



Full wwPDB NMR Structure Validation Report ⓘ

Feb 12, 2017 – 05:29 pm GMT

PDB ID : 1AK7
Title : DESTRIN, NMR, 20 STRUCTURES
Authors : Hatanaka, H.; Moriyama, K.; Ogura, K.; Ichikawa, S.; Yahara, I.; Inagaki, F.
Deposited on : 1997-05-29

This is a Full wwPDB NMR 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/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

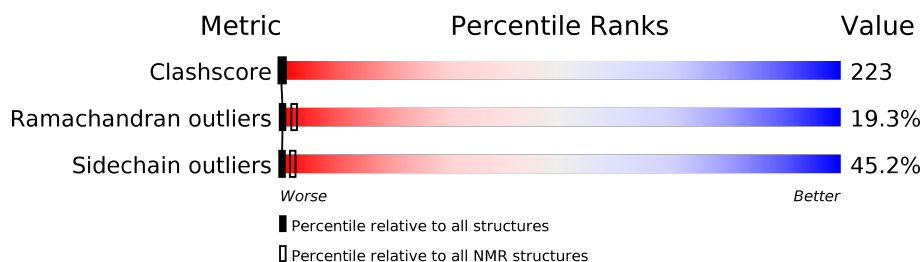
1 Overall quality at a glance

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 ≥ 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	174	

2 Ensemble composition and analysis

This entry contains 20 models. Model 9 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:3-A:18, A:29-A:165 (153)	0.48	9

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

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

The models can be grouped into 3 clusters and 5 single-model clusters were found.

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

3 Entry composition

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 2738 atoms, of which 1386 are hydrogens and 0 are deuteriums.

- Molecule 1 is a protein called DESTLIN.

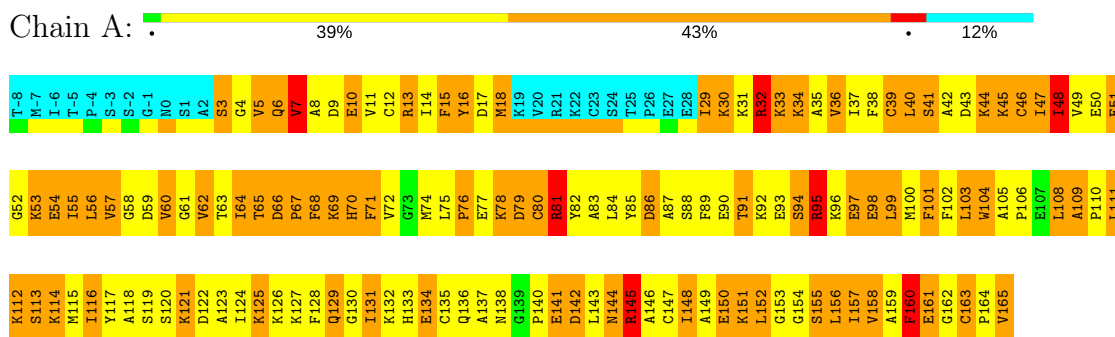
Mol	Chain	Residues	Atoms						Trace
1	A	174	Total	C	H	N	O	S	0
			2738	862	1386	224	253	13	

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: DESTLIN



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: DESTLIN



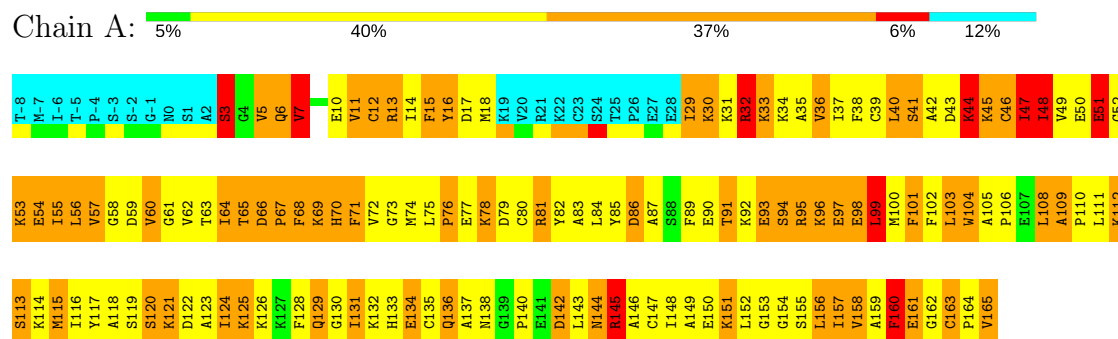
4.2.2 Score per residue for model 2

- Molecule 1: DESTIN



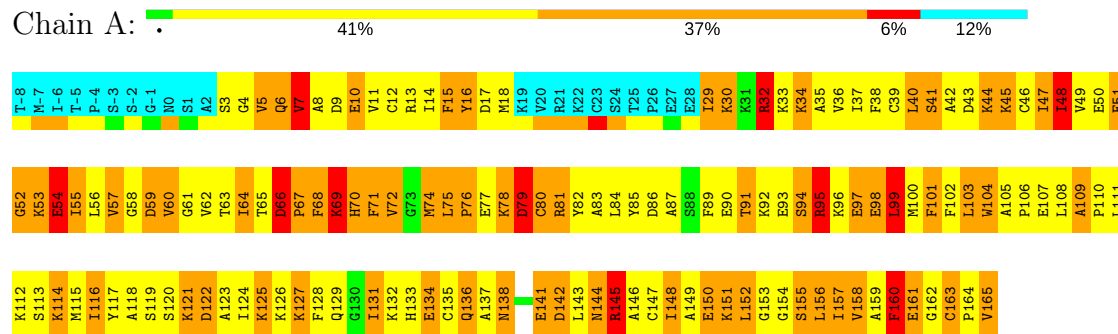
4.2.3 Score per residue for model 3

- Molecule 1: DESTIN



4.2.4 Score per residue for model 4

- Molecule 1: DESTIN



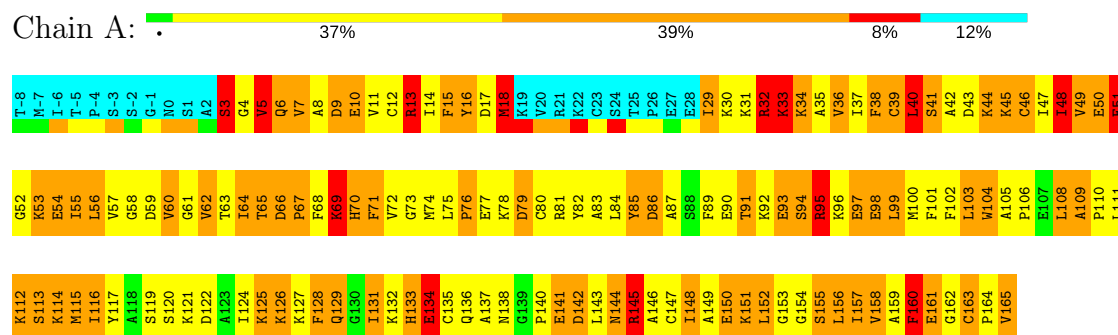
4.2.5 Score per residue for model 5

- Molecule 1: DESTIN



4.2.6 Score per residue for model 6

- Molecule 1: DESTIN



4.2.7 Score per residue for model 7

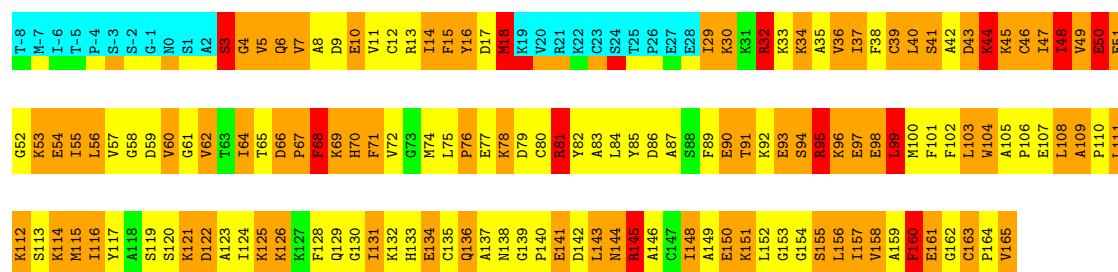
- Molecule 1: DESTIN



4.2.8 Score per residue for model 8

- Molecule 1: DESTIN

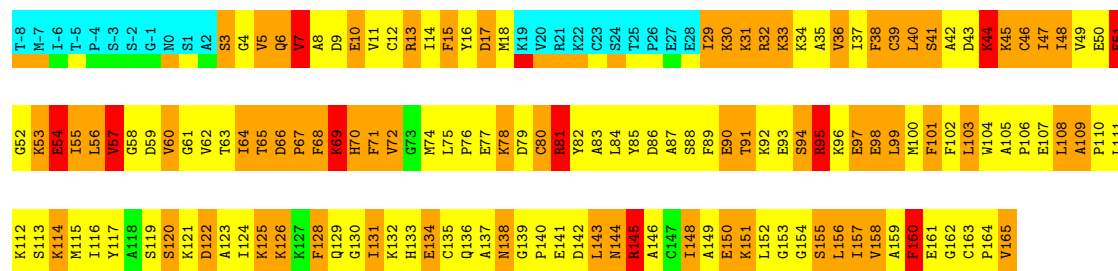




4.2.9 Score per residue for model 9 (medoid)

- Molecule 1: DESTIN

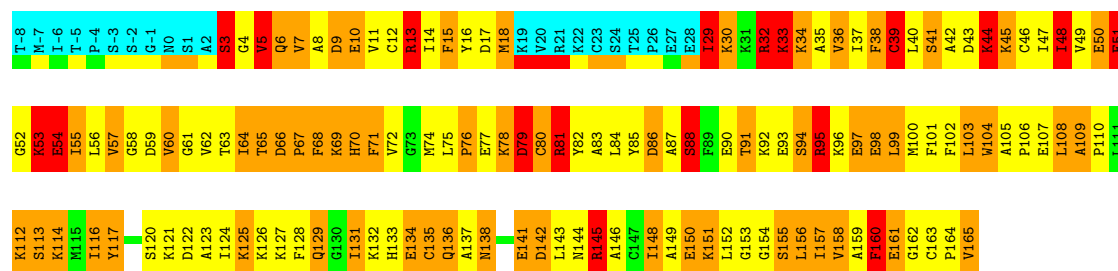
Chain A: 43% 37% 6% 12%



4.2.10 Score per residue for model 10

- Molecule 1: DESTIN

Chain A: 6% 37% 34% 10% 12%

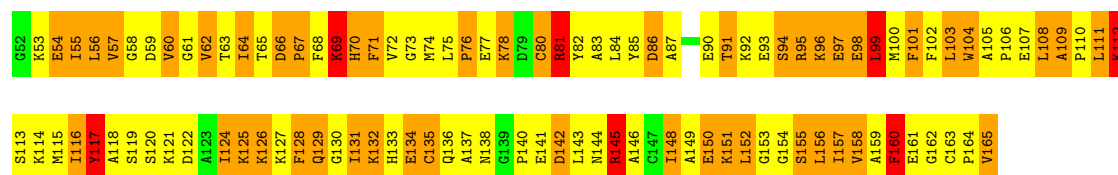


4.2.11 Score per residue for model 11

- Molecule 1: DESTIN

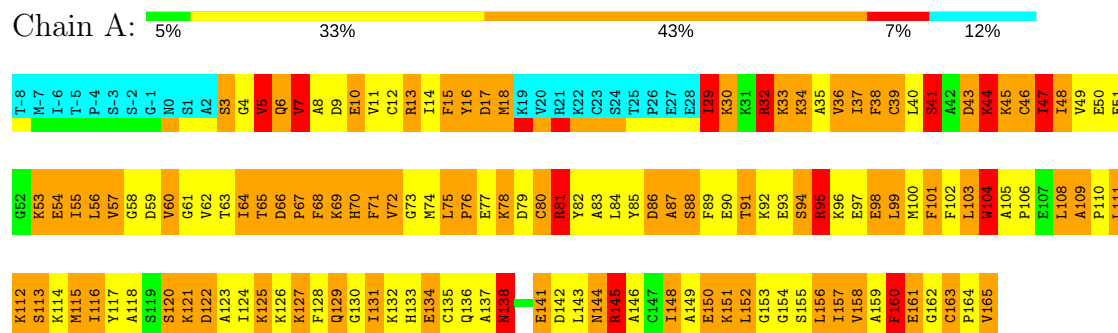
Chain A: 5% 39% 39% 6% 12%





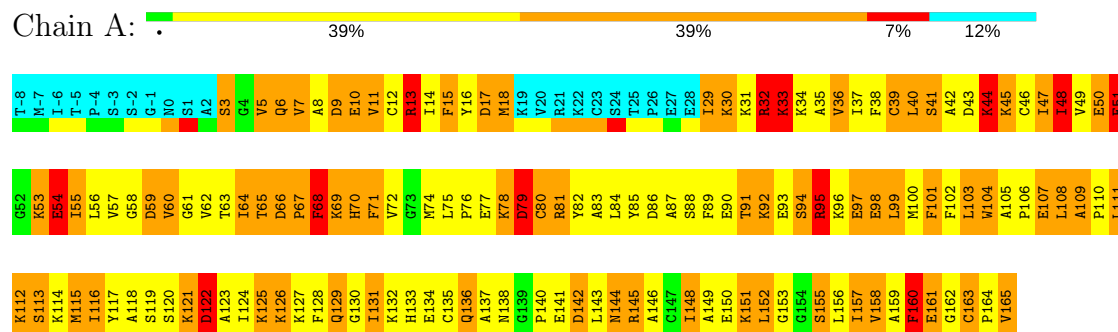
4.2.12 Score per residue for model 12

- Molecule 1: DESTIN



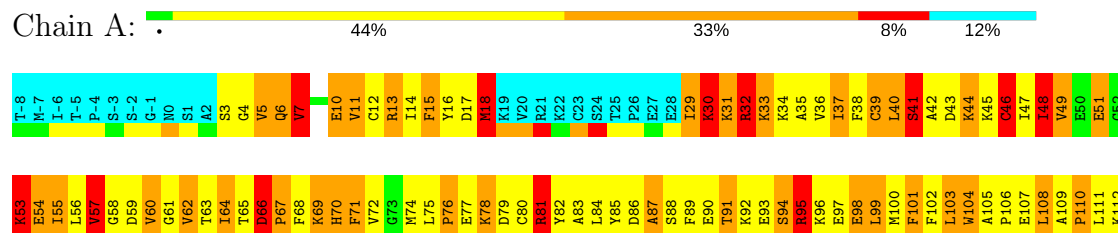
4.2.13 Score per residue for model 13

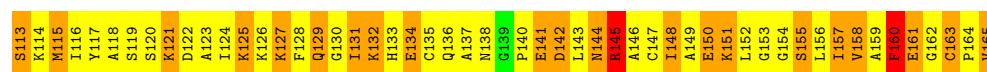
- Molecule 1: DESTIN



4.2.14 Score per residue for model 14

- Molecule 1: DESTIN

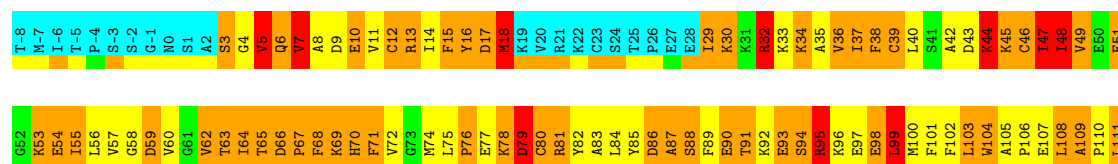




4.2.15 Score per residue for model 15

- Molecule 1: DESTIN

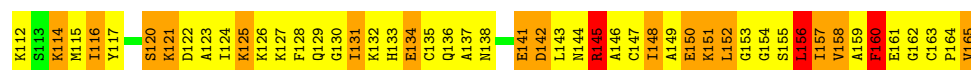
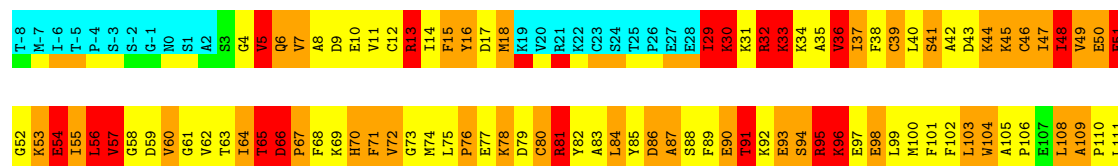
Chain A: 7% 32% 42% 7% 12%



4.2.16 Score per residue for model 16

- Molecule 1: DESTIN

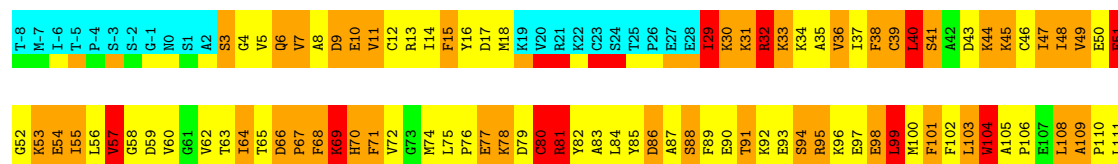
Chain A: 42% 30% 12% 12%



4.2.17 Score per residue for model 17

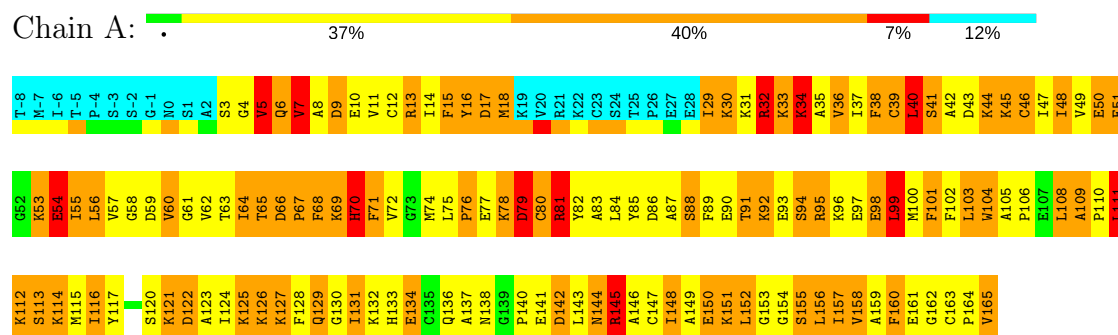
- Molecule 1: DESTIN

Chain A: 40% 37% 7% 12%



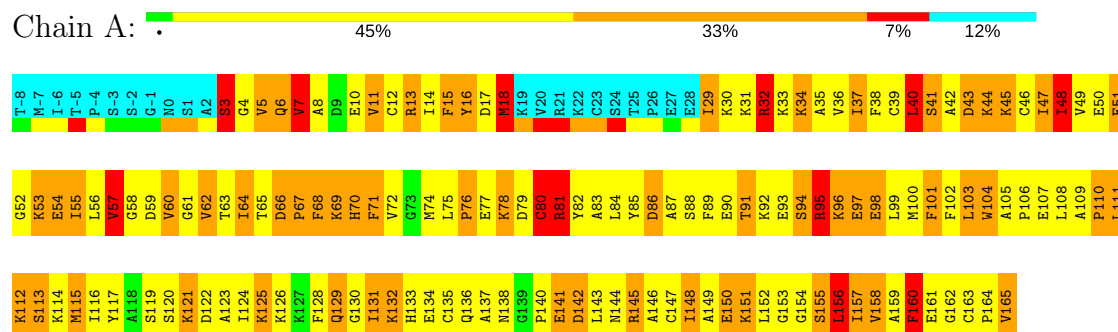
4.2.18 Score per residue for model 18

- Molecule 1: DESTIN



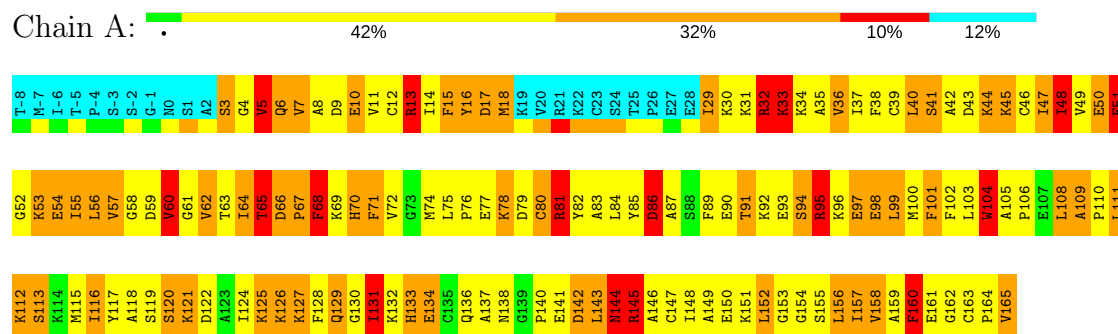
4.2.19 Score per residue for model 19

- Molecule 1: DESTIN



4.2.20 Score per residue for model 20

- Molecule 1: DESTIN



5 Refinement protocol and experimental data overview

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

Of the 100 calculated structures, 20 were deposited, based on the following criterion: *LEAST FNOE+FREPEL*.

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

Software name	Classification	Version
X-PLOR	refinement	3.1
X-PLOR	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 i

6.1 Standard geometry i

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	1.10±0.01	0±0/1222 (0.0±0.0%)	1.14±0.02	1±1/1636 (0.1±0.1%)
All	All	1.10	0/24440 (0.0%)	1.14	20/32720 (0.1%)

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	4.7±0.5
All	All	0	93

There are no bond-length outliers.

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	18	MET	CG-SD-CE	-7.18	88.70	100.20	15	5
1	A	117	TYR	CB-CG-CD2	-6.03	117.38	121.00	11	1
1	A	29	ILE	CA-CB-CG2	-5.94	99.03	110.90	16	5
1	A	29	ILE	CA-C-N	-5.85	104.33	117.20	12	5
1	A	128	PHE	CB-CG-CD1	-5.33	117.07	120.80	9	3
1	A	70	HIS	CA-CB-CG	-5.17	104.82	113.60	18	1

There are no chirality outliers.

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

Mol	Chain	Res	Type	Group	Models (Total)
1	A	95	ARG	Sidechain	20
1	A	145	ARG	Sidechain	19

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Group	Models (Total)
1	A	32	ARG	Sidechain	19
1	A	13	ARG	Sidechain	18
1	A	81	ARG	Sidechain	17

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	1200	1230	1230	542±15
All	All	24000	24600	24600	10846

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 223.

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

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:11:VAL:HG13	1:A:47:ILE:HG21	1.16	1.16	18	3
1:A:71:PHE:CE1	1:A:75:LEU:HD11	1.10	1.81	2	14
1:A:55:ILE:HD11	1:A:70:HIS:CD2	1.09	1.82	11	18
1:A:18:MET:CG	1:A:99:LEU:HD22	1.08	1.78	2	7
1:A:69:LYS:O	1:A:72:VAL:HG22	1.06	1.49	19	17
1:A:5:VAL:HG13	1:A:45:LYS:O	1.04	1.51	4	5
1:A:37:ILE:CG2	1:A:83:ALA:HB2	1.03	1.83	16	4
1:A:14:ILE:HG23	1:A:36:VAL:HG21	1.03	1.25	10	19
1:A:37:ILE:HG23	1:A:83:ALA:CB	1.03	1.83	16	3
1:A:14:ILE:HG21	1:A:38:PHE:CE1	1.03	1.88	5	7
1:A:37:ILE:HG23	1:A:83:ALA:HB2	1.02	1.31	12	3
1:A:18:MET:CB	1:A:99:LEU:HD22	1.01	1.84	17	2
1:A:37:ILE:HD13	1:A:75:LEU:CD2	1.01	1.85	16	2
1:A:47:ILE:O	1:A:48:ILE:HD12	1.00	1.55	5	2
1:A:47:ILE:HD11	1:A:82:TYR:CD2	1.00	1.91	17	18
1:A:11:VAL:CG1	1:A:47:ILE:HG21	1.00	1.87	18	8
1:A:108:LEU:O	1:A:108:LEU:HD12	0.99	1.58	7	5
1:A:148:ILE:O	1:A:152:LEU:HD12	0.99	1.57	13	16
1:A:84:LEU:HD21	1:A:131:ILE:CD1	0.98	1.88	18	13
1:A:37:ILE:HD13	1:A:75:LEU:HD23	0.97	1.36	12	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:55:ILE:HD12	1:A:71:PHE:HB2	0.97	1.36	17	20
1:A:75:LEU:HD13	1:A:104:TRP:CE2	0.97	1.95	4	5
1:A:109:ALA:HB3	1:A:110:PRO:HD3	0.97	1.31	14	2
1:A:40:LEU:O	1:A:48:ILE:HD13	0.97	1.60	1	2
1:A:103:LEU:HD13	1:A:121:LYS:CE	0.96	1.90	20	5
1:A:155:SER:O	1:A:156:LEU:HD23	0.96	1.59	12	9
1:A:11:VAL:HA	1:A:14:ILE:HD12	0.96	1.36	10	14
1:A:84:LEU:HD21	1:A:128:PHE:CZ	0.95	1.96	16	1
1:A:14:ILE:CG2	1:A:36:VAL:HG21	0.95	1.92	4	12
1:A:106:PRO:HG2	1:A:109:ALA:HB2	0.94	1.38	9	16
1:A:99:LEU:HD12	1:A:100:MET:N	0.94	1.77	10	5
1:A:100:MET:SD	1:A:152:LEU:HD21	0.94	2.01	16	2
1:A:5:VAL:HG21	1:A:120:SER:CB	0.94	1.93	7	5
1:A:18:MET:HG3	1:A:99:LEU:HD22	0.94	1.40	7	4
1:A:14:ILE:HD11	1:A:38:PHE:CE2	0.93	1.98	20	7
1:A:56:LEU:HD13	1:A:56:LEU:N	0.93	1.78	11	2
1:A:75:LEU:O	1:A:75:LEU:HD12	0.93	1.61	7	4
1:A:40:LEU:HD22	1:A:45:LYS:O	0.92	1.63	15	5
1:A:68:PHE:CE2	1:A:72:VAL:HG11	0.92	1.99	3	13
1:A:137:ALA:CB	1:A:143:LEU:HD11	0.92	1.94	17	11
1:A:14:ILE:HG21	1:A:36:VAL:HG21	0.92	1.40	8	6
1:A:18:MET:HB2	1:A:99:LEU:HD22	0.92	1.40	17	1
1:A:11:VAL:HG11	1:A:47:ILE:HG21	0.92	1.40	11	4
1:A:108:LEU:HD12	1:A:108:LEU:O	0.92	1.65	13	1
1:A:18:MET:CG	1:A:99:LEU:HD12	0.92	1.95	15	4
1:A:91:THR:HB	1:A:157:ILE:HG22	0.92	1.40	7	20
1:A:109:ALA:HB1	1:A:110:PRO:HD2	0.91	1.42	3	18
1:A:49:VAL:HG12	1:A:50:GLU:HG2	0.91	1.42	8	1
1:A:99:LEU:HD23	1:A:99:LEU:O	0.90	1.65	15	3
1:A:47:ILE:HG12	1:A:124:ILE:HD12	0.90	1.43	2	16
1:A:128:PHE:CD2	1:A:131:ILE:HD11	0.90	2.01	10	18
1:A:56:LEU:N	1:A:56:LEU:HD22	0.90	1.80	7	4
1:A:38:PHE:CE2	1:A:49:VAL:HG23	0.90	2.00	20	4
1:A:55:ILE:C	1:A:56:LEU:HD13	0.90	1.86	12	2
1:A:107:GLU:C	1:A:108:LEU:HD13	0.90	1.87	14	3
1:A:108:LEU:HD13	1:A:108:LEU:N	0.90	1.81	11	2
1:A:152:LEU:HB2	1:A:157:ILE:HD13	0.90	1.43	7	7
1:A:40:LEU:N	1:A:40:LEU:HD23	0.90	1.80	6	2
1:A:55:ILE:HD11	1:A:70:HIS:HD2	0.89	1.26	20	19
1:A:47:ILE:HD11	1:A:82:TYR:CE2	0.89	2.03	20	4
1:A:18:MET:CB	1:A:99:LEU:HD13	0.89	1.96	3	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:108:LEU:HD22	1:A:108:LEU:O	0.89	1.68	3	1
1:A:99:LEU:O	1:A:99:LEU:HD23	0.89	1.66	18	2
1:A:14:ILE:HG23	1:A:36:VAL:CG2	0.89	1.98	10	14
1:A:82:TYR:CD1	1:A:103:LEU:HD12	0.89	2.03	2	10
1:A:18:MET:HG3	1:A:99:LEU:HD12	0.88	1.45	15	3
1:A:99:LEU:HD23	1:A:132:LYS:HG2	0.88	1.44	20	1
1:A:64:ILE:HG21	1:A:70:HIS:CD2	0.88	2.04	15	20
1:A:18:MET:HG2	1:A:99:LEU:HD22	0.88	1.40	13	4
1:A:108:LEU:N	1:A:108:LEU:HD13	0.88	1.83	14	1
1:A:56:LEU:N	1:A:56:LEU:HD12	0.88	1.84	9	4
1:A:5:VAL:HG13	1:A:40:LEU:CD2	0.88	1.99	8	1
1:A:83:ALA:HB3	1:A:102:PHE:HB2	0.87	1.44	19	14
1:A:56:LEU:HD22	1:A:56:LEU:N	0.87	1.84	5	8
1:A:35:ALA:O	1:A:36:VAL:HG13	0.87	1.68	1	19
1:A:7:VAL:HG11	1:A:127:LYS:HG3	0.87	1.44	17	2
1:A:18:MET:HB2	1:A:99:LEU:HD23	0.87	1.44	10	6
1:A:100:MET:SD	1:A:152:LEU:HD11	0.87	2.09	9	15
1:A:7:VAL:HG13	1:A:11:VAL:HG11	0.87	1.46	6	5
1:A:11:VAL:HG22	1:A:128:PHE:CE1	0.87	2.04	9	6
1:A:112:LYS:O	1:A:116:ILE:HD12	0.86	1.69	11	2
1:A:103:LEU:HD23	1:A:103:LEU:N	0.86	1.84	7	4
1:A:38:PHE:CE1	1:A:49:VAL:HG22	0.86	2.04	7	1
1:A:48:ILE:HD13	1:A:49:VAL:N	0.86	1.85	18	3
1:A:34:LYS:CB	1:A:57:VAL:HG13	0.86	2.00	20	2
1:A:37:ILE:HD13	1:A:53:LYS:HE2	0.86	1.46	14	3
1:A:114:LYS:O	1:A:118:ALA:HB2	0.86	1.70	11	2
1:A:108:LEU:N	1:A:108:LEU:HD12	0.85	1.84	4	2
1:A:103:LEU:HD13	1:A:121:LYS:HE2	0.85	1.46	15	2
1:A:99:LEU:C	1:A:99:LEU:HD12	0.85	1.91	5	3
1:A:5:VAL:HG12	1:A:46:CYS:N	0.85	1.86	3	4
1:A:18:MET:HE3	1:A:34:LYS:O	0.85	1.71	5	5
1:A:15:PHE:N	1:A:84:LEU:HD23	0.85	1.87	16	1
1:A:48:ILE:HG23	1:A:49:VAL:N	0.85	1.87	16	12
1:A:56:LEU:O	1:A:57:VAL:HG22	0.85	1.72	15	10
1:A:8:ALA:HB2	1:A:47:ILE:O	0.84	1.70	17	10
1:A:14:ILE:HG22	1:A:84:LEU:HB2	0.84	1.48	15	15
1:A:77:GLU:HB3	1:A:108:LEU:HD11	0.84	1.50	8	4
1:A:10:GLU:CG	1:A:14:ILE:HD11	0.84	2.02	12	2
1:A:144:ASN:OD1	1:A:146:ALA:HB3	0.84	1.71	6	19
1:A:103:LEU:HD12	1:A:136:GLN:HB2	0.84	1.49	18	4
1:A:145:ARG:HD2	1:A:165:VAL:HG21	0.84	1.47	3	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:18:MET:CB	1:A:99:LEU:HD12	0.84	2.01	11	3
1:A:83:ALA:C	1:A:84:LEU:HD22	0.84	1.92	15	2
1:A:5:VAL:HG11	1:A:40:LEU:HD22	0.84	1.47	3	2
1:A:34:LYS:HB2	1:A:57:VAL:HG13	0.83	1.50	20	3
1:A:84:LEU:HD11	1:A:128:PHE:CZ	0.83	2.08	11	13
1:A:14:ILE:HG22	1:A:84:LEU:HD12	0.83	1.48	9	6
1:A:155:SER:HB2	1:A:156:LEU:HD12	0.83	1.47	11	5
1:A:155:SER:HB3	1:A:156:LEU:HD12	0.83	1.49	18	4
1:A:77:GLU:HB3	1:A:108:LEU:HD21	0.83	1.50	11	3
1:A:49:VAL:HG23	1:A:50:GLU:HG2	0.83	1.50	6	2
1:A:30:LYS:O	1:A:57:VAL:HG13	0.83	1.74	17	1
1:A:137:ALA:HB2	1:A:143:LEU:HD11	0.83	1.48	9	5
1:A:7:VAL:HG12	1:A:123:ALA:HB1	0.83	1.50	3	8
1:A:108:LEU:N	1:A:108:LEU:HD23	0.83	1.88	8	1
1:A:108:LEU:O	1:A:109:ALA:O	0.83	1.97	10	18
1:A:75:LEU:HD13	1:A:104:TRP:NE1	0.83	1.89	13	5
1:A:108:LEU:HD23	1:A:108:LEU:N	0.82	1.87	6	1
1:A:14:ILE:HD13	1:A:38:PHE:CD1	0.82	2.08	17	5
1:A:103:LEU:N	1:A:103:LEU:HD23	0.82	1.86	20	3
1:A:35:ALA:CB	1:A:55:ILE:HG22	0.82	2.04	5	19
1:A:14:ILE:HD13	1:A:38:PHE:CZ	0.82	2.08	16	2
1:A:35:ALA:HB3	1:A:55:ILE:O	0.82	1.74	12	9
1:A:18:MET:CB	1:A:99:LEU:HD23	0.82	2.04	16	6
1:A:47:ILE:HD13	1:A:124:ILE:HB	0.82	1.51	17	3
1:A:55:ILE:C	1:A:56:LEU:HD22	0.82	1.95	2	9
1:A:157:ILE:O	1:A:158:VAL:HG23	0.81	1.75	4	20
1:A:62:VAL:HG12	1:A:63:THR:N	0.81	1.89	17	16
1:A:105:ALA:O	1:A:138:ASN:HA	0.81	1.76	17	19
1:A:109:ALA:HB3	1:A:110:PRO:CD	0.81	2.05	14	2
1:A:66:ASP:N	1:A:67:PRO:HD3	0.81	1.90	14	6
1:A:143:LEU:N	1:A:143:LEU:HD12	0.81	1.91	17	1
1:A:56:LEU:O	1:A:58:GLY:N	0.81	2.13	3	5
1:A:102:PHE:CE1	1:A:143:LEU:HD23	0.81	2.11	16	15
1:A:137:ALA:HB1	1:A:143:LEU:HD11	0.81	1.51	17	3
1:A:77:GLU:CB	1:A:108:LEU:HD11	0.81	2.06	8	3
1:A:34:LYS:HG3	1:A:57:VAL:HG11	0.81	1.53	17	2
1:A:102:PHE:CD1	1:A:143:LEU:HD23	0.81	2.09	13	10
1:A:72:VAL:HG13	1:A:143:LEU:HD22	0.81	1.51	4	1
1:A:15:PHE:HA	1:A:84:LEU:HD13	0.80	1.53	11	7
1:A:101:PHE:CZ	1:A:124:ILE:HG21	0.80	2.11	20	3
1:A:37:ILE:HD13	1:A:53:LYS:CE	0.80	2.06	11	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:37:ILE:HG23	1:A:81:ARG:HB2	0.80	1.54	3	5
1:A:31:LYS:HA	1:A:56:LEU:HD11	0.80	1.52	16	2
1:A:116:ILE:HG22	1:A:117:TYR:N	0.80	1.89	11	20
1:A:99:LEU:C	1:A:99:LEU:HD23	0.80	1.97	18	4
1:A:5:VAL:HG21	1:A:120:SER:HB2	0.80	1.54	7	5
1:A:34:LYS:HD3	1:A:57:VAL:HG11	0.80	1.52	4	2
1:A:75:LEU:HD12	1:A:75:LEU:O	0.80	1.77	13	1
1:A:160:PHE:HA	1:A:165:VAL:HG23	0.79	1.53	10	19
1:A:40:LEU:HA	1:A:46:CYS:O	0.79	1.77	7	18
1:A:30:LYS:HB3	1:A:57:VAL:HG12	0.79	1.53	5	3
1:A:72:VAL:HA	1:A:75:LEU:HD12	0.79	1.53	17	7
1:A:99:LEU:HD23	1:A:99:LEU:C	0.79	1.97	6	1
1:A:18:MET:HB2	1:A:99:LEU:HD12	0.79	1.55	11	3
1:A:47:ILE:CG1	1:A:124:ILE:HD12	0.79	2.06	2	2
1:A:14:ILE:HD11	1:A:38:PHE:CZ	0.79	2.13	1	8
1:A:29:ILE:HA	1:A:32:ARG:CD	0.79	2.08	18	15
1:A:38:PHE:CA	1:A:48:ILE:O	0.79	2.31	14	12
1:A:56:LEU:HD13	1:A:56:LEU:O	0.79	1.77	3	1
1:A:99:LEU:HD11	1:A:132:LYS:HG2	0.78	1.55	5	5
1:A:47:ILE:O	1:A:47:ILE:HG23	0.78	1.78	18	1
1:A:37:ILE:CD1	1:A:75:LEU:HD23	0.78	2.07	12	7
1:A:68:PHE:CD1	1:A:69:LYS:N	0.78	2.51	1	20
1:A:14:ILE:HD13	1:A:38:PHE:CE1	0.78	2.14	17	11
1:A:7:VAL:CG1	1:A:123:ALA:HB1	0.78	2.08	9	5
1:A:103:LEU:N	1:A:103:LEU:HD13	0.78	1.93	1	8
1:A:72:VAL:HG12	1:A:143:LEU:HD22	0.78	1.53	18	2
1:A:72:VAL:CG1	1:A:143:LEU:HD23	0.78	2.07	9	2
1:A:11:VAL:HG13	1:A:47:ILE:CG2	0.78	2.04	18	4
1:A:84:LEU:HD22	1:A:84:LEU:N	0.78	1.93	15	1
1:A:55:ILE:HD11	1:A:70:HIS:NE2	0.78	1.93	18	5
1:A:48:ILE:HD12	1:A:50:GLU:HB2	0.78	1.54	18	1
1:A:71:PHE:HA	1:A:74:MET:HE2	0.78	1.55	12	18
1:A:64:ILE:HD13	1:A:70:HIS:CD2	0.78	2.14	15	12
1:A:82:TYR:CG	1:A:103:LEU:HD12	0.78	2.14	2	1
1:A:99:LEU:HD21	1:A:132:LYS:HG2	0.77	1.54	15	6
1:A:5:VAL:CG1	1:A:116:ILE:HG23	0.77	2.09	5	7
1:A:152:LEU:CB	1:A:157:ILE:HG21	0.77	2.09	11	6
1:A:38:PHE:CB	1:A:48:ILE:O	0.77	2.33	15	14
1:A:101:PHE:HB2	1:A:131:ILE:HG21	0.77	1.54	19	1
1:A:144:ASN:O	1:A:145:ARG:HB2	0.77	1.77	3	4
1:A:5:VAL:HG21	1:A:120:SER:OG	0.77	1.80	19	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:101:PHE:CZ	1:A:124:ILE:HD13	0.77	2.15	20	20
1:A:153:GLY:HA2	1:A:157:ILE:HG12	0.77	1.57	19	20
1:A:14:ILE:HG21	1:A:38:PHE:CZ	0.77	2.15	12	4
1:A:143:LEU:HD12	1:A:143:LEU:N	0.77	1.94	10	2
1:A:40:LEU:HD12	1:A:44:LYS:HG3	0.77	1.54	6	3
1:A:128:PHE:CD2	1:A:131:ILE:CD1	0.77	2.67	7	19
1:A:101:PHE:HB2	1:A:131:ILE:HD12	0.77	1.57	16	15
1:A:56:LEU:HD23	1:A:59:ASP:OD2	0.77	1.80	7	7
1:A:11:VAL:CG2	1:A:47:ILE:HG21	0.76	2.09	19	6
1:A:152:LEU:N	1:A:152:LEU:HD13	0.76	1.95	7	1
1:A:156:LEU:N	1:A:156:LEU:HD12	0.76	1.95	6	5
1:A:87:ALA:HB3	1:A:98:GLU:O	0.76	1.80	6	9
1:A:152:LEU:HD13	1:A:152:LEU:N	0.76	1.96	18	1
1:A:103:LEU:HD13	1:A:121:LYS:CD	0.76	2.11	18	5
1:A:109:ALA:HB1	1:A:110:PRO:CD	0.76	2.09	10	18
1:A:14:ILE:CD1	1:A:38:PHE:CE2	0.76	2.69	19	2
1:A:99:LEU:HD12	1:A:99:LEU:C	0.76	2.00	1	5
1:A:11:VAL:HA	1:A:14:ILE:CD1	0.76	2.11	19	13
1:A:156:LEU:HD12	1:A:156:LEU:N	0.76	1.95	4	4
1:A:99:LEU:HD22	1:A:99:LEU:C	0.76	2.01	4	1
1:A:91:THR:HG23	1:A:93:GLU:HB3	0.76	1.56	2	5
1:A:18:MET:HB2	1:A:99:LEU:CD2	0.76	2.09	10	5
1:A:40:LEU:HD23	1:A:46:CYS:O	0.75	1.79	8	2
1:A:18:MET:HE1	1:A:34:LYS:O	0.75	1.81	9	13
1:A:41:SER:H	1:A:48:ILE:HD13	0.75	1.41	5	1
1:A:15:PHE:CE2	1:A:16:TYR:CE1	0.75	2.74	10	4
1:A:77:GLU:HB2	1:A:108:LEU:HD22	0.75	1.58	19	1
1:A:106:PRO:CG	1:A:109:ALA:HB2	0.75	2.11	10	15
1:A:60:VAL:HG13	1:A:66:ASP:N	0.75	1.95	3	15
1:A:40:LEU:O	1:A:48:ILE:HB	0.75	1.82	7	3
1:A:56:LEU:C	1:A:57:VAL:HG13	0.75	2.01	1	9
1:A:5:VAL:HG21	1:A:120:SER:HB3	0.75	1.59	7	1
1:A:7:VAL:HG11	1:A:127:LYS:CG	0.75	2.11	17	1
1:A:103:LEU:HD13	1:A:103:LEU:N	0.75	1.95	13	5
1:A:38:PHE:HA	1:A:48:ILE:O	0.75	1.81	14	12
1:A:103:LEU:HD12	1:A:136:GLN:HG3	0.75	1.58	10	1
1:A:99:LEU:HD21	1:A:132:LYS:CG	0.75	2.12	18	2
1:A:34:LYS:O	1:A:36:VAL:HG22	0.75	1.81	16	6
1:A:11:VAL:HG11	1:A:47:ILE:HG22	0.75	1.57	1	2
1:A:56:LEU:O	1:A:57:VAL:HG13	0.75	1.82	14	8
1:A:160:PHE:O	1:A:165:VAL:HG23	0.74	1.80	16	15

