



# Full wwPDB NMR Structure Validation Report ⓘ

Feb 12, 2017 – 10:49 pm GMT

PDB ID : 2K8V  
Title : Solution structure of Oxidised ERp18  
Authors : Rowe, M.L.; Alanen, H.I.; Ruddock, L.W.; Kelly, G.; Schmidt, J.M.;  
Williamson, R.A.; Howard, M.J.  
Deposited on : 2008-09-25

This is a Full wwPDB NMR Structure Validation Report for a publicly released PDB entry.

We welcome your comments at [validation@mail.wwpdb.org](mailto:validation@mail.wwpdb.org)

A user guide is available at

<http://wwpdb.org/validation/2016/NMRValidationReportHelp>

with specific help available everywhere you see the ⓘ symbol.

---

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

Cyrange : Kirchner and Güntert (2011)  
NmrClust : Kelley et al. (1996)  
MolProbity : 4.02b-467  
Percentile statistics : 20161228.v01 (using entries in the PDB archive December 28th 2016)  
RCI : v\_1n\_11\_5\_13\_A (Berjanski et al., 2005)  
PANAV : Wang et al. (2010)  
ShiftChecker : trunk28760  
Ideal geometry (proteins) : Engh & Huber (2001)  
Ideal geometry (DNA, RNA) : Parkinson et al. (1996)  
Validation Pipeline (wwPDB-VP) : recalc28949

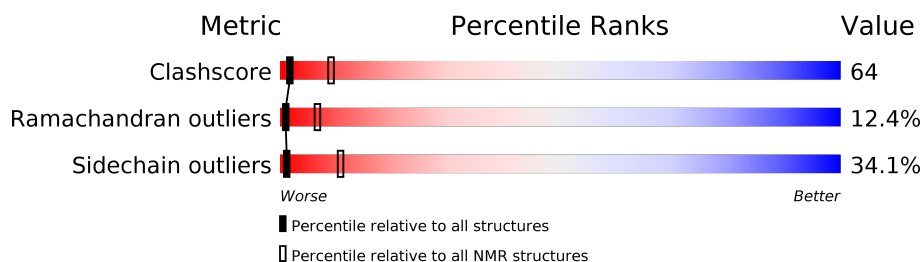
# 1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:

*SOLUTION NMR*


The overall completeness of chemical shifts assignment is 88%.

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



Metric	Whole archive (#Entries)	NMR archive (#Entries)
Clashscore	125131	11601
Ramachandran outliers	121729	10391
Sidechain outliers	121581	10367

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

Mol	Chain	Length	Quality of chain
1	A	157	

## 2 Ensemble composition and analysis

This entry contains 40 models. Model 22 is the overall representative, medoid model (most similar to other models). The authors have identified model 1 as representative, based on the following criterion: *closest to the average*.

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:22-A:144 (123)	0.58	22

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

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

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

Cluster number	Models
1	3, 4, 6, 9, 10, 13, 20, 22, 24, 25, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 35, 38, 39, 40
2	1, 11, 12, 15, 17, 18, 19, 23
3	7, 8, 14
4	5, 21, 26
5	2, 34
Single-model clusters	16; 36; 37

### 3 Entry composition

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 2450 atoms, of which 1198 are hydrogens and 0 are deuteriums.

- Molecule 1 is a protein called Thioredoxin domain-containing protein 12.

Mol	Chain	Residues	Atoms						Trace
1	A	157	Total	C	H	N	O	S	0
			2450	788	1198	219	238	7	

There are 8 discrepancies between the modelled and reference sequences:

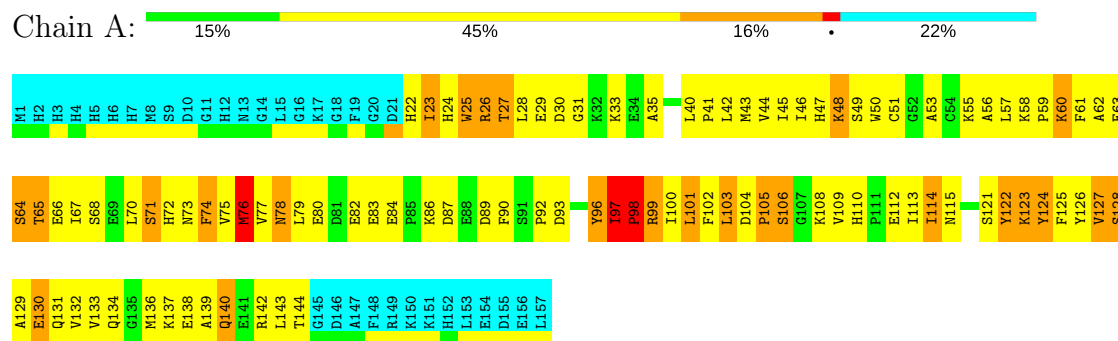
Chain	Residue	Modelled	Actual	Comment	Reference
A	1	MET	-	EXPRESSION TAG	UNP O95881
A	2	HIS	-	EXPRESSION TAG	UNP O95881
A	3	HIS	-	EXPRESSION TAG	UNP O95881
A	4	HIS	-	EXPRESSION TAG	UNP O95881
A	5	HIS	-	EXPRESSION TAG	UNP O95881
A	6	HIS	-	EXPRESSION TAG	UNP O95881
A	7	HIS	-	EXPRESSION TAG	UNP O95881
A	8	MET	-	EXPRESSION TAG	UNP O95881

## 4 Residue-property plots [i](#)

### 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: Thioredoxin domain-containing protein 12

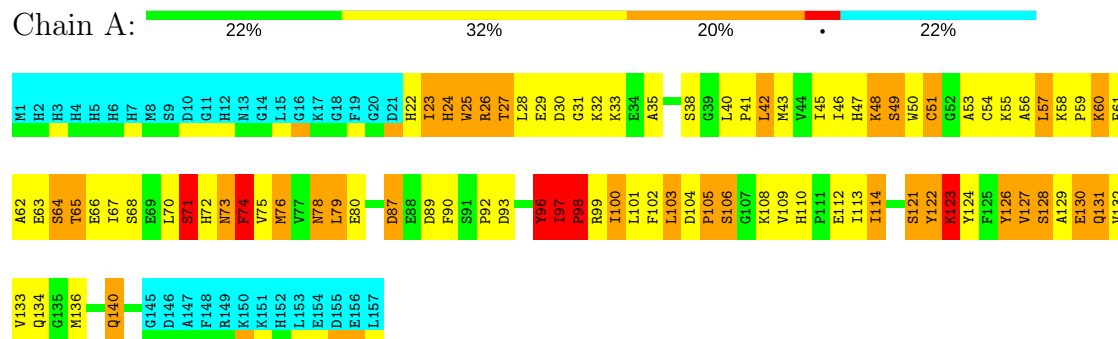


### 4.2 Scores per residue for each member of the ensemble

Colouring as in section 4.1 above.

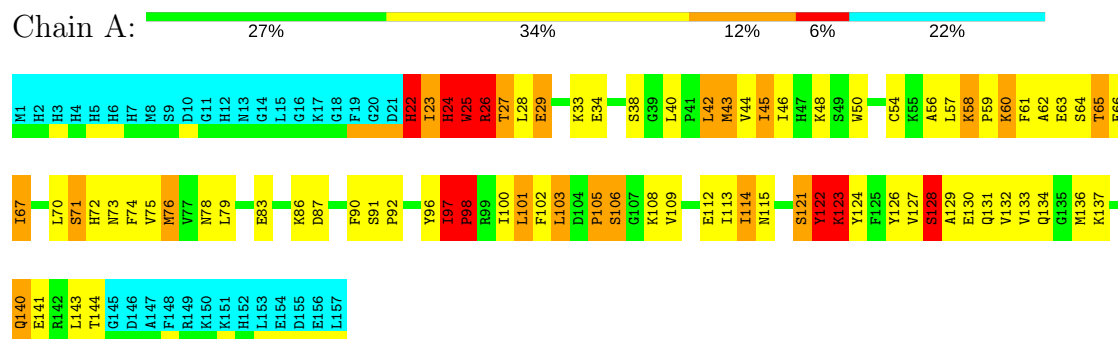
#### 4.2.1 Score per residue for model 1

