



# Full wwPDB NMR Structure Validation Report ⓘ

Feb 12, 2017 – 05:27 pm GMT

PDB ID : 1AEL  
Title : NMR STRUCTURE OF APO INTESTINAL FATTY ACID-BINDING PROTEIN, 20 STRUCTURES  
Authors : Hodsdon, M.E.; Cistola, D.P.  
Deposited on : 1996-07-30

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  
Percentile statistics : 20161228.v01 (using entries in the PDB archive December 28th 2016)  
RCI : v\_1n\_11\_5\_13\_A (Berjanski et al., 2005)  
PANAV : Wang et al. (2010)  
ShiftChecker : trunk28760  
Ideal geometry (proteins) : Engh & Huber (2001)  
Ideal geometry (DNA, RNA) : Parkinson et al. (1996)  
Validation Pipeline (wwPDB-VP) : recalc28949

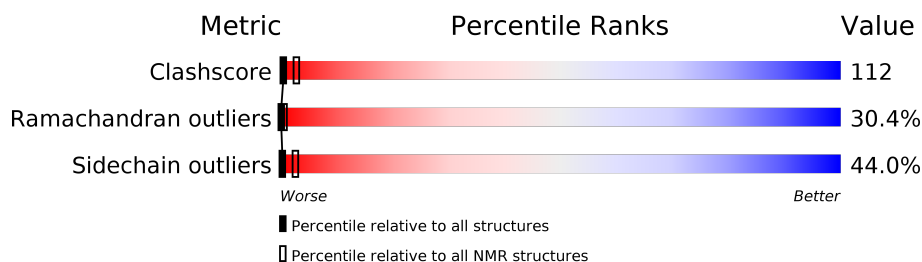
# 1 Overall quality at a glance

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	125131	11601
Ramachandran outliers	121729	10391
Sidechain outliers	121581	10367

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	131	

## 2 Ensemble composition and analysis

This entry contains 20 models. Model 7 is the overall representative, medoid model (most similar to other models).

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:1-A:27, A:37-A:131 (122)	0.49	7

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 3 clusters and 8 single-model clusters were found.

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

### 3 Entry composition

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 2114 atoms, of which 1057 are hydrogens and 0 are deuteriums.

- Molecule 1 is a protein called FATTY ACID-BINDING PROTEIN.

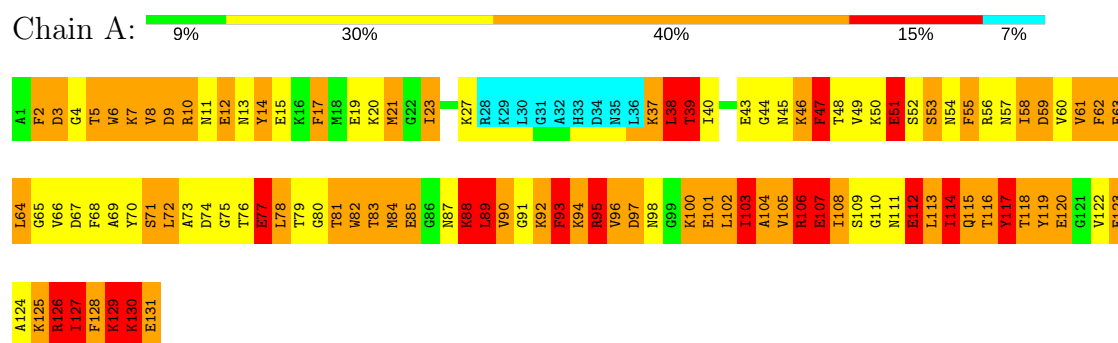
Mol	Chain	Residues	Atoms						Trace
1	A	131	Total	C	H	N	O	S	0
			2114	670	1057	180	204	3	

## 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: FATTY ACID-BINDING PROTEIN

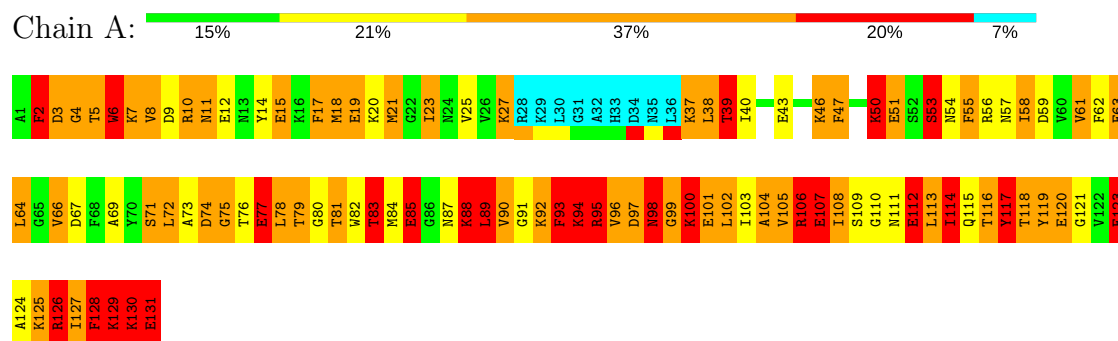


### 4.2 Scores per residue for each member of the ensemble

Colouring as in section 4.1 above.

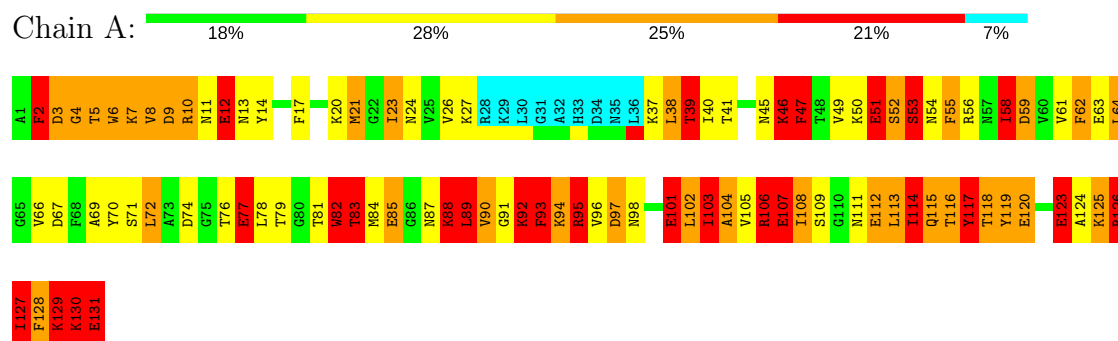
#### 4.2.1 Score per residue for model 1

#### • Molecule 1: FATTY ACID-BINDING PROTEIN



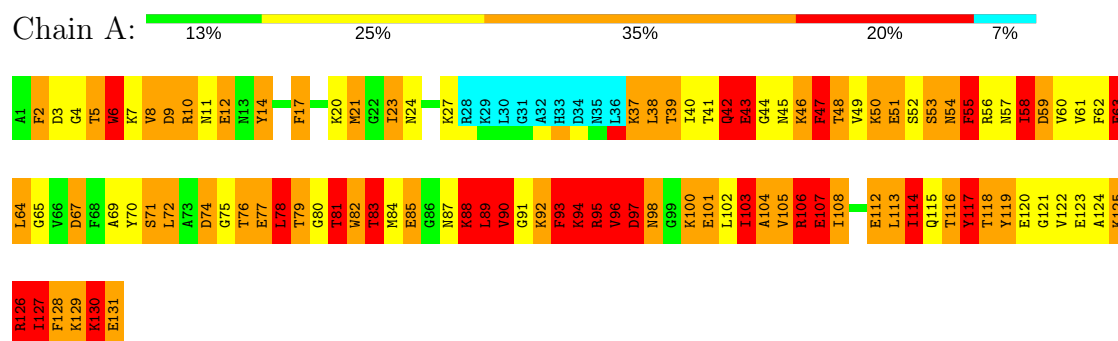
## 4.2.2 Score per residue for model 2

### • Molecule 1: FATTY ACID-BINDING PROTEIN



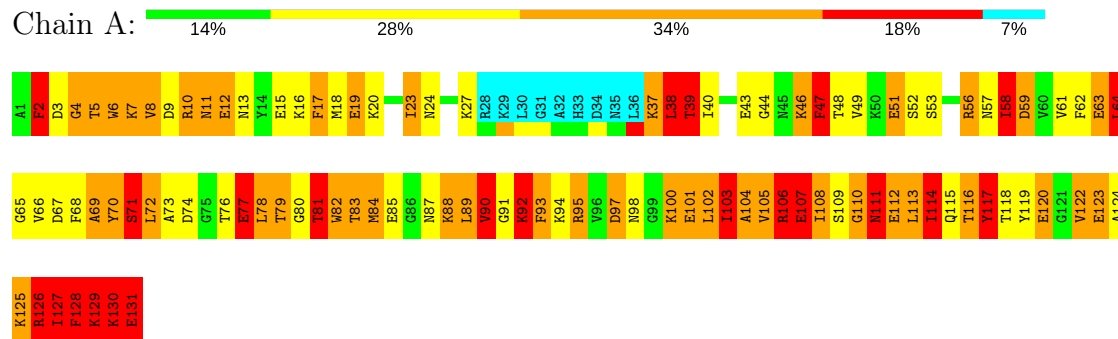
## 4.2.3 Score per residue for model 3

### • Molecule 1: FATTY ACID-BINDING PROTEIN



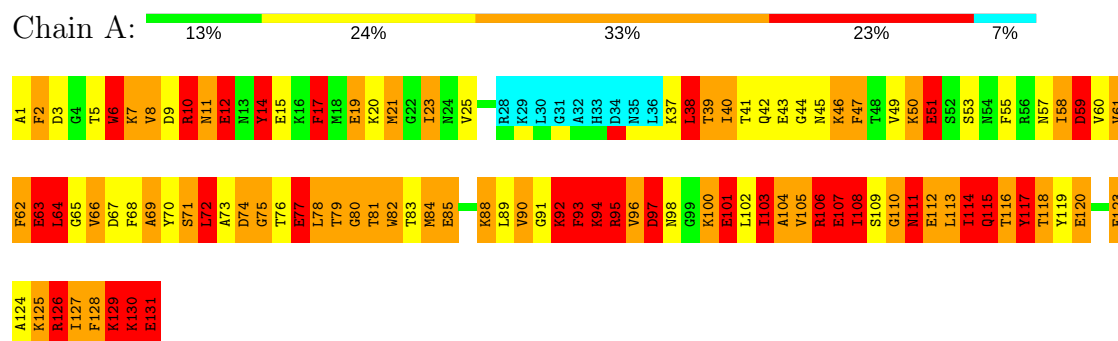
## 4.2.4 Score per residue for model 4

### • Molecule 1: FATTY ACID-BINDING PROTEIN



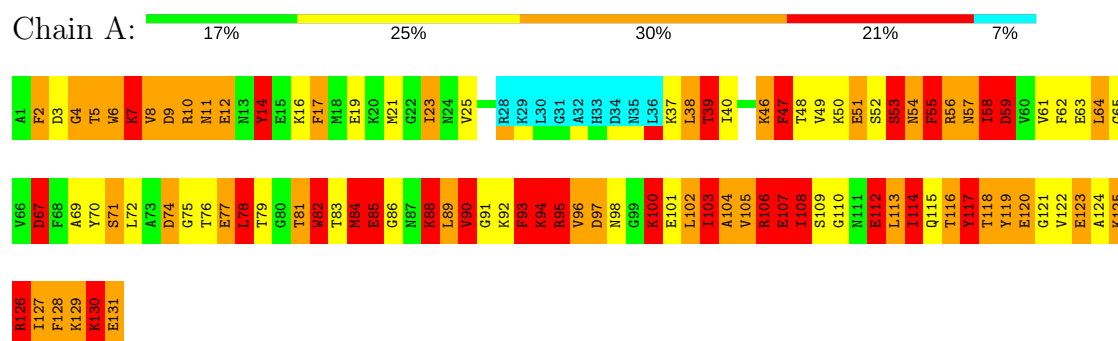
### 4.2.5 Score per residue for model 5

#### • Molecule 1: FATTY ACID-BINDING PROTEIN



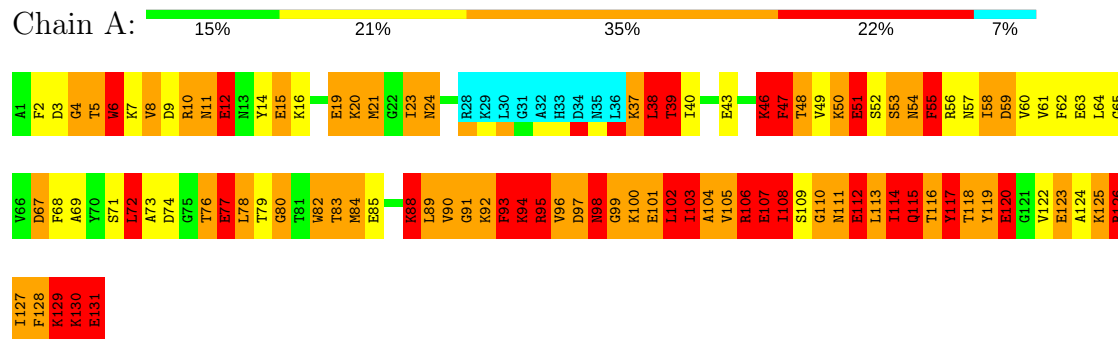
### 4.2.6 Score per residue for model 6

#### • Molecule 1: FATTY ACID-BINDING PROTEIN



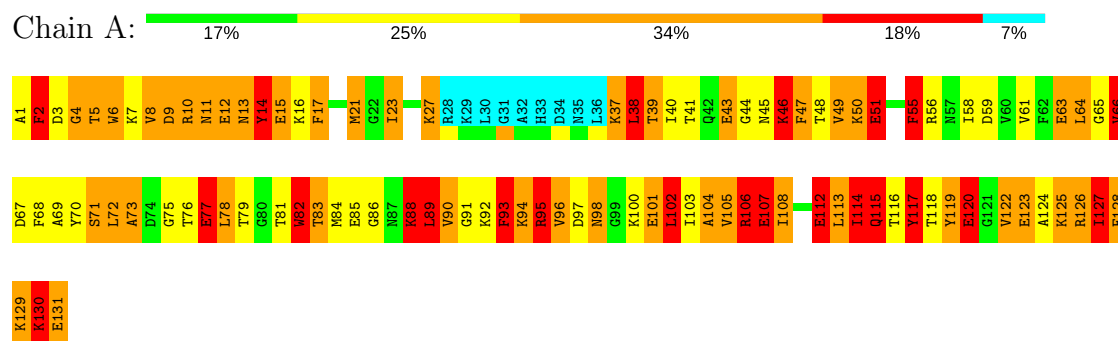
### 4.2.7 Score per residue for model 7 (medoid)

#### • Molecule 1: FATTY ACID-BINDING PROTEIN



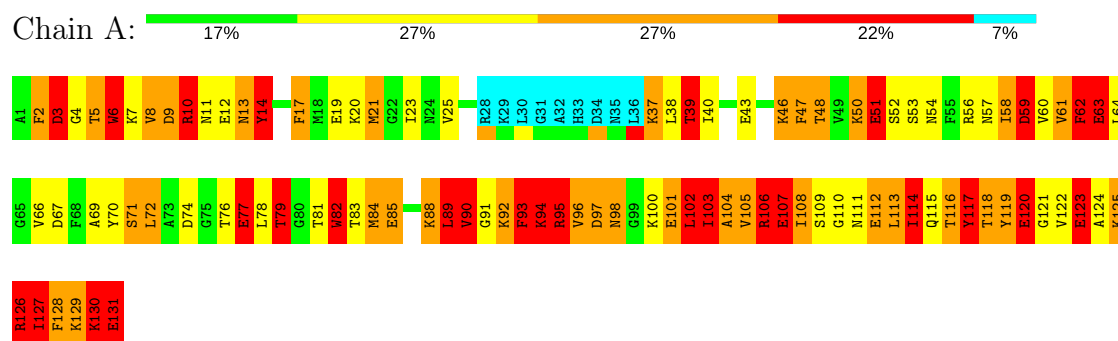
#### 4.2.8 Score per residue for model 8

- Molecule 1: FATTY ACID-BINDING PROTEIN



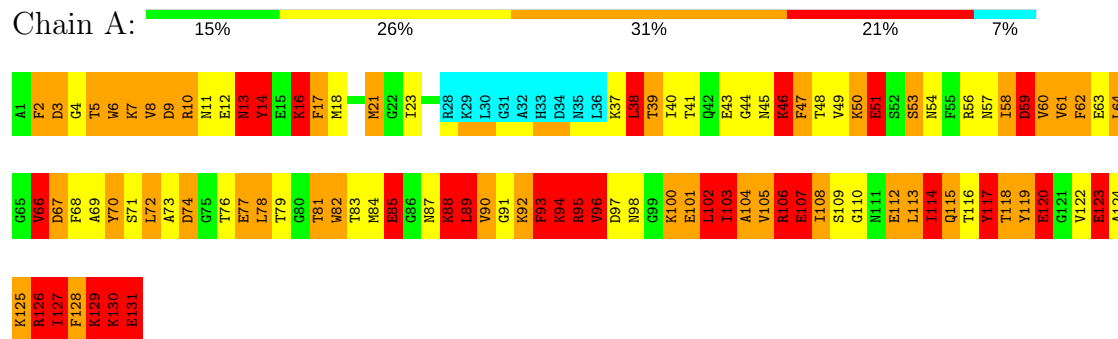
#### 4.2.9 Score per residue for model 9

- Molecule 1: FATTY ACID-BINDING PROTEIN



#### 4.2.10 Score per residue for model 10

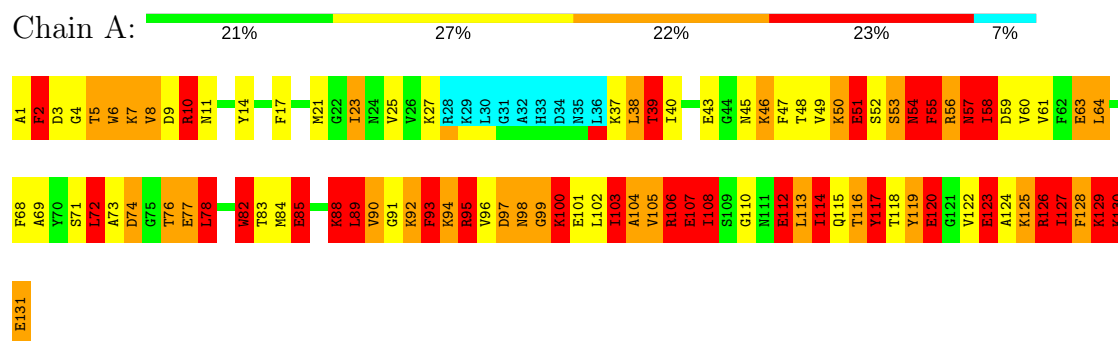
- Molecule 1: FATTY ACID-BINDING PROTEIN





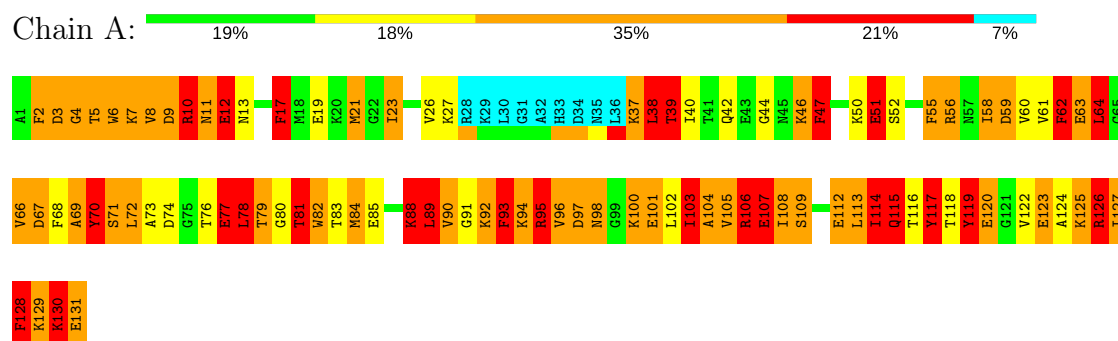
### 4.2.11 Score per residue for model 11

#### • Molecule 1: FATTY ACID-BINDING PROTEIN



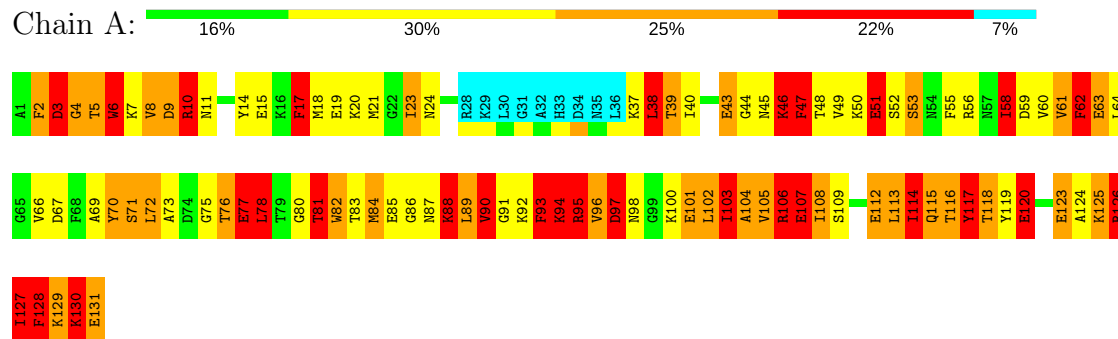
### 4.2.12 Score per residue for model 12

#### • Molecule 1: FATTY ACID-BINDING PROTEIN



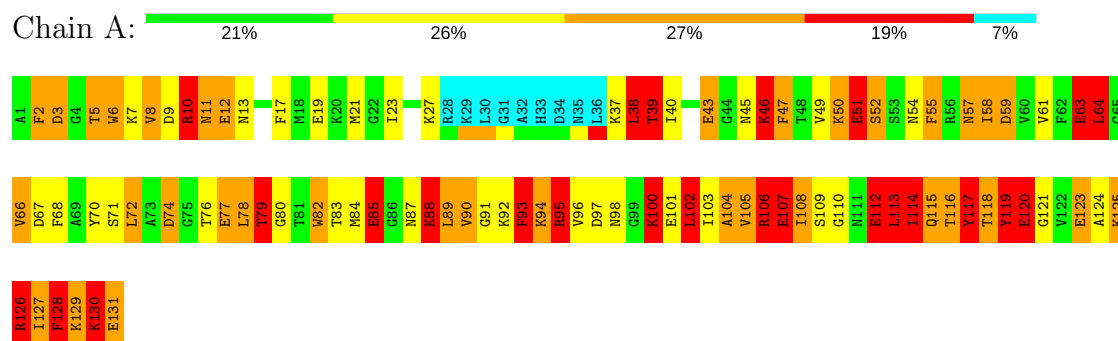
### 4.2.13 Score per residue for model 13

