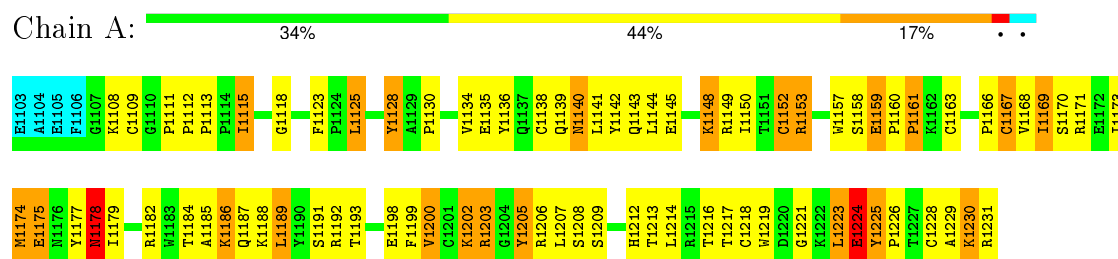
Chain A: 34% 47% 16%





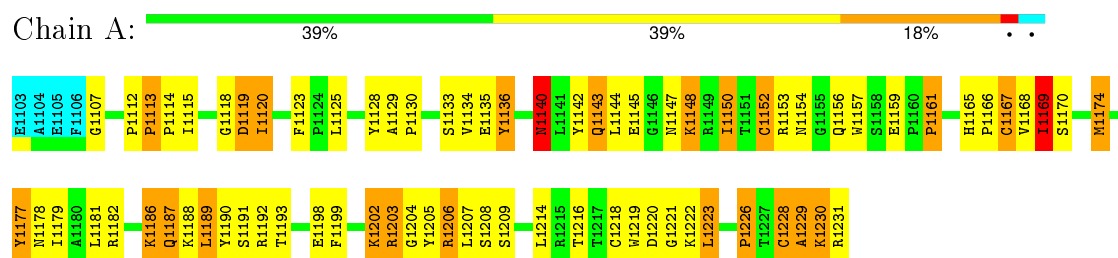
### 4.2.13 Score per residue for model 13

#### • Molecule 1: COMPLEMENT FACTOR H



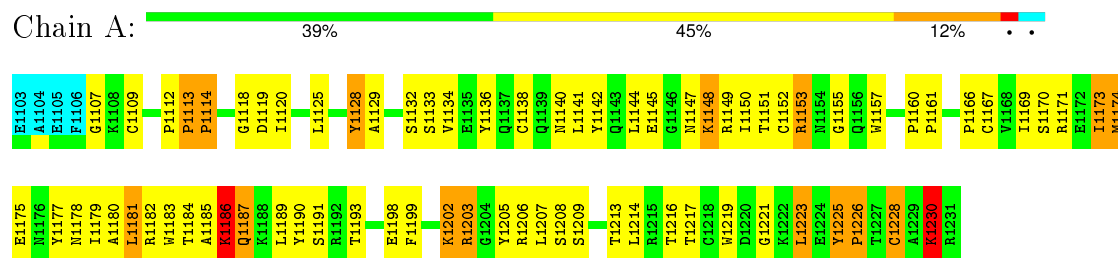
### 4.2.14 Score per residue for model 14

#### • Molecule 1: COMPLEMENT FACTOR H



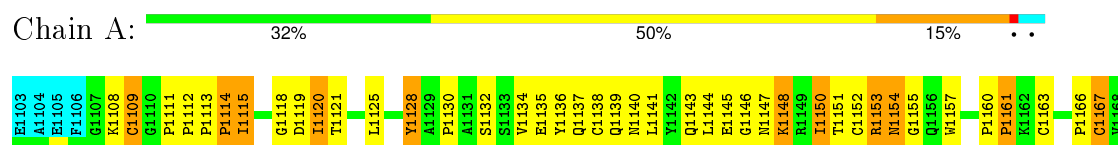
### 4.2.15 Score per residue for model 15

#### • Molecule 1: COMPLEMENT FACTOR H



### 4.2.16 Score per residue for model 16

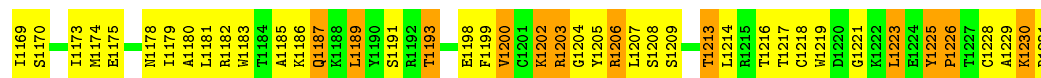
#### • Molecule 1: COMPLEMENT FACTOR H





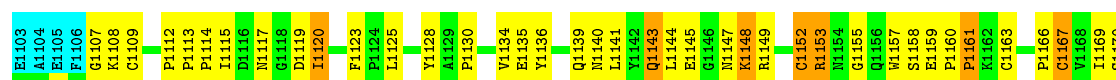
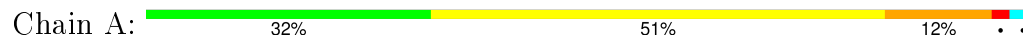
#### 4.2.17 Score per residue for model 17 (medoid)

- Molecule 1: COMPLEMENT FACTOR H



#### 4.2.18 Score per residue for model 18

- Molecule 1: COMPLEMENT FACTOR H



#### 4.2.19 Score per residue for model 19

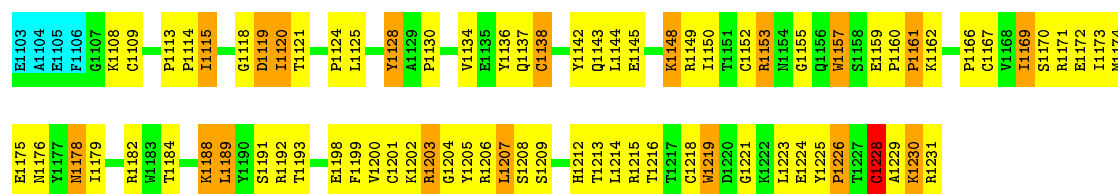
- Molecule 1: COMPLEMENT FACTOR H



#### 4.2.20 Score per residue for model 20

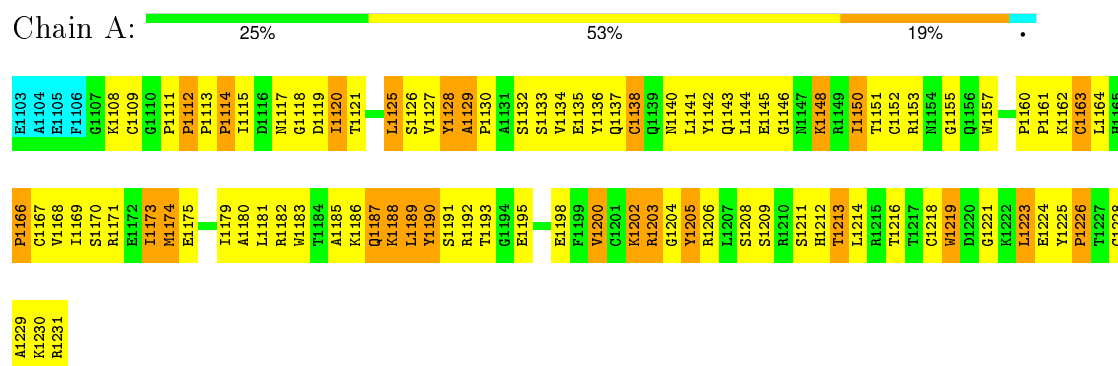
- Molecule 1: COMPLEMENT FACTOR H





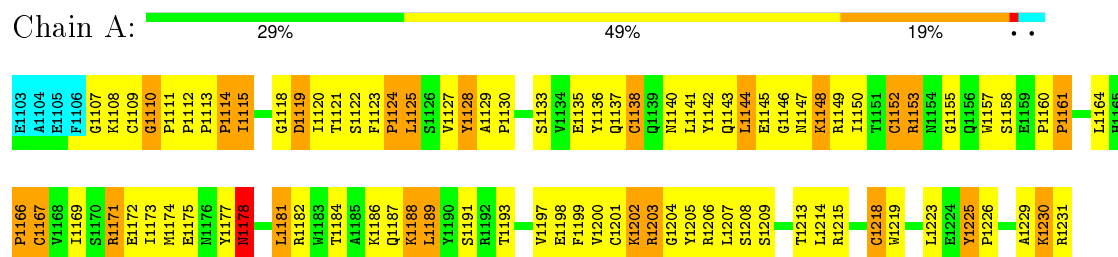
#### 4.2.21 Score per residue for model 21

- Molecule 1: COMPLEMENT FACTOR H



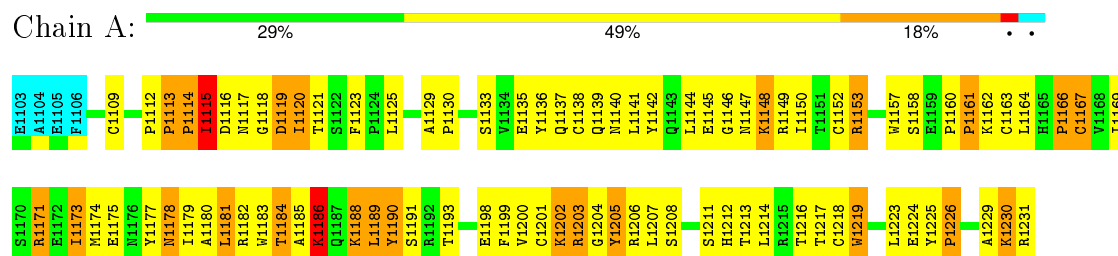
#### 4.2.22 Score per residue for model 22

- Molecule 1: COMPLEMENT FACTOR H



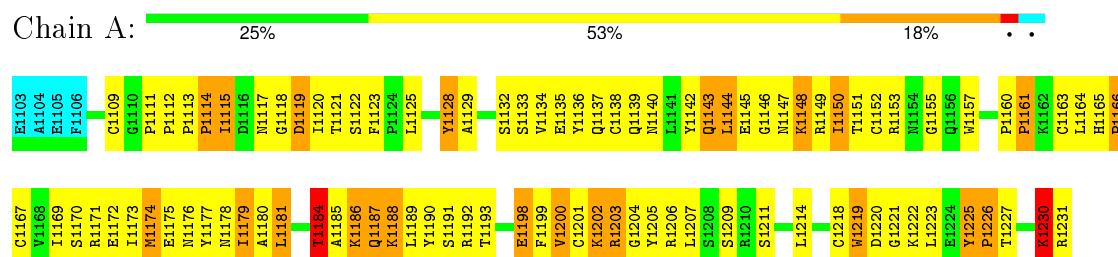
#### 4.2.23 Score per residue for model 23

- Molecule 1: COMPLEMENT FACTOR H



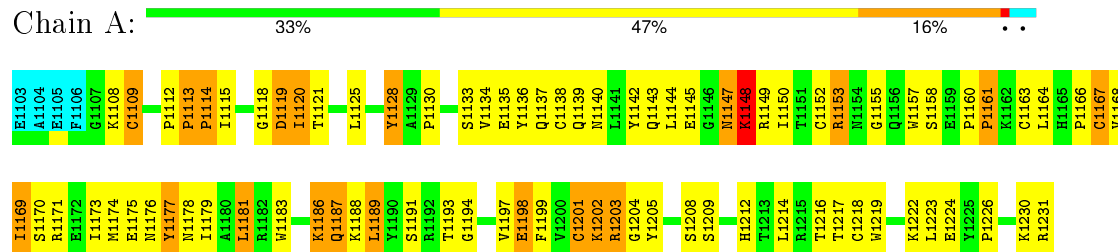
## 4.2.24 Score per residue for model 24

## • Molecule 1: COMPLEMENT FACTOR H



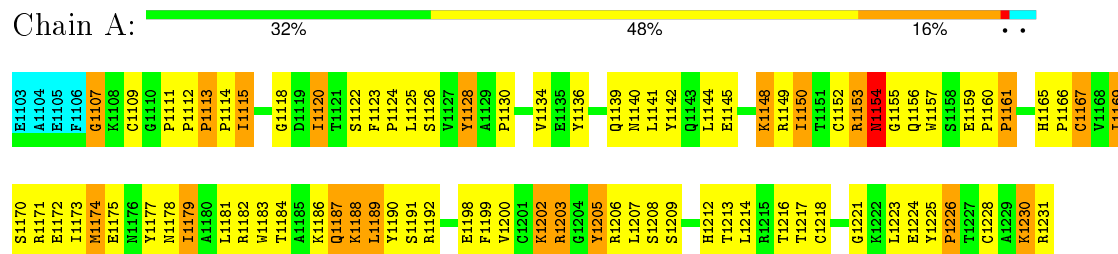
## 4.2.25 Score per residue for model 25

## • Molecule 1: COMPLEMENT FACTOR H



## 4.2.26 Score per residue for model 26

## • Molecule 1: COMPLEMENT FACTOR H



## 5 Refinement protocol and experimental data overview

The models were refined using the following method: *RESTRAINED MOLECULAR DYNAMICS*.

Of the ? calculated structures, 26 were deposited, based on the following criterion: *LOWEST OVERALL ENERGY*.

The following table shows the software used for structure solution, optimisation and refinement.

Software name	Classification	Version
CNS	refinement	
ANSIG	structure solution	

No chemical shift data was provided. No validations of the models with respect to experimental NMR restraints is performed at this time.

## 6 Model quality

### 6.1 Standard geometry

There are no covalent bond-length or bond-angle outliers.

There are no bond-length outliers.

There are no bond-angle outliers.

There are no chirality outliers.

There are no planarity outliers.

### 6.2 Too-close contacts

In the following table, the Non-H and H(model) columns list the number of non-hydrogen atoms and hydrogen atoms in each chain respectively. The H(added) column lists the number of hydrogen atoms added and optimized by MolProbity. The Clashes column lists the number of clashes averaged over the ensemble.