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



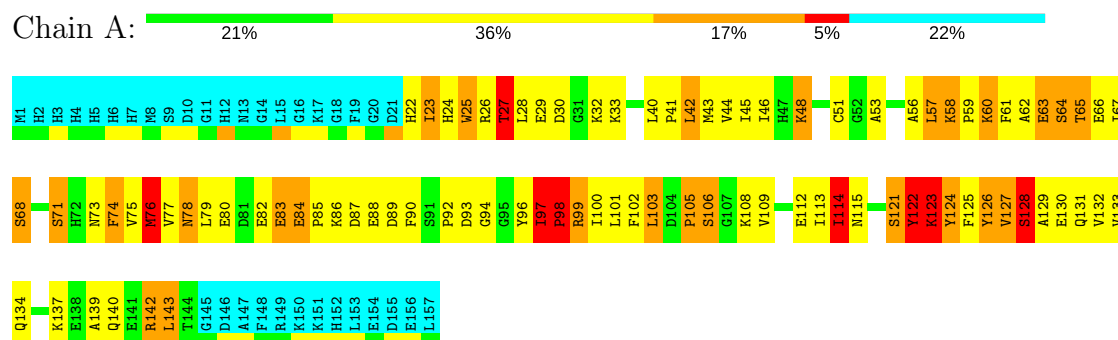
### 4.2.2 Score per residue for model 2

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



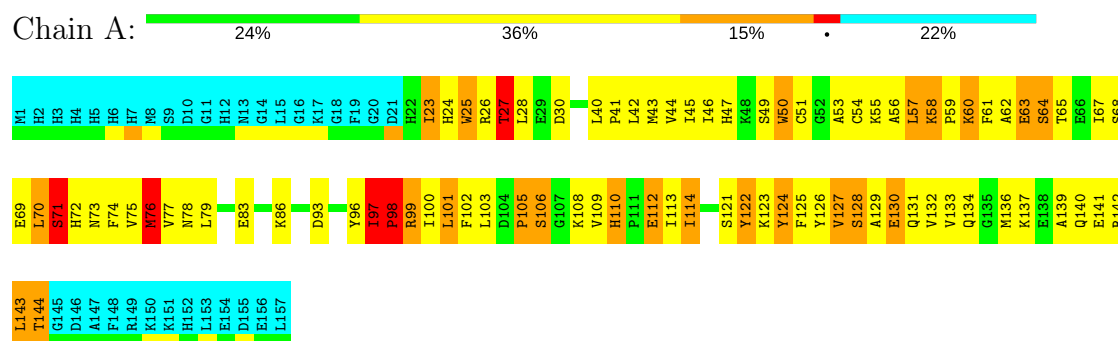
### 4.2.3 Score per residue for model 3

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



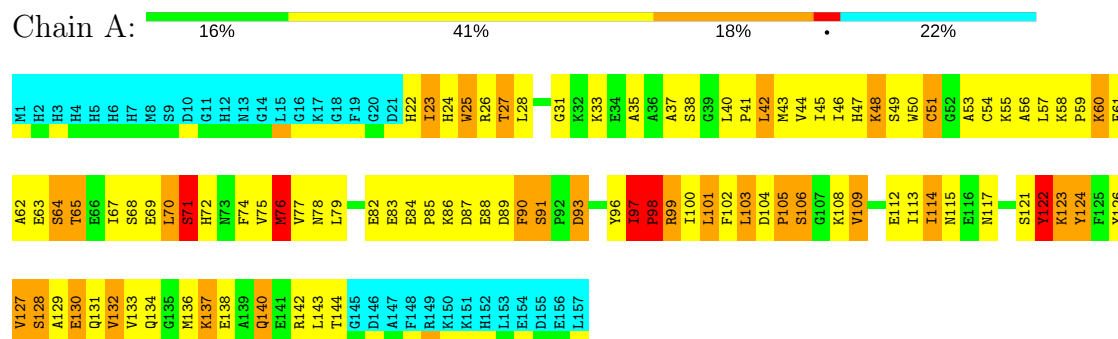
### 4.2.4 Score per residue for model 4

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



