



# Full wwPDB NMR Structure Validation Report ⓘ

Apr 26, 2016 – 09:06 PM BST

PDB ID : 2JNX  
Title : NMR derived solution structure of an EF-hand Calcium Binding Protein from Entamoeba Histolytica  
Authors : Mustafi, S.M.; Mutalik, R.B.; Chary, K.V.  
Deposited on : 2007-02-11

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

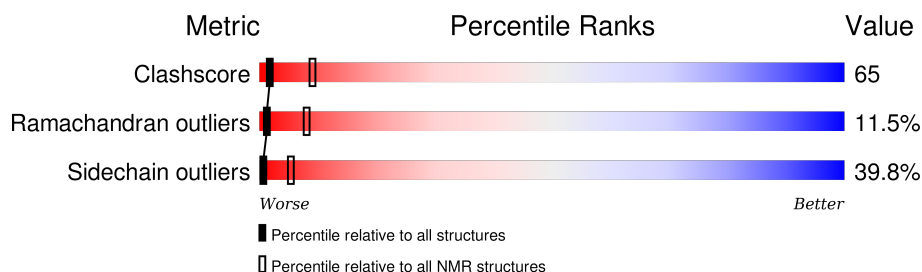
# 1 Overall quality at a glance

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	134	

## 2 Ensemble composition and analysis

This entry contains 20 models. Model 9 is the overall representative, medoid model (most similar to other models). The authors have identified model 1 as representative, based on the following criterion: *lowest target function*.

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:5-A:65 (61)	0.62	12
2	A:72-A:134 (63)	0.47	9

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 4 clusters and 5 single-model clusters were found.

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

### 3 Entry composition

There are 2 unique types of molecules in this entry. The entry contains 1961 atoms, of which 905 are hydrogens and 0 are deuteriums.

- Molecule 1 is a protein called Calcium binding protein 2.

Mol	Chain	Residues	Atoms						Trace
1	A	134	Total	C	H	N	O	S	0
			1957	676	905	163	210	3	

- Molecule 2 is CALCIUM ION (three-letter code: CA) (formula: Ca).

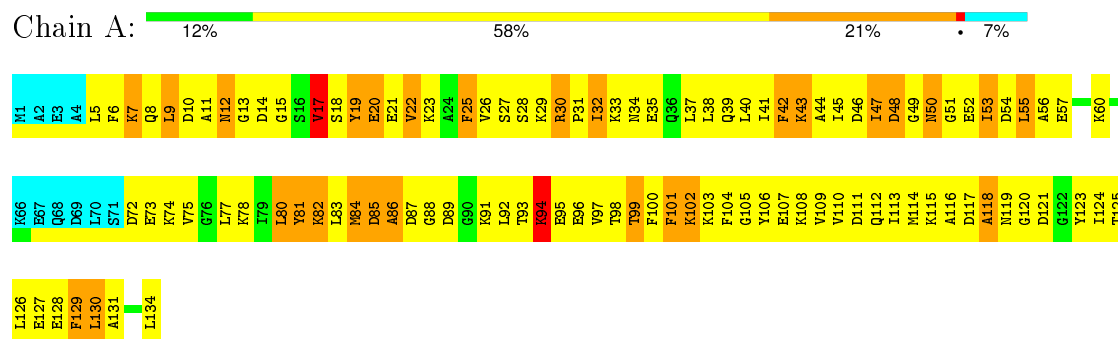
Mol	Chain	Residues	Atoms	
2	A	4	Total	Ca
			4	4

## 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: Calcium binding protein 2

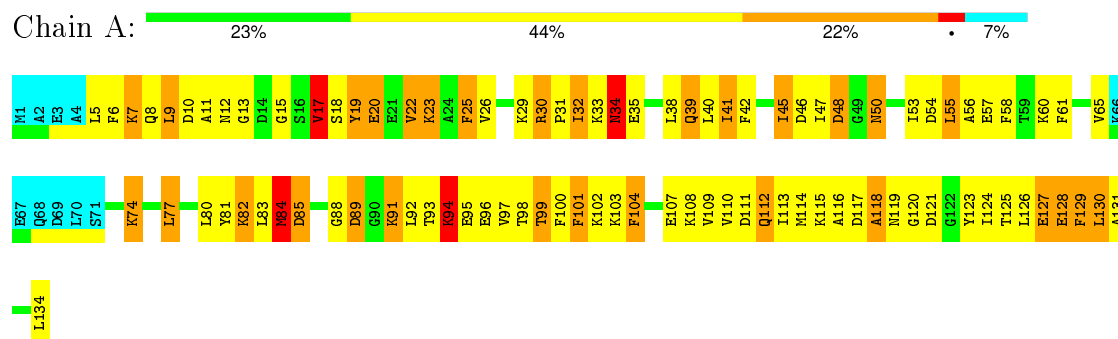


### 4.2 Scores per residue for each member of the ensemble

Colouring as in section 4.1 above.

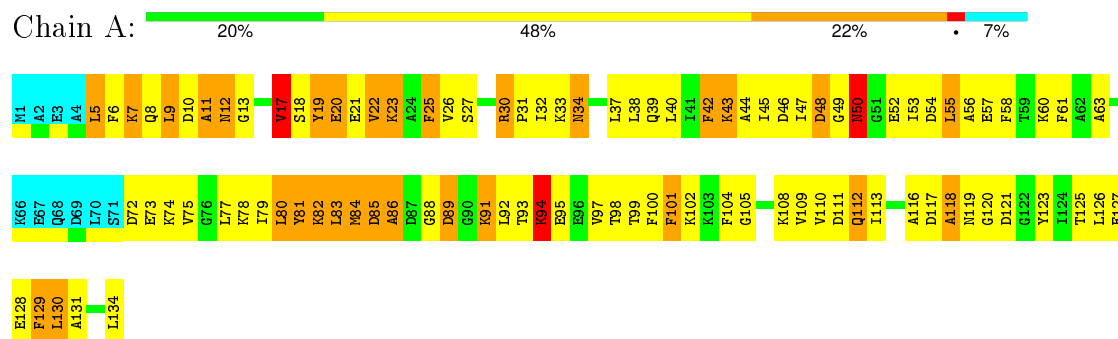
#### 4.2.1 Score per residue for model 1

- Molecule 1: Calcium binding protein 2



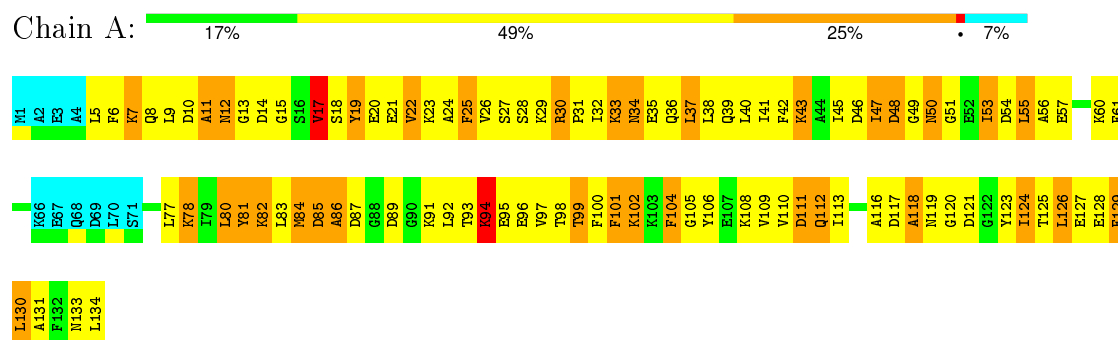
### 4.2.2 Score per residue for model 2

- Molecule 1: Calcium binding protein 2



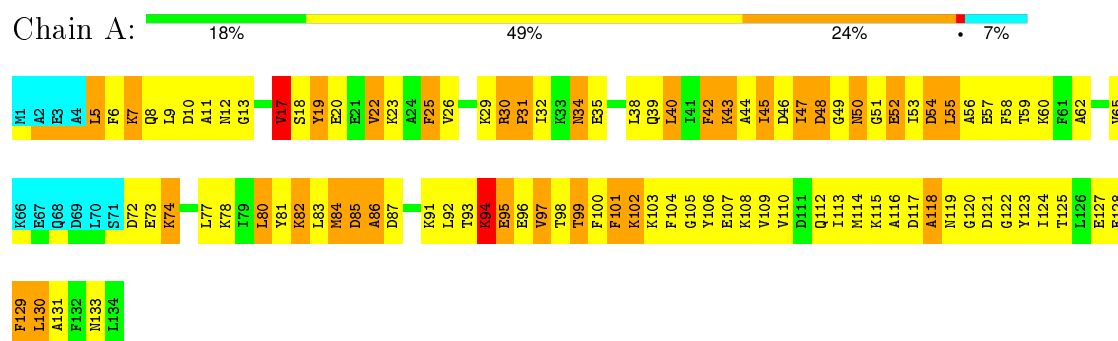
### 4.2.3 Score per residue for model 3

- Molecule 1: Calcium binding protein 2



### 4.2.4 Score per residue for model 4

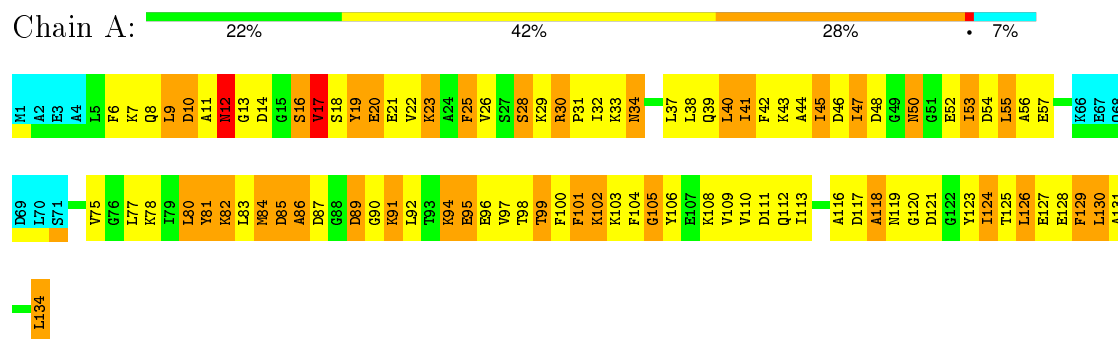
- Molecule 1: Calcium binding protein 2





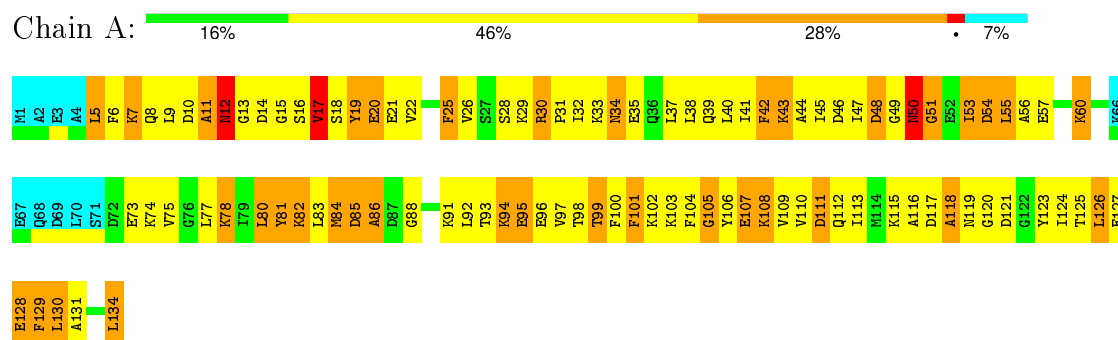
### 4.2.8 Score per residue for model 8

- Molecule 1: Calcium binding protein 2



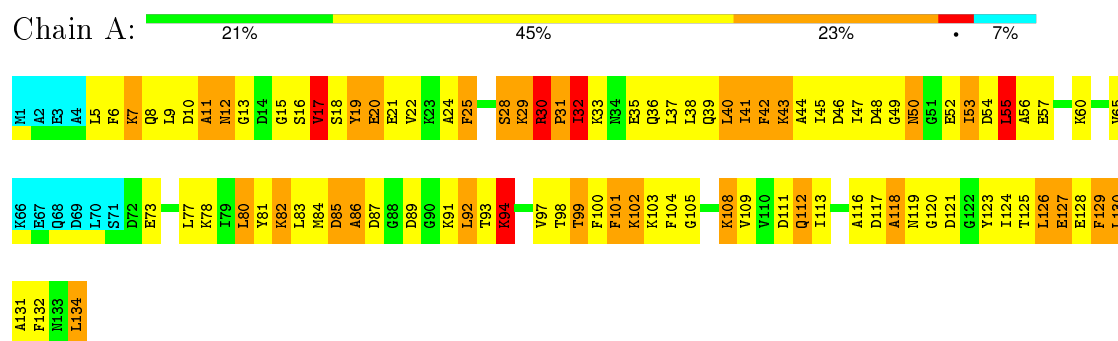
### 4.2.9 Score per residue for model 9 (medoid)