Mol	Chain	Non-H	H(model)	H(added)	Clashes
1	A	1000	978	976	84±7
All	All	26000	25428	25376	2180

The all-atom clashscore is defined as the number of clashes found per 1000 atoms (including hydrogen atoms). The all-atom clashscore for this structure is 42.

All unique clashes are listed below, sorted by their clash magnitude.

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:1179:ILE:HA	1:A:1201:CYS:HA	0.89	1.42	19	7
1:A:1113:PRO:HD2	1:A:1157:TRP:HB2	0.88	1.45	12	23
1:A:1169:ILE:HG12	1:A:1223:LEU:HD23	0.88	1.45	14	1
1:A:1180:ALA:HB3	1:A:1200:VAL:HG23	0.84	1.48	8	1
1:A:1115:ILE:HG23	1:A:1160:PRO:HG2	0.84	1.50	5	10
1:A:1214:LEU:HD23	1:A:1226:PRO:HG3	0.80	1.52	15	5
1:A:1169:ILE:HG22	1:A:1189:LEU:HB3	0.80	1.54	24	2
1:A:1115:ILE:HG23	1:A:1160:PRO:HB2	0.80	1.54	1	6
1:A:1181:LEU:HD11	1:A:1188:LYS:HB3	0.79	1.54	3	2
1:A:1169:ILE:HG22	1:A:1189:LEU:HD22	0.79	1.54	8	1
1:A:1205:TYR:N	1:A:1231:ARG:HA	0.79	1.92	6	18
1:A:1144:LEU:HA	1:A:1163:CYS:HA	0.78	1.54	13	8
1:A:1175:GLU:HB3	1:A:1187:GLN:HG2	0.78	1.55	18	1
1:A:1214:LEU:HD13	1:A:1226:PRO:HG2	0.78	1.54	19	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:1200:VAL:HG12	1:A:1201:CYS:H	0.78	1.38	24	6
1:A:1142:TYR:HA	1:A:1166:PRO:HD3	0.77	1.56	26	9
1:A:1169:ILE:HG22	1:A:1189:LEU:HB2	0.77	1.55	19	7
1:A:1114:PRO:HG3	1:A:1119:ASP:HA	0.77	1.55	22	3
1:A:1144:LEU:HD22	1:A:1145:GLU:N	0.77	1.93	3	1
1:A:1120:ILE:HA	1:A:1136:TYR:HB3	0.77	1.55	23	3
1:A:1218:CYS:HA	1:A:1223:LEU:HD22	0.77	1.56	18	3
1:A:1109:CYS:HA	1:A:1155:GLY:HA2	0.76	1.58	7	18
1:A:1199:PHE:HB2	1:A:1226:PRO:HG2	0.76	1.55	12	5
1:A:1144:LEU:HD21	1:A:1148:LYS:HB3	0.76	1.56	24	3
1:A:1180:ALA:HB3	1:A:1200:VAL:HB	0.75	1.57	4	3
1:A:1169:ILE:HD12	1:A:1223:LEU:HB2	0.75	1.57	19	3
1:A:1187:GLN:HG2	1:A:1189:LEU:HD12	0.74	1.59	25	1
1:A:1144:LEU:HD22	1:A:1148:LYS:HB3	0.74	1.59	4	8
1:A:1135:GLU:HG3	1:A:1148:LYS:HD3	0.73	1.58	22	9
1:A:1189:LEU:H	1:A:1189:LEU:HD22	0.73	1.43	18	4
1:A:1169:ILE:HB	1:A:1223:LEU:HD23	0.73	1.61	19	1
1:A:1218:CYS:HB3	1:A:1223:LEU:HD22	0.73	1.59	21	1
1:A:1169:ILE:HD11	1:A:1223:LEU:HD22	0.73	1.61	11	1
1:A:1152:CYS:HA	1:A:1157:TRP:HB3	0.72	1.59	10	1
1:A:1174:MET:HB2	1:A:1179:ILE:HD11	0.72	1.58	15	1
1:A:1141:LEU:HB2	1:A:1166:PRO:HB3	0.72	1.60	12	1
1:A:1193:THR:HA	1:A:1218:CYS:HB3	0.72	1.60	25	2
1:A:1167:CYS:SG	1:A:1191:SER:HB2	0.72	2.25	4	12
1:A:1182:ARG:HA	1:A:1200:VAL:HG13	0.72	1.60	26	4
1:A:1205:TYR:H	1:A:1231:ARG:HA	0.72	1.45	13	3
1:A:1181:LEU:HD13	1:A:1188:LYS:HB3	0.72	1.62	10	2
1:A:1115:ILE:HG13	1:A:1118:GLY:HA3	0.72	1.62	11	13
1:A:1152:CYS:HA	1:A:1157:TRP:HA	0.71	1.61	22	19
1:A:1108:LYS:HA	1:A:1130:PRO:HD3	0.71	1.59	22	12
1:A:1171:ARG:HB3	1:A:1189:LEU:HD11	0.71	1.61	15	4
1:A:1143:GLN:HB2	1:A:1193:THR:HB	0.71	1.62	17	5
1:A:1179:ILE:HB	1:A:1200:VAL:O	0.71	1.85	4	3
1:A:1167:CYS:SG	1:A:1223:LEU:HD11	0.71	2.26	10	5
1:A:1178:ASN:HA	1:A:1202:LYS:HE3	0.71	1.61	15	3
1:A:1112:PRO:O	1:A:1114:PRO:HD3	0.71	1.86	15	12
1:A:1182:ARG:HB3	1:A:1198:GLU:HG2	0.70	1.61	19	13
1:A:1108:LYS:HD3	1:A:1130:PRO:HD3	0.70	1.63	4	2
1:A:1169:ILE:HB	1:A:1223:LEU:HD12	0.70	1.62	5	3
1:A:1178:ASN:HA	1:A:1202:LYS:HG2	0.70	1.62	7	2
1:A:1169:ILE:HG12	1:A:1223:LEU:HD13	0.70	1.64	23	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:1199:PHE:O	1:A:1214:LEU:HD12	0.70	1.86	19	12
1:A:1147:ASN:N	1:A:1161:PRO:HG3	0.69	2.03	25	4
1:A:1193:THR:HA	1:A:1218:CYS:HB2	0.69	1.65	19	3
1:A:1207:LEU:HG	1:A:1214:LEU:HD21	0.69	1.62	6	2
1:A:1181:LEU:HD23	1:A:1189:LEU:HD12	0.69	1.65	18	1
1:A:1205:TYR:HA	1:A:1230:LYS:N	0.69	2.02	22	5
1:A:1214:LEU:HD13	1:A:1226:PRO:HG3	0.69	1.64	1	8
1:A:1218:CYS:HB3	1:A:1223:LEU:HD21	0.69	1.65	23	1
1:A:1169:ILE:HD12	1:A:1223:LEU:HG	0.68	1.65	12	2
1:A:1143:GLN:HB3	1:A:1193:THR:HB	0.68	1.65	6	2
1:A:1167:CYS:HB2	1:A:1223:LEU:HD11	0.68	1.65	5	6
1:A:1115:ILE:HG23	1:A:1160:PRO:HD2	0.68	1.64	21	2
1:A:1171:ARG:HA	1:A:1189:LEU:HD21	0.68	1.64	8	2
1:A:1184:THR:HG23	1:A:1186:LYS:H	0.68	1.47	23	1
1:A:1115:ILE:HD13	1:A:1160:PRO:HB2	0.68	1.66	9	3
1:A:1108:LYS:HA	1:A:1130:PRO:HG3	0.68	1.65	18	1
1:A:1181:LEU:HG	1:A:1188:LYS:HB3	0.68	1.66	7	1
1:A:1171:ARG:HB3	1:A:1189:LEU:HD12	0.68	1.66	21	1
1:A:1121:THR:HG23	1:A:1136:TYR:HA	0.67	1.66	23	3
1:A:1169:ILE:HD11	1:A:1223:LEU:HG	0.67	1.65	18	2
1:A:1118:GLY:HA2	1:A:1138:CYS:HA	0.67	1.64	7	4
1:A:1212:HIS:HB3	1:A:1224:GLU:HB3	0.67	1.66	23	3
1:A:1125:LEU:N	1:A:1125:LEU:HD22	0.67	2.04	22	3
1:A:1223:LEU:HD23	1:A:1224:GLU:N	0.67	2.04	11	1
1:A:1214:LEU:HD13	1:A:1226:PRO:HB3	0.67	1.67	16	1
1:A:1167:CYS:HB3	1:A:1191:SER:H	0.67	1.49	26	7
1:A:1174:MET:SD	1:A:1189:LEU:HD12	0.67	2.30	6	3
1:A:1187:GLN:HG2	1:A:1189:LEU:HD22	0.67	1.64	9	1
1:A:1181:LEU:HA	1:A:1199:PHE:HA	0.66	1.64	3	4
1:A:1167:CYS:SG	1:A:1223:LEU:HD21	0.66	2.30	25	5
1:A:1169:ILE:HG22	1:A:1189:LEU:HG	0.66	1.65	20	3
1:A:1201:CYS:SG	1:A:1205:TYR:HB2	0.66	2.30	20	1
1:A:1169:ILE:HG22	1:A:1189:LEU:HD13	0.66	1.68	17	3
1:A:1193:THR:HG23	1:A:1219:TRP:HA	0.66	1.67	1	14
1:A:1174:MET:HA	1:A:1179:ILE:HD12	0.66	1.67	10	5
1:A:1169:ILE:HG12	1:A:1170:SER:H	0.66	1.51	5	9
1:A:1170:SER:HB3	1:A:1173:ILE:HD13	0.66	1.67	8	2
1:A:1128:TYR:CD1	1:A:1128:TYR:N	0.66	2.63	13	2
1:A:1125:LEU:N	1:A:1125:LEU:HD23	0.65	2.06	9	5
1:A:1145:GLU:HB2	1:A:1164:LEU:HB2	0.65	1.66	4	1
1:A:1109:CYS:HB3	1:A:1157:TRP:NE1	0.65	2.07	18	2

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:1137:GLN:HG3	1:A:1144:LEU:HD23	0.65	1.69	9	1
1:A:1174:MET:HG3	1:A:1175:GLU:N	0.65	2.07	26	11
1:A:1206:ARG:N	1:A:1230:LYS:HB2	0.65	2.06	23	3
1:A:1123:PHE:N	1:A:1124:PRO:HD3	0.65	2.06	22	1
1:A:1120:ILE:HG22	1:A:1134:VAL:HG21	0.65	1.69	5	2
1:A:1218:CYS:SG	1:A:1223:LEU:HD21	0.65	2.32	24	4
1:A:1115:ILE:H	1:A:1115:ILE:HD13	0.65	1.52	4	1
1:A:1144:LEU:HD23	1:A:1145:GLU:N	0.65	2.07	14	10
1:A:1169:ILE:HB	1:A:1223:LEU:HD13	0.64	1.70	9	2
1:A:1216:THR:HB	1:A:1224:GLU:HB2	0.64	1.69	13	1
1:A:1167:CYS:HA	1:A:1221:GLY:HA2	0.64	1.67	2	3
1:A:1218:CYS:SG	1:A:1223:LEU:HD22	0.64	2.32	22	2
1:A:1206:ARG:HD3	1:A:1230:LYS:HD3	0.64	1.68	2	1
1:A:1121:THR:HG22	1:A:1137:GLN:HB2	0.64	1.68	20	6
1:A:1167:CYS:O	1:A:1190:TYR:HA	0.64	1.92	21	7
1:A:1205:TYR:HB3	1:A:1228:CYS:HB3	0.64	1.69	4	3
1:A:1121:THR:HG22	1:A:1137:GLN:HB3	0.64	1.70	10	3
1:A:1205:TYR:HD1	1:A:1229:ALA:HA	0.64	1.53	2	3
1:A:1204:GLY:C	1:A:1231:ARG:HA	0.63	2.13	20	12
1:A:1112:PRO:HB2	1:A:1136:TYR:OH	0.63	1.92	6	3
1:A:1169:ILE:HB	1:A:1189:LEU:HG	0.63	1.68	7	1
1:A:1140:ASN:ND2	1:A:1141:LEU:HG	0.63	2.08	5	2
1:A:1199:PHE:HB3	1:A:1226:PRO:HG3	0.63	1.70	18	1
1:A:1167:CYS:HB3	1:A:1191:SER:N	0.63	2.09	10	7
1:A:1223:LEU:HD22	1:A:1223:LEU:N	0.63	2.07	14	1
1:A:1174:MET:O	1:A:1179:ILE:HB	0.63	1.94	10	2
1:A:1218:CYS:O	1:A:1219:TRP:HB3	0.62	1.94	12	2
1:A:1144:LEU:HD13	1:A:1144:LEU:H	0.62	1.54	1	1
1:A:1144:LEU:HD23	1:A:1148:LYS:HB3	0.62	1.70	22	3
1:A:1145:GLU:O	1:A:1161:PRO:HB2	0.62	1.95	16	21
1:A:1134:VAL:HG22	1:A:1135:GLU:H	0.62	1.52	14	3
1:A:1174:MET:HG2	1:A:1189:LEU:HD21	0.62	1.69	24	1
1:A:1223:LEU:N	1:A:1223:LEU:HD23	0.62	2.09	13	2
1:A:1111:PRO:HG3	1:A:1126:SER:HA	0.62	1.72	21	3
1:A:1179:ILE:HD13	1:A:1226:PRO:HD2	0.62	1.70	2	2
1:A:1174:MET:HG3	1:A:1179:ILE:HD11	0.62	1.72	1	1
1:A:1171:ARG:HB3	1:A:1189:LEU:HD22	0.62	1.70	10	1
1:A:1198:GLU:HA	1:A:1215:ARG:HA	0.62	1.72	20	4
1:A:1180:ALA:HA	1:A:1187:GLN:HE22	0.62	1.55	18	1
1:A:1174:MET:HG3	1:A:1175:GLU:H	0.61	1.53	9	10
1:A:1136:TYR:O	1:A:1148:LYS:HB2	0.61	1.95	3	11