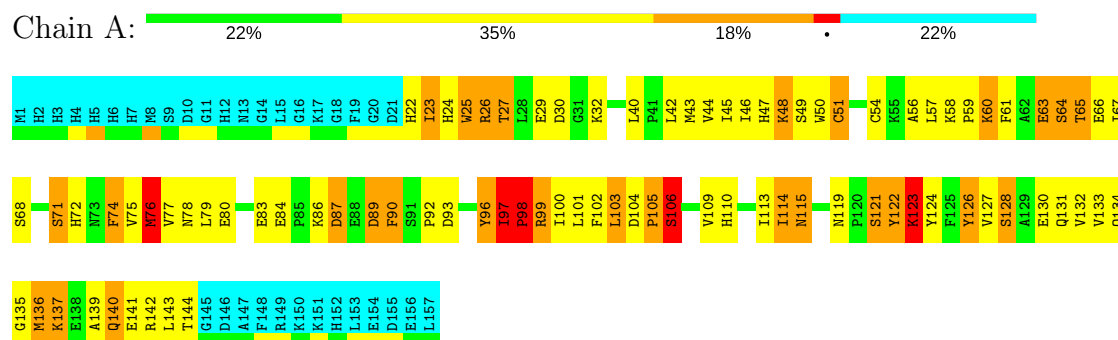
### 4.2.5 Score per residue for model 5

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



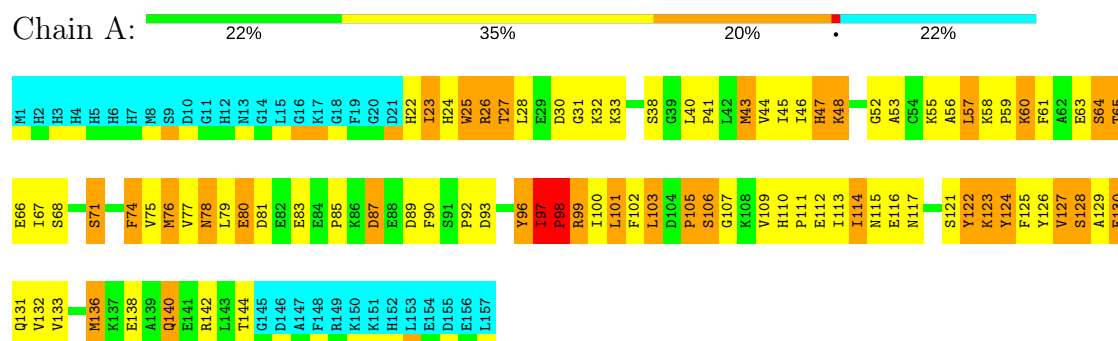
### 4.2.6 Score per residue for model 6

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



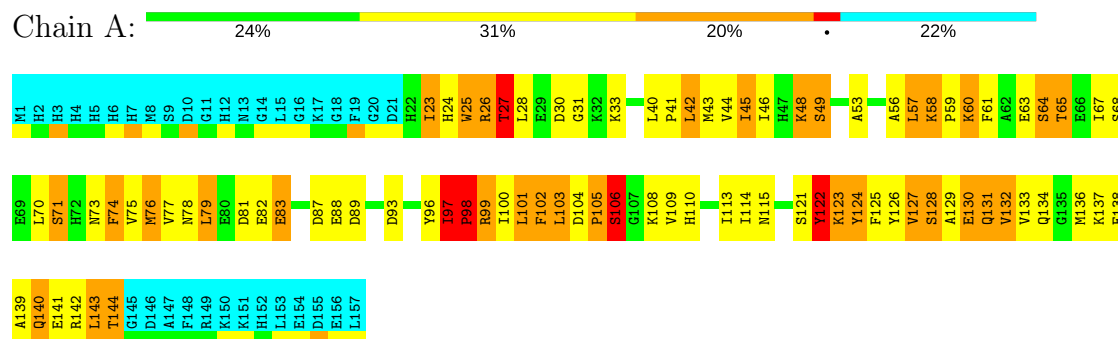
### 4.2.7 Score per residue for model 7

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



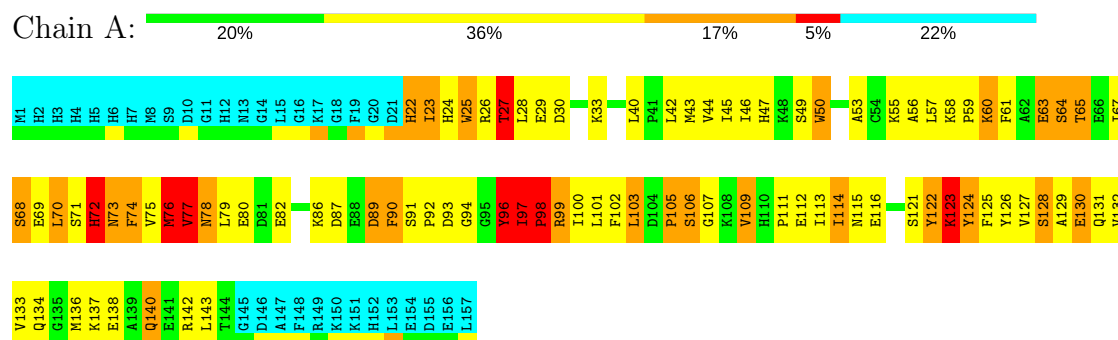