- Molecule 1: Calcium binding protein 2



### 4.2.10 Score per residue for model 10

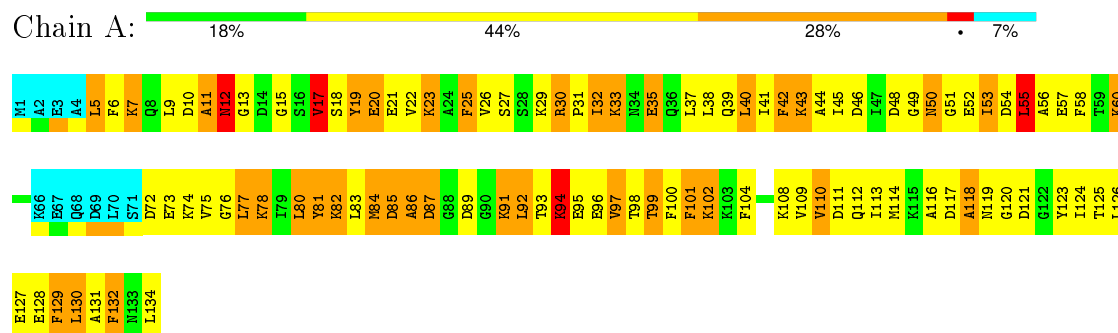
- Molecule 1: Calcium binding protein 2





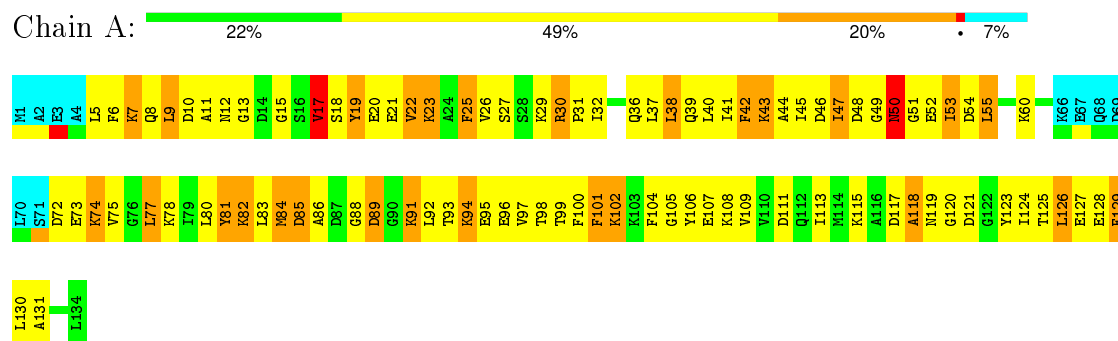
### 4.2.11 Score per residue for model 11

- Molecule 1: Calcium binding protein 2



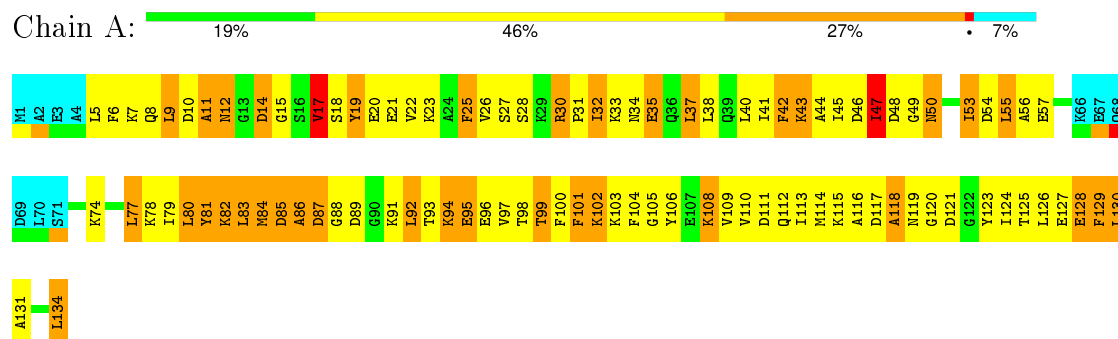
### 4.2.12 Score per residue for model 12

- Molecule 1: Calcium binding protein 2



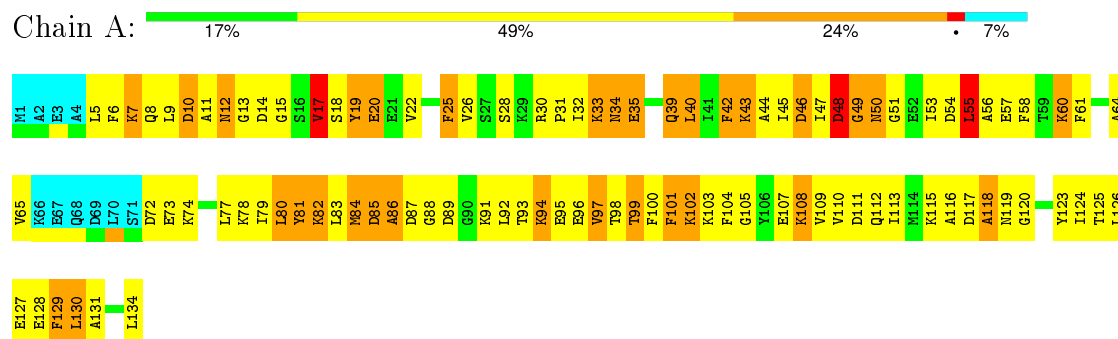
### 4.2.13 Score per residue for model 13

- Molecule 1: Calcium binding protein 2



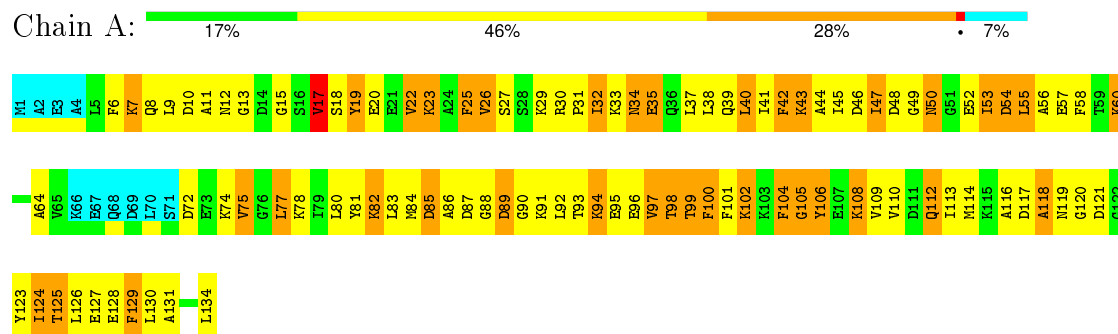
## 4.2.14 Score per residue for model 14

- Molecule 1: Calcium binding protein 2



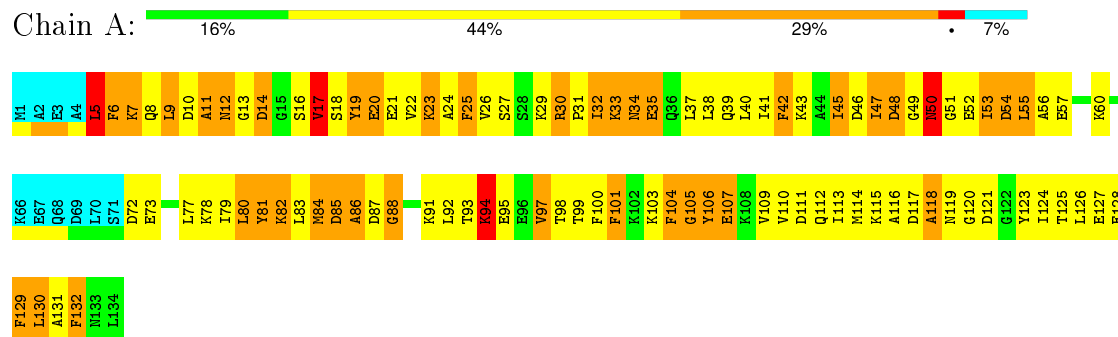
## 4.2.15 Score per residue for model 15

- Molecule 1: Calcium binding protein 2



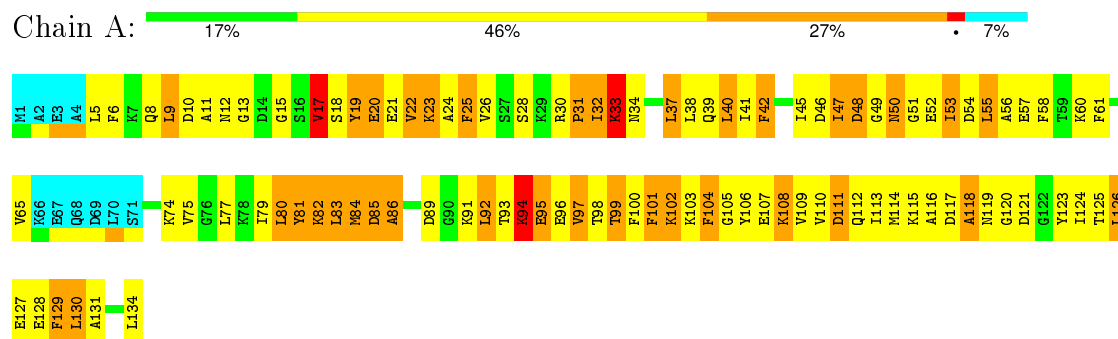
## 4.2.16 Score per residue for model 16

- Molecule 1: Calcium binding protein 2



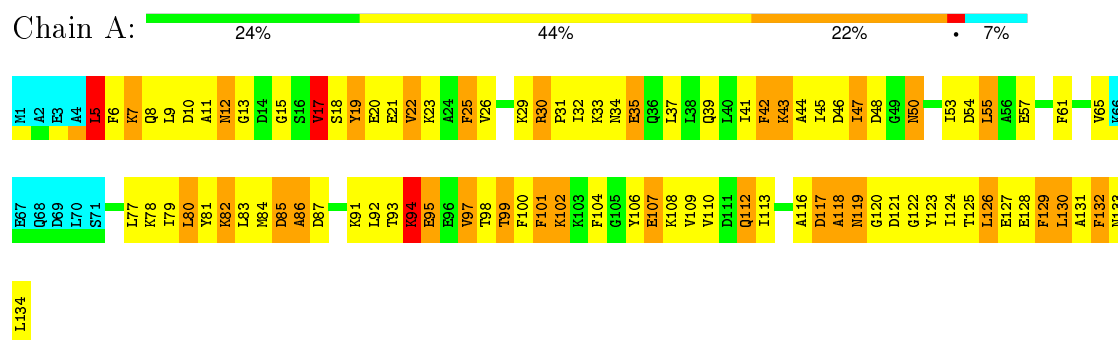
## 4.2.17 Score per residue for model 17

- Molecule 1: Calcium binding protein 2



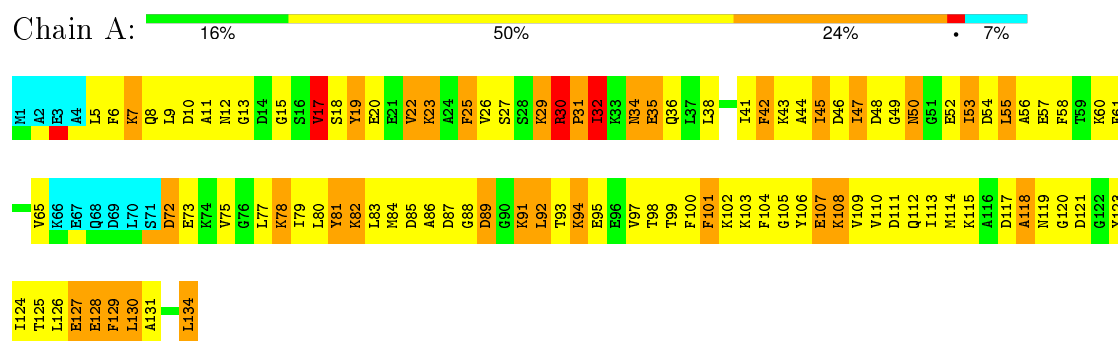
## 4.2.18 Score per residue for model 18

- Molecule 1: Calcium binding protein 2



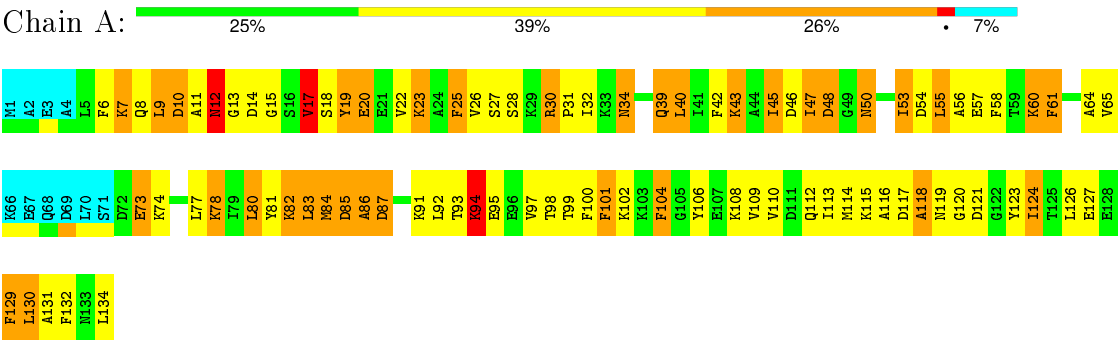
## 4.2.19 Score per residue for model 19

- Molecule 1: Calcium binding protein 2



4.2.20 Score per residue for model 20

- Molecule 1: Calcium binding protein 2



## 5 Refinement protocol and experimental data overview

The models were refined using the following method: *torsion angle dynamics*.