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:1108:LYS:HG2	1:A:1130:PRO:HD3	0.61	1.72	2	6
1:A:1147:ASN:H	1:A:1161:PRO:HB3	0.61	1.53	1	2
1:A:1179:ILE:HG21	1:A:1226:PRO:HB2	0.61	1.72	17	4
1:A:1189:LEU:HD22	1:A:1189:LEU:H	0.61	1.55	6	1
1:A:1167:CYS:HB3	1:A:1223:LEU:HD21	0.61	1.71	16	1
1:A:1207:LEU:HD23	1:A:1214:LEU:HD11	0.61	1.70	6	1
1:A:1141:LEU:HB3	1:A:1166:PRO:HG3	0.61	1.73	17	1
1:A:1212:HIS:H	1:A:1226:PRO:HA	0.61	1.54	23	1
1:A:1181:LEU:HD13	1:A:1188:LYS:O	0.61	1.95	24	1
1:A:1174:MET:SD	1:A:1187:GLN:HA	0.61	2.36	16	1
1:A:1174:MET:HE3	1:A:1189:LEU:HD23	0.61	1.72	15	1
1:A:1179:ILE:HG22	1:A:1201:CYS:HB3	0.61	1.72	19	1
1:A:1206:ARG:HG2	1:A:1230:LYS:HB2	0.61	1.73	2	3
1:A:1189:LEU:H	1:A:1189:LEU:HD13	0.61	1.54	23	3
1:A:1179:ILE:HG21	1:A:1226:PRO:HD2	0.61	1.72	10	1
1:A:1189:LEU:H	1:A:1189:LEU:HD23	0.60	1.56	10	1
1:A:1169:ILE:HG23	1:A:1170:SER:N	0.60	2.09	25	8
1:A:1182:ARG:HE	1:A:1198:GLU:HB3	0.60	1.56	21	4
1:A:1202:LYS:HG3	1:A:1203:ARG:H	0.60	1.55	11	1
1:A:1166:PRO:O	1:A:1221:GLY:HA2	0.60	1.96	18	17
1:A:1118:GLY:O	1:A:1119:ASP:HB2	0.60	1.96	25	12
1:A:1115:ILE:HD13	1:A:1115:ILE:H	0.60	1.57	22	1
1:A:1206:ARG:H	1:A:1230:LYS:HB2	0.60	1.56	24	6
1:A:1214:LEU:HA	1:A:1226:PRO:HG3	0.59	1.74	8	2
1:A:1169:ILE:HD11	1:A:1223:LEU:HD12	0.59	1.75	16	1
1:A:1148:LYS:HD2	1:A:1149:ARG:N	0.59	2.11	5	14
1:A:1167:CYS:HB2	1:A:1223:LEU:HD21	0.59	1.74	20	2
1:A:1169:ILE:HG22	1:A:1189:LEU:HD23	0.59	1.74	25	1
1:A:1179:ILE:HG21	1:A:1226:PRO:HG2	0.59	1.74	24	2
1:A:1181:LEU:HD21	1:A:1188:LYS:HB3	0.59	1.73	21	1
1:A:1166:PRO:HG2	1:A:1168:VAL:HG23	0.59	1.74	19	1
1:A:1205:TYR:HA	1:A:1230:LYS:H	0.59	1.57	22	1
1:A:1180:ALA:HB3	1:A:1200:VAL:HG22	0.59	1.73	23	1
1:A:1205:TYR:HB3	1:A:1228:CYS:HB2	0.59	1.75	19	2
1:A:1216:THR:HG21	1:A:1223:LEU:HB3	0.59	1.75	25	7
1:A:1189:LEU:HD13	1:A:1189:LEU:H	0.59	1.57	21	2
1:A:1179:ILE:HD12	1:A:1226:PRO:HG2	0.59	1.72	18	1
1:A:1184:THR:HG23	1:A:1185:ALA:H	0.59	1.58	24	1
1:A:1182:ARG:HD3	1:A:1198:GLU:HB3	0.58	1.74	6	3
1:A:1174:MET:HG3	1:A:1199:PHE:CD1	0.58	2.32	12	1
1:A:1164:LEU:HB2	1:A:1193:THR:HG21	0.58	1.74	17	3

