



Full wwPDB X-ray Structure Validation Report ⓘ

Jan 31, 2016 – 08:57 PM GMT

PDB ID : 1MVM
Title : MVM(STRAIN I), COMPLEX(VIRAL COAT/DNA), VP2, PH=7.5, T=4 DEGREES C
Authors : Llamas-Saiz, A.L.; Agbandje-McKenna, M.; Rossmann, M.G.
Deposited on : 1996-06-21
Resolution : 3.50 Å(reported)

This is a Full wwPDB X-ray Structure Validation Report for a publicly released PDB entry.
We welcome your comments at validation@mail.wwpdb.org
A user guide is available at
<http://wwpdb.org/validation/2016/XrayValidationReportHelp>
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:

MolProbity : 4.02b-467
Mogul : 1.7 (RC4), CSD as536be (2015)
Xtriage (Phenix) : **NOT EXECUTED**
EDS : **NOT EXECUTED**
Percentile statistics : 20151230.v01 (using entries in the PDB archive December 30th 2015)
Ideal geometry (proteins) : Engh & Huber (2001)
Ideal geometry (DNA, RNA) : Parkinson et al. (1996)
Validation Pipeline (wwPDB-VP) : trunk26865

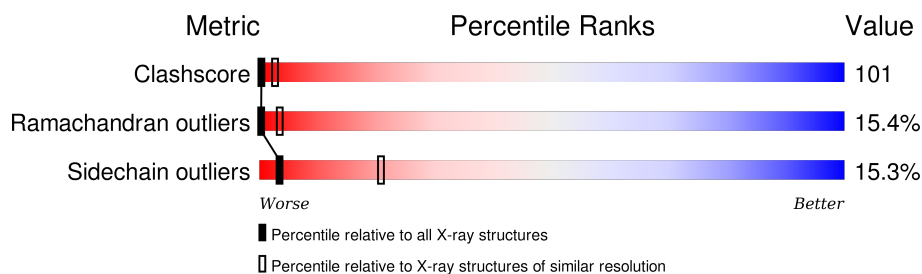
1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:

X-RAY DIFFRACTION

The reported resolution of this entry is 3.50 Å.

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



Metric	Whole archive (#Entries)	Similar resolution (#Entries, resolution range(Å))
Clashscore	102246	1157 (3.60-3.40)
Ramachandran outliers	100387	1120 (3.60-3.40)
Sidechain outliers	100360	1121 (3.60-3.40)

The table below summarises the geometric issues observed across the polymeric chains and their fit to the electron density. The red, orange, yellow and green segments on the lower bar indicate the fraction of residues that contain outliers for ≥ 3 , 2, 1 and 0 types of geometric quality criteria. 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 $\leq 5\%$. The upper red bar (where present) indicates the fraction of residues that have poor fit to the electron density. The numeric value is given above the bar.

Note EDS was not executed.

Mol	Chain	Length	Quality of chain
1	A	587	
2	B	11	
3	C	4	
4	D	1	

2 Entry composition

There are 4 unique types of molecules in this entry. The entry contains 4649 atoms, of which 0 are hydrogens and 0 are deuteriums.

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

- Molecule 1 is a protein called PROTEIN (MURINE MINUTE VIRUS COAT PROTEIN).

Mol	Chain	Residues	Atoms					ZeroOcc	AltConf	Trace
1	A	549	Total	C	N	O	S	0	0	0
			4328	2727	751	830	20			

There are 2 discrepancies between the modelled and reference sequences:

Chain	Residue	Modelled	Actual	Comment	Reference
A	366	MET	VAL	VARIANT	UNP P07302
A	455	THR	ALA	VARIANT	UNP P07302

- Molecule 2 is a DNA chain called DNA (5'-D(*CP*CP*AP*CP*CP*CP*CP*AP*AP*CP*A)-3').

Mol	Chain	Residues	Atoms					ZeroOcc	AltConf	Trace
2	B	11	Total	C	N	O	P	0	0	0
			218	103	41	63	11			

- Molecule 3 is a DNA chain called DNA (5'-D(*CP*AP*AP*A)-3').

Mol	Chain	Residues	Atoms					ZeroOcc	AltConf	Trace
3	C	4	Total	C	N	O	P	0	0	0
			82	39	18	21	4			

- Molecule 4 is a DNA chain called DNA (5'-D(*A)-3').

Mol	Chain	Residues	Atoms					ZeroOcc	AltConf	Trace
4	D	1	Total	C	N	O	P	0	0	0
			21	10	5	5	1			

3 Residue-property plots

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

Note EDS was not executed.

• Molecule 1: PROTEIN (MURINE MINUTE VIRUS COAT PROTEIN)



• Molecule 2: DNA (5'-D(*CP*CP*AP*CP*CP*CP*CP*AP*AP*CP*A)-3')





- Molecule 3: DNA (5'-D(*CP*AP*AP*A)-3')



- Molecule 4: DNA (5'-D(*A)-3')



4 Data and refinement statistics

Xtriage (Phenix) and EDS were not executed - this section will therefore be incomplete.

Property	Value	Source
Space group	C 1 2 1	Depositor
Cell constants a, b, c, α , β , γ	448.70Å 416.70Å 305.30Å 90.00° 95.80° 90.00°	Depositor
Resolution (Å)	(Not available) – 3.50	Depositor
% Data completeness (in resolution range)	(Not available) ((Not available)-3.50)	Depositor
R_{merge}	0.15	Depositor
R_{sym}	(Not available)	Depositor
Refinement program	?	Depositor
R, R_{free}	(Not available) , (Not available)	Depositor
Estimated twinning fraction	No twinning to report.	Xtriage
Total number of atoms	4649	wwPDB-VP
Average B, all atoms (Å ²)	12.0	wwPDB-VP

5 Model quality

5.1 Standard geometry

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

Mol	Chain	Bond lengths		Bond angles	
		RMSZ	# Z >5	RMSZ	# Z >5
1	A	1.49	25/4451 (0.6%)	1.38	61/6085 (1.0%)
2	B	1.43	3/242 (1.2%)	1.14	0/364
3	C	1.49	0/92	2.31	2/139 (1.4%)
4	D	1.28	0/23	1.17	0/33
All	All	1.48	28/4808 (0.6%)	1.39	63/6621 (1.0%)

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

Mol	Chain	#Chirality outliers	#Planarity outliers
1	A	0	6

All (28) bond length outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(Å)	Ideal(Å)
1	A	587	TYR	C-OXT	-48.70	0.30	1.23
1	A	344	ASP	C-N	-25.89	0.74	1.34
1	A	373	SER	C-N	-24.52	0.77	1.34
1	A	555	GLY	CA-C	-24.11	1.13	1.51
1	A	174	ALA	C-N	22.04	1.84	1.34
1	A	483	ILE	C-N	21.79	1.84	1.34
1	A	525	PHE	C-N	-20.29	0.87	1.34
1	A	526	PHE	C-N	19.15	1.78	1.34
1	A	553	ASP	C-N	-12.82	1.04	1.34
1	A	374	VAL	C-N	11.94	1.61	1.34
1	A	330	ARG	C-N	9.16	1.55	1.34
1	A	539	ALA	C-N	8.46	1.53	1.34
2	B	1	DC	C2'-C1'	-7.93	1.44	1.52
2	B	7	DC	O3'-P	6.40	1.68	1.61
1	A	175	CYS	C-N	6.05	1.48	1.34
1	A	495	GLY	C-N	-5.99	1.20	1.34

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(Å)	Ideal(Å)
1	A	564	TRP	NE1-CE2	-5.31	1.30	1.37
1	A	203	TRP	NE1-CE2	-5.15	1.30	1.37
2	B	3	DA	P-O5'	-5.14	1.54	1.59
1	A	108	TRP	NE1-CE2	-5.12	1.30	1.37
1	A	527	TRP	NE1-CE2	-5.11	1.30	1.37
1	A	283	TRP	NE1-CE2	-5.09	1.30	1.37
1	A	60	TRP	NE1-CE2	-5.08	1.30	1.37
1	A	469	TRP	NE1-CE2	-5.08	1.30	1.37
1	A	111	TRP	NE1-CE2	-5.06	1.30	1.37
1	A	398	TRP	NE1-CE2	-5.04	1.30	1.37
1	A	128	TRP	NE1-CE2	-5.03	1.31	1.37
1	A	119	TRP	NE1-CE2	-5.01	1.31	1.37

All (63) bond angle outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
1	A	373	SER	O-C-N	-20.04	90.64	122.70
3	C	14	DC	OP1-P-OP2	-20.03	89.56	119.60
1	A	374	VAL	O-C-N	14.52	145.94	122.70
1	A	525	PHE	O-C-N	-13.21	101.56	122.70
1	A	373	SER	CA-C-N	13.18	146.19	117.20
1	A	374	VAL	CA-C-N	-12.63	89.41	117.20
1	A	373	SER	C-N-CA	12.48	152.90	121.70
1	A	539	ALA	C-N-CA	-12.33	90.88	121.70
1	A	553	ASP	O-C-N	-12.21	103.17	122.70
1	A	374	VAL	C-N-CA	-11.80	92.20	121.70
1	A	483	ILE	CA-C-N	-11.75	91.35	117.20
1	A	483	ILE	O-C-N	11.73	141.46	122.70
1	A	526	PHE	CA-C-N	-9.93	95.35	117.20
1	A	483	ILE	C-N-CA	-9.63	97.63	121.70
1	A	553	ASP	C-N-CA	9.05	144.33	121.70
1	A	344	ASP	O-C-N	8.56	136.40	122.70
1	A	553	ASP	CA-C-N	8.41	135.70	117.20
1	A	500	ARG	NE-CZ-NH2	8.39	124.50	120.30
1	A	526	PHE	O-C-N	7.62	134.89	122.70
1	A	584	ARG	NE-CZ-NH2	7.60	124.10	120.30
1	A	330	ARG	NE-CZ-NH2	7.56	124.08	120.30
1	A	538	ARG	NE-CZ-NH2	7.51	124.05	120.30
1	A	85	ARG	NE-CZ-NH2	7.50	124.05	120.30
1	A	407	ARG	NE-CZ-NH2	7.46	124.03	120.30
1	A	332	ARG	NE-CZ-NH2	7.44	124.02	120.30
1	A	580	ARG	NE-CZ-NH2	7.44	124.02	120.30

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
1	A	375	ARG	NE-CZ-NH2	7.42	124.01	120.30
1	A	219	ARG	NE-CZ-NH2	7.39	124.00	120.30
1	A	480	ARG	NE-CZ-NH2	7.38	123.99	120.30
1	A	534	ARG	NE-CZ-NH2	7.36	123.98	120.30
1	A	83	ARG	NE-CZ-NH2	7.36	123.98	120.30
1	A	395	ARG	NE-CZ-NH2	7.35	123.98	120.30
1	A	69	ARG	NE-CZ-NH2	7.34	123.97	120.30
1	A	287	ARG	NE-CZ-NH2	7.30	123.95	120.30
1	A	368	ARG	NE-CZ-NH2	7.29	123.95	120.30
1	A	524	THR	O-C-N	7.29	134.36	122.70
1	A	174	ALA	O-C-N	7.25	134.31	122.70
1	A	54	ARG	NE-CZ-NH2	7.23	123.92	120.30
1	A	410	ARG	NE-CZ-NH2	7.17	123.88	120.30
1	A	344	ASP	CA-C-N	-6.92	101.98	117.20
3	C	16	DA	C8-N9-C4	-6.91	103.04	105.80
1	A	555	GLY	N-CA-C	6.58	129.55	113.10
1	A	356	PRO	O-C-N	6.57	133.21	122.70
1	A	174	ALA	CA-C-N	-6.29	103.36	117.20
1	A	572	MET	CG-SD-CE	6.17	110.08	100.20
1	A	237	MET	CG-SD-CE	6.14	110.02	100.20
1	A	176	MET	CG-SD-CE	6.14	110.02	100.20
1	A	98	MET	CG-SD-CE	6.14	110.02	100.20
1	A	243	MET	CG-SD-CE	6.14	110.02	100.20
1	A	195	MET	CG-SD-CE	6.12	110.00	100.20
1	A	320	MET	CG-SD-CE	6.12	110.00	100.20
1	A	75	MET	CG-SD-CE	6.12	110.00	100.20
1	A	135	MET	CG-SD-CE	6.12	110.00	100.20
1	A	559	MET	CG-SD-CE	6.11	109.97	100.20
1	A	497	MET	CG-SD-CE	6.09	109.95	100.20
1	A	366	MET	CG-SD-CE	6.09	109.94	100.20
1	A	533	MET	CG-SD-CE	6.05	109.88	100.20
1	A	539	ALA	CA-C-N	-6.00	104.00	117.20
1	A	524	THR	CA-C-N	-5.66	104.75	117.20
1	A	529	GLY	O-C-N	5.58	131.62	122.70
1	A	349	ARG	O-C-N	-5.51	113.89	122.70
1	A	524	THR	C-N-CA	-5.42	108.16	121.70
1	A	497	MET	O-C-N	5.15	130.94	122.70

There are no chirality outliers.