Of the 400 calculated structures, 20 were deposited, based on the following criterion: *target function*.

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

Software name	Classification	Version
DYANA	structure solution	1.5
DYANA	refinement	1.5

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 ⓘ

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

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	976	845	978	127±11
2	A	4	0	0	0±1
All	All	19600	16900	19560	2549

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 65.

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

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:6:PHE:CE1	1:A:22:VAL:HG23	1.08	1.84	15	9
1:A:19:TYR:CD2	1:A:53:ILE:HD12	1.05	1.87	11	7
1:A:81:TYR:CE1	1:A:92:LEU:HD22	1.01	1.91	8	3
1:A:6:PHE:CE1	1:A:22:VAL:HG22	1.00	1.91	14	3
1:A:113:ILE:HG23	1:A:124:ILE:HD12	1.00	1.34	10	12
1:A:25:PHE:CE2	1:A:26:VAL:HG23	0.98	1.93	16	11
1:A:6:PHE:CD1	1:A:22:VAL:HG23	0.97	1.95	1	17
1:A:109:VAL:HG13	1:A:132:PHE:CE1	0.95	1.96	20	1
1:A:77:LEU:HD13	1:A:104:PHE:CD1	0.94	1.96	19	4
1:A:9:LEU:HD23	1:A:25:PHE:CE2	0.94	1.96	2	3
1:A:81:TYR:CE1	1:A:92:LEU:HD12	0.92	1.99	1	3

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:81:TYR:CE1	1:A:92:LEU:HD13	0.91	2.00	18	8
1:A:77:LEU:HD13	1:A:129:PHE:CE1	0.91	2.00	13	3
1:A:81:TYR:CD2	1:A:92:LEU:HD13	0.91	1.99	19	3
1:A:19:TYR:O	1:A:22:VAL:HG12	0.90	1.64	13	13
1:A:81:TYR:CE2	1:A:92:LEU:HD23	0.90	2.01	4	2
1:A:9:LEU:HD11	1:A:25:PHE:CD1	0.89	2.03	3	3
1:A:9:LEU:HD21	1:A:25:PHE:CE1	0.89	2.02	16	2
1:A:97:VAL:CG1	1:A:113:ILE:HD13	0.88	1.98	15	6
1:A:77:LEU:HD12	1:A:104:PHE:CZ	0.86	2.06	3	2
1:A:77:LEU:HD23	1:A:78:LYS:N	0.85	1.85	15	1
1:A:77:LEU:HD11	1:A:104:PHE:CG	0.84	2.06	16	3
1:A:54:ASP:OD1	1:A:56:ALA:HB3	0.84	1.72	15	3
1:A:85:ASP:OD1	1:A:92:LEU:HD21	0.84	1.71	15	1
1:A:101:PHE:CZ	1:A:129:PHE:CE1	0.83	2.66	15	1
1:A:101:PHE:CZ	1:A:109:VAL:HG11	0.83	2.09	16	2
1:A:98:THR:HG22	1:A:110:VAL:HG13	0.82	1.49	17	5
1:A:97:VAL:HG11	1:A:113:ILE:HG21	0.82	1.51	17	12
1:A:53:ILE:HG21	1:A:57:GLU:CD	0.82	1.94	7	1
1:A:53:ILE:CD1	2:A:155:CA:CA	0.81	1.88	14	1
1:A:25:PHE:CD2	1:A:26:VAL:HG23	0.81	2.11	3	12
1:A:101:PHE:CD2	1:A:129:PHE:CE1	0.81	2.68	20	1
1:A:77:LEU:HD21	1:A:104:PHE:CD1	0.80	2.10	6	1
1:A:92:LEU:HB3	1:A:97:VAL:HG23	0.80	1.53	14	17
1:A:9:LEU:HD11	1:A:25:PHE:CG	0.80	2.11	3	2
1:A:101:PHE:CD2	1:A:113:ILE:HD11	0.80	2.12	17	6
1:A:100:PHE:CE2	1:A:104:PHE:CZ	0.79	2.69	4	1
1:A:81:TYR:CD2	1:A:129:PHE:CD2	0.79	2.71	6	5
1:A:46:ASP:HB2	1:A:53:ILE:HD11	0.78	1.52	6	5
1:A:53:ILE:N	1:A:53:ILE:HD12	0.78	1.93	10	1
1:A:92:LEU:HD23	1:A:96:GLU:HB3	0.78	1.54	17	2
1:A:101:PHE:CD1	1:A:129:PHE:CE2	0.78	2.72	15	1
1:A:44:ALA:HB1	1:A:130:LEU:HD21	0.78	1.53	19	1
1:A:81:TYR:CD2	1:A:100:PHE:CE1	0.76	2.74	8	3
1:A:48:ASP:C	2:A:155:CA:CA	0.76	1.48	13	1
1:A:109:VAL:HG12	1:A:113:ILE:HG13	0.76	1.56	11	7
1:A:6:PHE:CZ	1:A:22:VAL:HG22	0.75	2.15	14	1
1:A:85:ASP:O	1:A:92:LEU:HD11	0.75	1.81	20	1
1:A:74:LYS:HB3	1:A:130:LEU:HD12	0.75	1.57	20	1
1:A:92:LEU:CB	1:A:97:VAL:HG23	0.74	2.12	4	11
1:A:101:PHE:CE2	1:A:129:PHE:CZ	0.74	2.75	15	1
1:A:77:LEU:HD22	1:A:104:PHE:CE2	0.73	2.18	8	4

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:77:LEU:HD23	1:A:129:PHE:CE1	0.73	2.19	10	3
1:A:48:ASP:O	2:A:155:CA:CA	0.73	1.64	13	1
1:A:81:TYR:CD1	1:A:92:LEU:HD13	0.73	2.18	6	4
1:A:109:VAL:HG12	1:A:113:ILE:HG12	0.72	1.60	16	10
1:A:47:ILE:C	1:A:47:ILE:HD12	0.72	2.05	6	2
1:A:81:TYR:CE2	1:A:92:LEU:HD12	0.72	2.19	2	1
1:A:81:TYR:CZ	1:A:92:LEU:HD12	0.72	2.20	1	2
1:A:77:LEU:HD21	1:A:104:PHE:CE1	0.71	2.20	6	3
1:A:74:LYS:HG2	1:A:130:LEU:HD21	0.71	1.61	7	1
1:A:106:TYR:CZ	1:A:110:VAL:HG22	0.71	2.19	16	1
1:A:6:PHE:CZ	1:A:22:VAL:CG2	0.71	2.73	14	3
1:A:109:VAL:HG12	1:A:113:ILE:CG1	0.71	2.16	4	8
1:A:9:LEU:HD21	1:A:25:PHE:CD1	0.71	2.20	16	3
1:A:47:ILE:N	1:A:47:ILE:HD13	0.71	2.00	13	1
1:A:6:PHE:CE1	1:A:22:VAL:CG2	0.70	2.74	4	8
1:A:127:GLU:O	1:A:131:ALA:HB2	0.70	1.86	7	6
1:A:81:TYR:CE2	1:A:129:PHE:CD2	0.70	2.79	6	5
1:A:130:LEU:C	1:A:130:LEU:HD23	0.70	2.06	9	5
1:A:53:ILE:HG21	1:A:57:GLU:OE1	0.70	1.85	7	1
1:A:134:LEU:C	1:A:134:LEU:HD12	0.70	2.06	10	3
1:A:101:PHE:CG	1:A:129:PHE:CZ	0.70	2.80	20	2
1:A:112:GLN:O	1:A:116:ALA:HB2	0.69	1.86	14	14
1:A:101:PHE:CD2	1:A:129:PHE:CZ	0.69	2.80	15	1
1:A:130:LEU:HD13	1:A:130:LEU:C	0.69	2.08	11	3
1:A:17:VAL:HG11	1:A:21:GLU:CD	0.69	2.08	8	13
1:A:6:PHE:CD1	1:A:22:VAL:CG2	0.69	2.75	3	12
1:A:81:TYR:CE2	1:A:129:PHE:CG	0.69	2.80	6	1
1:A:47:ILE:HD12	1:A:47:ILE:C	0.68	2.07	2	1
1:A:130:LEU:HD23	1:A:130:LEU:C	0.68	2.08	3	2
1:A:101:PHE:CE2	1:A:113:ILE:HD11	0.68	2.24	16	2
1:A:81:TYR:CD2	1:A:100:PHE:CE2	0.68	2.82	6	3
1:A:129:PHE:CD1	1:A:129:PHE:C	0.68	2.67	1	11
1:A:134:LEU:HD12	1:A:134:LEU:C	0.68	2.09	19	5
1:A:23:LYS:CD	1:A:38:LEU:HD13	0.68	2.18	2	1
1:A:106:TYR:CE1	1:A:110:VAL:HG22	0.68	2.24	16	1
1:A:41:ILE:HG22	1:A:45:ILE:HD12	0.67	1.66	16	1
1:A:124:ILE:HG23	1:A:128:GLU:HB3	0.67	1.65	1	2
1:A:77:LEU:HD21	1:A:129:PHE:CZ	0.67	2.25	1	1
1:A:81:TYR:OH	1:A:124:ILE:HG22	0.67	1.89	1	3
1:A:32:ILE:O	1:A:32:ILE:HG23	0.67	1.88	10	1
1:A:77:LEU:HD12	1:A:104:PHE:CE2	0.67	2.25	15	2