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:1188:LYS:HE2	1:A:1188:LYS:HA	0.58	1.75	22	1
1:A:1167:CYS:HB2	1:A:1191:SER:H	0.58	1.59	4	2
1:A:1207:LEU:HD21	1:A:1214:LEU:HD21	0.58	1.74	1	5
1:A:1207:LEU:HD11	1:A:1214:LEU:HD21	0.58	1.76	17	5
1:A:1144:LEU:HD21	1:A:1161:PRO:HD2	0.58	1.75	4	1
1:A:1152:CYS:HB3	1:A:1157:TRP:CE2	0.58	2.34	8	22
1:A:1144:LEU:HD12	1:A:1145:GLU:N	0.58	2.13	9	2
1:A:1125:LEU:H	1:A:1125:LEU:HD23	0.58	1.59	18	1
1:A:1181:LEU:HD23	1:A:1187:GLN:O	0.58	1.98	14	3
1:A:1125:LEU:N	1:A:1125:LEU:CD1	0.58	2.67	21	1
1:A:1153:ARG:H	1:A:1153:ARG:HD2	0.58	1.59	19	3
1:A:1153:ARG:HH12	1:A:1158:SER:HB3	0.58	1.59	19	1
1:A:1199:PHE:O	1:A:1214:LEU:HD22	0.58	1.98	25	5
1:A:1205:TYR:HB2	1:A:1228:CYS:SG	0.58	2.39	20	1
1:A:1164:LEU:HB3	1:A:1193:THR:HG21	0.58	1.74	25	2
1:A:1188:LYS:H	1:A:1189:LEU:HD13	0.57	1.58	20	2
1:A:1216:THR:HG21	1:A:1223:LEU:O	0.57	1.97	1	2
1:A:1189:LEU:N	1:A:1189:LEU:HD13	0.57	2.15	18	3
1:A:1174:MET:O	1:A:1179:ILE:HG13	0.57	1.99	24	11
1:A:1188:LYS:HA	1:A:1188:LYS:HE3	0.57	1.74	23	1
1:A:1153:ARG:HD2	1:A:1153:ARG:H	0.57	1.59	6	1
1:A:1124:PRO:C	1:A:1125:LEU:HD23	0.57	2.19	17	3
1:A:1218:CYS:HA	1:A:1223:LEU:HD11	0.57	1.76	19	2
1:A:1169:ILE:HD12	1:A:1199:PHE:CZ	0.57	2.35	7	5
1:A:1125:LEU:HD13	1:A:1125:LEU:N	0.57	2.15	21	1
1:A:1125:LEU:HG	1:A:1128:TYR:CE1	0.57	2.34	13	1
1:A:1205:TYR:HB3	1:A:1228:CYS:CB	0.57	2.30	19	4
1:A:1136:TYR:CE1	1:A:1148:LYS:HA	0.57	2.35	25	1
1:A:1136:TYR:H	1:A:1148:LYS:HB2	0.57	1.60	2	3
1:A:1214:LEU:HD23	1:A:1226:PRO:HB3	0.57	1.77	13	2
1:A:1188:LYS:HA	1:A:1188:LYS:HE2	0.57	1.74	20	1
1:A:1174:MET:SD	1:A:1175:GLU:N	0.57	2.78	17	4
1:A:1200:VAL:HG23	1:A:1202:LYS:H	0.57	1.59	23	2
1:A:1170:SER:O	1:A:1174:MET:HG3	0.57	1.99	10	2
1:A:1212:HIS:HB3	1:A:1224:GLU:HG2	0.57	1.76	19	1
1:A:1180:ALA:HB1	1:A:1184:THR:HG21	0.57	1.77	24	1
1:A:1169:ILE:CG2	1:A:1189:LEU:HB2	0.56	2.30	9	4
1:A:1109:CYS:HB2	1:A:1128:TYR:HB3	0.56	1.76	22	3
1:A:1206:ARG:HG2	1:A:1230:LYS:HD2	0.56	1.75	14	2
1:A:1201:CYS:O	1:A:1205:TYR:HB2	0.56	2.00	4	2
1:A:1113:PRO:HB2	1:A:1159:GLU:HB2	0.56	1.76	10	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:1223:LEU:HD23	1:A:1223:LEU:N	0.56	2.15	12	1
1:A:1140:ASN:HD22	1:A:1141:LEU:HG	0.56	1.60	10	3
1:A:1152:CYS:HB3	1:A:1157:TRP:CD2	0.56	2.36	9	15
1:A:1174:MET:HE2	1:A:1189:LEU:HD12	0.56	1.78	20	1
1:A:1109:CYS:HB2	1:A:1128:TYR:HB2	0.56	1.78	18	1
1:A:1147:ASN:ND2	1:A:1149:ARG:HB3	0.56	2.15	19	2
1:A:1147:ASN:HD21	1:A:1149:ARG:HB3	0.56	1.59	19	2
1:A:1140:ASN:HD22	1:A:1141:LEU:HD13	0.56	1.60	17	1
1:A:1190:TYR:CD1	1:A:1190:TYR:N	0.56	2.74	10	4
1:A:1187:GLN:C	1:A:1189:LEU:HD13	0.56	2.21	6	2
1:A:1171:ARG:O	1:A:1175:GLU:HG2	0.56	2.01	8	18
1:A:1212:HIS:O	1:A:1224:GLU:HB3	0.56	2.00	8	4
1:A:1181:LEU:O	1:A:1183:TRP:N	0.56	2.38	8	1
1:A:1113:PRO:O	1:A:1160:PRO:HD3	0.56	2.01	26	3
1:A:1137:GLN:HG2	1:A:1138:CYS:H	0.56	1.61	25	4
1:A:1181:LEU:C	1:A:1200:VAL:HG13	0.56	2.21	23	1
1:A:1144:LEU:HD12	1:A:1162:LYS:O	0.56	2.00	17	1
1:A:1204:GLY:HA3	1:A:1231:ARG:HD2	0.56	1.76	1	1
1:A:1153:ARG:O	1:A:1154:ASN:HB3	0.56	2.00	26	1
1:A:1171:ARG:HA	1:A:1174:MET:SD	0.56	2.41	10	2
1:A:1201:CYS:HB3	1:A:1205:TYR:HB2	0.56	1.77	2	2
1:A:1134:VAL:HG22	1:A:1135:GLU:N	0.56	2.16	24	3
1:A:1123:PHE:O	1:A:1125:LEU:HD22	0.55	2.01	13	4
1:A:1114:PRO:HB3	1:A:1136:TYR:HE2	0.55	1.60	18	3
1:A:1167:CYS:SG	1:A:1191:SER:N	0.55	2.78	14	2
1:A:1207:LEU:HD13	1:A:1214:LEU:HD21	0.55	1.76	16	4
1:A:1169:ILE:HG22	1:A:1189:LEU:HA	0.55	1.77	10	1
1:A:1153:ARG:HD3	1:A:1156:GLN:O	0.55	2.01	7	5
1:A:1229:ALA:O	1:A:1230:LYS:HB2	0.55	2.02	14	9
1:A:1178:ASN:O	1:A:1202:LYS:HB3	0.55	2.00	13	1
1:A:1147:ASN:N	1:A:1161:PRO:HB3	0.55	2.16	19	2
1:A:1138:CYS:SG	1:A:1142:TYR:HB3	0.55	2.41	21	1
1:A:1198:GLU:HA	1:A:1214:LEU:O	0.55	2.01	12	3
1:A:1174:MET:SD	1:A:1175:GLU:HB3	0.55	2.42	10	1
1:A:1181:LEU:HD22	1:A:1188:LYS:HD2	0.55	1.76	10	1
1:A:1109:CYS:HB2	1:A:1128:TYR:CB	0.55	2.32	22	1
1:A:1110:GLY:HA2	1:A:1127:VAL:HA	0.55	1.77	22	1
1:A:1205:TYR:HD2	1:A:1229:ALA:HA	0.55	1.62	16	2
1:A:1113:PRO:O	1:A:1159:GLU:HA	0.55	2.02	4	9
1:A:1181:LEU:O	1:A:1184:THR:HG22	0.55	2.00	24	1
1:A:1189:LEU:HD22	1:A:1189:LEU:N	0.55	2.17	3	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:1199:PHE:HZ	1:A:1223:LEU:HD12	0.55	1.62	16	1
1:A:1201:CYS:HB2	1:A:1204:GLY:O	0.55	2.02	2	3
1:A:1205:TYR:CD2	1:A:1231:ARG:HB3	0.55	2.36	4	2
1:A:1222:LYS:O	1:A:1223:LEU:HD23	0.55	2.00	16	1
1:A:1153:ARG:HD2	1:A:1153:ARG:N	0.55	2.17	1	3
1:A:1109:CYS:SG	1:A:1128:TYR:HB3	0.55	2.41	2	4
1:A:1120:ILE:HD11	1:A:1123:PHE:HA	0.55	1.79	22	1
1:A:1174:MET:HG2	1:A:1189:LEU:HD23	0.55	1.78	8	2
1:A:1169:ILE:HG13	1:A:1223:LEU:HB2	0.55	1.78	6	2
1:A:1134:VAL:CG1	1:A:1135:GLU:N	0.55	2.71	10	1
1:A:1202:LYS:HD3	1:A:1205:TYR:HE1	0.54	1.62	10	1
1:A:1185:ALA:O	1:A:1186:LYS:HB2	0.54	2.02	4	8
1:A:1115:ILE:HD12	1:A:1138:CYS:SG	0.54	2.42	23	2
1:A:1205:TYR:CE2	1:A:1231:ARG:HB3	0.54	2.37	22	5
1:A:1171:ARG:O	1:A:1175:GLU:HG3	0.54	2.02	3	1
1:A:1123:PHE:O	1:A:1125:LEU:HD12	0.54	2.02	4	2
1:A:1114:PRO:HA	1:A:1136:TYR:HE2	0.54	1.61	19	2
1:A:1167:CYS:HB2	1:A:1191:SER:HB2	0.54	1.78	19	3
1:A:1141:LEU:O	1:A:1166:PRO:HB3	0.54	2.03	18	5
1:A:1138:CYS:SG	1:A:1144:LEU:HB3	0.54	2.43	1	1
1:A:1186:LYS:O	1:A:1186:LYS:HG2	0.54	2.01	23	2
1:A:1167:CYS:HB3	1:A:1223:LEU:HG	0.54	1.80	7	1
1:A:1164:LEU:HD23	1:A:1193:THR:HG21	0.54	1.79	4	1
1:A:1207:LEU:HD23	1:A:1228:CYS:SG	0.54	2.43	14	5
1:A:1153:ARG:H	1:A:1153:ARG:HD3	0.54	1.62	12	1
1:A:1114:PRO:HB2	1:A:1160:PRO:HG2	0.54	1.80	25	1
1:A:1143:GLN:HG3	1:A:1193:THR:O	0.54	2.02	21	3
1:A:1200:VAL:HG12	1:A:1201:CYS:N	0.54	2.15	24	4
1:A:1173:ILE:HG23	1:A:1177:TYR:CE2	0.54	2.37	5	8
1:A:1205:TYR:CD1	1:A:1231:ARG:HB2	0.54	2.37	23	2
1:A:1109:CYS:HB3	1:A:1157:TRP:HE1	0.54	1.63	18	1
1:A:1167:CYS:HB3	1:A:1223:LEU:HD11	0.54	1.79	14	1
1:A:1147:ASN:O	1:A:1161:PRO:HD3	0.54	2.03	17	4
1:A:1166:PRO:HB2	1:A:1191:SER:O	0.54	2.03	4	3
1:A:1145:GLU:HB2	1:A:1164:LEU:HD23	0.54	1.80	22	3
1:A:1153:ARG:N	1:A:1153:ARG:HD2	0.54	2.18	3	6
1:A:1178:ASN:O	1:A:1202:LYS:HG2	0.54	2.03	11	1
1:A:1202:LYS:HB3	1:A:1205:TYR:CD2	0.53	2.37	21	3
1:A:1153:ARG:NH1	1:A:1158:SER:HB3	0.53	2.18	19	4
1:A:1181:LEU:HD13	1:A:1198:GLU:O	0.53	2.03	22	2
1:A:1219:TRP:O	1:A:1222:LYS:HG3	0.53	2.04	9	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:1114:PRO:HB3	1:A:1136:TYR:CZ	0.53	2.39	24	2
1:A:1136:TYR:CZ	1:A:1150:ILE:HD11	0.53	2.39	6	1
1:A:1175:GLU:HG2	1:A:1187:GLN:NE2	0.53	2.18	16	1
1:A:1171:ARG:HG3	1:A:1172:GLU:N	0.53	2.19	24	2
1:A:1157:TRP:N	1:A:1157:TRP:CD1	0.53	2.77	10	1
1:A:1120:ILE:HG21	1:A:1128:TYR:OH	0.53	2.03	9	1
1:A:1205:TYR:HA	1:A:1230:LYS:CB	0.53	2.34	14	6
1:A:1187:GLN:O	1:A:1188:LYS:C	0.53	2.47	21	4
1:A:1120:ILE:HD12	1:A:1123:PHE:O	0.53	2.02	23	6
1:A:1179:ILE:HD11	1:A:1226:PRO:O	0.53	2.03	6	3
1:A:1182:ARG:HG3	1:A:1183:TRP:CD1	0.53	2.39	3	3
1:A:1182:ARG:NE	1:A:1198:GLU:HB3	0.53	2.18	20	3
1:A:1181:LEU:HD23	1:A:1189:LEU:HD23	0.53	1.79	1	1
1:A:1169:ILE:HD11	1:A:1225:TYR:CD1	0.53	2.37	15	2
1:A:1202:LYS:HE2	1:A:1203:ARG:HE	0.53	1.63	13	1
1:A:1202:LYS:O	1:A:1203:ARG:C	0.53	2.46	8	23
1:A:1167:CYS:HB3	1:A:1218:CYS:HA	0.53	1.80	5	1
1:A:1114:PRO:HB3	1:A:1136:TYR:CE2	0.53	2.39	5	5
1:A:1201:CYS:SG	1:A:1207:LEU:HD22	0.53	2.44	5	1
1:A:1222:LYS:HD3	1:A:1223:LEU:N	0.53	2.19	11	2
1:A:1169:ILE:HG12	1:A:1170:SER:N	0.53	2.19	5	3
1:A:1152:CYS:HB2	1:A:1157:TRP:CD2	0.52	2.39	20	1
1:A:1125:LEU:HG	1:A:1128:TYR:CZ	0.52	2.40	18	1
1:A:1120:ILE:HG23	1:A:1134:VAL:HG13	0.52	1.80	10	1
1:A:1166:PRO:HA	1:A:1193:THR:OG1	0.52	2.04	4	6
1:A:1169:ILE:HG13	1:A:1223:LEU:HD13	0.52	1.79	20	2
1:A:1225:TYR:N	1:A:1225:TYR:CD1	0.52	2.78	17	2
1:A:1168:VAL:HA	1:A:1190:TYR:HB3	0.52	1.81	14	1
1:A:1173:ILE:O	1:A:1177:TYR:HB2	0.52	2.04	24	3
1:A:1185:ALA:HB3	1:A:1188:LYS:HE2	0.52	1.80	6	1
1:A:1115:ILE:HG23	1:A:1160:PRO:CG	0.52	2.32	13	4
1:A:1206:ARG:HG2	1:A:1229:ALA:O	0.52	2.04	16	5
1:A:1186:LYS:O	1:A:1187:GLN:HB2	0.52	2.05	21	2
1:A:1137:GLN:HA	1:A:1144:LEU:HD13	0.52	1.82	10	2
1:A:1211:SER:HB3	1:A:1226:PRO:HA	0.52	1.81	7	3
1:A:1144:LEU:CD2	1:A:1148:LYS:HB3	0.52	2.35	17	5
1:A:1120:ILE:HA	1:A:1136:TYR:HD1	0.52	1.63	16	1
1:A:1192:ARG:HB3	1:A:1195:GLU:HG2	0.52	1.82	12	1
1:A:1178:ASN:HB2	1:A:1205:TYR:CD2	0.52	2.39	22	1
1:A:1146:GLY:HA3	1:A:1161:PRO:HG2	0.52	1.81	16	6
1:A:1120:ILE:HG23	1:A:1134:VAL:HG21	0.52	1.82	3	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:1169:ILE:HG23	1:A:1225:TYR:CE2	0.52	2.39	8	2
1:A:1169:ILE:CG2	1:A:1189:LEU:HB3	0.52	2.35	1	1
1:A:1182:ARG:N	1:A:1200:VAL:HG22	0.52	2.19	8	1
1:A:1205:TYR:CD1	1:A:1231:ARG:HB3	0.52	2.40	7	5
1:A:1121:THR:HG23	1:A:1136:TYR:CA	0.52	2.34	23	2
1:A:1169:ILE:HG22	1:A:1189:LEU:CB	0.52	2.32	19	9
1:A:1164:LEU:HD13	1:A:1219:TRP:NE1	0.52	2.19	21	3
1:A:1113:PRO:O	1:A:1160:PRO:HD2	0.52	2.05	13	2
1:A:1174:MET:SD	1:A:1189:LEU:HB3	0.51	2.45	25	3
1:A:1223:LEU:N	1:A:1223:LEU:CD1	0.51	2.72	7	1
1:A:1145:GLU:HB2	1:A:1164:LEU:HD11	0.51	1.81	24	1
1:A:1115:ILE:HG13	1:A:1118:GLY:N	0.51	2.20	5	2
1:A:1189:LEU:HD13	1:A:1189:LEU:N	0.51	2.19	7	2
1:A:1204:GLY:HA3	1:A:1231:ARG:HG3	0.51	1.81	19	1
1:A:1134:VAL:O	1:A:1149:ARG:HA	0.51	2.05	12	10
1:A:1140:ASN:O	1:A:1141:LEU:HB2	0.51	2.05	11	13
1:A:1189:LEU:N	1:A:1189:LEU:HD23	0.51	2.21	12	2
1:A:1205:TYR:HD1	1:A:1230:LYS:N	0.51	2.04	25	3
1:A:1223:LEU:HD23	1:A:1224:GLU:H	0.51	1.65	11	1
1:A:1150:ILE:HG12	1:A:1157:TRP:CE3	0.51	2.40	26	4
1:A:1191:SER:HB2	1:A:1218:CYS:SG	0.51	2.45	3	7
1:A:1204:GLY:HA3	1:A:1231:ARG:HA	0.51	1.83	22	1
1:A:1223:LEU:N	1:A:1223:LEU:HD22	0.51	2.21	19	1
1:A:1144:LEU:HG	1:A:1145:GLU:N	0.51	2.20	19	1
1:A:1140:ASN:HD22	1:A:1141:LEU:HD23	0.51	1.65	16	1
1:A:1140:ASN:ND2	1:A:1141:LEU:H	0.51	2.04	1	3
1:A:1169:ILE:HD11	1:A:1223:LEU:HB2	0.51	1.82	16	2
1:A:1109:CYS:SG	1:A:1130:PRO:HA	0.51	2.45	11	8
1:A:1166:PRO:HA	1:A:1193:THR:H	0.51	1.65	22	1
1:A:1136:TYR:CD1	1:A:1160:PRO:HG3	0.51	2.40	13	2
1:A:1169:ILE:O	1:A:1189:LEU:HB2	0.51	2.06	21	1
1:A:1179:ILE:HG22	1:A:1180:ALA:N	0.51	2.21	6	1
1:A:1137:GLN:HA	1:A:1144:LEU:HB2	0.51	1.81	6	1
1:A:1189:LEU:HD23	1:A:1189:LEU:H	0.51	1.66	9	1
1:A:1150:ILE:HG12	1:A:1157:TRP:HE3	0.51	1.66	12	5
1:A:1111:PRO:O	1:A:1113:PRO:HD3	0.51	2.05	13	6
1:A:1167:CYS:SG	1:A:1197:VAL:HG21	0.51	2.46	7	3
1:A:1154:ASN:HD22	1:A:1154:ASN:N	0.51	2.03	26	1
1:A:1119:ASP:O	1:A:1136:TYR:HB2	0.51	2.06	23	1
1:A:1147:ASN:H	1:A:1161:PRO:HG3	0.51	1.66	23	1
1:A:1204:GLY:HA3	1:A:1231:ARG:HD3	0.51	1.82	14	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:1125:LEU:N	1:A:1125:LEU:CD2	0.51	2.74	13	5
1:A:1125:LEU:HB2	1:A:1128:TYR:CE2	0.51	2.41	14	3
1:A:1136:TYR:CE1	1:A:1160:PRO:HB3	0.50	2.41	8	2
1:A:1153:ARG:CZ	1:A:1158:SER:HB3	0.50	2.36	23	4
1:A:1169:ILE:O	1:A:1189:LEU:HD12	0.50	2.06	12	1
1:A:1121:THR:HG21	1:A:1137:GLN:HB3	0.50	1.82	9	2
1:A:1164:LEU:HD12	1:A:1193:THR:HG21	0.50	1.83	7	1
1:A:1125:LEU:HD13	1:A:1128:TYR:CZ	0.50	2.42	20	10
1:A:1181:LEU:O	1:A:1200:VAL:HG22	0.50	2.06	26	2
1:A:1192:ARG:O	1:A:1193:THR:C	0.50	2.49	6	12
1:A:1125:LEU:HD21	1:A:1128:TYR:CE2	0.50	2.42	22	2
1:A:1214:LEU:HD23	1:A:1226:PRO:HG2	0.50	1.83	10	1
1:A:1197:VAL:O	1:A:1216:THR:HG22	0.50	2.06	2	1
1:A:1193:THR:HG22	1:A:1194:GLY:N	0.50	2.21	12	1
1:A:1137:GLN:HG2	1:A:1138:CYS:N	0.50	2.21	3	5
1:A:1169:ILE:HD13	1:A:1225:TYR:HB3	0.50	1.83	7	1
1:A:1207:LEU:HG	1:A:1209:SER:H	0.50	1.65	18	2
1:A:1190:TYR:HD1	1:A:1190:TYR:N	0.50	2.03	10	1
1:A:1181:LEU:HB2	1:A:1188:LYS:HB3	0.50	1.82	16	1
1:A:1125:LEU:HD11	1:A:1128:TYR:CE2	0.50	2.41	5	2
1:A:1202:LYS:HG2	1:A:1203:ARG:HG2	0.50	1.83	13	1
1:A:1134:VAL:O	1:A:1149:ARG:HD3	0.50	2.06	10	3
1:A:1115:ILE:HD12	1:A:1160:PRO:HB2	0.50	1.83	4	1
1:A:1186:LYS:O	1:A:1187:GLN:HB3	0.50	2.07	8	10
1:A:1197:VAL:O	1:A:1215:ARG:HA	0.50	2.06	18	2
1:A:1167:CYS:CA	1:A:1223:LEU:HD21	0.50	2.37	14	1
1:A:1169:ILE:HD13	1:A:1174:MET:HB3	0.50	1.84	2	1
1:A:1136:TYR:HB2	1:A:1148:LYS:O	0.49	2.07	15	8
1:A:1206:ARG:HB3	1:A:1230:LYS:HD2	0.49	1.85	5	1
1:A:1133:SER:HA	1:A:1150:ILE:O	0.49	2.07	25	1
1:A:1146:GLY:HA3	1:A:1161:PRO:HG3	0.49	1.84	23	1
1:A:1125:LEU:HD12	1:A:1127:VAL:O	0.49	2.07	9	1
1:A:1167:CYS:CB	1:A:1191:SER:HB2	0.49	2.37	10	7
1:A:1124:PRO:C	1:A:1125:LEU:HD22	0.49	2.28	26	1
1:A:1136:TYR:HD2	1:A:1160:PRO:HG3	0.49	1.66	6	1
1:A:1136:TYR:CE2	1:A:1150:ILE:HD12	0.49	2.42	16	1
1:A:1171:ARG:HD3	1:A:1172:GLU:N	0.49	2.22	22	1
1:A:1169:ILE:HG12	1:A:1174:MET:HE3	0.49	1.83	22	1
1:A:1187:GLN:HG3	1:A:1189:LEU:HD11	0.49	1.84	4	2
1:A:1229:ALA:O	1:A:1230:LYS:HG2	0.49	2.07	6	2
1:A:1134:VAL:O	1:A:1149:ARG:HD2	0.49	2.08	25	4