All (6) planarity outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Group
1	A	373	SER	Mainchain
1	A	525	PHE	Mainchain,Peptide
1	A	537	LEU	Mainchain
1	A	539	ALA	Mainchain
1	A	555	GLY	Mainchain

5.2 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 the 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 within the asymmetric unit, whereas Symm-Clashes lists symmetry related clashes.

Mol	Chain	Non-H	H(model)	H(added)	Clashes	Symm-Clashes
1	A	4328	0	4108	869	0
2	B	218	0	123	26	0
3	C	82	0	45	11	0
4	D	21	0	12	2	0
All	All	4649	0	4288	899	0

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 101.

All (899) close contacts within the same asymmetric unit are listed below, sorted by their clash magnitude.

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:378:TYR:CE1	1:A:465:GLN:NE2	1.70	1.57
1:A:558:TYR:CA	1:A:563:LYS:HZ1	1.17	1.52
1:A:344:ASP:C	1:A:345:PHE:CA	1.80	1.49
1:A:558:TYR:HA	1:A:563:LYS:NZ	1.28	1.48
1:A:463:TYR:CG	1:A:464:PRO:HD3	1.49	1.47
1:A:289:LEU:HD22	1:A:587:TYR:CB	1.43	1.47
1:A:322:VAL:HG11	1:A:324:TRP:NE1	1.27	1.46
1:A:176:MET:HE1	1:A:525:PHE:CD1	1.50	1.44
1:A:509:TYR:CD1	1:A:516:LEU:HD12	1.53	1.44
1:A:98:MET:CE	1:A:223:VAL:HA	1.45	1.43
1:A:344:ASP:O	1:A:345:PHE:CD1	1.69	1.42
1:A:344:ASP:CA	1:A:345:PHE:N	1.78	1.42
1:A:85:ARG:HH21	1:A:237:MET:CG	1.36	1.37
1:A:98:MET:HE2	1:A:223:VAL:CA	1.53	1.35
1:A:526:PHE:C	1:A:527:TRP:N	1.78	1.35

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:98:MET:HE1	1:A:224:THR:N	1.36	1.35
1:A:322:VAL:CG1	1:A:324:TRP:NE1	1.88	1.35
1:A:289:LEU:CD2	1:A:587:TYR:HB3	1.56	1.34
1:A:509:TYR:CD1	1:A:516:LEU:CD1	2.08	1.33
1:A:159:ASP:OD1	1:A:164:ALA:N	1.60	1.33
1:A:352:PRO:HA	1:A:353:PHE:N	1.41	1.32
1:A:552:GLU:OE1	1:A:553:ASP:N	1.59	1.31
1:A:352:PRO:CA	1:A:353:PHE:N	1.93	1.30
1:A:483:ILE:C	1:A:484:THR:N	1.84	1.30
1:A:385:ASN:O	1:A:387:ALA:N	1.61	1.30
1:A:174:ALA:C	1:A:175:CYS:N	1.84	1.29
1:A:386:TRP:CE3	1:A:571:ASN:HA	1.68	1.28
1:A:111:TRP:CD1	1:A:250:ILE:HD12	1.67	1.28
1:A:525:PHE:O	1:A:526:PHE:N	1.65	1.28
1:A:85:ARG:NH2	1:A:237:MET:HG2	1.47	1.27
1:A:105:GLU:HB2	1:A:217:VAL:CG1	1.65	1.27
1:A:525:PHE:C	1:A:526:PHE:CA	2.01	1.27
1:A:94:VAL:O	1:A:95:LYS:HG2	1.24	1.27
1:A:223:VAL:O	1:A:224:THR:HG23	1.33	1.27
1:A:239:THR:HG22	1:A:240:PRO:CD	1.65	1.27
1:A:558:TYR:CA	1:A:563:LYS:NZ	1.88	1.26
1:A:129:GLN:O	1:A:133:ASN:HB2	1.23	1.25
1:A:378:TYR:CD1	1:A:465:GLN:NE2	2.04	1.24
1:A:558:TYR:O	1:A:563:LYS:NZ	1.69	1.24
1:A:463:TYR:CD2	1:A:464:PRO:HD3	1.71	1.24
1:A:299:PRO:HB3	1:A:304:ASP:O	1.24	1.24
1:A:277:VAL:HG23	1:A:487:PHE:CE1	1.71	1.24
1:A:227:ASN:O	1:A:228:GLN:O	1.54	1.23
1:A:411:ASP:O	1:A:412:GLY:O	1.54	1.23
1:A:147:ILE:HD11	1:A:497:MET:CE	1.67	1.22
1:A:176:MET:CE	1:A:525:PHE:CD1	2.24	1.21
1:A:94:VAL:O	1:A:95:LYS:CG	1.86	1.21
3:C:16:DA:C1'	3:C:17:DA:H5'	1.69	1.21
1:A:111:TRP:NE1	1:A:251:GLU:OE2	1.71	1.20
1:A:463:TYR:HB3	1:A:464:PRO:CD	1.69	1.20
1:A:176:MET:CE	1:A:525:PHE:CE1	2.25	1.20
1:A:241:LYS:O	1:A:243:MET:N	1.74	1.20
1:A:136:SER:O	1:A:279:LEU:HB2	1.36	1.20
1:A:53:TYR:O	2:B:7:DC:O2	1.57	1.19
1:A:115:ASP:O	1:A:198:LEU:HD12	1.43	1.18
1:A:113:LEU:HD23	1:A:114:VAL:N	1.59	1.18

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:318:THR:CG2	1:A:329:ILE:HG22	1.73	1.18
1:A:147:ILE:HD11	1:A:497:MET:HE2	1.21	1.17
1:A:239:THR:CG2	1:A:240:PRO:HD2	1.73	1.16
1:A:463:TYR:CB	1:A:464:PRO:CD	2.23	1.16
1:A:336:VAL:O	1:A:407:ARG:NH2	1.78	1.16
1:A:580:ARG:H	1:A:581:PRO:CD	1.57	1.16
1:A:561:VAL:O	1:A:563:LYS:N	1.77	1.16
1:A:370:ALA:O	1:A:372:GLY:N	1.79	1.16
1:A:324:TRP:CZ2	1:A:421:VAL:CG2	2.29	1.15
1:A:417:ALA:HB3	1:A:418:PRO:HD2	1.27	1.15
1:A:218:ASP:O	1:A:237:MET:O	1.64	1.15
1:A:289:LEU:CD2	1:A:587:TYR:CB	2.16	1.15
1:A:558:TYR:C	1:A:563:LYS:NZ	1.98	1.15
1:A:463:TYR:HB3	1:A:464:PRO:HD2	1.26	1.14
1:A:56:LEU:HB2	1:A:60:TRP:O	1.45	1.14
2:B:3:DA:H5'	2:B:9:DA:H5''	1.18	1.14
1:A:417:ALA:CB	1:A:418:PRO:CD	2.26	1.14
1:A:419:LEU:O	1:A:419:LEU:HG	1.31	1.13
1:A:360:ALA:O	1:A:371:ASN:HB3	1.47	1.13
1:A:509:TYR:HD1	1:A:516:LEU:CD1	1.48	1.12
1:A:386:TRP:HE3	1:A:571:ASN:HA	0.95	1.11
1:A:463:TYR:CG	1:A:464:PRO:CD	2.32	1.11
1:A:357:LYS:CD	1:A:357:LYS:H	1.63	1.11
1:A:362:VAL:O	1:A:363:THR:O	1.68	1.11
1:A:85:ARG:NH2	1:A:237:MET:CG	2.03	1.11
1:A:352:PRO:C	1:A:353:PHE:N	2.03	1.11
1:A:362:VAL:HG21	1:A:368:ARG:HA	1.31	1.11
1:A:98:MET:CE	1:A:223:VAL:CA	2.17	1.10
1:A:361:ASP:OD2	1:A:403:PHE:HD1	1.31	1.10
1:A:362:VAL:CG1	1:A:366:MET:HA	1.81	1.10
1:A:48:ASP:HB2	1:A:528:LYS:HE3	1.19	1.10
1:A:525:PHE:CA	1:A:526:PHE:N	2.13	1.10
1:A:344:ASP:O	1:A:345:PHE:CG	2.04	1.10
1:A:344:ASP:O	1:A:345:PHE:N	1.85	1.10
1:A:386:TRP:HE3	1:A:571:ASN:CA	1.65	1.10
1:A:412:GLY:O	1:A:413:PHE:HB2	1.47	1.09
1:A:111:TRP:CG	1:A:250:ILE:HD12	1.86	1.09
1:A:322:VAL:HG11	1:A:324:TRP:CE2	1.86	1.09
1:A:176:MET:HE1	1:A:525:PHE:CE1	1.88	1.08
1:A:53:TYR:O	2:B:7:DC:C2	2.05	1.08
1:A:61:VAL:HG21	1:A:135:MET:HE1	1.26	1.08

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:465:GLN:O	1:A:466:GLY:O	1.70	1.08
1:A:105:GLU:HB2	1:A:217:VAL:HG11	1.09	1.08
1:A:98:MET:CE	1:A:224:THR:N	2.16	1.08
1:A:417:ALA:HB3	1:A:418:PRO:CD	1.81	1.08
1:A:363:THR:HG21	1:A:408:ASP:HB2	1.29	1.07
1:A:322:VAL:HG12	1:A:324:TRP:CD1	1.90	1.07
1:A:115:ASP:O	1:A:198:LEU:CD1	2.03	1.06
1:A:79:GLU:OE2	1:A:518:ARG:NH1	1.88	1.06
1:A:367:ASP:O	1:A:369:GLU:N	1.87	1.06
1:A:197:THR:HG22	1:A:198:LEU:H	0.94	1.06
1:A:289:LEU:HD22	1:A:587:TYR:HB2	1.15	1.05
1:A:558:TYR:C	1:A:563:LYS:HZ2	1.52	1.05
1:A:318:THR:HG23	1:A:329:ILE:HG22	1.13	1.05
1:A:463:TYR:CB	1:A:464:PRO:HD3	1.84	1.04
1:A:119:TRP:NE1	1:A:467:GLN:O	1.91	1.04
2:B:3:DA:H5'	2:B:9:DA:C5'	1.88	1.04
1:A:277:VAL:CG2	1:A:487:PHE:CE1	2.41	1.03
1:A:373:SER:OG	1:A:398:TRP:O	1.74	1.03
1:A:92:THR:HG22	1:A:235:ASN:HD21	1.20	1.03
1:A:289:LEU:HD23	1:A:587:TYR:HB3	1.36	1.02
1:A:413:PHE:CZ	1:A:415:GLN:NE2	2.26	1.02
1:A:223:VAL:O	1:A:224:THR:CG2	2.08	1.02
1:A:417:ALA:HB1	1:A:418:PRO:HD3	1.41	1.02
1:A:105:GLU:CB	1:A:217:VAL:HG11	1.90	1.02
1:A:500:ARG:HG2	1:A:501:LEU:O	1.58	1.02
1:A:105:GLU:CB	1:A:217:VAL:CG1	2.37	1.01
1:A:362:VAL:HG13	1:A:366:MET:CA	1.89	1.01
1:A:362:VAL:CG1	1:A:362:VAL:O	2.08	1.01
1:A:362:VAL:CG2	1:A:368:ARG:HA	1.90	1.00
1:A:361:ASP:OD1	1:A:362:VAL:N	1.93	1.00
1:A:415:GLN:OE1	1:A:419:LEU:CD1	2.09	1.00
3:C:16:DA:H1'	3:C:17:DA:H5'	1.03	1.00
1:A:51:THR:HG21	1:A:127:ASP:OD2	1.60	1.00
3:C:16:DA:H1'	3:C:17:DA:C5'	1.91	1.00
1:A:579:THR:O	1:A:580:ARG:HG3	1.62	1.00
1:A:412:GLY:O	1:A:413:PHE:CB	2.08	0.99
1:A:133:ASN:HD21	1:A:549:VAL:HB	1.23	0.99
1:A:197:THR:HG22	1:A:198:LEU:N	1.78	0.99
1:A:509:TYR:CD1	1:A:516:LEU:HD11	1.95	0.99
1:A:293:PRO:HB2	1:A:308:LEU:HD13	1.45	0.98
1:A:579:THR:O	1:A:580:ARG:CG	2.12	0.98