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:81:TYR:CD1	1:A:100:PHE:CE2	0.67	2.82	7	2
1:A:43:LYS:O	1:A:47:ILE:HG23	0.67	1.89	2	2
1:A:9:LEU:HD23	1:A:25:PHE:CD2	0.67	2.24	2	3
1:A:23:LYS:HD3	1:A:38:LEU:HD13	0.66	1.67	2	1
1:A:130:LEU:C	1:A:130:LEU:HD13	0.66	2.10	2	2
1:A:81:TYR:CD1	1:A:100:PHE:CE1	0.66	2.83	2	3
1:A:109:VAL:HG22	1:A:132:PHE:CZ	0.66	2.26	18	2
1:A:92:LEU:CD2	1:A:100:PHE:CD2	0.66	2.79	14	1
1:A:92:LEU:HB2	1:A:97:VAL:HG23	0.66	1.67	4	2
1:A:54:ASP:OD2	1:A:56:ALA:HB3	0.66	1.91	11	3
1:A:74:LYS:O	1:A:77:LEU:HD23	0.66	1.90	1	1
1:A:81:TYR:CE1	1:A:92:LEU:CD1	0.66	2.79	17	2
1:A:116:ALA:CB	1:A:124:ILE:HD11	0.66	2.21	18	1
1:A:116:ALA:HB3	1:A:124:ILE:HD11	0.66	1.65	18	1
1:A:85:ASP:O	1:A:86:ALA:HB2	0.66	1.91	2	13
1:A:77:LEU:HD22	1:A:104:PHE:CD2	0.66	2.26	8	2
1:A:79:ILE:HG23	1:A:82:LYS:HE3	0.66	1.67	18	1
1:A:94:LYS:O	1:A:98:THR:HG23	0.65	1.91	9	1
1:A:25:PHE:C	1:A:25:PHE:CD1	0.65	2.70	8	7
1:A:42:PHE:CG	1:A:43:LYS:N	0.65	2.64	12	4
1:A:8:GLN:CG	1:A:9:LEU:HD22	0.65	2.21	2	1
1:A:19:TYR:CG	1:A:53:ILE:HD12	0.65	2.26	11	1
1:A:25:PHE:CE2	1:A:26:VAL:CG2	0.65	2.79	3	8
1:A:31:PRO:O	1:A:32:ILE:HG22	0.65	1.91	10	2
1:A:130:LEU:O	1:A:134:LEU:HD23	0.65	1.92	13	1
1:A:44:ALA:O	1:A:47:ILE:HD12	0.65	1.91	4	1
1:A:97:VAL:HG22	1:A:129:PHE:CE1	0.65	2.27	20	1
1:A:53:ILE:HG23	1:A:57:GLU:CD	0.65	2.11	14	4
1:A:130:LEU:O	1:A:130:LEU:HD13	0.65	1.92	15	4
1:A:30:ARG:N	1:A:31:PRO:CD	0.64	2.60	15	18
1:A:101:PHE:CG	1:A:129:PHE:CE2	0.64	2.85	15	1
1:A:117:ASP:O	1:A:118:ALA:HB2	0.64	1.92	8	19
1:A:45:ILE:HG23	1:A:45:ILE:O	0.64	1.90	10	1
1:A:17:VAL:HG13	1:A:18:SER:N	0.64	2.06	18	20
1:A:45:ILE:O	1:A:45:ILE:HG23	0.64	1.92	4	1
1:A:74:LYS:CG	1:A:130:LEU:HD21	0.64	2.23	7	1
1:A:43:LYS:C	1:A:43:LYS:CD	0.64	2.66	10	6
1:A:101:PHE:CZ	1:A:129:PHE:CZ	0.64	2.86	15	1
1:A:129:PHE:CG	1:A:130:LEU:N	0.64	2.66	1	16
1:A:9:LEU:CD1	1:A:25:PHE:CG	0.64	2.80	3	3
1:A:124:ILE:HG21	1:A:129:PHE:CD2	0.64	2.28	15	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:42:PHE:HA	1:A:45:ILE:HG22	0.63	1.69	20	5
1:A:85:ASP:HA	1:A:92:LEU:HD11	0.63	1.70	16	4
1:A:53:ILE:HD13	2:A:155:CA:CA	0.63	1.51	14	1
1:A:47:ILE:HD12	1:A:48:ASP:N	0.63	2.09	6	3
1:A:131:ALA:HA	1:A:134:LEU:HD12	0.63	1.70	15	2
1:A:81:TYR:CD2	1:A:92:LEU:CD1	0.63	2.82	2	2
1:A:109:VAL:HG13	1:A:132:PHE:CD2	0.63	2.29	6	1
1:A:128:GLU:O	1:A:131:ALA:HB3	0.63	1.93	3	12
1:A:97:VAL:HG12	1:A:98:THR:N	0.62	2.09	6	15
1:A:106:TYR:O	1:A:106:TYR:CD2	0.62	2.51	6	1
1:A:47:ILE:H	1:A:47:ILE:HD13	0.62	1.54	13	1
1:A:109:VAL:HG13	1:A:132:PHE:CZ	0.62	2.28	20	3
1:A:92:LEU:HD21	1:A:100:PHE:CD2	0.62	2.28	10	3
1:A:104:PHE:C	1:A:104:PHE:CD1	0.62	2.73	16	1
1:A:121:ASP:OD1	1:A:123:TYR:CD2	0.62	2.53	5	1
1:A:97:VAL:HG11	1:A:113:ILE:HD13	0.62	1.69	5	2
1:A:113:ILE:HG23	1:A:124:ILE:CD1	0.61	2.23	5	7
1:A:77:LEU:CD2	1:A:129:PHE:CE1	0.61	2.83	10	1
1:A:29:LYS:O	1:A:30:ARG:CG	0.61	2.48	19	2
1:A:106:TYR:CG	1:A:107:GLU:N	0.61	2.69	18	1
1:A:112:GLN:O	1:A:116:ALA:N	0.61	2.33	6	14
1:A:5:LEU:HD22	1:A:7:LYS:HB2	0.61	1.72	18	1
1:A:6:PHE:CE2	1:A:10:ASP:OD1	0.61	2.54	8	1
1:A:47:ILE:HG13	1:A:134:LEU:HD13	0.61	1.72	19	1
1:A:77:LEU:HD12	1:A:104:PHE:CE1	0.61	2.30	3	1
1:A:6:PHE:HA	1:A:9:LEU:HD23	0.61	1.72	20	6
1:A:129:PHE:CZ	1:A:130:LEU:HD23	0.61	2.30	7	3
1:A:47:ILE:HD13	1:A:47:ILE:N	0.61	2.11	18	3
1:A:106:TYR:CE2	1:A:110:VAL:HG23	0.61	2.30	18	1
1:A:25:PHE:CD1	1:A:25:PHE:C	0.60	2.74	7	3
1:A:129:PHE:C	1:A:129:PHE:CD1	0.60	2.74	9	4
1:A:130:LEU:HD13	1:A:130:LEU:O	0.60	1.96	5	3
1:A:97:VAL:CG1	1:A:113:ILE:HG21	0.60	2.26	17	6
1:A:9:LEU:CD2	1:A:25:PHE:CE1	0.60	2.81	16	2
1:A:85:ASP:O	1:A:100:PHE:CE1	0.60	2.54	4	1
1:A:19:TYR:CG	1:A:53:ILE:HD13	0.60	2.31	10	1
1:A:130:LEU:O	1:A:130:LEU:HD22	0.60	1.97	4	2
1:A:47:ILE:HD13	1:A:47:ILE:H	0.60	1.54	18	1
1:A:105:GLY:O	1:A:106:TYR:CD1	0.60	2.54	6	3
1:A:81:TYR:CZ	1:A:92:LEU:HD22	0.60	2.32	16	4
1:A:100:PHE:CZ	1:A:104:PHE:CZ	0.60	2.90	18	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:53:ILE:N	1:A:53:ILE:CD1	0.60	2.62	10	1
1:A:9:LEU:CD2	1:A:25:PHE:CE2	0.60	2.81	2	3
1:A:19:TYR:CD2	1:A:53:ILE:CD1	0.60	2.78	11	1
1:A:43:LYS:CD	1:A:43:LYS:C	0.59	2.71	11	2
1:A:40:LEU:HD13	1:A:134:LEU:HD22	0.59	1.75	8	1
1:A:37:LEU:O	1:A:41:ILE:HD12	0.59	1.97	15	3
1:A:104:PHE:CD1	1:A:104:PHE:C	0.59	2.76	6	1
1:A:77:LEU:HD13	1:A:129:PHE:CZ	0.59	2.33	5	1
1:A:45:ILE:O	1:A:45:ILE:HG22	0.59	1.98	3	6
1:A:40:LEU:HD12	1:A:40:LEU:C	0.59	2.17	8	1
1:A:130:LEU:HD22	1:A:130:LEU:O	0.59	1.97	11	2
1:A:33:LYS:O	1:A:34:ASN:CB	0.58	2.49	14	7
1:A:17:VAL:O	1:A:53:ILE:N	0.58	2.37	4	19
1:A:129:PHE:CD1	1:A:130:LEU:N	0.58	2.71	4	3
1:A:106:TYR:O	1:A:106:TYR:CG	0.58	2.57	6	1
1:A:104:PHE:CG	1:A:105:GLY:N	0.58	2.70	16	2
1:A:42:PHE:O	1:A:46:ASP:N	0.58	2.36	13	15
1:A:82:LYS:C	1:A:82:LYS:CD	0.58	2.72	20	14
1:A:81:TYR:CE2	1:A:92:LEU:HD13	0.58	2.33	12	2
1:A:106:TYR:O	1:A:107:GLU:C	0.58	2.41	18	1
1:A:126:LEU:HD12	1:A:127:GLU:N	0.58	2.13	2	5
1:A:12:ASN:HD22	1:A:13:GLY:N	0.58	1.97	20	2
1:A:131:ALA:HA	1:A:134:LEU:HD23	0.58	1.76	20	6
1:A:46:ASP:O	1:A:48:ASP:N	0.58	2.36	17	17
1:A:97:VAL:CG1	1:A:113:ILE:HD12	0.58	2.29	16	1
1:A:53:ILE:HG22	1:A:57:GLU:HB3	0.57	1.75	17	4
1:A:121:ASP:CG	1:A:123:TYR:CZ	0.57	2.77	18	17
1:A:78:LYS:HG3	1:A:126:LEU:HD13	0.57	1.75	7	2
1:A:19:TYR:CZ	1:A:53:ILE:CG2	0.57	2.88	6	1
1:A:22:VAL:HG21	1:A:55:LEU:HD11	0.57	1.75	7	1
1:A:91:LYS:C	1:A:92:LEU:HD22	0.57	2.19	15	2
1:A:46:ASP:OD1	1:A:53:ILE:HD11	0.57	2.00	18	1
1:A:81:TYR:CE2	1:A:100:PHE:CE1	0.57	2.92	11	2
1:A:81:TYR:CE1	1:A:92:LEU:CD2	0.57	2.80	8	1
1:A:127:GLU:O	1:A:131:ALA:CB	0.57	2.53	15	7
1:A:101:PHE:CE1	1:A:106:TYR:CD2	0.57	2.92	20	1
1:A:19:TYR:O	1:A:22:VAL:N	0.56	2.38	10	20
1:A:45:ILE:HG22	1:A:45:ILE:O	0.56	1.99	14	3
1:A:5:LEU:CD1	1:A:134:LEU:HD11	0.56	2.31	13	1
1:A:8:GLN:HG3	1:A:9:LEU:HD22	0.56	1.77	13	1
1:A:77:LEU:HD12	1:A:104:PHE:CD2	0.56	2.36	4	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:81:TYR:CE1	1:A:129:PHE:CD2	0.56	2.93	20	1
1:A:10:ASP:O	1:A:12:ASN:N	0.56	2.38	9	10
1:A:81:TYR:OH	1:A:97:VAL:HG22	0.56	2.01	8	5
1:A:6:PHE:CD2	1:A:55:LEU:HD23	0.56	2.35	2	7
1:A:121:ASP:CG	1:A:123:TYR:CE2	0.56	2.79	11	8
1:A:9:LEU:O	1:A:12:ASN:ND2	0.56	2.38	9	1
1:A:18:SER:O	1:A:20:GLU:N	0.56	2.38	8	20
1:A:98:THR:HG22	1:A:110:VAL:HG22	0.56	1.76	15	1
1:A:30:ARG:CB	1:A:31:PRO:HD3	0.56	2.31	11	13
1:A:130:LEU:O	1:A:130:LEU:HD23	0.56	2.00	9	1
1:A:104:PHE:CD2	1:A:106:TYR:CE2	0.56	2.94	8	1
1:A:23:LYS:HD2	1:A:38:LEU:HD22	0.56	1.76	2	2
1:A:77:LEU:HD23	1:A:129:PHE:CZ	0.56	2.35	19	3
1:A:24:ALA:HB1	1:A:35:GLU:OE1	0.56	2.01	16	1
1:A:31:PRO:O	1:A:32:ILE:CB	0.56	2.54	19	2
1:A:44:ALA:HB2	1:A:134:LEU:HD13	0.56	1.78	8	1
1:A:74:LYS:HG2	1:A:130:LEU:HD11	0.56	1.77	12	1
1:A:77:LEU:HD11	1:A:104:PHE:HB2	0.55	1.78	6	1
1:A:121:ASP:OD1	1:A:123:TYR:CZ	0.55	2.59	8	2
1:A:81:TYR:CD2	1:A:100:PHE:CZ	0.55	2.94	8	4
1:A:22:VAL:O	1:A:26:VAL:HG23	0.55	2.00	5	3
1:A:41:ILE:CG2	1:A:45:ILE:HD12	0.55	2.31	16	1
1:A:49:GLY:O	1:A:50:ASN:CB	0.55	2.54	4	7
1:A:101:PHE:CB	1:A:129:PHE:CZ	0.55	2.88	20	1
1:A:17:VAL:HG11	1:A:21:GLU:OE2	0.55	2.01	6	3
1:A:109:VAL:HG13	1:A:132:PHE:CD1	0.55	2.36	20	1
1:A:93:THR:O	1:A:94:LYS:C	0.55	2.45	1	19
1:A:41:ILE:HG23	1:A:45:ILE:HD13	0.55	1.77	19	1
1:A:84:MET:O	1:A:86:ALA:N	0.55	2.40	17	17
1:A:109:VAL:O	1:A:112:GLN:N	0.55	2.40	18	14
1:A:41:ILE:HD13	1:A:41:ILE:O	0.55	2.01	10	1
1:A:81:TYR:CD2	1:A:92:LEU:HD12	0.54	2.36	2	1
1:A:42:PHE:C	1:A:42:PHE:CD1	0.54	2.79	19	2
1:A:82:LYS:CD	1:A:82:LYS:C	0.54	2.75	3	5
1:A:12:ASN:N	1:A:12:ASN:HD22	0.54	2.00	8	1
1:A:77:LEU:HD21	1:A:104:PHE:CZ	0.54	2.38	17	1
1:A:121:ASP:CG	1:A:123:TYR:CD2	0.54	2.80	5	1
1:A:99:THR:HG22	1:A:100:PHE:N	0.54	2.17	6	12
1:A:112:GLN:CG	1:A:132:PHE:CE1	0.54	2.90	16	1
1:A:44:ALA:O	1:A:47:ILE:HD11	0.54	2.03	13	2
1:A:101:PHE:CE2	1:A:129:PHE:CE1	0.54	2.96	15	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:104:PHE:CE2	1:A:106:TYR:CE2	0.54	2.95	8	2
1:A:19:TYR:CE1	1:A:53:ILE:HB	0.54	2.37	6	20
1:A:97:VAL:HG21	1:A:124:ILE:HB	0.54	1.78	5	1
1:A:22:VAL:HG21	1:A:55:LEU:HD21	0.54	1.80	19	2
1:A:23:LYS:O	1:A:27:SER:CB	0.53	2.55	5	9
1:A:47:ILE:O	1:A:49:GLY:N	0.53	2.41	14	3
1:A:91:LYS:HD2	1:A:123:TYR:CD2	0.53	2.39	18	13
1:A:97:VAL:HG11	1:A:113:ILE:CG2	0.53	2.32	17	3
1:A:101:PHE:HE2	1:A:109:VAL:HG11	0.53	1.63	8	3
1:A:77:LEU:HD23	1:A:77:LEU:O	0.53	2.03	13	1
1:A:77:LEU:HD11	1:A:104:PHE:CD1	0.53	2.38	17	3
1:A:81:TYR:CE2	1:A:129:PHE:CB	0.53	2.92	6	1
1:A:81:TYR:CE2	1:A:100:PHE:CE2	0.53	2.97	6	1
1:A:123:TYR:C	1:A:123:TYR:CD1	0.53	2.82	5	10
1:A:85:ASP:O	1:A:92:LEU:HD21	0.53	2.03	17	1
1:A:44:ALA:O	1:A:47:ILE:CD1	0.53	2.57	10	1
1:A:112:GLN:O	1:A:116:ALA:CB	0.53	2.57	15	14
1:A:112:GLN:HG2	1:A:132:PHE:CE1	0.53	2.38	16	1
1:A:6:PHE:HD1	1:A:9:LEU:HD12	0.53	1.62	9	2
1:A:81:TYR:CE1	1:A:129:PHE:CG	0.53	2.96	20	1
1:A:6:PHE:CD2	1:A:55:LEU:CD2	0.53	2.92	2	7
1:A:47:ILE:HD12	1:A:47:ILE:O	0.53	2.04	17	1
1:A:129:PHE:CZ	1:A:130:LEU:HD13	0.53	2.39	12	1
1:A:9:LEU:CD2	1:A:25:PHE:CD1	0.53	2.92	16	2
1:A:43:LYS:O	1:A:47:ILE:CD1	0.53	2.57	5	2
1:A:54:ASP:OD2	1:A:56:ALA:CB	0.53	2.57	4	1
1:A:6:PHE:CD1	1:A:22:VAL:HG22	0.53	2.38	8	2
1:A:98:THR:O	1:A:102:LYS:CG	0.53	2.57	19	1
1:A:46:ASP:OD2	1:A:47:ILE:N	0.52	2.43	15	5
1:A:10:ASP:O	1:A:11:ALA:C	0.52	2.47	9	9
1:A:9:LEU:CD2	1:A:25:PHE:CZ	0.52	2.92	2	1
1:A:53:ILE:HG23	1:A:57:GLU:OE1	0.52	2.04	13	4
1:A:9:LEU:HD11	1:A:25:PHE:CE1	0.52	2.40	9	2
1:A:19:TYR:CZ	1:A:53:ILE:HG22	0.52	2.40	6	1
1:A:106:TYR:CE2	1:A:110:VAL:HG22	0.52	2.39	16	1
1:A:31:PRO:O	1:A:32:ILE:CG2	0.52	2.57	10	2
1:A:80:LEU:O	1:A:84:MET:CB	0.52	2.57	18	9
1:A:46:ASP:HA	1:A:53:ILE:HD11	0.52	1.82	2	1
1:A:24:ALA:O	1:A:28:SER:CB	0.52	2.58	17	4
1:A:85:ASP:O	1:A:86:ALA:CB	0.52	2.56	2	1
1:A:121:ASP:HB3	1:A:123:TYR:CE2	0.52	2.40	18	6