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:1171:ARG:HB3	1:A:1187:GLN:HG3	0.49	1.83	26	2
1:A:1206:ARG:NE	1:A:1230:LYS:HE2	0.49	2.22	26	1
1:A:1169:ILE:HG23	1:A:1225:TYR:CE1	0.49	2.42	16	1
1:A:1179:ILE:HD13	1:A:1226:PRO:O	0.49	2.08	23	9
1:A:1205:TYR:HD1	1:A:1230:LYS:H	0.49	1.49	14	2
1:A:1170:SER:HB2	1:A:1173:ILE:HB	0.49	1.85	21	2
1:A:1189:LEU:HB3	1:A:1199:PHE:CE2	0.49	2.43	14	2
1:A:1115:ILE:HD12	1:A:1163:CYS:SG	0.49	2.48	16	5
1:A:1169:ILE:HG22	1:A:1189:LEU:CA	0.49	2.37	10	1
1:A:1178:ASN:O	1:A:1202:LYS:HB2	0.49	2.08	4	1
1:A:1202:LYS:HB3	1:A:1205:TYR:HD2	0.49	1.66	21	1
1:A:1225:TYR:CD1	1:A:1225:TYR:N	0.49	2.81	15	2
1:A:1153:ARG:NH2	1:A:1158:SER:HB3	0.49	2.23	18	1
1:A:1120:ILE:HG13	1:A:1123:PHE:O	0.49	2.07	26	2
1:A:1144:LEU:HG	1:A:1162:LYS:O	0.49	2.08	21	1
1:A:1174:MET:HG2	1:A:1179:ILE:HG13	0.49	1.84	23	1
1:A:1144:LEU:HB2	1:A:1162:LYS:O	0.49	2.08	3	1
1:A:1181:LEU:C	1:A:1200:VAL:HG23	0.49	2.28	24	2
1:A:1116:ASP:O	1:A:1117:ASN:HB2	0.49	2.08	23	6
1:A:1179:ILE:CD1	1:A:1226:PRO:HG2	0.49	2.38	18	1
1:A:1181:LEU:CD2	1:A:1188:LYS:HB3	0.49	2.36	21	1
1:A:1136:TYR:HE2	1:A:1150:ILE:HG12	0.49	1.68	25	1
1:A:1181:LEU:HG	1:A:1188:LYS:O	0.49	2.08	14	1
1:A:1115:ILE:HG23	1:A:1160:PRO:CD	0.49	2.36	21	2
1:A:1125:LEU:HD13	1:A:1128:TYR:CE2	0.48	2.43	24	7
1:A:1200:VAL:HG23	1:A:1202:LYS:N	0.48	2.23	23	1
1:A:1199:PHE:CB	1:A:1226:PRO:HG3	0.48	2.35	18	1
1:A:1154:ASN:N	1:A:1154:ASN:HD22	0.48	2.06	16	1
1:A:1161:PRO:O	1:A:1162:LYS:HB2	0.48	2.07	23	2
1:A:1184:THR:C	1:A:1186:LYS:N	0.48	2.66	4	1
1:A:1205:TYR:CE1	1:A:1231:ARG:HB3	0.48	2.43	13	4
1:A:1205:TYR:CZ	1:A:1231:ARG:HB3	0.48	2.43	22	3
1:A:1205:TYR:CD2	1:A:1230:LYS:N	0.48	2.82	7	2
1:A:1113:PRO:HD2	1:A:1157:TRP:CB	0.48	2.38	9	2
1:A:1125:LEU:HD11	1:A:1128:TYR:CZ	0.48	2.44	9	2
1:A:1140:ASN:N	1:A:1140:ASN:HD22	0.48	2.07	7	1
1:A:1147:ASN:N	1:A:1161:PRO:HG2	0.48	2.24	16	10
1:A:1222:LYS:C	1:A:1223:LEU:HD22	0.48	2.29	14	1
1:A:1173:ILE:HG23	1:A:1177:TYR:HE2	0.48	1.68	9	1
1:A:1174:MET:SD	1:A:1179:ILE:HG13	0.48	2.48	15	1
1:A:1174:MET:CG	1:A:1175:GLU:N	0.48	2.76	7	3