### 4.2.8 Score per residue for model 8

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



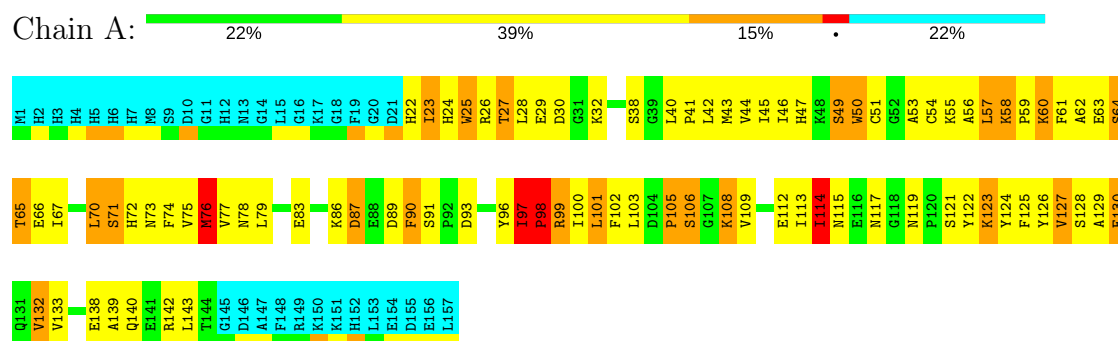
### 4.2.9 Score per residue for model 9

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



### 4.2.10 Score per residue for model 10

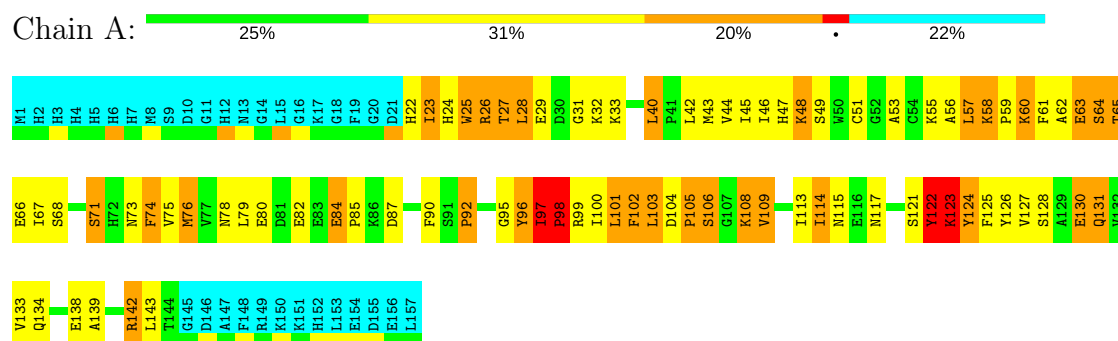
- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12





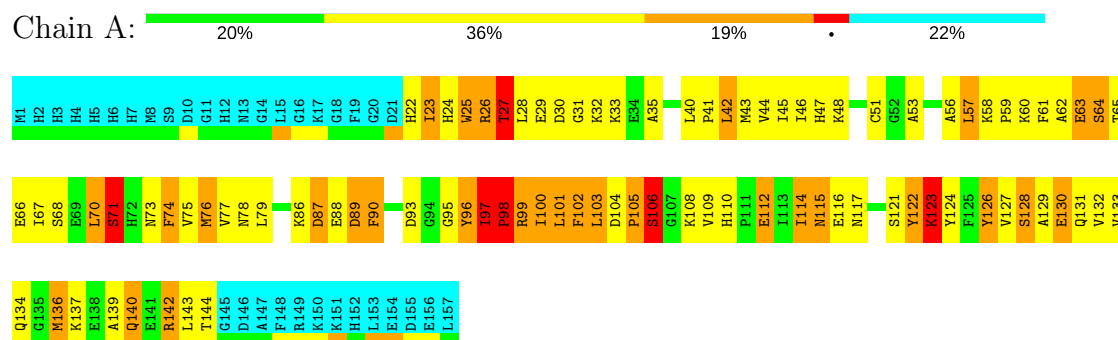
### 4.2.11 Score per residue for model 11