#### • Molecule 1: FATTY ACID-BINDING PROTEIN



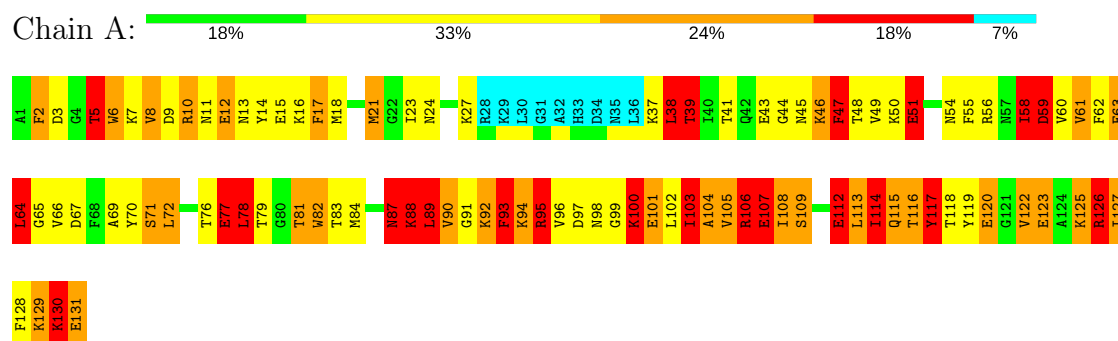
#### 4.2.14 Score per residue for model 14

##### • Molecule 1: FATTY ACID-BINDING PROTEIN



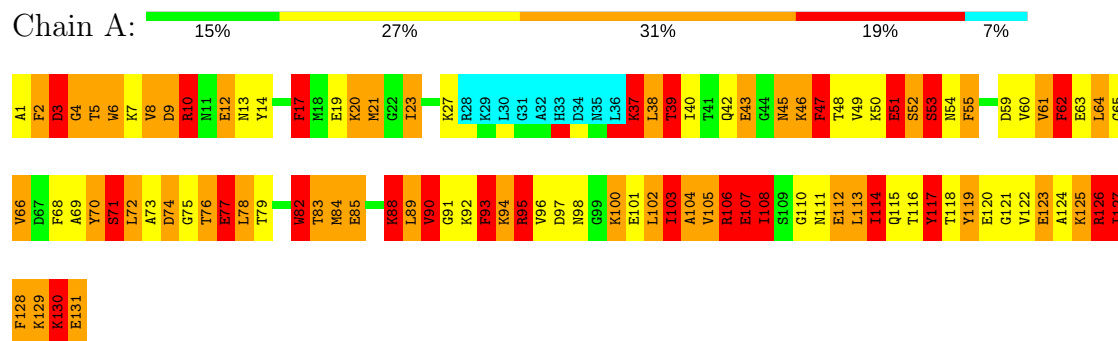
#### 4.2.15 Score per residue for model 15

##### • Molecule 1: FATTY ACID-BINDING PROTEIN



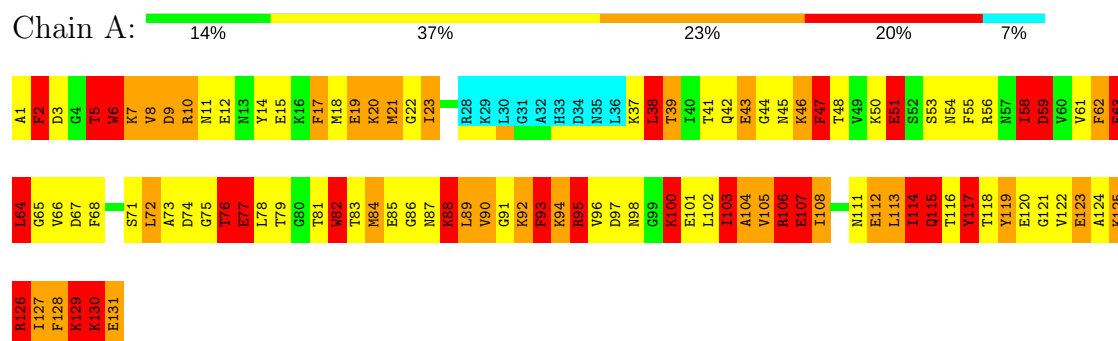
#### 4.2.16 Score per residue for model 16

##### • Molecule 1: FATTY ACID-BINDING PROTEIN



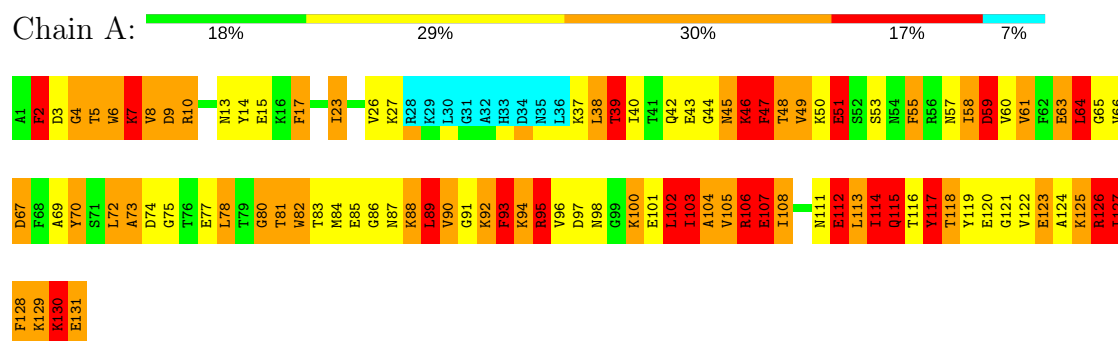
## 4.2.17 Score per residue for model 17

## • Molecule 1: FATTY ACID-BINDING PROTEIN



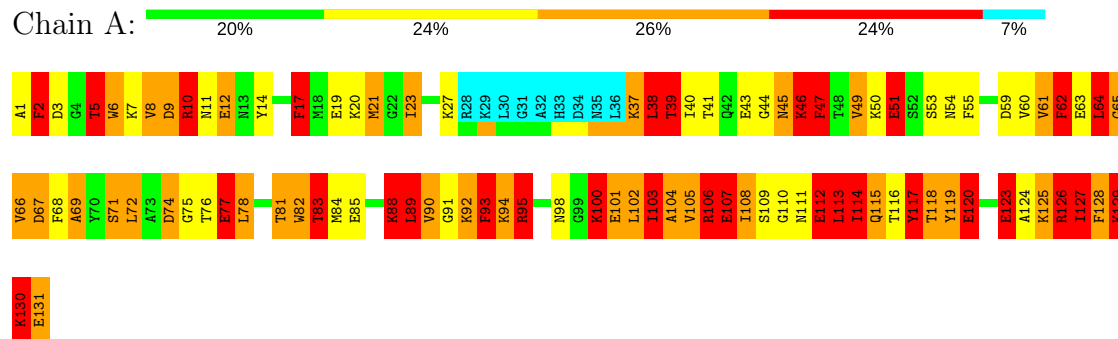
## 4.2.18 Score per residue for model 18

## • Molecule 1: FATTY ACID-BINDING PROTEIN



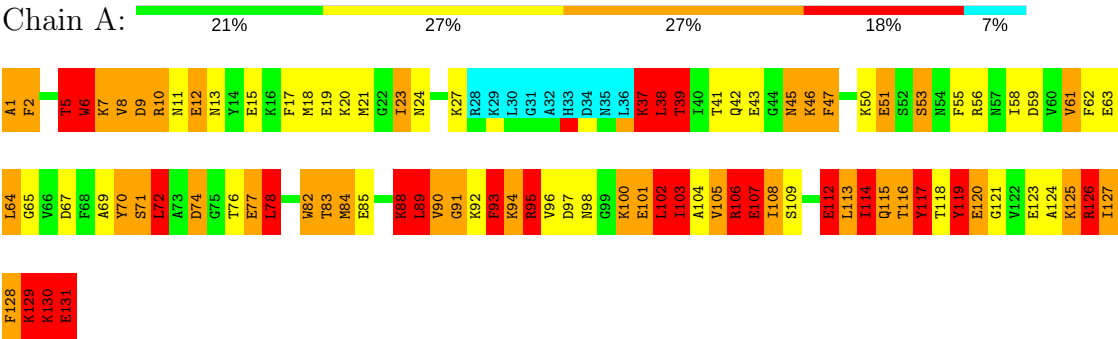
## 4.2.19 Score per residue for model 19

## • Molecule 1: FATTY ACID-BINDING PROTEIN



4.2.20 Score per residue for model 20

● Molecule 1: FATTY ACID-BINDING PROTEIN



## 5 Refinement protocol and experimental data overview

The models were refined using the following method: *SIMULATED ANNEALING REFINEMENT*.

Of the 21 calculated structures, 20 were deposited, based on the following criterion: *FINAL PENALTY FUNCTION VALUES LESS THAN 10.0*.

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

Software name	Classification	Version
TINKER	refinement	
TINKER	structure solution	

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

## 6 Model quality

### 6.1 Standard geometry

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 (average) 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	1.34±0.01	7±2/1001 (0.7±0.2%)	2.21±0.06	46±6/1340 (3.5±0.4%)
All	All	1.34	145/20020 (0.7%)	2.22	928/26800 (3.5%)

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

Mol	Chain	Chirality	Planarity
1	A	0.0±0.0	0.1±0.2
All	All	0	1

All unique bond outliers are listed below. They are sorted according to the Z-score of the worst occurrence in the ensemble.

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(Å)	Ideal(Å)	Models	
								Worst	Total
1	A	131	GLU	C-OXT	17.62	1.56	1.23	18	20
1	A	51	GLU	CD-OE2	11.50	1.38	1.25	20	12
1	A	51	GLU	CD-OE1	11.09	1.37	1.25	15	15
1	A	107	GLU	CD-OE2	6.79	1.33	1.25	16	8
1	A	107	GLU	CD-OE1	6.56	1.32	1.25	13	6
1	A	63	GLU	CD-OE1	6.46	1.32	1.25	17	4
1	A	63	GLU	CD-OE2	6.45	1.32	1.25	9	3
1	A	77	GLU	CD-OE2	6.35	1.32	1.25	7	11
1	A	85	GLU	CD-OE2	6.34	1.32	1.25	17	10
1	A	101	GLU	CD-OE1	6.12	1.32	1.25	20	4
1	A	112	GLU	CD-OE2	6.08	1.32	1.25	19	8
1	A	77	GLU	CD-OE1	6.07	1.32	1.25	9	7
1	A	123	GLU	CD-OE1	5.98	1.32	1.25	16	12
1	A	85	GLU	CD-OE1	5.91	1.32	1.25	7	4
1	A	112	GLU	CD-OE1	5.80	1.32	1.25	1	3
1	A	19	GLU	CD-OE2	5.43	1.31	1.25	7	3

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(Å)	Ideal(Å)	Models	
								Worst	Total
1	A	15	GLU	CD-OE2	5.31	1.31	1.25	8	4
1	A	15	GLU	CD-OE1	5.27	1.31	1.25	7	3
1	A	19	GLU	CD-OE1	-5.18	1.20	1.25	1	2
1	A	12	GLU	CD-OE1	5.12	1.31	1.25	15	3
1	A	43	GLU	CD-OE2	5.11	1.31	1.25	3	1
1	A	12	GLU	CD-OE2	5.09	1.31	1.25	2	2

All unique angle outliers are listed below. They are sorted according to the Z-score of the worst occurrence in the ensemble.

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)	Models	
								Worst	Total
1	A	117	TYR	CB-CG-CD1	14.45	129.67	121.00	6	15
1	A	95	ARG	NE-CZ-NH2	14.38	127.49	120.30	2	9
1	A	93	PHE	CB-CG-CD2	14.10	130.67	120.80	9	16
1	A	106	ARG	NE-CZ-NH2	-13.20	113.70	120.30	10	8
1	A	95	ARG	NE-CZ-NH1	12.50	126.55	120.30	3	11
1	A	106	ARG	NE-CZ-NH1	11.93	126.26	120.30	14	8
1	A	97	ASP	CB-CG-OD2	11.30	128.47	118.30	7	15
1	A	3	ASP	CB-CG-OD1	11.21	128.39	118.30	9	14
1	A	6	TRP	CD1-CG-CD2	-10.71	97.73	106.30	16	12
1	A	93	PHE	CB-CG-CD1	-10.62	113.37	120.80	9	16
1	A	9	ASP	CB-CG-OD2	10.46	127.71	118.30	10	9
1	A	47	PHE	CB-CG-CD2	10.19	127.94	120.80	8	9
1	A	10	ARG	NE-CZ-NH1	9.86	125.23	120.30	13	7
1	A	6	TRP	CE2-CD2-CG	9.62	115.00	107.30	16	1
1	A	56	ARG	NE-CZ-NH2	9.49	125.05	120.30	2	7
1	A	119	TYR	CB-CG-CD1	9.45	126.67	121.00	2	10
1	A	2	PHE	CB-CG-CD1	9.39	127.38	120.80	12	9
1	A	9	ASP	CB-CG-OD1	9.32	126.69	118.30	6	11
1	A	97	ASP	CB-CG-OD1	-9.17	110.05	118.30	3	13
1	A	56	ARG	NE-CZ-NH1	9.07	124.83	120.30	3	8
1	A	47	PHE	CB-CG-CD1	-8.90	114.57	120.80	4	13
1	A	3	ASP	CB-CG-OD2	8.88	126.30	118.30	1	15
1	A	117	TYR	CA-CB-CG	8.75	130.02	113.40	11	19
1	A	117	TYR	CB-CG-CD2	-8.73	115.76	121.00	11	8
1	A	128	PHE	CB-CG-CD1	8.71	126.90	120.80	14	10
1	A	14	TYR	CB-CG-CD2	-8.71	115.77	121.00	9	3
1	A	95	ARG	NH1-CZ-NH2	8.63	128.89	119.40	7	6
1	A	10	ARG	NE-CZ-NH2	8.52	124.56	120.30	14	4
1	A	68	PHE	CB-CG-CD2	8.38	126.67	120.80	4	1
1	A	62	PHE	CB-CG-CD1	8.29	126.61	120.80	13	5

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)	Models	
								Worst	Total
1	A	6	TRP	N-CA-CB	-8.27	95.71	110.60	16	20
1	A	126	ARG	NE-CZ-NH1	8.21	124.41	120.30	3	11
1	A	67	ASP	CB-CG-OD1	8.21	125.69	118.30	3	12
1	A	93	PHE	N-CA-CB	-8.14	95.94	110.60	8	9
1	A	67	ASP	CB-CG-OD2	8.07	125.57	118.30	14	11
1	A	14	TYR	CB-CG-CD1	8.02	125.81	121.00	9	3
1	A	129	LYS	N-CA-CB	7.98	124.97	110.60	12	19
1	A	14	TYR	N-CA-CB	-7.98	96.24	110.60	8	2
1	A	123	GLU	CG-CD-OE2	7.96	134.21	118.30	16	12
1	A	128	PHE	O-C-N	7.95	135.43	122.70	14	16
1	A	93	PHE	O-C-N	7.92	135.38	122.70	16	16
1	A	131	GLU	CB-CA-C	7.91	126.22	110.40	20	20
1	A	70	TYR	CB-CG-CD1	7.83	125.70	121.00	2	6
1	A	55	PHE	CB-CG-CD2	-7.83	115.32	120.80	19	3
1	A	126	ARG	NE-CZ-NH2	-7.71	116.44	120.30	10	4
1	A	94	LYS	CA-CB-CG	-7.66	96.56	113.40	6	18
1	A	119	TYR	CB-CG-CD2	-7.57	116.46	121.00	11	8
1	A	131	GLU	CA-CB-CG	7.51	129.93	113.40	18	19
1	A	84	MET	N-CA-C	7.47	131.17	111.00	6	1
1	A	106	ARG	O-C-N	7.31	134.39	122.70	16	20
1	A	112	GLU	OE1-CD-OE2	-7.25	114.60	123.30	19	1
1	A	38	LEU	O-C-N	7.24	134.28	122.70	19	19
1	A	17	PHE	CB-CG-CD1	7.13	125.79	120.80	12	5
1	A	90	VAL	CG1-CB-CG2	-7.07	99.58	110.90	6	1
1	A	70	TYR	CB-CG-CD2	7.05	125.23	121.00	14	4
1	A	6	TRP	CB-CG-CD2	6.96	135.65	126.60	16	7
1	A	59	ASP	CB-CG-OD2	-6.96	112.04	118.30	18	6
1	A	100	LYS	O-C-N	6.76	133.51	122.70	11	5
1	A	129	LYS	O-C-N	6.72	133.46	122.70	18	14
1	A	88	LYS	O-C-N	6.72	133.46	122.70	6	6
1	A	10	ARG	N-CA-CB	-6.72	98.50	110.60	12	1
1	A	68	PHE	CB-CG-CD1	6.70	125.49	120.80	11	1
1	A	108	ILE	CA-CB-CG1	-6.70	98.27	111.00	6	3
1	A	5	THR	O-C-N	6.67	133.38	122.70	16	19
1	A	126	ARG	N-CA-CB	6.56	122.40	110.60	15	7
1	A	88	LYS	CB-CA-C	-6.54	97.33	110.40	18	19
1	A	120	GLU	CG-CD-OE2	6.51	131.33	118.30	12	2
1	A	117	TYR	CG-CD2-CE2	6.50	126.50	121.30	19	6
1	A	4	GLY	O-C-N	6.47	133.05	122.70	8	11
1	A	82	TRP	CE2-CD2-CG	6.46	112.46	107.30	8	3
1	A	6	TRP	CG-CD1-NE1	6.45	116.55	110.10	10	9

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)	Models	
								Worst	Total
1	A	120	GLU	N-CA-CB	-6.39	99.10	110.60	12	1
1	A	82	TRP	NE1-CE2-CD2	-6.38	100.92	107.30	8	9
1	A	101	GLU	O-C-N	6.36	132.87	122.70	8	14
1	A	55	PHE	CB-CA-C	-6.32	97.75	110.40	6	7
1	A	113	LEU	N-CA-C	-6.29	94.01	111.00	14	1
1	A	93	PHE	CB-CA-C	-6.25	97.89	110.40	16	15
1	A	13	ASN	N-CA-C	-6.24	94.16	111.00	10	1
1	A	120	GLU	CG-CD-OE1	6.24	130.77	118.30	14	2
1	A	82	TRP	N-CA-CB	6.23	121.81	110.60	6	1
1	A	112	GLU	CB-CA-C	-6.20	98.01	110.40	4	5
1	A	114	ILE	CA-CB-CG1	6.16	122.71	111.00	18	6
1	A	112	GLU	O-C-N	6.16	132.56	122.70	14	1
1	A	86	GLY	N-CA-C	-6.16	97.70	113.10	6	4
1	A	98	ASN	N-CA-CB	-6.11	99.60	110.60	7	1
1	A	1	ALA	N-CA-CB	-6.11	101.55	110.10	11	3
1	A	102	LEU	O-C-N	6.08	132.44	122.70	10	6
1	A	112	GLU	N-CA-CB	-6.04	99.73	110.60	4	3
1	A	82	TRP	CD1-NE1-CE2	5.98	114.38	109.00	12	7
1	A	74	ASP	CB-CG-OD2	5.96	123.66	118.30	14	2
1	A	95	ARG	CB-CA-C	-5.92	98.57	110.40	7	4
1	A	131	GLU	N-CA-CB	-5.90	99.98	110.60	16	6
1	A	107	GLU	N-CA-CB	-5.89	100.00	110.60	8	5
1	A	53	SER	O-C-N	5.88	132.11	122.70	6	3
1	A	79	THR	N-CA-CB	5.82	121.35	110.30	17	3
1	A	62	PHE	CB-CG-CD2	-5.81	116.73	120.80	19	1
1	A	6	TRP	CG-CD2-CE3	5.79	139.11	133.90	3	3
1	A	115	GLN	N-CA-CB	-5.78	100.20	110.60	8	5
1	A	82	TRP	NE1-CE2-CZ2	5.77	136.75	130.40	12	4
1	A	77	GLU	CB-CA-C	-5.77	98.86	110.40	16	4
1	A	38	LEU	CB-CA-C	-5.76	99.25	110.20	1	15
1	A	59	ASP	CB-CG-OD1	-5.76	113.12	118.30	9	1
1	A	5	THR	CA-CB-OG1	-5.75	96.92	109.00	9	8
1	A	80	GLY	O-C-N	5.72	131.85	122.70	5	2
1	A	123	GLU	CB-CA-C	-5.67	99.06	110.40	8	10
1	A	128	PHE	CB-CA-C	-5.64	99.11	110.40	4	2
1	A	131	GLU	OE1-CD-OE2	-5.64	116.53	123.30	15	1
1	A	128	PHE	CG-CD1-CE1	5.64	127.00	120.80	11	4
1	A	2	PHE	CB-CG-CD2	-5.61	116.87	120.80	1	3
1	A	55	PHE	CB-CG-CD1	5.56	124.69	120.80	8	3
1	A	19	GLU	CB-CA-C	-5.53	99.35	110.40	17	4
1	A	47	PHE	N-CA-CB	5.52	120.54	110.60	1	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)	Models	
								Worst	Total
1	A	87	ASN	N-CA-CB	5.51	120.51	110.60	15	1
1	A	123	GLU	OE1-CD-OE2	-5.46	116.75	123.30	7	2
1	A	119	TYR	CG-CD1-CE1	-5.44	116.95	121.30	17	2
1	A	123	GLU	O-C-N	5.42	131.38	122.70	10	1
1	A	93	PHE	CA-C-N	-5.41	105.30	117.20	6	19
1	A	94	LYS	O-C-N	5.41	131.35	122.70	1	6
1	A	93	PHE	CG-CD1-CE1	5.38	126.72	120.80	8	1
1	A	81	THR	CA-C-O	5.32	131.28	120.10	15	2
1	A	82	TRP	CB-CG-CD1	5.31	133.90	127.00	8	1
1	A	114	ILE	CB-CA-C	-5.26	101.08	111.60	5	4
1	A	98	ASN	N-CA-C	5.23	125.11	111.00	1	1
1	A	117	TYR	CG-CD1-CE1	5.22	125.48	121.30	5	1
1	A	118	THR	CA-CB-CG2	-5.21	105.10	112.40	18	3
1	A	74	ASP	N-CA-CB	5.21	119.98	110.60	20	4
1	A	56	ARG	O-C-N	5.21	131.03	122.70	6	2
1	A	101	GLU	CG-CD-OE1	-5.19	107.92	118.30	10	2
1	A	113	LEU	N-CA-CB	5.19	120.78	110.40	19	1
1	A	82	TRP	CE2-CD2-CE3	-5.18	112.48	118.70	9	1
1	A	107	GLU	CB-CA-C	-5.18	100.05	110.40	16	1
1	A	128	PHE	CG-CD2-CE2	5.17	126.49	120.80	14	1
1	A	14	TYR	CD1-CG-CD2	-5.15	112.24	117.90	10	1
1	A	74	ASP	CB-CG-OD1	5.14	122.93	118.30	1	2
1	A	101	GLU	CG-CD-OE2	5.14	128.59	118.30	10	1
1	A	127	ILE	O-C-N	5.13	130.91	122.70	10	2
1	A	50	LYS	O-C-N	5.11	130.87	122.70	1	1
1	A	14	TYR	CG-CD1-CE1	5.10	125.38	121.30	10	1
1	A	82	TRP	CA-CB-CG	5.09	123.36	113.70	6	1
1	A	82	TRP	CB-CA-C	-5.07	100.26	110.40	5	1
1	A	76	THR	O-C-N	5.06	130.80	122.70	17	1
1	A	126	ARG	O-C-N	5.06	130.80	122.70	7	1
1	A	102	LEU	CB-CG-CD2	-5.05	102.42	111.00	20	1
1	A	83	THR	N-CA-CB	5.04	119.88	110.30	19	1
1	A	12	GLU	CG-CD-OE1	5.04	128.37	118.30	2	1
1	A	6	TRP	CB-CA-C	-5.03	100.35	110.40	16	1
1	A	7	LYS	CB-CG-CD	5.02	124.65	111.60	6	1
1	A	17	PHE	CB-CG-CD2	-5.01	117.29	120.80	12	1
1	A	123	GLU	CG-CD-OE1	-5.01	108.27	118.30	11	1
1	A	43	GLU	CG-CD-OE1	5.01	128.32	118.30	17	1

There are no chirality outliers.