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:98:THR:O	1:A:102:LYS:CB	0.52	2.58	15	17
1:A:53:ILE:CG2	1:A:57:GLU:CD	0.52	2.77	19	5
1:A:30:ARG:N	1:A:31:PRO:HD2	0.52	2.20	15	4
1:A:97:VAL:HG11	1:A:113:ILE:HD12	0.52	1.81	8	1
1:A:6:PHE:CZ	1:A:10:ASP:CG	0.52	2.83	8	1
1:A:117:ASP:O	1:A:118:ALA:CB	0.52	2.58	10	19
1:A:46:ASP:C	1:A:48:ASP:N	0.52	2.63	14	19
1:A:45:ILE:CG2	1:A:45:ILE:O	0.52	2.58	9	6
1:A:11:ALA:O	1:A:12:ASN:C	0.51	2.48	11	20
1:A:47:ILE:C	1:A:47:ILE:CD1	0.51	2.79	3	2
1:A:41:ILE:O	1:A:45:ILE:N	0.51	2.43	19	5
1:A:32:ILE:O	1:A:32:ILE:CG2	0.51	2.57	10	2
1:A:132:PHE:CE2	1:A:133:ASN:ND2	0.51	2.79	18	1
1:A:92:LEU:N	1:A:92:LEU:HD22	0.51	2.20	20	1
1:A:12:ASN:ND2	1:A:13:GLY:N	0.51	2.58	20	4
1:A:81:TYR:CD1	1:A:126:LEU:HB3	0.51	2.40	16	1
1:A:101:PHE:CE2	1:A:109:VAL:HG11	0.51	2.40	8	3
1:A:74:LYS:HG3	1:A:130:LEU:HD23	0.51	1.81	5	1
1:A:91:LYS:HE3	1:A:123:TYR:CD2	0.51	2.40	20	1
1:A:53:ILE:HG22	1:A:57:GLU:CB	0.51	2.35	17	3
1:A:46:ASP:O	1:A:47:ILE:C	0.51	2.48	17	9
1:A:23:LYS:HG3	1:A:42:PHE:CE2	0.51	2.41	4	1
1:A:97:VAL:O	1:A:98:THR:C	0.51	2.49	15	19
1:A:19:TYR:CE2	1:A:53:ILE:HD12	0.51	2.41	8	1
1:A:61:PHE:O	1:A:65:VAL:HG23	0.51	2.05	17	2
1:A:42:PHE:O	1:A:45:ILE:N	0.51	2.43	10	19
1:A:7:LYS:O	1:A:11:ALA:N	0.51	2.44	13	9
1:A:121:ASP:OD1	1:A:123:TYR:CE2	0.51	2.64	11	4
1:A:97:VAL:O	1:A:101:PHE:N	0.51	2.43	13	17
1:A:45:ILE:O	1:A:45:ILE:CG2	0.51	2.59	3	3
1:A:77:LEU:HD22	1:A:104:PHE:CZ	0.51	2.40	8	2
1:A:93:THR:O	1:A:97:VAL:N	0.51	2.42	11	3
1:A:77:LEU:CD1	1:A:104:PHE:CD1	0.51	2.83	19	2
1:A:81:TYR:OH	1:A:97:VAL:CG2	0.51	2.59	14	1
1:A:81:TYR:CE2	1:A:92:LEU:CD1	0.51	2.93	2	1
1:A:41:ILE:CG2	1:A:42:PHE:N	0.51	2.74	8	2
1:A:132:PHE:CD1	1:A:132:PHE:O	0.51	2.64	18	1
1:A:19:TYR:CD1	1:A:53:ILE:HD13	0.51	2.41	10	1
1:A:6:PHE:O	1:A:9:LEU:N	0.51	2.44	16	9
1:A:79:ILE:O	1:A:82:LYS:CD	0.51	2.59	18	1
1:A:81:TYR:HE1	1:A:92:LEU:HD23	0.51	1.66	15	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:77:LEU:HD13	1:A:104:PHE:CZ	0.51	2.41	9	1
1:A:78:LYS:O	1:A:81:TYR:CB	0.50	2.59	5	3
1:A:6:PHE:CE1	1:A:22:VAL:HB	0.50	2.42	13	4
1:A:86:ALA:CB	1:A:96:GLU:OE1	0.50	2.59	11	6
1:A:27:SER:CB	1:A:35:GLU:OE2	0.50	2.59	13	1
1:A:77:LEU:HG	1:A:129:PHE:CZ	0.50	2.41	10	1
1:A:77:LEU:HB2	1:A:104:PHE:CZ	0.50	2.42	5	3
1:A:113:ILE:O	1:A:116:ALA:HB3	0.50	2.06	9	2
1:A:23:LYS:HE3	1:A:42:PHE:CE1	0.50	2.41	7	1
1:A:99:THR:CG2	1:A:100:PHE:N	0.50	2.75	18	7
1:A:101:PHE:CD2	1:A:113:ILE:CD1	0.50	2.95	6	2
1:A:107:GLU:O	1:A:107:GLU:CG	0.50	2.60	19	3
1:A:53:ILE:HD13	1:A:57:GLU:OE1	0.50	2.06	7	1
1:A:46:ASP:CB	1:A:53:ILE:HD11	0.50	2.30	6	2
1:A:127:GLU:O	1:A:131:ALA:N	0.50	2.45	18	18
1:A:12:ASN:C	1:A:12:ASN:ND2	0.50	2.65	3	2
1:A:22:VAL:O	1:A:26:VAL:CG2	0.50	2.60	5	2
1:A:14:ASP:O	1:A:16:SER:N	0.50	2.44	9	1
1:A:17:VAL:O	1:A:53:ILE:O	0.50	2.30	6	14
1:A:5:LEU:O	1:A:8:GLN:CG	0.50	2.60	6	3
1:A:130:LEU:C	1:A:130:LEU:CD2	0.50	2.80	9	2
1:A:85:ASP:OD1	1:A:92:LEU:CD2	0.50	2.59	1	1
1:A:98:THR:HA	1:A:110:VAL:HG22	0.50	1.83	20	1
1:A:11:ALA:O	1:A:13:GLY:N	0.50	2.45	8	19
1:A:91:LYS:HB2	1:A:123:TYR:CD1	0.50	2.41	7	3
1:A:19:TYR:CE2	1:A:58:PHE:HB2	0.50	2.42	7	2
1:A:37:LEU:O	1:A:41:ILE:CG1	0.50	2.60	12	4
1:A:106:TYR:HE2	1:A:110:VAL:HG23	0.50	1.65	18	1
1:A:42:PHE:CD1	1:A:42:PHE:C	0.50	2.84	12	1
1:A:46:ASP:OD2	1:A:46:ASP:C	0.50	2.51	14	2
1:A:46:ASP:OD1	1:A:51:GLY:C	0.50	2.50	14	2
1:A:46:ASP:OD1	1:A:47:ILE:N	0.50	2.45	8	3
1:A:5:LEU:HD13	1:A:134:LEU:HD11	0.50	1.84	13	1
1:A:77:LEU:HG	1:A:104:PHE:CE2	0.49	2.42	6	2
1:A:101:PHE:CD2	1:A:106:TYR:HB3	0.49	2.42	12	1
1:A:91:LYS:CE	1:A:123:TYR:CD2	0.49	2.95	20	2
1:A:77:LEU:HB3	1:A:129:PHE:CZ	0.49	2.42	6	6
1:A:10:ASP:C	1:A:12:ASN:N	0.49	2.65	11	9
1:A:121:ASP:CB	1:A:123:TYR:CE2	0.49	2.95	11	8
1:A:14:ASP:CG	1:A:16:SER:O	0.49	2.51	8	3
1:A:81:TYR:CZ	1:A:92:LEU:HD23	0.49	2.42	20	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:8:GLN:CG	1:A:9:LEU:N	0.49	2.75	2	7
1:A:19:TYR:OH	1:A:58:PHE:CB	0.49	2.60	19	9
1:A:50:ASN:HD22	1:A:53:ILE:HD13	0.49	1.67	14	1
1:A:100:PHE:CZ	1:A:104:PHE:CE2	0.49	3.00	1	1
1:A:126:LEU:O	1:A:129:PHE:CD2	0.49	2.65	1	3
1:A:53:ILE:CG2	1:A:57:GLU:OE1	0.49	2.60	15	2
1:A:38:LEU:HG	1:A:42:PHE:CZ	0.49	2.43	8	1
1:A:97:VAL:HG12	1:A:113:ILE:HD13	0.49	1.77	15	1
1:A:9:LEU:HG	1:A:25:PHE:CD1	0.49	2.43	4	4
1:A:98:THR:O	1:A:102:LYS:CD	0.49	2.60	19	1
1:A:109:VAL:CG2	1:A:132:PHE:CE2	0.49	2.96	18	1
1:A:41:ILE:HD12	1:A:134:LEU:HA	0.49	1.84	7	1
1:A:9:LEU:HD13	1:A:25:PHE:CD1	0.49	2.42	15	1
1:A:101:PHE:CE1	1:A:129:PHE:CZ	0.49	3.00	15	1
1:A:47:ILE:O	1:A:47:ILE:HG22	0.49	2.07	9	1
1:A:81:TYR:CD1	1:A:126:LEU:HA	0.49	2.42	10	8
1:A:97:VAL:CG1	1:A:98:THR:N	0.49	2.75	6	5
1:A:35:GLU:O	1:A:39:GLN:CB	0.49	2.60	1	5
1:A:57:GLU:O	1:A:61:PHE:CD1	0.49	2.66	18	3
1:A:41:ILE:O	1:A:45:ILE:CG1	0.49	2.61	18	1
1:A:91:LYS:CD	1:A:123:TYR:CD2	0.49	2.96	18	6
1:A:47:ILE:HG22	1:A:47:ILE:O	0.49	2.08	5	2
1:A:9:LEU:HG	1:A:25:PHE:CE1	0.49	2.43	8	1
1:A:27:SER:O	1:A:32:ILE:N	0.48	2.46	19	1
1:A:54:ASP:O	1:A:56:ALA:N	0.48	2.46	11	14
1:A:47:ILE:C	1:A:49:GLY:N	0.48	2.66	14	6
1:A:125:THR:O	1:A:128:GLU:N	0.48	2.47	17	11
1:A:112:GLN:HG2	1:A:132:PHE:CD1	0.48	2.43	16	1
1:A:6:PHE:CD2	1:A:55:LEU:HG	0.48	2.42	7	1
1:A:9:LEU:CD2	1:A:25:PHE:CD2	0.48	2.96	10	1
1:A:18:SER:C	1:A:20:GLU:N	0.48	2.67	8	20
1:A:77:LEU:CD2	1:A:104:PHE:CE1	0.48	2.95	6	1
1:A:86:ALA:HB3	1:A:96:GLU:OE1	0.48	2.08	4	6
1:A:85:ASP:OD1	1:A:92:LEU:CD1	0.48	2.62	3	1
1:A:91:LYS:HD3	1:A:123:TYR:CD2	0.48	2.44	16	1
1:A:121:ASP:HB3	1:A:123:TYR:CD2	0.48	2.44	3	7
1:A:77:LEU:HD11	1:A:100:PHE:CE1	0.48	2.43	8	1
1:A:19:TYR:HB2	1:A:42:PHE:CZ	0.48	2.43	12	1
1:A:19:TYR:CZ	1:A:53:ILE:HB	0.48	2.44	8	15
1:A:134:LEU:C	1:A:134:LEU:CD1	0.48	2.80	10	3
1:A:107:GLU:CG	1:A:107:GLU:O	0.48	2.62	7	2