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:54:GLU:OE2	1:A:56:LEU:HD12	0.74	1.83	11	1
1:A:101:PHE:CE1	1:A:124:ILE:HD13	0.74	2.17	20	4
1:A:34:LYS:HB2	1:A:57:VAL:HG11	0.74	1.58	12	5
1:A:40:LEU:CD1	1:A:40:LEU:N	0.74	2.50	17	2
1:A:68:PHE:O	1:A:72:VAL:HG13	0.74	1.83	3	7
1:A:137:ALA:HB2	1:A:143:LEU:CD1	0.74	2.12	7	6
1:A:55:ILE:HG13	1:A:74:MET:HE1	0.74	1.59	14	2
1:A:103:LEU:HD13	1:A:121:LYS:HD2	0.74	1.58	18	3
1:A:82:TYR:CE1	1:A:117:TYR:CG	0.74	2.75	2	2
1:A:64:ILE:CG2	1:A:70:HIS:CG	0.74	2.71	9	20
1:A:11:VAL:HG21	1:A:47:ILE:HG21	0.74	1.58	19	4
1:A:148:ILE:O	1:A:152:LEU:HD22	0.74	1.82	7	2
1:A:152:LEU:HB2	1:A:157:ILE:HG21	0.74	1.59	11	3
1:A:11:VAL:CA	1:A:14:ILE:HD12	0.74	2.12	15	7
1:A:57:VAL:HG22	1:A:58:GLY:N	0.74	1.98	17	3
1:A:84:LEU:HD21	1:A:128:PHE:CE2	0.74	2.18	16	7
1:A:16:TYR:CD1	1:A:16:TYR:C	0.74	2.60	18	3
1:A:7:VAL:HG13	1:A:11:VAL:CG1	0.74	2.12	17	4
1:A:5:VAL:HG13	1:A:40:LEU:HD22	0.74	1.60	8	1
1:A:82:TYR:HA	1:A:102:PHE:O	0.74	1.82	15	18
1:A:71:PHE:CZ	1:A:75:LEU:HD11	0.74	2.17	19	5
1:A:103:LEU:HD11	1:A:121:LYS:HD2	0.74	1.59	19	2
1:A:145:ARG:CD	1:A:165:VAL:HG21	0.73	2.13	20	4
1:A:157:ILE:HD12	1:A:159:ALA:O	0.73	1.82	2	12
1:A:57:VAL:O	1:A:60:VAL:HG12	0.73	1.82	14	1
1:A:35:ALA:HB3	1:A:55:ILE:C	0.73	2.03	8	14
1:A:71:PHE:HE1	1:A:75:LEU:HD11	0.73	1.41	18	7
1:A:30:LYS:HB2	1:A:57:VAL:HG23	0.73	1.61	20	1
1:A:18:MET:HB3	1:A:99:LEU:HD13	0.73	1.61	6	1
1:A:5:VAL:HG12	1:A:116:ILE:HG23	0.73	1.59	5	3
1:A:18:MET:HB3	1:A:99:LEU:HD22	0.73	1.61	17	2
1:A:60:VAL:O	1:A:60:VAL:HG12	0.73	1.83	20	1
1:A:14:ILE:HD13	1:A:38:PHE:CD2	0.73	2.18	6	2
1:A:66:ASP:N	1:A:67:PRO:CD	0.73	2.51	6	20
1:A:100:MET:HE1	1:A:148:ILE:HG23	0.73	1.61	7	18
1:A:108:LEU:HD22	1:A:108:LEU:H	0.73	1.41	15	2
1:A:103:LEU:HD22	1:A:121:LYS:HD2	0.73	1.59	7	5
1:A:84:LEU:HD11	1:A:131:ILE:CD1	0.73	2.14	8	2
1:A:75:LEU:HD13	1:A:104:TRP:CG	0.72	2.19	1	3
1:A:82:TYR:CZ	1:A:117:TYR:CD1	0.72	2.77	3	7
1:A:163:CYS:CB	1:A:164:PRO:CD	0.72	2.67	14	20

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:84:LEU:HD21	1:A:131:ILE:HD11	0.72	1.61	18	11
1:A:57:VAL:HG12	1:A:58:GLY:N	0.72	1.97	7	2
1:A:30:LYS:HA	1:A:57:VAL:HG22	0.72	1.59	15	9
1:A:37:ILE:HD13	1:A:53:LYS:HB3	0.72	1.58	9	3
1:A:49:VAL:O	1:A:49:VAL:HG12	0.72	1.83	12	1
1:A:109:ALA:HB3	1:A:114:LYS:HD3	0.72	1.62	13	2
1:A:68:PHE:CD2	1:A:72:VAL:HG11	0.72	2.20	3	1
1:A:16:TYR:CD1	1:A:17:ASP:N	0.72	2.58	16	7
1:A:103:LEU:HD21	1:A:121:LYS:CD	0.72	2.15	19	3
1:A:68:PHE:CE2	1:A:72:VAL:CG1	0.72	2.73	16	15
1:A:18:MET:HG2	1:A:99:LEU:CB	0.72	2.15	6	7
1:A:155:SER:C	1:A:156:LEU:HD23	0.72	2.05	5	9
1:A:37:ILE:HG23	1:A:81:ARG:CD	0.72	2.15	11	1
1:A:65:THR:O	1:A:66:ASP:CB	0.72	2.38	19	19
1:A:103:LEU:HD13	1:A:121:LYS:HE3	0.72	1.61	18	3
1:A:7:VAL:CG1	1:A:11:VAL:HG11	0.72	2.14	5	3
1:A:3:SER:O	1:A:5:VAL:HG23	0.71	1.84	8	1
1:A:38:PHE:CD2	1:A:48:ILE:O	0.71	2.42	8	5
1:A:133:HIS:NE2	1:A:152:LEU:HD23	0.71	1.99	16	7
1:A:149:ALA:O	1:A:153:GLY:HA3	0.71	1.84	18	20
1:A:40:LEU:CB	1:A:46:CYS:O	0.71	2.39	18	2
1:A:11:VAL:HG22	1:A:128:PHE:CZ	0.71	2.20	17	1
1:A:103:LEU:HD23	1:A:136:GLN:HG3	0.71	1.61	4	1
1:A:143:LEU:O	1:A:148:ILE:HG12	0.71	1.86	13	20
1:A:39:CYS:N	1:A:47:ILE:O	0.71	2.23	2	3
1:A:18:MET:SD	1:A:99:LEU:HD12	0.71	2.24	18	2
1:A:5:VAL:HG11	1:A:120:SER:OG	0.71	1.86	14	5
1:A:40:LEU:HD13	1:A:44:LYS:HA	0.71	1.61	18	2
1:A:152:LEU:HB3	1:A:157:ILE:HG21	0.71	1.61	13	17
1:A:81:ARG:CD	1:A:81:ARG:N	0.71	2.53	9	1
1:A:7:VAL:CG1	1:A:11:VAL:HG21	0.71	2.15	11	3
1:A:45:LYS:O	1:A:46:CYS:HB2	0.71	1.85	13	7
1:A:99:LEU:HD13	1:A:99:LEU:N	0.71	2.01	4	1
1:A:14:ILE:CD1	1:A:38:PHE:CE1	0.70	2.73	1	8
1:A:103:LEU:CD1	1:A:103:LEU:N	0.70	2.52	14	5
1:A:12:CYS:O	1:A:16:TYR:CD1	0.70	2.43	7	3
1:A:128:PHE:CE2	1:A:131:ILE:HD11	0.70	2.21	8	14
1:A:49:VAL:HG22	1:A:49:VAL:O	0.70	1.84	19	1
1:A:16:TYR:C	1:A:16:TYR:CD1	0.70	2.65	12	8
1:A:29:ILE:HG23	1:A:34:LYS:HE3	0.70	1.63	14	10
1:A:72:VAL:HG12	1:A:143:LEU:HD23	0.70	1.62	7	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:14:ILE:HD11	1:A:38:PHE:CE1	0.70	2.20	1	2
1:A:152:LEU:HD22	1:A:152:LEU:H	0.70	1.47	18	1
1:A:60:VAL:HG12	1:A:60:VAL:O	0.70	1.86	1	3
1:A:29:ILE:HG23	1:A:34:LYS:CE	0.70	2.16	14	12
1:A:69:LYS:O	1:A:72:VAL:HG23	0.70	1.86	7	2
1:A:64:ILE:HG23	1:A:70:HIS:CG	0.70	2.22	16	19
1:A:68:PHE:CZ	1:A:144:ASN:HA	0.70	2.21	5	12
1:A:72:VAL:CG1	1:A:143:LEU:HD22	0.70	2.16	4	1
1:A:148:ILE:HG21	1:A:160:PHE:CZ	0.70	2.22	2	1
1:A:112:LYS:O	1:A:116:ILE:HB	0.70	1.87	12	19
1:A:75:LEU:HB2	1:A:104:TRP:NE1	0.70	2.02	12	2
1:A:30:LYS:CB	1:A:57:VAL:HG23	0.69	2.17	20	1
1:A:18:MET:HG3	1:A:99:LEU:CD1	0.69	2.16	3	2
1:A:40:LEU:HD12	1:A:41:SER:N	0.69	2.01	18	1
1:A:56:LEU:HD22	1:A:56:LEU:O	0.69	1.87	16	2
1:A:37:ILE:HD12	1:A:53:LYS:HB3	0.69	1.62	16	2
1:A:30:LYS:O	1:A:56:LEU:O	0.69	2.10	5	13
1:A:160:PHE:CA	1:A:165:VAL:HG23	0.69	2.18	8	16
1:A:103:LEU:HB2	1:A:136:GLN:HG2	0.69	1.65	10	4
1:A:131:ILE:HG23	1:A:133:HIS:H	0.69	1.47	19	5
1:A:149:ALA:O	1:A:153:GLY:CA	0.69	2.41	7	14
1:A:155:SER:CB	1:A:156:LEU:HD12	0.69	2.17	14	9
1:A:30:LYS:HB3	1:A:58:GLY:N	0.69	2.03	5	6
1:A:77:GLU:HB3	1:A:108:LEU:HD13	0.69	1.62	19	2
1:A:111:LEU:HD23	1:A:111:LEU:O	0.69	1.85	19	1
1:A:91:THR:HA	1:A:157:ILE:CA	0.69	2.18	10	20
1:A:35:ALA:HB3	1:A:55:ILE:HG22	0.69	1.64	1	15
1:A:59:ASP:HB3	1:A:64:ILE:HD11	0.69	1.63	7	10
1:A:15:PHE:CA	1:A:84:LEU:HD13	0.69	2.18	12	4
1:A:11:VAL:HG11	1:A:47:ILE:CG2	0.69	2.17	20	5
1:A:18:MET:N	1:A:18:MET:SD	0.69	2.65	20	6
1:A:82:TYR:CE1	1:A:103:LEU:HD12	0.69	2.22	2	7
1:A:15:PHE:HB3	1:A:128:PHE:CE1	0.69	2.23	15	2
1:A:75:LEU:HD13	1:A:104:TRP:CD2	0.69	2.23	1	6
1:A:108:LEU:HG	1:A:109:ALA:N	0.69	2.01	10	1
1:A:50:GLU:O	1:A:51:GLU:CG	0.69	2.41	6	3
1:A:40:LEU:N	1:A:40:LEU:CD2	0.69	2.55	6	1
1:A:37:ILE:HD12	1:A:75:LEU:CD2	0.69	2.18	19	1
1:A:11:VAL:HG12	1:A:14:ILE:HD12	0.69	1.63	20	3
1:A:101:PHE:HB3	1:A:134:GLU:HA	0.69	1.65	7	19
1:A:18:MET:CG	1:A:99:LEU:CD2	0.69	2.70	5	6

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:10:GLU:HG3	1:A:14:ILE:HD11	0.69	1.64	16	2
1:A:5:VAL:HG23	1:A:6:GLN:N	0.69	2.02	1	8
1:A:75:LEU:HD13	1:A:104:TRP:CD1	0.69	2.22	1	4
1:A:40:LEU:O	1:A:41:SER:CB	0.69	2.38	18	5
1:A:55:ILE:HD13	1:A:85:TYR:CE1	0.69	2.23	16	2
1:A:75:LEU:HD12	1:A:143:LEU:CD2	0.69	2.18	19	2
1:A:101:PHE:CE1	1:A:128:PHE:CE2	0.68	2.81	10	16
1:A:84:LEU:N	1:A:84:LEU:HD22	0.68	2.03	8	1
1:A:93:GLU:O	1:A:94:SER:CB	0.68	2.42	15	20
1:A:68:PHE:CZ	1:A:72:VAL:CG1	0.68	2.77	1	3
1:A:37:ILE:HG13	1:A:83:ALA:HB2	0.68	1.65	14	2
1:A:56:LEU:N	1:A:56:LEU:CD2	0.68	2.56	17	5
1:A:11:VAL:HB	1:A:47:ILE:HG21	0.68	1.64	6	4
1:A:40:LEU:O	1:A:46:CYS:O	0.68	2.11	1	1
1:A:101:PHE:CE2	1:A:124:ILE:HG21	0.68	2.23	20	1
1:A:18:MET:HB2	1:A:99:LEU:HD13	0.68	1.65	3	3
1:A:35:ALA:HA	1:A:85:TYR:HA	0.68	1.65	5	20
1:A:59:ASP:O	1:A:62:VAL:HG23	0.68	1.89	8	2
1:A:143:LEU:O	1:A:145:ARG:N	0.68	2.25	18	4
1:A:18:MET:HG2	1:A:99:LEU:HB3	0.68	1.65	9	6
1:A:80:CYS:SG	1:A:105:ALA:HB2	0.68	2.28	6	1
1:A:149:ALA:HB1	1:A:160:PHE:C	0.68	2.09	13	16
1:A:75:LEU:CD1	1:A:104:TRP:CE2	0.68	2.77	15	5
1:A:18:MET:CB	1:A:99:LEU:CD2	0.68	2.71	16	5
1:A:159:ALA:O	1:A:160:PHE:HB2	0.68	1.88	11	20
1:A:133:HIS:NE2	1:A:152:LEU:CD2	0.68	2.55	11	18
1:A:49:VAL:O	1:A:49:VAL:HG13	0.68	1.88	16	3
1:A:81:ARG:CB	1:A:117:TYR:CD2	0.68	2.77	18	4
1:A:14:ILE:HD13	1:A:38:PHE:CE2	0.68	2.24	6	4
1:A:105:ALA:HB3	1:A:138:ASN:HD22	0.68	1.47	12	1
1:A:38:PHE:CZ	1:A:49:VAL:HG23	0.68	2.24	20	2
1:A:64:ILE:CG2	1:A:70:HIS:CB	0.68	2.72	3	20
1:A:11:VAL:CG1	1:A:47:ILE:HG22	0.68	2.19	1	2
1:A:14:ILE:CG2	1:A:84:LEU:HB2	0.68	2.19	6	16
1:A:108:LEU:CD1	1:A:108:LEU:N	0.68	2.54	11	4
1:A:103:LEU:N	1:A:103:LEU:CD1	0.68	2.56	5	5
1:A:90:GLU:C	1:A:91:THR:HG22	0.68	2.08	2	2
1:A:68:PHE:CZ	1:A:143:LEU:O	0.68	2.47	1	7
1:A:64:ILE:CG2	1:A:70:HIS:CD2	0.68	2.77	11	17
1:A:36:VAL:HA	1:A:54:GLU:HA	0.68	1.64	1	17
1:A:40:LEU:O	1:A:48:ILE:HG21	0.68	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:84:LEU:HD11	1:A:101:PHE:CD1	0.68	2.24	2	3
1:A:72:VAL:HG11	1:A:143:LEU:HB2	0.68	1.66	7	1
1:A:99:LEU:O	1:A:99:LEU:HD12	0.67	1.88	5	1
1:A:103:LEU:HD21	1:A:121:LYS:HE3	0.67	1.64	9	5
1:A:100:MET:CE	1:A:148:ILE:HG23	0.67	2.19	7	5
1:A:37:ILE:HG22	1:A:83:ALA:HB2	0.67	1.66	19	2
1:A:45:LYS:O	1:A:46:CYS:O	0.67	2.12	6	8
1:A:68:PHE:CE2	1:A:72:VAL:CG2	0.67	2.77	9	2
1:A:145:ARG:HD3	1:A:165:VAL:HG21	0.67	1.67	9	4
1:A:68:PHE:CD2	1:A:72:VAL:CG1	0.67	2.77	3	4
1:A:56:LEU:O	1:A:57:VAL:HB	0.67	1.87	5	6
1:A:47:ILE:HG23	1:A:48:ILE:N	0.67	2.02	16	4
1:A:32:ARG:O	1:A:33:LYS:CB	0.67	2.42	20	10
1:A:84:LEU:CD1	1:A:128:PHE:CZ	0.67	2.78	14	13
1:A:102:PHE:CE2	1:A:143:LEU:HD12	0.67	2.24	7	1
1:A:18:MET:CG	1:A:99:LEU:HB3	0.67	2.20	6	4
1:A:10:GLU:HG2	1:A:14:ILE:HD11	0.67	1.64	12	3
1:A:37:ILE:O	1:A:49:VAL:O	0.67	2.12	2	3
1:A:37:ILE:O	1:A:38:PHE:CD1	0.67	2.47	8	8
1:A:40:LEU:HD23	1:A:40:LEU:N	0.67	2.05	3	4
1:A:41:SER:N	1:A:48:ILE:HD13	0.67	2.05	5	1
1:A:148:ILE:CG2	1:A:160:PHE:CZ	0.67	2.78	2	1
1:A:18:MET:CG	1:A:99:LEU:CD1	0.67	2.71	15	6
1:A:133:HIS:NE2	1:A:152:LEU:CD1	0.67	2.58	7	2
1:A:148:ILE:HD13	1:A:148:ILE:N	0.67	2.02	6	9
1:A:18:MET:CG	1:A:99:LEU:HD23	0.67	2.20	19	2
1:A:29:ILE:CG2	1:A:57:VAL:CG2	0.67	2.72	14	1
1:A:40:LEU:HD11	1:A:117:TYR:CE1	0.67	2.25	2	2
1:A:112:LYS:CE	1:A:112:LYS:HA	0.67	2.19	19	1
1:A:56:LEU:CD1	1:A:56:LEU:N	0.67	2.58	12	2
1:A:108:LEU:C	1:A:108:LEU:HD12	0.67	2.10	7	4
1:A:131:ILE:CG2	1:A:133:HIS:O	0.67	2.43	6	2
1:A:37:ILE:HD13	1:A:53:LYS:CB	0.67	2.19	8	2
1:A:40:LEU:HD11	1:A:116:ILE:HG21	0.67	1.66	4	4
1:A:37:ILE:CG2	1:A:81:ARG:HD3	0.67	2.20	11	1
1:A:18:MET:CE	1:A:84:LEU:O	0.66	2.43	1	8
1:A:68:PHE:CE2	1:A:72:VAL:HG21	0.66	2.25	4	2
1:A:113:SER:CB	1:A:117:TYR:CE2	0.66	2.78	17	2
1:A:56:LEU:O	1:A:56:LEU:HD13	0.66	1.89	16	1
1:A:153:GLY:HA3	1:A:161:GLU:HB2	0.66	1.66	12	18
1:A:14:ILE:O	1:A:18:MET:CG	0.66	2.43	3	5

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:56:LEU:CD2	1:A:56:LEU:N	0.66	2.58	13	5
1:A:133:HIS:CD2	1:A:152:LEU:CD2	0.66	2.78	17	5
1:A:38:PHE:HE1	1:A:49:VAL:HG22	0.66	1.47	7	1
1:A:55:ILE:HG21	1:A:85:TYR:HE1	0.66	1.49	16	4
1:A:101:PHE:CE1	1:A:124:ILE:CD1	0.66	2.78	20	9
1:A:30:LYS:HA	1:A:57:VAL:CG2	0.66	2.21	3	7
1:A:11:VAL:CG2	1:A:128:PHE:CE1	0.66	2.78	9	2
1:A:82:TYR:CE2	1:A:120:SER:OG	0.66	2.49	7	1
1:A:39:CYS:HB3	1:A:81:ARG:CD	0.66	2.21	9	6
1:A:120:SER:O	1:A:124:ILE:HG22	0.66	1.91	4	11
1:A:37:ILE:HD11	1:A:75:LEU:CD2	0.66	2.20	8	8
1:A:99:LEU:C	1:A:99:LEU:CD2	0.66	2.64	11	8
1:A:7:VAL:CG2	1:A:11:VAL:HG11	0.66	2.21	2	3
1:A:106:PRO:HD2	1:A:109:ALA:HB2	0.66	1.67	5	2
1:A:18:MET:HB2	1:A:99:LEU:HB3	0.66	1.65	13	6
1:A:57:VAL:CG2	1:A:86:ASP:HB3	0.66	2.21	7	4
1:A:30:LYS:HD2	1:A:57:VAL:HG12	0.66	1.66	6	1
1:A:112:LYS:C	1:A:116:ILE:HD12	0.66	2.11	11	1
1:A:68:PHE:CG	1:A:69:LYS:N	0.66	2.64	7	14
1:A:128:PHE:CD2	1:A:131:ILE:CG1	0.66	2.79	16	10
1:A:108:LEU:N	1:A:108:LEU:CD1	0.66	2.55	14	2
1:A:55:ILE:HD12	1:A:74:MET:CE	0.66	2.21	18	1
1:A:38:PHE:CE1	1:A:49:VAL:CG1	0.66	2.79	19	1
1:A:128:PHE:HB3	1:A:131:ILE:HD11	0.66	1.67	20	1
1:A:55:ILE:CG2	1:A:56:LEU:N	0.66	2.59	20	15
1:A:82:TYR:CE2	1:A:117:TYR:CD1	0.66	2.84	15	6
1:A:84:LEU:HD11	1:A:128:PHE:CE2	0.66	2.26	1	11
1:A:56:LEU:HD12	1:A:56:LEU:N	0.66	2.06	1	2
1:A:18:MET:CE	1:A:34:LYS:O	0.66	2.44	3	15
1:A:49:VAL:O	1:A:50:GLU:CB	0.66	2.43	6	3
1:A:49:VAL:HG12	1:A:49:VAL:O	0.66	1.89	17	1
1:A:75:LEU:HB3	1:A:104:TRP:CE2	0.65	2.26	17	13
1:A:55:ILE:CD1	1:A:71:PHE:HB2	0.65	2.20	16	20
1:A:37:ILE:HG22	1:A:38:PHE:N	0.65	2.07	4	13
1:A:33:LYS:O	1:A:56:LEU:HA	0.65	1.90	3	1
1:A:14:ILE:CG2	1:A:84:LEU:HD12	0.65	2.21	7	5
1:A:69:LYS:C	1:A:72:VAL:HG22	0.65	2.12	5	8
1:A:40:LEU:CA	1:A:46:CYS:O	0.65	2.43	18	5
1:A:83:ALA:HB3	1:A:102:PHE:CB	0.65	2.20	19	3
1:A:41:SER:N	1:A:48:ILE:CG2	0.65	2.59	18	2
1:A:38:PHE:CE1	1:A:82:TYR:CB	0.65	2.79	2	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:70:HIS:CD2	1:A:71:PHE:N	0.65	2.64	18	17
1:A:35:ALA:O	1:A:36:VAL:CG1	0.65	2.44	8	15
1:A:60:VAL:HG22	1:A:64:ILE:HD12	0.65	1.68	17	2
1:A:80:CYS:O	1:A:104:TRP:CD1	0.65	2.49	12	7
1:A:37:ILE:HG23	1:A:81:ARG:CB	0.65	2.20	3	5
1:A:82:TYR:CE2	1:A:121:LYS:HG3	0.65	2.27	6	8
1:A:103:LEU:HD22	1:A:135:CYS:O	0.65	1.91	3	6
1:A:108:LEU:H	1:A:108:LEU:HD22	0.65	1.51	14	1
1:A:112:LYS:HA	1:A:112:LYS:CE	0.65	2.21	14	2
1:A:82:TYR:CE1	1:A:121:LYS:HD3	0.65	2.26	20	3
1:A:137:ALA:HA	1:A:142:ASP:CB	0.65	2.21	20	20
1:A:102:PHE:C	1:A:103:LEU:HD23	0.65	2.12	7	7
1:A:60:VAL:HG13	1:A:66:ASP:H	0.65	1.49	3	8
1:A:18:MET:CB	1:A:99:LEU:CD1	0.65	2.73	6	3
1:A:11:VAL:HA	1:A:14:ILE:HD11	0.65	1.67	19	3
1:A:10:GLU:O	1:A:14:ILE:N	0.65	2.29	18	3
1:A:5:VAL:HG11	1:A:116:ILE:HG23	0.65	1.68	12	1
1:A:108:LEU:HD12	1:A:108:LEU:C	0.65	2.12	13	2
1:A:6:GLN:O	1:A:7:VAL:O	0.65	2.15	9	19
1:A:35:ALA:CB	1:A:55:ILE:CG2	0.65	2.74	13	10
1:A:14:ILE:HG21	1:A:36:VAL:CG2	0.65	2.19	8	6
1:A:135:CYS:O	1:A:136:GLN:CB	0.65	2.45	17	2
1:A:143:LEU:HD13	1:A:143:LEU:N	0.65	2.07	9	1
1:A:82:TYR:CE1	1:A:121:LYS:CD	0.65	2.80	20	4
1:A:85:TYR:CE2	1:A:87:ALA:HA	0.65	2.27	14	17
1:A:84:LEU:HD22	1:A:128:PHE:CZ	0.65	2.26	13	1
1:A:143:LEU:HD12	1:A:143:LEU:H	0.65	1.52	4	1
1:A:47:ILE:CG2	1:A:48:ILE:N	0.65	2.60	10	3
1:A:144:ASN:O	1:A:145:ARG:CB	0.65	2.44	18	4
1:A:163:CYS:CB	1:A:164:PRO:HD3	0.65	2.22	11	20
1:A:68:PHE:CE2	1:A:143:LEU:O	0.65	2.50	8	15
1:A:102:PHE:CD1	1:A:143:LEU:CD2	0.65	2.80	12	11
1:A:18:MET:HE1	1:A:36:VAL:HG22	0.65	1.68	1	1
1:A:103:LEU:O	1:A:105:ALA:N	0.65	2.29	17	19
1:A:56:LEU:HD22	1:A:56:LEU:C	0.65	2.13	16	2
1:A:89:PHE:CZ	1:A:152:LEU:CD2	0.65	2.79	5	5
1:A:81:ARG:CB	1:A:117:TYR:CE2	0.65	2.80	1	5
1:A:81:ARG:O	1:A:104:TRP:N	0.65	2.30	10	6
1:A:102:PHE:CE1	1:A:143:LEU:CD2	0.64	2.80	14	15
1:A:14:ILE:CG2	1:A:36:VAL:CG2	0.64	2.73	4	18
1:A:80:CYS:CA	1:A:104:TRP:O	0.64	2.45	19	6

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:133:HIS:NE2	1:A:152:LEU:HD13	0.64	2.07	7	2
1:A:98:GLU:OE2	1:A:133:HIS:NE2	0.64	2.30	20	2
1:A:39:CYS:O	1:A:40:LEU:HG	0.64	1.92	10	6
1:A:48:ILE:CG2	1:A:49:VAL:N	0.64	2.58	16	8
1:A:87:ALA:HB3	1:A:97:GLU:OE1	0.64	1.92	10	1
1:A:50:GLU:O	1:A:51:GLU:HG3	0.64	1.92	6	3
1:A:38:PHE:HB2	1:A:48:ILE:O	0.64	1.93	16	5
1:A:144:ASN:HB3	1:A:147:CYS:CB	0.64	2.22	5	8
1:A:47:ILE:HD11	1:A:82:TYR:HD2	0.64	1.52	13	18
1:A:38:PHE:O	1:A:81:ARG:CB	0.64	2.45	14	8
1:A:89:PHE:C	1:A:89:PHE:CD1	0.64	2.71	18	2
1:A:82:TYR:CE1	1:A:117:TYR:CD1	0.64	2.84	19	2
1:A:81:ARG:N	1:A:81:ARG:CD	0.64	2.60	8	1
1:A:145:ARG:CB	1:A:160:PHE:CZ	0.64	2.80	10	11
1:A:101:PHE:CB	1:A:131:ILE:HD12	0.64	2.21	10	6
1:A:18:MET:HE2	1:A:86:ASP:N	0.64	2.07	13	1
1:A:38:PHE:N	1:A:82:TYR:O	0.64	2.30	14	6
1:A:15:PHE:CE2	1:A:16:TYR:CD1	0.64	2.85	10	3
1:A:99:LEU:CD2	1:A:132:LYS:CG	0.64	2.76	15	5
1:A:57:VAL:CG2	1:A:58:GLY:N	0.64	2.61	19	8
1:A:38:PHE:O	1:A:81:ARG:HB3	0.64	1.92	9	8
1:A:81:ARG:O	1:A:82:TYR:CD1	0.64	2.51	15	1
1:A:14:ILE:CD1	1:A:38:PHE:CZ	0.64	2.81	20	8
1:A:18:MET:HG2	1:A:99:LEU:CD2	0.64	2.23	19	5
1:A:45:LYS:O	1:A:46:CYS:CB	0.64	2.44	8	6
1:A:51:GLU:CG	1:A:53:LYS:CG	0.64	2.76	3	6
1:A:105:ALA:HB3	1:A:138:ASN:ND2	0.64	2.07	12	2
1:A:71:PHE:CE1	1:A:75:LEU:CD1	0.64	2.78	3	7
1:A:112:LYS:CE	1:A:113:SER:N	0.64	2.60	3	10
1:A:50:GLU:O	1:A:51:GLU:HB3	0.64	1.92	10	9
1:A:37:ILE:HA	1:A:83:ALA:CB	0.64	2.23	7	12
1:A:137:ALA:CB	1:A:143:LEU:CD1	0.64	2.76	13	14
1:A:38:PHE:N	1:A:38:PHE:CD1	0.64	2.65	5	4
1:A:106:PRO:CD	1:A:109:ALA:HB2	0.64	2.23	2	2
1:A:105:ALA:O	1:A:138:ASN:CA	0.64	2.46	4	5
1:A:131:ILE:HG21	1:A:133:HIS:O	0.64	1.93	6	1
1:A:29:ILE:HG22	1:A:30:LYS:N	0.64	2.08	11	13
1:A:18:MET:HE3	1:A:34:LYS:C	0.64	2.13	15	4
1:A:137:ALA:HB1	1:A:143:LEU:CD1	0.64	2.23	13	7
1:A:12:CYS:O	1:A:16:TYR:CD2	0.64	2.51	13	5
1:A:75:LEU:HB2	1:A:104:TRP:CD1	0.64	2.28	12	6