All unique planar outliers are listed below.

Mol	Chain	Res	Type	Group	Models (Total)
1	A	14	TYR	Sidechain	1

## 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	986	983	983	221±20
All	All	19720	19660	19660	4419

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 112.

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:TRP:CG	1:A:113:LEU:HD11	1.18	1.71	13	18
1:A:6:TRP:CD2	1:A:113:LEU:HD21	1.12	1.78	16	3
1:A:78:LEU:HD21	1:A:102:LEU:HD13	1.07	1.19	7	14
1:A:95:ARG:CZ	1:A:102:LEU:HD11	1.04	1.83	3	4
1:A:1:ALA:HB1	1:A:108:ILE:CG2	1.01	1.84	5	3
1:A:6:TRP:CZ2	1:A:108:ILE:HD11	1.01	1.91	5	19
1:A:90:VAL:HG12	1:A:103:ILE:HD12	1.00	1.24	19	13
1:A:5:THR:OG1	1:A:131:GLU:N	0.98	1.95	20	20
1:A:8:VAL:HG22	1:A:10:ARG:NH2	0.95	1.77	12	1
1:A:90:VAL:CG1	1:A:103:ILE:HD12	0.95	1.91	19	11
1:A:78:LEU:HD23	1:A:93:PHE:CD2	0.95	1.97	4	2
1:A:6:TRP:CG	1:A:113:LEU:HD21	0.95	1.97	16	4
1:A:6:TRP:HB3	1:A:113:LEU:HD11	0.94	1.38	7	10
1:A:78:LEU:CD2	1:A:102:LEU:HD13	0.94	1.93	7	8
1:A:17:PHE:CE2	1:A:102:LEU:HD23	0.94	1.97	16	4
1:A:7:LYS:HG3	1:A:130:LYS:N	0.91	1.80	4	19
1:A:13:ASN:O	1:A:14:TYR:HB3	0.91	1.64	10	1
1:A:6:TRP:CB	1:A:113:LEU:HD11	0.90	1.95	3	16
1:A:6:TRP:CD1	1:A:40:ILE:HD12	0.90	2.02	19	6
1:A:89:LEU:O	1:A:105:VAL:HG13	0.89	1.65	6	10
1:A:105:VAL:CG2	1:A:116:THR:HB	0.89	1.97	16	2
1:A:78:LEU:HD23	1:A:93:PHE:CE2	0.89	2.02	4	2
1:A:6:TRP:CD2	1:A:113:LEU:HD11	0.89	2.02	15	16

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:6:TRP:CZ3	1:A:113:LEU:HD11	0.89	2.03	16	1
1:A:84:MET:CG	1:A:90:VAL:HG23	0.89	1.96	6	1
1:A:7:LYS:HG3	1:A:129:LYS:C	0.89	1.89	16	16
1:A:95:ARG:NH2	1:A:99:GLY:N	0.88	2.21	11	3
1:A:17:PHE:CE1	1:A:102:LEU:HD23	0.88	2.03	15	7
1:A:6:TRP:CE3	1:A:113:LEU:HD11	0.88	2.03	16	1
1:A:95:ARG:CD	1:A:102:LEU:HD11	0.88	1.98	12	2
1:A:89:LEU:HD13	1:A:106:ARG:HB2	0.88	1.44	12	3
1:A:90:VAL:HA	1:A:105:VAL:HG12	0.87	1.45	16	1
1:A:116:THR:HG23	1:A:123:GLU:CD	0.87	1.90	14	19
1:A:90:VAL:O	1:A:92:LYS:N	0.87	2.06	7	2
1:A:13:ASN:C	1:A:14:TYR:CD2	0.87	2.48	10	1
1:A:78:LEU:HD21	1:A:102:LEU:CD1	0.87	1.98	15	11
1:A:7:LYS:HD3	1:A:129:LYS:CB	0.86	2.01	6	10
1:A:84:MET:HB3	1:A:89:LEU:HD12	0.85	1.46	11	4
1:A:117:TYR:HB2	1:A:124:ALA:HB3	0.85	1.46	8	1
1:A:14:TYR:CZ	1:A:122:VAL:HG11	0.85	2.06	10	1
1:A:89:LEU:HD13	1:A:106:ARG:CB	0.85	2.01	2	3
1:A:2:PHE:HA	1:A:108:ILE:HD13	0.84	1.48	1	2
1:A:113:LEU:HD22	1:A:128:PHE:CB	0.84	2.01	16	1
1:A:7:LYS:HB2	1:A:129:LYS:CB	0.83	2.03	10	20
1:A:107:GLU:O	1:A:108:ILE:HG22	0.83	1.73	10	15
1:A:78:LEU:HD11	1:A:102:LEU:HD12	0.83	1.51	17	1
1:A:6:TRP:CE2	1:A:108:ILE:HD11	0.82	2.08	7	3
1:A:113:LEU:HD12	1:A:128:PHE:HB3	0.82	1.52	6	16
1:A:95:ARG:NH2	1:A:102:LEU:HD11	0.81	1.88	17	1
1:A:106:ARG:HG2	1:A:113:LEU:HD22	0.81	1.51	18	19
1:A:105:VAL:HG12	1:A:107:GLU:H	0.81	1.32	18	10
1:A:10:ARG:C	1:A:10:ARG:HD2	0.81	1.96	12	1
1:A:78:LEU:HD11	1:A:102:LEU:HD22	0.80	1.54	1	3
1:A:113:LEU:HD22	1:A:128:PHE:HB2	0.80	1.53	16	1
1:A:93:PHE:CD2	1:A:101:GLU:N	0.80	2.50	5	1
1:A:114:ILE:O	1:A:116:THR:N	0.79	2.15	17	9
1:A:104:ALA:HB2	1:A:117:TYR:CD2	0.79	2.13	19	9
1:A:93:PHE:CE2	1:A:101:GLU:HG2	0.79	2.12	12	8
1:A:17:PHE:CZ	1:A:102:LEU:HD23	0.79	2.12	16	9
1:A:93:PHE:CD2	1:A:101:GLU:HA	0.79	2.13	18	16
1:A:64:LEU:HD12	1:A:83:THR:HG22	0.78	1.55	14	2
1:A:5:THR:HA	1:A:39:THR:HG23	0.78	1.56	19	20
1:A:7:LYS:O	1:A:9:ASP:N	0.78	2.15	16	2
1:A:6:TRP:CG	1:A:113:LEU:CD1	0.78	2.67	10	6

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:105:VAL:HG12	1:A:107:GLU:N	0.77	1.94	20	9
1:A:95:ARG:NH1	1:A:102:LEU:HD11	0.77	1.93	3	2
1:A:14:TYR:OH	1:A:122:VAL:HG11	0.77	1.80	10	1
1:A:113:LEU:HD12	1:A:128:PHE:CB	0.77	2.10	1	10
1:A:2:PHE:CZ	1:A:89:LEU:HD12	0.77	2.15	2	1
1:A:112:GLU:HB3	1:A:114:ILE:HD13	0.77	1.57	6	1
1:A:116:THR:O	1:A:116:THR:HG22	0.77	1.78	12	9
1:A:48:THR:HA	1:A:61:VAL:HG13	0.76	1.57	7	6
1:A:105:VAL:HG22	1:A:116:THR:HB	0.76	1.55	7	3
1:A:95:ARG:HH12	1:A:98:ASN:N	0.76	1.79	7	3
1:A:13:ASN:O	1:A:14:TYR:CB	0.76	2.31	10	1
1:A:76:THR:HG21	1:A:97:ASP:CB	0.76	2.10	5	4
1:A:7:LYS:CB	1:A:129:LYS:HB2	0.76	2.10	13	9
1:A:13:ASN:HB3	1:A:124:ALA:HB2	0.76	1.58	8	1
1:A:126:ARG:C	1:A:127:ILE:HD13	0.76	2.02	3	16
1:A:130:LYS:HG2	1:A:131:GLU:N	0.75	1.94	14	20
1:A:106:ARG:O	1:A:108:ILE:N	0.75	2.18	5	19
1:A:10:ARG:HG2	1:A:126:ARG:C	0.75	2.02	12	1
1:A:101:GLU:C	1:A:119:TYR:HA	0.75	2.02	1	20
1:A:64:LEU:HB3	1:A:83:THR:HG22	0.75	1.57	19	6
1:A:38:LEU:HD13	1:A:106:ARG:CZ	0.75	2.12	6	1
1:A:76:THR:HG21	1:A:97:ASP:HB2	0.75	1.59	5	5
1:A:46:LYS:HG3	1:A:61:VAL:HG12	0.75	1.59	7	4
1:A:102:LEU:O	1:A:117:TYR:CA	0.75	2.35	8	15
1:A:85:GLU:N	1:A:88:LYS:O	0.75	2.20	6	5
1:A:84:MET:CB	1:A:89:LEU:HA	0.75	2.11	16	20
1:A:92:LYS:HA	1:A:103:ILE:HD13	0.75	1.56	13	13
1:A:105:VAL:HG13	1:A:116:THR:HB	0.75	1.59	12	6
1:A:116:THR:HG22	1:A:116:THR:O	0.75	1.80	19	10
1:A:116:THR:HG23	1:A:123:GLU:OE2	0.75	1.82	8	5
1:A:7:LYS:CD	1:A:129:LYS:HB2	0.75	2.10	3	6
1:A:105:VAL:HG23	1:A:106:ARG:N	0.75	1.97	5	2
1:A:6:TRP:CE3	1:A:113:LEU:HD21	0.74	2.17	16	1
1:A:89:LEU:HD22	1:A:106:ARG:HB2	0.74	1.59	5	1
1:A:103:ILE:O	1:A:103:ILE:HG22	0.74	1.80	8	3
1:A:95:ARG:NE	1:A:102:LEU:HD11	0.74	1.96	15	5
1:A:8:VAL:HG13	1:A:115:GLN:NE2	0.74	1.97	16	1
1:A:109:SER:N	1:A:112:GLU:HG3	0.74	1.97	4	3
1:A:38:LEU:HD12	1:A:40:ILE:CG1	0.74	2.13	3	3
1:A:90:VAL:HG12	1:A:103:ILE:CD1	0.74	2.11	11	8
1:A:105:VAL:HG21	1:A:116:THR:HB	0.74	1.59	5	1

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:72:LEU:HD22	1:A:72:LEU:C	0.74	2.02	4	4
1:A:5:THR:HG23	1:A:131:GLU:C	0.73	2.03	15	4
1:A:116:THR:HG23	1:A:123:GLU:OE1	0.73	1.83	3	9
1:A:69:ALA:HB1	1:A:77:GLU:HG2	0.73	1.59	9	1
1:A:7:LYS:HB2	1:A:129:LYS:CA	0.73	2.14	12	20
1:A:115:GLN:HG2	1:A:128:PHE:CE1	0.73	2.17	16	1
1:A:7:LYS:O	1:A:129:LYS:N	0.73	2.22	12	2
1:A:93:PHE:CE2	1:A:101:GLU:HB3	0.73	2.18	14	12
1:A:102:LEU:O	1:A:118:THR:N	0.73	2.22	17	19
1:A:7:LYS:HD3	1:A:129:LYS:C	0.73	2.04	9	9
1:A:89:LEU:HD23	1:A:106:ARG:HB2	0.73	1.60	18	4
1:A:6:TRP:HB3	1:A:113:LEU:CD1	0.73	2.13	4	16
1:A:48:THR:CA	1:A:61:VAL:HG13	0.72	2.14	18	5
1:A:10:ARG:HG2	1:A:126:ARG:CB	0.72	2.13	12	1
1:A:84:MET:HB3	1:A:89:LEU:HD23	0.72	1.61	8	4
1:A:93:PHE:CE1	1:A:101:GLU:HG2	0.72	2.19	5	12
1:A:38:LEU:HD12	1:A:40:ILE:HG13	0.72	1.61	3	1
1:A:5:THR:OG1	1:A:131:GLU:C	0.72	2.28	2	16
1:A:89:LEU:C	1:A:105:VAL:HG13	0.72	2.04	8	9
1:A:103:ILE:O	1:A:105:VAL:N	0.72	2.22	10	20
1:A:14:TYR:CD1	1:A:16:LYS:CB	0.71	2.73	10	1
1:A:72:LEU:HD22	1:A:72:LEU:O	0.71	1.84	18	3
1:A:89:LEU:HD13	1:A:106:ARG:HB3	0.71	1.62	2	1
1:A:78:LEU:HD11	1:A:102:LEU:HD13	0.71	1.61	3	6
1:A:7:LYS:HB2	1:A:129:LYS:N	0.71	2.00	1	19
1:A:78:LEU:CG	1:A:102:LEU:HD13	0.71	2.15	11	7
1:A:72:LEU:HD13	1:A:73:ALA:N	0.71	2.01	18	3
1:A:95:ARG:N	1:A:95:ARG:NE	0.71	2.39	7	3
1:A:108:ILE:HD12	1:A:113:LEU:HD23	0.71	1.62	19	8
1:A:7:LYS:CD	1:A:129:LYS:HB3	0.71	2.15	4	5
1:A:46:LYS:CG	1:A:47:PHE:N	0.71	2.53	14	19
1:A:8:VAL:HG13	1:A:115:GLN:OE1	0.71	1.84	15	1
1:A:77:GLU:HB2	1:A:95:ARG:O	0.71	1.86	7	2
1:A:79:THR:HG22	1:A:94:LYS:O	0.70	1.86	7	4
1:A:38:LEU:HD21	1:A:106:ARG:NH1	0.70	2.01	16	5
1:A:17:PHE:CD1	1:A:102:LEU:HD21	0.70	2.22	8	1
1:A:82:TRP:O	1:A:83:THR:HG23	0.70	1.87	4	3
1:A:93:PHE:CG	1:A:94:LYS:N	0.70	2.48	5	1
1:A:7:LYS:CD	1:A:129:LYS:C	0.70	2.60	14	14
1:A:93:PHE:CZ	1:A:101:GLU:CG	0.70	2.75	5	5
1:A:112:GLU:N	1:A:112:GLU:CD	0.70	2.45	7	4

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:93:PHE:CE2	1:A:101:GLU:CG	0.70	2.74	3	9
1:A:13:ASN:N	1:A:14:TYR:CE2	0.70	2.60	8	1
1:A:93:PHE:CD2	1:A:101:GLU:CB	0.69	2.75	1	11
1:A:80:GLY:O	1:A:81:THR:HG23	0.69	1.87	5	3
1:A:84:MET:HG3	1:A:90:VAL:HG23	0.69	1.63	6	1
1:A:5:THR:HG21	1:A:131:GLU:O	0.69	1.87	5	12
1:A:106:ARG:HG2	1:A:113:LEU:HD13	0.69	1.61	12	3
1:A:7:LYS:HD3	1:A:129:LYS:HB2	0.69	1.63	6	3
1:A:21:MET:HE1	1:A:119:TYR:CB	0.69	2.18	19	3
1:A:5:THR:OG1	1:A:131:GLU:CA	0.69	2.40	14	19
1:A:129:LYS:O	1:A:130:LYS:O	0.69	2.10	19	20
1:A:72:LEU:O	1:A:72:LEU:HD22	0.69	1.88	10	4
1:A:6:TRP:CG	1:A:113:LEU:CD2	0.69	2.76	16	1
1:A:95:ARG:HD2	1:A:100:LYS:HB2	0.69	1.62	11	3
1:A:93:PHE:CD2	1:A:101:GLU:HG2	0.69	2.23	13	8
1:A:46:LYS:HG2	1:A:47:PHE:N	0.69	2.03	10	10
1:A:17:PHE:HZ	1:A:102:LEU:HD23	0.69	1.48	14	2
1:A:91:GLY:HA3	1:A:104:ALA:HB3	0.69	1.65	19	12
1:A:108:ILE:CD1	1:A:113:LEU:HD23	0.69	2.18	19	3
1:A:6:TRP:CE3	1:A:130:LYS:HB2	0.69	2.22	16	8
1:A:21:MET:CE	1:A:102:LEU:HD21	0.69	2.18	14	1
1:A:7:LYS:CD	1:A:129:LYS:CB	0.69	2.71	15	6
1:A:14:TYR:HA	1:A:17:PHE:CE2	0.68	2.23	8	1
1:A:9:ASP:HB2	1:A:128:PHE:O	0.68	1.87	1	19
1:A:93:PHE:CE2	1:A:101:GLU:C	0.68	2.67	20	3
1:A:6:TRP:O	1:A:7:LYS:HG2	0.68	1.89	20	19
1:A:93:PHE:CE1	1:A:101:GLU:CG	0.68	2.76	19	4
1:A:112:GLU:O	1:A:113:LEU:HD12	0.68	1.88	16	1
1:A:92:LYS:C	1:A:93:PHE:CD2	0.68	2.66	15	4
1:A:107:GLU:HB2	1:A:114:ILE:CG1	0.68	2.18	6	5
1:A:40:ILE:HD11	1:A:106:ARG:CD	0.68	2.18	6	1
1:A:72:LEU:O	1:A:72:LEU:HD13	0.68	1.88	17	9
1:A:78:LEU:HA	1:A:95:ARG:CB	0.68	2.19	11	1
1:A:93:PHE:CE2	1:A:103:ILE:HD11	0.68	2.24	10	10
1:A:93:PHE:CD1	1:A:93:PHE:C	0.68	2.67	8	10
1:A:93:PHE:CZ	1:A:101:GLU:HB3	0.68	2.24	19	3
1:A:7:LYS:HB2	1:A:129:LYS:HB2	0.68	1.65	16	12
1:A:46:LYS:HD2	1:A:61:VAL:HG12	0.68	1.65	18	1
1:A:104:ALA:HA	1:A:117:TYR:CD1	0.68	2.24	8	4
1:A:93:PHE:CE2	1:A:101:GLU:HA	0.68	2.24	19	2
1:A:13:ASN:CB	1:A:124:ALA:HB2	0.67	2.19	8	1

Continued on next page...



Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:90:VAL:HA	1:A:105:VAL:HG22	0.67	1.64	1	3
1:A:104:ALA:HB1	1:A:106:ARG:NH2	0.67	2.04	19	2
1:A:6:TRP:CD1	1:A:113:LEU:HD11	0.67	2.23	12	4
1:A:9:ASP:HA	1:A:129:LYS:CG	0.67	2.20	1	9
1:A:14:TYR:CE1	1:A:17:PHE:CE1	0.67	2.83	13	2
1:A:69:ALA:HB1	1:A:77:GLU:CD	0.67	2.10	1	2
1:A:93:PHE:CZ	1:A:101:GLU:HG2	0.67	2.25	5	11
1:A:46:LYS:HD3	1:A:61:VAL:HG12	0.67	1.66	9	1
1:A:14:TYR:CD1	1:A:16:LYS:HB3	0.67	2.24	10	1
1:A:17:PHE:CZ	1:A:117:TYR:CE2	0.67	2.83	8	3
1:A:14:TYR:CE1	1:A:17:PHE:N	0.67	2.62	10	1
1:A:7:LYS:HD3	1:A:129:LYS:HB3	0.67	1.66	5	16
1:A:5:THR:HG21	1:A:131:GLU:HB3	0.67	1.67	20	4
1:A:117:TYR:CB	1:A:124:ALA:HB3	0.67	2.19	8	1
1:A:112:GLU:CG	1:A:114:ILE:HD13	0.67	2.20	20	11
1:A:116:THR:HG23	1:A:123:GLU:HG3	0.67	1.67	5	3
1:A:113:LEU:O	1:A:115:GLN:N	0.66	2.27	13	14
1:A:103:ILE:O	1:A:103:ILE:CG2	0.66	2.43	1	10
1:A:17:PHE:C	1:A:17:PHE:CD1	0.66	2.69	10	4
1:A:84:MET:HB3	1:A:89:LEU:CA	0.66	2.19	6	1
1:A:127:ILE:HG23	1:A:128:PHE:CD2	0.66	2.25	19	17
1:A:64:LEU:CB	1:A:83:THR:HG22	0.66	2.21	19	2
1:A:8:VAL:HG22	1:A:10:ARG:CZ	0.66	2.20	12	1
1:A:113:LEU:C	1:A:114:ILE:HG12	0.66	2.10	17	6
1:A:6:TRP:CD1	1:A:113:LEU:HD21	0.66	2.26	7	3
1:A:127:ILE:CG2	1:A:128:PHE:N	0.66	2.59	4	20
1:A:6:TRP:CH2	1:A:108:ILE:HD11	0.66	2.25	16	10
1:A:93:PHE:CZ	1:A:101:GLU:CB	0.66	2.79	19	3
1:A:10:ARG:CG	1:A:126:ARG:CB	0.66	2.73	12	1
1:A:117:TYR:CD1	1:A:124:ALA:HB3	0.66	2.26	9	7
1:A:53:SER:O	1:A:55:PHE:N	0.66	2.28	6	4
1:A:93:PHE:CD2	1:A:101:GLU:HB3	0.66	2.26	1	11
1:A:58:ILE:HG23	1:A:59:ASP:N	0.66	2.06	17	12
1:A:72:LEU:HB2	1:A:78:LEU:HD11	0.66	1.66	2	5
1:A:95:ARG:CZ	1:A:102:LEU:HG	0.66	2.21	18	1
1:A:17:PHE:CD2	1:A:119:TYR:CD1	0.66	2.83	12	1
1:A:48:THR:HA	1:A:61:VAL:HG22	0.66	1.66	10	3
1:A:95:ARG:HH22	1:A:99:GLY:N	0.65	1.88	11	2
1:A:46:LYS:HD2	1:A:61:VAL:HG23	0.65	1.68	20	2
1:A:40:ILE:HD11	1:A:106:ARG:HD2	0.65	1.66	6	1
1:A:105:VAL:HG23	1:A:107:GLU:H	0.65	1.49	7	3

Continued on next page...