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:130:LEU:CD1	1:A:130:LEU:C	0.48	2.82	11	1
1:A:123:TYR:CD1	1:A:123:TYR:C	0.48	2.87	18	7
1:A:54:ASP:N	1:A:54:ASP:OD2	0.48	2.47	16	1
1:A:12:ASN:ND2	1:A:12:ASN:C	0.48	2.67	13	3
1:A:102:LYS:HG2	1:A:106:TYR:CE1	0.48	2.43	6	1
1:A:17:VAL:CG1	1:A:18:SER:N	0.48	2.77	7	5
1:A:43:LYS:CD	1:A:44:ALA:N	0.48	2.77	18	3
1:A:91:LYS:HG3	1:A:123:TYR:CD1	0.48	2.43	20	7
1:A:101:PHE:CG	1:A:129:PHE:CE1	0.48	3.02	20	1
1:A:81:TYR:CE2	1:A:126:LEU:N	0.48	2.82	20	1
1:A:19:TYR:OH	1:A:54:ASP:O	0.48	2.32	10	16
1:A:77:LEU:CD1	1:A:104:PHE:CE1	0.48	2.96	9	2
1:A:24:ALA:O	1:A:28:SER:N	0.48	2.47	17	1
1:A:17:VAL:CG1	1:A:21:GLU:OE2	0.48	2.62	6	3
1:A:46:ASP:CG	1:A:47:ILE:N	0.48	2.67	16	5
1:A:25:PHE:CD1	1:A:25:PHE:O	0.48	2.67	5	1
1:A:81:TYR:HA	1:A:100:PHE:CZ	0.48	2.44	1	4
1:A:91:LYS:HG3	1:A:123:TYR:CG	0.47	2.43	12	10
1:A:11:ALA:C	1:A:13:GLY:N	0.47	2.67	8	19
1:A:20:GLU:HB2	1:A:42:PHE:CE2	0.47	2.44	2	1
1:A:32:ILE:O	1:A:34:ASN:N	0.47	2.47	17	1
1:A:106:TYR:N	1:A:106:TYR:CD1	0.47	2.82	4	1
1:A:54:ASP:O	1:A:57:GLU:N	0.47	2.47	8	10
1:A:94:LYS:O	1:A:95:GLU:C	0.47	2.52	12	13
1:A:86:ALA:CB	1:A:96:GLU:OE2	0.47	2.62	14	1
1:A:101:PHE:O	1:A:106:TYR:N	0.47	2.47	12	1
1:A:57:GLU:O	1:A:61:PHE:CD2	0.47	2.68	20	1
1:A:77:LEU:HA	1:A:104:PHE:CZ	0.47	2.44	13	3
1:A:77:LEU:HD11	1:A:104:PHE:CB	0.47	2.40	6	2
1:A:81:TYR:CD2	1:A:129:PHE:CE2	0.47	3.02	6	1
1:A:77:LEU:O	1:A:81:TYR:N	0.47	2.46	3	5
1:A:19:TYR:CD1	1:A:53:ILE:HB	0.47	2.45	4	4
1:A:112:GLN:HB2	1:A:132:PHE:CD1	0.47	2.44	6	1
1:A:47:ILE:N	1:A:47:ILE:CD1	0.47	2.77	18	2
1:A:10:ASP:O	1:A:11:ALA:HB3	0.47	2.09	1	10
1:A:77:LEU:HG	1:A:104:PHE:CZ	0.47	2.45	11	1
1:A:113:ILE:HA	1:A:124:ILE:HD11	0.47	1.84	5	1
1:A:54:ASP:C	1:A:56:ALA:N	0.47	2.68	11	13
1:A:92:LEU:CD2	1:A:100:PHE:CG	0.47	2.98	6	1
1:A:6:PHE:CD1	1:A:9:LEU:HB2	0.47	2.44	6	2
1:A:50:ASN:OD1	1:A:50:ASN:N	0.47	2.47	11	5

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:46:ASP:OD1	1:A:53:ILE:CG1	0.47	2.63	18	1
1:A:91:LYS:HG3	1:A:123:TYR:CD2	0.47	2.45	1	2
1:A:109:VAL:HB	1:A:113:ILE:HD11	0.47	1.86	6	1
1:A:47:ILE:O	1:A:48:ASP:C	0.47	2.53	14	2
1:A:25:PHE:O	1:A:25:PHE:CD1	0.47	2.68	19	4
1:A:81:TYR:CD2	1:A:126:LEU:HA	0.47	2.45	13	2
1:A:81:TYR:HA	1:A:100:PHE:CE1	0.47	2.45	15	1
1:A:96:GLU:O	1:A:100:PHE:CB	0.47	2.62	9	1
1:A:117:ASP:OD2	1:A:118:ALA:N	0.47	2.48	8	4
1:A:128:GLU:O	1:A:131:ALA:N	0.47	2.47	1	10
1:A:80:LEU:O	1:A:84:MET:N	0.47	2.48	4	9
1:A:85:ASP:OD1	1:A:87:ASP:N	0.46	2.48	4	5
1:A:101:PHE:CE2	1:A:113:ILE:HG12	0.46	2.45	6	1
1:A:38:LEU:O	1:A:39:GLN:C	0.46	2.53	5	11
1:A:77:LEU:HB2	1:A:104:PHE:CE1	0.46	2.45	1	3
1:A:19:TYR:HB2	1:A:42:PHE:CE1	0.46	2.46	12	3
1:A:78:LYS:O	1:A:81:TYR:N	0.46	2.48	15	7
1:A:83:LEU:O	1:A:85:ASP:N	0.46	2.48	2	2
1:A:38:LEU:O	1:A:41:ILE:N	0.46	2.48	9	2
1:A:91:LYS:HD2	1:A:123:TYR:CE2	0.46	2.45	5	2
1:A:105:GLY:O	1:A:106:TYR:C	0.46	2.52	6	1
1:A:77:LEU:O	1:A:77:LEU:HD23	0.46	2.10	5	1
1:A:101:PHE:CD1	1:A:106:TYR:HB3	0.46	2.46	6	2
1:A:9:LEU:HD23	1:A:25:PHE:CZ	0.46	2.42	2	1
1:A:84:MET:HB3	1:A:100:PHE:CE1	0.46	2.45	17	1
1:A:92:LEU:N	1:A:92:LEU:CD2	0.46	2.77	20	1
1:A:85:ASP:CG	1:A:86:ALA:N	0.46	2.69	5	13
1:A:30:ARG:CB	1:A:31:PRO:CD	0.46	2.93	11	2
1:A:50:ASN:C	1:A:52:GLU:N	0.46	2.69	12	3
1:A:105:GLY:C	1:A:106:TYR:CD1	0.46	2.88	3	2
1:A:46:ASP:OD1	1:A:53:ILE:CD1	0.46	2.64	18	1
1:A:37:LEU:O	1:A:41:ILE:CD1	0.46	2.63	15	1
1:A:34:ASN:O	1:A:38:LEU:HD23	0.46	2.11	4	1
1:A:23:LYS:HG3	1:A:42:PHE:CD2	0.46	2.44	4	1
1:A:97:VAL:O	1:A:100:PHE:N	0.46	2.49	19	7
1:A:109:VAL:O	1:A:110:VAL:C	0.46	2.54	5	16
1:A:117:ASP:OD1	1:A:118:ALA:N	0.46	2.49	10	4
1:A:124:ILE:HG23	1:A:129:PHE:N	0.46	2.25	5	1
1:A:8:GLN:HG3	1:A:9:LEU:HD23	0.46	1.88	3	1
1:A:53:ILE:CD1	1:A:57:GLU:OE1	0.46	2.64	7	1
1:A:42:PHE:O	1:A:44:ALA:N	0.46	2.49	11	3