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:436:GLY:O	1:A:437:THR:OG1	1.80	0.98
1:A:176:MET:HE3	1:A:525:PHE:CE1	1.98	0.98
1:A:415:GLN:OE1	1:A:419:LEU:HD12	1.62	0.98
1:A:357:LYS:O	1:A:357:LYS:HD3	1.63	0.98
1:A:357:LYS:HD2	1:A:357:LYS:H	1.29	0.97
1:A:92:THR:HG22	1:A:235:ASN:ND2	1.79	0.97
1:A:197:THR:CG2	1:A:198:LEU:H	1.75	0.97
3:C:16:DA:C2'	3:C:17:DA:H5'	1.94	0.97
1:A:361:ASP:OD2	1:A:403:PHE:CD1	2.18	0.97
1:A:76:PRO:O	1:A:518:ARG:NH2	1.97	0.97
1:A:219:ARG:O	1:A:220:ASP:OD1	1.83	0.97
1:A:128:TRP:NE1	1:A:579:THR:OG1	1.96	0.97
1:A:362:VAL:HG13	1:A:362:VAL:O	1.63	0.96
1:A:421:VAL:HB	1:A:422:PRO:HD3	1.46	0.96
1:A:322:VAL:CG1	1:A:324:TRP:HE1	1.66	0.96
1:A:286:ASN:HD21	1:A:336:VAL:H	1.10	0.96
1:A:280:THR:HG23	1:A:583:ALA:O	1.66	0.96
1:A:547:TYR:CD1	1:A:548:GLN:N	2.33	0.96
1:A:159:ASP:OD1	1:A:164:ALA:CA	2.14	0.95
1:A:141:VAL:O	1:A:272:PHE:HD2	1.46	0.95
1:A:318:THR:CG2	1:A:329:ILE:CG2	2.44	0.95
1:A:217:VAL:HG23	1:A:218:ASP:H	1.32	0.95
1:A:98:MET:HE1	1:A:224:THR:H	0.85	0.95
1:A:344:ASP:O	1:A:345:PHE:CB	2.14	0.95
1:A:293:PRO:CB	1:A:308:LEU:HD13	1.95	0.94
1:A:299:PRO:CB	1:A:304:ASP:O	2.15	0.94
1:A:322:VAL:CG1	1:A:324:TRP:CD1	2.45	0.94
1:A:547:TYR:HD1	1:A:548:GLN:H	1.10	0.94
1:A:132:CYS:SG	1:A:579:THR:OG1	2.26	0.94
1:A:357:LYS:CD	1:A:357:LYS:N	2.26	0.94
1:A:580:ARG:N	1:A:581:PRO:CD	2.29	0.94
1:A:363:THR:HG21	1:A:408:ASP:CB	1.97	0.94
1:A:580:ARG:H	1:A:581:PRO:HD2	1.31	0.94
1:A:232:ILE:O	1:A:233:GLU:HB2	1.63	0.93
1:A:470:ASP:O	1:A:471:LYS:O	1.86	0.93
1:A:301:ALA:O	1:A:304:ASP:OD1	1.85	0.93
1:A:324:TRP:HZ2	1:A:421:VAL:CG2	1.77	0.93
1:A:431:ASN:O	1:A:431:ASN:ND2	1.99	0.93
1:A:98:MET:CE	1:A:224:THR:H	1.79	0.93
1:A:417:ALA:CB	1:A:418:PRO:HD3	1.92	0.93
1:A:141:VAL:HG12	1:A:142:SER:N	1.83	0.93

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:270:TYR:CE2	1:A:494:PRO:HG3	2.03	0.93
1:A:525:PHE:C	1:A:526:PHE:N	0.87	0.92
1:A:98:MET:CE	1:A:223:VAL:C	2.38	0.92
1:A:147:ILE:CD1	1:A:497:MET:CE	2.47	0.91
1:A:128:TRP:CE2	1:A:579:THR:OG1	2.22	0.91
1:A:547:TYR:CE1	1:A:548:GLN:O	2.24	0.91
1:A:322:VAL:HG11	1:A:324:TRP:HE1	1.18	0.91
1:A:324:TRP:CZ2	1:A:421:VAL:HG21	2.04	0.91
1:A:381:GLN:O	1:A:382:HIS:CG	2.24	0.91
1:A:128:TRP:CE2	1:A:132:CYS:SG	2.64	0.91
1:A:85:ARG:NE	1:A:237:MET:HG3	1.86	0.90
1:A:357:LYS:HD2	1:A:357:LYS:N	1.86	0.90
1:A:401:THR:O	1:A:403:PHE:N	2.04	0.90
1:A:385:ASN:CG	1:A:573:GLN:HE21	1.75	0.90
1:A:357:LYS:CG	1:A:372:GLY:HA3	2.03	0.89
1:A:324:TRP:CZ2	1:A:421:VAL:HG22	2.08	0.89
1:A:159:ASP:HB3	1:A:165:ILE:H	1.36	0.89
1:A:136:SER:O	1:A:279:LEU:CB	2.21	0.89
1:A:413:PHE:HZ	1:A:415:GLN:NE2	1.66	0.89
1:A:182:SER:C	1:A:184:ASN:H	1.70	0.89
1:A:318:THR:HG22	1:A:320:MET:H	1.37	0.88
1:A:190:PRO:O	1:A:193:ASN:HB2	1.71	0.88
1:A:344:ASP:CB	1:A:345:PHE:N	2.35	0.88
1:A:547:TYR:O	1:A:548:GLN:OE1	1.91	0.88
1:A:370:ALA:C	1:A:372:GLY:H	1.76	0.88
1:A:274:THR:HG22	1:A:489:CYS:HA	1.53	0.88
1:A:360:ALA:O	1:A:361:ASP:O	1.90	0.88
1:A:419:LEU:O	1:A:419:LEU:CG	2.15	0.88
1:A:309:THR:O	1:A:314:ARG:HD2	1.73	0.88
2:B:10:DC:O3'	2:B:11:DA:H5'	1.74	0.88
1:A:158:GLN:O	1:A:159:ASP:HB3	1.73	0.87
2:B:8:DA:O4'	2:B:10:DC:H1'	1.74	0.87
1:A:564:TRP:HZ2	1:A:577:LEU:HD21	1.38	0.87
2:B:10:DC:O3'	2:B:10:DC:OP1	1.91	0.87
1:A:362:VAL:HG13	1:A:366:MET:HA	0.92	0.87
1:A:386:TRP:CZ3	1:A:570:GLY:O	2.27	0.87
1:A:98:MET:HE1	1:A:223:VAL:C	1.95	0.87
1:A:344:ASP:C	1:A:345:PHE:CB	2.42	0.87
1:A:344:ASP:O	1:A:345:PHE:HD1	1.29	0.87
3:C:15:DA:H4'	3:C:16:DA:OP1	1.74	0.87
1:A:280:THR:CG2	1:A:583:ALA:O	2.23	0.87

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:357:LYS:H	1:A:357:LYS:HD3	1.39	0.86
1:A:357:LYS:HG2	1:A:372:GLY:HA3	1.55	0.86
1:A:434:PRO:O	1:A:435:ILE:HD13	1.74	0.86
1:A:386:TRP:HZ3	1:A:570:GLY:O	1.58	0.86
1:A:362:VAL:HG22	1:A:368:ARG:N	1.91	0.86
1:A:52:HIS:CD2	2:B:7:DC:O4'	2.27	0.86
1:A:362:VAL:HG21	1:A:368:ARG:CA	2.05	0.86
1:A:106:GLN:HE21	1:A:212:ARG:HB2	1.41	0.86
1:A:338:PHE:HB2	1:A:449:SER:O	1.75	0.86
1:A:318:THR:HG21	1:A:329:ILE:CG2	2.07	0.85
1:A:509:TYR:HD1	1:A:516:LEU:HD12	0.69	0.85
1:A:421:VAL:HB	1:A:422:PRO:CD	2.07	0.85
1:A:182:SER:O	1:A:184:ASN:N	2.09	0.85
1:A:558:TYR:O	1:A:563:LYS:CE	2.24	0.85
1:A:68:THR:HG22	1:A:528:LYS:HG3	1.56	0.85
1:A:344:ASP:O	1:A:345:PHE:CA	2.19	0.84
1:A:217:VAL:O	1:A:218:ASP:HB2	1.75	0.84
1:A:483:ILE:N	1:A:484:THR:N	2.25	0.84
1:A:117:ASN:OD1	1:A:468:ILE:HB	1.78	0.84
1:A:580:ARG:H	1:A:581:PRO:HD3	1.38	0.84
1:A:176:MET:HE1	1:A:525:PHE:CG	2.12	0.84
1:A:47:TYR:HA	1:A:68:THR:HG21	1.60	0.84
1:A:66:LEU:HA	1:A:529:GLY:O	1.78	0.84
2:B:2:DC:H4'	2:B:3:DA:OP1	1.78	0.84
2:B:9:DA:O3'	2:B:10:DC:H4'	1.76	0.83
1:A:191:ALA:HB1	1:A:196:GLU:O	1.78	0.83
1:A:228:GLN:HG3	1:A:229:GLU:N	1.91	0.83
1:A:128:TRP:CZ2	1:A:579:THR:OG1	2.30	0.83
2:B:2:DC:H2'	2:B:2:DC:O2	1.79	0.83
1:A:85:ARG:CZ	1:A:237:MET:HG3	2.09	0.83
1:A:113:LEU:CD2	1:A:114:VAL:N	2.42	0.83
1:A:270:TYR:HE2	1:A:494:PRO:HG3	1.43	0.83
1:A:118:ALA:O	1:A:122:TRP:HD1	1.61	0.82
1:A:483:ILE:CA	1:A:484:THR:N	2.41	0.82
1:A:280:THR:HG22	1:A:584:ARG:HB2	1.61	0.82
1:A:318:THR:HG23	1:A:329:ILE:CG2	2.02	0.82
1:A:159:ASP:O	1:A:159:ASP:OD1	1.97	0.82
1:A:340:GLN:NE2	1:A:358:VAL:HG22	1.94	0.82
1:A:133:ASN:ND2	1:A:549:VAL:HB	1.95	0.81
1:A:151:VAL:HB	1:A:524:THR:OG1	1.81	0.81
1:A:68:THR:HA	1:A:527:TRP:O	1.79	0.81