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:5:THR:CB	1:A:131:GLU:C	0.65	2.65	5	10
1:A:21:MET:HE1	1:A:119:TYR:HB3	0.65	1.67	19	2
1:A:5:THR:O	1:A:6:TRP:CD2	0.65	2.50	16	15
1:A:18:MET:O	1:A:23:ILE:HD13	0.65	1.90	17	3
1:A:108:ILE:HD12	1:A:113:LEU:CD2	0.65	2.22	1	8
1:A:95:ARG:NH2	1:A:102:LEU:HG	0.64	2.06	18	1
1:A:17:PHE:CZ	1:A:117:TYR:CD2	0.64	2.85	8	10
1:A:84:MET:CB	1:A:90:VAL:HG23	0.64	2.21	6	1
1:A:82:TRP:CE3	1:A:91:GLY:HA2	0.64	2.27	12	18
1:A:128:PHE:CD1	1:A:128:PHE:C	0.64	2.69	14	8
1:A:17:PHE:CE2	1:A:102:LEU:HD22	0.64	2.27	17	1
1:A:113:LEU:HB3	1:A:128:PHE:CD1	0.64	2.27	16	1
1:A:78:LEU:HD11	1:A:102:LEU:CD1	0.64	2.21	17	1
1:A:6:TRP:C	1:A:7:LYS:CG	0.64	2.66	15	20
1:A:6:TRP:HA	1:A:130:LYS:HA	0.64	1.70	16	17
1:A:102:LEU:O	1:A:117:TYR:HA	0.64	1.92	8	1
1:A:7:LYS:H	1:A:129:LYS:N	0.64	1.89	16	1
1:A:2:PHE:N	1:A:108:ILE:HD13	0.64	2.07	2	4
1:A:5:THR:CB	1:A:131:GLU:HB3	0.64	2.23	19	5
1:A:13:ASN:C	1:A:14:TYR:CD1	0.64	2.71	8	1
1:A:109:SER:N	1:A:112:GLU:CG	0.64	2.60	7	5
1:A:95:ARG:CD	1:A:100:LYS:HB2	0.64	2.22	11	9
1:A:43:GLU:CB	1:A:46:LYS:CD	0.64	2.75	17	4
1:A:2:PHE:H	1:A:108:ILE:HD13	0.64	1.53	14	4
1:A:64:LEU:HB3	1:A:83:THR:HG23	0.64	1.70	8	1
1:A:2:PHE:HB2	1:A:40:ILE:HG21	0.63	1.68	5	1
1:A:72:LEU:HD13	1:A:72:LEU:O	0.63	1.92	4	3
1:A:77:GLU:O	1:A:95:ARG:NE	0.63	2.32	2	6
1:A:93:PHE:CG	1:A:101:GLU:HA	0.63	2.28	14	18
1:A:117:TYR:CE2	1:A:124:ALA:HB3	0.63	2.28	20	2
1:A:7:LYS:N	1:A:128:PHE:HB3	0.63	2.08	16	1
1:A:14:TYR:CE1	1:A:117:TYR:CZ	0.63	2.86	13	2
1:A:93:PHE:C	1:A:93:PHE:CD1	0.63	2.71	19	8
1:A:84:MET:HG3	1:A:90:VAL:CG2	0.63	2.23	6	1
1:A:12:GLU:C	1:A:14:TYR:CD2	0.63	2.71	8	1
1:A:6:TRP:CZ2	1:A:108:ILE:CD1	0.63	2.81	2	14
1:A:78:LEU:HD23	1:A:93:PHE:CZ	0.63	2.28	2	1
1:A:78:LEU:HG	1:A:102:LEU:HD13	0.63	1.70	11	1
1:A:108:ILE:CG1	1:A:112:GLU:HG2	0.63	2.24	19	4
1:A:8:VAL:HG23	1:A:128:PHE:CE2	0.63	2.29	16	1
1:A:78:LEU:HD21	1:A:102:LEU:HD12	0.63	1.71	3	5

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:10:ARG:NE	1:A:127:ILE:C	0.63	2.52	12	1
1:A:5:THR:HA	1:A:39:THR:CG2	0.63	2.23	19	20
1:A:23:ILE:HG23	1:A:74:ASP:OD2	0.63	1.94	10	1
1:A:93:PHE:CZ	1:A:94:LYS:CG	0.63	2.82	5	1
1:A:5:THR:CG2	1:A:131:GLU:HB3	0.62	2.24	20	4
1:A:10:ARG:HG2	1:A:126:ARG:HB3	0.62	1.70	12	1
1:A:89:LEU:CD2	1:A:106:ARG:HB2	0.62	2.24	5	1
1:A:126:ARG:C	1:A:127:ILE:CD1	0.62	2.67	13	19
1:A:93:PHE:CD2	1:A:102:LEU:N	0.62	2.68	20	3
1:A:17:PHE:CE1	1:A:102:LEU:CD2	0.62	2.82	10	3
1:A:2:PHE:CG	1:A:108:ILE:HG21	0.62	2.29	1	2
1:A:2:PHE:CE1	1:A:89:LEU:HD12	0.62	2.29	2	1
1:A:93:PHE:CE2	1:A:101:GLU:CA	0.62	2.82	19	3
1:A:93:PHE:CZ	1:A:103:ILE:CD1	0.62	2.82	20	1
1:A:103:ILE:O	1:A:105:VAL:HG23	0.62	1.94	1	3
1:A:78:LEU:HD12	1:A:95:ARG:HE	0.62	1.53	2	1
1:A:72:LEU:C	1:A:72:LEU:HD22	0.62	2.13	16	3
1:A:106:ARG:NE	1:A:128:PHE:CZ	0.62	2.68	16	1
1:A:95:ARG:NH2	1:A:102:LEU:HD21	0.62	2.09	15	1
1:A:2:PHE:CD2	1:A:108:ILE:HG21	0.62	2.30	19	2
1:A:114:ILE:O	1:A:125:LYS:HB3	0.62	1.95	7	7
1:A:17:PHE:CE2	1:A:117:TYR:CE2	0.62	2.88	10	1
1:A:95:ARG:H	1:A:95:ARG:NE	0.62	1.92	7	2
1:A:96:VAL:HG12	1:A:97:ASP:N	0.62	2.10	12	1
1:A:93:PHE:CE2	1:A:103:ILE:CD1	0.61	2.83	10	11
1:A:93:PHE:CE2	1:A:103:ILE:HD13	0.61	2.30	20	3
1:A:66:VAL:C	1:A:81:THR:HG21	0.61	2.16	19	1
1:A:7:LYS:CG	1:A:129:LYS:C	0.61	2.69	10	16
1:A:127:ILE:CG2	1:A:128:PHE:CD2	0.61	2.83	19	12
1:A:116:THR:HG23	1:A:123:GLU:CG	0.61	2.25	5	4
1:A:128:PHE:C	1:A:128:PHE:CD1	0.61	2.73	5	11
1:A:95:ARG:O	1:A:97:ASP:N	0.61	2.33	7	4
1:A:103:ILE:CG2	1:A:105:VAL:HG23	0.61	2.26	20	6
1:A:17:PHE:CE2	1:A:117:TYR:CD2	0.61	2.88	20	3
1:A:79:THR:HG22	1:A:80:GLY:N	0.61	2.10	3	2
1:A:6:TRP:CE3	1:A:113:LEU:CD1	0.61	2.83	16	2
1:A:84:MET:CG	1:A:90:VAL:CG2	0.61	2.77	6	1
1:A:6:TRP:C	1:A:7:LYS:HG2	0.61	2.16	19	16
1:A:78:LEU:CD2	1:A:93:PHE:CD2	0.61	2.83	2	2
1:A:90:VAL:HG12	1:A:103:ILE:HD13	0.61	1.73	2	3
1:A:95:ARG:CZ	1:A:100:LYS:HB2	0.61	2.26	8	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:88:LYS:CB	1:A:107:GLU:HA	0.61	2.25	19	17
1:A:119:TYR:CE1	1:A:122:VAL:HB	0.61	2.31	16	7
1:A:40:ILE:HG23	1:A:47:PHE:CD2	0.61	2.30	16	2
1:A:95:ARG:CZ	1:A:102:LEU:HD21	0.61	2.26	15	1
1:A:10:ARG:CD	1:A:127:ILE:N	0.61	2.63	12	1
1:A:95:ARG:NH1	1:A:100:LYS:HB3	0.61	2.10	18	1
1:A:93:PHE:CE1	1:A:94:LYS:HG3	0.61	2.31	5	1
1:A:10:ARG:NE	1:A:127:ILE:N	0.61	2.48	12	1
1:A:14:TYR:CD1	1:A:17:PHE:N	0.61	2.69	10	1
1:A:93:PHE:CZ	1:A:94:LYS:HG3	0.61	2.31	5	1
1:A:93:PHE:CE2	1:A:103:ILE:HG12	0.61	2.31	18	14
1:A:66:VAL:O	1:A:81:THR:HG21	0.61	1.94	19	1
1:A:93:PHE:HE2	1:A:103:ILE:HD11	0.60	1.56	8	3
1:A:13:ASN:O	1:A:14:TYR:CD1	0.60	2.54	8	1
1:A:7:LYS:O	1:A:128:PHE:HA	0.60	1.95	12	2
1:A:7:LYS:HB2	1:A:129:LYS:H	0.60	1.56	8	17
1:A:5:THR:CG2	1:A:131:GLU:C	0.60	2.69	15	12
1:A:93:PHE:CD1	1:A:101:GLU:HG3	0.60	2.30	16	8
1:A:103:ILE:HG23	1:A:105:VAL:HG23	0.60	1.73	20	3
1:A:43:GLU:HB2	1:A:46:LYS:CD	0.60	2.26	17	3
1:A:65:GLY:O	1:A:66:VAL:HG22	0.60	1.97	16	1
1:A:7:LYS:O	1:A:8:VAL:C	0.60	2.38	16	1
1:A:93:PHE:CD2	1:A:101:GLU:CA	0.60	2.85	14	14
1:A:84:MET:HB3	1:A:89:LEU:HA	0.60	1.73	19	14
1:A:71:SER:HA	1:A:77:GLU:HA	0.60	1.72	10	3
1:A:102:LEU:O	1:A:103:ILE:HB	0.60	1.96	8	16
1:A:88:LYS:HA	1:A:107:GLU:O	0.60	1.96	6	4
1:A:93:PHE:HB3	1:A:102:LEU:HD12	0.60	1.72	19	1
1:A:85:GLU:HB2	1:A:88:LYS:CG	0.60	2.26	6	1
1:A:107:GLU:CB	1:A:114:ILE:HG13	0.60	2.26	10	17
1:A:6:TRP:O	1:A:37:LYS:HA	0.60	1.96	1	15
1:A:7:LYS:HD3	1:A:129:LYS:O	0.60	1.97	19	9
1:A:78:LEU:HD12	1:A:95:ARG:NE	0.60	2.11	2	2
1:A:72:LEU:HD23	1:A:72:LEU:O	0.60	1.97	7	1
1:A:6:TRP:CD2	1:A:113:LEU:CD1	0.60	2.84	10	16
1:A:95:ARG:O	1:A:96:VAL:HG23	0.60	1.96	12	6
1:A:7:LYS:CD	1:A:129:LYS:O	0.60	2.49	18	12
1:A:10:ARG:HB2	1:A:126:ARG:HB3	0.60	1.74	4	14
1:A:103:ILE:HG23	1:A:105:VAL:CG2	0.60	2.27	20	5
1:A:106:ARG:NE	1:A:115:GLN:NE2	0.60	2.49	2	3
1:A:95:ARG:NH2	1:A:99:GLY:CA	0.60	2.64	11	2

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:2:PHE:CE1	1:A:40:ILE:CD1	0.60	2.85	8	3
1:A:10:ARG:CZ	1:A:127:ILE:H	0.60	2.09	12	1
1:A:64:LEU:C	1:A:83:THR:HG22	0.60	2.17	6	1
1:A:8:VAL:CG2	1:A:128:PHE:CE2	0.59	2.85	16	1
1:A:14:TYR:HA	1:A:17:PHE:HB3	0.59	1.73	13	4
1:A:104:ALA:CB	1:A:117:TYR:CD2	0.59	2.85	14	3
1:A:128:PHE:O	1:A:128:PHE:CD1	0.59	2.55	7	10
1:A:72:LEU:HD13	1:A:72:LEU:C	0.59	2.17	8	5
1:A:93:PHE:CB	1:A:101:GLU:HA	0.59	2.27	11	5
1:A:14:TYR:CE1	1:A:16:LYS:HB3	0.59	2.32	10	1
1:A:84:MET:HA	1:A:89:LEU:CA	0.59	2.27	1	15
1:A:47:PHE:CZ	1:A:89:LEU:HD21	0.59	2.31	8	1
1:A:43:GLU:HB2	1:A:46:LYS:HD3	0.59	1.75	17	3
1:A:95:ARG:CZ	1:A:102:LEU:CD1	0.59	2.80	18	2
1:A:13:ASN:N	1:A:14:TYR:CD2	0.59	2.70	8	1
1:A:12:GLU:CG	1:A:125:LYS:CE	0.59	2.80	10	1
1:A:126:ARG:O	1:A:127:ILE:HD13	0.59	1.98	4	12
1:A:6:TRP:CB	1:A:113:LEU:CD1	0.59	2.81	6	10
1:A:5:THR:CB	1:A:131:GLU:CA	0.59	2.80	9	10
1:A:129:LYS:O	1:A:130:LYS:C	0.59	2.41	8	4
1:A:6:TRP:CE2	1:A:113:LEU:HD21	0.59	2.32	13	5
1:A:45:ASN:O	1:A:64:LEU:HD23	0.59	1.97	18	2
1:A:5:THR:OG1	1:A:131:GLU:CB	0.59	2.51	20	4
1:A:120:GLU:O	1:A:120:GLU:HG3	0.59	1.98	11	2
1:A:128:PHE:CD1	1:A:128:PHE:O	0.59	2.56	19	9
1:A:7:LYS:CB	1:A:129:LYS:H	0.59	2.11	3	19
1:A:38:LEU:CD1	1:A:106:ARG:NE	0.58	2.66	6	1
1:A:71:SER:HA	1:A:77:GLU:CA	0.58	2.27	10	15
1:A:5:THR:HB	1:A:131:GLU:HB3	0.58	1.76	9	12
1:A:113:LEU:CD1	1:A:128:PHE:HB3	0.58	2.27	1	8
1:A:8:VAL:O	1:A:8:VAL:HG12	0.58	1.96	1	9
1:A:72:LEU:C	1:A:72:LEU:HD13	0.58	2.19	15	3
1:A:9:ASP:CA	1:A:129:LYS:HG3	0.58	2.28	3	8
1:A:13:ASN:C	1:A:14:TYR:CG	0.58	2.76	8	1
1:A:90:VAL:CG1	1:A:103:ILE:HD13	0.58	2.28	15	1
1:A:117:TYR:CD1	1:A:124:ALA:O	0.58	2.56	5	7
1:A:38:LEU:HD13	1:A:49:VAL:HG13	0.58	1.75	2	2
1:A:5:THR:HB	1:A:131:GLU:CA	0.58	2.28	5	7
1:A:77:GLU:OE2	1:A:96:VAL:HG21	0.58	1.99	7	1
1:A:116:THR:O	1:A:116:THR:CG2	0.58	2.50	19	6
1:A:120:GLU:O	1:A:120:GLU:CG	0.58	2.51	11	4