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:1169:ILE:CD1	1:A:1223:LEU:HG	0.48	2.35	18	2
1:A:1107:GLY:O	1:A:1130:PRO:HB3	0.48	2.08	14	2
1:A:1169:ILE:HD11	1:A:1225:TYR:HB3	0.48	1.84	21	1
1:A:1164:LEU:N	1:A:1164:LEU:HD22	0.48	2.23	12	1
1:A:1125:LEU:HD12	1:A:1125:LEU:N	0.48	2.23	10	6
1:A:1173:ILE:HG21	1:A:1225:TYR:CE2	0.48	2.44	22	1
1:A:1184:THR:HG22	1:A:1200:VAL:HG21	0.48	1.84	20	2
1:A:1134:VAL:HG13	1:A:1135:GLU:N	0.48	2.23	21	2
1:A:1136:TYR:CG	1:A:1160:PRO:HG3	0.48	2.44	7	2
1:A:1224:GLU:O	1:A:1226:PRO:HD3	0.48	2.09	2	2
1:A:1205:TYR:HA	1:A:1230:LYS:CA	0.48	2.38	2	1
1:A:1148:LYS:N	1:A:1148:LYS:HD3	0.48	2.24	14	1
1:A:1171:ARG:HD2	1:A:1172:GLU:N	0.48	2.23	26	1
1:A:1173:ILE:O	1:A:1179:ILE:HD11	0.48	2.09	2	1
1:A:1168:VAL:HA	1:A:1190:TYR:CD1	0.48	2.44	3	2
1:A:1165:HIS:HB2	1:A:1220:ASP:C	0.48	2.30	24	3
1:A:1169:ILE:HB	1:A:1223:LEU:HD11	0.48	1.85	21	1
1:A:1133:SER:HB2	1:A:1149:ARG:NH2	0.48	2.23	19	1
1:A:1184:THR:C	1:A:1186:LYS:H	0.48	2.12	24	1
1:A:1132:SER:O	1:A:1151:THR:HG23	0.47	2.08	3	9
1:A:1152:CYS:HB3	1:A:1157:TRP:CG	0.47	2.44	12	1
1:A:1202:LYS:HB2	1:A:1205:TYR:CE2	0.47	2.43	22	1
1:A:1133:SER:HB3	1:A:1150:ILE:O	0.47	2.09	23	1
1:A:1152:CYS:HA	1:A:1157:TRP:CB	0.47	2.37	10	1
1:A:1218:CYS:HA	1:A:1223:LEU:HD21	0.47	1.86	16	2
1:A:1199:PHE:N	1:A:1199:PHE:CD1	0.47	2.82	16	1
1:A:1206:ARG:HG3	1:A:1229:ALA:O	0.47	2.10	13	2
1:A:1112:PRO:HD3	1:A:1128:TYR:HD2	0.47	1.69	26	1
1:A:1174:MET:HA	1:A:1179:ILE:HD11	0.47	1.86	19	1
1:A:1178:ASN:HB3	1:A:1205:TYR:CD2	0.47	2.44	17	3
1:A:1112:PRO:HA	1:A:1157:TRP:CD1	0.47	2.44	14	5
1:A:1120:ILE:HD11	1:A:1124:PRO:HA	0.47	1.86	20	2
1:A:1169:ILE:HD12	1:A:1223:LEU:HD12	0.47	1.86	21	3
1:A:1203:ARG:HD2	1:A:1231:ARG:CZ	0.47	2.40	13	1
1:A:1229:ALA:O	1:A:1230:LYS:CB	0.47	2.63	17	3
1:A:1117:ASN:O	1:A:1139:GLN:HG2	0.47	2.09	17	1
1:A:1173:ILE:HG12	1:A:1225:TYR:CE2	0.47	2.44	21	2
1:A:1172:GLU:HA	1:A:1176:ASN:HD22	0.47	1.70	24	1
1:A:1189:LEU:HD12	1:A:1190:TYR:CD1	0.47	2.44	15	2
1:A:1214:LEU:N	1:A:1214:LEU:HD22	0.47	2.24	6	5
1:A:1179:ILE:CG2	1:A:1199:PHE:HB3	0.47	2.40	9	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:1125:LEU:N	1:A:1125:LEU:HD12	0.47	2.24	19	5
1:A:1174:MET:SD	1:A:1180:ALA:HA	0.47	2.49	23	2
1:A:1169:ILE:CG2	1:A:1170:SER:N	0.47	2.77	25	4
1:A:1189:LEU:CD1	1:A:1189:LEU:H	0.47	2.23	25	2
1:A:1148:LYS:HD2	1:A:1148:LYS:C	0.47	2.30	25	1
1:A:1153:ARG:HD3	1:A:1153:ARG:N	0.47	2.25	8	4
1:A:1125:LEU:H	1:A:1125:LEU:HD22	0.47	1.69	22	1
1:A:1201:CYS:O	1:A:1202:LYS:C	0.47	2.52	24	4
1:A:1167:CYS:HB2	1:A:1223:LEU:CD1	0.47	2.40	3	1
1:A:1202:LYS:HD3	1:A:1205:TYR:CE1	0.47	2.45	18	3
1:A:1202:LYS:HD3	1:A:1205:TYR:CE2	0.47	2.44	14	3
1:A:1189:LEU:HB3	1:A:1199:PHE:HE1	0.47	1.70	8	1
1:A:1179:ILE:HB	1:A:1199:PHE:HB3	0.47	1.86	2	1
1:A:1147:ASN:H	1:A:1161:PRO:HG2	0.47	1.70	16	1
1:A:1216:THR:OG1	1:A:1217:THR:N	0.47	2.48	7	16
1:A:1169:ILE:HD12	1:A:1223:LEU:CD1	0.47	2.40	4	2
1:A:1216:THR:HG23	1:A:1223:LEU:HD23	0.47	1.86	7	2
1:A:1181:LEU:O	1:A:1182:ARG:HB2	0.47	2.10	18	1
1:A:1144:LEU:HD11	1:A:1161:PRO:HG2	0.47	1.85	17	2
1:A:1136:TYR:CD2	1:A:1160:PRO:HG3	0.47	2.45	11	1
1:A:1197:VAL:HG22	1:A:1218:CYS:SG	0.47	2.49	5	1
1:A:1137:GLN:HA	1:A:1144:LEU:CD1	0.47	2.40	7	1
1:A:1179:ILE:HG23	1:A:1200:VAL:O	0.47	2.09	7	1
1:A:1184:THR:CG2	1:A:1188:LYS:HB2	0.47	2.39	23	1
1:A:1218:CYS:HA	1:A:1223:LEU:CD1	0.47	2.40	14	2
1:A:1174:MET:CE	1:A:1189:LEU:HD23	0.47	2.40	15	1
1:A:1114:PRO:O	1:A:1159:GLU:HG3	0.47	2.10	20	5
1:A:1197:VAL:HG23	1:A:1216:THR:HG23	0.47	1.86	5	1
1:A:1174:MET:HA	1:A:1179:ILE:HG13	0.47	1.86	5	1
1:A:1118:GLY:O	1:A:1119:ASP:HB3	0.47	2.08	1	3
1:A:1179:ILE:O	1:A:1179:ILE:HG13	0.46	2.09	25	1
1:A:1223:LEU:N	1:A:1223:LEU:HD13	0.46	2.25	7	1
1:A:1153:ARG:O	1:A:1154:ASN:CB	0.46	2.63	26	1
1:A:1182:ARG:N	1:A:1200:VAL:HG23	0.46	2.25	4	1
1:A:1182:ARG:HG3	1:A:1183:TRP:NE1	0.46	2.24	6	1
1:A:1191:SER:HB3	1:A:1195:GLU:HB2	0.46	1.88	12	1
1:A:1179:ILE:HD12	1:A:1226:PRO:HD2	0.46	1.85	11	3
1:A:1167:CYS:O	1:A:1169:ILE:N	0.46	2.48	7	1
1:A:1174:MET:SD	1:A:1189:LEU:HD23	0.46	2.50	13	1
1:A:1144:LEU:HD22	1:A:1145:GLU:H	0.46	1.65	3	1
1:A:1190:TYR:N	1:A:1190:TYR:CD1	0.46	2.84	24	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:1189:LEU:CD2	1:A:1189:LEU:H	0.46	2.23	9	1
1:A:1179:ILE:HG22	1:A:1228:CYS:SG	0.46	2.51	15	2
1:A:1167:CYS:HB2	1:A:1191:SER:N	0.46	2.25	12	2
1:A:1199:PHE:HB2	1:A:1226:PRO:CG	0.46	2.35	12	1
1:A:1108:LYS:O	1:A:1155:GLY:HA2	0.46	2.10	22	1
1:A:1134:VAL:CG2	1:A:1135:GLU:N	0.46	2.78	24	2
1:A:1120:ILE:HD11	1:A:1123:PHE:C	0.46	2.30	2	2
1:A:1205:TYR:HA	1:A:1230:LYS:HB3	0.46	1.88	23	3
1:A:1197:VAL:HG23	1:A:1218:CYS:SG	0.46	2.50	18	2
1:A:1148:LYS:H	1:A:1148:LYS:CD	0.46	2.24	14	1
1:A:1182:ARG:HH12	1:A:1197:VAL:HA	0.46	1.71	9	1
1:A:1189:LEU:N	1:A:1189:LEU:HD22	0.46	2.25	26	4
1:A:1150:ILE:H	1:A:1150:ILE:HD13	0.46	1.70	26	1
1:A:1179:ILE:CG2	1:A:1226:PRO:HG2	0.46	2.40	26	1
1:A:1174:MET:HA	1:A:1179:ILE:CD1	0.46	2.40	6	3
1:A:1174:MET:HB3	1:A:1189:LEU:HD23	0.46	1.86	11	1
1:A:1202:LYS:HB3	1:A:1205:TYR:CD1	0.46	2.45	12	1
1:A:1189:LEU:CD1	1:A:1189:LEU:N	0.46	2.78	25	1
1:A:1144:LEU:H	1:A:1144:LEU:CD1	0.46	2.23	1	1
1:A:1183:TRP:O	1:A:1184:THR:C	0.46	2.53	4	1
1:A:1120:ILE:HG12	1:A:1136:TYR:CZ	0.46	2.46	17	2
1:A:1218:CYS:HB3	1:A:1223:LEU:CD1	0.46	2.41	11	1
1:A:1174:MET:N	1:A:1174:MET:SD	0.46	2.89	18	1
1:A:1144:LEU:O	1:A:1144:LEU:HD23	0.46	2.10	24	1
1:A:1138:CYS:SG	1:A:1144:LEU:HD12	0.46	2.51	16	1
1:A:1187:GLN:O	1:A:1188:LYS:HB3	0.46	2.11	16	1
1:A:1204:GLY:O	1:A:1230:LYS:HB3	0.46	2.10	24	2
1:A:1205:TYR:HD2	1:A:1230:LYS:N	0.46	2.09	7	1
1:A:1137:GLN:HG3	1:A:1138:CYS:H	0.46	1.70	20	1
1:A:1183:TRP:N	1:A:1183:TRP:CD1	0.46	2.83	17	2
1:A:1168:VAL:HA	1:A:1190:TYR:CG	0.46	2.45	5	1
1:A:1141:LEU:HD13	1:A:1166:PRO:CG	0.46	2.41	7	1
1:A:1166:PRO:O	1:A:1168:VAL:HG23	0.46	2.11	13	1
1:A:1202:LYS:O	1:A:1204:GLY:N	0.46	2.49	23	3
1:A:1189:LEU:HD23	1:A:1190:TYR:CD1	0.46	2.46	3	4
1:A:1186:LYS:NZ	1:A:1202:LYS:HA	0.46	2.25	10	1
1:A:1163:CYS:O	1:A:1164:LEU:HD22	0.46	2.10	11	2
1:A:1189:LEU:HD13	1:A:1190:TYR:CD1	0.46	2.46	4	1
1:A:1153:ARG:N	1:A:1156:GLN:O	0.46	2.49	19	1
1:A:1178:ASN:HA	1:A:1202:LYS:HD2	0.45	1.87	22	2
1:A:1169:ILE:HG12	1:A:1225:TYR:CE2	0.45	2.46	13	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:1170:SER:HB2	1:A:1173:ILE:HG22	0.45	1.87	6	1
1:A:1169:ILE:HG22	1:A:1170:SER:N	0.45	2.26	11	1
1:A:1167:CYS:SG	1:A:1193:THR:O	0.45	2.75	12	1
1:A:1218:CYS:HB3	1:A:1223:LEU:HD13	0.45	1.88	12	1
1:A:1115:ILE:HG12	1:A:1160:PRO:HG2	0.45	1.88	26	2
1:A:1112:PRO:HD3	1:A:1128:TYR:CE1	0.45	2.47	18	1
1:A:1152:CYS:HB2	1:A:1157:TRP:CG	0.45	2.46	14	1
1:A:1214:LEU:HD23	1:A:1226:PRO:CB	0.45	2.39	13	2
1:A:1202:LYS:O	1:A:1202:LYS:HG3	0.45	2.12	18	1
1:A:1160:PRO:CB	1:A:1161:PRO:HD2	0.45	2.41	17	1
1:A:1193:THR:HG23	1:A:1218:CYS:O	0.45	2.11	19	2
1:A:1173:ILE:HB	1:A:1225:TYR:OH	0.45	2.11	24	1
1:A:1167:CYS:O	1:A:1190:TYR:HB3	0.45	2.11	2	1
1:A:1174:MET:HE2	1:A:1180:ALA:HA	0.45	1.88	16	1
1:A:1139:GLN:O	1:A:1142:TYR:HB2	0.45	2.12	7	4
1:A:1189:LEU:HD22	1:A:1199:PHE:CE2	0.45	2.47	1	1
1:A:1135:GLU:HG3	1:A:1149:ARG:HH11	0.45	1.71	1	1
1:A:1187:GLN:C	1:A:1189:LEU:H	0.45	2.13	2	1
1:A:1174:MET:HB2	1:A:1179:ILE:CD1	0.45	2.36	15	1
1:A:1214:LEU:HD22	1:A:1214:LEU:H	0.45	1.72	24	2
1:A:1140:ASN:HB3	1:A:1142:TYR:HD1	0.45	1.71	14	3
1:A:1207:LEU:CD2	1:A:1214:LEU:HD11	0.45	2.41	5	1
1:A:1189:LEU:HD22	1:A:1189:LEU:O	0.45	2.11	25	1
1:A:1170:SER:O	1:A:1173:ILE:HG22	0.45	2.11	6	2
1:A:1143:GLN:CB	1:A:1193:THR:HB	0.45	2.38	6	2
1:A:1181:LEU:HD11	1:A:1197:VAL:HG12	0.45	1.88	5	1
1:A:1207:LEU:HD22	1:A:1228:CYS:SG	0.45	2.51	5	1
1:A:1222:LYS:HG2	1:A:1223:LEU:N	0.45	2.27	7	1
1:A:1216:THR:HG21	1:A:1224:GLU:O	0.45	2.12	7	1
1:A:1136:TYR:CE2	1:A:1160:PRO:HD3	0.45	2.47	22	2
1:A:1223:LEU:N	1:A:1223:LEU:CD2	0.45	2.80	22	2
1:A:1169:ILE:HD12	1:A:1199:PHE:HZ	0.45	1.72	18	1
1:A:1174:MET:CG	1:A:1179:ILE:HD11	0.45	2.42	14	1
1:A:1205:TYR:HD2	1:A:1230:LYS:H	0.45	1.54	1	1
1:A:1214:LEU:HD23	1:A:1226:PRO:CG	0.45	2.42	10	2
1:A:1180:ALA:HB3	1:A:1200:VAL:CB	0.45	2.38	4	1
1:A:1114:PRO:HG2	1:A:1119:ASP:HA	0.45	1.87	6	1
1:A:1143:GLN:HG2	1:A:1192:ARG:HE	0.45	1.70	2	1
1:A:1169:ILE:HB	1:A:1189:LEU:HD13	0.45	1.86	14	2
1:A:1125:LEU:HD23	1:A:1125:LEU:N	0.45	2.27	11	1
1:A:1120:ILE:N	1:A:1120:ILE:HD13	0.45	2.27	11	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:1133:SER:HB3	1:A:1151:THR:OG1	0.45	2.12	15	1
1:A:1208:SER:O	1:A:1209:SER:HB3	0.45	2.12	8	19
1:A:1143:GLN:HG3	1:A:1144:LEU:N	0.45	2.26	20	2
1:A:1202:LYS:HB2	1:A:1205:TYR:CD2	0.45	2.46	22	1
1:A:1174:MET:HG3	1:A:1199:PHE:CE2	0.45	2.47	20	1
1:A:1144:LEU:C	1:A:1144:LEU:HD13	0.45	2.32	3	1
1:A:1205:TYR:CA	1:A:1231:ARG:HA	0.45	2.41	11	2
1:A:1204:GLY:O	1:A:1206:ARG:HD2	0.45	2.12	17	1
1:A:1211:SER:HB3	1:A:1226:PRO:CA	0.45	2.42	6	1
1:A:1144:LEU:HD11	1:A:1148:LYS:HB3	0.45	1.86	16	1
1:A:1222:LYS:C	1:A:1223:LEU:HD23	0.45	2.32	12	2
1:A:1181:LEU:HD12	1:A:1183:TRP:CD1	0.45	2.47	3	1
1:A:1167:CYS:HA	1:A:1223:LEU:HD21	0.45	1.89	14	1
1:A:1189:LEU:HB3	1:A:1199:PHE:HE2	0.45	1.71	14	1
1:A:1201:CYS:HB2	1:A:1205:TYR:O	0.45	2.12	10	2
1:A:1169:ILE:HG23	1:A:1225:TYR:HE1	0.45	1.71	16	1
1:A:1181:LEU:HD22	1:A:1188:LYS:HB3	0.44	1.89	12	1
1:A:1115:ILE:CG2	1:A:1160:PRO:HB2	0.44	2.42	20	2
1:A:1169:ILE:O	1:A:1189:LEU:HD13	0.44	2.11	13	1
1:A:1170:SER:HB2	1:A:1174:MET:CE	0.44	2.41	1	1
1:A:1209:SER:HB3	1:A:1227:THR:HB	0.44	1.89	24	1
1:A:1169:ILE:HB	1:A:1189:LEU:CB	0.44	2.43	16	1
1:A:1171:ARG:HB2	1:A:1187:GLN:HE21	0.44	1.70	16	1
1:A:1214:LEU:HD22	1:A:1214:LEU:N	0.44	2.28	17	5
1:A:1205:TYR:HB3	1:A:1229:ALA:N	0.44	2.27	5	2
1:A:1119:ASP:OD2	1:A:1120:ILE:HG13	0.44	2.11	25	1
1:A:1141:LEU:O	1:A:1166:PRO:HG3	0.44	2.12	7	1
1:A:1169:ILE:HD11	1:A:1225:TYR:HD1	0.44	1.72	17	2
1:A:1151:THR:O	1:A:1157:TRP:HB3	0.44	2.12	10	1
1:A:1201:CYS:O	1:A:1203:ARG:N	0.44	2.50	11	1
1:A:1186:LYS:NZ	1:A:1186:LYS:HB2	0.44	2.28	2	1
1:A:1178:ASN:HA	1:A:1202:LYS:HB2	0.44	1.89	15	1
1:A:1185:ALA:O	1:A:1186:LYS:HB3	0.44	2.11	15	2
1:A:1182:ARG:HB3	1:A:1198:GLU:HG3	0.44	1.88	12	1
1:A:1189:LEU:HG	1:A:1190:TYR:CD1	0.44	2.46	12	1
1:A:1169:ILE:CD1	1:A:1225:TYR:HB3	0.44	2.42	7	1
1:A:1167:CYS:CB	1:A:1223:LEU:HD11	0.44	2.40	20	1
1:A:1179:ILE:HD13	1:A:1226:PRO:C	0.44	2.32	23	1
1:A:1184:THR:HG23	1:A:1186:LYS:N	0.44	2.22	23	1
1:A:1152:CYS:CA	1:A:1157:TRP:HB3	0.44	2.38	10	1
1:A:1181:LEU:HB2	1:A:1185:ALA:HB3	0.44	1.89	21	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:1136:TYR:CE1	1:A:1160:PRO:HG3	0.44	2.47	23	1
1:A:1218:CYS:CB	1:A:1223:LEU:HD22	0.44	2.37	21	1
1:A:1169:ILE:HD11	1:A:1223:LEU:CD1	0.44	2.42	16	1
1:A:1205:TYR:O	1:A:1228:CYS:HB3	0.44	2.12	12	1
1:A:1121:THR:HG22	1:A:1137:GLN:CB	0.44	2.41	22	1
1:A:1169:ILE:HG22	1:A:1189:LEU:CD1	0.44	2.41	17	1
1:A:1192:ARG:HB2	1:A:1195:GLU:OE1	0.44	2.12	21	1
1:A:1173:ILE:HG13	1:A:1177:TYR:CE2	0.44	2.48	6	2
1:A:1205:TYR:HA	1:A:1231:ARG:H	0.44	1.72	23	1
1:A:1216:THR:HG21	1:A:1223:LEU:HB2	0.44	1.89	15	2
1:A:1177:TYR:O	1:A:1178:ASN:HB2	0.44	2.12	14	2
1:A:1169:ILE:CD1	1:A:1223:LEU:HB2	0.44	2.42	20	2
1:A:1136:TYR:OH	1:A:1150:ILE:HG23	0.44	2.12	25	1
1:A:1173:ILE:HG23	1:A:1177:TYR:CZ	0.44	2.48	22	2
1:A:1129:ALA:HB3	1:A:1132:SER:OG	0.44	2.13	15	2
1:A:1182:ARG:HB2	1:A:1198:GLU:HG2	0.44	1.89	17	2
1:A:1181:LEU:CD1	1:A:1188:LYS:HB3	0.44	2.43	26	2
1:A:1206:ARG:C	1:A:1228:CYS:HB3	0.44	2.33	9	1
1:A:1169:ILE:CG2	1:A:1189:LEU:HD22	0.44	2.42	15	1
1:A:1187:GLN:HG2	1:A:1189:LEU:H	0.44	1.72	5	1
1:A:1140:ASN:O	1:A:1141:LEU:HG	0.44	2.13	7	1
1:A:1171:ARG:HB2	1:A:1175:GLU:OE1	0.44	2.12	11	3
1:A:1184:THR:HG21	1:A:1188:LYS:HB2	0.44	1.88	23	1
1:A:1109:CYS:CA	1:A:1155:GLY:HA2	0.44	2.42	26	2
1:A:1125:LEU:HD22	1:A:1126:SER:N	0.44	2.28	21	1
1:A:1193:THR:HA	1:A:1218:CYS:CB	0.44	2.42	19	1
1:A:1120:ILE:CD1	1:A:1123:PHE:HA	0.43	2.43	22	1
1:A:1208:SER:N	1:A:1228:CYS:HA	0.43	2.28	14	1
1:A:1214:LEU:HD13	1:A:1226:PRO:CG	0.43	2.43	17	1
1:A:1143:GLN:HG2	1:A:1192:ARG:NE	0.43	2.28	2	1
1:A:1112:PRO:HB3	1:A:1157:TRP:CG	0.43	2.47	18	1
1:A:1143:GLN:O	1:A:1164:LEU:HB2	0.43	2.12	1	1
1:A:1109:CYS:O	1:A:1127:VAL:HA	0.43	2.13	21	1
1:A:1173:ILE:HG23	1:A:1174:MET:N	0.43	2.28	6	1
1:A:1181:LEU:HD11	1:A:1197:VAL:HG13	0.43	1.88	2	1
1:A:1183:TRP:CD1	1:A:1183:TRP:N	0.43	2.86	25	4
1:A:1212:HIS:CB	1:A:1224:GLU:HB3	0.43	2.42	26	2
1:A:1123:PHE:N	1:A:1124:PRO:CD	0.43	2.79	22	1
1:A:1175:GLU:O	1:A:1175:GLU:HG3	0.43	2.12	13	1
1:A:1189:LEU:HD12	1:A:1189:LEU:N	0.43	2.29	4	1
1:A:1207:LEU:HA	1:A:1228:CYS:SG	0.43	2.53	10	3