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:402:ASN:O	1:A:403:PHE:O	1.99	0.81
1:A:580:ARG:N	1:A:581:PRO:HD3	1.94	0.81
1:A:270:TYR:HE2	1:A:494:PRO:CG	1.92	0.81
1:A:85:ARG:CZ	1:A:237:MET:CG	2.59	0.81
1:A:48:ASP:HB2	1:A:528:LYS:CE	2.06	0.81
1:A:289:LEU:HD22	1:A:587:TYR:HB3	1.19	0.81
1:A:87:HIS:HD2	1:A:237:MET:SD	2.04	0.81
1:A:196:GLU:CD	1:A:212:ARG:HH22	1.84	0.81
1:A:85:ARG:HH21	1:A:237:MET:HG2	0.65	0.81
1:A:552:GLU:O	1:A:553:ASP:O	1.99	0.80
1:A:68:THR:HG22	1:A:528:LYS:CG	2.11	0.80
1:A:483:ILE:C	1:A:484:THR:CA	2.50	0.80
1:A:385:ASN:OD1	1:A:573:GLN:NE2	2.15	0.80
1:A:344:ASP:C	1:A:345:PHE:N	0.74	0.79
1:A:85:ARG:HE	1:A:237:MET:HG3	1.47	0.79
1:A:270:TYR:HE2	1:A:494:PRO:CD	1.96	0.79
1:A:109:THR:OG1	1:A:211:TYR:O	2.00	0.79
1:A:390:GLY:O	1:A:392:ALA:N	2.15	0.79
1:A:320:MET:HG2	1:A:419:LEU:HD22	1.62	0.79
1:A:141:VAL:O	1:A:272:PHE:CD2	2.35	0.78
1:A:509:TYR:CE2	1:A:511:PRO:HG3	2.17	0.78
1:A:378:TYR:CZ	1:A:465:GLN:NE2	2.49	0.78
1:A:361:ASP:O	1:A:371:ASN:CB	2.32	0.78
1:A:113:LEU:HD23	1:A:114:VAL:CA	2.13	0.78
1:A:526:PHE:CA	1:A:527:TRP:N	2.45	0.78
1:A:68:THR:CG2	1:A:528:LYS:HG3	2.13	0.78
1:A:113:LEU:O	1:A:208:ALA:HB1	1.84	0.78
1:A:158:GLN:O	1:A:159:ASP:CB	2.32	0.78
1:A:119:TRP:CD1	1:A:467:GLN:O	2.37	0.78
1:A:386:TRP:O	1:A:571:ASN:OD1	2.02	0.78
1:A:385:ASN:C	1:A:387:ALA:N	2.37	0.77
1:A:418:PRO:O	1:A:420:VAL:N	2.17	0.77
1:A:94:VAL:HG21	1:A:97:ASN:HD22	1.50	0.77
1:A:281:HIS:CE1	1:A:582:VAL:H	2.01	0.77
1:A:141:VAL:HG12	1:A:142:SER:H	1.46	0.77
1:A:158:GLN:O	1:A:165:ILE:O	2.03	0.77
1:A:362:VAL:HG22	1:A:368:ARG:H	1.47	0.77
1:A:142:SER:N	1:A:532:THR:OG1	2.19	0.76
1:A:124:GLN:HB3	1:A:125:PRO:HD2	1.67	0.76
1:A:322:VAL:HG12	1:A:323:ASN:H	1.49	0.76
1:A:362:VAL:CG2	1:A:368:ARG:CA	2.61	0.76

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
2:B:10:DC:H2'	2:B:10:DC:O2	1.84	0.76
1:A:164:ALA:O	1:A:165:ILE:HD13	1.86	0.76
1:A:415:GLN:OE1	1:A:419:LEU:HD11	1.85	0.75
1:A:47:TYR:CD2	1:A:68:THR:OG1	2.38	0.75
1:A:564:TRP:CZ2	1:A:577:LEU:HD21	2.22	0.75
1:A:280:THR:CG2	1:A:584:ARG:HB2	2.16	0.75
1:A:142:SER:OG	1:A:532:THR:CG2	2.34	0.75
1:A:118:ALA:O	1:A:122:TRP:CD1	2.38	0.75
1:A:289:LEU:CD2	1:A:587:TYR:HB2	1.99	0.75
3:C:16:DA:H2''	3:C:17:DA:C5'	2.17	0.75
1:A:92:THR:CG2	1:A:235:ASN:HD21	1.97	0.75
1:A:381:GLN:O	1:A:382:HIS:CD2	2.39	0.75
1:A:322:VAL:HG12	1:A:323:ASN:N	2.01	0.75
1:A:69:ARG:HH11	1:A:121:VAL:HG13	1.50	0.75
1:A:163:GLN:O	1:A:164:ALA:HB2	1.87	0.75
1:A:111:TRP:CG	1:A:250:ILE:CD1	2.67	0.75
1:A:352:PRO:C	1:A:353:PHE:CA	2.54	0.75
1:A:130:TYR:HD1	1:A:130:TYR:O	1.70	0.74
1:A:363:THR:CG2	1:A:408:ASP:HB2	2.12	0.74
1:A:418:PRO:O	1:A:420:VAL:HG13	1.88	0.74
1:A:105:GLU:HB2	1:A:217:VAL:HG13	1.68	0.74
1:A:286:ASN:ND2	1:A:336:VAL:H	1.85	0.74
1:A:558:TYR:HA	1:A:563:LYS:HZ1	0.57	0.74
1:A:284:GLN:HB2	1:A:586:THR:HB	1.69	0.73
1:A:132:CYS:SG	1:A:579:THR:CG2	2.76	0.73
1:A:182:SER:C	1:A:184:ASN:N	2.37	0.73
1:A:284:GLN:OE1	1:A:587:TYR:N	2.22	0.73
1:A:571:ASN:O	1:A:572:MET:HG2	1.87	0.73
1:A:491:ASN:O	1:A:492:ASN:O	2.06	0.73
1:A:303:THR:O	1:A:303:THR:OG1	2.05	0.73
1:A:378:TYR:HE1	1:A:465:GLN:NE2	1.81	0.73
1:A:293:PRO:HB2	1:A:308:LEU:CD1	2.16	0.73
1:A:293:PRO:HG2	1:A:308:LEU:HD11	1.71	0.73
1:A:343:ASN:O	1:A:345:PHE:HD1	1.72	0.73
1:A:177:MET:HB3	1:A:256:ILE:CG2	2.18	0.73
1:A:277:VAL:CG2	1:A:487:PHE:CZ	2.72	0.72
3:C:16:DA:H2''	3:C:17:DA:H5'	1.67	0.72
1:A:558:TYR:HA	1:A:563:LYS:HZ3	1.53	0.72
1:A:411:ASP:C	1:A:412:GLY:O	2.23	0.72
1:A:223:VAL:C	1:A:224:THR:HG23	2.09	0.72
1:A:217:VAL:HG23	1:A:218:ASP:N	2.03	0.72

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:70:LEU:HD23	1:A:205:PRO:HB3	1.70	0.72
1:A:386:TRP:HB3	1:A:571:ASN:HB3	1.71	0.72
1:A:239:THR:HG22	1:A:240:PRO:HD2	0.82	0.72
1:A:295:LEU:HD23	1:A:308:LEU:CD2	2.20	0.72
1:A:277:VAL:HG23	1:A:487:PHE:HE1	1.47	0.72
1:A:362:VAL:CG2	1:A:368:ARG:N	2.52	0.72
1:A:57:GLY:O	1:A:58:ASP:HB2	1.88	0.72
1:A:332:ARG:HB3	1:A:333:PRO:HD2	1.72	0.71
1:A:367:ASP:OD2	1:A:409:THR:HB	1.91	0.71
1:A:216:CYS:SG	1:A:244:ASN:HB2	2.30	0.71
1:A:117:ASN:ND2	1:A:469:TRP:O	2.16	0.71
1:A:106:GLN:HE21	1:A:212:ARG:CB	2.04	0.71
1:A:277:VAL:HG21	1:A:487:PHE:CZ	2.26	0.70
1:A:159:ASP:HB3	1:A:165:ILE:N	2.07	0.70
1:A:233:GLU:HB3	1:A:234:HIS:ND1	2.07	0.70
1:A:132:CYS:SG	1:A:579:THR:HG23	2.31	0.70
2:B:8:DA:C1'	2:B:10:DC:H1'	2.22	0.69
1:A:61:VAL:CG2	1:A:135:MET:HE1	2.15	0.69
1:A:48:ASP:H	1:A:68:THR:CG2	2.05	0.69
1:A:159:ASP:OD1	1:A:164:ALA:HA	1.92	0.69
1:A:293:PRO:CB	1:A:308:LEU:CD1	2.70	0.69
1:A:85:ARG:NH2	1:A:237:MET:CB	2.54	0.69
1:A:348:SER:H	1:A:351:GLY:HA2	1.58	0.69
1:A:525:PHE:C	1:A:526:PHE:C	2.51	0.69
1:A:94:VAL:HG21	1:A:97:ASN:HB2	1.74	0.69
1:A:280:THR:HG21	1:A:584:ARG:HG3	1.73	0.69
1:A:143:LEU:HA	1:A:530:LYS:O	1.91	0.69
1:A:324:TRP:CZ3	1:A:329:ILE:HD11	2.28	0.69
1:A:163:GLN:O	1:A:164:ALA:CB	2.40	0.69
1:A:270:TYR:CE2	1:A:494:PRO:CG	2.71	0.68
1:A:58:ASP:O	1:A:60:TRP:CD1	2.46	0.68
1:A:119:TRP:HB2	1:A:463:TYR:O	1.93	0.68
3:C:16:DA:C2'	3:C:17:DA:C5'	2.71	0.68
1:A:264:GLU:HG3	1:A:264:GLU:O	1.92	0.68
1:A:332:ARG:HB3	1:A:333:PRO:CD	2.24	0.68
1:A:142:SER:HG	1:A:532:THR:CB	2.06	0.68
1:A:308:LEU:HD12	1:A:314:ARG:NH2	2.09	0.68
1:A:546:VAL:HG21	1:A:582:VAL:HG13	1.76	0.68
1:A:464:PRO:HG2	1:A:576:PRO:HA	1.76	0.68
1:A:525:PHE:O	1:A:526:PHE:CA	2.30	0.68
1:A:511:PRO:C	1:A:513:GLY:H	1.97	0.67