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:72:LEU:CB	1:A:78:LEU:CD1	0.58	2.82	4	1
1:A:47:PHE:HZ	1:A:89:LEU:HD21	0.58	1.57	8	1
1:A:17:PHE:CE1	1:A:102:LEU:HD21	0.58	2.34	8	3
1:A:109:SER:HB3	1:A:114:ILE:HD11	0.58	1.74	13	5
1:A:77:GLU:O	1:A:95:ARG:NH2	0.58	2.36	10	6
1:A:5:THR:OG1	1:A:131:GLU:HB3	0.58	1.99	19	4
1:A:7:LYS:CG	1:A:129:LYS:HB2	0.58	2.27	3	6
1:A:116:THR:CG2	1:A:116:THR:O	0.58	2.51	13	4
1:A:126:ARG:O	1:A:127:ILE:HB	0.58	1.97	12	17
1:A:88:LYS:HA	1:A:107:GLU:HA	0.58	1.76	5	13
1:A:93:PHE:CD2	1:A:103:ILE:HG12	0.58	2.34	8	11
1:A:2:PHE:CE1	1:A:108:ILE:HB	0.58	2.34	6	3
1:A:23:ILE:HD11	1:A:72:LEU:HD21	0.57	1.75	7	1
1:A:106:ARG:CG	1:A:113:LEU:HD22	0.57	2.28	18	3
1:A:12:GLU:CA	1:A:14:TYR:CD2	0.57	2.86	8	1
1:A:84:MET:CA	1:A:89:LEU:HA	0.57	2.28	1	18
1:A:93:PHE:CD2	1:A:101:GLU:C	0.57	2.78	20	3
1:A:103:ILE:O	1:A:105:VAL:HG12	0.57	1.98	10	2
1:A:93:PHE:CE2	1:A:103:ILE:CG1	0.57	2.87	20	4
1:A:17:PHE:CD1	1:A:102:LEU:CD2	0.57	2.87	8	1
1:A:60:VAL:C	1:A:61:VAL:HG23	0.57	2.20	10	1
1:A:6:TRP:CA	1:A:130:LYS:HA	0.57	2.29	16	16
1:A:38:LEU:O	1:A:38:LEU:HD13	0.57	1.99	3	3
1:A:5:THR:CB	1:A:131:GLU:H	0.57	2.13	4	11
1:A:5:THR:OG1	1:A:6:TRP:N	0.57	2.35	15	4
1:A:81:THR:O	1:A:81:THR:HG23	0.57	2.00	9	1
1:A:103:ILE:CG2	1:A:103:ILE:O	0.57	2.52	11	10
1:A:95:ARG:CG	1:A:100:LYS:HB2	0.57	2.29	5	7
1:A:7:LYS:HG3	1:A:129:LYS:O	0.57	1.99	16	1
1:A:60:VAL:CG1	1:A:62:PHE:CE2	0.57	2.87	16	2
1:A:10:ARG:CB	1:A:126:ARG:HB3	0.57	2.30	6	16
1:A:72:LEU:HD13	1:A:73:ALA:CB	0.57	2.30	10	2
1:A:78:LEU:CG	1:A:102:LEU:CD1	0.57	2.83	3	2
1:A:78:LEU:HA	1:A:95:ARG:HB3	0.57	1.75	11	2
1:A:2:PHE:CE2	1:A:108:ILE:CG2	0.57	2.87	19	2
1:A:7:LYS:O	1:A:128:PHE:C	0.57	2.43	12	1
1:A:103:ILE:HG23	1:A:105:VAL:CG1	0.56	2.30	7	2
1:A:5:THR:CB	1:A:131:GLU:N	0.56	2.68	9	9
1:A:43:GLU:CB	1:A:46:LYS:HD3	0.56	2.30	10	2
1:A:84:MET:CB	1:A:89:LEU:CA	0.56	2.83	6	1
1:A:12:GLU:CG	1:A:125:LYS:HE3	0.56	2.30	10	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:8:VAL:HG22	1:A:115:GLN:NE2	0.56	2.15	18	3
1:A:7:LYS:C	1:A:128:PHE:HA	0.56	2.21	16	3
1:A:12:GLU:HG3	1:A:125:LYS:HE3	0.56	1.75	10	1
1:A:46:LYS:CG	1:A:61:VAL:HG12	0.56	2.29	7	4
1:A:83:THR:O	1:A:90:VAL:N	0.56	2.38	1	17
1:A:78:LEU:CD1	1:A:102:LEU:HD13	0.56	2.30	3	5
1:A:6:TRP:CZ3	1:A:130:LYS:HB2	0.56	2.35	16	1
1:A:2:PHE:HA	1:A:6:TRP:CZ2	0.56	2.36	6	2
1:A:64:LEU:HD21	1:A:84:MET:HG2	0.56	1.77	11	4
1:A:106:ARG:O	1:A:114:ILE:N	0.56	2.39	19	3
1:A:65:GLY:C	1:A:66:VAL:HG23	0.56	2.19	19	2
1:A:84:MET:CB	1:A:89:LEU:C	0.56	2.74	6	1
1:A:14:TYR:CZ	1:A:122:VAL:CG1	0.56	2.86	10	1
1:A:83:THR:O	1:A:90:VAL:HG23	0.56	2.00	7	3
1:A:112:GLU:O	1:A:128:PHE:CD2	0.56	2.58	14	1
1:A:105:VAL:CG2	1:A:107:GLU:HG3	0.56	2.30	2	2
1:A:106:ARG:O	1:A:113:LEU:O	0.56	2.24	18	6
1:A:78:LEU:CD2	1:A:93:PHE:CE2	0.56	2.89	2	1
1:A:38:LEU:HB2	1:A:128:PHE:CE2	0.56	2.36	16	1
1:A:107:GLU:CG	1:A:114:ILE:HG13	0.56	2.30	6	3
1:A:18:MET:C	1:A:23:ILE:HD13	0.56	2.20	17	2
1:A:7:LYS:CB	1:A:129:LYS:CB	0.56	2.84	19	15
1:A:10:ARG:HD3	1:A:126:ARG:HB2	0.56	1.76	12	1
1:A:1:ALA:HB1	1:A:108:ILE:HG21	0.56	1.77	17	2
1:A:38:LEU:HD13	1:A:106:ARG:NE	0.56	2.15	6	1
1:A:116:THR:HA	1:A:123:GLU:CG	0.56	2.31	8	14
1:A:88:LYS:CA	1:A:107:GLU:HA	0.56	2.30	8	19
1:A:95:ARG:HD2	1:A:102:LEU:HD11	0.56	1.74	12	1
1:A:2:PHE:CZ	1:A:108:ILE:HB	0.56	2.36	19	2
1:A:5:THR:HG21	1:A:131:GLU:C	0.56	2.22	5	9
1:A:95:ARG:NH1	1:A:100:LYS:CB	0.56	2.69	18	1
1:A:95:ARG:HG2	1:A:100:LYS:HB2	0.56	1.78	16	7
1:A:48:THR:HG23	1:A:61:VAL:HG22	0.56	1.78	13	1
1:A:17:PHE:CZ	1:A:102:LEU:HD21	0.56	2.35	10	1
1:A:13:ASN:C	1:A:14:TYR:HD2	0.56	2.02	10	1
1:A:93:PHE:CE2	1:A:101:GLU:CB	0.56	2.88	7	7
1:A:103:ILE:HG23	1:A:105:VAL:HG12	0.56	1.77	7	5
1:A:21:MET:HE2	1:A:119:TYR:CD2	0.56	2.36	7	2
1:A:91:GLY:N	1:A:103:ILE:O	0.55	2.38	16	7
1:A:118:THR:HG22	1:A:121:GLY:CA	0.55	2.31	18	4
1:A:17:PHE:CZ	1:A:102:LEU:CD2	0.55	2.89	10	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:108:ILE:O	1:A:108:ILE:CG2	0.55	2.54	7	4
1:A:89:LEU:HD12	1:A:106:ARG:HB2	0.55	1.78	17	3
1:A:60:VAL:HG12	1:A:62:PHE:CD1	0.55	2.36	7	2
1:A:10:ARG:CG	1:A:126:ARG:HB3	0.55	2.31	1	16
1:A:84:MET:HA	1:A:89:LEU:HA	0.55	1.78	10	14
1:A:93:PHE:CE1	1:A:101:GLU:HG3	0.55	2.36	8	3
1:A:95:ARG:NE	1:A:100:LYS:HB2	0.55	2.16	8	2
1:A:95:ARG:NH2	1:A:99:GLY:H	0.55	1.96	11	1
1:A:104:ALA:HB2	1:A:117:TYR:HD2	0.55	1.53	19	2
1:A:47:PHE:CD1	1:A:49:VAL:HG23	0.55	2.35	2	2
1:A:117:TYR:HD1	1:A:124:ALA:HB3	0.55	1.60	3	4
1:A:9:ASP:CA	1:A:129:LYS:CG	0.55	2.85	8	8
1:A:113:LEU:HD13	1:A:128:PHE:HB2	0.55	1.79	16	1
1:A:104:ALA:HB1	1:A:106:ARG:HH22	0.55	1.59	19	2
1:A:62:PHE:CE1	1:A:82:TRP:CE2	0.55	2.93	6	1
1:A:17:PHE:CZ	1:A:117:TYR:HD2	0.55	2.20	10	1
1:A:77:GLU:CB	1:A:95:ARG:O	0.55	2.53	7	1
1:A:108:ILE:CG1	1:A:112:GLU:OE2	0.55	2.54	19	2
1:A:14:TYR:CD1	1:A:117:TYR:CE1	0.55	2.94	13	1
1:A:10:ARG:CD	1:A:126:ARG:HB2	0.55	2.32	12	1
1:A:21:MET:HE3	1:A:95:ARG:HG3	0.55	1.79	8	1
1:A:93:PHE:CD2	1:A:101:GLU:CG	0.55	2.90	9	6
1:A:5:THR:C	1:A:6:TRP:CG	0.55	2.80	16	8
1:A:77:GLU:C	1:A:95:ARG:HB2	0.55	2.22	11	2
1:A:93:PHE:CZ	1:A:101:GLU:CD	0.55	2.79	15	2
1:A:13:ASN:OD1	1:A:122:VAL:HG13	0.55	2.02	10	1
1:A:93:PHE:CZ	1:A:103:ILE:HG12	0.55	2.37	18	3
1:A:95:ARG:CZ	1:A:95:ARG:HB3	0.55	2.32	12	1
1:A:119:TYR:O	1:A:119:TYR:CG	0.55	2.60	16	6
1:A:6:TRP:CZ3	1:A:128:PHE:CD2	0.55	2.94	11	7
1:A:49:VAL:HG22	1:A:60:VAL:O	0.55	2.02	13	2
1:A:23:ILE:N	1:A:23:ILE:CD1	0.54	2.70	5	8
1:A:64:LEU:N	1:A:64:LEU:HD23	0.54	2.17	20	1
1:A:112:GLU:HG3	1:A:114:ILE:HD13	0.54	1.77	16	1
1:A:106:ARG:CD	1:A:128:PHE:CZ	0.54	2.90	16	1
1:A:47:PHE:CZ	1:A:64:LEU:HG	0.54	2.37	15	2
1:A:43:GLU:HB3	1:A:46:LYS:HD2	0.54	1.80	8	2
1:A:96:VAL:C	1:A:98:ASN:N	0.54	2.61	7	6
1:A:124:ALA:C	1:A:125:LYS:HG3	0.54	2.23	1	18
1:A:92:LYS:C	1:A:93:PHE:CG	0.54	2.77	15	8
1:A:68:PHE:O	1:A:70:TYR:N	0.54	2.39	12	1

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:12:GLU:CB	1:A:126:ARG:HG2	0.54	2.32	2	1
1:A:62:PHE:CE2	1:A:82:TRP:CD1	0.54	2.95	2	1
1:A:118:THR:HG22	1:A:121:GLY:H	0.54	1.60	1	4
1:A:105:VAL:CG2	1:A:116:THR:N	0.54	2.71	5	1
1:A:108:ILE:HD12	1:A:113:LEU:HD21	0.54	1.78	12	4
1:A:21:MET:HE1	1:A:119:TYR:HB2	0.54	1.80	5	2
1:A:5:THR:O	1:A:6:TRP:CG	0.54	2.61	3	11
1:A:110:GLY:N	1:A:112:GLU:OE2	0.54	2.41	5	2
1:A:93:PHE:CZ	1:A:103:ILE:HD13	0.54	2.37	20	1
1:A:17:PHE:HE2	1:A:102:LEU:HD23	0.54	1.53	19	2
1:A:47:PHE:O	1:A:49:VAL:HG13	0.54	2.01	11	1
1:A:43:GLU:HB3	1:A:46:LYS:CD	0.54	2.32	10	4
1:A:38:LEU:HG	1:A:106:ARG:CZ	0.54	2.31	17	3
1:A:10:ARG:NE	1:A:127:ILE:H	0.54	2.00	12	1
1:A:1:ALA:CB	1:A:108:ILE:CG2	0.54	2.74	5	1
1:A:105:VAL:HG23	1:A:107:GLU:N	0.54	2.17	7	3
1:A:10:ARG:HB2	1:A:126:ARG:CB	0.54	2.33	4	6
1:A:112:GLU:HG2	1:A:114:ILE:HD13	0.54	1.80	2	6
1:A:7:LYS:N	1:A:129:LYS:N	0.54	2.56	16	1
1:A:8:VAL:HG11	1:A:11:ASN:ND2	0.54	2.17	13	1
1:A:6:TRP:CE2	1:A:108:ILE:CD1	0.54	2.88	7	2
1:A:103:ILE:HG23	1:A:103:ILE:O	0.54	2.03	17	4
1:A:45:ASN:C	1:A:64:LEU:HD22	0.54	2.22	20	1
1:A:9:ASP:HA	1:A:129:LYS:HG3	0.54	1.80	15	6
1:A:10:ARG:C	1:A:126:ARG:HB3	0.54	2.24	10	1
1:A:12:GLU:CD	1:A:125:LYS:CE	0.54	2.77	10	1
1:A:94:LYS:O	1:A:96:VAL:N	0.53	2.41	5	2
1:A:114:ILE:HA	1:A:127:ILE:HD11	0.53	1.80	15	6
1:A:4:GLY:N	1:A:40:ILE:O	0.53	2.41	16	13
1:A:12:GLU:N	1:A:126:ARG:HG3	0.53	2.18	12	6
1:A:117:TYR:CD2	1:A:124:ALA:HB3	0.53	2.38	20	2
1:A:90:VAL:HA	1:A:105:VAL:HB	0.53	1.80	10	4
1:A:93:PHE:CE2	1:A:94:LYS:CG	0.53	2.91	5	1
1:A:105:VAL:O	1:A:116:THR:N	0.53	2.41	2	3
1:A:4:GLY:O	1:A:40:ILE:N	0.53	2.41	13	6
1:A:39:THR:HG1	1:A:50:LYS:HB2	0.53	1.63	2	5
1:A:106:ARG:HD3	1:A:128:PHE:CZ	0.53	2.39	16	1
1:A:90:VAL:CG1	1:A:103:ILE:CD1	0.53	2.86	2	5
1:A:105:VAL:N	1:A:115:GLN:O	0.53	2.41	16	4
1:A:47:PHE:CZ	1:A:64:LEU:HB3	0.53	2.39	7	2
1:A:18:MET:CE	1:A:72:LEU:HD21	0.53	2.34	4	1