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:1108:LYS:HA	1:A:1130:PRO:HB3	0.43	1.91	13	1
1:A:1169:ILE:HG22	1:A:1189:LEU:CG	0.43	2.43	26	2
1:A:1190:TYR:N	1:A:1190:TYR:HD1	0.43	2.11	18	1
1:A:1202:LYS:NZ	1:A:1231:ARG:HD2	0.43	2.27	26	1
1:A:1181:LEU:HD21	1:A:1187:GLN:O	0.43	2.13	26	1
1:A:1167:CYS:HB3	1:A:1191:SER:HB2	0.43	1.90	10	1
1:A:1142:TYR:HA	1:A:1166:PRO:HG3	0.43	1.89	10	1
1:A:1134:VAL:HG12	1:A:1150:ILE:HD11	0.43	1.90	21	1
1:A:1167:CYS:CB	1:A:1223:LEU:HD21	0.43	2.43	9	1
1:A:1171:ARG:N	1:A:1189:LEU:HD13	0.43	2.29	12	1
1:A:1171:ARG:HB2	1:A:1175:GLU:OE2	0.43	2.13	4	6
1:A:1135:GLU:HG3	1:A:1148:LYS:HG2	0.43	1.89	14	1
1:A:1202:LYS:HD2	1:A:1205:TYR:CE1	0.43	2.48	15	2
1:A:1145:GLU:HB2	1:A:1164:LEU:HD21	0.43	1.91	12	1
1:A:1211:SER:HB2	1:A:1226:PRO:HA	0.43	1.89	12	1
1:A:1174:MET:CE	1:A:1189:LEU:HD12	0.43	2.41	20	2
1:A:1144:LEU:CD1	1:A:1148:LYS:HB3	0.43	2.44	16	2
1:A:1169:ILE:HG13	1:A:1199:PHE:HZ	0.43	1.73	23	1
1:A:1144:LEU:HD23	1:A:1144:LEU:C	0.43	2.33	18	2
1:A:1205:TYR:HA	1:A:1230:LYS:O	0.43	2.13	9	2
1:A:1136:TYR:N	1:A:1148:LYS:HB2	0.43	2.29	19	2
1:A:1194:GLY:H	1:A:1218:CYS:HB2	0.43	1.73	25	1
1:A:1158:SER:O	1:A:1159:GLU:O	0.43	2.37	7	2
1:A:1173:ILE:HG22	1:A:1174:MET:CE	0.43	2.43	18	1
1:A:1179:ILE:HG21	1:A:1227:THR:N	0.43	2.28	18	1
1:A:1182:ARG:HD3	1:A:1198:GLU:OE2	0.43	2.13	8	1
1:A:1107:GLY:C	1:A:1130:PRO:HG3	0.43	2.34	26	1
1:A:1112:PRO:HB3	1:A:1157:TRP:CE2	0.43	2.49	10	2
1:A:1167:CYS:HB2	1:A:1223:LEU:HD22	0.43	1.91	13	1
1:A:1170:SER:O	1:A:1174:MET:HE3	0.43	2.14	14	1
1:A:1157:TRP:H	1:A:1157:TRP:HD1	0.43	1.55	10	1
1:A:1174:MET:HE2	1:A:1175:GLU:N	0.43	2.28	4	1
1:A:1169:ILE:HD11	1:A:1223:LEU:CG	0.43	2.43	16	1
1:A:1202:LYS:HD2	1:A:1205:TYR:HE1	0.43	1.73	15	1
1:A:1206:ARG:O	1:A:1207:LEU:C	0.43	2.57	5	3
1:A:1206:ARG:HD3	1:A:1230:LYS:HD2	0.43	1.90	5	1
1:A:1167:CYS:SG	1:A:1223:LEU:HD13	0.43	2.53	22	1
1:A:1222:LYS:HD3	1:A:1223:LEU:H	0.43	1.74	3	1
1:A:1197:VAL:HG12	1:A:1198:GLU:N	0.43	2.29	25	1
1:A:1205:TYR:HA	1:A:1230:LYS:C	0.43	2.34	2	3
1:A:1172:GLU:O	1:A:1176:ASN:HB3	0.43	2.14	20	1

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:1144:LEU:CD2	1:A:1145:GLU:N	0.43	2.75	3	1
1:A:1136:TYR:HE1	1:A:1160:PRO:HB3	0.43	1.73	8	1
1:A:1129:ALA:O	1:A:1132:SER:HB2	0.43	2.13	10	1
1:A:1170:SER:HB3	1:A:1173:ILE:HG22	0.42	1.89	11	2
1:A:1120:ILE:HG12	1:A:1136:TYR:CE1	0.42	2.49	7	1
1:A:1174:MET:HG3	1:A:1199:PHE:CD2	0.42	2.49	23	1
1:A:1138:CYS:HB3	1:A:1142:TYR:CB	0.42	2.44	15	1
1:A:1205:TYR:CB	1:A:1228:CYS:SG	0.42	3.06	20	1
1:A:1173:ILE:HG22	1:A:1174:MET:HE2	0.42	1.91	1	1
1:A:1133:SER:OG	1:A:1149:ARG:HG3	0.42	2.14	1	1
1:A:1141:LEU:O	1:A:1192:ARG:HG3	0.42	2.14	26	1
1:A:1112:PRO:HG3	1:A:1128:TYR:CE2	0.42	2.49	21	1
1:A:1142:TYR:CD1	1:A:1165:HIS:HA	0.42	2.48	6	1
1:A:1179:ILE:CG2	1:A:1226:PRO:HB2	0.42	2.44	2	1
1:A:1181:LEU:HD23	1:A:1183:TRP:CD1	0.42	2.49	15	1
1:A:1125:LEU:HD23	1:A:1125:LEU:H	0.42	1.74	5	1
1:A:1153:ARG:N	1:A:1153:ARG:HD3	0.42	2.29	5	1
1:A:1136:TYR:O	1:A:1137:GLN:HB2	0.42	2.15	7	1
1:A:1184:THR:HG23	1:A:1185:ALA:N	0.42	2.28	23	1
1:A:1141:LEU:HA	1:A:1192:ARG:HG2	0.42	1.92	11	1
1:A:1186:LYS:NZ	1:A:1203:ARG:HD2	0.42	2.29	23	1
1:A:1164:LEU:HB3	1:A:1220:ASP:N	0.42	2.30	6	1
1:A:1178:ASN:O	1:A:1202:LYS:HG3	0.42	2.13	22	1
1:A:1180:ALA:HB3	1:A:1200:VAL:CG2	0.42	2.43	23	1
1:A:1139:GLN:OE1	1:A:1140:ASN:HB2	0.42	2.15	3	1
1:A:1168:VAL:HA	1:A:1189:LEU:O	0.42	2.14	10	1
1:A:1133:SER:HB2	1:A:1149:ARG:HD2	0.42	1.90	10	1
1:A:1174:MET:HE1	1:A:1180:ALA:HA	0.42	1.90	15	1
1:A:1140:ASN:HD22	1:A:1141:LEU:H	0.42	1.56	1	1
1:A:1162:LYS:NZ	1:A:1162:LYS:HB2	0.42	2.29	1	1
1:A:1122:SER:HG	1:A:1123:PHE:HD1	0.42	1.55	26	1
1:A:1207:LEU:N	1:A:1228:CYS:SG	0.42	2.93	4	1
1:A:1125:LEU:HD22	1:A:1125:LEU:C	0.42	2.35	21	1
1:A:1181:LEU:HG	1:A:1198:GLU:O	0.42	2.15	24	1
1:A:1112:PRO:HG2	1:A:1136:TYR:OH	0.42	2.14	14	1
1:A:1165:HIS:O	1:A:1221:GLY:N	0.42	2.53	26	1
1:A:1204:GLY:HA3	1:A:1231:ARG:C	0.42	2.35	21	1
1:A:1182:ARG:HH11	1:A:1198:GLU:H	0.42	1.57	9	1
1:A:1153:ARG:HG2	1:A:1153:ARG:O	0.42	2.15	5	1
1:A:1139:GLN:HG2	1:A:1140:ASN:N	0.42	2.30	13	1
1:A:1160:PRO:HB2	1:A:1161:PRO:HD2	0.42	1.92	23	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:1181:LEU:HB2	1:A:1184:THR:HG22	0.42	1.91	23	1
1:A:1184:THR:O	1:A:1185:ALA:HB3	0.42	2.15	23	1
1:A:1174:MET:C	1:A:1176:ASN:N	0.42	2.73	18	1
1:A:1213:THR:O	1:A:1226:PRO:HG3	0.42	2.15	17	1
1:A:1174:MET:C	1:A:1176:ASN:H	0.42	2.18	25	2
1:A:1169:ILE:O	1:A:1189:LEU:HD23	0.42	2.13	18	1
1:A:1218:CYS:CA	1:A:1223:LEU:HD22	0.42	2.38	18	1
1:A:1212:HIS:CD2	1:A:1213:THR:HG23	0.42	2.50	18	1
1:A:1160:PRO:HB3	1:A:1161:PRO:HD2	0.42	1.92	17	1
1:A:1180:ALA:O	1:A:1200:VAL:N	0.42	2.53	21	3
1:A:1120:ILE:HG23	1:A:1134:VAL:CG1	0.42	2.45	10	1
1:A:1189:LEU:HD12	1:A:1189:LEU:H	0.42	1.75	25	1
1:A:1204:GLY:CA	1:A:1231:ARG:HA	0.42	2.44	20	1
1:A:1228:CYS:O	1:A:1229:ALA:HB2	0.42	2.15	14	1
1:A:1169:ILE:CG1	1:A:1223:LEU:HB2	0.42	2.45	26	1
1:A:1204:GLY:O	1:A:1205:TYR:C	0.42	2.58	21	1
1:A:1186:LYS:N	1:A:1186:LYS:HD3	0.41	2.30	14	2
1:A:1172:GLU:HA	1:A:1176:ASN:ND2	0.41	2.29	24	2
1:A:1128:TYR:OH	1:A:1134:VAL:HG11	0.41	2.15	7	3
1:A:1169:ILE:CG2	1:A:1189:LEU:HG	0.41	2.40	20	1
1:A:1112:PRO:HB3	1:A:1157:TRP:CD2	0.41	2.50	17	3
1:A:1164:LEU:CB	1:A:1193:THR:HG21	0.41	2.45	24	2
1:A:1174:MET:HG2	1:A:1189:LEU:CD2	0.41	2.44	24	1
1:A:1175:GLU:OE1	1:A:1187:GLN:HB2	0.41	2.15	11	1
1:A:1223:LEU:N	1:A:1223:LEU:HD12	0.41	2.31	25	1
1:A:1138:CYS:H	1:A:1144:LEU:HD13	0.41	1.76	22	1
1:A:1174:MET:SD	1:A:1174:MET:N	0.41	2.94	22	1
1:A:1168:VAL:HG23	1:A:1190:TYR:CZ	0.41	2.50	3	1
1:A:1165:HIS:HB2	1:A:1220:ASP:O	0.41	2.16	4	2
1:A:1170:SER:OG	1:A:1173:ILE:HB	0.41	2.15	17	1
1:A:1179:ILE:HG22	1:A:1180:ALA:H	0.41	1.74	10	2
1:A:1171:ARG:H	1:A:1189:LEU:HD13	0.41	1.76	10	1
1:A:1201:CYS:O	1:A:1202:LYS:O	0.41	2.38	9	1
1:A:1121:THR:HG21	1:A:1137:GLN:CB	0.41	2.44	5	1
1:A:1174:MET:HA	1:A:1177:TYR:HE1	0.41	1.75	7	1
1:A:1153:ARG:CD	1:A:1153:ARG:N	0.41	2.83	1	1
1:A:1133:SER:HB2	1:A:1151:THR:OG1	0.41	2.14	1	1
1:A:1169:ILE:HB	1:A:1223:LEU:CD1	0.41	2.43	10	1
1:A:1179:ILE:HG22	1:A:1199:PHE:HB3	0.41	1.92	10	1
1:A:1212:HIS:HB2	1:A:1225:TYR:O	0.41	2.15	11	1
1:A:1205:TYR:HB3	1:A:1229:ALA:CA	0.41	2.45	20	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:1169:ILE:HB	1:A:1189:LEU:HB2	0.41	1.92	18	1
1:A:1128:TYR:O	1:A:1129:ALA:O	0.41	2.39	21	1
1:A:1164:LEU:HD13	1:A:1219:TRP:CD1	0.41	2.49	6	1
1:A:1147:ASN:ND2	1:A:1147:ASN:O	0.41	2.53	11	1
1:A:1171:ARG:HE	1:A:1189:LEU:HD21	0.41	1.75	2	1
1:A:1145:GLU:CB	1:A:1164:LEU:HD13	0.41	2.45	25	1
1:A:1119:ASP:C	1:A:1121:THR:H	0.41	2.19	7	1
1:A:1174:MET:HB2	1:A:1187:GLN:HG3	0.41	1.92	18	1
1:A:1188:LYS:HG2	1:A:1188:LYS:O	0.41	2.14	18	1
1:A:1134:VAL:C	1:A:1149:ARG:HD2	0.41	2.36	1	1
1:A:1184:THR:O	1:A:1188:LYS:HB2	0.41	2.16	4	1
1:A:1212:HIS:O	1:A:1213:THR:O	0.41	2.39	21	1
1:A:1136:TYR:CA	1:A:1148:LYS:HB2	0.41	2.45	19	1
1:A:1187:GLN:HG2	1:A:1189:LEU:HG	0.41	1.92	24	1
1:A:1114:PRO:CG	1:A:1119:ASP:HA	0.41	2.45	2	2
1:A:1174:MET:CA	1:A:1179:ILE:HD12	0.41	2.43	6	1
1:A:1115:ILE:CG1	1:A:1118:GLY:HA3	0.41	2.46	7	1
1:A:1174:MET:HA	1:A:1177:TYR:CE1	0.41	2.50	7	1
1:A:1148:LYS:N	1:A:1148:LYS:CD	0.41	2.84	14	1
1:A:1112:PRO:HD3	1:A:1128:TYR:CD2	0.41	2.49	26	1
1:A:1145:GLU:OE1	1:A:1162:LYS:HE3	0.41	2.15	4	1
1:A:1108:LYS:N	1:A:1130:PRO:HG3	0.41	2.31	4	1
1:A:1201:CYS:HB3	1:A:1228:CYS:HB2	0.41	1.83	2	1
1:A:1186:LYS:O	1:A:1187:GLN:CB	0.41	2.67	12	3
1:A:1125:LEU:HD13	1:A:1128:TYR:OH	0.41	2.16	12	1
1:A:1181:LEU:HD11	1:A:1188:LYS:O	0.41	2.16	12	1
1:A:1144:LEU:C	1:A:1144:LEU:HD22	0.41	2.35	1	1
1:A:1175:GLU:OE2	1:A:1187:GLN:HB2	0.41	2.15	4	1
1:A:1112:PRO:HG3	1:A:1128:TYR:HE2	0.41	1.76	19	1
1:A:1202:LYS:HG2	1:A:1231:ARG:HH11	0.41	1.76	24	1
1:A:1170:SER:HB2	1:A:1173:ILE:CG2	0.41	2.45	6	1
1:A:1175:GLU:HG2	1:A:1187:GLN:HE21	0.41	1.75	16	1
1:A:1120:ILE:C	1:A:1121:THR:HG23	0.41	2.36	5	2
1:A:1138:CYS:N	1:A:1144:LEU:HD13	0.41	2.30	22	1
1:A:1135:GLU:HB2	1:A:1149:ARG:CZ	0.41	2.46	23	1
1:A:1186:LYS:HD2	1:A:1186:LYS:N	0.41	2.31	4	1
1:A:1125:LEU:C	1:A:1127:VAL:H	0.41	2.18	4	1
1:A:1114:PRO:HG3	1:A:1136:TYR:CE2	0.41	2.51	15	1
1:A:1187:GLN:O	1:A:1189:LEU:HD22	0.41	2.15	12	1
1:A:1141:LEU:HB2	1:A:1166:PRO:HG3	0.41	1.93	13	1
1:A:1174:MET:HG2	1:A:1179:ILE:CG1	0.41	2.46	23	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:1168:VAL:O	1:A:1168:VAL:HG13	0.41	2.16	14	2
1:A:1170:SER:CB	1:A:1173:ILE:HD13	0.41	2.45	26	1
1:A:1182:ARG:H	1:A:1200:VAL:HG23	0.41	1.76	4	1
1:A:1218:CYS:HB3	1:A:1223:LEU:HD12	0.41	1.93	11	1
1:A:1144:LEU:HD13	1:A:1161:PRO:CG	0.41	2.46	9	1
1:A:1150:ILE:HG12	1:A:1151:THR:N	0.41	2.31	16	1
1:A:1181:LEU:C	1:A:1183:TRP:H	0.41	2.19	23	1
1:A:1142:TYR:CG	1:A:1166:PRO:HD3	0.41	2.51	1	1
1:A:1115:ILE:C	1:A:1117:ASN:H	0.41	2.19	8	1
1:A:1205:TYR:CD1	1:A:1230:LYS:N	0.41	2.89	4	1
1:A:1166:PRO:O	1:A:1168:VAL:N	0.41	2.53	2	1
1:A:1114:PRO:HG3	1:A:1136:TYR:OH	0.40	2.15	15	1
1:A:1125:LEU:HB2	1:A:1128:TYR:CD2	0.40	2.51	1	1
1:A:1119:ASP:O	1:A:1136:TYR:HA	0.40	2.16	21	1
1:A:1118:GLY:HA2	1:A:1139:GLN:HG3	0.40	1.92	24	1
1:A:1174:MET:CB	1:A:1179:ILE:HD12	0.40	2.46	6	1
1:A:1178:ASN:HB3	1:A:1205:TYR:CG	0.40	2.51	9	1
1:A:1180:ALA:O	1:A:1200:VAL:HG22	0.40	2.16	2	1
1:A:1178:ASN:O	1:A:1228:CYS:SG	0.40	2.80	20	1
1:A:1189:LEU:H	1:A:1189:LEU:CD1	0.40	2.24	23	1
1:A:1120:ILE:HG22	1:A:1136:TYR:HE1	0.40	1.76	2	1
1:A:1189:LEU:HD12	1:A:1190:TYR:HD1	0.40	1.77	15	1
1:A:1178:ASN:OD1	1:A:1178:ASN:N	0.40	2.55	5	1
1:A:1187:GLN:O	1:A:1189:LEU:N	0.40	2.54	25	1
1:A:1169:ILE:CG1	1:A:1223:LEU:HD23	0.40	2.31	14	1
1:A:1150:ILE:HD13	1:A:1150:ILE:H	0.40	1.76	24	1
1:A:1180:ALA:HB2	1:A:1202:LYS:HA	0.40	1.93	9	1
1:A:1198:GLU:OE1	1:A:1214:LEU:HB3	0.40	2.17	25	1
1:A:1168:VAL:HG13	1:A:1168:VAL:O	0.40	2.15	25	1
1:A:1178:ASN:HA	1:A:1202:LYS:CG	0.40	2.43	7	1
1:A:1109:CYS:HB3	1:A:1157:TRP:CE2	0.40	2.52	18	1
1:A:1181:LEU:O	1:A:1182:ARG:HB3	0.40	2.17	4	1
1:A:1146:GLY:C	1:A:1161:PRO:HG2	0.40	2.37	11	1
1:A:1175:GLU:OE2	1:A:1186:LYS:HE2	0.40	2.16	11	1
1:A:1175:GLU:HA	1:A:1179:ILE:O	0.40	2.17	15	1
1:A:1144:LEU:HA	1:A:1163:CYS:SG	0.40	2.56	12	1
1:A:1188:LYS:HG3	1:A:1188:LYS:O	0.40	2.17	7	1
1:A:1163:CYS:O	1:A:1164:LEU:HD23	0.40	2.16	7	1
1:A:1182:ARG:HB3	1:A:1198:GLU:CG	0.40	2.47	7	1
1:A:1109:CYS:SG	1:A:1129:ALA:O	0.40	2.80	22	1
1:A:1136:TYR:H	1:A:1148:LYS:HD3	0.40	1.76	13	1