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:386:TRP:CE3	1:A:571:ASN:CA	2.52	0.67
1:A:283:TRP:O	1:A:283:TRP:HE3	1.78	0.67
1:A:330:ARG:HD3	1:A:332:ARG:NH1	2.09	0.67
2:B:3:DA:C5'	2:B:9:DA:H5''	2.11	0.67
1:A:134:THR:O	1:A:538:ARG:HG2	1.95	0.67
1:A:52:HIS:CD2	2:B:7:DC:C4'	2.78	0.67
1:A:324:TRP:CH2	1:A:421:VAL:HG22	2.30	0.67
1:A:361:ASP:O	1:A:371:ASN:HB3	1.95	0.66
1:A:387:ALA:HB2	1:A:571:ASN:CG	2.16	0.66
1:A:187:PRO:HD2	1:A:211:TYR:OH	1.96	0.66
1:A:558:TYR:OH	1:A:575:VAL:HG12	1.94	0.66
1:A:359:PRO:HB2	1:A:400:GLU:HG3	1.76	0.66
1:A:95:LYS:O	1:A:224:THR:O	2.14	0.66
1:A:85:ARG:HB2	1:A:105:GLU:HG2	1.78	0.66
1:A:105:GLU:CG	1:A:217:VAL:CG1	2.73	0.66
1:A:270:TYR:CD2	1:A:494:PRO:HG3	2.30	0.66
2:B:2:DC:O2	2:B:2:DC:C2'	2.42	0.66
1:A:555:GLY:C	1:A:556:ASN:ND2	2.50	0.66
1:A:85:ARG:HH21	1:A:237:MET:CB	2.08	0.65
1:A:113:LEU:HD23	1:A:114:VAL:C	2.16	0.65
1:A:196:GLU:OE1	1:A:212:ARG:NH2	2.29	0.65
1:A:451:GLY:C	1:A:453:LEU:H	1.98	0.65
1:A:94:VAL:C	1:A:95:LYS:HG2	2.15	0.65
1:A:432:ALA:HA	1:A:442:HIS:NE2	2.10	0.65
1:A:428:ILE:CG2	1:A:429:LEU:N	2.60	0.65
1:A:558:TYR:O	1:A:563:LYS:HD2	1.97	0.65
1:A:47:TYR:CE2	1:A:68:THR:OG1	2.48	0.65
1:A:69:ARG:NH1	1:A:121:VAL:HG13	2.11	0.65
1:A:105:GLU:HG3	1:A:217:VAL:CG1	2.26	0.65
1:A:367:ASP:C	1:A:369:GLU:H	1.95	0.65
1:A:386:TRP:HE3	1:A:571:ASN:C	1.99	0.65
1:A:281:HIS:CE1	1:A:582:VAL:N	2.65	0.65
1:A:52:HIS:HD2	2:B:7:DC:O4'	1.78	0.65
1:A:182:SER:HA	1:A:495:GLY:HA3	1.79	0.65
1:A:569:THR:OG1	1:A:570:GLY:N	2.30	0.64
1:A:374:VAL:O	1:A:375:ARG:HB2	1.97	0.64
1:A:94:VAL:CG2	1:A:97:ASN:HB2	2.27	0.64
1:A:367:ASP:OD2	1:A:409:THR:CB	2.46	0.64
1:A:86:VAL:O	1:A:103:ALA:HA	1.97	0.64
1:A:141:VAL:CG1	1:A:142:SER:N	2.52	0.64
1:A:363:THR:HG21	1:A:408:ASP:CG	2.18	0.64

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:153:LYS:HE2	1:A:170:ASN:OD1	1.98	0.64
1:A:115:ASP:O	1:A:198:LEU:HD13	1.98	0.64
1:A:340:GLN:HE21	1:A:358:VAL:HG22	1.63	0.64
1:A:558:TYR:O	1:A:563:LYS:CD	2.46	0.64
1:A:45:GLY:HA3	1:A:148:PHE:CG	2.33	0.64
1:A:227:ASN:C	1:A:228:GLN:O	2.36	0.63
1:A:118:ALA:O	1:A:468:ILE:HD11	1.98	0.63
1:A:554:ASN:ND2	1:A:562:THR:HG21	2.14	0.63
1:A:105:GLU:HG3	1:A:217:VAL:HG12	1.79	0.63
1:A:310:ALA:HB3	1:A:313:SER:HB3	1.81	0.63
1:A:92:THR:CG2	1:A:235:ASN:ND2	2.56	0.63
1:A:47:TYR:CE2	1:A:68:THR:O	2.50	0.63
1:A:62:GLU:OE2	1:A:534:ARG:NE	2.31	0.63
1:A:200:PHE:O	1:A:202:PRO:HD3	1.97	0.63
1:A:280:THR:HG21	1:A:584:ARG:CG	2.28	0.63
1:A:283:TRP:O	1:A:283:TRP:CE3	2.51	0.63
1:A:363:THR:C	1:A:365:GLY:H	2.01	0.62
1:A:318:THR:HG21	1:A:329:ILE:HG21	1.81	0.62
1:A:362:VAL:HG12	1:A:362:VAL:O	1.94	0.62
1:A:362:VAL:O	1:A:366:MET:HA	1.99	0.62
1:A:381:GLN:C	1:A:382:HIS:CG	2.71	0.62
1:A:295:LEU:HD23	1:A:308:LEU:HD23	1.81	0.62
1:A:300:GLU:O	1:A:301:ALA:HB2	1.99	0.62
1:A:584:ARG:O	1:A:585:ASN:C	2.38	0.62
1:A:130:TYR:CD1	1:A:130:TYR:O	2.51	0.62
1:A:458:HIS:HE1	1:A:486:PRO:O	1.81	0.62
1:A:324:TRP:HZ2	1:A:421:VAL:HG23	1.64	0.62
1:A:141:VAL:CG1	1:A:142:SER:H	2.07	0.62
1:A:217:VAL:O	1:A:218:ASP:CB	2.46	0.62
1:A:129:GLN:O	1:A:133:ASN:CB	2.20	0.62
1:A:360:ALA:HB1	1:A:406:GLY:HA2	1.81	0.62
1:A:370:ALA:C	1:A:372:GLY:N	2.38	0.62
1:A:68:THR:HG22	1:A:528:LYS:CB	2.30	0.62
1:A:402:ASN:O	1:A:405:SER:HB3	1.98	0.62
1:A:381:GLN:C	1:A:382:HIS:CD2	2.73	0.62
1:A:341:PRO:HG3	1:A:447:PHE:O	2.00	0.61
1:A:322:VAL:CG1	1:A:323:ASN:H	2.12	0.61
1:A:87:HIS:ND1	1:A:89:THR:HG23	2.15	0.61
1:A:129:GLN:HG3	1:A:133:ASN:HD22	1.63	0.61
1:A:94:VAL:O	1:A:95:LYS:HG3	1.95	0.61
1:A:431:ASN:HD22	1:A:442:HIS:CD2	2.18	0.61

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:377:SER:OG	1:A:395:ARG:HD2	2.01	0.61
1:A:142:SER:OG	1:A:532:THR:HG21	1.99	0.61
1:A:239:THR:CG2	1:A:240:PRO:CD	2.51	0.61
1:A:228:GLN:HG3	1:A:229:GLU:H	1.63	0.61
1:A:79:GLU:CG	1:A:518:ARG:NH1	2.64	0.61
1:A:395:ARG:HD3	1:A:395:ARG:N	2.16	0.61
1:A:95:LYS:O	1:A:224:THR:OG1	2.17	0.61
1:A:85:ARG:HE	1:A:237:MET:CG	2.14	0.61
1:A:111:TRP:HE1	1:A:251:GLU:CD	1.98	0.60
1:A:304:ASP:OD1	1:A:304:ASP:N	2.34	0.60
1:A:138:LEU:HG	1:A:139:ASN:N	2.17	0.60
1:A:544:ASN:C	1:A:545:PRO:O	2.39	0.60
1:A:509:TYR:HA	1:A:516:LEU:HD11	1.83	0.60
1:A:88:ASN:OD1	1:A:88:ASN:O	2.19	0.60
1:A:467:GLN:HG2	1:A:468:ILE:H	1.66	0.60
1:A:324:TRP:CH2	1:A:421:VAL:CG2	2.83	0.60
1:A:249:THR:HB	1:A:252:ASN:HB2	1.83	0.60
1:A:53:TYR:CE1	1:A:63:ILE:HG12	2.36	0.60
1:A:436:GLY:O	1:A:437:THR:CB	2.49	0.60
1:A:571:ASN:C	1:A:572:MET:HG2	2.21	0.60
1:A:493:ALA:HB1	1:A:494:PRO:CD	2.32	0.60
1:A:111:TRP:CD1	1:A:250:ILE:CD1	2.63	0.60
1:A:267:THR:HG22	1:A:268:GLY:H	1.67	0.60
1:A:561:VAL:C	1:A:563:LYS:H	2.05	0.59
1:A:287:ARG:HA	1:A:332:ARG:HH21	1.66	0.59
1:A:49:ASN:ND2	1:A:67:ALA:HA	2.16	0.59
1:A:178:VAL:HG21	1:A:259:LEU:HD12	1.83	0.59
1:A:385:ASN:CG	1:A:573:GLN:NE2	2.53	0.59
1:A:303:THR:C	1:A:304:ASP:OD1	2.41	0.59
1:A:465:GLN:O	1:A:466:GLY:C	2.41	0.59
1:A:219:ARG:C	1:A:220:ASP:OD1	2.41	0.59
1:A:361:ASP:HB2	1:A:403:PHE:HA	1.85	0.59
1:A:187:PRO:HG2	1:A:213:TYR:HB2	1.85	0.59
1:A:462:VAL:O	1:A:463:TYR:O	2.21	0.59
1:A:320:MET:CG	1:A:419:LEU:HD22	2.32	0.58
1:A:177:MET:HB3	1:A:256:ILE:HG21	1.82	0.58
1:A:206:THR:OG1	1:A:207:ILE:N	2.36	0.58
1:A:48:ASP:H	1:A:68:THR:HG23	1.68	0.58
1:A:147:ILE:CD1	1:A:497:MET:HE2	2.12	0.58
1:A:286:ASN:O	1:A:332:ARG:NE	2.37	0.58
1:A:98:MET:HE1	1:A:223:VAL:CA	2.12	0.58

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:308:LEU:CD1	1:A:314:ARG:NH2	2.66	0.58
1:A:142:SER:N	1:A:532:THR:HG1	2.00	0.58
1:A:380:LYS:C	1:A:382:HIS:H	2.07	0.58
1:A:51:THR:CG2	1:A:127:ASP:OD2	2.43	0.58
1:A:324:TRP:CH2	1:A:329:ILE:HD11	2.39	0.58
1:A:129:GLN:HG3	1:A:133:ASN:ND2	2.18	0.58
1:A:141:VAL:HB	1:A:532:THR:OG1	2.04	0.58
1:A:342:HIS:O	1:A:343:ASN:HB2	2.03	0.58
1:A:464:PRO:HD2	1:A:576:PRO:HA	1.85	0.58
1:A:509:TYR:CG	1:A:516:LEU:HD11	2.39	0.58
1:A:178:VAL:HG11	1:A:265:PHE:CD2	2.39	0.58
1:A:558:TYR:CZ	1:A:575:VAL:CG1	2.87	0.58
1:A:48:ASP:H	1:A:68:THR:HG21	1.69	0.58
1:A:79:GLU:OE2	1:A:518:ARG:HD3	2.03	0.58
1:A:79:GLU:CD	1:A:518:ARG:NH1	2.56	0.58
1:A:90:THR:O	1:A:91:ASP:OD1	2.21	0.57
1:A:85:ARG:NE	1:A:237:MET:CG	2.62	0.57
1:A:174:ALA:CA	1:A:175:CYS:N	2.64	0.57
1:A:373:SER:OG	1:A:399:ASP:OD1	2.22	0.57
1:A:67:ALA:O	1:A:528:LYS:HA	2.03	0.57
1:A:509:TYR:CD2	1:A:509:TYR:O	2.57	0.57
1:A:493:ALA:HB1	1:A:494:PRO:HD2	1.86	0.57
1:A:274:THR:CG2	1:A:489:CYS:HA	2.33	0.57
1:A:147:ILE:HD11	1:A:497:MET:HE1	1.76	0.57
1:A:322:VAL:CG1	1:A:323:ASN:N	2.68	0.57
1:A:385:ASN:ND2	1:A:573:GLN:NE2	2.53	0.57
1:A:85:ARG:NH2	1:A:237:MET:HB2	2.19	0.57
1:A:352:PRO:CB	1:A:353:PHE:N	2.64	0.57
1:A:278:LYS:HD2	1:A:584:ARG:NH1	2.20	0.57
1:A:340:GLN:HE22	1:A:358:VAL:H	1.52	0.57
1:A:401:THR:C	1:A:403:PHE:H	2.05	0.57
1:A:105:GLU:CG	1:A:217:VAL:HG11	2.34	0.57
1:A:462:VAL:O	1:A:463:TYR:C	2.43	0.56
1:A:359:PRO:CB	1:A:400:GLU:HG3	2.34	0.56
1:A:142:SER:HG	1:A:532:THR:CG2	2.16	0.56
1:A:438:LYS:HB2	1:A:441:ILE:HB	1.86	0.56
1:A:98:MET:C	1:A:100:LYS:H	2.08	0.56
1:A:420:VAL:O	1:A:420:VAL:HG23	2.05	0.56
1:A:174:ALA:C	1:A:175:CYS:CA	2.71	0.56
1:A:126:SER:O	1:A:129:GLN:HB3	2.06	0.56
1:A:301:ALA:O	1:A:302:ASP:C	2.44	0.56