*Continued on next page...*



Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:92:LYS:O	1:A:93:PHE:HB3	0.53	2.03	5	3
1:A:95:ARG:HG2	1:A:95:ARG:NH1	0.53	2.17	11	2
1:A:77:GLU:O	1:A:95:ARG:CZ	0.53	2.57	19	5
1:A:122:VAL:O	1:A:122:VAL:HG12	0.53	2.03	10	1
1:A:123:GLU:HG2	1:A:125:LYS:CG	0.53	2.33	8	14
1:A:116:THR:CG2	1:A:123:GLU:HG3	0.53	2.33	5	2
1:A:95:ARG:HD3	1:A:100:LYS:HB2	0.53	1.79	15	4
1:A:38:LEU:CD1	1:A:106:ARG:CZ	0.53	2.86	6	1
1:A:105:VAL:HG21	1:A:107:GLU:HG3	0.53	1.80	7	1
1:A:6:TRP:CD1	1:A:40:ILE:HB	0.53	2.39	6	5
1:A:38:LEU:CD1	1:A:106:ARG:HD3	0.53	2.34	6	1
1:A:69:ALA:HB2	1:A:79:THR:OG1	0.53	2.03	4	2
1:A:12:GLU:N	1:A:126:ARG:CG	0.53	2.72	20	6
1:A:95:ARG:CZ	1:A:100:LYS:CB	0.53	2.86	8	1
1:A:8:VAL:HG11	1:A:14:TYR:CE2	0.53	2.38	9	1
1:A:106:ARG:NH1	1:A:115:GLN:NE2	0.53	2.56	19	1
1:A:14:TYR:CE2	1:A:122:VAL:CG1	0.53	2.91	10	1
1:A:21:MET:SD	1:A:95:ARG:NH1	0.53	2.82	6	3
1:A:11:ASN:HA	1:A:126:ARG:CG	0.53	2.33	10	1
1:A:95:ARG:HB3	1:A:95:ARG:CZ	0.53	2.34	5	1
1:A:23:ILE:CD1	1:A:23:ILE:N	0.53	2.72	19	7
1:A:2:PHE:CD1	1:A:40:ILE:HD13	0.53	2.39	1	3
1:A:104:ALA:HA	1:A:117:TYR:CG	0.53	2.39	14	4
1:A:95:ARG:NE	1:A:95:ARG:H	0.53	2.02	11	1
1:A:84:MET:HB2	1:A:89:LEU:C	0.53	2.24	6	1
1:A:8:VAL:HG22	1:A:115:GLN:CD	0.52	2.24	18	7
1:A:105:VAL:O	1:A:106:ARG:CZ	0.52	2.57	20	1
1:A:128:PHE:CD1	1:A:130:LYS:HB3	0.52	2.39	19	4
1:A:47:PHE:HE1	1:A:64:LEU:HD23	0.52	1.62	11	1
1:A:7:LYS:O	1:A:128:PHE:CA	0.52	2.56	12	1
1:A:17:PHE:HE1	1:A:102:LEU:HD23	0.52	1.63	6	2
1:A:108:ILE:CG2	1:A:108:ILE:O	0.52	2.57	19	2
1:A:84:MET:C	1:A:88:LYS:O	0.52	2.47	6	1
1:A:39:THR:O	1:A:49:VAL:HG13	0.52	2.05	14	1
1:A:95:ARG:NH2	1:A:102:LEU:CG	0.52	2.73	18	1
1:A:126:ARG:C	1:A:127:ILE:HD12	0.52	2.23	15	1
1:A:112:GLU:N	1:A:112:GLU:OE1	0.52	2.42	19	5
1:A:46:LYS:HG3	1:A:47:PHE:N	0.52	2.19	19	9
1:A:92:LYS:N	1:A:103:ILE:HA	0.52	2.20	5	9
1:A:105:VAL:HG23	1:A:106:ARG:H	0.52	1.63	16	1
1:A:80:GLY:C	1:A:81:THR:HG23	0.52	2.25	5	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:8:VAL:HG12	1:A:8:VAL:O	0.52	2.02	7	9
1:A:7:LYS:CE	1:A:129:LYS:HB3	0.52	2.34	4	1
1:A:65:GLY:O	1:A:66:VAL:HG13	0.52	2.04	8	1
1:A:10:ARG:CD	1:A:10:ARG:H	0.52	2.17	12	1
1:A:10:ARG:HG3	1:A:127:ILE:O	0.52	2.04	12	1
1:A:77:GLU:HG2	1:A:96:VAL:HB	0.52	1.80	17	1
1:A:95:ARG:NE	1:A:102:LEU:HD12	0.52	2.20	8	1
1:A:105:VAL:HG23	1:A:114:ILE:O	0.52	2.04	16	1
1:A:105:VAL:HG21	1:A:116:THR:CB	0.52	2.33	5	1
1:A:95:ARG:HB2	1:A:95:ARG:NH1	0.52	2.19	7	1
1:A:117:TYR:O	1:A:123:GLU:HA	0.52	2.05	1	15
1:A:109:SER:C	1:A:112:GLU:HG3	0.52	2.25	7	2
1:A:92:LYS:O	1:A:93:PHE:CD2	0.52	2.62	2	1
1:A:9:ASP:N	1:A:129:LYS:HG3	0.52	2.20	6	5
1:A:117:TYR:CG	1:A:124:ALA:HB3	0.52	2.40	8	1
1:A:47:PHE:CE1	1:A:49:VAL:CG1	0.52	2.93	16	1
1:A:93:PHE:CG	1:A:101:GLU:HG2	0.52	2.39	3	8
1:A:64:LEU:HB3	1:A:83:THR:CG2	0.52	2.34	8	2
1:A:103:ILE:HG23	1:A:105:VAL:HG13	0.52	1.80	16	1
1:A:118:THR:O	1:A:120:GLU:N	0.52	2.43	12	1
1:A:10:ARG:HE	1:A:127:ILE:C	0.52	2.06	12	1
1:A:2:PHE:HD1	1:A:40:ILE:HD13	0.52	1.64	19	2
1:A:114:ILE:O	1:A:125:LYS:CB	0.52	2.58	15	5
1:A:12:GLU:O	1:A:13:ASN:O	0.52	2.28	10	1
1:A:76:THR:HG22	1:A:77:GLU:N	0.51	2.20	11	4
1:A:107:GLU:HB2	1:A:114:ILE:HG13	0.51	1.81	11	5
1:A:7:LYS:HE2	1:A:37:LYS:HG3	0.51	1.83	12	1
1:A:80:GLY:O	1:A:81:THR:CG2	0.51	2.57	5	1
1:A:92:LYS:HD3	1:A:103:ILE:CD1	0.51	2.36	20	5
1:A:71:SER:O	1:A:73:ALA:N	0.51	2.44	5	3
1:A:91:GLY:HA3	1:A:104:ALA:N	0.51	2.20	14	7
1:A:85:GLU:CA	1:A:88:LYS:O	0.51	2.58	6	1
1:A:95:ARG:HD3	1:A:102:LEU:HD12	0.51	1.81	7	1
1:A:21:MET:CE	1:A:119:TYR:CB	0.51	2.89	2	5
1:A:17:PHE:CD2	1:A:124:ALA:CB	0.51	2.93	8	1
1:A:21:MET:CE	1:A:119:TYR:CG	0.51	2.93	10	3
1:A:23:ILE:N	1:A:23:ILE:HD13	0.51	2.20	19	3
1:A:10:ARG:NE	1:A:127:ILE:O	0.51	2.42	12	1
1:A:95:ARG:NH1	1:A:98:ASN:N	0.51	2.55	7	1
1:A:7:LYS:HD2	1:A:131:GLU:HB2	0.51	1.82	12	6
1:A:38:LEU:CD1	1:A:49:VAL:CG1	0.51	2.87	4	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:108:ILE:CD1	1:A:113:LEU:CD2	0.51	2.88	19	2
1:A:47:PHE:CE1	1:A:64:LEU:HG	0.51	2.41	15	2
1:A:46:LYS:CD	1:A:61:VAL:HG23	0.51	2.35	5	2
1:A:11:ASN:ND2	1:A:11:ASN:N	0.51	2.58	6	1
1:A:46:LYS:CB	1:A:63:GLU:HA	0.51	2.36	4	3
1:A:60:VAL:HG11	1:A:62:PHE:CE2	0.51	2.41	16	1
1:A:95:ARG:NH1	1:A:102:LEU:CD1	0.51	2.73	3	1
1:A:105:VAL:HG12	1:A:106:ARG:N	0.51	2.21	6	1
1:A:21:MET:CE	1:A:119:TYR:CD2	0.51	2.93	7	2
1:A:113:LEU:O	1:A:114:ILE:C	0.51	2.48	15	4
1:A:46:LYS:C	1:A:46:LYS:CD	0.51	2.79	8	3
1:A:111:ASN:N	1:A:112:GLU:OE1	0.51	2.43	4	3
1:A:17:PHE:HA	1:A:119:TYR:CE1	0.51	2.41	5	11
1:A:17:PHE:CD1	1:A:17:PHE:C	0.51	2.84	12	2
1:A:47:PHE:CD1	1:A:49:VAL:CG1	0.51	2.93	16	1
1:A:47:PHE:CE1	1:A:64:LEU:HD23	0.51	2.41	11	1
1:A:66:VAL:CG1	1:A:68:PHE:CE1	0.51	2.94	10	1
1:A:82:TRP:CG	1:A:91:GLY:O	0.51	2.64	7	6
1:A:72:LEU:HB2	1:A:78:LEU:CD1	0.51	2.36	4	3
1:A:95:ARG:NH1	1:A:102:LEU:HG	0.51	2.19	18	2
1:A:7:LYS:HD2	1:A:130:LYS:C	0.51	2.27	6	4
1:A:78:LEU:CA	1:A:95:ARG:HB3	0.51	2.36	1	1
1:A:103:ILE:CG2	1:A:105:VAL:HG12	0.51	2.36	15	1
1:A:78:LEU:CD2	1:A:102:LEU:CD1	0.51	2.88	6	5
1:A:38:LEU:HD13	1:A:106:ARG:NH1	0.51	2.21	6	1
1:A:62:PHE:CZ	1:A:82:TRP:CE2	0.51	2.99	6	1
1:A:88:LYS:HE3	1:A:107:GLU:HG2	0.50	1.82	7	1
1:A:11:ASN:N	1:A:126:ARG:HG3	0.50	2.21	14	6
1:A:113:LEU:HD22	1:A:128:PHE:CG	0.50	2.40	16	1
1:A:2:PHE:CD1	1:A:40:ILE:HD12	0.50	2.41	13	2
1:A:8:VAL:CG2	1:A:10:ARG:NH2	0.50	2.64	12	1
1:A:84:MET:HB3	1:A:89:LEU:CD1	0.50	2.36	18	2
1:A:9:ASP:HB3	1:A:10:ARG:CD	0.50	2.36	20	4
1:A:1:ALA:HB1	1:A:108:ILE:HG23	0.50	1.74	5	2
1:A:21:MET:CE	1:A:23:ILE:HD12	0.50	2.36	15	1
1:A:95:ARG:NH1	1:A:102:LEU:CG	0.50	2.74	15	1
1:A:64:LEU:HD23	1:A:83:THR:HA	0.50	1.82	17	2
1:A:89:LEU:HD22	1:A:106:ARG:CB	0.50	2.32	5	1
1:A:7:LYS:HE3	1:A:131:GLU:HB2	0.50	1.83	11	2
1:A:105:VAL:CG2	1:A:107:GLU:CG	0.50	2.88	10	7
1:A:6:TRP:CE3	1:A:113:LEU:CD2	0.50	2.93	16	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:84:MET:HA	1:A:89:LEU:C	0.50	2.26	9	3
1:A:88:LYS:CB	1:A:107:GLU:HG2	0.50	2.36	7	5
1:A:88:LYS:HE3	1:A:107:GLU:CG	0.50	2.36	7	1
1:A:90:VAL:C	1:A:92:LYS:N	0.50	2.65	5	3
1:A:43:GLU:CB	1:A:46:LYS:HD2	0.50	2.36	8	3
1:A:72:LEU:HD23	1:A:78:LEU:CD1	0.50	2.36	3	1
1:A:46:LYS:CD	1:A:61:VAL:HG12	0.50	2.36	12	3
1:A:78:LEU:HG	1:A:102:LEU:CD1	0.50	2.37	3	2
1:A:46:LYS:HG3	1:A:61:VAL:CG1	0.50	2.37	8	1
1:A:113:LEU:CB	1:A:128:PHE:CD1	0.50	2.94	16	1
1:A:93:PHE:CE2	1:A:101:GLU:HG3	0.50	2.42	5	1
1:A:19:GLU:CG	1:A:20:LYS:N	0.50	2.74	4	1
1:A:89:LEU:O	1:A:90:VAL:HG22	0.50	2.06	3	4
1:A:45:ASN:O	1:A:64:LEU:HD22	0.50	2.07	20	1
1:A:21:MET:SD	1:A:102:LEU:HD11	0.50	2.45	1	2
1:A:23:ILE:CD1	1:A:75:GLY:CA	0.50	2.90	1	2
1:A:93:PHE:CD2	1:A:93:PHE:N	0.50	2.77	8	1
1:A:105:VAL:HG13	1:A:116:THR:CB	0.50	2.35	13	1
1:A:109:SER:N	1:A:112:GLU:HG2	0.50	2.21	1	3
1:A:93:PHE:CD2	1:A:103:ILE:N	0.50	2.80	20	2
1:A:81:THR:OG1	1:A:82:TRP:N	0.50	2.42	1	2
1:A:95:ARG:O	1:A:96:VAL:CG2	0.50	2.60	1	2
1:A:78:LEU:CA	1:A:95:ARG:CB	0.50	2.90	11	1
1:A:12:GLU:N	1:A:126:ARG:HG2	0.50	2.22	4	3
1:A:38:LEU:CD2	1:A:106:ARG:NH1	0.50	2.74	16	4
1:A:2:PHE:HA	1:A:108:ILE:CD1	0.50	2.37	2	2
1:A:80:GLY:C	1:A:81:THR:CG2	0.50	2.80	1	1
1:A:54:ASN:O	1:A:55:PHE:CG	0.50	2.65	6	2
1:A:122:VAL:HG12	1:A:123:GLU:N	0.50	2.22	12	2
1:A:93:PHE:CZ	1:A:101:GLU:HG3	0.50	2.42	5	1
1:A:106:ARG:C	1:A:113:LEU:O	0.50	2.50	2	4
1:A:93:PHE:CD1	1:A:101:GLU:HG2	0.50	2.42	15	8
1:A:114:ILE:HA	1:A:127:ILE:CD1	0.50	2.36	15	5
1:A:52:SER:CA	1:A:57:ASN:HB2	0.50	2.37	11	1
1:A:7:LYS:HD3	1:A:129:LYS:CA	0.49	2.37	9	2
1:A:95:ARG:HD2	1:A:95:ARG:N	0.49	2.22	17	1
1:A:78:LEU:HD23	1:A:93:PHE:CG	0.49	2.41	2	2
1:A:119:TYR:CD1	1:A:122:VAL:HB	0.49	2.41	16	1
1:A:41:THR:O	1:A:42:GLN:CB	0.49	2.60	3	1
1:A:105:VAL:HG12	1:A:106:ARG:H	0.49	1.67	6	1
1:A:20:LYS:HB2	1:A:119:TYR:CE2	0.49	2.43	9	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:103:ILE:O	1:A:103:ILE:HG23	0.49	2.07	20	5
1:A:21:MET:CE	1:A:95:ARG:HG3	0.49	2.38	8	1
1:A:119:TYR:CE1	1:A:122:VAL:CB	0.49	2.94	16	1
1:A:84:MET:HB2	1:A:90:VAL:HG23	0.49	1.85	6	1
1:A:62:PHE:O	1:A:64:LEU:N	0.49	2.45	4	12
1:A:100:LYS:HG3	1:A:119:TYR:CD1	0.49	2.41	20	1
1:A:8:VAL:CG2	1:A:115:GLN:NE2	0.49	2.75	6	4
1:A:9:ASP:CB	1:A:129:LYS:HG2	0.49	2.36	12	1
1:A:84:MET:SD	1:A:90:VAL:CG2	0.49	3.01	6	1
1:A:108:ILE:CG1	1:A:112:GLU:CG	0.49	2.91	4	2
1:A:38:LEU:HD12	1:A:49:VAL:HG13	0.49	1.84	4	1
1:A:95:ARG:CZ	1:A:102:LEU:CG	0.49	2.90	18	1
1:A:105:VAL:HG11	1:A:107:GLU:HG2	0.49	1.83	20	2
1:A:17:PHE:O	1:A:95:ARG:NH2	0.49	2.45	8	1
1:A:78:LEU:CD2	1:A:93:PHE:HA	0.49	2.37	3	3
1:A:77:GLU:HB3	1:A:95:ARG:O	0.49	2.06	3	1
1:A:101:GLU:O	1:A:102:LEU:C	0.49	2.50	5	2
1:A:11:ASN:HD22	1:A:11:ASN:N	0.49	2.05	6	1
1:A:104:ALA:HB2	1:A:117:TYR:CG	0.49	2.43	12	1
1:A:90:VAL:HG12	1:A:90:VAL:O	0.49	2.07	7	1
1:A:2:PHE:CE2	1:A:108:ILE:HB	0.49	2.43	4	2
1:A:118:THR:CG2	1:A:121:GLY:HA2	0.49	2.37	16	3
1:A:38:LEU:HD13	1:A:38:LEU:O	0.49	2.08	19	2
1:A:109:SER:H	1:A:112:GLU:CB	0.49	2.20	5	2
1:A:77:GLU:CD	1:A:96:VAL:HG21	0.49	2.28	2	1
1:A:115:GLN:HB2	1:A:125:LYS:HB3	0.49	1.84	13	2
1:A:91:GLY:HA3	1:A:104:ALA:CB	0.49	2.38	15	3
1:A:12:GLU:CD	1:A:125:LYS:HE2	0.49	2.28	10	1
1:A:81:THR:CG2	1:A:81:THR:O	0.49	2.61	4	1
1:A:107:GLU:O	1:A:108:ILE:CG2	0.49	2.60	6	4
1:A:102:LEU:H	1:A:102:LEU:HD12	0.49	1.67	12	1
1:A:63:GLU:O	1:A:64:LEU:HB2	0.49	2.08	19	1
1:A:65:GLY:N	1:A:82:TRP:O	0.48	2.46	6	6
1:A:39:THR:HG1	1:A:50:LYS:HB3	0.48	1.67	1	4
1:A:19:GLU:CG	1:A:20:LYS:HG3	0.48	2.38	4	1
1:A:119:TYR:CG	1:A:119:TYR:O	0.48	2.66	17	2
1:A:62:PHE:CD2	1:A:68:PHE:CZ	0.48	3.01	16	1
1:A:125:LYS:NZ	1:A:125:LYS:HB2	0.48	2.23	13	1
1:A:2:PHE:CD1	1:A:40:ILE:CD1	0.48	2.96	14	2
1:A:119:TYR:CD1	1:A:120:GLU:N	0.48	2.81	7	1
1:A:12:GLU:HA	1:A:14:TYR:CD2	0.48	2.43	8	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:7:LYS:CA	1:A:129:LYS:H	0.48	2.21	16	1
1:A:83:THR:O	1:A:84:MET:CB	0.48	2.59	6	1
1:A:6:TRP:O	1:A:37:LYS:HG2	0.48	2.08	13	9
1:A:100:LYS:O	1:A:101:GLU:HG3	0.48	2.08	11	4
1:A:93:PHE:HE2	1:A:103:ILE:CG1	0.48	2.21	19	1
1:A:119:TYR:CD1	1:A:120:GLU:HB3	0.48	2.42	20	2
1:A:72:LEU:HD13	1:A:77:GLU:O	0.48	2.09	7	1
1:A:108:ILE:HG13	1:A:112:GLU:O	0.48	2.08	15	5
1:A:46:LYS:HB2	1:A:63:GLU:CA	0.48	2.39	8	1
1:A:7:LYS:C	1:A:129:LYS:H	0.48	2.12	16	1
1:A:38:LEU:CD1	1:A:106:ARG:CD	0.48	2.91	6	1
1:A:95:ARG:CD	1:A:95:ARG:H	0.48	2.21	1	3
1:A:77:GLU:HB2	1:A:96:VAL:HB	0.48	1.85	17	2
1:A:115:GLN:CG	1:A:128:PHE:CE1	0.48	2.95	16	1
1:A:5:THR:CA	1:A:39:THR:HG23	0.48	2.35	19	3
1:A:122:VAL:O	1:A:124:ALA:N	0.48	2.46	10	1
1:A:125:LYS:O	1:A:126:ARG:HG3	0.48	2.09	10	1
1:A:104:ALA:HA	1:A:117:TYR:CD2	0.48	2.44	7	3
1:A:13:ASN:CG	1:A:122:VAL:CG1	0.48	2.82	9	1
1:A:8:VAL:HG22	1:A:10:ARG:HH22	0.48	1.63	12	1
1:A:93:PHE:N	1:A:93:PHE:CD1	0.48	2.78	20	1
1:A:127:ILE:CD1	1:A:127:ILE:N	0.48	2.77	13	4
1:A:9:ASP:N	1:A:127:ILE:O	0.48	2.44	16	1
1:A:72:LEU:HB3	1:A:78:LEU:HD12	0.48	1.85	11	1
1:A:85:GLU:CB	1:A:88:LYS:HG2	0.48	2.38	6	1
1:A:47:PHE:CD1	1:A:49:VAL:CG2	0.48	2.97	2	1
1:A:58:ILE:CG2	1:A:59:ASP:N	0.48	2.75	17	2
1:A:93:PHE:CD1	1:A:100:LYS:O	0.48	2.67	8	1
1:A:9:ASP:CG	1:A:129:LYS:HG2	0.48	2.29	16	2
1:A:95:ARG:HH22	1:A:98:ASN:C	0.48	2.12	1	2
1:A:78:LEU:HD23	1:A:93:PHE:CE1	0.48	2.44	2	1
1:A:84:MET:HB2	1:A:89:LEU:HA	0.48	1.86	16	2
1:A:126:ARG:O	1:A:127:ILE:CB	0.48	2.61	12	4
1:A:95:ARG:NH1	1:A:97:ASP:HB3	0.47	2.23	7	1
1:A:95:ARG:CG	1:A:100:LYS:HG2	0.47	2.39	4	1
1:A:63:GLU:O	1:A:65:GLY:N	0.47	2.47	5	3
1:A:10:ARG:C	1:A:126:ARG:HB2	0.47	2.29	11	6
1:A:95:ARG:NH1	1:A:102:LEU:HD21	0.47	2.24	15	1
1:A:65:GLY:CA	1:A:81:THR:HB	0.47	2.38	6	1
1:A:2:PHE:CE2	1:A:84:MET:HE3	0.47	2.44	14	1
1:A:77:GLU:OE2	1:A:96:VAL:HG11	0.47	2.09	14	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:38:LEU:HG	1:A:106:ARG:CD	0.47	2.38	4	5
1:A:118:THR:CG2	1:A:121:GLY:CA	0.47	2.92	16	4
1:A:70:TYR:N	1:A:77:GLU:O	0.47	2.46	5	2
1:A:13:ASN:O	1:A:14:TYR:CE1	0.47	2.67	8	1
1:A:113:LEU:CD2	1:A:128:PHE:HB2	0.47	2.34	16	1
1:A:95:ARG:NE	1:A:102:LEU:CD1	0.47	2.77	10	2
1:A:108:ILE:HG12	1:A:112:GLU:OE2	0.47	2.09	19	1
1:A:105:VAL:CG2	1:A:106:ARG:N	0.47	2.67	5	1
1:A:92:LYS:H	1:A:103:ILE:HA	0.47	1.69	7	2
1:A:95:ARG:HD3	1:A:102:LEU:CD1	0.47	2.40	7	1
1:A:117:TYR:C	1:A:123:GLU:HA	0.47	2.30	20	9
1:A:10:ARG:HB2	1:A:126:ARG:HD3	0.47	1.86	13	3
1:A:6:TRP:CD1	1:A:40:ILE:CD1	0.47	2.90	19	2
1:A:13:ASN:OD1	1:A:122:VAL:HB	0.47	2.09	8	1
1:A:2:PHE:CE1	1:A:106:ARG:HB3	0.47	2.43	8	2
1:A:72:LEU:HD23	1:A:102:LEU:HD21	0.47	1.87	13	1
1:A:10:ARG:CG	1:A:126:ARG:C	0.47	2.81	12	1
1:A:43:GLU:HB3	1:A:46:LYS:HE3	0.47	1.86	3	1
1:A:84:MET:SD	1:A:90:VAL:HG23	0.47	2.49	6	1
1:A:38:LEU:HG	1:A:106:ARG:HD3	0.47	1.84	5	1
1:A:78:LEU:HA	1:A:95:ARG:HA	0.47	1.86	7	1
1:A:37:LYS:HD3	1:A:131:GLU:HB3	0.47	1.87	3	4
1:A:64:LEU:O	1:A:83:THR:HG22	0.47	2.09	18	1
1:A:125:LYS:O	1:A:126:ARG:CG	0.47	2.62	15	2
1:A:37:LYS:O	1:A:38:LEU:C	0.47	2.52	15	5
1:A:95:ARG:CB	1:A:95:ARG:CZ	0.47	2.91	5	1
1:A:117:TYR:HB2	1:A:124:ALA:CB	0.47	2.31	8	1
1:A:78:LEU:CA	1:A:95:ARG:HA	0.47	2.40	7	1
1:A:103:ILE:HG22	1:A:116:THR:O	0.47	2.09	18	2
1:A:72:LEU:HB3	1:A:78:LEU:CD1	0.47	2.40	7	1
1:A:113:LEU:HD12	1:A:128:PHE:CA	0.47	2.40	7	1
1:A:82:TRP:CD2	1:A:91:GLY:HA2	0.47	2.45	3	3
1:A:106:ARG:NH2	1:A:115:GLN:OE1	0.47	2.48	18	2
1:A:45:ASN:C	1:A:64:LEU:CD2	0.47	2.83	20	3
1:A:46:LYS:HD3	1:A:61:VAL:HG23	0.47	1.87	1	1
1:A:12:GLU:O	1:A:124:ALA:HA	0.47	2.09	8	1
1:A:21:MET:CB	1:A:100:LYS:HE3	0.47	2.39	15	1
1:A:127:ILE:HG22	1:A:128:PHE:N	0.47	2.24	13	2
1:A:100:LYS:O	1:A:101:GLU:CG	0.47	2.63	11	1
1:A:105:VAL:HG22	1:A:107:GLU:CG	0.47	2.39	12	2
1:A:10:ARG:NE	1:A:127:ILE:CA	0.47	2.78	12	1

Continued on next page...



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:106:ARG:CG	1:A:113:LEU:HD13	0.47	2.36	12	1
1:A:7:LYS:HB3	1:A:129:LYS:HE3	0.47	1.86	12	1
1:A:107:GLU:HB2	1:A:114:ILE:HB	0.47	1.85	12	1
1:A:85:GLU:HB2	1:A:88:LYS:HG2	0.47	1.85	6	1
1:A:11:ASN:HA	1:A:126:ARG:HG3	0.47	1.86	10	1
1:A:11:ASN:HA	1:A:126:ARG:CB	0.47	2.40	10	1
1:A:108:ILE:HG13	1:A:112:GLU:CG	0.47	2.40	5	1
1:A:93:PHE:CE2	1:A:94:LYS:HG2	0.47	2.45	5	1
1:A:64:LEU:HD12	1:A:83:THR:CG2	0.47	2.37	14	1
1:A:114:ILE:O	1:A:125:LYS:HG2	0.47	2.10	2	1
1:A:12:GLU:HB2	1:A:126:ARG:CG	0.47	2.40	2	1
1:A:12:GLU:N	1:A:125:LYS:O	0.47	2.48	8	3
1:A:126:ARG:NE	1:A:126:ARG:HA	0.47	2.24	16	1
1:A:11:ASN:CB	1:A:14:TYR:CD2	0.47	2.98	5	2
1:A:14:TYR:CA	1:A:17:PHE:CE2	0.47	2.95	8	1
1:A:17:PHE:O	1:A:17:PHE:CD1	0.47	2.68	10	1
1:A:115:GLN:HB3	1:A:117:TYR:CE1	0.47	2.45	18	1
1:A:62:PHE:CB	1:A:66:VAL:CG2	0.47	2.93	1	1
1:A:13:ASN:ND2	1:A:122:VAL:C	0.47	2.69	8	1
1:A:13:ASN:ND2	1:A:122:VAL:HG12	0.47	2.24	8	1
1:A:55:PHE:CD1	1:A:55:PHE:C	0.47	2.87	8	1
1:A:43:GLU:O	1:A:45:ASN:N	0.47	2.48	10	4
1:A:125:LYS:N	1:A:125:LYS:HD3	0.47	2.24	15	3
1:A:125:LYS:O	1:A:126:ARG:HG2	0.47	2.10	15	1
1:A:127:ILE:CG2	1:A:128:PHE:CG	0.47	2.98	12	1
1:A:108:ILE:HG12	1:A:112:GLU:HG2	0.47	1.86	19	1
1:A:78:LEU:HD23	1:A:93:PHE:HA	0.47	1.86	19	1
1:A:66:VAL:HG23	1:A:68:PHE:CE2	0.47	2.44	14	1
1:A:19:GLU:HG2	1:A:20:LYS:HG3	0.46	1.87	4	2
1:A:62:PHE:N	1:A:62:PHE:CD1	0.46	2.83	13	3
1:A:65:GLY:HA2	1:A:81:THR:HB	0.46	1.86	17	2
1:A:65:GLY:HA2	1:A:81:THR:CB	0.46	2.39	6	1
1:A:47:PHE:O	1:A:49:VAL:N	0.46	2.48	3	6
1:A:7:LYS:CB	1:A:129:LYS:HB3	0.46	2.40	14	5
1:A:37:LYS:NZ	1:A:131:GLU:HG3	0.46	2.25	2	1
1:A:123:GLU:HG2	1:A:125:LYS:HD2	0.46	1.88	10	3
1:A:105:VAL:O	1:A:106:ARG:NH2	0.46	2.48	20	1
1:A:83:THR:O	1:A:84:MET:CG	0.46	2.63	6	1
1:A:69:ALA:HB1	1:A:77:GLU:OE2	0.46	2.09	18	1
1:A:13:ASN:HD21	1:A:122:VAL:HG12	0.46	1.69	8	1
1:A:90:VAL:CG1	1:A:92:LYS:HE2	0.46	2.39	15	1

*Continued on next page...*



Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:9:ASP:HB3	1:A:10:ARG:HD3	0.46	1.88	11	1
1:A:122:VAL:O	1:A:123:GLU:CB	0.46	2.64	12	3
1:A:10:ARG:CZ	1:A:127:ILE:N	0.46	2.77	12	1
1:A:10:ARG:CZ	1:A:127:ILE:CA	0.46	2.94	12	1
1:A:78:LEU:CD1	1:A:102:LEU:HD12	0.46	2.35	17	1
1:A:20:LYS:CB	1:A:119:TYR:CE2	0.46	2.98	17	1
1:A:103:ILE:O	1:A:104:ALA:C	0.46	2.53	16	5
1:A:6:TRP:CE3	1:A:113:LEU:HG	0.46	2.45	19	5
1:A:2:PHE:CE1	1:A:40:ILE:HD13	0.46	2.45	8	1
1:A:72:LEU:CB	1:A:78:LEU:HD12	0.46	2.41	11	1
1:A:7:LYS:CE	1:A:129:LYS:HB2	0.46	2.40	9	2
1:A:69:ALA:CB	1:A:79:THR:HG22	0.46	2.41	12	1
1:A:72:LEU:C	1:A:72:LEU:CD2	0.46	2.84	17	1
1:A:95:ARG:CA	1:A:95:ARG:NE	0.46	2.77	5	1
1:A:50:LYS:O	1:A:51:GLU:CB	0.46	2.63	11	12
1:A:79:THR:CG2	1:A:80:GLY:N	0.46	2.79	4	1
1:A:20:LYS:CB	1:A:119:TYR:OH	0.46	2.64	16	1
1:A:23:ILE:HD11	1:A:75:GLY:HA2	0.46	1.86	16	1
1:A:109:SER:H	1:A:112:GLU:CG	0.46	2.22	1	3
1:A:119:TYR:C	1:A:120:GLU:CG	0.46	2.84	4	1
1:A:64:LEU:HD13	1:A:84:MET:HG2	0.46	1.87	2	1
1:A:94:LYS:O	1:A:95:ARG:C	0.46	2.53	3	3
1:A:105:VAL:HG22	1:A:116:THR:N	0.46	2.26	5	1
1:A:83:THR:N	1:A:90:VAL:O	0.46	2.48	5	1
1:A:17:PHE:HB2	1:A:119:TYR:CE1	0.46	2.46	4	1
1:A:7:LYS:O	1:A:8:VAL:HG23	0.46	2.11	13	6
1:A:119:TYR:CD1	1:A:119:TYR:C	0.46	2.89	20	1
1:A:115:GLN:HB2	1:A:125:LYS:HA	0.46	1.86	8	4
1:A:102:LEU:HD23	1:A:119:TYR:HB3	0.46	1.85	17	1
1:A:46:LYS:CD	1:A:46:LYS:C	0.46	2.83	17	1
1:A:62:PHE:CE1	1:A:82:TRP:NE1	0.46	2.83	6	1
1:A:100:LYS:O	1:A:101:GLU:CB	0.46	2.63	5	1
1:A:102:LEU:O	1:A:117:TYR:C	0.46	2.54	8	7
1:A:65:GLY:HA2	1:A:81:THR:HG23	0.46	1.88	18	1
1:A:7:LYS:CG	1:A:129:LYS:O	0.46	2.62	16	1
1:A:93:PHE:CG	1:A:101:GLU:HG3	0.46	2.46	17	5
1:A:125:LYS:CD	1:A:125:LYS:N	0.46	2.79	15	2
1:A:49:VAL:HG22	1:A:60:VAL:HG12	0.46	1.87	15	1
1:A:79:THR:HG23	1:A:79:THR:O	0.46	2.10	15	3
1:A:10:ARG:CG	1:A:126:ARG:HB2	0.46	2.40	12	1
1:A:118:THR:HG23	1:A:122:VAL:N	0.46	2.26	17	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:82:TRP:HA	1:A:90:VAL:O	0.46	2.11	19	2
1:A:88:LYS:CE	1:A:107:GLU:HG2	0.46	2.40	7	1
1:A:105:VAL:O	1:A:106:ARG:HB2	0.46	2.11	20	3
1:A:78:LEU:N	1:A:95:ARG:CB	0.46	2.79	1	1
1:A:119:TYR:O	1:A:119:TYR:CD2	0.46	2.69	5	1
1:A:111:ASN:N	1:A:112:GLU:OE2	0.45	2.49	7	1
1:A:82:TRP:HA	1:A:91:GLY:O	0.45	2.11	7	1
1:A:89:LEU:O	1:A:90:VAL:CG2	0.45	2.64	11	3
1:A:43:GLU:N	1:A:46:LYS:O	0.45	2.49	13	2
1:A:47:PHE:CE2	1:A:89:LEU:HD11	0.45	2.45	11	1
1:A:119:TYR:CZ	1:A:122:VAL:HG21	0.45	2.47	17	1
1:A:60:VAL:HG12	1:A:62:PHE:HD1	0.45	1.68	7	1
1:A:95:ARG:O	1:A:96:VAL:HB	0.45	2.11	5	2
1:A:72:LEU:CB	1:A:78:LEU:HD11	0.45	2.41	4	1
1:A:72:LEU:HD23	1:A:78:LEU:HD12	0.45	1.88	3	1
1:A:113:LEU:CD1	1:A:128:PHE:CB	0.45	2.94	7	2
1:A:78:LEU:N	1:A:95:ARG:HA	0.45	2.26	7	2
1:A:108:ILE:HG12	1:A:112:GLU:CG	0.45	2.42	4	1
1:A:78:LEU:HD12	1:A:95:ARG:CZ	0.45	2.40	2	2
1:A:7:LYS:CB	1:A:129:LYS:N	0.45	2.78	2	6
1:A:81:THR:O	1:A:93:PHE:CD1	0.45	2.68	2	1
1:A:10:ARG:HB2	1:A:126:ARG:CD	0.45	2.41	3	3
1:A:116:THR:HA	1:A:125:LYS:CG	0.45	2.42	12	3
1:A:110:GLY:O	1:A:112:GLU:OE1	0.45	2.34	19	1
1:A:60:VAL:O	1:A:61:VAL:HG23	0.45	2.12	10	1
1:A:2:PHE:O	1:A:6:TRP:NE1	0.45	2.49	2	1
1:A:71:SER:N	1:A:77:GLU:O	0.45	2.49	20	1
1:A:21:MET:SD	1:A:102:LEU:HD21	0.45	2.50	1	2
1:A:84:MET:HA	1:A:90:VAL:HG23	0.45	1.87	16	1
1:A:70:TYR:CD1	1:A:70:TYR:C	0.45	2.90	12	1
1:A:69:ALA:CA	1:A:79:THR:HA	0.45	2.42	6	1
1:A:7:LYS:HE3	1:A:37:LYS:HG3	0.45	1.87	7	2
1:A:108:ILE:HG13	1:A:112:GLU:HG2	0.45	1.88	5	2
1:A:127:ILE:HG23	1:A:128:PHE:H	0.45	1.71	16	1
1:A:76:THR:CG2	1:A:77:GLU:N	0.45	2.79	17	5
1:A:46:LYS:HA	1:A:63:GLU:CA	0.45	2.42	11	1
1:A:10:ARG:HG2	1:A:126:ARG:CA	0.45	2.41	12	1
1:A:114:ILE:O	1:A:116:THR:OG1	0.45	2.33	12	1
1:A:61:VAL:HG22	1:A:61:VAL:O	0.45	2.12	19	1
1:A:123:GLU:CG	1:A:125:LYS:HD2	0.45	2.41	8	5
1:A:46:LYS:HB2	1:A:63:GLU:HA	0.45	1.88	8	7