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:1223:LEU:CD2	1:A:1223:LEU:N	0.40	2.78	14	1
1:A:1213:THR:O	1:A:1226:PRO:HD3	0.40	2.17	1	1
1:A:1150:ILE:HG13	1:A:1157:TRP:CZ3	0.40	2.52	19	1
1:A:1121:THR:OG1	1:A:1135:GLU:HB2	0.40	2.16	2	1
1:A:1188:LYS:O	1:A:1188:LYS:HG3	0.40	2.17	16	1

## 6.3 Torsion angles [i](#)

### 6.3.1 Protein backbone [i](#)

In the following table, the Percentiles column shows the percent Ramachandran outliers of the chain as a percentile score with respect to all PDB entries followed by that with respect to all NMR entries. 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	124/129 (96%)	76±4 (61±4%)	34±4 (27±3%)	15±3 (12±2%)	<b>1</b>	<b>8</b>
All	All	3224/3354 (96%)	1966 (61%)	880 (27%)	378 (12%)	<b>1</b>	<b>8</b>

All 59 unique Ramachandran outliers are listed below. They are sorted by the frequency of occurrence in the ensemble.

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	1161	PRO	25
1	A	1203	ARG	23
1	A	1230	LYS	23
1	A	1202	LYS	22
1	A	1187	GLN	20
1	A	1226	PRO	17
1	A	1119	ASP	14
1	A	1186	LYS	13
1	A	1107	GLY	12
1	A	1200	VAL	11
1	A	1114	PRO	11
1	A	1113	PRO	10
1	A	1184	THR	10
1	A	1166	PRO	10
1	A	1178	ASN	10
1	A	1228	CYS	10
1	A	1188	LYS	9

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	1213	THR	9
1	A	1139	GLN	8
1	A	1227	THR	7
1	A	1167	CYS	7
1	A	1205	TYR	7
1	A	1168	VAL	6
1	A	1224	GLU	6
1	A	1157	TRP	5
1	A	1211	SER	5
1	A	1212	HIS	5
1	A	1140	ASN	5
1	A	1189	LEU	4
1	A	1177	TYR	4
1	A	1129	ALA	4
1	A	1144	LEU	3
1	A	1193	THR	3
1	A	1190	TYR	3
1	A	1117	ASN	3
1	A	1154	ASN	3
1	A	1159	GLU	2
1	A	1182	ARG	2
1	A	1160	PRO	2
1	A	1219	TRP	2
1	A	1207	LEU	2
1	A	1229	ALA	2
1	A	1122	SER	2
1	A	1124	PRO	2
1	A	1110	GLY	1
1	A	1115	ILE	1
1	A	1208	SER	1
1	A	1204	GLY	1
1	A	1134	VAL	1
1	A	1128	TYR	1
1	A	1141	LEU	1
1	A	1148	LYS	1
1	A	1170	SER	1
1	A	1136	TYR	1
1	A	1169	ILE	1
1	A	1156	GLN	1
1	A	1112	PRO	1
1	A	1147	ASN	1
1	A	1210	ARG	1

### 6.3.2 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 PDB entries followed by that with respect to all NMR entries. 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	112/115 (97%)	98±3 (87±3%)	14±3 (13±3%)	10	51
All	All	2912/2990 (97%)	2543 (87%)	369 (13%)	10	51

All 62 unique residues with a non-rotameric sidechain are listed below. They are sorted by the frequency of occurrence in the ensemble.

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	1148	LYS	24
1	A	1153	ARG	23
1	A	1120	ILE	19
1	A	1128	TYR	18
1	A	1189	LEU	18
1	A	1225	TYR	17
1	A	1181	LEU	15
1	A	1150	ILE	14
1	A	1115	ILE	13
1	A	1174	MET	12
1	A	1219	TRP	12
1	A	1143	GLN	11
1	A	1223	LEU	11
1	A	1178	ASN	10
1	A	1109	CYS	9
1	A	1133	SER	8
1	A	1140	ASN	8
1	A	1167	CYS	7
1	A	1125	LEU	7
1	A	1169	ILE	6
1	A	1213	THR	6
1	A	1201	CYS	6
1	A	1206	ARG	5
1	A	1138	CYS	5
1	A	1173	ILE	5
1	A	1152	CYS	5
1	A	1177	TYR	5
1	A	1227	THR	4
1	A	1136	TYR	4

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	1144	LEU	4
1	A	1190	TYR	4
1	A	1188	LYS	3
1	A	1222	LYS	3
1	A	1186	LYS	3
1	A	1175	GLU	3
1	A	1218	CYS	3
1	A	1198	GLU	3
1	A	1121	THR	2
1	A	1162	LYS	2
1	A	1202	LYS	2
1	A	1171	ARG	2
1	A	1197	VAL	2
1	A	1230	LYS	2
1	A	1207	LEU	2
1	A	1214	LEU	2
1	A	1184	THR	2
1	A	1179	ILE	2
1	A	1154	ASN	2
1	A	1163	CYS	1
1	A	1134	VAL	1
1	A	1157	TRP	1
1	A	1228	CYS	1
1	A	1183	TRP	1
1	A	1226	PRO	1
1	A	1164	LEU	1
1	A	1187	GLN	1
1	A	1199	PHE	1
1	A	1200	VAL	1
1	A	1217	THR	1
1	A	1147	ASN	1
1	A	1224	GLU	1
1	A	1139	GLN	1

### 6.3.3 RNA ⓘ

There are no RNA molecules in this entry.

## 6.4 Non-standard residues in protein, DNA, RNA chains ⓘ

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



## 6.5 Carbohydrates [i](#)

There are no carbohydrates in this entry.

## 6.6 Ligand geometry [i](#)

There are no ligands in this entry.

## 6.7 Other polymers [i](#)

There are no such molecules in this entry.

## 6.8 Polymer linkage issues [i](#)

There are no chain breaks in this entry.

## 7 Chemical shift validation

No chemical shift data were provided