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:85:ASP:OD1	1:A:88:GLY:N	0.46	2.48	5	3
1:A:5:LEU:O	1:A:7:LYS:N	0.46	2.48	16	1
1:A:23:LYS:CD	1:A:38:LEU:HD23	0.46	2.39	3	1
1:A:121:ASP:O	1:A:123:TYR:CD2	0.46	2.68	13	1
1:A:52:GLU:C	1:A:53:ILE:CG1	0.46	2.84	7	1
1:A:77:LEU:HD13	1:A:104:PHE:CE2	0.46	2.45	9	1
1:A:60:LYS:CG	1:A:61:PHE:N	0.46	2.78	14	3
1:A:54:ASP:CG	1:A:56:ALA:HB3	0.46	2.31	2	2
1:A:12:ASN:ND2	1:A:12:ASN:H	0.46	2.08	11	2
1:A:112:GLN:HB3	1:A:132:PHE:CZ	0.46	2.45	11	1
1:A:42:PHE:O	1:A:43:LYS:C	0.46	2.55	11	4
1:A:44:ALA:HB1	1:A:130:LEU:CD2	0.46	2.34	19	1
1:A:47:ILE:HD12	1:A:47:ILE:N	0.46	2.26	3	1
1:A:92:LEU:CD1	1:A:96:GLU:OE2	0.46	2.63	15	1
1:A:85:ASP:OD2	1:A:88:GLY:N	0.46	2.49	9	1
1:A:50:ASN:N	1:A:50:ASN:OD1	0.46	2.47	6	4
1:A:49:GLY:O	1:A:52:GLU:N	0.46	2.49	11	1
1:A:91:LYS:HB2	1:A:125:THR:HG22	0.46	1.88	12	2
1:A:117:ASP:OD1	1:A:122:GLY:N	0.46	2.49	7	2
1:A:101:PHE:CD1	1:A:129:PHE:CZ	0.46	3.04	15	1
1:A:85:ASP:O	1:A:100:PHE:CD1	0.46	2.68	4	1
1:A:95:GLU:O	1:A:98:THR:OG1	0.46	2.34	12	15
1:A:19:TYR:CE1	1:A:53:ILE:C	0.46	2.90	6	1
1:A:18:SER:O	1:A:19:TYR:C	0.46	2.55	8	11
1:A:6:PHE:CD1	1:A:9:LEU:HD12	0.46	2.46	3	2
1:A:127:GLU:O	1:A:128:GLU:C	0.46	2.54	1	3
1:A:93:THR:O	1:A:96:GLU:N	0.46	2.49	12	2
1:A:14:ASP:OD1	1:A:15:GLY:N	0.45	2.49	20	3
1:A:106:TYR:CD2	1:A:109:VAL:HG21	0.45	2.45	12	1
1:A:54:ASP:OD1	1:A:55:LEU:N	0.45	2.49	14	4
1:A:79:ILE:O	1:A:82:LYS:N	0.45	2.49	13	5
1:A:6:PHE:C	1:A:8:GLN:N	0.45	2.70	5	2
1:A:81:TYR:CD1	1:A:126:LEU:HG	0.45	2.46	1	1
1:A:81:TYR:CE1	1:A:100:PHE:CE2	0.45	3.04	7	1
1:A:85:ASP:OD2	1:A:90:GLY:N	0.45	2.49	15	1
1:A:77:LEU:CD2	1:A:104:PHE:CE2	0.45	2.97	2	1
1:A:86:ALA:CB	1:A:96:GLU:CD	0.45	2.85	11	2
1:A:26:VAL:O	1:A:29:LYS:N	0.45	2.49	8	1
1:A:92:LEU:O	1:A:124:ILE:N	0.45	2.45	16	5
1:A:46:ASP:OD1	1:A:50:ASN:O	0.45	2.35	14	2
1:A:6:PHE:CZ	1:A:22:VAL:HB	0.45	2.47	11	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:33:LYS:C	1:A:35:GLU:N	0.45	2.68	11	1
1:A:81:TYR:OH	1:A:124:ILE:O	0.45	2.34	20	1
1:A:54:ASP:O	1:A:55:LEU:C	0.45	2.54	4	19
1:A:47:ILE:CD1	1:A:47:ILE:C	0.45	2.81	2	1
1:A:131:ALA:O	1:A:134:LEU:HD23	0.45	2.11	3	1
1:A:46:ASP:OD2	1:A:51:GLY:C	0.45	2.55	3	2
1:A:19:TYR:O	1:A:23:LYS:N	0.45	2.49	4	5
1:A:106:TYR:CD1	1:A:109:VAL:HG21	0.45	2.47	20	1
1:A:8:GLN:O	1:A:9:LEU:C	0.45	2.55	18	11
1:A:109:VAL:O	1:A:111:ASP:N	0.45	2.49	11	6
1:A:125:THR:O	1:A:126:LEU:C	0.45	2.54	2	13
1:A:42:PHE:C	1:A:44:ALA:N	0.45	2.70	4	3
1:A:47:ILE:HD13	1:A:48:ASP:N	0.45	2.26	4	1
1:A:34:ASN:N	1:A:34:ASN:OD1	0.45	2.50	20	3
1:A:105:GLY:O	1:A:107:GLU:N	0.45	2.50	6	1
1:A:109:VAL:C	1:A:111:ASP:N	0.45	2.69	3	6
1:A:30:ARG:HB2	1:A:31:PRO:HD3	0.45	1.88	19	1
1:A:81:TYR:HA	1:A:100:PHE:CE2	0.45	2.45	3	2
1:A:46:ASP:OD1	1:A:52:GLU:N	0.45	2.49	4	1
1:A:60:LYS:O	1:A:64:ALA:N	0.45	2.50	15	3
1:A:46:ASP:CG	1:A:46:ASP:O	0.45	2.55	11	1
1:A:101:PHE:CD2	1:A:106:TYR:CB	0.45	2.99	13	2
1:A:101:PHE:CE1	1:A:129:PHE:CE1	0.45	3.04	15	1
1:A:106:TYR:HB3	1:A:109:VAL:HG21	0.45	1.88	20	1
1:A:32:ILE:HG23	1:A:33:LYS:N	0.45	2.27	13	1
1:A:117:ASP:OD2	1:A:122:GLY:N	0.45	2.50	18	1
1:A:84:MET:O	1:A:85:ASP:C	0.45	2.55	20	14
1:A:49:GLY:C	1:A:50:ASN:OD1	0.45	2.55	11	6
1:A:100:PHE:O	1:A:103:LYS:N	0.45	2.50	19	2
1:A:46:ASP:CG	1:A:53:ILE:HD11	0.45	2.32	9	1
1:A:85:ASP:C	1:A:92:LEU:HD11	0.44	2.32	20	1
1:A:5:LEU:C	1:A:7:LYS:N	0.44	2.70	16	1
1:A:99:THR:O	1:A:103:LYS:N	0.44	2.48	9	4
1:A:102:LYS:O	1:A:105:GLY:N	0.44	2.49	3	1
1:A:77:LEU:CD1	1:A:104:PHE:CZ	0.44	2.93	3	1
1:A:92:LEU:N	1:A:124:ILE:O	0.44	2.50	6	2
1:A:101:PHE:CD1	1:A:106:TYR:CB	0.44	3.01	6	1
1:A:77:LEU:HA	1:A:104:PHE:CE2	0.44	2.47	13	4
1:A:12:ASN:ND2	1:A:14:ASP:OD1	0.44	2.50	20	2
1:A:81:TYR:CD2	1:A:92:LEU:HG	0.44	2.47	2	1
1:A:31:PRO:O	1:A:32:ILE:HB	0.44	2.12	19	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:19:TYR:HB3	1:A:42:PHE:CD2	0.44	2.47	7	2
1:A:72:ASP:O	1:A:75:VAL:N	0.44	2.51	19	5
1:A:40:LEU:C	1:A:42:PHE:N	0.44	2.69	5	6
1:A:83:LEU:HD23	1:A:84:MET:N	0.44	2.28	1	1
1:A:81:TYR:CE1	1:A:92:LEU:HD23	0.44	2.46	15	1
1:A:19:TYR:OH	1:A:53:ILE:HG22	0.44	2.13	6	1
1:A:85:ASP:OD1	1:A:86:ALA:N	0.44	2.50	20	4
1:A:101:PHE:CD1	1:A:106:TYR:HB2	0.44	2.47	4	2
1:A:81:TYR:CD1	1:A:92:LEU:CD1	0.44	3.01	11	2
1:A:33:LYS:O	1:A:35:GLU:N	0.44	2.50	11	1
1:A:6:PHE:O	1:A:8:GLN:N	0.44	2.51	5	2
1:A:5:LEU:N	1:A:5:LEU:HD23	0.44	2.28	3	1
1:A:61:PHE:O	1:A:65:VAL:CG2	0.44	2.66	17	1
1:A:106:TYR:CD1	1:A:110:VAL:HG22	0.44	2.47	16	1
1:A:12:ASN:ND2	1:A:13:GLY:H	0.44	2.11	8	1
1:A:7:LYS:O	1:A:10:ASP:N	0.44	2.51	13	1
1:A:92:LEU:HD23	1:A:96:GLU:C	0.44	2.33	13	1
1:A:81:TYR:CD1	1:A:92:LEU:HD12	0.44	2.47	17	1
1:A:34:ASN:HB3	1:A:37:LEU:CB	0.44	2.42	17	1
1:A:74:LYS:CG	1:A:130:LEU:HD11	0.44	2.43	12	1
1:A:101:PHE:CD2	1:A:129:PHE:CD1	0.44	3.06	20	1
1:A:48:ASP:CG	1:A:48:ASP:O	0.44	2.56	9	3
1:A:40:LEU:HD12	1:A:40:LEU:O	0.44	2.13	8	1
1:A:94:LYS:O	1:A:98:THR:OG1	0.43	2.36	20	10
1:A:43:LYS:HG2	1:A:44:ALA:N	0.43	2.27	2	5
1:A:79:ILE:HG22	1:A:83:LEU:HD12	0.43	1.90	14	1
1:A:56:ALA:O	1:A:57:GLU:C	0.43	2.57	2	2
1:A:23:LYS:CG	1:A:42:PHE:CE2	0.43	3.01	4	1
1:A:81:TYR:O	1:A:85:ASP:CB	0.43	2.66	12	1
1:A:130:LEU:CD2	1:A:130:LEU:C	0.43	2.83	14	3
1:A:81:TYR:CD2	1:A:126:LEU:HB3	0.43	2.48	20	1
1:A:9:LEU:CD2	1:A:25:PHE:CG	0.43	3.01	6	1
1:A:8:GLN:HG2	1:A:9:LEU:HD22	0.43	1.88	2	1
1:A:38:LEU:O	1:A:42:PHE:N	0.43	2.49	4	3
1:A:88:GLY:O	1:A:89:ASP:CB	0.43	2.66	19	6
1:A:77:LEU:HD21	1:A:129:PHE:HZ	0.43	1.68	1	1
1:A:77:LEU:HB3	1:A:129:PHE:CE2	0.43	2.48	7	1
1:A:32:ILE:O	1:A:33:LYS:C	0.43	2.57	10	2
1:A:81:TYR:CD1	1:A:129:PHE:CD2	0.43	3.07	20	1
1:A:35:GLU:O	1:A:39:GLN:N	0.43	2.51	6	2
1:A:83:LEU:HD13	1:A:83:LEU:C	0.43	2.34	16	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:16:SER:N	1:A:54:ASP:OD2	0.43	2.52	7	1
1:A:22:VAL:HG22	1:A:25:PHE:CD2	0.43	2.48	15	1
1:A:85:ASP:CG	1:A:92:LEU:HD21	0.43	2.30	15	1
1:A:81:TYR:CE2	1:A:92:LEU:CD2	0.43	2.90	4	1
1:A:35:GLU:CG	1:A:36:GLN:N	0.43	2.80	10	1
1:A:97:VAL:HG21	1:A:124:ILE:CG2	0.43	2.43	20	1
1:A:47:ILE:CG1	1:A:134:LEU:HD13	0.43	2.44	19	1
1:A:78:LYS:O	1:A:82:LYS:N	0.43	2.48	3	1
1:A:45:ILE:HD13	1:A:134:LEU:HD21	0.43	1.89	18	1
1:A:9:LEU:CD1	1:A:25:PHE:CD1	0.43	3.02	15	2
1:A:106:TYR:CD1	1:A:109:VAL:CG2	0.43	3.01	15	1
1:A:46:ASP:O	1:A:46:ASP:CG	0.43	2.57	10	1
1:A:6:PHE:O	1:A:7:LYS:C	0.43	2.56	15	11
1:A:112:GLN:C	1:A:116:ALA:HB2	0.43	2.33	16	1
1:A:110:VAL:HA	1:A:113:ILE:HD12	0.43	1.89	15	1
1:A:59:THR:O	1:A:62:ALA:HB3	0.43	2.13	4	1
1:A:6:PHE:O	1:A:10:ASP:N	0.43	2.48	9	1
1:A:46:ASP:O	1:A:46:ASP:OD1	0.43	2.36	3	1
1:A:77:LEU:CD2	1:A:77:LEU:O	0.43	2.67	13	1
1:A:38:LEU:C	1:A:40:LEU:N	0.43	2.71	17	1
1:A:84:MET:HB3	1:A:100:PHE:CZ	0.43	2.49	15	1
1:A:39:GLN:OE1	1:A:40:LEU:N	0.43	2.52	20	1
1:A:10:ASP:OD1	1:A:15:GLY:O	0.43	2.37	11	1
1:A:49:GLY:O	1:A:50:ASN:CG	0.43	2.57	4	3
1:A:40:LEU:CD1	1:A:134:LEU:HD22	0.43	2.43	8	1
1:A:89:ASP:OD1	1:A:90:GLY:N	0.43	2.51	8	1
1:A:101:PHE:CZ	1:A:129:PHE:CD1	0.43	3.07	18	1
1:A:19:TYR:HB3	1:A:42:PHE:CE2	0.43	2.49	7	1
1:A:27:SER:OG	1:A:35:GLU:N	0.43	2.52	7	1
1:A:50:ASN:O	1:A:52:GLU:N	0.43	2.51	12	1
1:A:56:ALA:O	1:A:60:LYS:N	0.43	2.48	11	2
1:A:34:ASN:C	1:A:36:GLN:N	0.43	2.72	19	1
1:A:34:ASN:O	1:A:36:GLN:N	0.43	2.52	19	1
1:A:132:PHE:C	1:A:132:PHE:CD1	0.43	2.90	18	1
1:A:119:ASN:OD1	1:A:119:ASN:N	0.43	2.51	18	1
1:A:39:GLN:O	1:A:42:PHE:CB	0.43	2.67	15	1
1:A:49:GLY:C	1:A:50:ASN:CG	0.42	2.77	3	9
1:A:12:ASN:ND2	1:A:12:ASN:N	0.42	2.66	11	2
1:A:88:GLY:C	1:A:89:ASP:CG	0.42	2.77	2	4
1:A:46:ASP:OD1	1:A:46:ASP:O	0.42	2.36	11	1
1:A:37:LEU:O	1:A:41:ILE:N	0.42	2.50	18	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:46:ASP:CG	1:A:50:ASN:O	0.42	2.58	14	2
1:A:47:ILE:O	1:A:47:ILE:HD12	0.42	2.14	16	1
1:A:128:GLU:O	1:A:132:PHE:N	0.42	2.52	16	1
1:A:9:LEU:CD1	1:A:25:PHE:CE1	0.42	3.02	15	1
1:A:83:LEU:C	1:A:83:LEU:HD23	0.42	2.35	6	1
1:A:38:LEU:O	1:A:40:LEU:N	0.42	2.51	17	1
1:A:46:ASP:OD2	1:A:51:GLY:O	0.42	2.38	9	2
1:A:46:ASP:C	1:A:48:ASP:H	0.42	2.18	13	2
1:A:40:LEU:O	1:A:42:PHE:N	0.42	2.53	11	4
1:A:60:LYS:O	1:A:63:ALA:N	0.42	2.52	2	1
1:A:78:LYS:CG	1:A:126:LEU:HD12	0.42	2.45	18	1
1:A:77:LEU:CB	1:A:129:PHE:CZ	0.42	3.03	7	1
1:A:130:LEU:C	1:A:130:LEU:CD1	0.42	2.84	2	1
1:A:55:LEU:HD22	1:A:55:LEU:HA	0.42	1.77	11	1
1:A:77:LEU:HG	1:A:104:PHE:CE1	0.42	2.50	5	1
1:A:14:ASP:O	1:A:14:ASP:OD1	0.42	2.37	5	1
1:A:72:ASP:O	1:A:73:GLU:C	0.42	2.58	5	1
1:A:72:ASP:O	1:A:76:GLY:N	0.42	2.50	7	1
1:A:10:ASP:OD2	1:A:15:GLY:O	0.42	2.37	10	1
1:A:105:GLY:O	1:A:106:TYR:O	0.42	2.38	16	1
1:A:32:ILE:HD13	1:A:35:GLU:OE2	0.42	2.14	19	1
1:A:15:GLY:O	1:A:54:ASP:CG	0.42	2.58	17	8
1:A:49:GLY:C	1:A:51:GLY:N	0.42	2.72	11	1
1:A:14:ASP:OD1	1:A:14:ASP:O	0.42	2.37	16	2
1:A:19:TYR:O	1:A:22:VAL:CG1	0.42	2.54	13	1
1:A:46:ASP:OD2	1:A:51:GLY:CA	0.42	2.68	7	1
1:A:50:ASN:O	1:A:52:GLU:CG	0.42	2.67	4	1
1:A:83:LEU:C	1:A:85:ASP:N	0.42	2.72	1	2
1:A:14:ASP:OD1	1:A:14:ASP:C	0.42	2.58	16	1
1:A:52:GLU:C	1:A:53:ILE:HG13	0.42	2.35	10	1
1:A:101:PHE:CD2	1:A:113:ILE:HD13	0.42	2.50	6	1
1:A:12:ASN:ND2	1:A:14:ASP:CG	0.42	2.73	14	1
1:A:26:VAL:C	1:A:28:SER:N	0.42	2.72	8	1
1:A:53:ILE:HG22	1:A:54:ASP:H	0.42	1.74	18	1
1:A:27:SER:CB	1:A:35:GLU:OE1	0.42	2.68	15	1
1:A:48:ASP:O	1:A:48:ASP:CG	0.42	2.58	15	2
1:A:47:ILE:HD13	1:A:48:ASP:H	0.42	1.73	4	1
1:A:128:GLU:O	1:A:131:ALA:CB	0.41	2.67	2	4
1:A:32:ILE:HG23	1:A:32:ILE:O	0.41	2.15	11	1
1:A:6:PHE:CZ	1:A:22:VAL:HG23	0.41	2.50	8	1
1:A:79:ILE:O	1:A:82:LYS:HD2	0.41	2.15	18	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:17:VAL:N	1:A:53:ILE:O	0.41	2.45	10	2
1:A:33:LYS:O	1:A:34:ASN:ND2	0.41	2.53	5	1
1:A:82:LYS:HG3	1:A:83:LEU:N	0.41	2.30	13	4
1:A:94:LYS:O	1:A:98:THR:N	0.41	2.49	7	2
1:A:9:LEU:HG	1:A:25:PHE:CG	0.41	2.50	7	2
1:A:6:PHE:CG	1:A:55:LEU:HG	0.41	2.50	7	1
1:A:34:ASN:O	1:A:38:LEU:CG	0.41	2.68	17	1
1:A:74:LYS:O	1:A:78:LYS:CB	0.41	2.68	11	1
1:A:10:ASP:OD1	1:A:15:GLY:N	0.41	2.52	3	1
1:A:14:ASP:OD2	1:A:16:SER:O	0.41	2.38	5	2
1:A:101:PHE:CE2	1:A:129:PHE:CD1	0.41	3.08	20	1
1:A:121:ASP:OD2	1:A:123:TYR:CE1	0.41	2.74	6	1
1:A:92:LEU:N	1:A:92:LEU:HD12	0.41	2.31	8	1
1:A:81:TYR:O	1:A:85:ASP:CA	0.41	2.68	18	1
1:A:23:LYS:HA	1:A:23:LYS:CE	0.41	2.46	7	2
1:A:117:ASP:OD2	1:A:123:TYR:O	0.41	2.39	17	1
1:A:40:LEU:O	1:A:41:ILE:C	0.41	2.59	6	1
1:A:54:ASP:OD1	1:A:56:ALA:CB	0.41	2.67	8	1
1:A:109:VAL:HG22	1:A:132:PHE:CE2	0.41	2.49	18	1
1:A:53:ILE:HG21	1:A:57:GLU:OE2	0.41	2.16	7	1
1:A:77:LEU:HG	1:A:104:PHE:CD2	0.41	2.51	6	1
1:A:42:PHE:CE1	1:A:46:ASP:HB2	0.41	2.50	14	1
1:A:81:TYR:CE1	1:A:126:LEU:N	0.41	2.89	16	1
1:A:24:ALA:CB	1:A:35:GLU:OE1	0.41	2.68	16	1
1:A:77:LEU:CD2	1:A:104:PHE:CD2	0.41	3.02	8	1
1:A:81:TYR:CD1	1:A:126:LEU:CA	0.41	3.03	18	1
1:A:41:ILE:CD1	1:A:134:LEU:HA	0.41	2.46	7	1
1:A:77:LEU:HD11	1:A:104:PHE:CD2	0.41	2.50	17	1
1:A:29:LYS:O	1:A:30:ARG:CB	0.41	2.69	10	1
1:A:48:ASP:OD1	1:A:48:ASP:O	0.41	2.39	9	1
1:A:92:LEU:HD21	1:A:100:PHE:CD1	0.41	2.51	6	1
1:A:100:PHE:CD1	1:A:100:PHE:C	0.41	2.94	3	1
1:A:48:ASP:O	1:A:48:ASP:OD1	0.41	2.39	13	1
1:A:48:ASP:OD1	1:A:50:ASN:OD1	0.40	2.39	14	1
1:A:84:MET:O	1:A:85:ASP:O	0.40	2.40	2	1
1:A:130:LEU:O	1:A:134:LEU:N	0.40	2.49	11	1
1:A:109:VAL:O	1:A:113:ILE:N	0.40	2.52	18	1
1:A:46:ASP:OD1	1:A:51:GLY:O	0.40	2.40	7	1
1:A:16:SER:CA	1:A:54:ASP:OD2	0.40	2.68	7	1
1:A:109:VAL:HB	1:A:113:ILE:CD1	0.40	2.45	6	1
1:A:85:ASP:CA	1:A:92:LEU:HD11	0.40	2.44	16	1