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:5:VAL:CG1	1:A:45:LYS:O	0.64	2.46	11	4
1:A:77:GLU:O	1:A:108:LEU:HD23	0.64	1.92	14	4
1:A:99:LEU:HD22	1:A:99:LEU:O	0.64	1.93	4	1
1:A:68:PHE:CE1	1:A:145:ARG:HB2	0.63	2.28	14	4
1:A:49:VAL:HG13	1:A:49:VAL:O	0.63	1.92	5	1
1:A:103:LEU:HD21	1:A:121:LYS:CE	0.63	2.23	19	5
1:A:91:THR:HA	1:A:157:ILE:C	0.63	2.13	20	20
1:A:29:ILE:HA	1:A:32:ARG:HD3	0.63	1.69	2	15
1:A:64:ILE:HG21	1:A:70:HIS:CG	0.63	2.29	14	8
1:A:38:PHE:CB	1:A:48:ILE:C	0.63	2.67	9	4
1:A:7:VAL:HG23	1:A:123:ALA:HB1	0.63	1.68	7	3
1:A:103:LEU:CG	1:A:121:LYS:HD2	0.63	2.23	4	5
1:A:31:LYS:HZ3	1:A:56:LEU:HD22	0.63	1.54	9	1
1:A:30:LYS:CB	1:A:58:GLY:N	0.63	2.61	5	5
1:A:40:LEU:O	1:A:48:ILE:HG13	0.63	1.92	2	3
1:A:46:CYS:O	1:A:47:ILE:C	0.63	2.36	11	11
1:A:152:LEU:H	1:A:152:LEU:HD22	0.63	1.52	7	1
1:A:99:LEU:C	1:A:99:LEU:HD22	0.63	2.14	11	2
1:A:29:ILE:H	1:A:29:ILE:HD13	0.63	1.53	10	1
1:A:38:PHE:CE1	1:A:124:ILE:CD1	0.63	2.81	2	1
1:A:11:VAL:HG12	1:A:47:ILE:CG2	0.63	2.23	8	1
1:A:71:PHE:C	1:A:71:PHE:CD1	0.63	2.71	1	7
1:A:159:ALA:O	1:A:160:PHE:CB	0.63	2.46	18	20
1:A:137:ALA:O	1:A:138:ASN:HB2	0.63	1.94	10	5
1:A:38:PHE:HB2	1:A:47:ILE:O	0.63	1.93	6	3
1:A:14:ILE:O	1:A:18:MET:SD	0.63	2.57	20	11
1:A:95:ARG:O	1:A:96:LYS:CG	0.63	2.46	16	8
1:A:120:SER:O	1:A:123:ALA:HB3	0.63	1.93	15	4
1:A:7:VAL:CG1	1:A:11:VAL:CG1	0.63	2.77	17	5
1:A:79:ASP:O	1:A:80:CYS:CB	0.63	2.47	10	8
1:A:71:PHE:CE1	1:A:75:LEU:HD21	0.63	2.29	12	5
1:A:133:HIS:CD2	1:A:152:LEU:CD1	0.63	2.81	18	2
1:A:71:PHE:CZ	1:A:75:LEU:HD21	0.63	2.28	10	1
1:A:38:PHE:CZ	1:A:49:VAL:CG2	0.63	2.82	20	3
1:A:82:TYR:CD1	1:A:103:LEU:HA	0.63	2.28	2	11
1:A:11:VAL:CG2	1:A:14:ILE:HD12	0.63	2.23	3	4
1:A:103:LEU:HD23	1:A:136:GLN:HB2	0.63	1.71	2	6
1:A:69:LYS:HA	1:A:72:VAL:CG2	0.63	2.22	7	3
1:A:60:VAL:O	1:A:60:VAL:HG13	0.63	1.93	14	1
1:A:88:SER:HA	1:A:97:GLU:CB	0.63	2.23	10	1
1:A:55:ILE:C	1:A:56:LEU:HD12	0.63	2.13	9	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:59:ASP:CB	1:A:64:ILE:HD11	0.63	2.24	20	6
1:A:37:ILE:CG2	1:A:81:ARG:CB	0.63	2.77	20	7
1:A:29:ILE:CA	1:A:32:ARG:CD	0.63	2.77	3	13
1:A:124:ILE:HG23	1:A:125:LYS:N	0.63	2.09	18	20
1:A:81:ARG:HD3	1:A:81:ARG:N	0.63	2.08	9	1
1:A:44:LYS:O	1:A:45:LYS:CB	0.63	2.46	17	7
1:A:40:LEU:N	1:A:40:LEU:CD1	0.63	2.61	19	4
1:A:30:LYS:CB	1:A:58:GLY:CA	0.63	2.76	18	9
1:A:121:LYS:HA	1:A:124:ILE:HG22	0.63	1.71	10	9
1:A:99:LEU:O	1:A:99:LEU:HD22	0.63	1.92	11	2
1:A:34:LYS:O	1:A:57:VAL:CG1	0.63	2.46	15	2
1:A:71:PHE:HA	1:A:74:MET:CE	0.62	2.24	7	19
1:A:53:LYS:O	1:A:54:GLU:HB3	0.62	1.93	8	16
1:A:101:PHE:HZ	1:A:124:ILE:HD13	0.62	1.54	9	12
1:A:5:VAL:HB	1:A:45:LYS:O	0.62	1.93	5	8
1:A:38:PHE:HB3	1:A:48:ILE:O	0.62	1.94	10	5
1:A:89:PHE:CD2	1:A:90:GLU:O	0.62	2.52	2	2
1:A:75:LEU:CD1	1:A:143:LEU:CD2	0.62	2.78	8	5
1:A:37:ILE:CG1	1:A:75:LEU:CD2	0.62	2.77	8	4
1:A:39:CYS:O	1:A:40:LEU:CD2	0.62	2.47	12	5
1:A:99:LEU:CD2	1:A:132:LYS:HG2	0.62	2.24	6	3
1:A:38:PHE:O	1:A:81:ARG:CA	0.62	2.48	16	7
1:A:82:TYR:CD1	1:A:101:PHE:CZ	0.62	2.87	10	1
1:A:15:PHE:HA	1:A:84:LEU:CD1	0.62	2.24	5	7
1:A:96:LYS:O	1:A:97:GLU:C	0.62	2.37	13	9
1:A:124:ILE:HD11	1:A:128:PHE:CZ	0.62	2.28	2	5
1:A:7:VAL:HG22	1:A:7:VAL:O	0.62	1.93	19	3
1:A:77:GLU:CB	1:A:108:LEU:CD1	0.62	2.78	17	5
1:A:34:LYS:CG	1:A:57:VAL:HG11	0.62	2.23	17	1
1:A:75:LEU:HB3	1:A:104:TRP:CD1	0.62	2.29	2	14
1:A:101:PHE:CD1	1:A:128:PHE:CE2	0.62	2.88	10	9
1:A:40:LEU:HB3	1:A:44:LYS:HA	0.62	1.72	11	7
1:A:131:ILE:HG22	1:A:133:HIS:N	0.62	2.10	6	18
1:A:34:LYS:CD	1:A:57:VAL:HG11	0.62	2.24	4	1
1:A:7:VAL:HG23	1:A:8:ALA:N	0.62	2.09	12	2
1:A:55:ILE:HG22	1:A:56:LEU:N	0.62	2.10	16	1
1:A:148:ILE:HG22	1:A:152:LEU:CD1	0.62	2.25	8	12
1:A:5:VAL:CG1	1:A:40:LEU:HD22	0.62	2.24	13	3
1:A:38:PHE:CE1	1:A:82:TYR:HB2	0.62	2.29	6	2
1:A:84:LEU:CD2	1:A:84:LEU:N	0.62	2.63	15	2
1:A:30:LYS:O	1:A:56:LEU:CD2	0.62	2.48	3	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:33:LYS:O	1:A:56:LEU:HD23	0.62	1.95	3	1
1:A:75:LEU:CD1	1:A:143:LEU:HD22	0.62	2.25	10	4
1:A:37:ILE:HB	1:A:53:LYS:CB	0.62	2.25	13	5
1:A:15:PHE:CD2	1:A:16:TYR:CD1	0.62	2.87	7	2
1:A:80:CYS:CB	1:A:104:TRP:O	0.62	2.47	9	3
1:A:43:ASP:O	1:A:44:LYS:CB	0.62	2.47	8	16
1:A:128:PHE:HB3	1:A:131:ILE:HG12	0.62	1.72	11	18
1:A:149:ALA:HB1	1:A:160:PHE:O	0.62	1.95	10	10
1:A:56:LEU:HD23	1:A:59:ASP:CG	0.62	2.15	10	3
1:A:80:CYS:HA	1:A:104:TRP:O	0.62	1.95	6	8
1:A:42:ALA:O	1:A:43:ASP:CB	0.62	2.48	8	15
1:A:60:VAL:CG1	1:A:66:ASP:HA	0.62	2.25	7	14
1:A:153:GLY:CA	1:A:161:GLU:CG	0.62	2.77	10	4
1:A:143:LEU:H	1:A:143:LEU:HD12	0.62	1.52	10	2
1:A:29:ILE:CG2	1:A:34:LYS:CE	0.62	2.78	9	2
1:A:98:GLU:OE2	1:A:132:LYS:CB	0.61	2.48	20	1
1:A:148:ILE:N	1:A:148:ILE:HD13	0.61	2.10	13	11
1:A:146:ALA:O	1:A:149:ALA:HB3	0.61	1.95	18	20
1:A:18:MET:SD	1:A:18:MET:N	0.61	2.73	3	8
1:A:137:ALA:HB2	1:A:143:LEU:HG	0.61	1.70	13	1
1:A:81:ARG:NE	1:A:105:ALA:HB2	0.61	2.09	7	1
1:A:82:TYR:CE1	1:A:103:LEU:HD22	0.61	2.30	10	2
1:A:84:LEU:HD21	1:A:128:PHE:HE2	0.61	1.55	15	1
1:A:37:ILE:CG2	1:A:38:PHE:N	0.61	2.63	18	13
1:A:55:ILE:HD12	1:A:71:PHE:CB	0.61	2.25	3	7
1:A:98:GLU:CG	1:A:98:GLU:O	0.61	2.48	3	14
1:A:114:LYS:CG	1:A:115:MET:N	0.61	2.63	19	3
1:A:148:ILE:HG22	1:A:152:LEU:HD11	0.61	1.72	17	3
1:A:5:VAL:CG2	1:A:116:ILE:CG2	0.61	2.78	17	1
1:A:101:PHE:HB2	1:A:131:ILE:CD1	0.61	2.25	13	17
1:A:17:ASP:C	1:A:18:MET:HG2	0.61	2.14	3	2
1:A:71:PHE:CD1	1:A:72:VAL:N	0.61	2.68	7	3
1:A:49:VAL:HG12	1:A:51:GLU:O	0.61	1.94	7	1
1:A:75:LEU:CB	1:A:104:TRP:CD1	0.61	2.82	12	1
1:A:158:VAL:O	1:A:162:GLY:HA3	0.61	1.96	3	20
1:A:69:LYS:HA	1:A:72:VAL:HG13	0.61	1.71	13	10
1:A:103:LEU:HB2	1:A:136:GLN:HA	0.61	1.73	9	15
1:A:15:PHE:N	1:A:84:LEU:CD1	0.61	2.63	11	5
1:A:103:LEU:HD11	1:A:121:LYS:CD	0.61	2.26	2	2
1:A:38:PHE:CB	1:A:49:VAL:HA	0.61	2.25	16	1
1:A:11:VAL:CG1	1:A:47:ILE:CG2	0.61	2.78	4	7

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:68:PHE:CZ	1:A:72:VAL:HG11	0.61	2.31	1	3
1:A:109:ALA:CB	1:A:110:PRO:CD	0.61	2.76	14	16
1:A:5:VAL:CG2	1:A:120:SER:CB	0.61	2.76	7	3
1:A:37:ILE:CG2	1:A:53:LYS:NZ	0.61	2.64	18	2
1:A:40:LEU:C	1:A:48:ILE:HG13	0.61	2.15	2	1
1:A:124:ILE:HD11	1:A:128:PHE:CE2	0.61	2.30	16	16
1:A:68:PHE:CD2	1:A:143:LEU:O	0.61	2.53	7	5
1:A:121:LYS:O	1:A:124:ILE:CG2	0.61	2.49	11	5
1:A:18:MET:HE1	1:A:84:LEU:O	0.61	1.96	18	4
1:A:37:ILE:O	1:A:50:GLU:CA	0.61	2.48	2	1
1:A:37:ILE:O	1:A:53:LYS:HB2	0.61	1.95	16	1
1:A:53:LYS:CE	1:A:74:MET:O	0.61	2.49	3	15
1:A:85:TYR:O	1:A:87:ALA:N	0.61	2.34	14	11
1:A:68:PHE:CE1	1:A:144:ASN:O	0.61	2.54	14	2
1:A:111:LEU:O	1:A:111:LEU:HD23	0.61	1.94	14	1
1:A:39:CYS:O	1:A:40:LEU:HD23	0.61	1.95	12	5
1:A:140:PRO:HA	1:A:143:LEU:HD11	0.61	1.72	20	1
1:A:37:ILE:HG12	1:A:75:LEU:CD2	0.61	2.24	10	10
1:A:18:MET:HE1	1:A:34:LYS:C	0.61	2.16	19	4
1:A:91:THR:HG23	1:A:93:GLU:CB	0.61	2.26	2	1
1:A:8:ALA:O	1:A:11:VAL:HG12	0.61	1.96	9	1
1:A:80:CYS:O	1:A:81:ARG:CB	0.61	2.49	12	6
1:A:89:PHE:CD1	1:A:89:PHE:C	0.61	2.73	6	3
1:A:82:TYR:OH	1:A:121:LYS:HB2	0.61	1.96	10	6
1:A:81:ARG:HA	1:A:104:TRP:O	0.61	1.94	7	3
1:A:38:PHE:CG	1:A:48:ILE:O	0.61	2.54	16	3
1:A:39:CYS:N	1:A:48:ILE:O	0.61	2.34	20	14
1:A:65:THR:C	1:A:67:PRO:HD3	0.61	2.16	11	19
1:A:38:PHE:CD2	1:A:48:ILE:C	0.61	2.74	3	7
1:A:91:THR:CA	1:A:157:ILE:HA	0.61	2.26	7	20
1:A:5:VAL:HG12	1:A:46:CYS:CA	0.61	2.26	17	3
1:A:108:LEU:HD22	1:A:108:LEU:N	0.61	2.11	15	3
1:A:39:CYS:CB	1:A:81:ARG:CD	0.61	2.79	8	1
1:A:84:LEU:CD2	1:A:101:PHE:HA	0.60	2.26	20	9
1:A:80:CYS:CB	1:A:113:SER:OG	0.60	2.49	3	1
1:A:30:LYS:CB	1:A:57:VAL:CG2	0.60	2.78	20	2
1:A:84:LEU:HD23	1:A:101:PHE:HA	0.60	1.73	7	5
1:A:84:LEU:CG	1:A:128:PHE:CE2	0.60	2.84	19	5
1:A:40:LEU:CB	1:A:45:LYS:O	0.60	2.49	5	1
1:A:81:ARG:HB3	1:A:117:TYR:CZ	0.60	2.30	7	1
1:A:80:CYS:O	1:A:117:TYR:CE2	0.60	2.54	6	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:18:MET:SD	1:A:99:LEU:CD1	0.60	2.90	18	2
1:A:37:ILE:CG2	1:A:81:ARG:HB2	0.60	2.26	5	8
1:A:5:VAL:CG2	1:A:116:ILE:HG23	0.60	2.26	9	4
1:A:45:LYS:O	1:A:46:CYS:C	0.60	2.39	12	6
1:A:101:PHE:CD1	1:A:128:PHE:CD2	0.60	2.90	10	4
1:A:37:ILE:CG2	1:A:81:ARG:HB3	0.60	2.26	20	4
1:A:44:LYS:O	1:A:45:LYS:CG	0.60	2.50	8	14
1:A:14:ILE:HG22	1:A:84:LEU:CD1	0.60	2.25	9	4
1:A:3:SER:CB	1:A:116:ILE:HA	0.60	2.25	5	1
1:A:40:LEU:C	1:A:48:ILE:HB	0.60	2.16	14	6
1:A:18:MET:C	1:A:99:LEU:HD12	0.60	2.16	14	1
1:A:6:GLN:C	1:A:7:VAL:HG13	0.60	2.17	12	8
1:A:55:ILE:HD12	1:A:74:MET:HE2	0.60	1.74	18	1
1:A:37:ILE:HD11	1:A:53:LYS:CB	0.60	2.26	19	1
1:A:38:PHE:O	1:A:81:ARG:HA	0.60	1.97	16	8
1:A:12:CYS:O	1:A:16:TYR:CB	0.60	2.50	6	6
1:A:85:TYR:CZ	1:A:86:ASP:O	0.60	2.55	19	6
1:A:84:LEU:CD2	1:A:128:PHE:CZ	0.60	2.80	16	2
1:A:37:ILE:C	1:A:38:PHE:CD1	0.60	2.75	18	2
1:A:48:ILE:HG23	1:A:49:VAL:H	0.60	1.56	6	1
1:A:82:TYR:OH	1:A:117:TYR:CD1	0.60	2.54	11	2
1:A:114:LYS:HG3	1:A:115:MET:N	0.60	2.09	14	3
1:A:40:LEU:HD21	1:A:116:ILE:HG21	0.60	1.73	19	3
1:A:77:GLU:HB3	1:A:108:LEU:CD1	0.60	2.26	2	5
1:A:14:ILE:HG21	1:A:38:PHE:CE2	0.60	2.31	6	1
1:A:79:ASP:CB	1:A:81:ARG:CZ	0.60	2.79	6	1
1:A:81:ARG:NE	1:A:104:TRP:CB	0.60	2.65	11	1
1:A:64:ILE:HG22	1:A:70:HIS:HB3	0.60	1.73	7	16
1:A:60:VAL:CG1	1:A:66:ASP:N	0.60	2.64	3	7
1:A:5:VAL:CG1	1:A:46:CYS:N	0.60	2.64	17	3
1:A:128:PHE:O	1:A:129:GLN:C	0.60	2.40	19	10
1:A:80:CYS:CB	1:A:113:SER:CB	0.60	2.80	17	3
1:A:103:LEU:HB2	1:A:136:GLN:CG	0.60	2.26	13	6
1:A:38:PHE:CE2	1:A:49:VAL:HB	0.60	2.32	11	2
1:A:18:MET:HG3	1:A:99:LEU:CB	0.60	2.26	14	4
1:A:57:VAL:CG2	1:A:86:ASP:CB	0.60	2.79	11	4
1:A:40:LEU:HD12	1:A:41:SER:H	0.60	1.55	18	1
1:A:84:LEU:HD11	1:A:131:ILE:HD11	0.60	1.72	8	1
1:A:132:LYS:O	1:A:133:HIS:CG	0.60	2.55	20	3
1:A:76:PRO:O	1:A:104:TRP:CZ2	0.60	2.55	3	12
1:A:82:TYR:CZ	1:A:121:LYS:HG3	0.60	2.31	14	11

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:6:GLN:CG	1:A:46:CYS:SG	0.60	2.90	5	10
1:A:40:LEU:HD23	1:A:47:ILE:HA	0.60	1.74	15	3
1:A:30:LYS:O	1:A:56:LEU:HB3	0.60	1.97	15	6
1:A:57:VAL:O	1:A:60:VAL:CG1	0.60	2.49	14	1
1:A:56:LEU:HD12	1:A:56:LEU:H	0.60	1.55	1	2
1:A:50:GLU:O	1:A:52:GLY:N	0.60	2.35	2	3
1:A:133:HIS:CD2	1:A:152:LEU:HD23	0.60	2.30	16	1
1:A:84:LEU:CD2	1:A:131:ILE:HD11	0.60	2.27	19	1
1:A:7:VAL:CG1	1:A:11:VAL:CG2	0.60	2.80	16	3
1:A:37:ILE:HA	1:A:83:ALA:HB2	0.60	1.74	7	9
1:A:35:ALA:HB2	1:A:55:ILE:HG22	0.60	1.74	13	7
1:A:5:VAL:CG2	1:A:6:GLN:N	0.60	2.65	5	9
1:A:39:CYS:O	1:A:40:LEU:CG	0.60	2.50	10	6
1:A:68:PHE:CE2	1:A:143:LEU:HB3	0.60	2.32	13	5
1:A:81:ARG:HB3	1:A:117:TYR:CD2	0.60	2.31	10	4
1:A:38:PHE:CD2	1:A:82:TYR:O	0.60	2.55	10	3
1:A:81:ARG:CZ	1:A:104:TRP:HB2	0.60	2.27	11	1
1:A:40:LEU:O	1:A:41:SER:O	0.59	2.20	12	9
1:A:7:VAL:HG23	1:A:11:VAL:CG1	0.59	2.26	3	3
1:A:6:GLN:O	1:A:7:VAL:HG13	0.59	1.96	2	9
1:A:101:PHE:CE1	1:A:128:PHE:CD2	0.59	2.90	11	7
1:A:78:LYS:O	1:A:79:ASP:CB	0.59	2.48	18	5
1:A:37:ILE:HD11	1:A:75:LEU:HD23	0.59	1.74	8	4
1:A:56:LEU:HD23	1:A:59:ASP:OD1	0.59	1.97	4	1
1:A:56:LEU:HD22	1:A:56:LEU:H	0.59	1.57	12	2
1:A:41:SER:HA	1:A:48:ILE:CD1	0.59	2.27	2	5
1:A:40:LEU:O	1:A:48:ILE:CD1	0.59	2.48	6	3
1:A:57:VAL:HG12	1:A:86:ASP:OD2	0.59	1.97	1	1
1:A:15:PHE:CA	1:A:84:LEU:CD1	0.59	2.80	11	9
1:A:50:GLU:O	1:A:53:LYS:CG	0.59	2.50	8	3
1:A:84:LEU:HD11	1:A:101:PHE:HD1	0.59	1.56	16	1
1:A:75:LEU:O	1:A:104:TRP:CZ2	0.59	2.55	9	2
1:A:89:PHE:CD2	1:A:89:PHE:O	0.59	2.55	13	3
1:A:137:ALA:HB2	1:A:143:LEU:HD13	0.59	1.73	7	1
1:A:84:LEU:HD22	1:A:99:LEU:CD1	0.59	2.28	12	2
1:A:39:CYS:N	1:A:81:ARG:NH1	0.59	2.50	20	1
1:A:5:VAL:HG11	1:A:40:LEU:CD2	0.59	2.28	13	3
1:A:103:LEU:HG	1:A:121:LYS:HD3	0.59	1.74	2	3
1:A:132:LYS:N	1:A:132:LYS:CD	0.59	2.66	1	5
1:A:110:PRO:O	1:A:111:LEU:CB	0.59	2.50	14	3
1:A:112:LYS:CA	1:A:112:LYS:CE	0.59	2.80	19	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:157:ILE:HD11	1:A:161:GLU:HB2	0.59	1.74	11	11
1:A:152:LEU:CB	1:A:157:ILE:CG2	0.59	2.80	11	2
1:A:18:MET:HB2	1:A:99:LEU:CD1	0.59	2.27	11	3
1:A:29:ILE:N	1:A:29:ILE:HD13	0.59	2.12	10	4
1:A:12:CYS:O	1:A:16:TYR:CG	0.59	2.55	1	4
1:A:38:PHE:HE2	1:A:124:ILE:HD11	0.59	1.57	12	2
1:A:81:ARG:NH1	1:A:83:ALA:CB	0.59	2.66	11	1
1:A:11:VAL:HB	1:A:14:ILE:HD12	0.59	1.73	1	1
1:A:59:ASP:O	1:A:61:GLY:N	0.59	2.36	13	17
1:A:53:LYS:CD	1:A:74:MET:O	0.59	2.50	18	8
1:A:124:ILE:HG23	1:A:125:LYS:HD2	0.59	1.75	19	3
1:A:103:LEU:CD2	1:A:103:LEU:N	0.59	2.57	18	5
1:A:105:ALA:HB3	1:A:138:ASN:CA	0.59	2.27	10	2
1:A:80:CYS:O	1:A:81:ARG:HB2	0.59	1.97	12	3
1:A:98:GLU:O	1:A:98:GLU:CG	0.59	2.51	20	4
1:A:14:ILE:O	1:A:18:MET:HG2	0.59	1.97	4	6
1:A:51:GLU:CG	1:A:53:LYS:HG3	0.59	2.27	9	3
1:A:12:CYS:O	1:A:16:TYR:CE1	0.59	2.55	7	3
1:A:128:PHE:CD2	1:A:131:ILE:HG12	0.59	2.32	8	6
1:A:89:PHE:O	1:A:89:PHE:CD2	0.59	2.56	14	3
1:A:41:SER:HA	1:A:48:ILE:CB	0.59	2.27	18	1
1:A:55:ILE:HG22	1:A:57:VAL:H	0.59	1.56	16	4
1:A:41:SER:N	1:A:48:ILE:HG12	0.59	2.13	6	1
1:A:107:GLU:HB3	1:A:108:LEU:HD13	0.59	1.74	15	1
1:A:84:LEU:HB3	1:A:99:LEU:HD13	0.59	1.73	12	1
1:A:8:ALA:O	1:A:9:ASP:CB	0.59	2.50	17	14
1:A:112:LYS:N	1:A:112:LYS:CE	0.59	2.65	9	3
1:A:7:VAL:CG2	1:A:8:ALA:N	0.59	2.66	12	2
1:A:18:MET:HE3	1:A:35:ALA:HA	0.59	1.73	6	1
1:A:53:LYS:HZ3	1:A:76:PRO:CD	0.59	2.11	15	1
1:A:55:ILE:HG13	1:A:74:MET:HE2	0.59	1.75	10	5
1:A:128:PHE:CB	1:A:131:ILE:HG12	0.59	2.28	16	9
1:A:57:VAL:CG1	1:A:58:GLY:N	0.59	2.65	7	2
1:A:99:LEU:C	1:A:99:LEU:CD1	0.59	2.71	1	3
1:A:112:LYS:CE	1:A:112:LYS:N	0.59	2.65	2	2
1:A:84:LEU:CD1	1:A:84:LEU:N	0.59	2.65	16	1
1:A:15:PHE:CD2	1:A:127:LYS:O	0.59	2.56	6	1
1:A:77:GLU:CB	1:A:108:LEU:HD21	0.59	2.27	15	2
1:A:51:GLU:HB3	1:A:81:ARG:NH2	0.59	2.13	19	1
1:A:11:VAL:HG12	1:A:14:ILE:CD1	0.58	2.27	11	3
1:A:35:ALA:O	1:A:55:ILE:O	0.58	2.21	18	6

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:18:MET:CE	1:A:34:LYS:C	0.58	2.71	15	13
1:A:102:PHE:CE1	1:A:143:LEU:HG	0.58	2.33	9	3
1:A:80:CYS:CB	1:A:113:SER:HB2	0.58	2.28	17	3
1:A:91:THR:CG2	1:A:93:GLU:HB3	0.58	2.27	2	6
1:A:155:SER:O	1:A:156:LEU:HG	0.58	1.98	10	9
1:A:18:MET:HG3	1:A:99:LEU:CG	0.58	2.28	11	2
1:A:18:MET:CB	1:A:99:LEU:HG	0.58	2.28	4	1
1:A:18:MET:HE2	1:A:84:LEU:O	0.58	1.98	16	1
1:A:137:ALA:CB	1:A:143:LEU:CD2	0.58	2.81	20	1
1:A:56:LEU:N	1:A:56:LEU:CD1	0.58	2.54	11	3
1:A:71:PHE:CD2	1:A:74:MET:CE	0.58	2.86	18	17
1:A:15:PHE:CD2	1:A:16:TYR:N	0.58	2.71	19	5
1:A:71:PHE:CD1	1:A:71:PHE:C	0.58	2.77	13	11
1:A:133:HIS:CE1	1:A:151:LYS:O	0.58	2.56	6	4
1:A:106:PRO:HB2	1:A:108:LEU:HD22	0.58	1.76	11	2
1:A:40:LEU:HB3	1:A:45:LYS:N	0.58	2.13	2	3
1:A:143:LEU:N	1:A:143:LEU:CD1	0.58	2.65	17	2
1:A:111:LEU:N	1:A:111:LEU:CD2	0.58	2.66	2	1
1:A:57:VAL:CG1	1:A:86:ASP:CB	0.58	2.81	16	1
1:A:117:TYR:CD1	1:A:117:TYR:C	0.58	2.76	17	1
1:A:33:LYS:HE3	1:A:36:VAL:HG11	0.58	1.75	9	1
1:A:68:PHE:CE2	1:A:72:VAL:HG22	0.58	2.33	9	1
1:A:159:ALA:HB1	1:A:164:PRO:CD	0.58	2.27	8	11
1:A:132:LYS:HD2	1:A:132:LYS:N	0.58	2.12	16	9
1:A:81:ARG:HB3	1:A:117:TYR:CE2	0.58	2.33	15	6
1:A:18:MET:CB	1:A:99:LEU:CG	0.58	2.82	4	1
1:A:111:LEU:O	1:A:112:LYS:CB	0.58	2.51	11	1
1:A:5:VAL:HG22	1:A:116:ILE:HG23	0.58	1.73	13	3
1:A:113:SER:O	1:A:117:TYR:CD2	0.58	2.55	5	1
1:A:18:MET:HG3	1:A:99:LEU:CD2	0.58	2.24	7	3
1:A:56:LEU:C	1:A:57:VAL:CG1	0.58	2.71	18	8
1:A:137:ALA:O	1:A:138:ASN:CB	0.58	2.50	12	5
1:A:128:PHE:CG	1:A:131:ILE:HG12	0.58	2.33	16	2
1:A:37:ILE:HD13	1:A:53:LYS:HE3	0.58	1.74	11	1
1:A:82:TYR:CZ	1:A:121:LYS:HD3	0.58	2.33	20	5
1:A:96:LYS:O	1:A:97:GLU:O	0.58	2.21	9	9
1:A:69:LYS:O	1:A:72:VAL:CG2	0.58	2.51	5	8
1:A:112:LYS:CE	1:A:113:SER:CB	0.58	2.82	15	7
1:A:32:ARG:O	1:A:33:LYS:HB3	0.58	1.99	12	10
1:A:11:VAL:HG23	1:A:14:ILE:CD1	0.58	2.28	7	4
1:A:85:TYR:CD2	1:A:85:TYR:O	0.58	2.56	5	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:89:PHE:CZ	1:A:152:LEU:HD22	0.58	2.34	13	10
1:A:14:ILE:HG21	1:A:38:PHE:HE1	0.58	1.58	9	4
1:A:49:VAL:HG23	1:A:50:GLU:CG	0.58	2.28	2	2
1:A:38:PHE:HB3	1:A:49:VAL:HA	0.58	1.75	16	2
1:A:77:GLU:CB	1:A:108:LEU:HD22	0.58	2.27	19	1
1:A:80:CYS:SG	1:A:109:ALA:CB	0.58	2.91	17	2
1:A:101:PHE:CE2	1:A:121:LYS:CG	0.58	2.87	2	2
1:A:133:HIS:CD2	1:A:152:LEU:HD21	0.58	2.33	2	14
1:A:12:CYS:SG	1:A:16:TYR:CZ	0.58	2.97	2	3
1:A:7:VAL:N	1:A:46:CYS:HA	0.58	2.14	18	7
1:A:5:VAL:HG12	1:A:46:CYS:H	0.58	1.59	13	3
1:A:153:GLY:HA3	1:A:161:GLU:CG	0.58	2.29	10	15
1:A:14:ILE:HG22	1:A:84:LEU:CB	0.58	2.25	11	7
1:A:34:LYS:CB	1:A:57:VAL:CG1	0.58	2.80	20	1
1:A:55:ILE:HG23	1:A:56:LEU:N	0.58	2.14	3	9
1:A:68:PHE:CZ	1:A:144:ASN:O	0.58	2.57	3	2
1:A:15:PHE:CD1	1:A:16:TYR:N	0.58	2.71	17	5
1:A:74:MET:O	1:A:76:PRO:HD3	0.58	1.98	19	11
1:A:106:PRO:HG2	1:A:109:ALA:CB	0.58	2.27	18	6
1:A:33:LYS:O	1:A:34:LYS:CD	0.58	2.52	5	2
1:A:57:VAL:O	1:A:60:VAL:N	0.58	2.36	3	1
1:A:91:THR:HG1	1:A:157:ILE:HA	0.58	1.59	17	11
1:A:99:LEU:CD1	1:A:99:LEU:C	0.58	2.67	5	3
1:A:81:ARG:CD	1:A:117:TYR:CB	0.58	2.82	13	1
1:A:72:VAL:O	1:A:75:LEU:O	0.58	2.22	1	7
1:A:84:LEU:HG	1:A:128:PHE:CZ	0.58	2.34	19	7
1:A:15:PHE:CD1	1:A:15:PHE:C	0.58	2.76	17	2
1:A:57:VAL:HG22	1:A:58:GLY:H	0.58	1.57	19	2
1:A:55:ILE:HG13	1:A:70:HIS:NE2	0.58	2.14	10	8
1:A:29:ILE:O	1:A:34:LYS:CE	0.58	2.52	15	2
1:A:3:SER:HA	1:A:116:ILE:HA	0.58	1.75	8	6
1:A:68:PHE:CE1	1:A:145:ARG:N	0.58	2.71	12	13
1:A:69:LYS:HA	1:A:72:VAL:HG21	0.58	1.75	7	1
1:A:143:LEU:CD1	1:A:143:LEU:N	0.58	2.67	10	2
1:A:71:PHE:HA	1:A:74:MET:HE3	0.58	1.76	16	1
1:A:37:ILE:CD1	1:A:53:LYS:CE	0.58	2.82	11	1
1:A:69:LYS:CG	1:A:70:HIS:N	0.57	2.66	20	2
1:A:55:ILE:CD1	1:A:70:HIS:CD2	0.57	2.81	17	8
1:A:55:ILE:HG21	1:A:85:TYR:CE1	0.57	2.33	16	11
1:A:38:PHE:CE2	1:A:49:VAL:CG2	0.57	2.87	4	2
1:A:68:PHE:CE1	1:A:144:ASN:HA	0.57	2.34	7	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:55:ILE:HG22	1:A:56:LEU:H	0.57	1.58	16	1
1:A:56:LEU:H	1:A:56:LEU:HD22	0.57	1.59	11	1
1:A:91:THR:HA	1:A:158:VAL:N	0.57	2.14	9	20
1:A:130:GLY:O	1:A:132:LYS:CD	0.57	2.52	12	10
1:A:81:ARG:HD3	1:A:117:TYR:CG	0.57	2.35	13	2
1:A:79:ASP:O	1:A:80:CYS:SG	0.57	2.62	18	8
1:A:108:LEU:N	1:A:108:LEU:CD2	0.57	2.59	8	1
1:A:10:GLU:HG3	1:A:38:PHE:CE2	0.57	2.34	8	1
1:A:18:MET:HG2	1:A:99:LEU:HD23	0.57	1.75	19	1
1:A:77:GLU:HB3	1:A:108:LEU:HD23	0.57	1.76	20	1
1:A:37:ILE:CG1	1:A:75:LEU:HD21	0.57	2.29	5	9
1:A:149:ALA:CB	1:A:160:PHE:O	0.57	2.53	2	19
1:A:69:LYS:HA	1:A:72:VAL:CG1	0.57	2.29	16	12
1:A:6:GLN:NE2	1:A:46:CYS:SG	0.57	2.77	13	5
1:A:112:LYS:HE2	1:A:113:SER:N	0.57	2.14	17	7
1:A:145:ARG:HB3	1:A:160:PHE:CZ	0.57	2.34	9	12
1:A:89:PHE:CG	1:A:89:PHE:O	0.57	2.57	13	2
1:A:55:ILE:HG13	1:A:70:HIS:CD2	0.57	2.35	16	2
1:A:37:ILE:HB	1:A:53:LYS:HB3	0.57	1.76	10	1
1:A:60:VAL:CG1	1:A:60:VAL:O	0.57	2.53	20	3
1:A:150:GLU:O	1:A:154:GLY:HA3	0.57	2.00	10	17
1:A:104:TRP:CE3	1:A:104:TRP:HA	0.57	2.33	7	11
1:A:112:LYS:HE2	1:A:113:SER:CB	0.57	2.30	17	5
1:A:15:PHE:C	1:A:15:PHE:CD1	0.57	2.78	10	3
1:A:71:PHE:CE1	1:A:75:LEU:CD2	0.57	2.86	15	4
1:A:80:CYS:SG	1:A:113:SER:HB2	0.57	2.38	17	3
1:A:11:VAL:CB	1:A:14:ILE:HD12	0.57	2.30	1	1
1:A:163:CYS:HB3	1:A:164:PRO:CD	0.57	2.29	13	8
1:A:37:ILE:HB	1:A:53:LYS:HB2	0.57	1.76	9	5
1:A:57:VAL:O	1:A:58:GLY:C	0.57	2.43	3	4
1:A:112:LYS:O	1:A:116:ILE:CD1	0.57	2.51	11	2
1:A:18:MET:CG	1:A:99:LEU:HD13	0.57	2.29	20	3
1:A:40:LEU:C	1:A:48:ILE:CG2	0.57	2.73	3	7
1:A:37:ILE:CD1	1:A:75:LEU:CD2	0.57	2.82	3	13
1:A:30:LYS:O	1:A:56:LEU:CB	0.57	2.53	14	1
1:A:103:LEU:HD21	1:A:121:LYS:HD2	0.57	1.76	4	4
1:A:80:CYS:HB2	1:A:113:SER:CB	0.57	2.29	17	3
1:A:140:PRO:HA	1:A:143:LEU:CD1	0.57	2.29	20	10
1:A:5:VAL:CG1	1:A:116:ILE:CG2	0.57	2.82	15	4
1:A:126:LYS:O	1:A:129:GLN:NE2	0.57	2.37	4	17
1:A:15:PHE:CA	1:A:84:LEU:HD12	0.57	2.29	10	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:34:LYS:HD2	1:A:57:VAL:HG21	0.57	1.76	13	1
1:A:39:CYS:C	1:A:48:ILE:HG22	0.57	2.20	14	2
1:A:39:CYS:O	1:A:117:TYR:OH	0.57	2.22	10	1
1:A:79:ASP:OD2	1:A:104:TRP:CD1	0.57	2.57	2	1
1:A:51:GLU:OE1	1:A:53:LYS:HG2	0.57	2.00	15	1
1:A:82:TYR:CZ	1:A:121:LYS:CD	0.57	2.88	15	6
1:A:62:VAL:CG1	1:A:63:THR:N	0.57	2.62	17	4
1:A:18:MET:HB3	1:A:99:LEU:CD2	0.57	2.30	2	1
1:A:55:ILE:O	1:A:56:LEU:CB	0.57	2.52	16	1
1:A:37:ILE:HG12	1:A:81:ARG:HD3	0.57	1.77	11	1
1:A:84:LEU:HG	1:A:128:PHE:CE2	0.57	2.35	20	3
1:A:80:CYS:C	1:A:81:ARG:CG	0.57	2.73	9	5
1:A:84:LEU:HB3	1:A:99:LEU:HD12	0.57	1.76	3	1
1:A:39:CYS:CB	1:A:81:ARG:NE	0.57	2.68	8	2
1:A:3:SER:HB2	1:A:119:SER:CB	0.57	2.30	4	5
1:A:91:THR:HG23	1:A:94:SER:N	0.57	2.14	4	13
1:A:145:ARG:O	1:A:149:ALA:HB2	0.57	2.00	4	8
1:A:37:ILE:CD1	1:A:53:LYS:HB3	0.57	2.30	16	6
1:A:5:VAL:CG1	1:A:47:ILE:N	0.57	2.68	11	2
1:A:37:ILE:HG21	1:A:75:LEU:CD2	0.57	2.30	16	2
1:A:60:VAL:HG22	1:A:66:ASP:H	0.57	1.59	20	1
1:A:80:CYS:SG	1:A:117:TYR:CE2	0.57	2.98	3	2
1:A:39:CYS:SG	1:A:81:ARG:NE	0.57	2.78	14	5
1:A:91:THR:CB	1:A:157:ILE:HA	0.57	2.30	18	20
1:A:18:MET:O	1:A:99:LEU:HD23	0.57	2.00	13	1
1:A:60:VAL:CG2	1:A:66:ASP:HA	0.57	2.30	14	1
1:A:33:LYS:CG	1:A:33:LYS:O	0.57	2.53	16	1
1:A:148:ILE:O	1:A:152:LEU:HG	0.57	2.00	11	3
1:A:33:LYS:HA	1:A:56:LEU:CB	0.57	2.30	6	1
1:A:60:VAL:HG13	1:A:66:ASP:HA	0.57	1.75	6	2
1:A:31:LYS:NZ	1:A:56:LEU:HD22	0.57	2.13	9	1
1:A:13:ARG:O	1:A:17:ASP:N	0.56	2.37	11	6
1:A:53:LYS:O	1:A:54:GLU:CB	0.56	2.53	12	12
1:A:101:PHE:CD2	1:A:131:ILE:HG13	0.56	2.35	4	9
1:A:13:ARG:O	1:A:17:ASP:CB	0.56	2.53	11	5
1:A:77:GLU:O	1:A:106:PRO:CG	0.56	2.53	1	7
1:A:105:ALA:O	1:A:137:ALA:O	0.56	2.23	13	3
1:A:51:GLU:CG	1:A:81:ARG:NE	0.56	2.67	6	1
1:A:7:VAL:HG11	1:A:11:VAL:HG21	0.56	1.75	20	3
1:A:108:LEU:C	1:A:108:LEU:HD13	0.56	2.20	3	1
1:A:111:LEU:HD12	1:A:114:LYS:HD3	0.56	1.76	3	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:15:PHE:N	1:A:84:LEU:HD12	0.56	2.15	11	9
1:A:46:CYS:O	1:A:47:ILE:O	0.56	2.23	15	5
1:A:34:LYS:HB2	1:A:57:VAL:HG21	0.56	1.76	5	1
1:A:82:TYR:CZ	1:A:121:LYS:HB2	0.56	2.35	10	1
1:A:35:ALA:HB1	1:A:85:TYR:HD1	0.56	1.60	18	6
1:A:80:CYS:O	1:A:81:ARG:CG	0.56	2.53	19	2
1:A:37:ILE:HG23	1:A:81:ARG:HD3	0.56	1.76	11	1
1:A:142:ASP:C	1:A:143:LEU:HD13	0.56	2.19	9	1
1:A:145:ARG:HG2	1:A:160:PHE:CZ	0.56	2.35	14	3
1:A:149:ALA:O	1:A:161:GLU:CG	0.56	2.54	19	7
1:A:39:CYS:O	1:A:40:LEU:O	0.56	2.23	8	4
1:A:75:LEU:HB3	1:A:104:TRP:NE1	0.56	2.15	16	12
1:A:84:LEU:HD21	1:A:101:PHE:HA	0.56	1.78	5	2
1:A:87:ALA:O	1:A:97:GLU:CG	0.56	2.54	19	10
1:A:6:GLN:C	1:A:7:VAL:CG1	0.56	2.74	15	9
1:A:60:VAL:HG11	1:A:66:ASP:HA	0.56	1.76	2	3
1:A:81:ARG:O	1:A:102:PHE:O	0.56	2.22	18	6
1:A:84:LEU:CD1	1:A:101:PHE:CD1	0.56	2.89	2	2
1:A:77:GLU:O	1:A:106:PRO:HG2	0.56	2.00	7	2
1:A:5:VAL:HA	1:A:45:LYS:O	0.56	2.00	18	5
1:A:39:CYS:CB	1:A:81:ARG:CZ	0.56	2.83	14	1
1:A:18:MET:HB3	1:A:99:LEU:HD12	0.56	1.76	4	1
1:A:7:VAL:HG23	1:A:9:ASP:H	0.56	1.60	1	4
1:A:38:PHE:CE1	1:A:82:TYR:HB3	0.56	2.36	2	2
1:A:10:GLU:HG3	1:A:38:PHE:CZ	0.56	2.35	8	1
1:A:80:CYS:CB	1:A:113:SER:O	0.56	2.53	6	1
1:A:106:PRO:O	1:A:110:PRO:CG	0.56	2.53	19	1
1:A:4:GLY:N	1:A:120:SER:OG	0.56	2.38	11	1
1:A:11:VAL:HA	1:A:14:ILE:CG1	0.56	2.30	1	2
1:A:18:MET:CE	1:A:36:VAL:HG22	0.56	2.30	1	1
1:A:29:ILE:CA	1:A:32:ARG:HD3	0.56	2.29	15	11
1:A:39:CYS:O	1:A:40:LEU:CB	0.56	2.51	6	4
1:A:10:GLU:OE1	1:A:49:VAL:HG12	0.56	2.00	5	1
1:A:68:PHE:CZ	1:A:143:LEU:C	0.56	2.78	13	1
1:A:18:MET:HE1	1:A:35:ALA:HA	0.56	1.76	13	5
1:A:82:TYR:CZ	1:A:121:LYS:CG	0.56	2.88	15	3
1:A:41:SER:CA	1:A:48:ILE:HB	0.56	2.30	18	1
1:A:51:GLU:CD	1:A:53:LYS:CG	0.56	2.74	16	2
1:A:35:ALA:CB	1:A:55:ILE:CB	0.56	2.83	7	7
1:A:37:ILE:HG21	1:A:53:LYS:HD3	0.56	1.76	1	3
1:A:80:CYS:SG	1:A:104:TRP:CD1	0.56	2.98	7	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:99:LEU:N	1:A:99:LEU:CD1	0.56	2.69	4	1
1:A:156:LEU:CD1	1:A:156:LEU:N	0.56	2.66	10	4
1:A:135:CYS:HB2	1:A:151:LYS:NZ	0.56	2.16	6	1
1:A:64:ILE:CG2	1:A:70:HIS:HB3	0.56	2.31	13	18
1:A:144:ASN:HB3	1:A:147:CYS:HB2	0.56	1.77	5	9
1:A:131:ILE:O	1:A:132:LYS:CB	0.56	2.54	7	18
1:A:53:LYS:NZ	1:A:74:MET:O	0.56	2.39	12	5
1:A:80:CYS:SG	1:A:105:ALA:HA	0.56	2.41	17	3
1:A:98:GLU:O	1:A:99:LEU:CB	0.56	2.54	5	1
1:A:148:ILE:O	1:A:152:LEU:CD2	0.56	2.54	18	2
1:A:51:GLU:OE2	1:A:81:ARG:NH2	0.56	2.39	14	2
1:A:103:LEU:CG	1:A:121:LYS:CD	0.56	2.83	2	4
1:A:99:LEU:CD1	1:A:100:MET:N	0.56	2.65	10	1
1:A:39:CYS:H	1:A:48:ILE:HB	0.56	1.60	2	1
1:A:40:LEU:CD1	1:A:116:ILE:HD12	0.56	2.31	1	1
1:A:75:LEU:HB3	1:A:104:TRP:CD2	0.56	2.36	9	11
1:A:87:ALA:O	1:A:97:GLU:HA	0.56	2.00	2	12
1:A:37:ILE:HD11	1:A:75:LEU:HD21	0.56	1.77	11	7
1:A:35:ALA:HB3	1:A:55:ILE:CG2	0.56	2.31	3	9
1:A:80:CYS:SG	1:A:113:SER:CB	0.56	2.94	14	3
1:A:37:ILE:HG21	1:A:53:LYS:CE	0.56	2.30	18	1
1:A:18:MET:HB3	1:A:99:LEU:HD23	0.56	1.73	16	1
1:A:32:ARG:O	1:A:33:LYS:O	0.56	2.24	16	1
1:A:55:ILE:HG12	1:A:64:ILE:CD1	0.56	2.30	16	1
1:A:16:TYR:O	1:A:16:TYR:CG	0.56	2.55	20	3
1:A:59:ASP:O	1:A:62:VAL:CG2	0.56	2.53	8	3
1:A:66:ASP:N	1:A:67:PRO:HD2	0.56	2.16	2	15
1:A:101:PHE:CZ	1:A:124:ILE:CD1	0.56	2.89	1	15
1:A:156:LEU:N	1:A:156:LEU:CD1	0.56	2.68	9	5
1:A:68:PHE:CD1	1:A:145:ARG:HG3	0.56	2.36	18	1
1:A:79:ASP:HB2	1:A:81:ARG:NH2	0.56	2.15	6	1
1:A:101:PHE:CE2	1:A:125:LYS:NZ	0.56	2.72	11	1
1:A:72:VAL:HG11	1:A:140:PRO:O	0.56	2.01	9	1
1:A:112:LYS:O	1:A:116:ILE:CG1	0.56	2.54	20	7
1:A:104:TRP:HA	1:A:104:TRP:CE3	0.56	2.35	19	9
1:A:8:ALA:O	1:A:9:ASP:HB2	0.56	2.01	16	13
1:A:5:VAL:HG11	1:A:120:SER:CB	0.56	2.30	5	3
1:A:6:GLN:NE2	1:A:45:LYS:HB3	0.56	2.16	7	3
1:A:103:LEU:CB	1:A:136:GLN:HG2	0.56	2.31	4	1
1:A:51:GLU:OE2	1:A:81:ARG:CZ	0.56	2.54	6	1
1:A:92:LYS:N	1:A:157:ILE:O	0.56	2.38	20	8