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:399:ASP:O	1:A:400:GLU:O	2.24	0.56
1:A:234:HIS:ND1	1:A:234:HIS:N	2.53	0.56
1:A:105:GLU:CG	1:A:217:VAL:HG12	2.36	0.56
1:A:59:GLY:O	1:A:536:LYS:HA	2.04	0.56
1:A:431:ASN:C	1:A:431:ASN:HD22	1.98	0.56
1:A:270:TYR:OH	1:A:493:ALA:HA	2.06	0.56
1:A:463:TYR:CD2	1:A:464:PRO:CD	2.66	0.56
3:C:16:DA:H2''	3:C:17:DA:O5'	2.05	0.56
1:A:547:TYR:CD1	1:A:548:GLN:O	2.57	0.56
1:A:471:LYS:HG2	1:A:472:GLU:H	1.70	0.56
1:A:343:ASN:O	1:A:344:ASP:O	2.23	0.56
1:A:396:TYR:CE1	1:A:558:TYR:CE1	2.94	0.56
1:A:320:MET:HG2	1:A:419:LEU:CD2	2.36	0.56
1:A:98:MET:CE	1:A:223:VAL:CG1	2.83	0.56
1:A:458:HIS:CE1	1:A:486:PRO:O	2.58	0.56
1:A:352:PRO:C	1:A:353:PHE:HB3	2.27	0.56
1:A:386:TRP:CB	1:A:572:MET:H	2.18	0.56
1:A:430:THR:H	1:A:433:ASN:HD22	1.54	0.56
1:A:536:LYS:HG3	1:A:537:LEU:N	2.22	0.55
1:A:380:LYS:HA	1:A:383:GLY:O	2.06	0.55
1:A:94:VAL:O	1:A:95:LYS:CB	2.50	0.55
1:A:191:ALA:CB	1:A:196:GLU:O	2.53	0.55
1:A:275:ASN:HD21	1:A:490:LYS:HE2	1.71	0.55
1:A:47:TYR:CG	1:A:68:THR:OG1	2.58	0.55
1:A:501:LEU:HD11	1:A:522:TYR:HA	1.88	0.55
1:A:270:TYR:CE2	1:A:494:PRO:CD	2.85	0.55
1:A:349:ARG:C	1:A:351:GLY:H	2.10	0.55
1:A:471:LYS:O	1:A:488:VAL:HG13	2.07	0.55
1:A:94:VAL:HG21	1:A:97:ASN:ND2	2.19	0.55
1:A:159:ASP:O	1:A:159:ASP:CG	2.44	0.55
1:A:111:TRP:CH2	1:A:177:MET:HB2	2.41	0.55
1:A:338:PHE:CZ	1:A:340:GLN:HG2	2.41	0.55
1:A:287:ARG:C	1:A:288:GLN:HG3	2.26	0.54
1:A:579:THR:O	1:A:580:ARG:CB	2.54	0.54
1:A:113:LEU:HD23	1:A:114:VAL:H	1.66	0.54
1:A:416:SER:O	1:A:417:ALA:O	2.25	0.54
1:A:417:ALA:O	1:A:419:LEU:N	2.40	0.54
1:A:567:THR:O	1:A:568:ALA:C	2.46	0.54
2:B:9:DA:H2''	2:B:10:DC:OP2	2.08	0.54
1:A:409:THR:HG22	1:A:409:THR:O	2.07	0.54
2:B:4:DC:H3'	2:B:5:DC:H5'	1.88	0.54

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:491:ASN:C	1:A:492:ASN:O	2.43	0.54
1:A:342:HIS:HB3	1:A:370:ALA:HA	1.89	0.54
1:A:353:PHE:CD1	1:A:353:PHE:O	2.61	0.54
1:A:555:GLY:O	1:A:556:ASN:ND2	2.40	0.54
1:A:53:TYR:O	2:B:7:DC:N3	2.40	0.54
1:A:464:PRO:HG2	1:A:576:PRO:CA	2.37	0.54
1:A:98:MET:HE1	1:A:223:VAL:HG12	1.90	0.54
1:A:463:TYR:CG	1:A:464:PRO:N	2.74	0.53
1:A:69:ARG:HH21	1:A:202:PRO:CB	2.20	0.53
1:A:69:ARG:HH21	1:A:202:PRO:CA	2.22	0.53
1:A:144:ASP:HB3	1:A:530:LYS:HB3	1.90	0.53
1:A:361:ASP:O	1:A:371:ASN:CG	2.46	0.53
1:A:49:ASN:HD22	1:A:68:THR:H	1.56	0.53
1:A:279:LEU:HD22	1:A:579:THR:CG2	2.39	0.53
1:A:293:PRO:CG	1:A:308:LEU:CD1	2.87	0.53
1:A:322:VAL:HG13	1:A:324:TRP:HE1	1.66	0.53
1:A:336:VAL:O	1:A:407:ARG:CZ	2.54	0.53
1:A:363:THR:HG22	1:A:364:GLN:N	2.22	0.53
1:A:68:THR:HA	1:A:528:LYS:HA	1.90	0.53
1:A:106:GLN:CG	1:A:107:ILE:N	2.72	0.53
1:A:275:ASN:ND2	1:A:490:LYS:HE2	2.23	0.53
1:A:386:TRP:CE3	1:A:571:ASN:C	2.82	0.53
1:A:543:TRP:C	1:A:543:TRP:CD1	2.82	0.53
1:A:61:VAL:HG11	1:A:135:MET:HE3	1.90	0.53
1:A:194:SER:O	1:A:196:GLU:HG3	2.09	0.53
1:A:401:THR:O	1:A:403:PHE:CD2	2.62	0.53
1:A:547:TYR:C	1:A:548:GLN:HG2	2.28	0.53
1:A:68:THR:CA	1:A:527:TRP:O	2.53	0.53
1:A:561:VAL:HG12	1:A:562:THR:N	2.24	0.53
1:A:385:ASN:O	1:A:387:ALA:CA	2.53	0.53
1:A:241:LYS:C	1:A:243:MET:N	2.53	0.53
1:A:401:THR:O	1:A:403:PHE:CG	2.61	0.52
1:A:561:VAL:O	1:A:562:THR:C	2.44	0.52
1:A:374:VAL:HG11	1:A:376:TYR:CE1	2.44	0.52
1:A:293:PRO:CG	1:A:308:LEU:HD11	2.39	0.52
1:A:61:VAL:HG11	1:A:135:MET:CE	2.39	0.52
1:A:67:ALA:O	1:A:529:GLY:N	2.41	0.52
1:A:204:LYS:HE2	1:A:386:TRP:CZ2	2.45	0.52
1:A:428:ILE:HG22	1:A:429:LEU:N	2.25	0.52
2:B:9:DA:H2'	2:B:9:DA:N3	2.25	0.52
1:A:106:GLN:HG2	1:A:107:ILE:N	2.24	0.52

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:336:VAL:HG11	1:A:404:GLY:O	2.10	0.52
1:A:113:LEU:HD23	1:A:113:LEU:C	2.26	0.52
1:A:387:ALA:HB2	1:A:571:ASN:ND2	2.24	0.52
1:A:128:TRP:CD2	1:A:132:CYS:SG	3.02	0.52
1:A:264:GLU:O	1:A:264:GLU:CG	2.57	0.52
1:A:578:ILE:HG22	1:A:581:PRO:HD3	1.92	0.52
1:A:357:LYS:HG3	1:A:372:GLY:HA3	1.89	0.52
1:A:379:GLY:O	1:A:381:GLN:N	2.42	0.52
2:B:9:DA:N3	2:B:9:DA:C2'	2.73	0.52
1:A:560:SER:O	1:A:563:LYS:HB2	2.10	0.51
1:A:95:LYS:O	1:A:224:THR:C	2.48	0.51
1:A:451:GLY:C	1:A:453:LEU:N	2.64	0.51
1:A:57:GLY:O	1:A:58:ASP:CB	2.58	0.51
1:A:90:THR:C	1:A:91:ASP:OD1	2.48	0.51
1:A:286:ASN:ND2	1:A:336:VAL:HG23	2.25	0.51
1:A:284:GLN:CD	1:A:587:TYR:H	2.14	0.51
1:A:134:THR:O	1:A:538:ARG:CG	2.58	0.51
1:A:45:GLY:HA3	1:A:148:PHE:CD2	2.46	0.51
1:A:558:TYR:OH	1:A:575:VAL:CG1	2.59	0.51
1:A:463:TYR:CD1	1:A:463:TYR:C	2.77	0.51
1:A:555:GLY:O	1:A:556:ASN:CG	2.49	0.51
1:A:544:ASN:O	1:A:545:PRO:O	2.29	0.51
1:A:451:GLY:O	1:A:453:LEU:N	2.44	0.51
1:A:284:GLN:HB2	1:A:586:THR:CB	2.37	0.51
1:A:362:VAL:CG2	1:A:368:ARG:H	2.15	0.51
1:A:509:TYR:CE1	1:A:516:LEU:HG	2.45	0.51
1:A:475:LEU:O	1:A:478:LYS:HE2	2.11	0.51
1:A:324:TRP:CE3	1:A:324:TRP:O	2.64	0.50
1:A:384:GLU:O	1:A:386:TRP:N	2.36	0.50
1:A:124:GLN:C	1:A:463:TYR:OH	2.49	0.50
1:A:367:ASP:OD2	1:A:409:THR:OG1	2.29	0.50
1:A:40:VAL:HG11	1:A:172:LEU:HD13	1.92	0.50
1:A:552:GLU:C	1:A:553:ASP:O	2.50	0.50
1:A:429:LEU:HD12	1:A:433:ASN:HB2	1.92	0.50
2:B:4:DC:H2'	3:C:14:DC:H42	1.76	0.50
1:A:122:TRP:HD1	1:A:468:ILE:HD11	1.76	0.50
1:A:414:ILE:HD11	1:A:443:PHE:CE2	2.46	0.50
1:A:85:ARG:CZ	1:A:237:MET:HG2	2.29	0.50
1:A:55:PHE:CD1	1:A:61:VAL:HG22	2.47	0.50
1:A:124:GLN:HB3	1:A:125:PRO:CD	2.40	0.50
1:A:318:THR:HG22	1:A:320:MET:N	2.17	0.50