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:64:LEU:CD2	1:A:64:LEU:N	0.45	2.79	2	2
1:A:78:LEU:HD23	1:A:93:PHE:CD1	0.45	2.47	2	1
1:A:77:GLU:CB	1:A:96:VAL:HG23	0.45	2.41	8	1
1:A:72:LEU:CB	1:A:95:ARG:NH2	0.45	2.79	15	3
1:A:13:ASN:ND2	1:A:122:VAL:HG11	0.45	2.27	9	1
1:A:91:GLY:HA3	1:A:104:ALA:CA	0.45	2.41	10	4
1:A:97:ASP:O	1:A:98:ASN:HB2	0.45	2.11	1	1
1:A:118:THR:HA	1:A:123:GLU:HA	0.45	1.89	8	1
1:A:115:GLN:C	1:A:125:LYS:HB3	0.45	2.32	13	1
1:A:106:ARG:N	1:A:114:ILE:O	0.45	2.50	6	2
1:A:82:TRP:CE3	1:A:89:LEU:CD2	0.45	2.99	6	1
1:A:55:PHE:N	1:A:55:PHE:CD1	0.45	2.83	5	1
1:A:47:PHE:CE1	1:A:64:LEU:HB3	0.45	2.46	7	1
1:A:10:ARG:O	1:A:126:ARG:HB2	0.45	2.11	18	3
1:A:95:ARG:NE	1:A:100:LYS:CB	0.45	2.80	8	1
1:A:95:ARG:HG2	1:A:100:LYS:CB	0.45	2.42	16	1
1:A:102:LEU:HA	1:A:119:TYR:HB3	0.45	1.88	15	1
1:A:38:LEU:HG	1:A:106:ARG:NE	0.45	2.27	17	2
1:A:14:TYR:HA	1:A:124:ALA:HB1	0.45	1.89	19	1
1:A:5:THR:HA	1:A:39:THR:HA	0.45	1.88	5	1
1:A:66:VAL:CG2	1:A:68:PHE:CZ	0.45	2.99	14	1
1:A:127:ILE:HG23	1:A:128:PHE:N	0.45	2.27	7	4
1:A:14:TYR:O	1:A:17:PHE:CD2	0.45	2.70	8	1
1:A:8:VAL:HG22	1:A:128:PHE:CZ	0.45	2.47	16	1
1:A:62:PHE:CD1	1:A:62:PHE:N	0.45	2.84	9	1
1:A:5:THR:HB	1:A:131:GLU:N	0.45	2.27	5	2
1:A:93:PHE:CD2	1:A:94:LYS:N	0.45	2.83	5	1
1:A:95:ARG:CD	1:A:102:LEU:CD1	0.45	2.94	7	1
1:A:23:ILE:CD1	1:A:75:GLY:HA2	0.45	2.42	6	2
1:A:88:LYS:HA	1:A:107:GLU:CA	0.45	2.42	6	1
1:A:6:TRP:CH2	1:A:112:GLU:OE1	0.44	2.70	7	1
1:A:114:ILE:C	1:A:116:THR:N	0.44	2.69	14	3
1:A:71:SER:N	1:A:77:GLU:HA	0.44	2.27	13	3
1:A:18:MET:HG2	1:A:72:LEU:HD11	0.44	1.89	17	1
1:A:21:MET:SD	1:A:95:ARG:CZ	0.44	3.05	17	2
1:A:8:VAL:HG21	1:A:115:GLN:NE2	0.44	2.26	6	1
1:A:71:SER:OG	1:A:74:ASP:N	0.44	2.50	10	1
1:A:91:GLY:CA	1:A:104:ALA:O	0.44	2.65	4	4
1:A:93:PHE:CE2	1:A:103:ILE:N	0.44	2.86	20	1
1:A:64:LEU:C	1:A:82:TRP:O	0.44	2.56	8	1
1:A:93:PHE:CD1	1:A:94:LYS:HG3	0.44	2.48	8	2

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:95:ARG:N	1:A:95:ARG:HD2	0.44	2.26	16	1
1:A:93:PHE:CD1	1:A:101:GLU:CG	0.44	3.00	11	1
1:A:126:ARG:HA	1:A:126:ARG:NE	0.44	2.28	19	1
1:A:38:LEU:HD23	1:A:115:GLN:HE22	0.44	1.72	5	1
1:A:77:GLU:HG2	1:A:96:VAL:HG21	0.44	1.90	5	1
1:A:72:LEU:CA	1:A:78:LEU:HD13	0.44	2.42	4	2
1:A:130:LYS:CG	1:A:131:GLU:N	0.44	2.80	16	2
1:A:72:LEU:N	1:A:78:LEU:HD13	0.44	2.27	2	1
1:A:80:GLY:O	1:A:81:THR:HG22	0.44	2.11	1	1
1:A:84:MET:CA	1:A:90:VAL:HG23	0.44	2.42	9	2
1:A:17:PHE:O	1:A:21:MET:HE2	0.44	2.12	9	1
1:A:81:THR:O	1:A:82:TRP:CG	0.44	2.70	19	1
1:A:115:GLN:HG2	1:A:128:PHE:CZ	0.44	2.47	16	1
1:A:70:TYR:CD1	1:A:71:SER:N	0.44	2.85	13	1
1:A:114:ILE:O	1:A:115:GLN:HB2	0.44	2.13	10	1
1:A:72:LEU:CD2	1:A:72:LEU:C	0.44	2.75	4	3
1:A:38:LEU:O	1:A:51:GLU:N	0.44	2.50	12	1
1:A:56:ARG:O	1:A:58:ILE:N	0.44	2.51	6	1
1:A:77:GLU:CD	1:A:96:VAL:HG11	0.44	2.33	10	1
1:A:38:LEU:CD2	1:A:106:ARG:CZ	0.44	2.95	14	1
1:A:95:ARG:CZ	1:A:95:ARG:CB	0.44	2.95	7	1
1:A:95:ARG:CZ	1:A:95:ARG:HB2	0.44	2.43	7	1
1:A:7:LYS:HD2	1:A:129:LYS:C	0.44	2.33	2	2
1:A:13:ASN:HB2	1:A:124:ALA:CA	0.44	2.42	8	1
1:A:93:PHE:CD1	1:A:94:LYS:N	0.44	2.85	8	1
1:A:5:THR:HB	1:A:131:GLU:CB	0.44	2.42	9	1
1:A:118:THR:HA	1:A:123:GLU:N	0.44	2.27	17	2
1:A:60:VAL:C	1:A:61:VAL:CG2	0.44	2.86	10	1
1:A:12:GLU:HB2	1:A:126:ARG:HG2	0.44	1.90	2	1
1:A:95:ARG:HD3	1:A:100:LYS:CB	0.44	2.42	8	2
1:A:2:PHE:CE2	1:A:107:GLU:O	0.44	2.71	11	2
1:A:10:ARG:CG	1:A:127:ILE:N	0.44	2.81	12	1
1:A:13:ASN:O	1:A:124:ALA:HB2	0.44	2.13	12	1
1:A:105:VAL:CG2	1:A:107:GLU:HG2	0.44	2.43	17	2
1:A:20:LYS:HB3	1:A:119:TYR:CE2	0.44	2.48	17	1
1:A:38:LEU:HD12	1:A:106:ARG:HD3	0.44	1.88	6	1
1:A:125:LYS:HD3	1:A:125:LYS:N	0.44	2.28	9	4
1:A:127:ILE:HG23	1:A:128:PHE:CG	0.44	2.48	11	3
1:A:6:TRP:HA	1:A:130:LYS:CA	0.44	2.40	16	1
1:A:114:ILE:C	1:A:125:LYS:HB3	0.44	2.32	10	3
1:A:57:ASN:O	1:A:58:ILE:HB	0.44	2.13	11	1

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:110:GLY:O	1:A:111:ASN:O	0.44	2.35	7	1
1:A:23:ILE:HG23	1:A:27:LYS:HG3	0.44	1.89	1	2
1:A:93:PHE:CZ	1:A:103:ILE:CG1	0.44	3.01	20	1
1:A:107:GLU:HB3	1:A:114:ILE:HG13	0.44	1.89	3	6
1:A:9:ASP:CB	1:A:129:LYS:HG3	0.44	2.43	16	1
1:A:45:ASN:O	1:A:64:LEU:HD12	0.44	2.13	15	1
1:A:84:MET:CG	1:A:85:GLU:H	0.44	2.24	6	1
1:A:95:ARG:HH11	1:A:100:LYS:CB	0.43	2.26	18	1
1:A:92:LYS:O	1:A:93:PHE:CB	0.43	2.65	18	1
1:A:14:TYR:HD1	1:A:15:GLU:N	0.43	2.10	8	1
1:A:72:LEU:C	1:A:72:LEU:CD1	0.43	2.87	8	3
1:A:38:LEU:CG	1:A:106:ARG:CZ	0.43	2.96	11	1
1:A:119:TYR:CD2	1:A:120:GLU:HB3	0.43	2.47	9	4
1:A:7:LYS:CB	1:A:129:LYS:CA	0.43	2.94	12	7
1:A:102:LEU:N	1:A:119:TYR:HA	0.43	2.27	1	1
1:A:82:TRP:CD1	1:A:91:GLY:O	0.43	2.71	10	3
1:A:127:ILE:N	1:A:127:ILE:HD12	0.43	2.28	15	1
1:A:10:ARG:HD3	1:A:126:ARG:CB	0.43	2.43	12	1
1:A:110:GLY:O	1:A:112:GLU:HG3	0.43	2.12	19	1
1:A:81:THR:C	1:A:82:TRP:CD1	0.43	2.91	19	1
1:A:14:TYR:CE1	1:A:16:LYS:C	0.43	2.92	10	1
1:A:103:ILE:CG2	1:A:105:VAL:CG1	0.43	2.97	7	1
1:A:113:LEU:HA	1:A:113:LEU:HD23	0.43	1.60	2	1
1:A:90:VAL:O	1:A:90:VAL:HG12	0.43	2.12	20	1
1:A:45:ASN:C	1:A:64:LEU:HD21	0.43	2.32	8	1
1:A:93:PHE:HB2	1:A:100:LYS:O	0.43	2.13	8	1
1:A:106:ARG:HG3	1:A:128:PHE:CE1	0.43	2.48	16	1
1:A:8:VAL:HG11	1:A:14:TYR:CZ	0.43	2.49	9	1
1:A:43:GLU:HB3	1:A:46:LYS:CE	0.43	2.43	3	2
1:A:72:LEU:HD22	1:A:72:LEU:N	0.43	2.29	7	1
1:A:118:THR:HG22	1:A:121:GLY:HA2	0.43	1.89	18	2
1:A:2:PHE:CE1	1:A:89:LEU:CD1	0.43	3.01	2	1
1:A:105:VAL:HG11	1:A:107:GLU:CG	0.43	2.43	20	1
1:A:106:ARG:HG2	1:A:113:LEU:CD2	0.43	2.40	1	1
1:A:12:GLU:HA	1:A:14:TYR:CE2	0.43	2.48	8	1
1:A:72:LEU:HD13	1:A:73:ALA:HB3	0.43	1.90	8	1
1:A:78:LEU:HG	1:A:95:ARG:NE	0.43	2.28	19	1
1:A:45:ASN:HB3	1:A:64:LEU:CD1	0.43	2.43	3	1
1:A:70:TYR:O	1:A:70:TYR:CG	0.43	2.70	5	1
1:A:78:LEU:O	1:A:80:GLY:N	0.43	2.51	14	1
1:A:77:GLU:CD	1:A:96:VAL:HB	0.43	2.33	14	1

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:2:PHE:CZ	1:A:107:GLU:O	0.43	2.71	4	3
1:A:6:TRP:O	1:A:37:LYS:CG	0.43	2.66	6	3
1:A:84:MET:HA	1:A:88:LYS:O	0.43	2.14	19	3
1:A:8:VAL:HG13	1:A:115:GLN:HE22	0.43	1.69	16	1
1:A:106:ARG:NE	1:A:115:GLN:OE1	0.43	2.51	3	2
1:A:13:ASN:O	1:A:14:TYR:CD2	0.43	2.72	10	1
1:A:19:GLU:OE2	1:A:25:VAL:HG12	0.43	2.14	5	1
1:A:54:ASN:C	1:A:55:PHE:CG	0.43	2.91	7	2
1:A:80:GLY:CA	1:A:93:PHE:O	0.43	2.66	7	1
1:A:69:ALA:N	1:A:78:LEU:O	0.43	2.51	20	1
1:A:11:ASN:C	1:A:126:ARG:HG3	0.43	2.34	8	1
1:A:17:PHE:CE2	1:A:18:MET:HG2	0.43	2.48	10	1
1:A:7:LYS:HD2	1:A:129:LYS:O	0.43	2.14	2	2
1:A:46:LYS:HD3	1:A:61:VAL:CG2	0.43	2.44	1	1
1:A:94:LYS:O	1:A:95:ARG:O	0.43	2.37	9	2
1:A:47:PHE:CD1	1:A:49:VAL:HG13	0.43	2.48	16	1
1:A:10:ARG:HD2	1:A:11:ASN:N	0.43	2.27	12	1
1:A:2:PHE:CD1	1:A:2:PHE:N	0.43	2.87	17	1
1:A:53:SER:OG	1:A:54:ASN:N	0.43	2.49	10	2
1:A:46:LYS:CA	1:A:63:GLU:HA	0.43	2.44	3	1
1:A:78:LEU:N	1:A:95:ARG:HH21	0.43	2.12	5	1
1:A:38:LEU:O	1:A:50:LYS:N	0.43	2.51	13	4
1:A:12:GLU:C	1:A:14:TYR:H	0.43	2.14	8	1
1:A:9:ASP:CG	1:A:10:ARG:HD2	0.43	2.34	16	1
1:A:117:TYR:O	1:A:124:ALA:N	0.43	2.51	8	1
1:A:93:PHE:CZ	1:A:101:GLU:CA	0.43	3.00	19	1
1:A:43:GLU:CB	1:A:46:LYS:CE	0.43	2.97	8	2
1:A:66:VAL:O	1:A:68:PHE:N	0.43	2.51	8	1
1:A:3:ASP:OD1	1:A:3:ASP:N	0.43	2.52	9	1
1:A:104:ALA:CB	1:A:117:TYR:CG	0.43	3.02	12	1
1:A:64:LEU:HD23	1:A:83:THR:CA	0.43	2.44	17	1
1:A:107:GLU:O	1:A:108:ILE:CB	0.43	2.67	6	1
1:A:46:LYS:HB2	1:A:62:PHE:C	0.43	2.34	10	1
1:A:8:VAL:HG13	1:A:126:ARG:CB	0.43	2.44	10	1
1:A:128:PHE:CD1	1:A:130:LYS:N	0.43	2.87	14	1
1:A:38:LEU:HD12	1:A:40:ILE:HD11	0.42	1.91	8	1
1:A:5:THR:HG21	1:A:131:GLU:CB	0.42	2.43	19	2
1:A:93:PHE:CE2	1:A:94:LYS:HG3	0.42	2.47	5	1
1:A:96:VAL:C	1:A:98:ASN:H	0.42	2.18	1	2
1:A:48:THR:N	1:A:61:VAL:HG13	0.42	2.29	16	3
1:A:78:LEU:HD12	1:A:95:ARG:NH2	0.42	2.29	2	1

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:71:SER:HA	1:A:77:GLU:C	0.42	2.35	20	1
1:A:48:THR:HG22	1:A:48:THR:O	0.42	2.14	10	1
1:A:93:PHE:C	1:A:93:PHE:HD1	0.42	2.17	17	4
1:A:18:MET:HB3	1:A:23:ILE:HG21	0.42	1.91	1	1
1:A:79:THR:O	1:A:79:THR:HG23	0.42	2.14	8	1
1:A:7:LYS:CG	1:A:130:LYS:N	0.42	2.75	6	2
1:A:10:ARG:O	1:A:11:ASN:CB	0.42	2.67	12	1
1:A:8:VAL:CG2	1:A:115:GLN:CD	0.42	2.87	3	2
1:A:78:LEU:HG	1:A:95:ARG:CZ	0.42	2.44	3	1
1:A:11:ASN:HB3	1:A:14:TYR:CD2	0.42	2.49	5	1
1:A:7:LYS:O	1:A:8:VAL:CG2	0.42	2.67	2	5
1:A:37:LYS:C	1:A:39:THR:N	0.42	2.72	18	2
1:A:58:ILE:O	1:A:59:ASP:CB	0.42	2.67	18	2
1:A:5:THR:HG23	1:A:131:GLU:OXT	0.42	2.15	15	1
1:A:11:ASN:HB2	1:A:14:TYR:CB	0.42	2.44	3	2
1:A:114:ILE:HD13	1:A:114:ILE:H	0.42	1.74	6	1
1:A:90:VAL:C	1:A:92:LYS:H	0.42	2.17	5	1
1:A:93:PHE:CD2	1:A:100:LYS:C	0.42	2.93	5	1
1:A:113:LEU:CG	1:A:128:PHE:HB3	0.42	2.45	7	1
1:A:38:LEU:CD1	1:A:49:VAL:HG13	0.42	2.44	7	1
1:A:23:ILE:HD12	1:A:75:GLY:CA	0.42	2.45	8	2
1:A:47:PHE:CE1	1:A:49:VAL:HG11	0.42	2.49	16	1
1:A:7:LYS:CG	1:A:129:LYS:CA	0.42	2.97	15	4
1:A:38:LEU:HD12	1:A:40:ILE:HG12	0.42	1.92	11	1
1:A:118:THR:CG2	1:A:122:VAL:N	0.42	2.82	17	1
1:A:1:ALA:O	1:A:2:PHE:HB2	0.42	2.13	19	1
1:A:84:MET:HB2	1:A:90:VAL:N	0.42	2.28	6	1
1:A:12:GLU:OE1	1:A:13:ASN:N	0.42	2.52	2	1
1:A:39:THR:HB	1:A:50:LYS:HB2	0.42	1.90	1	2
1:A:105:VAL:HB	1:A:115:GLN:O	0.42	2.15	8	1
1:A:77:GLU:CB	1:A:96:VAL:HB	0.42	2.44	10	2
1:A:13:ASN:ND2	1:A:122:VAL:CG1	0.42	2.82	9	1
1:A:7:LYS:O	1:A:129:LYS:HG3	0.42	2.13	12	1
1:A:23:ILE:O	1:A:26:VAL:HG22	0.42	2.15	12	1
1:A:19:GLU:HA	1:A:23:ILE:HB	0.42	1.92	7	2
1:A:21:MET:CE	1:A:119:TYR:HB3	0.42	2.45	2	1
1:A:106:ARG:NH1	1:A:115:GLN:OE1	0.42	2.53	20	1
1:A:120:GLU:CG	1:A:120:GLU:O	0.42	2.68	19	2
1:A:17:PHE:CE2	1:A:102:LEU:CD2	0.42	3.02	17	1
1:A:65:GLY:CA	1:A:81:THR:CB	0.42	2.98	6	1
1:A:45:ASN:C	1:A:64:LEU:HD23	0.42	2.35	14	2