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:163:CYS:HB3	1:A:164:PRO:HD3	0.56	1.77	18	19
1:A:43:ASP:O	1:A:44:LYS:HB2	0.56	2.01	10	17
1:A:77:GLU:O	1:A:108:LEU:HG	0.56	2.01	18	3
1:A:103:LEU:N	1:A:103:LEU:CD2	0.56	2.58	15	2
1:A:111:LEU:O	1:A:115:MET:CG	0.56	2.54	18	5
1:A:40:LEU:CD1	1:A:116:ILE:HG21	0.56	2.31	4	2
1:A:94:SER:O	1:A:96:LYS:CG	0.56	2.54	11	6
1:A:38:PHE:HA	1:A:50:GLU:N	0.56	2.16	6	2
1:A:38:PHE:CD2	1:A:82:TYR:HB2	0.56	2.36	17	1
1:A:35:ALA:HB3	1:A:55:ILE:CB	0.55	2.30	19	8
1:A:140:PRO:HA	1:A:143:LEU:HD13	0.55	1.78	3	7
1:A:100:MET:CB	1:A:133:HIS:HB2	0.55	2.31	12	14
1:A:81:ARG:CD	1:A:117:TYR:CG	0.55	2.88	13	1
1:A:47:ILE:O	1:A:48:ILE:CB	0.55	2.52	14	4
1:A:56:LEU:O	1:A:57:VAL:CG2	0.55	2.54	1	7
1:A:47:ILE:HG22	1:A:48:ILE:H	0.55	1.59	10	1
1:A:37:ILE:CD1	1:A:53:LYS:HD3	0.55	2.32	10	1
1:A:29:ILE:HA	1:A:32:ARG:HB2	0.55	1.78	6	2
1:A:39:CYS:H	1:A:48:ILE:HG22	0.55	1.60	6	1
1:A:125:LYS:O	1:A:129:GLN:N	0.55	2.39	19	1
1:A:51:GLU:OE1	1:A:81:ARG:CD	0.55	2.55	19	1
1:A:17:ASP:O	1:A:34:LYS:CD	0.55	2.54	17	1
1:A:108:LEU:C	1:A:108:LEU:CD1	0.55	2.75	9	1
1:A:37:ILE:CG1	1:A:83:ALA:HB2	0.55	2.32	20	8
1:A:40:LEU:HD23	1:A:44:LYS:HG3	0.55	1.77	20	3
1:A:99:LEU:O	1:A:100:MET:CG	0.55	2.55	20	16
1:A:149:ALA:CB	1:A:160:PHE:C	0.55	2.75	11	18
1:A:91:THR:OG1	1:A:157:ILE:HA	0.55	2.02	17	20
1:A:108:LEU:CD1	1:A:108:LEU:C	0.55	2.75	13	5
1:A:153:GLY:O	1:A:161:GLU:HG3	0.55	2.01	10	11
1:A:81:ARG:CD	1:A:117:TYR:CD2	0.55	2.88	13	1
1:A:51:GLU:CD	1:A:53:LYS:HZ3	0.55	2.04	13	1
1:A:85:TYR:O	1:A:85:TYR:CD2	0.55	2.58	12	5
1:A:37:ILE:O	1:A:50:GLU:HB3	0.55	2.01	2	3
1:A:108:LEU:CD2	1:A:108:LEU:N	0.55	2.58	6	2
1:A:38:PHE:CE2	1:A:124:ILE:CD1	0.55	2.89	17	1
1:A:82:TYR:OH	1:A:121:LYS:HD3	0.55	2.01	20	10
1:A:132:LYS:O	1:A:133:HIS:ND1	0.55	2.40	11	3
1:A:29:ILE:HA	1:A:32:ARG:HD2	0.55	1.79	7	5
1:A:40:LEU:HD13	1:A:117:TYR:CZ	0.55	2.37	7	1
1:A:128:PHE:CD2	1:A:131:ILE:HD12	0.55	2.37	19	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:37:ILE:HG13	1:A:83:ALA:CB	0.55	2.31	9	10
1:A:101:PHE:N	1:A:133:HIS:O	0.55	2.39	14	10
1:A:30:LYS:CD	1:A:58:GLY:CA	0.55	2.84	5	1
1:A:39:CYS:HA	1:A:117:TYR:OH	0.55	2.01	5	8
1:A:99:LEU:HD11	1:A:132:LYS:CG	0.55	2.30	5	2
1:A:84:LEU:CD2	1:A:131:ILE:CD1	0.55	2.81	7	7
1:A:80:CYS:N	1:A:81:ARG:HD3	0.55	2.16	8	2
1:A:37:ILE:CD1	1:A:53:LYS:HE2	0.55	2.31	11	1
1:A:80:CYS:SG	1:A:109:ALA:HB1	0.55	2.40	9	1
1:A:112:LYS:HE3	1:A:113:SER:N	0.55	2.17	20	6
1:A:5:VAL:HG11	1:A:116:ILE:CG2	0.55	2.32	12	3
1:A:128:PHE:O	1:A:130:GLY:N	0.55	2.39	18	7
1:A:89:PHE:CE2	1:A:152:LEU:HG	0.55	2.37	18	1
1:A:38:PHE:CD1	1:A:82:TYR:HB2	0.55	2.37	2	2
1:A:38:PHE:CZ	1:A:124:ILE:HD11	0.55	2.36	2	1
1:A:103:LEU:CD2	1:A:121:LYS:HD2	0.55	2.31	4	2
1:A:160:PHE:O	1:A:165:VAL:CB	0.55	2.55	13	14
1:A:116:ILE:N	1:A:116:ILE:CD1	0.55	2.70	7	3
1:A:39:CYS:HB3	1:A:81:ARG:NE	0.55	2.17	3	3
1:A:70:HIS:CG	1:A:71:PHE:N	0.55	2.72	16	14
1:A:144:ASN:O	1:A:148:ILE:CG1	0.55	2.55	4	6
1:A:143:LEU:O	1:A:148:ILE:CG1	0.55	2.55	1	3
1:A:68:PHE:CE1	1:A:143:LEU:O	0.55	2.59	19	2
1:A:34:LYS:HD2	1:A:57:VAL:HG11	0.55	1.77	14	2
1:A:99:LEU:CD2	1:A:131:ILE:O	0.55	2.55	11	2
1:A:153:GLY:O	1:A:161:GLU:CG	0.55	2.54	17	3
1:A:65:THR:O	1:A:66:ASP:HB3	0.55	2.01	16	2
1:A:68:PHE:CE1	1:A:145:ARG:HG2	0.55	2.36	2	7
1:A:51:GLU:CG	1:A:53:LYS:HE2	0.55	2.31	10	1
1:A:109:ALA:CB	1:A:110:PRO:HD3	0.55	2.20	19	1
1:A:40:LEU:CD2	1:A:45:LYS:O	0.55	2.54	1	2
1:A:75:LEU:CD1	1:A:75:LEU:O	0.55	2.52	1	1
1:A:51:GLU:HG3	1:A:53:LYS:HG2	0.55	1.79	17	5
1:A:153:GLY:HA3	1:A:161:GLU:CB	0.55	2.32	5	15
1:A:71:PHE:CA	1:A:74:MET:HE2	0.55	2.32	7	7
1:A:145:ARG:HB2	1:A:160:PHE:CE1	0.55	2.36	7	3
1:A:7:VAL:CG1	1:A:11:VAL:HG12	0.55	2.32	17	2
1:A:37:ILE:HD13	1:A:75:LEU:HD21	0.55	1.76	16	1
1:A:39:CYS:HB2	1:A:81:ARG:NE	0.55	2.17	8	1
1:A:89:PHE:CE2	1:A:152:LEU:HD22	0.55	2.37	6	3
1:A:30:LYS:CB	1:A:58:GLY:HA3	0.55	2.31	4	8

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:56:LEU:O	1:A:57:VAL:CG1	0.55	2.55	9	4
1:A:95:ARG:CD	1:A:95:ARG:C	0.55	2.74	6	1
1:A:57:VAL:CG1	1:A:86:ASP:OD2	0.55	2.55	1	1
1:A:148:ILE:O	1:A:152:LEU:CD1	0.55	2.55	11	5
1:A:37:ILE:CD1	1:A:75:LEU:HD21	0.55	2.31	9	5
1:A:131:ILE:O	1:A:132:LYS:HG2	0.55	2.01	10	18
1:A:13:ARG:HA	1:A:16:TYR:HB2	0.55	1.79	9	4
1:A:91:THR:CB	1:A:157:ILE:HG22	0.55	2.24	7	4
1:A:77:GLU:O	1:A:108:LEU:CD2	0.55	2.54	11	5
1:A:57:VAL:CG1	1:A:86:ASP:HB3	0.55	2.32	16	1
1:A:132:LYS:CD	1:A:132:LYS:N	0.55	2.65	19	1
1:A:38:PHE:HB2	1:A:48:ILE:C	0.55	2.22	9	1
1:A:82:TYR:HH	1:A:117:TYR:HB3	0.55	1.62	12	1
1:A:65:THR:O	1:A:66:ASP:HB2	0.55	2.02	1	17
1:A:77:GLU:HA	1:A:106:PRO:CB	0.55	2.32	4	6
1:A:11:VAL:HB	1:A:128:PHE:CE1	0.55	2.37	16	7
1:A:91:THR:HG23	1:A:94:SER:H	0.55	1.60	4	13
1:A:17:ASP:CB	1:A:18:MET:SD	0.55	2.95	11	4
1:A:35:ALA:CB	1:A:55:ILE:HB	0.55	2.32	7	5
1:A:37:ILE:HD13	1:A:53:LYS:HD3	0.55	1.77	10	1
1:A:10:GLU:O	1:A:14:ILE:HG13	0.55	2.02	12	9
1:A:122:ASP:HA	1:A:125:LYS:CE	0.55	2.32	12	2
1:A:5:VAL:CB	1:A:45:LYS:O	0.55	2.55	2	3
1:A:38:PHE:CD1	1:A:49:VAL:HB	0.55	2.36	19	1
1:A:68:PHE:C	1:A:68:PHE:CD1	0.55	2.78	19	2
1:A:37:ILE:CG2	1:A:51:GLU:OE2	0.55	2.55	11	1
1:A:41:SER:N	1:A:48:ILE:HG21	0.54	2.18	9	3
1:A:30:LYS:HB2	1:A:58:GLY:CA	0.54	2.32	11	8
1:A:141:GLU:O	1:A:144:ASN:HB2	0.54	2.02	6	14
1:A:55:ILE:CG1	1:A:70:HIS:CD2	0.54	2.91	16	6
1:A:81:ARG:HD2	1:A:117:TYR:CD2	0.54	2.37	13	2
1:A:80:CYS:HG	1:A:104:TRP:HD1	0.54	1.45	4	1
1:A:37:ILE:CD1	1:A:53:LYS:HG3	0.54	2.32	4	1
1:A:53:LYS:NZ	1:A:74:MET:HB3	0.54	2.17	10	1
1:A:79:ASP:O	1:A:80:CYS:HB2	0.54	2.01	10	2
1:A:68:PHE:CD1	1:A:145:ARG:CG	0.54	2.90	18	1
1:A:39:CYS:CB	1:A:81:ARG:HD2	0.54	2.31	8	1
1:A:60:VAL:HG12	1:A:66:ASP:HA	0.54	1.79	19	2
1:A:7:VAL:HG21	1:A:123:ALA:O	0.54	2.02	17	1
1:A:34:LYS:CG	1:A:56:LEU:O	0.54	2.55	20	1
1:A:106:PRO:HB2	1:A:108:LEU:CD1	0.54	2.32	3	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:11:VAL:HG22	1:A:14:ILE:HD12	0.54	1.78	19	4
1:A:5:VAL:CG1	1:A:120:SER:HB3	0.54	2.32	5	1
1:A:151:LYS:HB2	1:A:151:LYS:HZ2	0.54	1.61	14	1
1:A:47:ILE:CG2	1:A:47:ILE:O	0.54	2.53	18	1
1:A:75:LEU:HD12	1:A:143:LEU:HD22	0.54	1.79	19	3
1:A:79:ASP:O	1:A:110:PRO:CD	0.54	2.54	2	1
1:A:55:ILE:CG1	1:A:70:HIS:NE2	0.54	2.70	14	8
1:A:11:VAL:CB	1:A:47:ILE:HG21	0.54	2.32	3	5
1:A:36:VAL:HG22	1:A:84:LEU:O	0.54	2.02	8	2
1:A:39:CYS:C	1:A:47:ILE:O	0.54	2.45	10	1
1:A:39:CYS:HB3	1:A:81:ARG:CB	0.54	2.31	8	3
1:A:11:VAL:HG12	1:A:47:ILE:HG21	0.54	1.79	8	2
1:A:41:SER:CA	1:A:48:ILE:HG12	0.54	2.33	6	1
1:A:80:CYS:HB3	1:A:117:TYR:OH	0.54	2.02	17	1
1:A:57:VAL:O	1:A:60:VAL:CG2	0.54	2.56	17	1
1:A:128:PHE:HD2	1:A:131:ILE:HD11	0.54	1.61	1	1
1:A:153:GLY:HA3	1:A:161:GLU:HG3	0.54	1.78	16	14
1:A:102:PHE:CD2	1:A:143:LEU:CD1	0.54	2.90	7	1
1:A:36:VAL:O	1:A:83:ALA:HB1	0.54	2.02	11	8
1:A:106:PRO:O	1:A:108:LEU:CD1	0.54	2.55	4	1
1:A:84:LEU:HD13	1:A:84:LEU:N	0.54	2.16	16	1
1:A:43:ASP:O	1:A:44:LYS:CG	0.54	2.55	8	1
1:A:3:SER:O	1:A:5:VAL:N	0.54	2.40	8	1
1:A:3:SER:HB3	1:A:119:SER:CB	0.54	2.33	14	3
1:A:101:PHE:CE2	1:A:125:LYS:HE3	0.54	2.38	6	8
1:A:90:GLU:HA	1:A:95:ARG:HA	0.54	1.80	17	11
1:A:81:ARG:HB2	1:A:117:TYR:CE2	0.54	2.38	4	5
1:A:18:MET:SD	1:A:34:LYS:O	0.54	2.65	18	8
1:A:40:LEU:HD12	1:A:40:LEU:N	0.54	2.17	2	3
1:A:53:LYS:HD2	1:A:74:MET:O	0.54	2.02	18	2
1:A:93:GLU:CA	1:A:93:GLU:OE1	0.54	2.56	18	2
1:A:121:LYS:CE	1:A:134:GLU:OE2	0.54	2.56	2	2
1:A:30:LYS:CA	1:A:57:VAL:HG22	0.54	2.32	9	4
1:A:103:LEU:CD1	1:A:121:LYS:HD2	0.54	2.32	2	7
1:A:113:SER:HB2	1:A:117:TYR:CE2	0.54	2.38	17	2
1:A:38:PHE:CE1	1:A:49:VAL:HG12	0.54	2.38	19	1
1:A:11:VAL:CG2	1:A:14:ILE:CD1	0.54	2.86	19	4
1:A:7:VAL:O	1:A:46:CYS:CB	0.54	2.56	15	5
1:A:18:MET:HB2	1:A:99:LEU:CB	0.54	2.32	7	3
1:A:40:LEU:HA	1:A:47:ILE:CA	0.54	2.33	18	1
1:A:41:SER:HA	1:A:48:ILE:HD11	0.54	1.80	2	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:33:LYS:CA	1:A:56:LEU:HD23	0.54	2.32	9	2
1:A:110:PRO:O	1:A:114:LYS:CG	0.54	2.56	8	2
1:A:80:CYS:SG	1:A:105:ALA:CB	0.54	2.96	6	1
1:A:38:PHE:CE1	1:A:49:VAL:HB	0.54	2.38	19	1
1:A:69:LYS:HG3	1:A:70:HIS:N	0.54	2.18	20	3
1:A:160:PHE:O	1:A:165:VAL:HB	0.54	2.03	7	12
1:A:112:LYS:O	1:A:116:ILE:CB	0.54	2.55	9	13
1:A:110:PRO:O	1:A:112:LYS:N	0.54	2.41	13	3
1:A:151:LYS:NZ	1:A:151:LYS:HB2	0.54	2.18	14	2
1:A:105:ALA:HB3	1:A:138:ASN:N	0.54	2.17	4	2
1:A:101:PHE:CB	1:A:133:HIS:O	0.54	2.56	19	2
1:A:38:PHE:O	1:A:81:ARG:HB2	0.54	2.02	11	1
1:A:160:PHE:O	1:A:165:VAL:O	0.54	2.26	5	18
1:A:40:LEU:N	1:A:40:LEU:HD12	0.54	2.18	5	1
1:A:98:GLU:O	1:A:99:LEU:CG	0.54	2.56	5	1
1:A:10:GLU:OE2	1:A:11:VAL:N	0.54	2.41	7	1
1:A:40:LEU:CD1	1:A:117:TYR:CZ	0.54	2.91	7	2
1:A:111:LEU:CD2	1:A:111:LEU:O	0.54	2.56	14	1
1:A:48:ILE:CG2	1:A:48:ILE:O	0.54	2.56	17	2
1:A:10:GLU:O	1:A:14:ILE:CG1	0.54	2.56	18	1
1:A:10:GLU:HB3	1:A:14:ILE:HD11	0.54	1.79	18	1
1:A:41:SER:N	1:A:48:ILE:HB	0.54	2.17	18	3
1:A:87:ALA:O	1:A:97:GLU:CA	0.54	2.56	2	3
1:A:151:LYS:HZ2	1:A:151:LYS:HB2	0.54	1.61	2	1
1:A:135:CYS:CB	1:A:151:LYS:NZ	0.54	2.71	6	1
1:A:79:ASP:O	1:A:79:ASP:OD1	0.54	2.26	19	1
1:A:39:CYS:SG	1:A:81:ARG:CZ	0.54	2.96	20	1
1:A:68:PHE:CE2	1:A:72:VAL:HG12	0.54	2.38	16	4
1:A:143:LEU:O	1:A:144:ASN:C	0.54	2.46	19	20
1:A:51:GLU:CG	1:A:53:LYS:HG2	0.54	2.33	1	7
1:A:30:LYS:HB3	1:A:58:GLY:CA	0.54	2.33	18	7
1:A:160:PHE:O	1:A:165:VAL:CG2	0.54	2.56	12	15
1:A:83:ALA:N	1:A:102:PHE:O	0.54	2.40	2	1
1:A:38:PHE:CE2	1:A:82:TYR:CB	0.54	2.91	17	1
1:A:81:ARG:CG	1:A:104:TRP:O	0.54	2.56	1	1
1:A:17:ASP:O	1:A:18:MET:HG2	0.54	2.03	1	1
1:A:80:CYS:SG	1:A:117:TYR:CD2	0.53	3.00	6	3
1:A:3:SER:CB	1:A:115:MET:O	0.53	2.56	19	2
1:A:5:VAL:CG2	1:A:120:SER:HB2	0.53	2.32	7	2
1:A:49:VAL:O	1:A:50:GLU:HB3	0.53	2.02	6	3
1:A:48:ILE:O	1:A:49:VAL:CG1	0.53	2.57	19	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:81:ARG:NE	1:A:104:TRP:HB2	0.53	2.18	11	1
1:A:14:ILE:CD1	1:A:38:PHE:CD1	0.53	2.88	17	2
1:A:152:LEU:O	1:A:157:ILE:HG23	0.53	2.03	16	9
1:A:148:ILE:N	1:A:148:ILE:CD1	0.53	2.70	6	8
1:A:112:LYS:HE3	1:A:112:LYS:N	0.53	2.18	9	4
1:A:87:ALA:CA	1:A:97:GLU:OE1	0.53	2.56	10	1
1:A:41:SER:CA	1:A:48:ILE:HG13	0.53	2.34	8	2
1:A:57:VAL:HG11	1:A:86:ASP:CB	0.53	2.33	16	1
1:A:51:GLU:OE1	1:A:53:LYS:CG	0.53	2.56	15	1
1:A:50:GLU:O	1:A:51:GLU:CB	0.53	2.56	10	6
1:A:82:TYR:O	1:A:83:ALA:HB2	0.53	2.03	2	2
1:A:29:ILE:O	1:A:32:ARG:HB2	0.53	2.03	5	10
1:A:145:ARG:O	1:A:149:ALA:CB	0.53	2.56	4	8
1:A:111:LEU:C	1:A:112:LYS:CE	0.53	2.77	16	3
1:A:82:TYR:CE1	1:A:103:LEU:HG	0.53	2.38	19	3
1:A:90:GLU:CG	1:A:95:ARG:HA	0.53	2.34	18	4
1:A:90:GLU:O	1:A:91:THR:CB	0.53	2.55	16	2
1:A:147:CYS:O	1:A:150:GLU:HB2	0.53	2.04	20	4
1:A:38:PHE:CD2	1:A:49:VAL:HG23	0.53	2.39	20	1
1:A:60:VAL:CG1	1:A:66:ASP:CA	0.53	2.87	7	9
1:A:64:ILE:HG22	1:A:70:HIS:CB	0.53	2.33	14	17
1:A:34:LYS:HB2	1:A:57:VAL:CG2	0.53	2.34	5	1
1:A:110:PRO:O	1:A:111:LEU:C	0.53	2.47	11	5
1:A:117:TYR:HA	1:A:120:SER:OG	0.53	2.03	7	5
1:A:35:ALA:O	1:A:54:GLU:CB	0.53	2.56	7	1
1:A:79:ASP:C	1:A:80:CYS:SG	0.53	2.87	7	3
1:A:54:GLU:N	1:A:74:MET:SD	0.53	2.81	4	1
1:A:80:CYS:CB	1:A:117:TYR:OH	0.53	2.56	11	2
1:A:29:ILE:HG23	1:A:34:LYS:HD2	0.53	1.78	3	1
1:A:79:ASP:HB3	1:A:81:ARG:CZ	0.53	2.34	6	4
1:A:152:LEU:CB	1:A:157:ILE:HD13	0.53	2.33	13	7
1:A:132:LYS:N	1:A:132:LYS:HD2	0.53	2.17	17	4
1:A:144:ASN:O	1:A:148:ILE:HG12	0.53	2.03	7	14
1:A:77:GLU:HB2	1:A:108:LEU:CD2	0.53	2.34	7	3
1:A:72:VAL:CG1	1:A:143:LEU:CB	0.53	2.86	7	1
1:A:6:GLN:H	1:A:46:CYS:HA	0.53	1.64	18	10
1:A:7:VAL:O	1:A:7:VAL:CG2	0.53	2.57	10	1
1:A:95:ARG:CD	1:A:95:ARG:O	0.53	2.56	2	1
1:A:112:LYS:CE	1:A:112:LYS:CA	0.53	2.86	9	3
1:A:18:MET:HE3	1:A:35:ALA:CA	0.53	2.34	6	1
1:A:106:PRO:O	1:A:110:PRO:CD	0.53	2.56	19	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:51:GLU:HG2	1:A:53:LYS:HG3	0.53	1.80	9	1
1:A:111:LEU:HD23	1:A:115:MET:SD	0.53	2.44	20	1
1:A:59:ASP:O	1:A:60:VAL:C	0.53	2.47	9	17
1:A:134:GLU:CG	1:A:134:GLU:O	0.53	2.56	4	5
1:A:124:ILE:O	1:A:128:PHE:N	0.53	2.42	7	13
1:A:103:LEU:HG	1:A:121:LYS:CD	0.53	2.34	8	11
1:A:82:TYR:CE1	1:A:121:LYS:HD2	0.53	2.38	5	2
1:A:133:HIS:NE2	1:A:152:LEU:HG	0.53	2.19	14	5
1:A:10:GLU:HG3	1:A:10:GLU:O	0.53	2.02	14	3
1:A:111:LEU:HA	1:A:114:LYS:CG	0.53	2.34	9	3
1:A:37:ILE:CG1	1:A:53:LYS:HB2	0.53	2.33	19	1
1:A:148:ILE:HG22	1:A:152:LEU:HD12	0.53	1.80	1	7
1:A:30:LYS:CD	1:A:58:GLY:HA2	0.53	2.34	5	1
1:A:68:PHE:CZ	1:A:144:ASN:CA	0.53	2.92	5	10
1:A:103:LEU:HD13	1:A:121:LYS:NZ	0.53	2.18	7	1
1:A:144:ASN:OD1	1:A:146:ALA:CB	0.53	2.56	7	5
1:A:148:ILE:CD1	1:A:148:ILE:N	0.53	2.72	4	2
1:A:37:ILE:O	1:A:50:GLU:HA	0.53	2.03	2	1
1:A:77:GLU:HB3	1:A:108:LEU:HD12	0.53	1.81	16	2
1:A:57:VAL:O	1:A:60:VAL:HG23	0.53	2.03	17	2
1:A:10:GLU:OE2	1:A:49:VAL:CG2	0.53	2.57	12	2
1:A:103:LEU:CD1	1:A:121:LYS:CE	0.53	2.86	7	2
1:A:153:GLY:HA2	1:A:157:ILE:CG1	0.53	2.33	16	17
1:A:68:PHE:CE2	1:A:143:LEU:C	0.53	2.83	5	9
1:A:77:GLU:O	1:A:106:PRO:CB	0.53	2.57	12	3
1:A:13:ARG:O	1:A:13:ARG:CD	0.53	2.56	7	3
1:A:18:MET:HG2	1:A:99:LEU:HD12	0.53	1.78	14	2
1:A:5:VAL:HG13	1:A:46:CYS:O	0.53	2.04	14	1
1:A:163:CYS:HB2	1:A:164:PRO:CD	0.53	2.34	6	6
1:A:34:LYS:HB2	1:A:57:VAL:CG1	0.53	2.32	12	3
1:A:8:ALA:HB2	1:A:48:ILE:HD12	0.53	1.81	1	1
1:A:80:CYS:C	1:A:81:ARG:HG3	0.53	2.24	17	2
1:A:145:ARG:O	1:A:149:ALA:N	0.53	2.42	14	17
1:A:80:CYS:O	1:A:104:TRP:HB3	0.53	2.04	17	6
1:A:100:MET:CE	1:A:151:LYS:HG2	0.53	2.32	7	1
1:A:41:SER:HA	1:A:48:ILE:CG1	0.53	2.33	6	3
1:A:4:GLY:O	1:A:5:VAL:O	0.53	2.27	2	6
1:A:10:GLU:C	1:A:14:ILE:HD12	0.53	2.24	18	1
1:A:32:ARG:O	1:A:33:LYS:HB2	0.53	2.04	18	2
1:A:49:VAL:O	1:A:50:GLU:CG	0.53	2.56	6	2
1:A:77:GLU:CB	1:A:108:LEU:HD12	0.53	2.34	16	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:39:CYS:HB3	1:A:81:ARG:HA	0.53	1.80	6	3
1:A:29:ILE:CG2	1:A:34:LYS:HE2	0.53	2.34	9	1
1:A:80:CYS:SG	1:A:81:ARG:N	0.53	2.81	20	1
1:A:3:SER:CB	1:A:119:SER:HB2	0.53	2.34	14	3
1:A:29:ILE:CA	1:A:32:ARG:HD2	0.53	2.34	7	12
1:A:135:CYS:HB2	1:A:151:LYS:CE	0.53	2.34	6	6
1:A:155:SER:C	1:A:156:LEU:HD12	0.53	2.24	10	9
1:A:88:SER:HA	1:A:97:GLU:HB3	0.53	1.81	10	1
1:A:103:LEU:CD1	1:A:121:LYS:CD	0.53	2.87	2	1
1:A:31:LYS:O	1:A:32:ARG:NH2	0.53	2.41	2	1
1:A:51:GLU:CD	1:A:81:ARG:NE	0.53	2.62	2	2
1:A:15:PHE:CA	1:A:84:LEU:HD23	0.53	2.34	16	1
1:A:81:ARG:N	1:A:81:ARG:HD2	0.53	2.19	8	2
1:A:80:CYS:O	1:A:81:ARG:HG2	0.53	2.03	8	1
1:A:158:VAL:O	1:A:162:GLY:CA	0.52	2.57	14	4
1:A:18:MET:CG	1:A:99:LEU:CG	0.52	2.87	14	2
1:A:38:PHE:CD1	1:A:47:ILE:HG13	0.52	2.39	2	1
1:A:80:CYS:CB	1:A:117:TYR:CE2	0.52	2.92	16	1
1:A:60:VAL:HG13	1:A:66:ASP:CA	0.52	2.34	6	3
1:A:38:PHE:CD1	1:A:49:VAL:N	0.52	2.76	19	1
1:A:82:TYR:CZ	1:A:117:TYR:CD2	0.52	2.97	12	1
1:A:82:TYR:HB3	1:A:101:PHE:CE1	0.52	2.39	16	7
1:A:77:GLU:HA	1:A:106:PRO:HB3	0.52	1.80	18	8
1:A:56:LEU:CD1	1:A:56:LEU:O	0.52	2.55	3	1
1:A:39:CYS:O	1:A:40:LEU:HB2	0.52	2.04	6	9
1:A:59:ASP:O	1:A:62:VAL:HG22	0.52	2.03	5	1
1:A:104:TRP:O	1:A:104:TRP:CG	0.52	2.59	4	2
1:A:112:LYS:CE	1:A:113:SER:HB2	0.52	2.34	8	2
1:A:40:LEU:HD13	1:A:40:LEU:N	0.52	2.19	19	1
1:A:38:PHE:HB2	1:A:48:ILE:N	0.52	2.20	17	1
1:A:90:GLU:HG2	1:A:95:ARG:N	0.52	2.20	4	7
1:A:150:GLU:O	1:A:154:GLY:CA	0.52	2.57	14	15
1:A:40:LEU:N	1:A:48:ILE:HG22	0.52	2.20	16	7
1:A:40:LEU:C	1:A:48:ILE:HG21	0.52	2.25	10	6
1:A:153:GLY:HA3	1:A:161:GLU:HG2	0.52	1.81	13	3
1:A:29:ILE:CG2	1:A:34:LYS:HE3	0.52	2.34	14	4
1:A:87:ALA:N	1:A:97:GLU:OE1	0.52	2.42	10	1
1:A:40:LEU:O	1:A:48:ILE:CG1	0.52	2.57	2	1
1:A:10:GLU:CD	1:A:49:VAL:CG2	0.52	2.78	15	1
1:A:4:GLY:O	1:A:6:GLN:NE2	0.52	2.42	19	1
1:A:135:CYS:SG	1:A:151:LYS:CE	0.52	2.98	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:30:LYS:O	1:A:56:LEU:HB2	0.52	2.04	12	1
1:A:121:LYS:NZ	1:A:121:LYS:HB2	0.52	2.20	20	2
1:A:53:LYS:HD3	1:A:74:MET:O	0.52	2.05	20	5
1:A:37:ILE:HG12	1:A:75:LEU:HD21	0.52	1.80	5	5
1:A:108:LEU:C	1:A:108:LEU:HD22	0.52	2.24	3	1
1:A:12:CYS:O	1:A:16:TYR:HB3	0.52	2.04	18	9
1:A:75:LEU:CD1	1:A:104:TRP:NE1	0.52	2.71	13	2
1:A:93:GLU:CG	1:A:96:LYS:HG3	0.52	2.35	12	4
1:A:34:LYS:O	1:A:36:VAL:HG13	0.52	2.03	7	1
1:A:39:CYS:CB	1:A:50:GLU:HB2	0.52	2.34	7	1
1:A:112:LYS:C	1:A:112:LYS:HE3	0.52	2.23	17	2
1:A:80:CYS:CB	1:A:113:SER:HB3	0.52	2.34	2	1
1:A:80:CYS:HB3	1:A:104:TRP:O	0.52	2.04	9	2
1:A:53:LYS:NZ	1:A:76:PRO:HD3	0.52	2.19	15	2
1:A:54:GLU:OE2	1:A:56:LEU:CD1	0.52	2.57	11	1
1:A:18:MET:HB3	1:A:34:LYS:O	0.52	2.03	1	1
1:A:14:ILE:HD11	1:A:38:PHE:CD2	0.52	2.40	20	2
1:A:65:THR:C	1:A:67:PRO:CD	0.52	2.78	13	14
1:A:157:ILE:O	1:A:158:VAL:CG2	0.52	2.55	4	14
1:A:124:ILE:CG2	1:A:125:LYS:N	0.52	2.72	8	19
1:A:76:PRO:CG	1:A:79:ASP:OD2	0.52	2.58	5	1
1:A:58:GLY:O	1:A:59:ASP:C	0.52	2.48	11	15
1:A:102:PHE:CE1	1:A:143:LEU:CG	0.52	2.93	9	4
1:A:87:ALA:O	1:A:97:GLU:HG3	0.52	2.04	15	13
1:A:5:VAL:HG13	1:A:46:CYS:C	0.52	2.25	7	2
1:A:47:ILE:O	1:A:48:ILE:HB	0.52	2.05	15	4
1:A:47:ILE:CG2	1:A:48:ILE:H	0.52	2.17	10	1
1:A:149:ALA:HB2	1:A:160:PHE:O	0.52	2.05	2	2
1:A:47:ILE:O	1:A:48:ILE:O	0.52	2.28	8	1
1:A:57:VAL:HG12	1:A:86:ASP:HB3	0.52	1.81	1	3
1:A:33:LYS:O	1:A:34:LYS:CE	0.52	2.58	20	1
1:A:3:SER:CB	1:A:119:SER:CB	0.52	2.88	4	4
1:A:7:VAL:HG23	1:A:11:VAL:HG11	0.52	1.82	9	3
1:A:103:LEU:HG	1:A:121:LYS:HD2	0.52	1.82	1	7
1:A:9:ASP:N	1:A:9:ASP:OD1	0.52	2.42	13	2
1:A:98:GLU:O	1:A:99:LEU:O	0.52	2.28	11	5
1:A:103:LEU:CD1	1:A:121:LYS:NZ	0.52	2.73	7	1
1:A:133:HIS:O	1:A:134:GLU:CB	0.52	2.56	6	1
1:A:131:ILE:HG23	1:A:133:HIS:N	0.52	2.18	19	1
1:A:81:ARG:HD2	1:A:117:TYR:CG	0.52	2.40	1	1
1:A:57:VAL:HG23	1:A:58:GLY:N	0.52	2.20	3	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:99:LEU:CD2	1:A:132:LYS:HG3	0.52	2.35	18	3
1:A:7:VAL:O	1:A:46:CYS:SG	0.52	2.68	6	8
1:A:13:ARG:HA	1:A:16:TYR:CD1	0.52	2.40	11	6
1:A:68:PHE:CD2	1:A:68:PHE:C	0.52	2.78	7	2
1:A:38:PHE:CZ	1:A:49:VAL:HG22	0.52	2.40	13	1
1:A:151:LYS:C	1:A:152:LEU:HD13	0.52	2.24	7	2
1:A:8:ALA:CB	1:A:10:GLU:OE1	0.52	2.58	7	1
1:A:94:SER:O	1:A:96:LYS:N	0.52	2.43	12	5
1:A:126:LYS:CB	1:A:127:LYS:HE2	0.52	2.35	10	2
1:A:3:SER:CB	1:A:119:SER:HB3	0.52	2.34	4	3
1:A:90:GLU:HA	1:A:94:SER:O	0.52	2.04	2	2
1:A:90:GLU:CA	1:A:94:SER:O	0.52	2.58	16	2
1:A:93:GLU:OE2	1:A:96:LYS:NZ	0.52	2.42	15	1
1:A:107:GLU:C	1:A:108:LEU:HD12	0.52	2.25	19	1
1:A:131:ILE:CG2	1:A:133:HIS:N	0.52	2.73	7	12
1:A:143:LEU:O	1:A:144:ASN:O	0.52	2.27	5	4
1:A:145:ARG:CG	1:A:160:PHE:CZ	0.52	2.93	14	1
1:A:124:ILE:HG12	1:A:128:PHE:CD2	0.52	2.39	2	4
1:A:29:ILE:HG22	1:A:32:ARG:CB	0.52	2.34	19	1
1:A:84:LEU:CD1	1:A:128:PHE:CE2	0.52	2.93	2	6
1:A:150:GLU:O	1:A:154:GLY:N	0.52	2.43	18	10
1:A:72:VAL:CG2	1:A:73:GLY:N	0.52	2.73	6	6
1:A:46:CYS:C	1:A:47:ILE:O	0.52	2.48	15	5
1:A:40:LEU:HB2	1:A:45:LYS:O	0.52	2.04	5	1
1:A:98:GLU:O	1:A:99:LEU:HG	0.52	2.05	5	1
1:A:64:ILE:O	1:A:65:THR:HG23	0.52	2.04	7	3
1:A:90:GLU:HG2	1:A:95:ARG:CA	0.52	2.35	6	7
1:A:135:CYS:SG	1:A:151:LYS:CD	0.52	2.98	10	2
1:A:40:LEU:HD13	1:A:44:LYS:HG3	0.52	1.82	10	1
1:A:41:SER:HA	1:A:48:ILE:HG13	0.52	1.82	10	3
1:A:10:GLU:HB3	1:A:14:ILE:CD1	0.52	2.34	18	1
1:A:30:LYS:CB	1:A:58:GLY:HA2	0.52	2.33	18	1
1:A:132:LYS:HD3	1:A:132:LYS:N	0.52	2.20	6	1
1:A:91:THR:O	1:A:94:SER:N	0.52	2.43	6	13
1:A:56:LEU:O	1:A:57:VAL:CB	0.52	2.58	13	7
1:A:81:ARG:CZ	1:A:117:TYR:CB	0.52	2.88	7	1
1:A:39:CYS:SG	1:A:50:GLU:CB	0.52	2.98	7	2
1:A:76:PRO:O	1:A:77:GLU:HG2	0.52	2.04	7	2
1:A:41:SER:HA	1:A:48:ILE:HG12	0.52	1.81	6	1
1:A:34:LYS:O	1:A:57:VAL:HG12	0.52	2.05	12	2
1:A:51:GLU:HG3	1:A:53:LYS:CG	0.52	2.35	17	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:38:PHE:CE2	1:A:82:TYR:O	0.52	2.62	12	1
1:A:18:MET:HE2	1:A:34:LYS:O	0.51	2.05	20	1
1:A:30:LYS:CG	1:A:58:GLY:HA3	0.51	2.34	13	1
1:A:40:LEU:O	1:A:48:ILE:CB	0.51	2.55	7	1
1:A:93:GLU:OE1	1:A:93:GLU:CA	0.51	2.58	7	2
1:A:59:ASP:O	1:A:62:VAL:N	0.51	2.43	19	3
1:A:105:ALA:CB	1:A:138:ASN:CG	0.51	2.78	4	2
1:A:84:LEU:CG	1:A:128:PHE:CZ	0.51	2.94	19	4
1:A:40:LEU:C	1:A:48:ILE:CD1	0.51	2.79	2	1
1:A:37:ILE:HG13	1:A:53:LYS:CB	0.51	2.35	12	1
1:A:98:GLU:OE2	1:A:132:LYS:HB2	0.51	2.06	20	1
1:A:44:LYS:O	1:A:45:LYS:HG3	0.51	2.06	15	12
1:A:53:LYS:HE2	1:A:74:MET:O	0.51	2.06	12	13
1:A:30:LYS:HD2	1:A:58:GLY:CA	0.51	2.35	5	1
1:A:36:VAL:O	1:A:83:ALA:CA	0.51	2.59	7	4
1:A:40:LEU:CA	1:A:48:ILE:HG22	0.51	2.35	9	2
1:A:6:GLN:NE2	1:A:46:CYS:N	0.51	2.58	2	2
1:A:79:ASP:HB2	1:A:81:ARG:NE	0.51	2.21	2	2
1:A:105:ALA:HB3	1:A:138:ASN:CG	0.51	2.25	4	2
1:A:38:PHE:HA	1:A:49:VAL:O	0.51	2.04	8	1
1:A:34:LYS:HG3	1:A:57:VAL:CG1	0.51	2.35	15	2
1:A:77:GLU:CB	1:A:108:LEU:HD23	0.51	2.36	9	2
1:A:91:THR:OG1	1:A:92:LYS:N	0.51	2.44	6	19
1:A:149:ALA:O	1:A:153:GLY:N	0.51	2.43	7	1
1:A:56:LEU:CD2	1:A:59:ASP:OD2	0.51	2.56	7	1
1:A:133:HIS:HB3	1:A:151:LYS:CE	0.51	2.36	17	3
1:A:89:PHE:O	1:A:89:PHE:CD1	0.51	2.63	15	1
1:A:101:PHE:CD2	1:A:103:LEU:HD21	0.51	2.41	20	3
1:A:39:CYS:SG	1:A:81:ARG:NH1	0.51	2.83	20	2
1:A:91:THR:CA	1:A:157:ILE:CA	0.51	2.88	6	20
1:A:11:VAL:CG2	1:A:47:ILE:CG2	0.51	2.88	3	3
1:A:75:LEU:O	1:A:75:LEU:CD1	0.51	2.56	15	2
1:A:33:LYS:C	1:A:34:LYS:CG	0.51	2.78	18	2
1:A:90:GLU:CG	1:A:95:ARG:CA	0.51	2.88	17	3
1:A:41:SER:O	1:A:44:LYS:N	0.51	2.44	8	1
1:A:54:GLU:OE2	1:A:56:LEU:HD11	0.51	2.06	19	1
1:A:102:PHE:CD1	1:A:143:LEU:HG	0.51	2.40	9	1
1:A:126:LYS:O	1:A:127:LYS:CE	0.51	2.59	20	3
1:A:160:PHE:N	1:A:164:PRO:HG2	0.51	2.20	12	19
1:A:5:VAL:CG2	1:A:120:SER:OG	0.51	2.59	3	2
1:A:29:ILE:O	1:A:34:LYS:HE3	0.51	2.06	15	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:121:LYS:O	1:A:125:LYS:HB2	0.51	2.05	15	4
1:A:14:ILE:CD1	1:A:38:PHE:CD2	0.51	2.92	6	1
1:A:48:ILE:O	1:A:49:VAL:CG2	0.51	2.59	15	1
1:A:53:LYS:NZ	1:A:76:PRO:CD	0.51	2.74	15	1
1:A:7:VAL:CG2	1:A:7:VAL:O	0.51	2.59	19	2
1:A:113:SER:O	1:A:114:LYS:CD	0.51	2.59	1	1
1:A:99:LEU:C	1:A:100:MET:CG	0.51	2.78	9	16
1:A:41:SER:CB	1:A:45:LYS:O	0.51	2.58	9	3
1:A:39:CYS:CA	1:A:117:TYR:OH	0.51	2.59	5	3
1:A:125:LYS:HA	1:A:128:PHE:HB2	0.51	1.82	14	8
1:A:40:LEU:O	1:A:41:SER:HB2	0.51	2.06	7	5
1:A:40:LEU:CD1	1:A:117:TYR:CE1	0.51	2.93	2	2
1:A:33:LYS:HA	1:A:56:LEU:HD23	0.51	1.80	9	2
1:A:40:LEU:N	1:A:40:LEU:HD13	0.51	2.20	17	1
1:A:7:VAL:HG22	1:A:124:ILE:HA	0.51	1.82	17	1
1:A:10:GLU:OE2	1:A:49:VAL:HG21	0.51	2.05	12	2
1:A:35:ALA:CB	1:A:85:TYR:HA	0.51	2.35	20	2
1:A:99:LEU:C	1:A:100:MET:HG3	0.51	2.25	20	20
1:A:93:GLU:O	1:A:94:SER:OG	0.51	2.29	18	17
1:A:103:LEU:CD1	1:A:121:LYS:HE3	0.51	2.33	18	3
1:A:11:VAL:HG23	1:A:127:LYS:CB	0.51	2.36	4	2
1:A:71:PHE:HB2	1:A:74:MET:HE2	0.51	1.82	13	6
1:A:81:ARG:HD2	1:A:117:TYR:CB	0.51	2.36	13	1
1:A:90:GLU:CG	1:A:95:ARG:HD3	0.51	2.35	13	2
1:A:141:GLU:O	1:A:144:ASN:CB	0.51	2.59	8	7
1:A:53:LYS:HE2	1:A:75:LEU:CA	0.51	2.36	1	2
1:A:51:GLU:CG	1:A:52:GLY:N	0.51	2.72	7	4
1:A:72:VAL:HG23	1:A:73:GLY:N	0.51	2.20	6	1
1:A:38:PHE:CE2	1:A:47:ILE:HG12	0.51	2.41	15	1
1:A:30:LYS:CG	1:A:31:LYS:HG3	0.51	2.36	11	1
1:A:39:CYS:SG	1:A:40:LEU:N	0.51	2.83	12	1
1:A:44:LYS:O	1:A:45:LYS:HB2	0.51	2.05	17	6
1:A:81:ARG:O	1:A:104:TRP:HB3	0.51	2.06	17	7
1:A:153:GLY:CA	1:A:161:GLU:HG3	0.51	2.36	9	13
1:A:68:PHE:CZ	1:A:143:LEU:HB3	0.51	2.41	13	2
1:A:128:PHE:HB3	1:A:131:ILE:CG1	0.51	2.35	10	3
1:A:7:VAL:HG21	1:A:127:LYS:HG3	0.51	1.82	1	2
1:A:82:TYR:CD1	1:A:103:LEU:HD22	0.51	2.41	17	2
1:A:32:ARG:CG	1:A:32:ARG:NH1	0.51	2.73	11	1
1:A:90:GLU:OE2	1:A:95:ARG:CD	0.51	2.59	9	1
1:A:122:ASP:HA	1:A:125:LYS:HE2	0.51	1.83	12	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:100:MET:O	1:A:101:PHE:C	0.51	2.49	20	3
1:A:98:GLU:HG3	1:A:132:LYS:CB	0.51	2.36	20	1
1:A:112:LYS:CE	1:A:113:SER:HB3	0.51	2.36	13	6
1:A:6:GLN:HG2	1:A:46:CYS:SG	0.51	2.45	16	7
1:A:103:LEU:HG	1:A:121:LYS:CE	0.51	2.36	12	2
1:A:5:VAL:HG12	1:A:7:VAL:H	0.51	1.66	7	4
1:A:109:ALA:N	1:A:110:PRO:CD	0.51	2.73	19	2
1:A:5:VAL:HG13	1:A:45:LYS:C	0.51	2.22	4	1
1:A:14:ILE:O	1:A:17:ASP:HB2	0.51	2.06	10	2
1:A:92:LYS:CD	1:A:156:LEU:HB3	0.51	2.36	18	2
1:A:35:ALA:CB	1:A:55:ILE:O	0.51	2.54	18	2
1:A:14:ILE:HG21	1:A:38:PHE:HE2	0.51	1.64	6	1
1:A:29:ILE:HG22	1:A:32:ARG:HB2	0.51	1.81	19	1
1:A:60:VAL:HG12	1:A:66:ASP:CA	0.51	2.36	19	2
1:A:114:LYS:O	1:A:118:ALA:CB	0.51	2.53	11	1
1:A:60:VAL:HG12	1:A:66:ASP:N	0.51	2.20	17	1
1:A:7:VAL:O	1:A:46:CYS:HB3	0.51	2.05	17	7
1:A:51:GLU:HG3	1:A:52:GLY:N	0.51	2.21	7	6
1:A:54:GLU:O	1:A:54:GLU:CG	0.51	2.58	3	2
1:A:103:LEU:CB	1:A:136:GLN:CG	0.51	2.89	4	2
1:A:76:PRO:O	1:A:77:GLU:CG	0.51	2.59	1	2
1:A:9:ASP:OD1	1:A:9:ASP:N	0.51	2.44	11	2
1:A:17:ASP:OD2	1:A:33:LYS:CE	0.51	2.59	18	1
1:A:30:LYS:HB3	1:A:57:VAL:CG2	0.51	2.36	8	2
1:A:133:HIS:CG	1:A:151:LYS:HD3	0.51	2.41	2	4
1:A:39:CYS:N	1:A:48:ILE:HB	0.51	2.21	2	1
1:A:54:GLU:HG2	1:A:55:ILE:N	0.51	2.20	8	3
1:A:112:LYS:HA	1:A:112:LYS:HE2	0.51	1.82	19	1
1:A:30:LYS:CG	1:A:31:LYS:N	0.51	2.73	1	2
1:A:18:MET:HG2	1:A:99:LEU:CD1	0.50	2.36	20	2
1:A:117:TYR:HA	1:A:120:SER:CB	0.50	2.36	12	15
1:A:76:PRO:HB2	1:A:78:LYS:CD	0.50	2.37	16	5
1:A:112:LYS:HE3	1:A:113:SER:CA	0.50	2.36	3	1
1:A:111:LEU:O	1:A:115:MET:HG3	0.50	2.06	8	10
1:A:81:ARG:HD3	1:A:82:TYR:CE1	0.50	2.41	13	1
1:A:89:PHE:O	1:A:89:PHE:CG	0.50	2.64	14	2
1:A:37:ILE:HG23	1:A:81:ARG:HD2	0.50	1.81	11	1
1:A:145:ARG:HD3	1:A:165:VAL:CG2	0.50	2.36	20	2
1:A:121:LYS:HA	1:A:124:ILE:CG2	0.50	2.36	5	13
1:A:38:PHE:HB3	1:A:48:ILE:C	0.50	2.27	12	4
1:A:32:ARG:HD2	1:A:32:ARG:N	0.50	2.21	13	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:104:TRP:HE3	1:A:104:TRP:HA	0.50	1.66	15	10
1:A:69:LYS:CA	1:A:72:VAL:CG2	0.50	2.89	7	1
1:A:81:ARG:HA	1:A:104:TRP:HB3	0.50	1.83	4	2
1:A:93:GLU:HG2	1:A:96:LYS:CE	0.50	2.35	19	3
1:A:112:LYS:N	1:A:112:LYS:HE3	0.50	2.20	4	1
1:A:152:LEU:N	1:A:152:LEU:CD1	0.50	2.68	18	1
1:A:38:PHE:CB	1:A:47:ILE:O	0.50	2.59	18	1
1:A:47:ILE:HG22	1:A:48:ILE:N	0.50	2.20	2	1
1:A:53:LYS:O	1:A:54:GLU:OE1	0.50	2.29	11	4
1:A:38:PHE:CD2	1:A:47:ILE:HG12	0.50	2.41	15	1
1:A:148:ILE:CG2	1:A:152:LEU:HD11	0.50	2.35	17	1
1:A:34:LYS:CG	1:A:57:VAL:CG1	0.50	2.89	17	1
1:A:40:LEU:O	1:A:41:SER:OG	0.50	2.28	1	1
1:A:10:GLU:CD	1:A:49:VAL:HG12	0.50	2.26	5	1
1:A:104:TRP:CE3	1:A:143:LEU:HD11	0.50	2.41	13	6
1:A:161:GLU:OE2	1:A:161:GLU:O	0.50	2.29	13	3
1:A:17:ASP:OD2	1:A:33:LYS:NZ	0.50	2.45	7	1
1:A:112:LYS:HA	1:A:112:LYS:HE3	0.50	1.83	14	1
1:A:153:GLY:CA	1:A:161:GLU:HB2	0.50	2.37	16	8
1:A:18:MET:CG	1:A:99:LEU:HG	0.50	2.35	4	1
1:A:68:PHE:CE2	1:A:102:PHE:CZ	0.50	3.00	19	1
1:A:75:LEU:HD12	1:A:143:LEU:HD21	0.50	1.83	19	1
1:A:49:VAL:O	1:A:49:VAL:CG1	0.50	2.56	12	2
1:A:129:GLN:OE1	1:A:129:GLN:CA	0.50	2.59	9	1
1:A:93:GLU:O	1:A:94:SER:HB2	0.50	2.07	13	20
1:A:17:ASP:C	1:A:18:MET:CG	0.50	2.78	1	2
1:A:78:LYS:O	1:A:78:LYS:HG2	0.50	2.06	7	8
1:A:71:PHE:CD2	1:A:74:MET:HE3	0.50	2.42	8	5
1:A:126:LYS:CB	1:A:127:LYS:HE3	0.50	2.36	14	4
1:A:112:LYS:HE3	1:A:113:SER:CB	0.50	2.36	18	3
1:A:76:PRO:C	1:A:77:GLU:CG	0.50	2.79	1	2
1:A:103:LEU:HD21	1:A:121:LYS:NZ	0.50	2.21	14	2
1:A:38:PHE:C	1:A:39:CYS:SG	0.50	2.90	1	3
1:A:78:LYS:C	1:A:78:LYS:CD	0.50	2.80	15	1
1:A:99:LEU:HD21	1:A:131:ILE:O	0.50	2.07	11	1
1:A:14:ILE:HG12	1:A:38:PHE:CE1	0.50	2.41	20	2
1:A:39:CYS:O	1:A:39:CYS:SG	0.50	2.68	11	3
1:A:101:PHE:CG	1:A:131:ILE:HG13	0.50	2.41	11	5
1:A:103:LEU:O	1:A:104:TRP:C	0.50	2.50	17	15
1:A:102:PHE:CE2	1:A:143:LEU:CD1	0.50	2.92	7	1
1:A:72:VAL:CG1	1:A:143:LEU:HB2	0.50	2.35	7	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:5:VAL:CG1	1:A:46:CYS:C	0.50	2.80	7	2
1:A:38:PHE:HB3	1:A:48:ILE:H	0.50	1.66	7	1
1:A:82:TYR:CD2	1:A:103:LEU:HD12	0.50	2.41	2	1
1:A:89:PHE:O	1:A:96:LYS:O	0.50	2.29	16	2
1:A:51:GLU:HG2	1:A:81:ARG:NE	0.50	2.22	6	1
1:A:82:TYR:CE1	1:A:103:LEU:CG	0.50	2.95	19	1
1:A:51:GLU:CB	1:A:81:ARG:NH2	0.50	2.75	19	1
1:A:54:GLU:OE1	1:A:54:GLU:O	0.50	2.30	11	1
1:A:7:VAL:HG12	1:A:123:ALA:CB	0.50	2.31	12	1
1:A:14:ILE:CG1	1:A:38:PHE:CZ	0.50	2.95	20	1
1:A:143:LEU:N	1:A:143:LEU:HD13	0.50	2.20	7	1
1:A:127:LYS:HD2	1:A:127:LYS:N	0.50	2.21	4	1
1:A:113:SER:O	1:A:113:SER:OG	0.50	2.24	1	2
1:A:81:ARG:O	1:A:103:LEU:HA	0.50	2.07	10	1
1:A:47:ILE:O	1:A:48:ILE:HG22	0.50	2.06	10	1
1:A:34:LYS:O	1:A:36:VAL:CG2	0.50	2.58	16	1
1:A:69:LYS:CA	1:A:72:VAL:HG13	0.50	2.37	16	1
1:A:80:CYS:CA	1:A:117:TYR:OH	0.50	2.59	11	1
1:A:99:LEU:O	1:A:132:LYS:HG2	0.50	2.07	20	1
1:A:95:ARG:HG3	1:A:95:ARG:O	0.50	2.06	20	2
1:A:57:VAL:O	1:A:60:VAL:HB	0.50	2.07	18	10
1:A:137:ALA:HA	1:A:142:ASP:HB2	0.50	1.83	4	11
1:A:29:ILE:HD12	1:A:32:ARG:HD3	0.50	1.84	5	1
1:A:112:LYS:HE2	1:A:112:LYS:HA	0.50	1.83	9	2
1:A:147:CYS:O	1:A:150:GLU:HB3	0.50	2.06	4	7
1:A:37:ILE:CG2	1:A:80:CYS:HB2	0.50	2.37	1	3
1:A:36:VAL:HG12	1:A:54:GLU:HB2	0.50	1.83	1	3
1:A:103:LEU:CD2	1:A:121:LYS:CD	0.50	2.88	19	2
1:A:71:PHE:CA	1:A:74:MET:HE3	0.50	2.37	16	1
1:A:112:LYS:CE	1:A:112:LYS:C	0.50	2.80	17	1
1:A:80:CYS:SG	1:A:113:SER:OG	0.50	2.70	9	2
1:A:5:VAL:HG12	1:A:116:ILE:CG2	0.50	2.32	5	1
1:A:40:LEU:O	1:A:46:CYS:N	0.50	2.45	18	1
1:A:55:ILE:CD1	1:A:74:MET:CE	0.50	2.89	18	1
1:A:87:ALA:O	1:A:98:GLU:N	0.50	2.45	2	2
1:A:90:GLU:CG	1:A:95:ARG:HB2	0.50	2.36	1	3
1:A:93:GLU:HG3	1:A:96:LYS:CG	0.50	2.36	12	1
1:A:99:LEU:HD23	1:A:132:LYS:CG	0.50	2.26	20	1
1:A:160:PHE:H	1:A:164:PRO:HG2	0.50	1.67	2	19
1:A:55:ILE:HG13	1:A:74:MET:CE	0.50	2.37	9	7
1:A:162:GLY:N	1:A:165:VAL:OXT	0.50	2.45	3	9