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:274:THR:HG22	1:A:489:CYS:CA	2.32	0.50
1:A:159:ASP:CB	1:A:165:ILE:N	2.75	0.50
1:A:373:SER:O	1:A:374:VAL:O	2.29	0.50
1:A:431:ASN:ND2	1:A:431:ASN:C	2.60	0.50
1:A:455:THR:O	1:A:456:PHE:HB3	2.12	0.50
1:A:550:SER:O	1:A:559:MET:HE2	2.12	0.50
1:A:511:PRO:C	1:A:513:GLY:N	2.63	0.49
1:A:94:VAL:HG21	1:A:97:ASN:CB	2.40	0.49
1:A:547:TYR:HE1	1:A:548:GLN:O	1.88	0.49
1:A:380:LYS:HA	1:A:384:GLU:HB2	1.94	0.49
1:A:113:LEU:CD2	1:A:114:VAL:C	2.79	0.49
1:A:360:ALA:O	1:A:361:ASP:C	2.51	0.49
1:A:336:VAL:HG12	1:A:405:SER:HA	1.95	0.49
1:A:561:VAL:O	1:A:563:LYS:CA	2.59	0.49
1:A:249:THR:O	1:A:252:ASN:HB2	2.13	0.49
1:A:270:TYR:CE2	1:A:494:PRO:N	2.81	0.49
1:A:401:THR:C	1:A:403:PHE:N	2.62	0.49
1:A:98:MET:HE2	1:A:223:VAL:HA	0.60	0.49
1:A:352:PRO:C	1:A:353:PHE:CB	2.81	0.49
1:A:77:LYS:O	1:A:518:ARG:NH2	2.46	0.49
1:A:280:THR:CG2	1:A:584:ARG:CB	2.88	0.49
1:A:320:MET:SD	1:A:419:LEU:HD22	2.53	0.48
1:A:386:TRP:CE3	1:A:572:MET:N	2.81	0.48
1:A:464:PRO:CG	1:A:576:PRO:HA	2.42	0.48
1:A:363:THR:C	1:A:365:GLY:N	2.67	0.48
1:A:180:VAL:HG21	1:A:265:PHE:CZ	2.48	0.48
1:A:425:LEU:C	1:A:427:GLY:H	2.16	0.48
1:A:176:MET:HE2	1:A:499:VAL:CG1	2.44	0.48
1:A:510:ASP:O	1:A:513:GLY:N	2.46	0.48
1:A:128:TRP:CZ2	1:A:132:CYS:SG	3.07	0.48
1:A:321:GLU:O	1:A:321:GLU:HG2	2.12	0.48
1:A:250:ILE:CD1	1:A:498:LEU:HD13	2.43	0.48
1:A:584:ARG:O	1:A:585:ASN:O	2.32	0.48
1:A:94:VAL:HG11	1:A:97:ASN:ND2	2.27	0.48
1:A:88:ASN:O	1:A:88:ASN:CG	2.52	0.48
1:A:506:THR:HG22	1:A:519:ILE:HG13	1.95	0.48
1:A:340:GLN:HE22	1:A:358:VAL:HG22	1.75	0.48
1:A:275:ASN:ND2	1:A:490:LYS:CE	2.77	0.48
1:A:443:PHE:O	1:A:446:VAL:HG22	2.14	0.48
1:A:458:HIS:CE1	1:A:486:PRO:HA	2.49	0.48
1:A:476:GLU:H	1:A:476:GLU:HG2	1.38	0.48

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:459:PRO:CD	1:A:481:LEU:HD12	2.44	0.47
1:A:88:ASN:O	1:A:92:THR:OG1	2.16	0.47
1:A:309:THR:O	1:A:314:ARG:CD	2.56	0.47
1:A:182:SER:HA	1:A:495:GLY:CA	2.42	0.47
1:A:324:TRP:CZ3	1:A:329:ILE:CD1	2.96	0.47
1:A:413:PHE:C	1:A:414:ILE:HG13	2.33	0.47
1:A:98:MET:HE1	1:A:223:VAL:CG1	2.43	0.47
1:A:217:VAL:CG2	1:A:218:ASP:H	2.05	0.47
1:A:568:ALA:O	1:A:569:THR:O	2.32	0.47
1:A:130:TYR:CD1	1:A:130:TYR:C	2.85	0.47
1:A:468:ILE:HG22	1:A:469:TRP:N	2.28	0.47
1:A:301:ALA:O	1:A:304:ASP:CG	2.52	0.47
1:A:58:ASP:HB2	1:A:60:TRP:HD1	1.79	0.47
1:A:280:THR:HG21	1:A:584:ARG:CB	2.44	0.47
1:A:344:ASP:HB3	1:A:345:PHE:N	2.25	0.47
1:A:470:ASP:C	1:A:471:LYS:O	2.51	0.47
1:A:448:ASN:C	1:A:448:ASN:HD22	2.17	0.47
1:A:551:VAL:HG12	1:A:561:VAL:HG23	1.97	0.47
1:A:509:TYR:HE2	1:A:511:PRO:HG3	1.77	0.47
1:A:137:GLN:CG	1:A:138:LEU:N	2.77	0.47
1:A:324:TRP:HZ3	1:A:326:SER:HG	1.62	0.47
1:A:90:THR:HG22	1:A:90:THR:O	2.14	0.47
1:A:579:THR:O	1:A:580:ARG:HG2	2.11	0.47
1:A:280:THR:HG23	1:A:582:VAL:O	2.15	0.47
1:A:183:ASN:O	1:A:184:ASN:C	2.53	0.47
1:A:147:ILE:CD1	1:A:497:MET:HE3	2.42	0.47
1:A:491:ASN:O	1:A:492:ASN:C	2.52	0.47
1:A:326:SER:HB2	1:A:329:ILE:HG13	1.96	0.47
1:A:113:LEU:CG	1:A:114:VAL:N	2.77	0.47
1:A:567:THR:HG22	1:A:568:ALA:N	2.30	0.46
1:A:547:TYR:HD1	1:A:548:GLN:N	1.81	0.46
1:A:481:LEU:N	1:A:481:LEU:HD23	2.29	0.46
1:A:69:ARG:HD3	1:A:199:GLY:O	2.15	0.46
1:A:379:GLY:O	1:A:380:LYS:C	2.54	0.46
1:A:477:HIS:C	1:A:478:LYS:HG2	2.35	0.46
1:A:177:MET:HE3	1:A:503:PRO:HD2	1.98	0.46
1:A:423:PRO:HB2	1:A:428:ILE:CD1	2.45	0.46
1:A:259:LEU:HD11	1:A:265:PHE:HB2	1.97	0.46
1:A:465:GLN:C	1:A:466:GLY:O	2.46	0.46
1:A:419:LEU:O	1:A:420:VAL:C	2.54	0.46
1:A:458:HIS:CD2	1:A:459:PRO:HD2	2.51	0.46

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:552:GLU:OE1	1:A:553:ASP:CA	2.54	0.46
1:A:204:LYS:HE2	1:A:386:TRP:HZ2	1.81	0.46
1:A:468:ILE:CG2	1:A:469:TRP:HE3	2.29	0.46
1:A:113:LEU:CD2	1:A:114:VAL:H	2.25	0.46
1:A:186:LEU:HB3	1:A:187:PRO:HD2	1.97	0.46
1:A:438:LYS:CB	1:A:441:ILE:HB	2.46	0.46
1:A:285:THR:HG22	1:A:286:ASN:H	1.80	0.46
1:A:105:GLU:HG3	1:A:217:VAL:HG11	1.96	0.46
1:A:483:ILE:C	1:A:484:THR:HA	2.32	0.46
1:A:464:PRO:CD	1:A:576:PRO:HA	2.45	0.46
1:A:186:LEU:HB3	1:A:187:PRO:CD	2.46	0.46
1:A:458:HIS:HE1	1:A:486:PRO:HA	1.81	0.46
1:A:561:VAL:CG1	1:A:565:LEU:HD12	2.46	0.46
1:A:284:GLN:CB	1:A:586:THR:HB	2.41	0.45
1:A:360:ALA:C	1:A:361:ASP:O	2.52	0.45
1:A:95:LYS:NZ	1:A:230:GLY:O	2.48	0.45
1:A:142:SER:HB2	1:A:269:THR:CG2	2.46	0.45
1:A:183:ASN:HB3	1:A:185:ILE:HG13	1.98	0.45
1:A:448:ASN:C	1:A:448:ASN:ND2	2.70	0.45
1:A:171:ASP:C	1:A:173:THR:H	2.20	0.45
1:A:558:TYR:CZ	1:A:575:VAL:HG12	2.48	0.45
1:A:366:MET:C	1:A:368:ARG:H	2.20	0.45
1:A:421:VAL:CB	1:A:422:PRO:HD3	2.32	0.45
1:A:423:PRO:C	1:A:424:PRO:O	2.53	0.45
1:A:300:GLU:O	1:A:301:ALA:CB	2.64	0.45
1:A:455:THR:C	1:A:456:PHE:CD1	2.89	0.45
1:A:73:LEU:HD22	1:A:499:VAL:HG12	1.98	0.45
1:A:509:TYR:CE1	1:A:516:LEU:CD1	2.88	0.45
1:A:509:TYR:CA	1:A:516:LEU:HD11	2.45	0.45
1:A:89:THR:HA	1:A:92:THR:HB	1.98	0.45
1:A:159:ASP:CB	1:A:165:ILE:H	2.18	0.45
1:A:429:LEU:HD12	1:A:433:ASN:CB	2.47	0.45
1:A:270:TYR:HE2	1:A:494:PRO:HD3	1.78	0.45
1:A:386:TRP:HB3	1:A:572:MET:H	1.81	0.45
1:A:509:TYR:CD1	1:A:516:LEU:CG	2.95	0.45
1:A:79:GLU:HG2	1:A:518:ARG:NH1	2.32	0.45
1:A:219:ARG:NH2	1:A:221:LEU:HD22	2.32	0.45
1:A:281:HIS:ND1	1:A:582:VAL:N	2.52	0.45
1:A:180:VAL:HG21	1:A:265:PHE:HZ	1.81	0.45
1:A:49:ASN:HA	1:A:67:ALA:HA	1.99	0.44
1:A:68:THR:HG22	1:A:528:LYS:HB2	1.99	0.44

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:560:SER:O	1:A:561:VAL:C	2.54	0.44
1:A:469:TRP:HA	1:A:487:PHE:O	2.17	0.44
1:A:363:THR:O	1:A:365:GLY:N	2.50	0.44
1:A:492:ASN:ND2	1:A:493:ALA:H	2.15	0.44
1:A:79:GLU:OE2	1:A:518:ARG:CD	2.65	0.44
1:A:259:LEU:HD11	1:A:265:PHE:CB	2.47	0.44
1:A:312:GLY:HA2	1:A:324:TRP:HA	1.99	0.44
1:A:552:GLU:OE1	1:A:553:ASP:CB	2.65	0.44
1:A:360:ALA:O	1:A:371:ASN:CB	2.40	0.44
1:A:459:PRO:HD3	1:A:481:LEU:HD12	1.99	0.44
1:A:180:VAL:CG2	1:A:265:PHE:CZ	3.01	0.44
1:A:368:ARG:HD3	1:A:397:THR:HG21	2.00	0.44
1:A:141:VAL:HG21	1:A:534:ARG:HG3	1.99	0.44
1:A:157:GLU:HG3	1:A:166:LYS:HG2	2.00	0.44
1:A:118:ALA:O	1:A:468:ILE:CD1	2.66	0.43
1:A:69:ARG:HG2	1:A:206:THR:CG2	2.48	0.43
1:A:250:ILE:HD13	1:A:498:LEU:HD13	1.99	0.43
1:A:281:HIS:CE1	1:A:582:VAL:C	2.92	0.43
1:A:465:GLN:HB2	1:A:466:GLY:H	1.59	0.43
1:A:386:TRP:HE3	1:A:572:MET:N	2.17	0.43
1:A:111:TRP:CZ3	1:A:177:MET:HB2	2.53	0.43
1:A:500:ARG:HG2	1:A:501:LEU:N	2.34	0.43
1:A:191:ALA:C	1:A:193:ASN:H	2.21	0.43
1:A:122:TRP:CD1	1:A:468:ILE:HD11	2.53	0.43
1:A:434:PRO:O	1:A:435:ILE:CD1	2.56	0.43
1:A:47:TYR:OH	1:A:202:PRO:O	2.36	0.43
1:A:552:GLU:CA	1:A:552:GLU:OE1	2.66	0.43
1:A:191:ALA:C	1:A:193:ASN:N	2.72	0.43
1:A:561:VAL:O	1:A:564:TRP:N	2.46	0.43
1:A:55:PHE:HZ	1:A:130:TYR:OH	2.01	0.43
1:A:178:VAL:HG21	1:A:259:LEU:CD1	2.48	0.43
1:A:323:ASN:O	1:A:324:TRP:HB3	2.19	0.43
1:A:260:ARG:HB2	1:A:263:ASP:OD2	2.19	0.43
1:A:318:THR:HA	1:A:331:THR:HG23	2.00	0.43
1:A:132:CYS:SG	1:A:579:THR:CB	3.05	0.43
1:A:479:PRO:HB2	1:A:481:LEU:O	2.18	0.43
1:A:384:GLU:C	1:A:386:TRP:H	2.20	0.43
1:A:547:TYR:C	1:A:548:GLN:CG	2.87	0.43
1:A:478:LYS:HB3	1:A:479:PRO:HD2	2.00	0.43
1:A:481:LEU:H	1:A:481:LEU:HD23	1.83	0.43
1:A:293:PRO:HB3	1:A:308:LEU:HD13	1.93	0.43