*Continued on next page...*



Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:34:ASN:O	1:A:35:GLU:C	0.40	2.60	19	1
1:A:14:ASP:C	1:A:14:ASP:OD1	0.40	2.59	5	1
1:A:79:ILE:HA	1:A:82:LYS:CE	0.40	2.46	18	1
1:A:15:GLY:O	1:A:54:ASP:OD2	0.40	2.38	15	1
1:A:25:PHE:O	1:A:29:LYS:CG	0.40	2.68	10	1
1:A:46:ASP:O	1:A:49:GLY:N	0.40	2.41	10	1
1:A:106:TYR:HD2	1:A:109:VAL:HG21	0.40	1.77	12	1
1:A:16:SER:O	1:A:17:VAL:HB	0.40	2.16	6	1
1:A:106:TYR:HB3	1:A:109:VAL:CG2	0.40	2.46	20	1
1:A:116:ALA:HB2	1:A:132:PHE:CE2	0.40	2.52	11	1
1:A:133:ASN:O	1:A:134:LEU:C	0.40	2.60	3	1
1:A:98:THR:O	1:A:102:LYS:HB3	0.40	2.17	15	1
1:A:48:ASP:O	1:A:50:ASN:OD1	0.40	2.40	10	1
1:A:46:ASP:OD1	1:A:51:GLY:CA	0.40	2.70	12	1
1:A:77:LEU:HG	1:A:104:PHE:CD1	0.40	2.52	5	1
1:A:85:ASP:OD2	1:A:92:LEU:CD1	0.40	2.69	5	1
1:A:9:LEU:N	1:A:9:LEU:HD22	0.40	2.32	5	1
1:A:87:ASP:O	1:A:89:ASP:OD1	0.40	2.40	7	1

## 6.3 Torsion angles ⓘ

### 6.3.1 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 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	123/134 (92%)	74±5 (60±4%)	35±4 (28±3%)	14±3 (11±2%)	1	8
All	All	2460/2680 (92%)	1482 (60%)	696 (28%)	282 (11%)	1	8

All 33 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	17	VAL	20
1	A	118	ALA	20
1	A	32	ILE	20
1	A	19	TYR	20

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	94	LYS	19
1	A	120	GLY	19
1	A	50	ASN	17
1	A	85	ASP	16
1	A	34	ASN	15
1	A	86	ALA	15
1	A	105	GLY	13
1	A	108	LYS	12
1	A	47	ILE	10
1	A	12	ASN	10
1	A	11	ALA	9
1	A	33	LYS	5
1	A	5	LEU	5
1	A	51	GLY	4
1	A	31	PRO	4
1	A	14	ASP	4
1	A	55	LEU	4
1	A	88	GLY	4
1	A	84	MET	2
1	A	107	GLU	2
1	A	48	ASP	2
1	A	106	TYR	2
1	A	30	ARG	2
1	A	49	GLY	2
1	A	76	GLY	1
1	A	6	PHE	1
1	A	15	GLY	1
1	A	110	VAL	1
1	A	35	GLU	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	103/111 (93%)	62±4 (60±4%)	41±4 (40±4%)	1	5
All	All	2060/2220 (93%)	1241 (60%)	819 (40%)	1	5

All 88 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	129	PHE	20
1	A	17	VAL	20
1	A	25	PHE	20
1	A	82	LYS	20
1	A	80	LEU	20
1	A	55	LEU	20
1	A	99	THR	20
1	A	119	ASN	19
1	A	101	PHE	19
1	A	130	LEU	18
1	A	7	LYS	17
1	A	30	ARG	17
1	A	108	LYS	17
1	A	40	LEU	17
1	A	42	PHE	15
1	A	60	LYS	15
1	A	89	ASP	15
1	A	43	LYS	14
1	A	29	LYS	14
1	A	23	LYS	14
1	A	50	ASN	14
1	A	81	TYR	14
1	A	83	LEU	14
1	A	53	ILE	14
1	A	111	ASP	13
1	A	87	ASP	13
1	A	102	LYS	13
1	A	84	MET	13
1	A	78	LYS	13
1	A	114	MET	12
1	A	20	GLU	12
1	A	115	LYS	12
1	A	94	LYS	12
1	A	5	LEU	12
1	A	73	GLU	11
1	A	74	LYS	11
1	A	9	LEU	10
1	A	35	GLU	10
1	A	22	VAL	10
1	A	12	ASN	10
1	A	48	ASP	10
1	A	39	GLN	9

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	37	LEU	9
1	A	95	GLU	8
1	A	97	VAL	8
1	A	104	PHE	8
1	A	126	LEU	8
1	A	32	ILE	8
1	A	112	GLN	7
1	A	107	GLU	7
1	A	91	LYS	7
1	A	65	VAL	7
1	A	77	LEU	7
1	A	134	LEU	7
1	A	33	LYS	7
1	A	28	SER	7
1	A	45	ILE	7
1	A	103	LYS	6
1	A	92	LEU	6
1	A	54	ASP	6
1	A	127	GLU	6
1	A	124	ILE	6
1	A	41	ILE	5
1	A	128	GLU	5
1	A	52	GLU	5
1	A	38	LEU	4
1	A	72	ASP	4
1	A	85	ASP	4
1	A	16	SER	4
1	A	132	PHE	3
1	A	10	ASP	3
1	A	61	PHE	3
1	A	47	ILE	3
1	A	106	TYR	3
1	A	75	VAL	2
1	A	26	VAL	2
1	A	98	THR	2
1	A	36	GLN	2
1	A	133	ASN	1
1	A	79	ILE	1
1	A	14	ASP	1
1	A	34	ASN	1
1	A	46	ASP	1
1	A	125	THR	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	8	GLN	1
1	A	121	ASP	1
1	A	117	ASP	1
1	A	100	PHE	1

### 6.3.3 RNA [i](#)

There are no RNA molecules in this entry.

### 6.4 Non-standard residues in protein, DNA, RNA chains [i](#)

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](#)

Of 4 ligands modelled in this entry, 4 are monoatomic - leaving 0 for Mogul analysis.

### 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