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:75:LEU:C	1:A:104:TRP:NE1	0.50	2.66	19	4
1:A:7:VAL:HA	1:A:47:ILE:N	0.50	2.22	3	4
1:A:76:PRO:O	1:A:104:TRP:CE2	0.50	2.65	17	5
1:A:81:ARG:HA	1:A:117:TYR:OH	0.50	2.06	19	4
1:A:51:GLU:HB2	1:A:81:ARG:CZ	0.50	2.37	17	1
1:A:15:PHE:CE1	1:A:130:GLY:HA3	0.49	2.42	20	1
1:A:69:LYS:O	1:A:70:HIS:C	0.49	2.50	20	4
1:A:104:TRP:HA	1:A:104:TRP:HE3	0.49	1.67	10	7
1:A:11:VAL:HB	1:A:47:ILE:CG2	0.49	2.37	3	2
1:A:155:SER:O	1:A:156:LEU:HB2	0.49	2.06	13	2
1:A:7:VAL:CG2	1:A:123:ALA:C	0.49	2.80	17	2
1:A:100:MET:O	1:A:102:PHE:CD2	0.49	2.65	14	1
1:A:132:LYS:N	1:A:132:LYS:HD3	0.49	2.22	10	3
1:A:82:TYR:CE1	1:A:103:LEU:CD1	0.49	2.95	19	2
1:A:68:PHE:CD2	1:A:72:VAL:HG12	0.49	2.42	16	1
1:A:104:TRP:CE3	1:A:137:ALA:O	0.49	2.64	11	2
1:A:81:ARG:CZ	1:A:83:ALA:CB	0.49	2.90	11	1
1:A:99:LEU:CG	1:A:132:LYS:HG3	0.49	2.36	17	1
1:A:104:TRP:CE3	1:A:143:LEU:HD21	0.49	2.42	9	1
1:A:11:VAL:HG22	1:A:128:PHE:HE1	0.49	1.62	9	1
1:A:69:LYS:HD3	1:A:70:HIS:N	0.49	2.22	1	2
1:A:50:GLU:CG	1:A:50:GLU:O	0.49	2.60	12	1
1:A:161:GLU:C	1:A:165:VAL:OXT	0.49	2.50	19	20
1:A:75:LEU:HB3	1:A:104:TRP:CG	0.49	2.43	3	8
1:A:116:ILE:O	1:A:120:SER:OG	0.49	2.30	5	3
1:A:55:ILE:CG2	1:A:57:VAL:H	0.49	2.19	15	9
1:A:106:PRO:O	1:A:110:PRO:HD2	0.49	2.07	19	2
1:A:131:ILE:HG21	1:A:134:GLU:N	0.49	2.22	4	4
1:A:17:ASP:HB3	1:A:34:LYS:HB3	0.49	1.83	10	1
1:A:53:LYS:HZ2	1:A:74:MET:HB3	0.49	1.67	10	1
1:A:51:GLU:CD	1:A:81:ARG:CZ	0.49	2.80	6	1
1:A:11:VAL:HG23	1:A:14:ILE:HD12	0.49	1.84	17	1
1:A:10:GLU:CG	1:A:14:ILE:CD1	0.49	2.83	12	1
1:A:37:ILE:HG13	1:A:53:LYS:HB2	0.49	1.84	12	1
1:A:18:MET:CB	1:A:99:LEU:HB3	0.49	2.38	11	4
1:A:68:PHE:CE2	1:A:143:LEU:CB	0.49	2.96	14	3
1:A:37:ILE:CG2	1:A:81:ARG:HG3	0.49	2.37	14	1
1:A:89:PHE:CE1	1:A:98:GLU:HB3	0.49	2.42	8	3
1:A:83:ALA:O	1:A:102:PHE:N	0.49	2.45	2	1
1:A:68:PHE:HB2	1:A:85:TYR:CE2	0.49	2.42	19	1
1:A:105:ALA:O	1:A:138:ASN:OD1	0.49	2.31	17	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:60:VAL:HA	1:A:64:ILE:CG1	0.49	2.38	17	5
1:A:7:VAL:CG2	1:A:11:VAL:CG1	0.49	2.91	3	2
1:A:145:ARG:HD3	1:A:160:PHE:CE1	0.49	2.42	3	1
1:A:85:TYR:O	1:A:86:ASP:C	0.49	2.50	12	9
1:A:53:LYS:HE2	1:A:74:MET:C	0.49	2.28	1	2
1:A:152:LEU:HB3	1:A:157:ILE:CG2	0.49	2.35	7	2
1:A:3:SER:O	1:A:3:SER:OG	0.49	2.30	2	4
1:A:55:ILE:CG1	1:A:74:MET:HE1	0.49	2.35	14	1
1:A:51:GLU:OE1	1:A:79:ASP:HB2	0.49	2.08	14	1
1:A:50:GLU:O	1:A:51:GLU:OE1	0.49	2.30	18	1
1:A:79:ASP:O	1:A:110:PRO:HD2	0.49	2.08	2	1
1:A:56:LEU:CD2	1:A:56:LEU:O	0.49	2.60	16	1
1:A:79:ASP:OD1	1:A:81:ARG:NH2	0.49	2.46	16	1
1:A:83:ALA:C	1:A:84:LEU:CD1	0.49	2.81	16	1
1:A:112:LYS:CA	1:A:112:LYS:HE2	0.49	2.37	19	1
1:A:99:LEU:HD21	1:A:132:LYS:HG3	0.49	1.85	17	1
1:A:51:GLU:OE1	1:A:81:ARG:NH1	0.49	2.45	17	1
1:A:128:PHE:O	1:A:131:ILE:HG13	0.49	2.07	20	1
1:A:7:VAL:HG12	1:A:8:ALA:N	0.49	2.22	5	3
1:A:89:PHE:CD1	1:A:89:PHE:O	0.49	2.65	5	2
1:A:103:LEU:CD2	1:A:136:GLN:HB2	0.49	2.38	5	3
1:A:57:VAL:CG2	1:A:86:ASP:HB2	0.49	2.36	11	2
1:A:68:PHE:CE1	1:A:144:ASN:CA	0.49	2.95	7	1
1:A:40:LEU:HG	1:A:45:LYS:O	0.49	2.06	7	4
1:A:99:LEU:H	1:A:99:LEU:HD13	0.49	1.68	14	1
1:A:18:MET:CE	1:A:35:ALA:HA	0.49	2.37	9	3
1:A:51:GLU:CD	1:A:81:ARG:NH2	0.49	2.65	6	1
1:A:80:CYS:C	1:A:81:ARG:HG2	0.49	2.27	9	1
1:A:104:TRP:CE3	1:A:104:TRP:CA	0.49	2.96	10	5
1:A:33:LYS:O	1:A:34:LYS:HD2	0.49	2.08	5	2
1:A:5:VAL:CG1	1:A:120:SER:CB	0.49	2.90	5	1
1:A:18:MET:C	1:A:99:LEU:HD23	0.49	2.27	13	2
1:A:82:TYR:OH	1:A:121:LYS:CD	0.49	2.60	1	3
1:A:7:VAL:HG12	1:A:9:ASP:H	0.49	1.68	17	5
1:A:35:ALA:HB1	1:A:55:ILE:HB	0.49	1.83	7	2
1:A:29:ILE:HG23	1:A:57:VAL:CG2	0.49	2.38	14	1
1:A:147:CYS:O	1:A:150:GLU:CB	0.49	2.61	18	2
1:A:112:LYS:NZ	1:A:113:SER:HB2	0.49	2.23	10	1
1:A:87:ALA:CB	1:A:97:GLU:OE1	0.49	2.59	10	1
1:A:164:PRO:O	1:A:165:VAL:HG13	0.49	2.07	16	1
1:A:77:GLU:HB2	1:A:108:LEU:CD1	0.49	2.38	17	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:148:ILE:O	1:A:152:LEU:CG	0.49	2.61	11	3
1:A:7:VAL:CG2	1:A:123:ALA:HB1	0.49	2.37	8	1
1:A:80:CYS:SG	1:A:80:CYS:O	0.49	2.71	6	1
1:A:82:TYR:CE2	1:A:117:TYR:HB2	0.49	2.43	11	1
1:A:124:ILE:CG1	1:A:128:PHE:CE2	0.49	2.95	12	1
1:A:145:ARG:CD	1:A:165:VAL:CG2	0.49	2.88	20	2
1:A:30:LYS:HB2	1:A:57:VAL:CG2	0.49	2.34	20	2
1:A:34:LYS:HG3	1:A:56:LEU:O	0.49	2.08	20	1
1:A:80:CYS:SG	1:A:104:TRP:O	0.49	2.70	3	2
1:A:98:GLU:O	1:A:98:GLU:HG2	0.49	2.08	19	6
1:A:90:GLU:HG3	1:A:95:ARG:CB	0.49	2.37	5	3
1:A:33:LYS:CG	1:A:54:GLU:OE2	0.49	2.61	14	1
1:A:81:ARG:O	1:A:103:LEU:CA	0.49	2.60	10	1
1:A:56:LEU:HD13	1:A:59:ASP:H	0.49	1.68	16	1
1:A:6:GLN:NE2	1:A:45:LYS:HG2	0.49	2.21	8	1
1:A:112:LYS:HE3	1:A:112:LYS:HA	0.49	1.85	19	1
1:A:68:PHE:CD1	1:A:68:PHE:C	0.49	2.80	20	2
1:A:103:LEU:HD22	1:A:135:CYS:C	0.49	2.28	3	2
1:A:133:HIS:CD2	1:A:151:LYS:HB3	0.49	2.42	7	2
1:A:72:VAL:HA	1:A:75:LEU:CD1	0.49	2.38	11	4
1:A:40:LEU:HD21	1:A:117:TYR:CE1	0.49	2.43	4	1
1:A:75:LEU:CD1	1:A:143:LEU:HD21	0.49	2.38	18	2
1:A:109:ALA:HB3	1:A:114:LYS:HE3	0.49	1.85	6	1
1:A:18:MET:HG3	1:A:86:ASP:HA	0.49	1.84	6	1
1:A:80:CYS:HB3	1:A:105:ALA:HA	0.49	1.82	9	1
1:A:38:PHE:C	1:A:81:ARG:NH1	0.49	2.66	20	1
1:A:98:GLU:C	1:A:99:LEU:HG	0.49	2.29	5	1
1:A:30:LYS:HB2	1:A:58:GLY:HA3	0.49	1.83	2	4
1:A:79:ASP:C	1:A:81:ARG:HD3	0.49	2.28	14	1
1:A:106:PRO:HB2	1:A:108:LEU:CD2	0.49	2.38	11	2
1:A:39:CYS:H	1:A:48:ILE:CB	0.49	2.21	2	1
1:A:79:ASP:HB2	1:A:81:ARG:CG	0.49	2.38	2	1
1:A:13:ARG:CD	1:A:13:ARG:O	0.49	2.61	16	1
1:A:37:ILE:O	1:A:53:LYS:HG3	0.49	2.08	16	1
1:A:39:CYS:HB3	1:A:81:ARG:HD2	0.49	1.84	8	1
1:A:137:ALA:HB3	1:A:143:LEU:HD21	0.49	1.84	20	1
1:A:3:SER:HB3	1:A:115:MET:O	0.49	2.06	19	2
1:A:72:VAL:O	1:A:75:LEU:HG	0.49	2.08	12	2
1:A:81:ARG:NE	1:A:113:SER:O	0.49	2.46	4	1
1:A:10:GLU:HG3	1:A:14:ILE:CD1	0.49	2.38	16	3
1:A:110:PRO:O	1:A:111:LEU:HB2	0.49	2.08	19	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:125:LYS:CA	1:A:125:LYS:HE2	0.49	2.38	11	1
1:A:7:VAL:HG11	1:A:123:ALA:HB1	0.49	1.82	9	1
1:A:80:CYS:HA	1:A:104:TRP:CD1	0.49	2.43	9	1
1:A:111:LEU:CD2	1:A:111:LEU:N	0.49	2.76	12	1
1:A:4:GLY:O	1:A:5:VAL:C	0.48	2.51	10	12
1:A:155:SER:C	1:A:156:LEU:CD2	0.48	2.81	5	8
1:A:12:CYS:O	1:A:16:TYR:HB2	0.48	2.07	16	3
1:A:90:GLU:HA	1:A:95:ARG:CA	0.48	2.38	16	5
1:A:13:ARG:C	1:A:13:ARG:CD	0.48	2.81	13	1
1:A:89:PHE:CE1	1:A:152:LEU:HG	0.48	2.42	7	1
1:A:48:ILE:HG23	1:A:50:GLU:N	0.48	2.23	19	2
1:A:82:TYR:CD1	1:A:82:TYR:N	0.48	2.79	4	1
1:A:40:LEU:HA	1:A:46:CYS:C	0.48	2.28	18	2
1:A:79:ASP:HB2	1:A:81:ARG:CZ	0.48	2.37	6	2
1:A:87:ALA:O	1:A:97:GLU:CD	0.48	2.52	12	2
1:A:84:LEU:HD22	1:A:99:LEU:HD11	0.48	1.84	12	1
1:A:127:LYS:CE	1:A:127:LYS:HA	0.48	2.37	20	1
1:A:5:VAL:C	1:A:6:GLN:HG3	0.48	2.26	4	5
1:A:14:ILE:HG22	1:A:18:MET:SD	0.48	2.49	8	2
1:A:6:GLN:HB2	1:A:46:CYS:SG	0.48	2.48	19	3
1:A:57:VAL:O	1:A:60:VAL:CB	0.48	2.61	17	1
1:A:11:VAL:HG23	1:A:12:CYS:N	0.48	2.23	12	1
1:A:11:VAL:CG1	1:A:14:ILE:HD12	0.48	2.37	20	2
1:A:103:LEU:HG	1:A:136:GLN:HA	0.48	1.86	15	4
1:A:155:SER:C	1:A:156:LEU:CG	0.48	2.81	15	15
1:A:40:LEU:C	1:A:48:ILE:HG22	0.48	2.29	13	3
1:A:30:LYS:HG3	1:A:31:LYS:N	0.48	2.23	7	2
1:A:78:LYS:HG2	1:A:78:LYS:O	0.48	2.08	4	5
1:A:32:ARG:HB2	1:A:34:LYS:CE	0.48	2.39	3	1
1:A:39:CYS:HB3	1:A:81:ARG:CZ	0.48	2.38	14	1
1:A:104:TRP:CG	1:A:104:TRP:O	0.48	2.61	10	1
1:A:90:GLU:O	1:A:91:THR:HG22	0.48	2.08	2	2
1:A:50:GLU:O	1:A:53:LYS:HG2	0.48	2.08	8	2
1:A:135:CYS:SG	1:A:136:GLN:N	0.48	2.85	8	1
1:A:84:LEU:HD13	1:A:101:PHE:HA	0.48	1.86	8	2
1:A:89:PHE:CZ	1:A:98:GLU:HB3	0.48	2.43	9	2
1:A:29:ILE:O	1:A:32:ARG:N	0.48	2.46	14	2
1:A:16:TYR:CG	1:A:16:TYR:O	0.48	2.65	5	2
1:A:100:MET:SD	1:A:133:HIS:CD2	0.48	3.07	7	8
1:A:37:ILE:CG2	1:A:53:LYS:HD3	0.48	2.38	7	3
1:A:137:ALA:CB	1:A:142:ASP:CB	0.48	2.91	14	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:98:GLU:OE2	1:A:132:LYS:O	0.48	2.32	11	2
1:A:18:MET:HG3	1:A:99:LEU:HG	0.48	1.86	11	3
1:A:104:TRP:CZ2	1:A:106:PRO:HA	0.48	2.43	4	1
1:A:106:PRO:O	1:A:107:GLU:CB	0.48	2.59	4	3
1:A:65:THR:O	1:A:66:ASP:OD1	0.48	2.31	4	1
1:A:121:LYS:HG2	1:A:121:LYS:O	0.48	2.09	10	1
1:A:37:ILE:HB	1:A:53:LYS:HD3	0.48	1.85	10	1
1:A:50:GLU:C	1:A:52:GLY:N	0.48	2.67	6	3
1:A:100:MET:HE1	1:A:148:ILE:CG2	0.48	2.37	1	3
1:A:33:LYS:HA	1:A:56:LEU:HB3	0.48	1.84	8	2
1:A:76:PRO:HD2	1:A:79:ASP:OD1	0.48	2.09	19	1
1:A:5:VAL:HG12	1:A:47:ILE:N	0.48	2.23	11	1
1:A:131:ILE:C	1:A:132:LYS:HG2	0.48	2.29	11	18
1:A:138:ASN:ND2	1:A:138:ASN:N	0.48	2.61	13	2
1:A:131:ILE:C	1:A:132:LYS:CG	0.48	2.80	10	13
1:A:155:SER:C	1:A:156:LEU:HG	0.48	2.28	15	9
1:A:18:MET:HB3	1:A:99:LEU:CG	0.48	2.38	4	1
1:A:74:MET:O	1:A:76:PRO:CD	0.48	2.61	19	2
1:A:41:SER:N	1:A:48:ILE:HG13	0.48	2.24	8	1
1:A:18:MET:SD	1:A:86:ASP:CB	0.48	3.01	6	1
1:A:49:VAL:O	1:A:50:GLU:OE1	0.48	2.30	6	1
1:A:79:ASP:O	1:A:104:TRP:CD1	0.48	2.67	9	2
1:A:113:SER:HG	1:A:117:TYR:HD2	0.48	1.51	20	2
1:A:98:GLU:OE2	1:A:133:HIS:CE1	0.48	2.67	20	1
1:A:35:ALA:C	1:A:36:VAL:HG22	0.48	2.28	15	7
1:A:143:LEU:HA	1:A:148:ILE:HD11	0.48	1.85	3	3
1:A:103:LEU:CD2	1:A:135:CYS:C	0.48	2.82	3	1
1:A:137:ALA:HA	1:A:142:ASP:HB3	0.48	1.84	4	10
1:A:130:GLY:O	1:A:132:LYS:HD3	0.48	2.09	11	5
1:A:11:VAL:HG23	1:A:128:PHE:CE1	0.48	2.44	13	2
1:A:15:PHE:CD2	1:A:16:TYR:CE1	0.48	3.02	7	1
1:A:36:VAL:HA	1:A:54:GLU:CA	0.48	2.38	7	2
1:A:36:VAL:HB	1:A:38:PHE:CZ	0.48	2.44	7	1
1:A:37:ILE:HG21	1:A:81:ARG:HG3	0.48	1.84	14	1
1:A:37:ILE:HG21	1:A:53:LYS:NZ	0.48	2.24	18	2
1:A:13:ARG:HA	1:A:16:TYR:CD2	0.48	2.43	10	2
1:A:134:GLU:O	1:A:134:GLU:CG	0.48	2.60	8	4
1:A:95:ARG:O	1:A:96:LYS:HG3	0.48	2.08	17	3
1:A:11:VAL:CG1	1:A:127:LYS:HG3	0.48	2.38	2	1
1:A:90:GLU:HB3	1:A:95:ARG:N	0.48	2.23	2	2
1:A:39:CYS:CB	1:A:81:ARG:HG3	0.48	2.39	16	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:15:PHE:O	1:A:17:ASP:O	0.48	2.31	6	1
1:A:95:ARG:O	1:A:95:ARG:HG3	0.48	2.07	17	2
1:A:11:VAL:HG13	1:A:12:CYS:N	0.48	2.24	9	1
1:A:18:MET:HG3	1:A:86:ASP:CB	0.48	2.38	12	1
1:A:101:PHE:CE2	1:A:121:LYS:HG2	0.48	2.43	20	2
1:A:98:GLU:HG3	1:A:132:LYS:HB2	0.48	1.84	20	1
1:A:47:ILE:C	1:A:48:ILE:HD12	0.48	2.24	5	1
1:A:41:SER:OG	1:A:42:ALA:N	0.48	2.47	6	2
1:A:98:GLU:HG2	1:A:98:GLU:O	0.48	2.09	4	8
1:A:129:GLN:HA	1:A:129:GLN:OE1	0.48	2.09	9	2
1:A:82:TYR:OH	1:A:117:TYR:O	0.48	2.32	18	4
1:A:92:LYS:CE	1:A:157:ILE:O	0.48	2.61	6	1
1:A:37:ILE:HD11	1:A:53:LYS:HB2	0.48	1.86	19	1
1:A:111:LEU:O	1:A:112:LYS:HB2	0.48	2.07	11	1
1:A:134:GLU:O	1:A:134:GLU:HG2	0.48	2.08	9	8
1:A:80:CYS:HB3	1:A:113:SER:CB	0.48	2.39	5	2
1:A:40:LEU:CD1	1:A:44:LYS:HG3	0.48	2.39	5	4
1:A:104:TRP:CA	1:A:104:TRP:CE3	0.48	2.97	4	3
1:A:149:ALA:HB1	1:A:161:GLU:N	0.48	2.24	19	3
1:A:66:ASP:OD1	1:A:88:SER:OG	0.48	2.32	2	1
1:A:35:ALA:HA	1:A:84:LEU:O	0.48	2.09	19	4
1:A:37:ILE:C	1:A:38:PHE:CD2	0.48	2.87	6	1
1:A:107:GLU:OE2	1:A:138:ASN:O	0.48	2.31	15	1
1:A:81:ARG:HG3	1:A:104:TRP:HB3	0.48	1.83	11	1
1:A:98:GLU:OE2	1:A:132:LYS:HB3	0.48	2.08	20	4
1:A:112:LYS:O	1:A:116:ILE:HG13	0.48	2.09	3	4
1:A:80:CYS:HB3	1:A:113:SER:HB3	0.48	1.86	5	1
1:A:6:GLN:HG3	1:A:46:CYS:SG	0.48	2.49	1	4
1:A:68:PHE:CE1	1:A:145:ARG:CG	0.48	2.97	2	5
1:A:37:ILE:CG2	1:A:53:LYS:HZ3	0.48	2.21	18	1
1:A:15:PHE:CD2	1:A:130:GLY:O	0.48	2.67	8	1
1:A:40:LEU:CD2	1:A:46:CYS:O	0.48	2.56	8	1
1:A:90:GLU:HA	1:A:95:ARG:N	0.48	2.24	8	1
1:A:93:GLU:CD	1:A:96:LYS:HE2	0.48	2.29	8	1
1:A:10:GLU:OE2	1:A:49:VAL:HB	0.48	2.09	17	1
1:A:102:PHE:CE1	1:A:143:LEU:HB3	0.48	2.44	17	1
1:A:18:MET:SD	1:A:34:LYS:C	0.48	2.92	12	1
1:A:144:ASN:CB	1:A:147:CYS:HB2	0.48	2.39	20	3
1:A:33:LYS:O	1:A:34:LYS:CB	0.48	2.60	3	1
1:A:54:GLU:O	1:A:74:MET:SD	0.48	2.71	14	5
1:A:38:PHE:HA	1:A:49:VAL:HA	0.48	1.85	19	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:68:PHE:O	1:A:70:HIS:N	0.48	2.47	7	2
1:A:69:LYS:HG2	1:A:70:HIS:N	0.48	2.24	10	1
1:A:10:GLU:CB	1:A:14:ILE:HD11	0.48	2.39	18	1
1:A:35:ALA:HB1	1:A:85:TYR:CD1	0.48	2.42	18	3
1:A:56:LEU:CD1	1:A:56:LEU:C	0.48	2.82	6	1
1:A:38:PHE:CE2	1:A:82:TYR:HB2	0.48	2.44	9	2
1:A:86:ASP:O	1:A:86:ASP:CG	0.48	2.51	1	1
1:A:109:ALA:CB	1:A:110:PRO:HD2	0.47	2.36	17	8
1:A:72:VAL:O	1:A:75:LEU:HB2	0.47	2.09	18	5
1:A:13:ARG:CZ	1:A:17:ASP:OD2	0.47	2.62	13	1
1:A:83:ALA:O	1:A:102:PHE:HB2	0.47	2.09	2	3
1:A:80:CYS:C	1:A:81:ARG:CD	0.47	2.82	14	1
1:A:67:PRO:CG	1:A:69:LYS:HE2	0.47	2.38	10	1
1:A:40:LEU:CD1	1:A:41:SER:N	0.47	2.76	18	1
1:A:40:LEU:HB3	1:A:44:LYS:CA	0.47	2.38	2	2
1:A:48:ILE:CG2	1:A:49:VAL:H	0.47	2.22	2	1
1:A:59:ASP:O	1:A:64:ILE:HG13	0.47	2.09	17	3
1:A:37:ILE:HG12	1:A:71:PHE:CE2	0.47	2.43	16	1
1:A:10:GLU:CG	1:A:38:PHE:CZ	0.47	2.97	8	1
1:A:38:PHE:HA	1:A:49:VAL:CA	0.47	2.39	19	1
1:A:79:ASP:O	1:A:79:ASP:CG	0.47	2.52	19	1
1:A:16:TYR:CD1	1:A:16:TYR:O	0.47	2.67	20	1
1:A:108:LEU:CD2	1:A:108:LEU:O	0.47	2.55	3	1
1:A:29:ILE:HG23	1:A:34:LYS:CD	0.47	2.39	15	3
1:A:51:GLU:OE2	1:A:51:GLU:O	0.47	2.32	9	2
1:A:3:SER:OG	1:A:115:MET:O	0.47	2.30	4	3
1:A:47:ILE:O	1:A:47:ILE:CG2	0.47	2.60	5	1
1:A:149:ALA:O	1:A:161:GLU:HG2	0.47	2.08	6	5
1:A:151:LYS:CE	1:A:151:LYS:HA	0.47	2.38	7	1
1:A:114:LYS:CD	1:A:115:MET:HG2	0.47	2.38	2	2
1:A:151:LYS:N	1:A:151:LYS:HD2	0.47	2.23	18	2
1:A:18:MET:HB3	1:A:99:LEU:HB3	0.47	1.84	4	1
1:A:99:LEU:HD12	1:A:100:MET:CA	0.47	2.40	12	2
1:A:68:PHE:CD1	1:A:145:ARG:HG2	0.47	2.45	8	3
1:A:56:LEU:CD2	1:A:56:LEU:C	0.47	2.82	16	1
1:A:86:ASP:OD1	1:A:97:GLU:CD	0.47	2.53	1	2
1:A:3:SER:C	1:A:120:SER:OG	0.47	2.52	11	1
1:A:80:CYS:HB3	1:A:113:SER:O	0.47	2.09	11	1
1:A:10:GLU:CG	1:A:38:PHE:CE2	0.47	2.97	8	2
1:A:134:GLU:HG2	1:A:134:GLU:O	0.47	2.09	11	4
1:A:94:SER:O	1:A:95:ARG:C	0.47	2.51	18	11