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:92:LYS:CA	1:A:103:ILE:HD13	0.42	2.41	1	2
1:A:39:THR:HG21	1:A:50:LYS:HD2	0.42	1.90	8	2
1:A:77:GLU:CG	1:A:96:VAL:CG2	0.42	2.97	8	1
1:A:119:TYR:O	1:A:120:GLU:CB	0.42	2.68	11	2
1:A:89:LEU:O	1:A:105:VAL:HG23	0.42	2.14	12	1
1:A:5:THR:HG1	1:A:131:GLU:C	0.42	2.18	12	1
1:A:129:LYS:NZ	1:A:129:LYS:O	0.42	2.49	10	1
1:A:93:PHE:CD1	1:A:93:PHE:N	0.42	2.87	5	1
1:A:38:LEU:HD21	1:A:106:ARG:CZ	0.42	2.45	14	1
1:A:74:ASP:N	1:A:74:ASP:OD1	0.42	2.53	5	2
1:A:14:TYR:CD1	1:A:15:GLU:N	0.42	2.88	8	1
1:A:115:GLN:O	1:A:125:LYS:HB3	0.42	2.14	13	1
1:A:107:GLU:CB	1:A:114:ILE:CG1	0.42	2.96	6	1
1:A:88:LYS:HB3	1:A:107:GLU:HG2	0.42	1.92	7	1
1:A:17:PHE:CD1	1:A:18:MET:N	0.42	2.88	13	2
1:A:80:GLY:O	1:A:81:THR:HB	0.42	2.13	18	1
1:A:100:LYS:HG3	1:A:119:TYR:CE1	0.42	2.50	20	1
1:A:21:MET:HG2	1:A:95:ARG:NH1	0.42	2.29	8	1
1:A:2:PHE:CZ	1:A:106:ARG:HB3	0.42	2.49	9	3
1:A:127:ILE:CG2	1:A:128:PHE:H	0.42	2.26	16	1
1:A:50:LYS:O	1:A:51:GLU:HB2	0.42	2.15	16	2
1:A:10:ARG:CD	1:A:127:ILE:H	0.42	2.23	12	1
1:A:123:GLU:CD	1:A:125:LYS:HD2	0.42	2.34	5	2
1:A:108:ILE:CA	1:A:112:GLU:HG2	0.41	2.45	7	1
1:A:95:ARG:HH11	1:A:100:LYS:HB3	0.41	1.75	18	1
1:A:5:THR:CB	1:A:39:THR:HG23	0.41	2.45	20	2
1:A:64:LEU:CB	1:A:83:THR:HG23	0.41	2.42	8	1
1:A:113:LEU:CB	1:A:128:PHE:HD1	0.41	2.28	16	1
1:A:2:PHE:CE1	1:A:40:ILE:HD12	0.41	2.50	13	1
1:A:6:TRP:CD2	1:A:113:LEU:HG	0.41	2.50	12	1
1:A:77:GLU:HG2	1:A:96:VAL:CB	0.41	2.44	17	1
1:A:14:TYR:CA	1:A:124:ALA:HB1	0.41	2.45	19	1
1:A:106:ARG:CA	1:A:113:LEU:O	0.41	2.68	7	1
1:A:2:PHE:N	1:A:108:ILE:CD1	0.41	2.83	2	1
1:A:18:MET:HG2	1:A:72:LEU:CD1	0.41	2.45	20	1
1:A:47:PHE:CZ	1:A:64:LEU:CG	0.41	3.02	15	1
1:A:62:PHE:HB2	1:A:66:VAL:CG1	0.41	2.45	9	1
1:A:95:ARG:O	1:A:96:VAL:CB	0.41	2.68	3	2
1:A:89:LEU:CD1	1:A:106:ARG:NH2	0.41	2.82	17	1
1:A:108:ILE:CA	1:A:112:GLU:HG3	0.41	2.45	4	1
1:A:119:TYR:CD2	1:A:120:GLU:HG3	0.41	2.50	4	1

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:89:LEU:C	1:A:90:VAL:CG2	0.41	2.88	4	2
1:A:112:GLU:CD	1:A:112:GLU:N	0.41	2.71	5	2
1:A:117:TYR:CD2	1:A:124:ALA:O	0.41	2.74	2	1
1:A:90:VAL:CA	1:A:105:VAL:HG22	0.41	2.41	1	1
1:A:12:GLU:C	1:A:14:TYR:N	0.41	2.73	8	1
1:A:90:VAL:O	1:A:103:ILE:HD13	0.41	2.16	8	1
1:A:54:ASN:C	1:A:55:PHE:CD1	0.41	2.94	15	1
1:A:48:THR:HG23	1:A:61:VAL:CG2	0.41	2.46	9	1
1:A:90:VAL:CG1	1:A:92:LYS:HG2	0.41	2.45	10	2
1:A:78:LEU:HG	1:A:95:ARG:HE	0.41	1.75	19	1
1:A:39:THR:O	1:A:40:ILE:CB	0.41	2.68	5	1
1:A:9:ASP:HB2	1:A:128:PHE:C	0.41	2.36	7	1
1:A:78:LEU:HD11	1:A:102:LEU:HD11	0.41	1.92	2	2
1:A:90:VAL:O	1:A:103:ILE:HD12	0.41	2.15	20	1
1:A:112:GLU:O	1:A:113:LEU:CD1	0.41	2.67	16	1
1:A:93:PHE:CG	1:A:101:GLU:CG	0.41	3.04	11	1
1:A:104:ALA:HB2	1:A:117:TYR:CE2	0.41	2.49	12	1
1:A:89:LEU:HD11	1:A:106:ARG:HH21	0.41	1.75	17	1
1:A:17:PHE:CE2	1:A:117:TYR:CG	0.41	3.09	19	1
1:A:107:GLU:HB2	1:A:114:ILE:HG12	0.41	1.91	6	1
1:A:66:VAL:C	1:A:81:THR:HG22	0.41	2.35	5	1
1:A:21:MET:HE1	1:A:102:LEU:HD21	0.41	1.91	14	1
1:A:125:LYS:N	1:A:125:LYS:CD	0.41	2.84	4	1
1:A:88:LYS:HB2	1:A:107:GLU:HG2	0.41	1.92	2	1
1:A:68:PHE:O	1:A:69:ALA:HB3	0.41	2.15	8	2
1:A:76:THR:HG23	1:A:77:GLU:N	0.41	2.31	15	1
1:A:114:ILE:O	1:A:116:THR:CB	0.41	2.68	19	1
1:A:78:LEU:CD2	1:A:102:LEU:HD12	0.41	2.43	3	1
1:A:108:ILE:HG13	1:A:113:LEU:HD23	0.41	1.91	6	1
1:A:123:GLU:O	1:A:125:LYS:HD2	0.41	2.15	10	1
1:A:2:PHE:CE2	1:A:84:MET:CE	0.41	3.04	14	1
1:A:81:THR:O	1:A:81:THR:CG2	0.41	2.68	9	2
1:A:21:MET:HA	1:A:100:LYS:CE	0.41	2.45	15	1
1:A:43:GLU:HB3	1:A:46:LYS:HD3	0.41	1.93	13	1
1:A:47:PHE:CD1	1:A:47:PHE:O	0.41	2.73	3	1
1:A:38:LEU:C	1:A:39:THR:O	0.41	2.59	10	1
1:A:69:ALA:N	1:A:79:THR:HA	0.41	2.30	7	1
1:A:96:VAL:O	1:A:98:ASN:N	0.41	2.53	7	1
1:A:78:LEU:CD1	1:A:95:ARG:NH2	0.41	2.84	2	1
1:A:95:ARG:HD3	1:A:100:LYS:CA	0.41	2.46	8	1
1:A:72:LEU:HB3	1:A:95:ARG:NH2	0.41	2.30	15	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:107:GLU:CD	1:A:114:ILE:HG13	0.41	2.35	11	1
1:A:80:GLY:C	1:A:81:THR:HG22	0.41	2.36	13	1
1:A:9:ASP:CB	1:A:129:LYS:CG	0.41	2.98	12	1
1:A:60:VAL:HG11	1:A:62:PHE:CD2	0.41	2.49	12	1
1:A:93:PHE:CZ	1:A:101:GLU:HA	0.41	2.50	19	1
1:A:6:TRP:CE3	1:A:113:LEU:CG	0.41	3.03	19	1
1:A:38:LEU:O	1:A:39:THR:O	0.41	2.38	19	1
1:A:45:ASN:O	1:A:46:LYS:CB	0.41	2.68	19	1
1:A:101:GLU:O	1:A:118:THR:C	0.41	2.59	5	1
1:A:52:SER:HB3	1:A:57:ASN:HA	0.41	1.93	14	1
1:A:122:VAL:HG12	1:A:122:VAL:O	0.41	2.16	7	1
1:A:110:GLY:O	1:A:111:ASN:C	0.41	2.59	4	1
1:A:72:LEU:N	1:A:78:LEU:CD1	0.41	2.84	18	1
1:A:106:ARG:C	1:A:108:ILE:N	0.41	2.74	1	1
1:A:7:LYS:CG	1:A:129:LYS:CB	0.41	2.99	3	2
1:A:17:PHE:CE2	1:A:117:TYR:HB2	0.41	2.50	19	2
1:A:126:ARG:HD2	1:A:126:ARG:N	0.41	2.31	10	1
1:A:14:TYR:CD1	1:A:16:LYS:CA	0.41	3.04	10	1
1:A:128:PHE:CE1	1:A:130:LYS:HB3	0.41	2.50	14	1
1:A:71:SER:HB2	1:A:76:THR:N	0.41	2.31	7	1
1:A:92:LYS:HA	1:A:103:ILE:CD1	0.41	2.46	4	1
1:A:108:ILE:C	1:A:112:GLU:HG3	0.41	2.34	4	1
1:A:103:ILE:O	1:A:105:VAL:CG2	0.41	2.69	18	1
1:A:101:GLU:O	1:A:103:ILE:HB	0.41	2.16	2	2
1:A:117:TYR:CE2	1:A:124:ALA:O	0.41	2.74	2	1
1:A:95:ARG:HD3	1:A:102:LEU:HD11	0.41	1.92	20	1
1:A:5:THR:CG2	1:A:131:GLU:CA	0.41	2.99	15	1
1:A:92:LYS:HA	1:A:93:PHE:CD2	0.41	2.51	15	1
1:A:78:LEU:HD23	1:A:78:LEU:HA	0.41	1.71	15	1
1:A:6:TRP:C	1:A:7:LYS:HG3	0.41	2.35	6	2
1:A:52:SER:HA	1:A:57:ASN:HB2	0.41	1.91	11	1
1:A:77:GLU:HG2	1:A:96:VAL:CG2	0.41	2.45	17	1
1:A:2:PHE:CD2	1:A:108:ILE:CG2	0.41	3.04	19	1
1:A:105:VAL:CG2	1:A:107:GLU:N	0.41	2.84	19	1
1:A:71:SER:CA	1:A:77:GLU:HA	0.41	2.43	10	1
1:A:1:ALA:CB	1:A:108:ILE:HG21	0.41	2.40	5	1
1:A:37:LYS:CD	1:A:131:GLU:HB3	0.41	2.45	5	1
1:A:113:LEU:HD23	1:A:113:LEU:HA	0.41	1.54	18	1
1:A:115:GLN:O	1:A:117:TYR:CD1	0.41	2.73	2	2
1:A:7:LYS:H	1:A:128:PHE:HB3	0.41	1.74	16	1
1:A:100:LYS:HG3	1:A:120:GLU:CD	0.41	2.36	15	1

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:82:TRP:HB3	1:A:90:VAL:O	0.41	2.16	15	1
1:A:78:LEU:HD22	1:A:93:PHE:HA	0.41	1.93	9	1
1:A:129:LYS:O	1:A:129:LYS:HD3	0.41	2.16	10	1
1:A:14:TYR:HD1	1:A:16:LYS:CA	0.41	2.29	10	1
1:A:10:ARG:C	1:A:126:ARG:CB	0.40	2.90	16	1
1:A:93:PHE:HE2	1:A:103:ILE:CD1	0.40	2.29	15	1
1:A:7:LYS:HE3	1:A:131:GLU:HG2	0.40	1.92	11	1
1:A:114:ILE:C	1:A:115:GLN:O	0.40	2.59	13	1
1:A:19:GLU:O	1:A:22:GLY:N	0.40	2.54	17	1
1:A:72:LEU:CD1	1:A:75:GLY:HA3	0.40	2.45	5	1
1:A:85:GLU:O	1:A:87:ASN:N	0.40	2.54	14	1
1:A:119:TYR:C	1:A:119:TYR:CD1	0.40	2.92	7	1
1:A:40:ILE:HG23	1:A:49:VAL:HG22	0.40	1.93	4	1
1:A:113:LEU:O	1:A:114:ILE:CB	0.40	2.68	2	1
1:A:104:ALA:CB	1:A:117:TYR:CE1	0.40	3.05	8	1
1:A:38:LEU:HB2	1:A:128:PHE:CD2	0.40	2.51	16	1
1:A:8:VAL:HA	1:A:10:ARG:NH2	0.40	2.32	12	1
1:A:60:VAL:HG12	1:A:62:PHE:CE2	0.40	2.51	19	1
1:A:2:PHE:O	1:A:6:TRP:CZ2	0.40	2.73	6	1
1:A:81:THR:OG1	1:A:81:THR:O	0.40	2.37	6	1
1:A:60:VAL:O	1:A:61:VAL:CB	0.40	2.68	10	1
1:A:82:TRP:HA	1:A:92:LYS:HB2	0.40	1.92	10	1
1:A:106:ARG:HA	1:A:113:LEU:O	0.40	2.15	5	1
1:A:79:THR:O	1:A:79:THR:CG2	0.40	2.69	14	1
1:A:82:TRP:HA	1:A:91:GLY:C	0.40	2.37	2	1
1:A:39:THR:HB	1:A:50:LYS:CB	0.40	2.47	1	1
1:A:90:VAL:O	1:A:103:ILE:CA	0.40	2.70	1	1
1:A:95:ARG:HG2	1:A:95:ARG:O	0.40	2.17	8	1
1:A:66:VAL:N	1:A:81:THR:OG1	0.40	2.55	9	1
1:A:10:ARG:CD	1:A:126:ARG:CB	0.40	3.00	12	1
1:A:91:GLY:H	1:A:103:ILE:C	0.40	2.17	12	1
1:A:37:LYS:CG	1:A:39:THR:OG1	0.40	2.69	17	1
1:A:38:LEU:HD13	1:A:106:ARG:CD	0.40	2.46	6	1
1:A:14:TYR:CE1	1:A:17:PHE:CA	0.40	3.05	10	1
1:A:70:TYR:C	1:A:77:GLU:O	0.40	2.59	5	1
1:A:115:GLN:NE2	1:A:125:LYS:HA	0.40	2.31	7	1
1:A:90:VAL:O	1:A:103:ILE:HA	0.40	2.15	1	1
1:A:9:ASP:CA	1:A:129:LYS:HG2	0.40	2.47	8	1
1:A:21:MET:SD	1:A:102:LEU:HG	0.40	2.56	16	1
1:A:125:LYS:HZ1	1:A:125:LYS:HB2	0.40	1.76	13	1
1:A:105:VAL:HG22	1:A:107:GLU:N	0.40	2.31	12	1

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:88:LYS:NZ	1:A:107:GLU:OE2	0.40	2.55	19	1
1:A:95:ARG:HG3	1:A:95:ARG:NH1	0.40	2.31	6	1
1:A:80:GLY:O	1:A:81:THR:CB	0.40	2.68	5	1
1:A:52:SER:CB	1:A:57:ASN:HA	0.40	2.47	14	1
1:A:40:ILE:CG2	1:A:47:PHE:CD2	0.40	3.03	16	1
1:A:92:LYS:CA	1:A:93:PHE:CD2	0.40	3.05	15	1
1:A:13:ASN:O	1:A:17:PHE:HB2	0.40	2.17	12	1
1:A:52:SER:O	1:A:53:SER:C	0.40	2.59	6	1
1:A:6:TRP:CE3	1:A:128:PHE:CG	0.40	3.10	10	1
1:A:46:LYS:HB2	1:A:63:GLU:N	0.40	2.32	5	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	120/131 (92%)	51±4 (43±3%)	32±3 (27±2%)	36±4 (30±3%)	<b>0</b>	<b>1</b>
All	All	2400/2620 (92%)	1028 (43%)	643 (27%)	729 (30%)	<b>0</b>	<b>1</b>

All 87 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	8	VAL	20
1	A	90	VAL	20
1	A	126	ARG	20
1	A	104	ALA	20
1	A	127	ILE	20
1	A	98	ASN	20
1	A	108	ILE	20
1	A	130	LYS	20
1	A	113	LEU	20
1	A	51	GLU	20
1	A	114	ILE	19
1	A	95	ARG	19

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	39	THR	19
1	A	107	GLU	19
1	A	93	PHE	19
1	A	94	LYS	18
1	A	103	ILE	17
1	A	63	GLU	15
1	A	64	LEU	14
1	A	92	LYS	14
1	A	116	THR	13
1	A	105	VAL	12
1	A	78	LEU	12
1	A	89	LEU	12
1	A	106	ARG	12
1	A	115	GLN	11
1	A	74	ASP	11
1	A	120	GLU	11
1	A	96	VAL	11
1	A	69	ALA	11
1	A	44	GLY	11
1	A	58	ILE	11
1	A	2	PHE	10
1	A	110	GLY	10
1	A	123	GLU	10
1	A	50	LYS	10
1	A	55	PHE	9
1	A	53	SER	8
1	A	37	LYS	8
1	A	46	LYS	8
1	A	88	LYS	7
1	A	73	ALA	7
1	A	66	VAL	6
1	A	54	ASN	6
1	A	75	GLY	6
1	A	72	LEU	5
1	A	57	ASN	5
1	A	85	GLU	5
1	A	81	THR	5
1	A	83	THR	5
1	A	3	ASP	5
1	A	128	PHE	5
1	A	71	SER	5
1	A	45	ASN	4

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	77	GLU	4
1	A	99	GLY	4
1	A	14	TYR	4
1	A	82	TRP	4
1	A	12	GLU	3
1	A	109	SER	3
1	A	102	LEU	3
1	A	7	LYS	3
1	A	100	LYS	3
1	A	48	THR	3
1	A	67	ASP	3
1	A	111	ASN	3
1	A	59	ASP	3
1	A	122	VAL	2
1	A	42	GLN	2
1	A	91	GLY	2
1	A	13	ASN	2
1	A	79	THR	2
1	A	56	ARG	2
1	A	11	ASN	1
1	A	87	ASN	1
1	A	80	GLY	1
1	A	40	ILE	1
1	A	24	ASN	1
1	A	119	TYR	1
1	A	112	GLU	1
1	A	61	VAL	1
1	A	101	GLU	1
1	A	60	VAL	1
1	A	86	GLY	1
1	A	23	ILE	1
1	A	65	GLY	1
1	A	16	LYS	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	106/113 (94%)	59±4 (56±3%)	47±4 (44±3%)	0 3
All	All	2120/2260 (94%)	1188 (56%)	932 (44%)	0 3

All 99 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	114	ILE	20
1	A	117	TYR	20
1	A	125	LYS	20
1	A	46	LYS	20
1	A	130	LYS	20
1	A	89	LEU	19
1	A	120	GLU	19
1	A	10	ARG	19
1	A	72	LEU	18
1	A	112	GLU	18
1	A	106	ARG	18
1	A	77	GLU	17
1	A	107	GLU	17
1	A	103	ILE	17
1	A	47	PHE	17
1	A	58	ILE	16
1	A	100	LYS	16
1	A	59	ASP	16
1	A	21	MET	15
1	A	39	THR	15
1	A	17	PHE	15
1	A	88	LYS	15
1	A	23	ILE	15
1	A	43	GLU	15
1	A	2	PHE	14
1	A	93	PHE	13
1	A	61	VAL	13
1	A	38	LEU	12
1	A	126	ARG	12
1	A	102	LEU	12
1	A	12	GLU	12
1	A	78	LEU	12
1	A	71	SER	12
1	A	64	LEU	12
1	A	66	VAL	11
1	A	11	ASN	11

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	76	THR	11
1	A	95	ARG	11
1	A	81	THR	11
1	A	70	TYR	11
1	A	84	MET	10
1	A	27	LYS	10
1	A	129	LYS	10
1	A	87	ASN	9
1	A	127	ILE	9
1	A	85	GLU	9
1	A	118	THR	9
1	A	7	LYS	9
1	A	131	GLU	8
1	A	62	PHE	8
1	A	57	ASN	8
1	A	13	ASN	8
1	A	41	THR	8
1	A	14	TYR	8
1	A	6	TRP	8
1	A	111	ASN	8
1	A	82	TRP	8
1	A	105	VAL	7
1	A	24	ASN	7
1	A	83	THR	7
1	A	20	LYS	7
1	A	55	PHE	7
1	A	67	ASP	7
1	A	79	THR	7
1	A	19	GLU	7
1	A	74	ASP	6
1	A	42	GLN	6
1	A	3	ASP	6
1	A	16	LYS	6
1	A	115	GLN	5
1	A	15	GLU	5
1	A	90	VAL	5
1	A	37	LYS	5
1	A	96	VAL	5
1	A	45	ASN	5
1	A	48	THR	5
1	A	53	SER	4
1	A	54	ASN	4

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	52	SER	4
1	A	63	GLU	4
1	A	5	THR	4
1	A	49	VAL	4
1	A	92	LYS	4
1	A	97	ASP	4
1	A	56	ARG	4
1	A	68	PHE	3
1	A	119	TYR	3
1	A	60	VAL	3
1	A	128	PHE	3
1	A	94	LYS	2
1	A	26	VAL	2
1	A	109	SER	2
1	A	108	ILE	2
1	A	50	LYS	2
1	A	122	VAL	1
1	A	51	GLU	1
1	A	18	MET	1
1	A	101	GLU	1
1	A	113	LEU	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](#)

There are no ligands in this entry.

## 6.7 Other polymers [i](#)

There are no such molecules in this entry.

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

There are no chain breaks in this entry.

## 7 Chemical shift validation

No chemical shift data were provided