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:357:LYS:C	1:A:357:LYS:HD3	2.24	0.42
1:A:402:ASN:O	1:A:405:SER:CB	2.66	0.42
1:A:509:TYR:HA	1:A:516:LEU:CD1	2.48	0.42
1:A:106:GLN:NE2	1:A:212:ARG:CB	2.78	0.42
1:A:338:PHE:HE1	1:A:340:GLN:HE21	1.60	0.42
1:A:69:ARG:N	1:A:527:TRP:O	2.52	0.42
1:A:237:MET:HB3	1:A:238:GLY:H	1.47	0.42
2:B:9:DA:N6	4:D:20:DA:H5''	2.34	0.42
2:B:4:DC:C6	3:C:14:DC:N4	2.87	0.42
1:A:330:ARG:HD3	1:A:332:ARG:HH12	1.84	0.42
1:A:177:MET:HE3	1:A:503:PRO:CD	2.49	0.42
1:A:250:ILE:C	1:A:252:ASN:H	2.23	0.42
4:D:20:DA:H2'	4:D:20:DA:N3	2.34	0.42
1:A:187:PRO:HG2	1:A:213:TYR:CB	2.48	0.42
1:A:294:LEU:HD23	1:A:294:LEU:HA	1.74	0.42
1:A:356:PRO:HA	1:A:357:LYS:HD2	2.01	0.42
1:A:462:VAL:O	1:A:464:PRO:O	2.38	0.42
1:A:91:ASP:O	1:A:97:ASN:HB3	2.20	0.42
1:A:159:ASP:OD1	1:A:163:GLN:C	2.47	0.42
1:A:128:TRP:CZ2	1:A:579:THR:CB	3.02	0.42
1:A:390:GLY:C	1:A:392:ALA:N	2.73	0.42
1:A:284:GLN:NE2	1:A:289:LEU:HD23	2.35	0.42
1:A:159:ASP:CG	1:A:164:ALA:N	2.56	0.42
1:A:79:GLU:HG2	1:A:518:ARG:HH12	1.85	0.42
1:A:202:PRO:HD2	1:A:203:TRP:CZ3	2.54	0.42
1:A:218:ASP:O	1:A:237:MET:C	2.50	0.42
1:A:84:ILE:O	1:A:106:GLN:O	2.38	0.42
1:A:385:ASN:ND2	1:A:573:GLN:HE21	2.09	0.42
1:A:380:LYS:O	1:A:382:HIS:N	2.47	0.42
1:A:197:THR:CG2	1:A:198:LEU:N	2.49	0.42
1:A:178:VAL:CG2	1:A:259:LEU:HD12	2.48	0.42
1:A:239:THR:CB	1:A:240:PRO:HD2	2.44	0.41
1:A:472:GLU:OE1	1:A:482:HIS:NE2	2.50	0.41
1:A:70:LEU:HA	1:A:526:PHE:HA	2.03	0.41
1:A:177:MET:HB3	1:A:256:ILE:HG23	1.99	0.41
2:B:9:DA:O3'	2:B:10:DC:C4'	2.50	0.41
1:A:138:LEU:HD12	1:A:535:ALA:HB2	2.02	0.41
1:A:280:THR:CG2	1:A:584:ARG:CG	2.97	0.41
1:A:284:GLN:OE1	1:A:586:THR:N	2.54	0.41
1:A:522:TYR:C	1:A:522:TYR:CD1	2.94	0.41
1:A:277:VAL:HG21	1:A:487:PHE:CE1	2.35	0.41

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:312:GLY:CA	1:A:324:TRP:HB3	2.51	0.41
1:A:293:PRO:HB3	1:A:314:ARG:HH21	1.86	0.41
1:A:349:ARG:C	1:A:351:GLY:N	2.73	0.41
1:A:343:ASN:O	1:A:345:PHE:CD1	2.62	0.41
1:A:112:SER:HB2	1:A:499:VAL:O	2.21	0.41
1:A:94:VAL:HB	1:A:95:LYS:H	1.73	0.41
1:A:241:LYS:C	1:A:243:MET:H	2.08	0.41
1:A:458:HIS:CG	1:A:459:PRO:HD2	2.57	0.41
1:A:412:GLY:O	1:A:413:PHE:HB3	2.12	0.40
1:A:423:PRO:O	1:A:424:PRO:O	2.39	0.40
1:A:137:GLN:HG3	1:A:138:LEU:N	2.37	0.40
1:A:323:ASN:C	1:A:324:TRP:CD1	2.95	0.40
1:A:204:LYS:HA	1:A:204:LYS:HD2	1.90	0.40
1:A:134:THR:O	1:A:538:ARG:HD3	2.22	0.40
1:A:363:THR:CG2	1:A:364:GLN:N	2.84	0.40
1:A:381:GLN:O	1:A:382:HIS:ND1	2.51	0.40
1:A:428:ILE:HG23	1:A:429:LEU:H	1.86	0.40
1:A:318:THR:HG22	1:A:319:GLN:N	2.36	0.40
1:A:326:SER:O	1:A:330:ARG:HB2	2.22	0.40
1:A:176:MET:HE3	1:A:525:PHE:CD1	2.25	0.40
1:A:73:LEU:HG	1:A:73:LEU:O	2.20	0.40
1:A:127:ASP:O	1:A:131:ILE:HG13	2.21	0.40
1:A:545:PRO:C	1:A:546:VAL:HG12	2.42	0.40

There are no symmetry-related clashes.

5.3 Torsion angles [i](#)

5.3.1 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 X-ray entries followed by that with respect to entries of similar resolution.

The Analysed column shows the number of residues for which the backbone conformation was analysed, and the total number of residues.

Mol	Chain	Analysed	Favoured	Allowed	Outliers	Percentiles
1	A	545/587 (93%)	374 (69%)	87 (16%)	84 (15%)	0 3

All (84) Ramachandran outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	95	LYS
1	A	159	ASP
1	A	164	ALA
1	A	183	ASN
1	A	218	ASP
1	A	226	GLU
1	A	228	GLN
1	A	233	GLU
1	A	242	GLY
1	A	285	THR
1	A	301	ALA
1	A	303	THR
1	A	304	ASP
1	A	344	ASP
1	A	345	PHE
1	A	361	ASP
1	A	363	THR
1	A	368	ARG
1	A	371	ASN
1	A	372	GLY
1	A	380	LYS
1	A	382	HIS
1	A	386	TRP
1	A	400	GLU
1	A	402	ASN
1	A	403	PHE
1	A	404	GLY
1	A	412	GLY
1	A	413	PHE
1	A	417	ALA
1	A	419	LEU
1	A	463	TYR
1	A	466	GLY
1	A	471	LYS
1	A	492	ASN
1	A	526	PHE
1	A	553	ASP
1	A	561	VAL
1	A	562	THR
1	A	569	THR
1	A	580	ARG
1	A	582	VAL
1	A	583	ALA

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	58	ASP
1	A	237	MET
1	A	283	TRP
1	A	324	TRP
1	A	348	SER
1	A	364	GLN
1	A	381	GLN
1	A	584	ARG
1	A	585	ASN
1	A	172	LEU
1	A	310	ALA
1	A	374	VAL
1	A	375	ARG
1	A	384	GLU
1	A	456	PHE
1	A	509	TYR
1	A	556	ASN
1	A	141	VAL
1	A	302	ASP
1	A	424	PRO
1	A	437	THR
1	A	439	ASN
1	A	465	GLN
1	A	422	PRO
1	A	566	PRO
1	A	568	ALA
1	A	385	ASN
1	A	390	GLY
1	A	406	GLY
1	A	418	PRO
1	A	447	PHE
1	A	452	PRO
1	A	512	ASN
1	A	217	VAL
1	A	545	PRO
1	A	570	GLY
1	A	391	PRO
1	A	199	GLY
1	A	337	GLY
1	A	581	PRO
1	A	131	ILE

5.3.2 Protein sidechains ⓘ

In the following table, the Percentiles column shows the percent sidechain outliers of the chain as a percentile score with respect to all X-ray entries followed by that with respect to entries of similar resolution.

The Analysed column shows the number of residues for which the sidechain conformation was analysed, and the total number of residues.

Mol	Chain	Analysed	Rotameric	Outliers	Percentiles
1	A	472/492 (96%)	400 (85%)	72 (15%)	3 21

All (72) residues with a non-rotameric sidechain are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	40	VAL
1	A	44	THR
1	A	48	ASP
1	A	50	GLN
1	A	54	ARG
1	A	56	LEU
1	A	69	ARG
1	A	70	LEU
1	A	73	LEU
1	A	77	LYS
1	A	83	ARG
1	A	85	ARG
1	A	93	SER
1	A	94	VAL
1	A	105	GLU
1	A	130	TYR
1	A	135	MET
1	A	137	GLN
1	A	139	ASN
1	A	155	VAL
1	A	163	GLN
1	A	173	THR
1	A	177	MET
1	A	183	ASN
1	A	193	ASN
1	A	207	ILE
1	A	212	ARG
1	A	218	ASP
1	A	219	ARG
1	A	226	GLU

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	228	GLN
1	A	229	GLU
1	A	231	THR
1	A	234	HIS
1	A	236	VAL
1	A	239	THR
1	A	243	MET
1	A	264	GLU
1	A	267	THR
1	A	285	THR
1	A	294	LEU
1	A	302	ASP
1	A	303	THR
1	A	304	ASP
1	A	314	ARG
1	A	320	MET
1	A	340	GLN
1	A	348	SER
1	A	349	ARG
1	A	357	LYS
1	A	362	VAL
1	A	364	GLN
1	A	367	ASP
1	A	386	TRP
1	A	389	HIS
1	A	395	ARG
1	A	405	SER
1	A	415	GLN
1	A	431	ASN
1	A	447	PHE
1	A	448	ASN
1	A	457	SER
1	A	476	GLU
1	A	478	LYS
1	A	489	CYS
1	A	516	LEU
1	A	540	ASN
1	A	541	THR
1	A	546	VAL
1	A	550	SER
1	A	552	GLU
1	A	559	MET

Some sidechains can be flipped to improve hydrogen bonding and reduce clashes. All (23) such sidechains are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	49	ASN
1	A	50	GLN
1	A	52	HIS
1	A	87	HIS
1	A	97	ASN
1	A	106	GLN
1	A	133	ASN
1	A	139	ASN
1	A	149	ASN
1	A	183	ASN
1	A	286	ASN
1	A	382	HIS
1	A	385	ASN
1	A	431	ASN
1	A	433	ASN
1	A	448	ASN
1	A	458	HIS
1	A	492	ASN
1	A	540	ASN
1	A	554	ASN
1	A	556	ASN
1	A	571	ASN
1	A	573	GLN

5.3.3 RNA ⓘ

There are no RNA molecules in this entry.

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

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

5.5 Carbohydrates ⓘ

There are no carbohydrates in this entry.

5.6 Ligand geometry

There are no ligands in this entry.

5.7 Other polymers

There are no such residues in this entry.

5.8 Polymer linkage issues

There are no chain breaks in this entry.

6 Fit of model and data

6.1 Protein, DNA and RNA chains

EDS was not executed - this section will therefore be empty.

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

EDS was not executed - this section will therefore be empty.

6.3 Carbohydrates

EDS was not executed - this section will therefore be empty.

6.4 Ligands

EDS was not executed - this section will therefore be empty.

6.5 Other polymers

EDS was not executed - this section will therefore be empty.