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



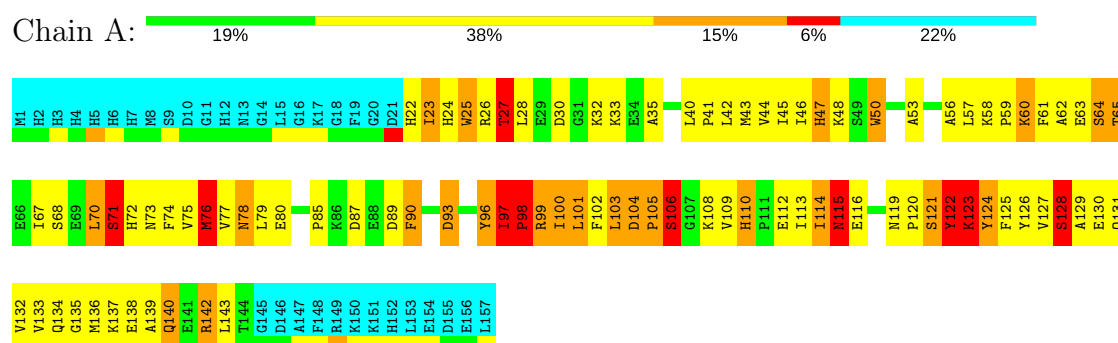
### 4.2.12 Score per residue for model 12

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



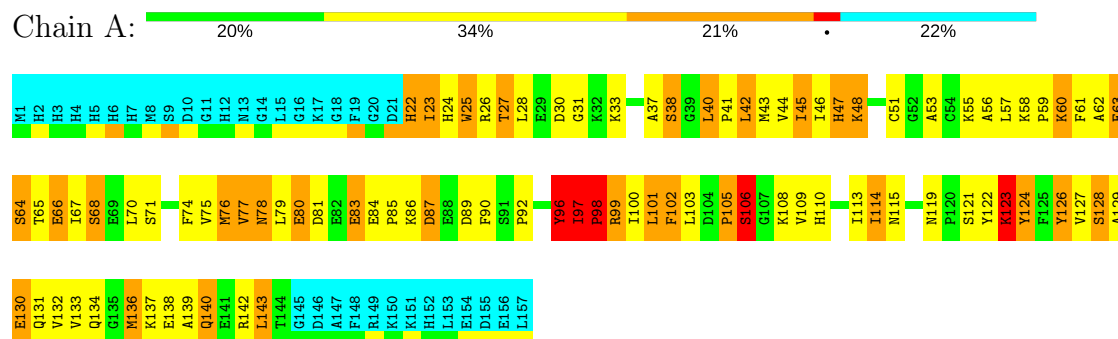
### 4.2.13 Score per residue for model 13

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



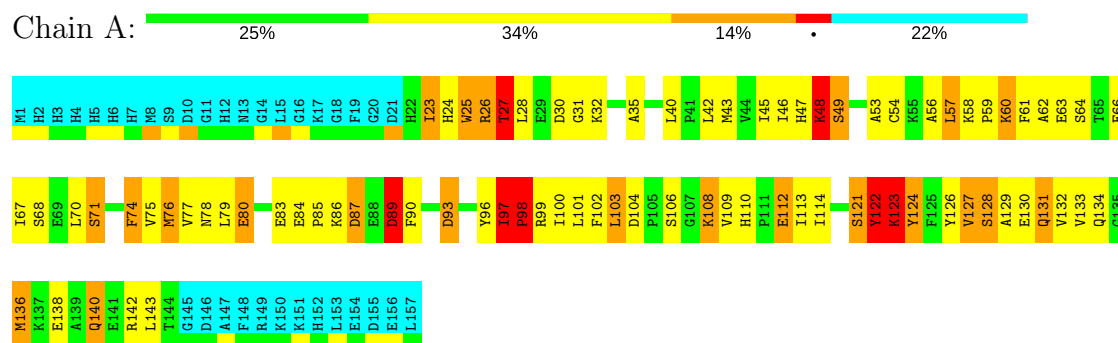
## 4.2.14 Score per residue for model 14