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:40:LEU:O	1:A:47:ILE:O	0.47	2.32	14	1
1:A:82:TYR:HB3	1:A:124:ILE:HD13	0.47	1.86	18	1
1:A:34:LYS:HD3	1:A:57:VAL:CG1	0.47	2.38	18	1
1:A:33:LYS:N	1:A:56:LEU:CD2	0.47	2.77	16	1
1:A:93:GLU:CD	1:A:96:LYS:CE	0.47	2.82	8	1
1:A:130:GLY:O	1:A:132:LYS:HD2	0.47	2.09	17	2
1:A:34:LYS:HE3	1:A:57:VAL:HG21	0.47	1.86	6	1
1:A:82:TYR:CE2	1:A:121:LYS:HB2	0.47	2.44	11	1
1:A:46:CYS:HB2	1:A:48:ILE:CD1	0.47	2.39	1	1
1:A:35:ALA:CA	1:A:85:TYR:HA	0.47	2.38	20	3
1:A:94:SER:O	1:A:96:LYS:HG2	0.47	2.09	7	8
1:A:48:ILE:HG22	1:A:48:ILE:O	0.47	2.09	5	1
1:A:71:PHE:CB	1:A:74:MET:HE2	0.47	2.39	5	4
1:A:7:VAL:HG21	1:A:123:ALA:C	0.47	2.29	7	1
1:A:104:TRP:CH2	1:A:106:PRO:HA	0.47	2.45	4	1
1:A:97:GLU:OE1	1:A:98:GLU:N	0.47	2.48	10	1
1:A:82:TYR:CD2	1:A:101:PHE:CZ	0.47	3.02	2	1
1:A:82:TYR:CE1	1:A:103:LEU:HA	0.47	2.45	6	3
1:A:111:LEU:HA	1:A:114:LYS:CD	0.47	2.39	9	3
1:A:78:LYS:O	1:A:79:ASP:OD1	0.47	2.33	9	5
1:A:76:PRO:HG2	1:A:79:ASP:OD2	0.47	2.10	5	2
1:A:34:LYS:O	1:A:86:ASP:HB2	0.47	2.08	12	3
1:A:54:GLU:O	1:A:54:GLU:OE2	0.47	2.32	6	4
1:A:54:GLU:C	1:A:74:MET:SD	0.47	2.93	4	2
1:A:39:CYS:SG	1:A:50:GLU:HB2	0.47	2.49	1	2
1:A:53:LYS:HB2	1:A:53:LYS:NZ	0.47	2.24	14	2
1:A:3:SER:HB2	1:A:119:SER:HB3	0.47	1.86	4	2
1:A:68:PHE:O	1:A:69:LYS:C	0.47	2.52	16	2
1:A:52:GLY:O	1:A:53:LYS:O	0.47	2.31	10	1
1:A:48:ILE:O	1:A:48:ILE:CG2	0.47	2.58	18	2
1:A:39:CYS:H	1:A:48:ILE:CG2	0.47	2.21	6	1
1:A:6:GLN:CB	1:A:46:CYS:SG	0.47	3.03	19	1
1:A:132:LYS:C	1:A:133:HIS:CG	0.47	2.87	20	1
1:A:91:THR:C	1:A:93:GLU:N	0.47	2.68	5	18
1:A:11:VAL:C	1:A:13:ARG:N	0.47	2.67	1	2
1:A:57:VAL:HA	1:A:60:VAL:CG2	0.47	2.39	3	1
1:A:38:PHE:O	1:A:82:TYR:N	0.47	2.47	5	1
1:A:100:MET:HB3	1:A:133:HIS:CB	0.47	2.40	7	4
1:A:39:CYS:HB2	1:A:50:GLU:HB2	0.47	1.86	7	1
1:A:87:ALA:O	1:A:97:GLU:OE2	0.47	2.33	15	2
1:A:40:LEU:O	1:A:48:ILE:CG2	0.47	2.62	12	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:105:ALA:HB3	1:A:138:ASN:HA	0.47	1.87	10	1
1:A:54:GLU:CD	1:A:54:GLU:O	0.47	2.53	10	1
1:A:99:LEU:HG	1:A:132:LYS:CG	0.47	2.39	2	1
1:A:90:GLU:C	1:A:91:THR:CG2	0.47	2.78	2	2
1:A:90:GLU:H	1:A:159:ALA:HB3	0.47	1.68	15	1
1:A:38:PHE:CE2	1:A:124:ILE:HD11	0.47	2.45	17	1
1:A:66:ASP:OD1	1:A:66:ASP:O	0.47	2.32	9	1
1:A:80:CYS:HB3	1:A:106:PRO:CD	0.47	2.38	9	1
1:A:16:TYR:C	1:A:16:TYR:CD2	0.47	2.82	20	1
1:A:81:ARG:NH1	1:A:81:ARG:HB3	0.47	2.25	20	1
1:A:4:GLY:O	1:A:45:LYS:HA	0.47	2.09	5	1
1:A:101:PHE:CD1	1:A:128:PHE:HE2	0.47	2.27	15	3
1:A:69:LYS:C	1:A:72:VAL:HG23	0.47	2.30	4	3
1:A:91:THR:OG1	1:A:156:LEU:O	0.47	2.32	14	2
1:A:126:LYS:HB2	1:A:127:LYS:HE3	0.47	1.86	14	2
1:A:18:MET:HG3	1:A:99:LEU:HB3	0.47	1.86	14	2
1:A:14:ILE:O	1:A:17:ASP:N	0.47	2.48	4	1
1:A:17:ASP:HB3	1:A:34:LYS:CB	0.47	2.40	10	1
1:A:33:LYS:CG	1:A:54:GLU:HG3	0.47	2.39	10	1
1:A:8:ALA:O	1:A:11:VAL:HG22	0.47	2.09	18	1
1:A:13:ARG:HD2	1:A:16:TYR:CE1	0.47	2.45	18	1
1:A:37:ILE:O	1:A:50:GLU:CB	0.47	2.62	2	1
1:A:3:SER:OG	1:A:119:SER:CB	0.47	2.63	2	1
1:A:7:VAL:HG21	1:A:11:VAL:HG11	0.47	1.85	2	1
1:A:17:ASP:O	1:A:18:MET:HB2	0.47	2.09	16	1
1:A:111:LEU:HD12	1:A:115:MET:SD	0.47	2.49	8	1
1:A:3:SER:CA	1:A:116:ILE:HG12	0.47	2.40	8	1
1:A:30:LYS:HG2	1:A:31:LYS:N	0.47	2.25	11	2
1:A:39:CYS:SG	1:A:51:GLU:HB3	0.47	2.50	9	1
1:A:37:ILE:HG13	1:A:71:PHE:CE2	0.47	2.44	1	1
1:A:18:MET:CE	1:A:86:ASP:N	0.47	2.78	13	2
1:A:149:ALA:O	1:A:161:GLU:HB2	0.47	2.08	7	2
1:A:17:ASP:HB2	1:A:18:MET:SD	0.47	2.50	1	2
1:A:12:CYS:O	1:A:12:CYS:SG	0.47	2.73	15	3
1:A:72:VAL:HA	1:A:75:LEU:HD21	0.47	1.86	4	2
1:A:18:MET:CG	1:A:86:ASP:HA	0.47	2.39	6	2
1:A:13:ARG:O	1:A:17:ASP:CG	0.47	2.53	18	2
1:A:5:VAL:CA	1:A:45:LYS:O	0.47	2.62	18	1
1:A:97:GLU:O	1:A:97:GLU:HG2	0.47	2.10	2	3
1:A:84:LEU:CD1	1:A:101:PHE:HA	0.47	2.40	15	3
1:A:37:ILE:HA	1:A:82:TYR:O	0.47	2.10	6	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:7:VAL:HG12	1:A:8:ALA:H	0.47	1.70	20	1
1:A:40:LEU:CD2	1:A:47:ILE:HA	0.47	2.40	9	2
1:A:42:ALA:O	1:A:43:ASP:HB3	0.47	2.08	18	6
1:A:99:LEU:HD11	1:A:131:ILE:O	0.47	2.09	5	1
1:A:12:CYS:SG	1:A:12:CYS:O	0.47	2.73	13	3
1:A:3:SER:OG	1:A:3:SER:O	0.47	2.28	14	1
1:A:81:ARG:HG2	1:A:104:TRP:O	0.47	2.10	1	2
1:A:81:ARG:O	1:A:103:LEU:C	0.47	2.54	10	1
1:A:53:LYS:CE	1:A:53:LYS:HA	0.47	2.39	10	1
1:A:33:LYS:O	1:A:33:LYS:HG2	0.47	2.09	16	3
1:A:39:CYS:C	1:A:40:LEU:HG	0.47	2.30	16	2
1:A:5:VAL:CG1	1:A:40:LEU:CD2	0.47	2.86	8	1
1:A:15:PHE:CG	1:A:16:TYR:N	0.47	2.81	6	1
1:A:39:CYS:CB	1:A:81:ARG:HG2	0.47	2.40	6	2
1:A:99:LEU:CD1	1:A:132:LYS:HG2	0.47	2.40	1	1
1:A:50:GLU:HG2	1:A:50:GLU:O	0.47	2.10	12	1
1:A:60:VAL:HA	1:A:64:ILE:HG13	0.47	1.87	15	9
1:A:80:CYS:CB	1:A:113:SER:HG	0.47	2.22	3	2
1:A:134:GLU:CD	1:A:134:GLU:O	0.47	2.53	18	4
1:A:101:PHE:HB2	1:A:131:ILE:CG1	0.47	2.40	13	8
1:A:34:LYS:HD2	1:A:57:VAL:CG2	0.47	2.40	2	2
1:A:101:PHE:CE2	1:A:103:LEU:HD11	0.47	2.45	8	3
1:A:5:VAL:CG2	1:A:120:SER:HB3	0.47	2.37	7	1
1:A:93:GLU:HA	1:A:93:GLU:OE1	0.47	2.10	12	2
1:A:99:LEU:O	1:A:132:LYS:HB2	0.47	2.10	10	5
1:A:101:PHE:CE1	1:A:128:PHE:HE2	0.47	2.28	2	2
1:A:79:ASP:HB2	1:A:81:ARG:HG3	0.47	1.87	2	1
1:A:66:ASP:OD2	1:A:88:SER:O	0.47	2.33	2	2
1:A:18:MET:HG2	1:A:99:LEU:HD13	0.47	1.87	2	1
1:A:39:CYS:N	1:A:48:ILE:HG22	0.47	2.25	6	1
1:A:149:ALA:O	1:A:161:GLU:HG3	0.46	2.09	19	9
1:A:69:LYS:HE3	1:A:70:HIS:N	0.46	2.25	3	1
1:A:90:GLU:HG3	1:A:95:ARG:CA	0.46	2.40	11	5
1:A:79:ASP:O	1:A:80:CYS:HB3	0.46	2.10	1	3
1:A:54:GLU:O	1:A:54:GLU:HG2	0.46	2.09	14	5
1:A:5:VAL:HG23	1:A:7:VAL:H	0.46	1.69	18	2
1:A:7:VAL:HG23	1:A:11:VAL:CG2	0.46	2.40	18	1
1:A:84:LEU:HD21	1:A:101:PHE:CD1	0.46	2.44	8	2
1:A:58:GLY:C	1:A:60:VAL:N	0.46	2.67	15	2
1:A:6:GLN:HG2	1:A:46:CYS:CA	0.46	2.39	9	1
1:A:40:LEU:HB2	1:A:44:LYS:CD	0.46	2.40	12	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:117:TYR:O	1:A:118:ALA:C	0.46	2.53	17	11
1:A:53:LYS:HE2	1:A:74:MET:CA	0.46	2.41	2	4
1:A:29:ILE:C	1:A:31:LYS:N	0.46	2.69	3	2
1:A:56:LEU:O	1:A:57:VAL:C	0.46	2.53	16	3
1:A:5:VAL:CG1	1:A:120:SER:OG	0.46	2.63	5	1
1:A:99:LEU:HG	1:A:132:LYS:HG3	0.46	1.85	9	8
1:A:89:PHE:CZ	1:A:96:LYS:O	0.46	2.68	7	1
1:A:136:GLN:CG	1:A:137:ALA:N	0.46	2.78	14	5
1:A:15:PHE:CZ	1:A:16:TYR:CE1	0.46	3.03	10	1
1:A:152:LEU:N	1:A:152:LEU:HD22	0.46	2.21	18	1
1:A:148:ILE:HB	1:A:160:PHE:CE1	0.46	2.45	2	1
1:A:11:VAL:CG1	1:A:12:CYS:N	0.46	2.77	6	4
1:A:18:MET:HG2	1:A:99:LEU:HB2	0.46	1.85	6	1
1:A:121:LYS:O	1:A:124:ILE:HG22	0.46	2.11	15	3
1:A:81:ARG:NH1	1:A:83:ALA:N	0.46	2.64	11	1
1:A:104:TRP:CE3	1:A:137:ALA:CB	0.46	2.98	9	1
1:A:53:LYS:HE2	1:A:75:LEU:HA	0.46	1.86	1	1
1:A:98:GLU:O	1:A:100:MET:HG3	0.46	2.10	12	1
1:A:35:ALA:HB2	1:A:85:TYR:CD1	0.46	2.45	20	1
1:A:14:ILE:HG12	1:A:38:PHE:CZ	0.46	2.46	20	1
1:A:149:ALA:HB1	1:A:161:GLU:CA	0.46	2.40	19	7
1:A:80:CYS:O	1:A:81:ARG:HG3	0.46	2.10	19	2
1:A:136:GLN:O	1:A:142:ASP:OD2	0.46	2.34	3	1
1:A:121:LYS:O	1:A:125:LYS:HD2	0.46	2.10	11	3
1:A:80:CYS:HB3	1:A:117:TYR:CE2	0.46	2.45	16	4
1:A:161:GLU:OE1	1:A:161:GLU:HA	0.46	2.08	13	1
1:A:29:ILE:CG2	1:A:57:VAL:HG22	0.46	2.40	14	1
1:A:161:GLU:CD	1:A:161:GLU:O	0.46	2.54	10	6
1:A:101:PHE:CA	1:A:131:ILE:HD12	0.46	2.40	10	1
1:A:86:ASP:HA	1:A:99:LEU:CA	0.46	2.41	2	1
1:A:40:LEU:N	1:A:48:ILE:CG2	0.46	2.78	16	1
1:A:33:LYS:N	1:A:56:LEU:HD23	0.46	2.24	16	2
1:A:38:PHE:O	1:A:39:CYS:HB3	0.46	2.11	6	1
1:A:36:VAL:HG12	1:A:50:GLU:OE1	0.46	2.09	6	1
1:A:30:LYS:CA	1:A:56:LEU:O	0.46	2.64	15	1
1:A:76:PRO:HB2	1:A:78:LYS:CE	0.46	2.40	8	2
1:A:155:SER:O	1:A:156:LEU:CD2	0.46	2.52	3	4
1:A:40:LEU:CA	1:A:48:ILE:HB	0.46	2.39	5	1
1:A:13:ARG:O	1:A:13:ARG:HD2	0.46	2.11	13	1
1:A:160:PHE:O	1:A:165:VAL:C	0.46	2.54	15	9
1:A:15:PHE:CZ	1:A:16:TYR:CD1	0.46	3.02	10	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:133:HIS:HB3	1:A:151:LYS:HD3	0.46	1.87	11	4
1:A:40:LEU:O	1:A:41:SER:HB3	0.46	2.09	18	1
1:A:50:GLU:O	1:A:51:GLU:HG2	0.46	2.10	8	2
1:A:30:LYS:HB2	1:A:58:GLY:HA2	0.46	1.87	11	3
1:A:155:SER:O	1:A:156:LEU:CB	0.46	2.62	19	1
1:A:121:LYS:O	1:A:122:ASP:OD2	0.46	2.34	1	1
1:A:82:TYR:CE1	1:A:117:TYR:CE2	0.46	3.04	12	1
1:A:115:MET:O	1:A:118:ALA:HB3	0.46	2.10	12	2
1:A:54:GLU:HG2	1:A:54:GLU:O	0.46	2.09	3	3
1:A:99:LEU:O	1:A:100:MET:HG2	0.46	2.11	17	10
1:A:80:CYS:SG	1:A:113:SER:O	0.46	2.74	5	2
1:A:77:GLU:O	1:A:106:PRO:HB2	0.46	2.10	11	6
1:A:7:VAL:HA	1:A:47:ILE:HB	0.46	1.88	18	3
1:A:35:ALA:C	1:A:36:VAL:HG13	0.46	2.29	4	4
1:A:105:ALA:CB	1:A:138:ASN:HA	0.46	2.39	10	2
1:A:88:SER:HA	1:A:97:GLU:HB2	0.46	1.87	10	2
1:A:43:ASP:OD1	1:A:43:ASP:O	0.46	2.34	2	1
1:A:66:ASP:H	1:A:67:PRO:CD	0.46	2.24	16	1
1:A:83:ALA:C	1:A:84:LEU:HD13	0.46	2.31	16	1
1:A:135:CYS:O	1:A:136:GLN:HB3	0.46	2.09	8	1
1:A:80:CYS:SG	1:A:106:PRO:HD2	0.46	2.51	17	3
1:A:13:ARG:O	1:A:17:ASP:OD2	0.46	2.32	15	1
1:A:133:HIS:CE1	1:A:151:LYS:HG3	0.46	2.46	19	1
1:A:39:CYS:HB3	1:A:81:ARG:CG	0.46	2.40	9	2
1:A:6:GLN:O	1:A:7:VAL:C	0.46	2.53	9	1
1:A:51:GLU:HB2	1:A:53:LYS:CG	0.46	2.40	12	1
1:A:54:GLU:CG	1:A:54:GLU:O	0.46	2.63	12	1
1:A:126:LYS:O	1:A:127:LYS:HE2	0.46	2.10	18	2
1:A:108:LEU:H	1:A:108:LEU:CD1	0.46	2.23	3	1
1:A:11:VAL:HG21	1:A:47:ILE:CG2	0.46	2.36	3	1
1:A:34:LYS:HB3	1:A:57:VAL:CG1	0.46	2.40	3	1
1:A:38:PHE:HB3	1:A:49:VAL:N	0.46	2.26	5	3
1:A:80:CYS:HB2	1:A:113:SER:HB2	0.46	1.86	2	2
1:A:88:SER:HA	1:A:97:GLU:HG3	0.46	1.87	13	5
1:A:30:LYS:HB3	1:A:58:GLY:HA3	0.46	1.87	13	2
1:A:101:PHE:CB	1:A:131:ILE:CD1	0.46	2.93	7	5
1:A:103:LEU:HG	1:A:136:GLN:CA	0.46	2.41	7	2
1:A:148:ILE:HG22	1:A:160:PHE:CE2	0.46	2.46	18	1
1:A:41:SER:N	1:A:48:ILE:CB	0.46	2.78	18	1
1:A:40:LEU:C	1:A:48:ILE:CG1	0.46	2.84	2	1
1:A:64:ILE:O	1:A:65:THR:CG2	0.46	2.64	17	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:93:GLU:HG3	1:A:96:LYS:HG3	0.46	1.87	12	1
1:A:133:HIS:NE2	1:A:152:LEU:HD21	0.46	2.26	1	3
1:A:37:ILE:HG21	1:A:80:CYS:HB2	0.46	1.88	13	2
1:A:53:LYS:O	1:A:54:GLU:CD	0.46	2.54	13	2
1:A:3:SER:OG	1:A:119:SER:HB2	0.46	2.11	7	1
1:A:60:VAL:O	1:A:60:VAL:CG1	0.46	2.63	14	1
1:A:105:ALA:O	1:A:138:ASN:N	0.46	2.49	4	2
1:A:135:CYS:HB3	1:A:151:LYS:CE	0.46	2.41	10	2
1:A:87:ALA:C	1:A:97:GLU:HB2	0.46	2.31	10	1
1:A:72:VAL:O	1:A:75:LEU:N	0.46	2.49	6	4
1:A:13:ARG:CA	1:A:16:TYR:HB2	0.46	2.41	1	3
1:A:17:ASP:O	1:A:33:LYS:O	0.46	2.34	18	1
1:A:66:ASP:OD1	1:A:88:SER:O	0.46	2.34	15	2
1:A:55:ILE:CD1	1:A:71:PHE:CB	0.46	2.93	16	1
1:A:81:ARG:NH1	1:A:81:ARG:HG3	0.46	2.25	6	1
1:A:37:ILE:CD1	1:A:75:LEU:HB3	0.46	2.40	15	1
1:A:74:MET:C	1:A:75:LEU:HD23	0.46	2.30	19	1
1:A:112:LYS:CA	1:A:116:ILE:HD12	0.46	2.40	11	1
1:A:10:GLU:O	1:A:13:ARG:HG3	0.46	2.11	13	2
1:A:29:ILE:O	1:A:31:LYS:N	0.46	2.49	14	1
1:A:79:ASP:CG	1:A:79:ASP:O	0.46	2.53	14	1
1:A:10:GLU:HG3	1:A:14:ILE:HG13	0.46	1.85	10	1
1:A:37:ILE:HG13	1:A:83:ALA:HB1	0.46	1.88	18	3
1:A:99:LEU:O	1:A:100:MET:HG3	0.46	2.11	18	2
1:A:55:ILE:CD1	1:A:74:MET:HE2	0.46	2.39	18	1
1:A:121:LYS:HE2	1:A:134:GLU:OE2	0.46	2.10	2	1
1:A:31:LYS:HB3	1:A:32:ARG:NH2	0.46	2.26	2	1
1:A:31:LYS:CB	1:A:32:ARG:NH2	0.46	2.79	2	1
1:A:66:ASP:H	1:A:67:PRO:HD2	0.46	1.71	16	1
1:A:145:ARG:NH1	1:A:165:VAL:HG11	0.46	2.26	8	1
1:A:103:LEU:HB2	1:A:136:GLN:CB	0.46	2.40	6	5
1:A:82:TYR:CE2	1:A:121:LYS:CG	0.46	2.97	6	1
1:A:7:VAL:CG2	1:A:123:ALA:O	0.46	2.64	17	1
1:A:34:LYS:HG3	1:A:57:VAL:HG22	0.46	1.88	20	2
1:A:59:ASP:HB2	1:A:64:ILE:HD11	0.46	1.87	20	1
1:A:39:CYS:HB3	1:A:81:ARG:HG2	0.46	1.86	20	3
1:A:108:LEU:O	1:A:109:ALA:C	0.46	2.54	6	13
1:A:68:PHE:CG	1:A:143:LEU:O	0.46	2.69	7	1
1:A:13:ARG:O	1:A:17:ASP:HB2	0.46	2.11	15	3
1:A:124:ILE:CD1	1:A:128:PHE:CE2	0.46	2.98	2	2
1:A:39:CYS:HB3	1:A:81:ARG:HB3	0.46	1.88	2	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:95:ARG:O	1:A:96:LYS:CB	0.46	2.63	16	1
1:A:3:SER:HA	1:A:116:ILE:CA	0.46	2.40	8	1
1:A:36:VAL:CG1	1:A:54:GLU:HB2	0.46	2.40	15	1
1:A:76:PRO:HG2	1:A:79:ASP:OD1	0.46	2.11	19	1
1:A:95:ARG:O	1:A:96:LYS:HG2	0.46	2.11	5	4
1:A:30:LYS:O	1:A:56:LEU:CD1	0.46	2.64	3	1
1:A:84:LEU:HB3	1:A:99:LEU:CD1	0.46	2.41	3	1
1:A:40:LEU:HB3	1:A:45:LYS:O	0.46	2.11	5	1
1:A:90:GLU:HG3	1:A:95:ARG:CD	0.46	2.41	9	2
1:A:68:PHE:HE2	1:A:72:VAL:HG11	0.46	1.61	18	3
1:A:37:ILE:CG2	1:A:81:ARG:CG	0.46	2.94	14	1
1:A:82:TYR:OH	1:A:117:TYR:HB3	0.46	2.11	12	3
1:A:40:LEU:HB2	1:A:44:LYS:HD2	0.46	1.87	8	1
1:A:81:ARG:O	1:A:82:TYR:HD1	0.46	1.93	15	1
1:A:121:LYS:O	1:A:121:LYS:HG2	0.46	2.09	11	1
1:A:104:TRP:CZ3	1:A:137:ALA:HB1	0.46	2.46	9	1
1:A:86:ASP:CG	1:A:97:GLU:OE2	0.46	2.54	12	2
1:A:7:VAL:HG23	1:A:11:VAL:HG13	0.46	1.87	1	1
1:A:35:ALA:CB	1:A:85:TYR:HD1	0.45	2.23	20	4
1:A:53:LYS:HG3	1:A:81:ARG:NH2	0.45	2.27	20	1
1:A:95:ARG:C	1:A:96:LYS:HG2	0.45	2.31	20	3
1:A:51:GLU:HB3	1:A:81:ARG:NH1	0.45	2.26	5	1
1:A:71:PHE:CA	1:A:74:MET:CE	0.45	2.94	13	4
1:A:68:PHE:CE1	1:A:144:ASN:C	0.45	2.89	7	1
1:A:69:LYS:C	1:A:72:VAL:CG2	0.45	2.84	7	1
1:A:37:ILE:CG2	1:A:80:CYS:HB3	0.45	2.40	10	1
1:A:37:ILE:HB	1:A:53:LYS:CD	0.45	2.41	10	1
1:A:37:ILE:HG21	1:A:80:CYS:HB3	0.45	1.86	10	1
1:A:110:PRO:O	1:A:114:LYS:HG3	0.45	2.10	8	3
1:A:7:VAL:C	1:A:46:CYS:HB3	0.45	2.32	16	3
1:A:32:ARG:N	1:A:32:ARG:HD2	0.45	2.26	9	4
1:A:38:PHE:CE1	1:A:124:ILE:HD11	0.45	2.47	2	1
1:A:49:VAL:O	1:A:50:GLU:CD	0.45	2.54	2	1
1:A:50:GLU:O	1:A:53:LYS:HG3	0.45	2.12	8	3
1:A:3:SER:OG	1:A:119:SER:HB3	0.45	2.11	1	2
1:A:40:LEU:N	1:A:48:ILE:HB	0.45	2.26	8	2
1:A:103:LEU:CB	1:A:136:GLN:HG3	0.45	2.40	6	1
1:A:37:ILE:CG1	1:A:53:LYS:HE2	0.45	2.40	11	1
1:A:53:LYS:HE3	1:A:74:MET:O	0.45	2.10	11	1
1:A:50:GLU:OE1	1:A:79:ASP:OD1	0.45	2.34	1	1
1:A:51:GLU:CD	1:A:51:GLU:N	0.45	2.67	12	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:79:ASP:HB3	1:A:81:ARG:NE	0.45	2.27	16	2
1:A:135:CYS:CB	1:A:151:LYS:HE3	0.45	2.41	10	2
1:A:93:GLU:HG2	1:A:96:LYS:HG3	0.45	1.89	8	2
1:A:81:ARG:HD3	1:A:117:TYR:CD2	0.45	2.46	7	1
1:A:109:ALA:N	1:A:110:PRO:HD2	0.45	2.25	19	2
1:A:41:SER:HA	1:A:48:ILE:HB	0.45	1.85	18	1
1:A:33:LYS:H	1:A:56:LEU:CD2	0.45	2.24	16	1
1:A:56:LEU:O	1:A:56:LEU:CD1	0.45	2.62	16	1
1:A:55:ILE:CD1	1:A:85:TYR:CE1	0.45	2.98	16	1
1:A:53:LYS:NZ	1:A:81:ARG:HD3	0.45	2.26	11	1
1:A:84:LEU:CD2	1:A:101:PHE:CA	0.45	2.93	20	2
1:A:30:LYS:CA	1:A:57:VAL:CG2	0.45	2.94	20	2
1:A:103:LEU:CB	1:A:136:GLN:HA	0.45	2.41	15	3
1:A:33:LYS:O	1:A:34:LYS:HB2	0.45	2.11	3	1
1:A:76:PRO:C	1:A:77:GLU:HG3	0.45	2.31	1	2
1:A:148:ILE:CG2	1:A:152:LEU:CD1	0.45	2.93	14	3
1:A:30:LYS:HB2	1:A:58:GLY:H	0.45	1.71	4	1
1:A:122:ASP:O	1:A:126:LYS:HB2	0.45	2.11	12	2
1:A:71:PHE:CE1	1:A:75:LEU:HD23	0.45	2.46	15	1
1:A:111:LEU:O	1:A:115:MET:SD	0.45	2.74	19	1
1:A:38:PHE:CE1	1:A:49:VAL:CB	0.45	2.99	19	1
1:A:44:LYS:HE3	1:A:112:LYS:CD	0.45	2.40	20	1
1:A:108:LEU:HD13	1:A:109:ALA:N	0.45	2.25	3	1
1:A:17:ASP:HB3	1:A:18:MET:SD	0.45	2.51	5	3
1:A:101:PHE:HB2	1:A:131:ILE:CG2	0.45	2.42	14	6
1:A:133:HIS:CD2	1:A:152:LEU:HD11	0.45	2.46	7	2
1:A:152:LEU:HD22	1:A:152:LEU:N	0.45	2.25	7	1
1:A:110:PRO:HB3	1:A:113:SER:CB	0.45	2.41	14	2
1:A:40:LEU:O	1:A:46:CYS:C	0.45	2.55	18	1
1:A:6:GLN:HG2	1:A:46:CYS:N	0.45	2.26	8	2
1:A:68:PHE:CB	1:A:85:TYR:CE2	0.45	2.99	19	1
1:A:112:LYS:HE2	1:A:113:SER:OG	0.45	2.12	12	1
1:A:82:TYR:CZ	1:A:117:TYR:CG	0.45	3.04	12	1
1:A:18:MET:HE3	1:A:84:LEU:O	0.45	2.12	12	1
1:A:7:VAL:HG23	1:A:8:ALA:H	0.45	1.68	12	1
1:A:112:LYS:HE2	1:A:113:SER:HB3	0.45	1.88	20	4
1:A:163:CYS:SG	1:A:164:PRO:HD3	0.45	2.52	16	8
1:A:91:THR:HG22	1:A:94:SER:O	0.45	2.11	14	7
1:A:76:PRO:O	1:A:104:TRP:NE1	0.45	2.50	3	4
1:A:5:VAL:HA	1:A:45:LYS:HA	0.45	1.89	5	1
1:A:141:GLU:HG3	1:A:141:GLU:O	0.45	2.12	17	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:57:VAL:HG23	1:A:86:ASP:CB	0.45	2.41	13	1
1:A:18:MET:HE1	1:A:35:ALA:CA	0.45	2.40	14	2
1:A:17:ASP:CG	1:A:34:LYS:HA	0.45	2.32	10	1
1:A:93:GLU:OE1	1:A:93:GLU:HA	0.45	2.11	18	1
1:A:51:GLU:O	1:A:51:GLU:OE2	0.45	2.35	16	1
1:A:49:VAL:HG12	1:A:50:GLU:CG	0.45	2.27	8	1
1:A:13:ARG:HA	1:A:16:TYR:CG	0.45	2.47	19	1
1:A:57:VAL:HG22	1:A:86:ASP:HB3	0.45	1.87	11	1
1:A:81:ARG:CZ	1:A:83:ALA:HB2	0.45	2.41	11	1
1:A:77:GLU:HB2	1:A:108:LEU:HD13	0.45	1.87	17	1
1:A:64:ILE:C	1:A:65:THR:HG23	0.45	2.31	17	1
1:A:17:ASP:O	1:A:34:LYS:HB3	0.45	2.12	12	1
1:A:42:ALA:O	1:A:43:ASP:HB2	0.45	2.12	20	4
1:A:56:LEU:H	1:A:56:LEU:HD12	0.45	1.70	8	2
1:A:85:TYR:O	1:A:99:LEU:HA	0.45	2.11	17	8
1:A:131:ILE:O	1:A:132:LYS:CG	0.45	2.64	10	14
1:A:106:PRO:O	1:A:108:LEU:N	0.45	2.49	13	1
1:A:145:ARG:CB	1:A:160:PHE:CE1	0.45	3.00	7	1
1:A:40:LEU:CD2	1:A:44:LYS:HG3	0.45	2.41	7	1
1:A:15:PHE:CD1	1:A:130:GLY:O	0.45	2.70	14	2
1:A:87:ALA:C	1:A:97:GLU:OE1	0.45	2.55	10	1
1:A:103:LEU:CG	1:A:121:LYS:HD3	0.45	2.40	2	2
1:A:124:ILE:HG23	1:A:125:LYS:CE	0.45	2.41	16	1
1:A:78:LYS:CD	1:A:79:ASP:OD2	0.45	2.65	17	2
1:A:34:LYS:HG3	1:A:57:VAL:HG13	0.45	1.86	15	1
1:A:38:PHE:CD1	1:A:49:VAL:CB	0.45	2.99	19	1
1:A:121:LYS:O	1:A:125:LYS:HD3	0.45	2.11	17	1
1:A:82:TYR:CE1	1:A:117:TYR:CD2	0.45	3.05	12	1
1:A:93:GLU:CG	1:A:96:LYS:HD3	0.45	2.41	12	1
1:A:40:LEU:CD1	1:A:44:LYS:HD2	0.45	2.41	5	1
1:A:14:ILE:C	1:A:16:TYR:N	0.45	2.68	4	4
1:A:85:TYR:CE2	1:A:86:ASP:O	0.45	2.70	13	2
1:A:135:CYS:HB2	1:A:151:LYS:HE3	0.45	1.89	12	2
1:A:80:CYS:O	1:A:80:CYS:SG	0.45	2.74	14	1
1:A:18:MET:SD	1:A:99:LEU:CB	0.45	3.05	18	1
1:A:40:LEU:O	1:A:46:CYS:HB2	0.45	2.12	2	2
1:A:101:PHE:CE2	1:A:125:LYS:HE2	0.45	2.47	16	1
1:A:89:PHE:CD1	1:A:89:PHE:N	0.45	2.85	16	2
1:A:89:PHE:HD2	1:A:90:GLU:O	0.45	1.93	16	1
1:A:18:MET:SD	1:A:34:LYS:HB2	0.45	2.52	6	1
1:A:121:LYS:HG2	1:A:125:LYS:HE3	0.45	1.88	11	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:10:GLU:OE2	1:A:49:VAL:CB	0.45	2.65	17	1
1:A:48:ILE:O	1:A:48:ILE:HG23	0.45	2.12	17	1
1:A:8:ALA:C	1:A:9:ASP:OD1	0.45	2.54	12	1
1:A:89:PHE:C	1:A:89:PHE:CD2	0.45	2.89	1	5
1:A:29:ILE:HG13	1:A:34:LYS:HE3	0.45	1.89	14	1
1:A:80:CYS:O	1:A:81:ARG:HD2	0.45	2.11	14	1
1:A:7:VAL:C	1:A:46:CYS:SG	0.45	2.95	9	2
1:A:155:SER:C	1:A:156:LEU:CD1	0.45	2.85	10	6
1:A:141:GLU:O	1:A:141:GLU:HG3	0.45	2.10	10	3
1:A:7:VAL:CG2	1:A:11:VAL:HG21	0.45	2.42	18	1
1:A:131:ILE:HG23	1:A:133:HIS:O	0.45	2.12	16	1
1:A:30:LYS:HB3	1:A:57:VAL:HG22	0.45	1.89	8	1
1:A:113:SER:C	1:A:114:LYS:HG2	0.45	2.32	6	2
1:A:15:PHE:HA	1:A:84:LEU:HD12	0.45	1.89	6	1
1:A:75:LEU:HD23	1:A:75:LEU:N	0.45	2.27	19	1
1:A:85:TYR:CE1	1:A:86:ASP:O	0.45	2.70	19	1
1:A:5:VAL:CG1	1:A:46:CYS:H	0.45	2.25	17	2
1:A:77:GLU:CB	1:A:108:LEU:CD2	0.45	2.95	9	1
1:A:77:GLU:HB2	1:A:108:LEU:HD23	0.45	1.87	1	1
1:A:18:MET:CG	1:A:99:LEU:CB	0.45	2.95	12	1
1:A:126:LYS:O	1:A:129:GLN:CD	0.45	2.55	20	2
1:A:15:PHE:O	1:A:15:PHE:CD1	0.45	2.70	20	1
1:A:36:VAL:O	1:A:83:ALA:HA	0.45	2.11	16	6
1:A:38:PHE:CZ	1:A:49:VAL:HB	0.45	2.47	3	1
1:A:5:VAL:HG11	1:A:120:SER:HB3	0.45	1.89	5	1
1:A:55:ILE:HG23	1:A:56:LEU:H	0.45	1.72	10	3
1:A:38:PHE:HB3	1:A:48:ILE:N	0.45	2.27	7	1
1:A:78:LYS:O	1:A:79:ASP:CG	0.45	2.55	1	2
1:A:35:ALA:O	1:A:54:GLU:HB2	0.45	2.12	17	2
1:A:8:ALA:O	1:A:9:ASP:OD2	0.45	2.35	4	1
1:A:43:ASP:O	1:A:44:LYS:CD	0.45	2.64	8	1
1:A:51:GLU:HG2	1:A:81:ARG:CD	0.45	2.41	6	1
1:A:17:ASP:C	1:A:18:MET:SD	0.45	2.96	12	2
1:A:106:PRO:O	1:A:110:PRO:HG2	0.45	2.10	19	1
1:A:38:PHE:C	1:A:48:ILE:O	0.45	2.55	20	2
1:A:17:ASP:O	1:A:18:MET:C	0.45	2.50	3	3
1:A:3:SER:HB3	1:A:116:ILE:HA	0.45	1.89	5	1
1:A:89:PHE:CD2	1:A:89:PHE:C	0.45	2.90	13	2
1:A:38:PHE:CD1	1:A:38:PHE:N	0.45	2.84	9	3
1:A:102:PHE:CZ	1:A:143:LEU:HD23	0.45	2.47	6	1
1:A:135:CYS:CB	1:A:151:LYS:HZ1	0.45	2.24	6	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:49:VAL:C	1:A:51:GLU:OE2	0.45	2.55	15	1
1:A:29:ILE:HG22	1:A:32:ARG:CG	0.45	2.42	19	1
1:A:43:ASP:OD1	1:A:43:ASP:N	0.44	2.48	20	1
1:A:48:ILE:CG2	1:A:50:GLU:HB2	0.44	2.42	5	2
1:A:89:PHE:CE2	1:A:152:LEU:CD2	0.44	2.99	5	1
1:A:90:GLU:HB2	1:A:159:ALA:CB	0.44	2.41	10	1
1:A:113:SER:OG	1:A:117:TYR:CE2	0.44	2.66	18	1
1:A:39:CYS:SG	1:A:51:GLU:CD	0.44	2.96	11	2
1:A:127:LYS:CA	1:A:127:LYS:HE3	0.44	2.42	16	1
1:A:17:ASP:C	1:A:17:ASP:OD1	0.44	2.56	8	1
1:A:86:ASP:OD1	1:A:97:GLU:CG	0.44	2.65	6	1
1:A:10:GLU:O	1:A:10:GLU:OE1	0.44	2.35	11	2
1:A:4:GLY:CA	1:A:120:SER:OG	0.44	2.66	11	1
1:A:11:VAL:HG12	1:A:12:CYS:N	0.44	2.26	17	1
1:A:100:MET:HG2	1:A:133:HIS:CD2	0.44	2.46	17	1
1:A:17:ASP:O	1:A:34:LYS:HD2	0.44	2.12	17	1
1:A:50:GLU:HG3	1:A:50:GLU:O	0.44	2.12	17	1
1:A:91:THR:HA	1:A:157:ILE:CB	0.44	2.43	6	9
1:A:160:PHE:C	1:A:165:VAL:HG23	0.44	2.31	16	5
1:A:38:PHE:CE2	1:A:49:VAL:HG22	0.44	2.47	13	1
1:A:11:VAL:HG22	1:A:12:CYS:N	0.44	2.27	8	2
1:A:39:CYS:HB3	1:A:50:GLU:CB	0.44	2.43	4	1
1:A:10:GLU:HB3	1:A:14:ILE:CG1	0.44	2.42	18	1
1:A:48:ILE:HD13	1:A:49:VAL:H	0.44	1.62	18	1
1:A:48:ILE:HG22	1:A:49:VAL:N	0.44	2.28	2	1
1:A:90:GLU:CB	1:A:95:ARG:HA	0.44	2.42	2	2
1:A:50:GLU:C	1:A:51:GLU:CG	0.44	2.85	8	1
1:A:56:LEU:HD12	1:A:56:LEU:C	0.44	2.32	6	1
1:A:79:ASP:HB3	1:A:81:ARG:HG3	0.44	1.88	6	1
1:A:136:GLN:HG2	1:A:138:ASN:ND2	0.44	2.27	12	2
1:A:33:LYS:O	1:A:33:LYS:CG	0.44	2.65	17	1
1:A:58:GLY:O	1:A:60:VAL:N	0.44	2.51	17	1
1:A:10:GLU:O	1:A:10:GLU:CD	0.44	2.56	20	2
1:A:60:VAL:CA	1:A:64:ILE:HG13	0.44	2.41	20	4
1:A:35:ALA:HB2	1:A:85:TYR:HD1	0.44	1.71	3	1
1:A:40:LEU:HD11	1:A:44:LYS:HG3	0.44	1.87	5	1
1:A:111:LEU:C	1:A:112:LYS:HE3	0.44	2.33	16	3
1:A:106:PRO:O	1:A:108:LEU:HD12	0.44	2.12	4	1
1:A:32:ARG:N	1:A:32:ARG:CD	0.44	2.80	4	1
1:A:51:GLU:HB2	1:A:53:LYS:NZ	0.44	2.28	4	1
1:A:30:LYS:HB3	1:A:57:VAL:CG1	0.44	2.37	6	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:33:LYS:HA	1:A:56:LEU:CD1	0.44	2.42	19	1
1:A:135:CYS:SG	1:A:151:LYS:HE2	0.44	2.52	1	2
1:A:90:GLU:OE2	1:A:95:ARG:HD3	0.44	2.12	9	1
1:A:13:ARG:O	1:A:16:TYR:HB2	0.44	2.12	1	1
1:A:91:THR:O	1:A:92:LYS:C	0.44	2.55	6	10
1:A:102:PHE:C	1:A:103:LEU:HD13	0.44	2.32	3	2
1:A:68:PHE:O	1:A:72:VAL:HG22	0.44	2.12	7	1
1:A:41:SER:CA	1:A:48:ILE:CB	0.44	2.93	18	1
1:A:57:VAL:HG21	1:A:86:ASP:HB3	0.44	1.88	2	1
1:A:38:PHE:HB3	1:A:47:ILE:O	0.44	2.12	8	1
1:A:38:PHE:CD2	1:A:47:ILE:HG23	0.44	2.47	8	1
1:A:51:GLU:HB3	1:A:81:ARG:CZ	0.44	2.43	19	1
1:A:80:CYS:SG	1:A:117:TYR:OH	0.44	2.71	11	1
1:A:30:LYS:HB2	1:A:58:GLY:N	0.44	2.27	20	1
1:A:60:VAL:N	1:A:64:ILE:HG13	0.44	2.28	20	1
1:A:80:CYS:O	1:A:104:TRP:HD1	0.44	1.95	20	1
1:A:137:ALA:CA	1:A:142:ASP:HB2	0.44	2.42	12	3
1:A:49:VAL:CG1	1:A:49:VAL:O	0.44	2.63	3	1
1:A:3:SER:HB2	1:A:119:SER:HB2	0.44	1.90	13	2
1:A:68:PHE:CD2	1:A:72:VAL:HG22	0.44	2.47	4	1
1:A:98:GLU:O	1:A:99:LEU:C	0.44	2.56	11	2
1:A:122:ASP:HA	1:A:125:LYS:HE3	0.44	1.89	10	1
1:A:51:GLU:HB2	1:A:53:LYS:HD3	0.44	1.88	11	2
1:A:57:VAL:HG21	1:A:86:ASP:CB	0.44	2.43	2	1
1:A:72:VAL:CG1	1:A:143:LEU:HB3	0.44	2.43	19	1
1:A:51:GLU:CB	1:A:81:ARG:CZ	0.44	2.96	17	2
1:A:51:GLU:CB	1:A:53:LYS:HD3	0.44	2.43	11	1
1:A:113:SER:OG	1:A:117:TYR:CD2	0.44	2.70	9	1
1:A:48:ILE:HG23	1:A:49:VAL:C	0.44	2.32	1	1
1:A:110:PRO:HD2	1:A:113:SER:OG	0.44	2.12	12	1
1:A:101:PHE:CD2	1:A:103:LEU:HD11	0.44	2.48	13	2
1:A:68:PHE:CZ	1:A:143:LEU:CB	0.44	3.01	13	1
1:A:40:LEU:HD13	1:A:117:TYR:OH	0.44	2.12	7	1
1:A:86:ASP:OD1	1:A:97:GLU:OE2	0.44	2.36	7	1
1:A:36:VAL:O	1:A:83:ALA:CB	0.44	2.65	10	2
1:A:53:LYS:O	1:A:54:GLU:HG2	0.44	2.13	14	1
1:A:68:PHE:CE1	1:A:145:ARG:CB	0.44	3.01	18	1
1:A:41:SER:CA	1:A:48:ILE:CD1	0.44	2.95	2	1
1:A:104:TRP:CZ3	1:A:143:LEU:HD11	0.44	2.48	16	1
1:A:80:CYS:HB2	1:A:117:TYR:CE2	0.44	2.48	16	1
1:A:11:VAL:CG2	1:A:12:CYS:N	0.44	2.78	8	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:90:GLU:HG3	1:A:95:ARG:HB2	0.44	1.89	11	3
1:A:105:ALA:O	1:A:138:ASN:CG	0.44	2.56	11	2
1:A:75:LEU:HD22	1:A:81:ARG:NE	0.44	2.28	11	1
1:A:17:ASP:O	1:A:34:LYS:HD3	0.44	2.11	17	1
1:A:137:ALA:O	1:A:142:ASP:OD2	0.44	2.35	12	1
1:A:103:LEU:HB3	1:A:121:LYS:HD2	0.44	1.89	20	2
1:A:41:SER:HA	1:A:48:ILE:HG21	0.44	1.89	20	2
1:A:39:CYS:CB	1:A:117:TYR:OH	0.44	2.66	5	1
1:A:30:LYS:HD2	1:A:58:GLY:HA2	0.44	1.87	5	1
1:A:84:LEU:HD21	1:A:101:PHE:CA	0.44	2.43	5	1
1:A:152:LEU:HB3	1:A:157:ILE:HD13	0.44	1.90	14	2
1:A:117:TYR:HA	1:A:120:SER:HB2	0.44	1.89	9	6
1:A:51:GLU:OE1	1:A:79:ASP:CB	0.44	2.66	14	1
1:A:39:CYS:HB2	1:A:80:CYS:HA	0.44	1.90	4	1
1:A:30:LYS:CB	1:A:58:GLY:H	0.44	2.26	15	2
1:A:103:LEU:HB2	1:A:136:GLN:CA	0.44	2.42	6	1
1:A:161:GLU:O	1:A:161:GLU:OE1	0.44	2.36	15	2
1:A:93:GLU:OE2	1:A:96:LYS:HD3	0.44	2.13	15	1
1:A:121:LYS:CG	1:A:125:LYS:HE3	0.44	2.43	11	1
1:A:113:SER:HB3	1:A:117:TYR:CE2	0.44	2.47	17	1
1:A:8:ALA:CB	1:A:47:ILE:O	0.44	2.56	17	1
1:A:41:SER:CA	1:A:48:ILE:HG21	0.44	2.43	20	3
1:A:112:LYS:O	1:A:116:ILE:HG12	0.44	2.13	6	4
1:A:33:LYS:C	1:A:34:LYS:HG2	0.44	2.33	15	2
1:A:29:ILE:N	1:A:32:ARG:HD3	0.44	2.28	3	2
1:A:51:GLU:HB2	1:A:81:ARG:NH1	0.44	2.27	3	1
1:A:131:ILE:HD13	1:A:131:ILE:HA	0.44	1.57	2	5
1:A:44:LYS:O	1:A:45:LYS:HG2	0.44	2.13	5	1
1:A:79:ASP:HB3	1:A:81:ARG:CD	0.44	2.43	5	1
1:A:111:LEU:HA	1:A:114:LYS:HG2	0.44	1.90	7	1
1:A:71:PHE:O	1:A:75:LEU:HG	0.44	2.12	18	3
1:A:66:ASP:CG	1:A:88:SER:OG	0.44	2.56	18	1
1:A:131:ILE:CG2	1:A:134:GLU:N	0.44	2.81	11	2
1:A:68:PHE:CZ	1:A:72:VAL:HG21	0.44	2.48	9	1
1:A:33:LYS:C	1:A:34:LYS:HD2	0.44	2.34	1	1
1:A:82:TYR:HH	1:A:117:TYR:CB	0.44	2.25	12	1
1:A:48:ILE:HD13	1:A:49:VAL:O	0.44	2.13	20	2
1:A:150:GLU:HA	1:A:154:GLY:N	0.44	2.28	14	6
1:A:71:PHE:O	1:A:74:MET:HB2	0.44	2.12	18	9
1:A:88:SER:CA	1:A:97:GLU:HG3	0.44	2.43	5	1
1:A:121:LYS:O	1:A:124:ILE:HG23	0.44	2.11	11	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:161:GLU:O	1:A:161:GLU:CD	0.44	2.56	13	1
1:A:101:PHE:CE2	1:A:121:LYS:HG3	0.44	2.47	2	1
1:A:131:ILE:CG2	1:A:133:HIS:C	0.44	2.86	11	2
1:A:82:TYR:OH	1:A:121:LYS:HG3	0.44	2.13	6	1
1:A:124:ILE:HG12	1:A:128:PHE:CG	0.44	2.48	6	1
1:A:36:VAL:N	1:A:84:LEU:O	0.44	2.51	1	1
1:A:98:GLU:CA	1:A:132:LYS:HG3	0.43	2.43	20	1
1:A:161:GLU:HA	1:A:165:VAL:O	0.43	2.13	5	3
1:A:5:VAL:HA	1:A:45:LYS:C	0.43	2.34	5	1
1:A:29:ILE:O	1:A:30:LYS:C	0.43	2.56	13	2
1:A:152:LEU:CD1	1:A:152:LEU:N	0.43	2.67	7	1
1:A:89:PHE:CZ	1:A:152:LEU:HG	0.43	2.48	7	1
1:A:111:LEU:C	1:A:112:LYS:HE2	0.43	2.33	4	4
1:A:10:GLU:CD	1:A:10:GLU:O	0.43	2.57	4	1
1:A:90:GLU:CA	1:A:95:ARG:HA	0.43	2.43	16	2
1:A:113:SER:OG	1:A:117:TYR:CE1	0.43	2.69	8	1
1:A:137:ALA:HB1	1:A:139:GLY:O	0.43	2.12	8	1
1:A:101:PHE:CD2	1:A:125:LYS:HE3	0.43	2.48	6	1
1:A:62:VAL:HG12	1:A:63:THR:OG1	0.43	2.13	15	1
1:A:111:LEU:O	1:A:112:LYS:HG2	0.43	2.13	11	1
1:A:86:ASP:OD1	1:A:86:ASP:C	0.43	2.56	1	1
1:A:40:LEU:HD22	1:A:45:LYS:N	0.43	2.27	5	1
1:A:122:ASP:CA	1:A:125:LYS:HB2	0.43	2.43	13	4
1:A:91:THR:HB	1:A:157:ILE:CG2	0.43	2.37	18	3
1:A:112:LYS:CA	1:A:112:LYS:HE3	0.43	2.43	14	1
1:A:148:ILE:CG2	1:A:160:PHE:CE2	0.43	3.01	4	3
1:A:78:LYS:O	1:A:79:ASP:HB2	0.43	2.13	18	3
1:A:113:SER:OG	1:A:113:SER:O	0.43	2.35	10	1
1:A:3:SER:CA	1:A:116:ILE:HA	0.43	2.42	18	3
1:A:54:GLU:HG3	1:A:55:ILE:N	0.43	2.27	18	1
1:A:17:ASP:OD1	1:A:33:LYS:O	0.43	2.36	2	1
1:A:50:GLU:O	1:A:51:GLU:C	0.43	2.53	2	1
1:A:34:LYS:O	1:A:35:ALA:C	0.43	2.56	16	1
1:A:8:ALA:C	1:A:10:GLU:H	0.43	2.15	15	2
1:A:18:MET:C	1:A:99:LEU:CD2	0.43	2.87	8	1
1:A:48:ILE:O	1:A:49:VAL:HG23	0.43	2.12	15	1
1:A:85:TYR:O	1:A:85:TYR:CG	0.43	2.71	15	2
1:A:101:PHE:HZ	1:A:124:ILE:HG21	0.43	1.73	19	1
1:A:48:ILE:O	1:A:49:VAL:C	0.43	2.54	19	1
1:A:80:CYS:C	1:A:104:TRP:O	0.43	2.57	19	1
1:A:5:VAL:CG2	1:A:116:ILE:HG22	0.43	2.44	17	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:139:GLY:C	1:A:141:GLU:N	0.43	2.70	9	1
1:A:146:ALA:O	1:A:150:GLU:HG3	0.43	2.12	20	2
1:A:145:ARG:HD2	1:A:165:VAL:CG2	0.43	2.33	3	1
1:A:4:GLY:N	1:A:116:ILE:HG12	0.43	2.29	5	1
1:A:33:LYS:C	1:A:34:LYS:CD	0.43	2.87	5	2
1:A:102:PHE:CE2	1:A:143:LEU:CG	0.43	3.01	7	1
1:A:97:GLU:HG2	1:A:97:GLU:O	0.43	2.13	7	3
1:A:40:LEU:HG	1:A:46:CYS:O	0.43	2.13	14	2
1:A:89:PHE:O	1:A:95:ARG:HA	0.43	2.12	12	2
1:A:39:CYS:C	1:A:48:ILE:CG2	0.43	2.86	14	1
1:A:103:LEU:HD23	1:A:136:GLN:CB	0.43	2.42	2	2
1:A:55:ILE:HD13	1:A:85:TYR:HE1	0.43	1.70	16	1
1:A:29:ILE:O	1:A:34:LYS:HE2	0.43	2.13	1	2
1:A:76:PRO:CD	1:A:79:ASP:OD1	0.43	2.66	19	1
1:A:64:ILE:C	1:A:65:THR:CG2	0.43	2.86	11	2
1:A:29:ILE:N	1:A:32:ARG:HD2	0.43	2.27	1	1
1:A:128:PHE:O	1:A:131:ILE:N	0.43	2.51	12	1
1:A:103:LEU:CD2	1:A:121:LYS:HE3	0.43	2.44	5	1
1:A:110:PRO:HG2	1:A:113:SER:OG	0.43	2.13	5	1
1:A:78:LYS:CD	1:A:78:LYS:C	0.43	2.87	5	1
1:A:71:PHE:CB	1:A:74:MET:CE	0.43	2.97	13	4
1:A:92:LYS:HG2	1:A:157:ILE:O	0.43	2.13	19	4
1:A:133:HIS:NE2	1:A:152:LEU:CG	0.43	2.81	8	2
1:A:5:VAL:HG23	1:A:46:CYS:CA	0.43	2.44	10	1
1:A:67:PRO:HG2	1:A:69:LYS:HE2	0.43	1.90	10	1
1:A:51:GLU:OE2	1:A:81:ARG:HD2	0.43	2.14	2	1
1:A:52:GLY:O	1:A:53:LYS:HE3	0.43	2.13	16	2
1:A:41:SER:HB2	1:A:45:LYS:O	0.43	2.14	10	2
1:A:33:LYS:CD	1:A:33:LYS:O	0.43	2.67	7	1
1:A:38:PHE:CD1	1:A:49:VAL:HG22	0.43	2.49	18	2
1:A:65:THR:O	1:A:66:ASP:CG	0.43	2.56	4	1
1:A:95:ARG:C	1:A:96:LYS:HG3	0.43	2.34	10	1
1:A:37:ILE:O	1:A:49:VAL:C	0.43	2.56	2	1
1:A:57:VAL:CG2	1:A:58:GLY:H	0.43	2.26	16	1
1:A:89:PHE:O	1:A:96:LYS:N	0.43	2.52	16	1
1:A:37:ILE:HD12	1:A:75:LEU:HB3	0.43	1.91	15	1
1:A:37:ILE:HG21	1:A:75:LEU:HD22	0.43	1.90	19	1
1:A:78:LYS:HD2	1:A:79:ASP:N	0.43	2.28	19	1
1:A:110:PRO:O	1:A:111:LEU:O	0.43	2.36	11	1
1:A:33:LYS:HE3	1:A:36:VAL:CG1	0.43	2.42	9	1
1:A:55:ILE:C	1:A:56:LEU:CD1	0.43	2.85	9	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:128:PHE:HB3	1:A:131:ILE:CD1	0.43	2.40	20	1
1:A:31:LYS:O	1:A:32:ARG:NE	0.43	2.51	20	1
1:A:91:THR:CA	1:A:157:ILE:C	0.43	2.85	1	2
1:A:101:PHE:HB2	1:A:131:ILE:HG13	0.43	1.89	11	2
1:A:81:ARG:CZ	1:A:117:TYR:HB2	0.43	2.44	7	1
1:A:81:ARG:CZ	1:A:117:TYR:HB3	0.43	2.43	7	1
1:A:76:PRO:HB2	1:A:78:LYS:HE3	0.43	1.91	4	1
1:A:99:LEU:H	1:A:99:LEU:CD1	0.43	2.24	4	1
1:A:106:PRO:O	1:A:107:GLU:HB3	0.43	2.14	10	1
1:A:10:GLU:O	1:A:10:GLU:HG3	0.43	2.13	10	1
1:A:67:PRO:HG2	1:A:69:LYS:CE	0.43	2.43	10	1
1:A:81:ARG:HB2	1:A:117:TYR:CD2	0.43	2.47	18	3
1:A:15:PHE:O	1:A:18:MET:HB2	0.43	2.13	2	2
1:A:39:CYS:C	1:A:48:ILE:HB	0.43	2.33	2	2
1:A:10:GLU:OE1	1:A:49:VAL:HB	0.43	2.14	2	2
1:A:159:ALA:CA	1:A:164:PRO:HD2	0.43	2.43	8	1
1:A:129:GLN:HA	1:A:129:GLN:NE2	0.43	2.28	19	1
1:A:135:CYS:O	1:A:136:GLN:HB2	0.43	2.13	17	1
1:A:63:THR:O	1:A:63:THR:CG2	0.43	2.66	20	1
1:A:38:PHE:HD2	1:A:48:ILE:CA	0.43	2.26	13	1
1:A:35:ALA:HB3	1:A:55:ILE:CA	0.43	2.44	7	3
1:A:74:MET:C	1:A:76:PRO:HD3	0.43	2.33	18	2
1:A:55:ILE:CD1	1:A:70:HIS:NE2	0.43	2.82	2	2
1:A:93:GLU:OE1	1:A:93:GLU:O	0.43	2.37	16	1
1:A:112:LYS:NZ	1:A:113:SER:HB3	0.43	2.28	17	1
1:A:51:GLU:CD	1:A:51:GLU:C	0.43	2.77	17	1
1:A:78:LYS:HD3	1:A:79:ASP:CG	0.43	2.34	17	1
1:A:57:VAL:HG12	1:A:86:ASP:CB	0.43	2.43	9	2
1:A:40:LEU:CB	1:A:44:LYS:HG3	0.43	2.43	1	1
1:A:45:LYS:C	1:A:46:CYS:SG	0.43	2.97	20	1
1:A:86:ASP:CG	1:A:97:GLU:OE1	0.43	2.57	5	1
1:A:106:PRO:C	1:A:108:LEU:N	0.43	2.72	13	1
1:A:14:ILE:CD1	1:A:38:PHE:HE2	0.43	2.22	7	1
1:A:13:ARG:O	1:A:17:ASP:OD1	0.43	2.37	14	1
1:A:3:SER:C	1:A:5:VAL:N	0.43	2.69	14	1
1:A:103:LEU:CD2	1:A:136:GLN:HG3	0.43	2.38	4	1
1:A:37:ILE:HG21	1:A:80:CYS:SG	0.43	2.53	4	1
1:A:137:ALA:HB1	1:A:143:LEU:HD12	0.43	1.91	1	3
1:A:38:PHE:HA	1:A:49:VAL:H	0.43	1.73	19	1
1:A:111:LEU:C	1:A:112:LYS:HG2	0.43	2.34	11	1
1:A:106:PRO:O	1:A:108:LEU:HG	0.43	2.13	12	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:11:VAL:HG21	1:A:124:ILE:HG13	0.43	1.91	5	1
1:A:127:LYS:CD	1:A:127:LYS:N	0.43	2.82	4	1
1:A:7:VAL:O	1:A:7:VAL:HG22	0.43	2.13	10	2
1:A:10:GLU:C	1:A:14:ILE:CD1	0.43	2.87	18	1
1:A:66:ASP:OD2	1:A:88:SER:CB	0.43	2.67	18	1
1:A:82:TYR:CE2	1:A:120:SER:HB3	0.43	2.49	18	2
1:A:110:PRO:O	1:A:114:LYS:HG2	0.43	2.13	16	2
1:A:29:ILE:HD13	1:A:29:ILE:H	0.43	1.74	16	2
1:A:54:GLU:OE2	1:A:55:ILE:O	0.43	2.37	16	1
1:A:44:LYS:HD3	1:A:44:LYS:N	0.43	2.27	8	1
1:A:107:GLU:CD	1:A:138:ASN:O	0.43	2.57	15	1
1:A:53:LYS:HB3	1:A:74:MET:HB3	0.43	1.91	11	1
1:A:48:ILE:HG23	1:A:50:GLU:CB	0.43	2.44	17	1
1:A:69:LYS:O	1:A:72:VAL:N	0.43	2.52	20	1
1:A:76:PRO:HB2	1:A:78:LYS:HD2	0.43	1.90	3	2
1:A:34:LYS:O	1:A:57:VAL:CG2	0.43	2.66	5	1
1:A:37:ILE:CB	1:A:53:LYS:HD3	0.43	2.43	13	1
1:A:100:MET:SD	1:A:148:ILE:HG23	0.43	2.54	4	2
1:A:34:LYS:CD	1:A:57:VAL:CG1	0.43	2.94	4	1
1:A:29:ILE:C	1:A:34:LYS:CE	0.43	2.87	16	1
1:A:68:PHE:O	1:A:71:PHE:N	0.43	2.52	19	2
1:A:37:ILE:CD1	1:A:53:LYS:CB	0.43	2.95	8	1
1:A:68:PHE:CD1	1:A:145:ARG:HB3	0.43	2.49	8	1
1:A:131:ILE:CG2	1:A:133:HIS:H	0.43	2.27	11	3
1:A:135:CYS:SG	1:A:151:LYS:HE3	0.43	2.54	15	1
1:A:53:LYS:HZ3	1:A:76:PRO:HD2	0.43	1.74	15	1
1:A:102:PHE:HA	1:A:135:CYS:O	0.43	2.13	19	1
1:A:81:ARG:NH1	1:A:102:PHE:O	0.43	2.52	11	1
1:A:41:SER:OG	1:A:45:LYS:O	0.43	2.36	9	1
1:A:3:SER:HB3	1:A:119:SER:HB3	0.42	1.91	14	2
1:A:91:THR:OG1	1:A:93:GLU:HG3	0.42	2.13	17	2
1:A:99:LEU:CD1	1:A:132:LYS:CG	0.42	2.97	5	1
1:A:137:ALA:CB	1:A:143:LEU:HG	0.42	2.42	13	1
1:A:102:PHE:CD2	1:A:143:LEU:HG	0.42	2.49	7	1
1:A:100:MET:HE1	1:A:151:LYS:HG2	0.42	1.91	7	1
1:A:85:TYR:CG	1:A:85:TYR:O	0.42	2.68	7	1
1:A:17:ASP:HB3	1:A:34:LYS:HA	0.42	1.90	4	1
1:A:134:GLU:OE2	1:A:134:GLU:O	0.42	2.37	18	1
1:A:90:GLU:HB2	1:A:159:ALA:HB3	0.42	1.91	18	1
1:A:37:ILE:HG21	1:A:53:LYS:HE3	0.42	1.90	18	1
1:A:51:GLU:HG3	1:A:53:LYS:NZ	0.42	2.28	18	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:82:TYR:C	1:A:102:PHE:O	0.42	2.57	2	1
1:A:59:ASP:C	1:A:64:ILE:HG13	0.42	2.34	2	1
1:A:40:LEU:O	1:A:48:ILE:HD12	0.42	2.14	16	2
1:A:57:VAL:HG11	1:A:86:ASP:HB2	0.42	1.90	16	1
1:A:148:ILE:HB	1:A:160:PHE:CE2	0.42	2.49	1	1
1:A:123:ALA:O	1:A:127:LYS:HG2	0.42	2.13	12	1
1:A:126:LYS:HB3	1:A:127:LYS:HE3	0.42	1.91	5	1
1:A:37:ILE:O	1:A:37:ILE:HG22	0.42	2.12	5	1
1:A:14:ILE:HG21	1:A:84:LEU:HB2	0.42	1.89	13	1
1:A:39:CYS:SG	1:A:50:GLU:HB3	0.42	2.54	7	1
1:A:14:ILE:CB	1:A:84:LEU:HD12	0.42	2.42	11	2
1:A:68:PHE:CD2	1:A:143:LEU:HB3	0.42	2.49	14	1
1:A:3:SER:O	1:A:4:GLY:C	0.42	2.57	14	1
1:A:63:THR:HG22	1:A:63:THR:O	0.42	2.14	14	1
1:A:145:ARG:NH2	1:A:164:PRO:HB2	0.42	2.29	10	1
1:A:51:GLU:OE2	1:A:53:LYS:HE2	0.42	2.14	10	1
1:A:37:ILE:CG1	1:A:53:LYS:HB3	0.42	2.44	16	1
1:A:112:LYS:O	1:A:112:LYS:HE2	0.42	2.14	19	1
1:A:51:GLU:OE2	1:A:53:LYS:HE3	0.42	2.14	17	1
1:A:33:LYS:O	1:A:34:LYS:HG2	0.42	2.15	9	1
1:A:52:GLY:C	1:A:53:LYS:HG2	0.42	2.34	9	1
1:A:7:VAL:CG1	1:A:123:ALA:CB	0.42	2.91	9	1
1:A:104:TRP:CZ3	1:A:137:ALA:O	0.42	2.72	1	1
1:A:40:LEU:HD11	1:A:116:ILE:HD12	0.42	1.90	1	1
1:A:41:SER:HB2	1:A:45:LYS:N	0.42	2.29	1	1
1:A:110:PRO:HB2	1:A:112:LYS:CG	0.42	2.45	12	1
1:A:36:VAL:HA	1:A:54:GLU:HB2	0.42	1.91	6	2
1:A:11:VAL:CB	1:A:47:ILE:CG2	0.42	2.97	3	1
1:A:100:MET:CG	1:A:133:HIS:HB2	0.42	2.44	7	4
1:A:10:GLU:CD	1:A:49:VAL:CG1	0.42	2.88	5	1
1:A:14:ILE:O	1:A:15:PHE:C	0.42	2.57	4	2
1:A:40:LEU:HD12	1:A:46:CYS:O	0.42	2.14	14	1
1:A:99:LEU:HD13	1:A:99:LEU:H	0.42	1.70	4	1
1:A:116:ILE:HG22	1:A:120:SER:OG	0.42	2.14	15	1
1:A:17:ASP:CG	1:A:34:LYS:CD	0.42	2.88	19	1
1:A:81:ARG:NH2	1:A:83:ALA:HB3	0.42	2.29	11	1
1:A:5:VAL:HG13	1:A:46:CYS:N	0.42	2.28	17	1
1:A:67:PRO:O	1:A:68:PHE:HB3	0.42	2.14	5	1
1:A:50:GLU:OE1	1:A:79:ASP:CG	0.42	2.58	7	1
1:A:77:GLU:HA	1:A:106:PRO:HB2	0.42	1.90	4	1
1:A:145:ARG:HB2	1:A:160:PHE:CZ	0.42	2.47	10	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:11:VAL:N	1:A:14:ILE:HD12	0.42	2.30	18	1
1:A:82:TYR:HB3	1:A:124:ILE:CD1	0.42	2.43	18	1
1:A:9:ASP:O	1:A:12:CYS:HB2	0.42	2.15	18	1
1:A:37:ILE:O	1:A:49:VAL:HG13	0.42	2.14	18	1
1:A:31:LYS:O	1:A:32:ARG:CZ	0.42	2.67	2	1
1:A:111:LEU:CA	1:A:114:LYS:HG3	0.42	2.45	8	1
1:A:75:LEU:HD13	1:A:104:TRP:HB2	0.42	1.91	19	1
1:A:30:LYS:HG3	1:A:58:GLY:HA3	0.42	1.91	11	2
1:A:81:ARG:NH1	1:A:83:ALA:HB2	0.42	2.30	11	1
1:A:163:CYS:HB2	1:A:164:PRO:HD3	0.42	1.91	17	2
1:A:37:ILE:HG22	1:A:81:ARG:HB3	0.42	1.92	17	1
1:A:39:CYS:SG	1:A:80:CYS:HA	0.42	2.54	1	1
1:A:29:ILE:C	1:A:32:ARG:HD2	0.42	2.34	13	1
1:A:13:ARG:O	1:A:13:ARG:HD3	0.42	2.14	7	2
1:A:54:GLU:HG3	1:A:55:ILE:O	0.42	2.15	14	1
1:A:80:CYS:C	1:A:81:ARG:HD2	0.42	2.34	14	1
1:A:69:LYS:N	1:A:69:LYS:HE3	0.42	2.29	10	1
1:A:77:GLU:HB2	1:A:108:LEU:HD11	0.42	1.87	6	1
1:A:76:PRO:CG	1:A:78:LYS:HE3	0.42	2.44	19	1
1:A:63:THR:O	1:A:63:THR:HG22	0.42	2.13	9	3
1:A:102:PHE:CE1	1:A:143:LEU:CB	0.42	3.02	17	1
1:A:38:PHE:CE2	1:A:82:TYR:HB3	0.42	2.50	17	1
1:A:29:ILE:HG22	1:A:34:LYS:CE	0.42	2.43	9	1
1:A:29:ILE:CA	1:A:34:LYS:HE2	0.42	2.45	1	1
1:A:40:LEU:O	1:A:41:SER:C	0.42	2.56	12	1
1:A:84:LEU:CD2	1:A:101:PHE:N	0.42	2.83	20	1
1:A:68:PHE:O	1:A:71:PHE:HB3	0.42	2.15	20	1
1:A:6:GLN:O	1:A:7:VAL:CG1	0.42	2.67	3	1
1:A:126:LYS:C	1:A:127:LYS:CE	0.42	2.88	4	1
1:A:29:ILE:N	1:A:29:ILE:CD1	0.42	2.82	10	1
1:A:90:GLU:HB3	1:A:94:SER:C	0.42	2.34	16	1
1:A:109:ALA:O	1:A:114:LYS:HE3	0.42	2.13	15	1
1:A:46:CYS:O	1:A:48:ILE:HB	0.42	2.14	19	1
1:A:39:CYS:SG	1:A:51:GLU:HG2	0.42	2.54	11	1
1:A:87:ALA:O	1:A:97:GLU:OE1	0.42	2.37	17	1
1:A:41:SER:HB3	1:A:45:LYS:O	0.42	2.14	9	1
1:A:18:MET:HG3	1:A:86:ASP:CA	0.42	2.44	12	1
1:A:82:TYR:HB3	1:A:101:PHE:HE1	0.42	1.75	12	1
1:A:45:LYS:O	1:A:46:CYS:SG	0.42	2.78	20	1
1:A:98:GLU:CG	1:A:132:LYS:CB	0.42	2.98	20	1
1:A:101:PHE:CB	1:A:134:GLU:HA	0.42	2.44	4	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:38:PHE:HB2	1:A:82:TYR:O	0.42	2.13	3	1
1:A:39:CYS:C	1:A:40:LEU:CG	0.42	2.88	5	1
1:A:37:ILE:HG21	1:A:80:CYS:CB	0.42	2.44	7	1
1:A:39:CYS:HB2	1:A:50:GLU:CB	0.42	2.45	7	1
1:A:76:PRO:HD2	1:A:80:CYS:SG	0.42	2.55	7	2
1:A:92:LYS:HG3	1:A:157:ILE:O	0.42	2.15	14	1
1:A:18:MET:HB3	1:A:99:LEU:CD1	0.42	2.40	4	1
1:A:124:ILE:O	1:A:128:PHE:HB2	0.42	2.14	10	1
1:A:7:VAL:HG23	1:A:11:VAL:HG22	0.42	1.91	18	1
1:A:78:LYS:HE3	1:A:79:ASP:OD2	0.42	2.14	16	1
1:A:38:PHE:CD2	1:A:47:ILE:CG2	0.42	3.02	8	1
1:A:6:GLN:C	1:A:7:VAL:O	0.42	2.58	8	1
1:A:148:ILE:C	1:A:150:GLU:H	0.42	2.18	6	1
1:A:15:PHE:CB	1:A:128:PHE:CE1	0.42	2.99	15	1
1:A:87:ALA:O	1:A:97:GLU:HG2	0.42	2.15	19	2
1:A:81:ARG:HE	1:A:104:TRP:CB	0.42	2.26	11	1
1:A:31:LYS:CE	1:A:31:LYS:HA	0.42	2.44	9	1
1:A:18:MET:HA	1:A:86:ASP:OD2	0.42	2.15	7	2
1:A:162:GLY:CA	1:A:165:VAL:OXT	0.42	2.68	3	1
1:A:79:ASP:OD1	1:A:79:ASP:O	0.42	2.37	14	1
1:A:77:GLU:O	1:A:108:LEU:HB2	0.42	2.14	4	1
1:A:39:CYS:SG	1:A:39:CYS:O	0.42	2.76	2	2
1:A:135:CYS:CB	1:A:151:LYS:CE	0.42	2.97	10	1
1:A:51:GLU:C	1:A:51:GLU:CD	0.42	2.78	10	2
1:A:8:ALA:CA	1:A:46:CYS:HB3	0.42	2.45	16	2
1:A:30:LYS:HD2	1:A:57:VAL:CG1	0.42	2.41	6	1
1:A:41:SER:OG	1:A:48:ILE:HG13	0.42	2.14	19	1
1:A:42:ALA:O	1:A:43:ASP:OD2	0.42	2.37	5	1
1:A:104:TRP:CH2	1:A:140:PRO:N	0.42	2.88	7	5
1:A:47:ILE:HG22	1:A:47:ILE:O	0.42	2.15	13	1
1:A:54:GLU:HG2	1:A:55:ILE:O	0.42	2.14	7	3
1:A:112:LYS:HE2	1:A:112:LYS:CA	0.42	2.45	7	1
1:A:12:CYS:CB	1:A:127:LYS:HB3	0.42	2.45	7	1
1:A:36:VAL:HB	1:A:38:PHE:CE2	0.42	2.49	7	1
1:A:33:LYS:HG3	1:A:54:GLU:CD	0.42	2.35	14	1
1:A:82:TYR:N	1:A:82:TYR:CD1	0.42	2.88	18	1
1:A:82:TYR:CZ	1:A:103:LEU:HD12	0.42	2.49	2	1
1:A:39:CYS:HB3	1:A:81:ARG:HD3	0.42	1.91	2	1
1:A:31:LYS:O	1:A:31:LYS:HG3	0.42	2.14	16	1
1:A:112:LYS:HE2	1:A:113:SER:HB2	0.42	1.91	8	1
1:A:15:PHE:CE2	1:A:130:GLY:O	0.42	2.73	8	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:5:VAL:HG12	1:A:46:CYS:C	0.42	2.35	8	2
1:A:71:PHE:HB2	1:A:74:MET:CE	0.42	2.45	8	1
1:A:50:GLU:C	1:A:52:GLY:H	0.42	2.18	6	1
1:A:48:ILE:C	1:A:49:VAL:HG12	0.42	2.35	19	1
1:A:38:PHE:HA	1:A:49:VAL:N	0.42	2.29	19	1
1:A:31:LYS:HE3	1:A:59:ASP:OD1	0.42	2.15	17	1
1:A:55:ILE:HG21	1:A:55:ILE:HD13	0.42	1.58	1	1
1:A:106:PRO:HG2	1:A:109:ALA:N	0.42	2.30	12	1
1:A:5:VAL:HA	1:A:45:LYS:CA	0.42	2.45	5	1
1:A:75:LEU:HD13	1:A:143:LEU:CD2	0.42	2.43	10	2
1:A:34:LYS:HD2	1:A:57:VAL:CB	0.42	2.44	13	1
1:A:126:LYS:O	1:A:127:LYS:HE3	0.42	2.15	4	1
1:A:131:ILE:HA	1:A:131:ILE:HD13	0.42	1.58	4	1
1:A:91:THR:HA	1:A:157:ILE:HB	0.42	1.90	18	1
1:A:111:LEU:O	1:A:112:LYS:HE2	0.42	2.14	16	1
1:A:54:GLU:O	1:A:54:GLU:CD	0.42	2.57	16	1
1:A:14:ILE:CG2	1:A:84:LEU:HD22	0.42	2.44	16	1
1:A:39:CYS:HB2	1:A:81:ARG:CD	0.42	2.44	8	1
1:A:121:LYS:HE3	1:A:134:GLU:OE2	0.42	2.14	19	1
1:A:9:ASP:O	1:A:12:CYS:N	0.42	2.52	17	1
1:A:69:LYS:NZ	1:A:70:HIS:HB2	0.41	2.30	3	1
1:A:32:ARG:CD	1:A:32:ARG:N	0.41	2.82	13	1
1:A:29:ILE:HG13	1:A:34:LYS:CE	0.41	2.45	14	1
1:A:68:PHE:C	1:A:68:PHE:CD2	0.41	2.88	14	1
1:A:37:ILE:C	1:A:51:GLU:OE2	0.41	2.58	4	1
1:A:109:ALA:O	1:A:114:LYS:HD2	0.41	2.15	15	2
1:A:50:GLU:O	1:A:53:LYS:N	0.41	2.53	2	1
1:A:48:ILE:HD13	1:A:50:GLU:HB2	0.41	1.92	16	1
1:A:6:GLN:CG	1:A:6:GLN:O	0.41	2.64	15	1
1:A:8:ALA:H	1:A:47:ILE:HG22	0.41	1.75	15	1
1:A:37:ILE:HD11	1:A:53:LYS:HB3	0.41	1.90	19	1
1:A:30:LYS:HG2	1:A:31:LYS:HG3	0.41	1.92	11	1
1:A:37:ILE:HG12	1:A:81:ARG:CD	0.41	2.43	11	1
1:A:29:ILE:HG23	1:A:34:LYS:HE2	0.41	1.91	1	1
1:A:95:ARG:HD2	1:A:95:ARG:C	0.41	2.34	20	1
1:A:100:MET:HG2	1:A:133:HIS:HB2	0.41	1.92	13	5
1:A:32:ARG:NH1	1:A:32:ARG:CG	0.41	2.82	5	1
1:A:51:GLU:HG3	1:A:81:ARG:HD3	0.41	1.91	5	1
1:A:131:ILE:O	1:A:132:LYS:HB2	0.41	2.15	7	3
1:A:137:ALA:HB2	1:A:142:ASP:HB3	0.41	1.92	14	1
1:A:40:LEU:HB2	1:A:44:LYS:HG3	0.41	1.92	4	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:83:ALA:O	1:A:84:LEU:HD23	0.41	2.16	4	1
1:A:40:LEU:HD21	1:A:44:LYS:HG3	0.41	1.91	18	1
1:A:41:SER:CA	1:A:48:ILE:CG2	0.41	2.98	18	1
1:A:147:CYS:SG	1:A:150:GLU:OE2	0.41	2.76	16	1
1:A:55:ILE:HG22	1:A:57:VAL:N	0.41	2.28	16	2
1:A:39:CYS:HB3	1:A:81:ARG:CA	0.41	2.45	8	1
1:A:159:ALA:HB1	1:A:164:PRO:HD2	0.41	1.92	6	1
1:A:40:LEU:CB	1:A:44:LYS:HA	0.41	2.45	6	1
1:A:107:GLU:HB3	1:A:108:LEU:CD1	0.41	2.42	15	1
1:A:37:ILE:CD1	1:A:53:LYS:HB2	0.41	2.45	19	1
1:A:111:LEU:O	1:A:112:LYS:CG	0.41	2.68	11	1
1:A:6:GLN:NE2	1:A:45:LYS:C	0.41	2.74	11	1
1:A:98:GLU:HG3	1:A:132:LYS:HB3	0.41	1.92	11	1
1:A:139:GLY:C	1:A:141:GLU:H	0.41	2.17	9	1
1:A:56:LEU:HD13	1:A:59:ASP:OD2	0.41	2.15	9	1
1:A:14:ILE:CG1	1:A:38:PHE:CE1	0.41	3.03	1	1
1:A:30:LYS:HE2	1:A:58:GLY:CA	0.41	2.45	12	1
1:A:149:ALA:O	1:A:161:GLU:CB	0.41	2.68	13	1
1:A:113:SER:O	1:A:117:TYR:HB2	0.41	2.15	14	1
1:A:53:LYS:HB2	1:A:74:MET:HB3	0.41	1.91	4	1
1:A:82:TYR:OH	1:A:121:LYS:CB	0.41	2.68	10	1
1:A:77:GLU:O	1:A:108:LEU:CG	0.41	2.67	18	2
1:A:82:TYR:CD2	1:A:124:ILE:HG21	0.41	2.50	18	1
1:A:15:PHE:O	1:A:16:TYR:C	0.41	2.58	6	2
1:A:57:VAL:CG1	1:A:86:ASP:HB2	0.41	2.44	16	1
1:A:100:MET:HB3	1:A:151:LYS:HE2	0.41	1.90	6	1
1:A:18:MET:SD	1:A:86:ASP:CG	0.41	2.98	6	1
1:A:105:ALA:N	1:A:137:ALA:O	0.41	2.54	15	1
1:A:76:PRO:CB	1:A:78:LYS:HE3	0.41	2.44	19	1
1:A:51:GLU:OE2	1:A:53:LYS:CE	0.41	2.68	17	1
1:A:29:ILE:CA	1:A:34:LYS:HE3	0.41	2.44	12	1
1:A:93:GLU:CG	1:A:96:LYS:CD	0.41	2.98	12	1
1:A:121:LYS:CA	1:A:124:ILE:HG22	0.41	2.45	5	2
1:A:56:LEU:HB2	1:A:59:ASP:CB	0.41	2.46	13	1
1:A:18:MET:C	1:A:99:LEU:CD1	0.41	2.88	14	1
1:A:40:LEU:CD1	1:A:46:CYS:O	0.41	2.68	14	1
1:A:55:ILE:HD13	1:A:55:ILE:HG21	0.41	1.59	14	1
1:A:15:PHE:CB	1:A:84:LEU:CD1	0.41	2.99	10	1
1:A:5:VAL:HB	1:A:40:LEU:CD2	0.41	2.45	10	1
1:A:16:TYR:C	1:A:18:MET:N	0.41	2.72	18	1
1:A:149:ALA:HB1	1:A:161:GLU:HA	0.41	1.92	2	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:159:ALA:HA	1:A:163:CYS:H	0.41	1.76	2	1
1:A:91:THR:CG2	1:A:93:GLU:CB	0.41	2.94	2	1
1:A:103:LEU:HB2	1:A:136:GLN:HG3	0.41	1.92	16	2
1:A:90:GLU:HG3	1:A:159:ALA:CB	0.41	2.44	16	1
1:A:125:LYS:N	1:A:125:LYS:HD2	0.41	2.29	19	1
1:A:65:THR:O	1:A:67:PRO:HD3	0.41	2.16	19	1
1:A:41:SER:HA	1:A:48:ILE:HD12	0.41	1.92	11	1
1:A:5:VAL:HG11	1:A:40:LEU:CD1	0.41	2.45	17	1
1:A:80:CYS:SG	1:A:113:SER:HB3	0.41	2.55	9	1
1:A:30:LYS:HB3	1:A:58:GLY:HA2	0.41	1.90	3	1
1:A:40:LEU:HA	1:A:48:ILE:N	0.41	2.30	5	1
1:A:148:ILE:O	1:A:151:LYS:HB2	0.41	2.15	7	1
1:A:6:GLN:O	1:A:7:VAL:HB	0.41	2.16	17	2
1:A:15:PHE:CA	1:A:18:MET:HG2	0.41	2.45	4	1
1:A:38:PHE:CE2	1:A:82:TYR:C	0.41	2.94	10	1
1:A:82:TYR:CE2	1:A:117:TYR:CG	0.41	3.08	17	2
1:A:122:ASP:HA	1:A:125:LYS:HD2	0.41	1.93	18	1
1:A:41:SER:N	1:A:48:ILE:HG22	0.41	2.30	18	1
1:A:55:ILE:HG13	1:A:74:MET:SD	0.41	2.55	18	1
1:A:39:CYS:SG	1:A:81:ARG:HG2	0.41	2.55	6	1
1:A:4:GLY:HA2	1:A:120:SER:OG	0.41	2.15	11	1
1:A:37:ILE:HG21	1:A:53:LYS:HE2	0.41	1.93	11	1
1:A:12:CYS:HA	1:A:127:LYS:HB3	0.41	1.92	17	1
1:A:93:GLU:CB	1:A:96:LYS:HE3	0.41	2.45	1	1
1:A:38:PHE:CG	1:A:82:TYR:O	0.41	2.73	12	1
1:A:98:GLU:N	1:A:98:GLU:CD	0.41	2.73	5	1
1:A:30:LYS:HD2	1:A:58:GLY:HA3	0.41	1.92	7	2
1:A:110:PRO:HA	1:A:113:SER:H	0.41	1.74	14	1
1:A:15:PHE:HD2	1:A:16:TYR:CD1	0.41	2.30	14	1
1:A:40:LEU:CG	1:A:46:CYS:O	0.41	2.68	14	1
1:A:33:LYS:HG3	1:A:54:GLU:HG3	0.41	1.92	10	1
1:A:30:LYS:HB3	1:A:57:VAL:HG23	0.41	1.92	18	1
1:A:83:ALA:C	1:A:84:LEU:HD12	0.41	2.36	2	1
1:A:33:LYS:HA	1:A:56:LEU:HB2	0.41	1.91	6	1
1:A:48:ILE:HA	1:A:48:ILE:HD12	0.41	1.58	6	1
1:A:37:ILE:HD11	1:A:74:MET:HB2	0.41	1.90	15	1
1:A:10:GLU:CG	1:A:10:GLU:O	0.41	2.69	19	1
1:A:87:ALA:CB	1:A:98:GLU:O	0.41	2.69	12	1
1:A:137:ALA:CB	1:A:143:LEU:HD23	0.41	2.45	20	1
1:A:111:LEU:HA	1:A:114:LYS:HG3	0.41	1.93	3	1
1:A:30:LYS:O	1:A:56:LEU:HD21	0.41	2.15	3	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:98:GLU:O	1:A:99:LEU:HB3	0.41	2.16	5	1
1:A:116:ILE:C	1:A:118:ALA:N	0.41	2.73	15	2
1:A:14:ILE:HD13	1:A:38:PHE:HE2	0.41	1.72	7	1
1:A:33:LYS:HG3	1:A:54:GLU:OE2	0.41	2.15	14	1
1:A:146:ALA:HA	1:A:149:ALA:HB3	0.41	1.91	2	1
1:A:50:GLU:C	1:A:51:GLU:HG2	0.41	2.35	8	1
1:A:5:VAL:HG13	1:A:40:LEU:HD21	0.41	1.83	8	1
1:A:110:PRO:HG2	1:A:112:LYS:CE	0.41	2.45	6	1
1:A:39:CYS:SG	1:A:81:ARG:HD3	0.41	2.56	6	1
1:A:68:PHE:C	1:A:70:HIS:N	0.41	2.74	19	1
1:A:5:VAL:HG22	1:A:116:ILE:CG2	0.41	2.45	11	2
1:A:55:ILE:CG2	1:A:57:VAL:N	0.41	2.83	17	1
1:A:57:VAL:CB	1:A:86:ASP:OD2	0.41	2.69	1	1
1:A:103:LEU:HD23	1:A:136:GLN:CA	0.41	2.46	12	1
1:A:102:PHE:CD1	1:A:143:LEU:HD22	0.41	2.49	20	1
1:A:4:GLY:O	1:A:45:LYS:HG2	0.41	2.15	5	1
1:A:33:LYS:CD	1:A:54:GLU:HG3	0.41	2.45	13	1
1:A:104:TRP:CD2	1:A:104:TRP:C	0.41	2.89	4	1
1:A:110:PRO:HB2	1:A:112:LYS:HG3	0.41	1.92	10	1
1:A:40:LEU:H	1:A:48:ILE:HG22	0.41	1.75	18	1
1:A:34:LYS:HD2	1:A:57:VAL:CG1	0.41	2.46	8	1
1:A:14:ILE:C	1:A:84:LEU:HD12	0.41	2.35	11	1
1:A:114:LYS:C	1:A:118:ALA:HB2	0.41	2.36	17	1
1:A:133:HIS:HB3	1:A:151:LYS:HE3	0.41	1.93	17	1
1:A:53:LYS:O	1:A:54:GLU:CG	0.41	2.69	12	1
1:A:93:GLU:CG	1:A:96:LYS:CG	0.41	2.98	12	1
1:A:103:LEU:CB	1:A:121:LYS:HD2	0.41	2.46	20	1
1:A:149:ALA:HB2	1:A:160:PHE:C	0.41	2.36	20	1
1:A:145:ARG:H	1:A:145:ARG:HG3	0.41	1.58	5	1
1:A:47:ILE:O	1:A:47:ILE:HG22	0.41	2.16	5	1
1:A:40:LEU:HD22	1:A:44:LYS:HG3	0.41	1.93	7	1
1:A:30:LYS:CA	1:A:58:GLY:HA3	0.41	2.46	14	1
1:A:77:GLU:CA	1:A:106:PRO:HB2	0.41	2.46	4	1
1:A:39:CYS:CB	1:A:80:CYS:HA	0.41	2.45	4	1
1:A:126:LYS:C	1:A:127:LYS:HE3	0.41	2.36	12	2
1:A:5:VAL:HB	1:A:40:LEU:HD22	0.41	1.92	10	1
1:A:8:ALA:O	1:A:9:ASP:CG	0.41	2.59	10	1
1:A:10:GLU:CB	1:A:14:ILE:CD1	0.41	2.98	18	1
1:A:8:ALA:C	1:A:10:GLU:N	0.41	2.73	18	1
1:A:99:LEU:HG	1:A:100:MET:N	0.41	2.30	18	1
1:A:90:GLU:HB3	1:A:95:ARG:CA	0.41	2.45	2	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:69:LYS:C	1:A:72:VAL:HG13	0.41	2.36	16	1
1:A:37:ILE:O	1:A:53:LYS:CB	0.41	2.66	16	1
1:A:3:SER:N	1:A:116:ILE:HG12	0.41	2.31	8	1
1:A:159:ALA:HA	1:A:164:PRO:HD2	0.41	1.93	1	3
1:A:18:MET:SD	1:A:86:ASP:HB2	0.41	2.56	6	1
1:A:51:GLU:N	1:A:51:GLU:CD	0.41	2.74	15	1
1:A:108:LEU:C	1:A:109:ALA:O	0.41	2.58	15	1
1:A:7:VAL:HG13	1:A:11:VAL:HG21	0.41	1.91	11	1
1:A:106:PRO:O	1:A:114:LYS:HE3	0.41	2.15	17	1
1:A:104:TRP:HE3	1:A:137:ALA:CB	0.41	2.28	9	1
1:A:90:GLU:HG2	1:A:95:ARG:HA	0.41	1.93	12	1
1:A:137:ALA:HB2	1:A:143:LEU:HD23	0.41	1.92	20	1
1:A:101:PHE:CE2	1:A:125:LYS:CE	0.41	3.04	5	1
1:A:13:ARG:HD2	1:A:17:ASP:OD2	0.41	2.16	7	1
1:A:56:LEU:HB2	1:A:59:ASP:OD2	0.41	2.15	7	1
1:A:41:SER:CA	1:A:48:ILE:HD11	0.41	2.45	2	1
1:A:110:PRO:HG2	1:A:112:LYS:HE2	0.41	1.92	6	1
1:A:15:PHE:C	1:A:17:ASP:N	0.41	2.74	6	1
1:A:18:MET:HG3	1:A:86:ASP:OD1	0.41	2.16	6	1
1:A:117:TYR:C	1:A:117:TYR:CD1	0.41	2.94	11	1
1:A:121:LYS:O	1:A:125:LYS:CE	0.41	2.69	17	1
1:A:78:LYS:HD3	1:A:79:ASP:OD2	0.41	2.16	9	1
1:A:48:ILE:HG23	1:A:50:GLU:HB2	0.40	1.93	5	1
1:A:31:LYS:HE2	1:A:59:ASP:OD1	0.40	2.16	5	1
1:A:51:GLU:HG2	1:A:53:LYS:CG	0.40	2.46	13	1
1:A:60:VAL:HG22	1:A:66:ASP:HA	0.40	1.93	14	1
1:A:129:GLN:CA	1:A:129:GLN:OE1	0.40	2.68	4	1
1:A:7:VAL:CG2	1:A:11:VAL:CG2	0.40	2.99	18	1
1:A:100:MET:CE	1:A:151:LYS:HD3	0.40	2.46	6	1
1:A:116:ILE:CG2	1:A:120:SER:OG	0.40	2.69	15	1
1:A:101:PHE:CZ	1:A:128:PHE:CD2	0.40	3.09	19	1
1:A:101:PHE:HB2	1:A:133:HIS:O	0.40	2.16	19	1
1:A:155:SER:O	1:A:156:LEU:HB3	0.40	2.16	19	1
1:A:48:ILE:O	1:A:49:VAL:HG12	0.40	2.16	19	1
1:A:93:GLU:HB3	1:A:96:LYS:HE3	0.40	1.93	11	1
1:A:40:LEU:HA	1:A:45:LYS:O	0.40	2.17	1	1
1:A:54:GLU:OE2	1:A:56:LEU:CD2	0.40	2.69	1	1
1:A:125:LYS:HE3	1:A:134:GLU:OE1	0.40	2.16	20	1
1:A:78:LYS:CD	1:A:79:ASP:CG	0.40	2.90	5	2
1:A:66:ASP:C	1:A:66:ASP:OD1	0.40	2.58	4	1
1:A:51:GLU:CD	1:A:51:GLU:O	0.40	2.60	10	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:10:GLU:C	1:A:12:CYS:N	0.40	2.74	18	1
1:A:68:PHE:CE1	1:A:145:ARG:HG3	0.40	2.51	18	1
1:A:53:LYS:HE3	1:A:53:LYS:HA	0.40	1.92	16	1
1:A:126:LYS:CG	1:A:127:LYS:HD3	0.40	2.46	6	1
1:A:37:ILE:CG1	1:A:83:ALA:CB	0.40	2.98	17	1
1:A:38:PHE:CE1	1:A:49:VAL:CG2	0.40	3.05	20	1
1:A:80:CYS:HB3	1:A:113:SER:OG	0.40	2.15	3	1
1:A:111:LEU:HA	1:A:114:LYS:HD2	0.40	1.93	4	1
1:A:18:MET:HB3	1:A:99:LEU:CB	0.40	2.46	4	1
1:A:69:LYS:CA	1:A:72:VAL:HG23	0.40	2.46	4	1
1:A:18:MET:SD	1:A:99:LEU:HB2	0.40	2.55	18	1
1:A:30:LYS:CB	1:A:57:VAL:HG12	0.40	2.37	6	1
1:A:121:LYS:C	1:A:124:ILE:HG22	0.40	2.37	15	1
1:A:84:LEU:CD2	1:A:128:PHE:CE2	0.40	3.04	19	1
1:A:95:ARG:HG2	1:A:95:ARG:NH1	0.40	2.30	11	1
1:A:39:CYS:SG	1:A:81:ARG:HG3	0.40	2.55	9	1
1:A:8:ALA:N	1:A:46:CYS:SG	0.40	2.95	9	1
1:A:161:GLU:CA	1:A:165:VAL:O	0.40	2.69	12	1
1:A:53:LYS:HD2	1:A:81:ARG:NE	0.40	2.31	12	1
1:A:125:LYS:O	1:A:129:GLN:HG2	0.40	2.16	20	1
1:A:137:ALA:CB	1:A:143:LEU:CG	0.40	3.00	13	1
1:A:13:ARG:CD	1:A:13:ARG:C	0.40	2.88	7	1
1:A:127:LYS:HE2	1:A:127:LYS:HA	0.40	1.93	4	1
1:A:145:ARG:HA	1:A:160:PHE:CE2	0.40	2.51	4	1
1:A:95:ARG:C	1:A:96:LYS:CG	0.40	2.89	10	1
1:A:12:CYS:C	1:A:16:TYR:HB3	0.40	2.36	16	1
1:A:35:ALA:HB3	1:A:55:ILE:H	0.40	1.75	16	1
1:A:8:ALA:N	1:A:47:ILE:HG22	0.40	2.31	15	1
1:A:93:GLU:HG3	1:A:93:GLU:O	0.40	2.16	15	1
1:A:116:ILE:O	1:A:120:SER:N	0.40	2.55	11	1
1:A:40:LEU:HD22	1:A:112:LYS:CE	0.40	2.46	17	1
1:A:122:ASP:O	1:A:126:LYS:HG2	0.40	2.16	17	1
1:A:153:GLY:O	1:A:161:GLU:HG2	0.40	2.16	17	1
1:A:94:SER:O	1:A:96:LYS:HG3	0.40	2.17	1	1
1:A:99:LEU:CD1	1:A:131:ILE:O	0.40	2.69	1	1
1:A:112:LYS:HE2	1:A:113:SER:H	0.40	1.77	3	1
1:A:7:VAL:HA	1:A:47:ILE:H	0.40	1.75	3	1
1:A:116:ILE:O	1:A:117:TYR:C	0.40	2.59	5	2
1:A:78:LYS:HD3	1:A:79:ASP:OD1	0.40	2.16	5	1
1:A:86:ASP:HB3	1:A:97:GLU:OE2	0.40	2.16	5	1
1:A:137:ALA:CB	1:A:142:ASP:HB2	0.40	2.45	14	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:68:PHE:CD2	1:A:72:VAL:CG2	0.40	3.04	4	1
1:A:90:GLU:HG3	1:A:95:ARG:HD3	0.40	1.93	4	1
1:A:34:LYS:HD3	1:A:86:ASP:OD2	0.40	2.17	2	1
1:A:101:PHE:HB3	1:A:133:HIS:O	0.40	2.17	16	1
1:A:54:GLU:C	1:A:54:GLU:CD	0.40	2.80	8	1
1:A:131:ILE:HG22	1:A:133:HIS:H	0.40	1.73	6	1
1:A:6:GLN:OE1	1:A:45:LYS:HD3	0.40	2.16	6	1
1:A:36:VAL:HG23	1:A:84:LEU:O	0.40	2.16	15	1
1:A:17:ASP:OD1	1:A:34:LYS:CD	0.40	2.69	19	1
1:A:16:TYR:O	1:A:16:TYR:CD1	0.40	2.74	11	1
1:A:15:PHE:CD1	1:A:16:TYR:CD1	0.40	3.10	17	1
1:A:80:CYS:HB3	1:A:106:PRO:HD2	0.40	1.94	9	1
1:A:54:GLU:OE2	1:A:56:LEU:HG	0.40	2.17	1	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	152/174 (87%)	91±4 (60±3%)	32±4 (21±2%)	29±3 (19±2%)	0	2
All	All	3040/3480 (87%)	1813 (60%)	639 (21%)	588 (19%)	0	2

All 68 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	7	VAL	20
1	A	158	VAL	20
1	A	157	ILE	20
1	A	94	SER	20
1	A	66	ASP	20
1	A	160	PHE	20
1	A	67	PRO	20
1	A	104	TRP	19
1	A	45	LYS	18

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	109	ALA	18
1	A	60	VAL	18
1	A	41	SER	17
1	A	40	LEU	16
1	A	76	PRO	16
1	A	122	ASP	15
1	A	68	PHE	14
1	A	144	ASN	14
1	A	51	GLU	14
1	A	86	ASP	13
1	A	80	CYS	13
1	A	99	LEU	13
1	A	48	ILE	13
1	A	3	SER	13
1	A	46	CYS	12
1	A	33	LYS	11
1	A	5	VAL	11
1	A	163	CYS	11
1	A	97	GLU	10
1	A	54	GLU	9
1	A	79	ASP	8
1	A	129	GLN	8
1	A	57	VAL	7
1	A	44	LYS	7
1	A	88	SER	7
1	A	69	LYS	7
1	A	62	VAL	7
1	A	111	LEU	5
1	A	9	ASP	5
1	A	138	ASN	5
1	A	18	MET	5
1	A	81	ARG	5
1	A	95	ARG	5
1	A	49	VAL	4
1	A	145	ARG	4
1	A	87	ALA	4
1	A	47	ILE	4
1	A	39	CYS	4
1	A	50	GLU	3
1	A	4	GLY	3
1	A	156	LEU	3
1	A	53	LYS	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	96	LYS	3
1	A	65	THR	3
1	A	136	GLN	2
1	A	91	THR	2
1	A	110	PRO	2
1	A	77	GLU	2
1	A	30	LYS	2
1	A	36	VAL	2
1	A	134	GLU	1
1	A	131	ILE	1
1	A	34	LYS	1
1	A	83	ALA	1
1	A	107	GLU	1
1	A	112	LYS	1
1	A	56	LEU	1
1	A	43	ASP	1
1	A	52	GLY	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	130/149 (87%)	71±4 (55±3%)	59±4 (45±3%)	0	2
All	All	2600/2980 (87%)	1425 (55%)	1175 (45%)	0	2

All 116 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	55	ILE	20
1	A	165	VAL	20
1	A	15	PHE	20
1	A	70	HIS	20
1	A	44	LYS	20
1	A	6	GLN	20
1	A	125	LYS	20
1	A	71	PHE	20

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	131	ILE	20
1	A	78	LYS	20
1	A	151	LYS	20
1	A	32	ARG	20
1	A	91	THR	20
1	A	98	GLU	20
1	A	64	ILE	20
1	A	48	ILE	19
1	A	53	LYS	19
1	A	103	LEU	19
1	A	29	ILE	19
1	A	145	ARG	18
1	A	69	LYS	18
1	A	160	PHE	18
1	A	54	GLU	18
1	A	108	LEU	18
1	A	10	GLU	17
1	A	148	ILE	17
1	A	156	LEU	17
1	A	142	ASP	16
1	A	150	GLU	16
1	A	116	ILE	16
1	A	18	MET	15
1	A	30	LYS	15
1	A	101	PHE	15
1	A	134	GLU	15
1	A	141	GLU	15
1	A	36	VAL	14
1	A	95	ARG	14
1	A	65	THR	14
1	A	121	LYS	14
1	A	51	GLU	14
1	A	155	SER	14
1	A	112	LYS	13
1	A	5	VAL	13
1	A	114	LYS	13
1	A	152	LEU	13
1	A	47	ILE	13
1	A	99	LEU	13
1	A	113	SER	12
1	A	81	ARG	12
1	A	34	LYS	12

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	16	TYR	12
1	A	57	VAL	11
1	A	56	LEU	10
1	A	161	GLU	10
1	A	115	MET	10
1	A	7	VAL	10
1	A	39	CYS	10
1	A	127	LYS	10
1	A	33	LYS	9
1	A	17	ASP	9
1	A	13	ARG	9
1	A	126	LYS	9
1	A	79	ASP	9
1	A	38	PHE	9
1	A	50	GLU	9
1	A	120	SER	8
1	A	3	SER	8
1	A	41	SER	8
1	A	37	ILE	7
1	A	86	ASP	7
1	A	111	LEU	7
1	A	31	LYS	7
1	A	11	VAL	7
1	A	12	CYS	6
1	A	93	GLU	6
1	A	68	PHE	6
1	A	129	GLN	6
1	A	72	VAL	5
1	A	90	GLU	5
1	A	80	CYS	5
1	A	96	LYS	5
1	A	40	LEU	5
1	A	66	ASP	4
1	A	143	LEU	4
1	A	122	ASP	4
1	A	132	LYS	4
1	A	136	GLN	4
1	A	119	SER	4
1	A	97	GLU	3
1	A	49	VAL	3
1	A	107	GLU	3
1	A	9	ASP	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	104	TRP	3
1	A	62	VAL	3
1	A	88	SER	3
1	A	59	ASP	3
1	A	43	ASP	3
1	A	117	TYR	3
1	A	46	CYS	3
1	A	135	CYS	3
1	A	124	ILE	2
1	A	92	LYS	2
1	A	133	HIS	2
1	A	75	LEU	2
1	A	85	TYR	2
1	A	144	ASN	2
1	A	147	CYS	2
1	A	63	THR	1
1	A	84	LEU	1
1	A	14	ILE	1
1	A	74	MET	1
1	A	138	ASN	1
1	A	45	LYS	1
1	A	163	CYS	1
1	A	77	GLU	1
1	A	60	VAL	1

6.3.3 RNA ⓘ

There are no RNA molecules in this entry.

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

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

6.5 Carbohydrates ⓘ

There are no carbohydrates in this entry.

6.6 Ligand geometry ⓘ

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