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



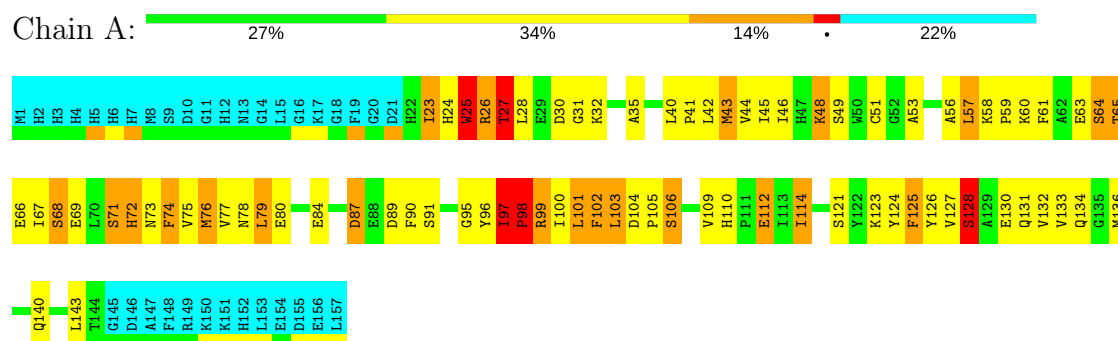
## 4.2.15 Score per residue for model 15

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



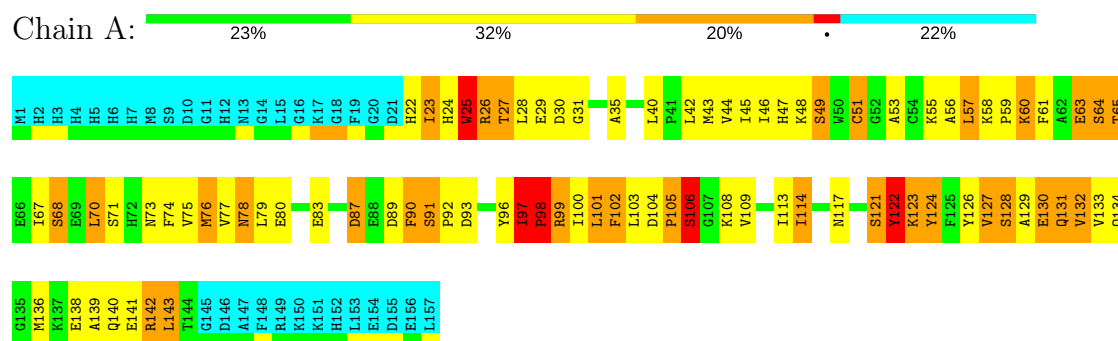
## 4.2.16 Score per residue for model 16

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



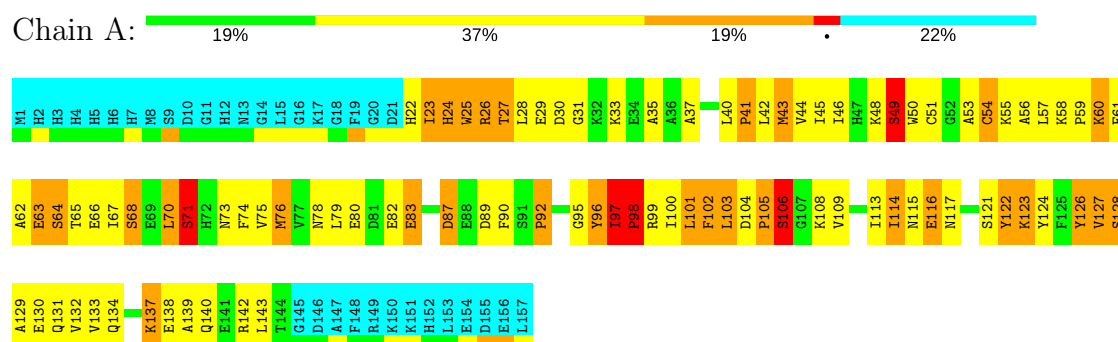
### 4.2.17 Score per residue for model 17

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



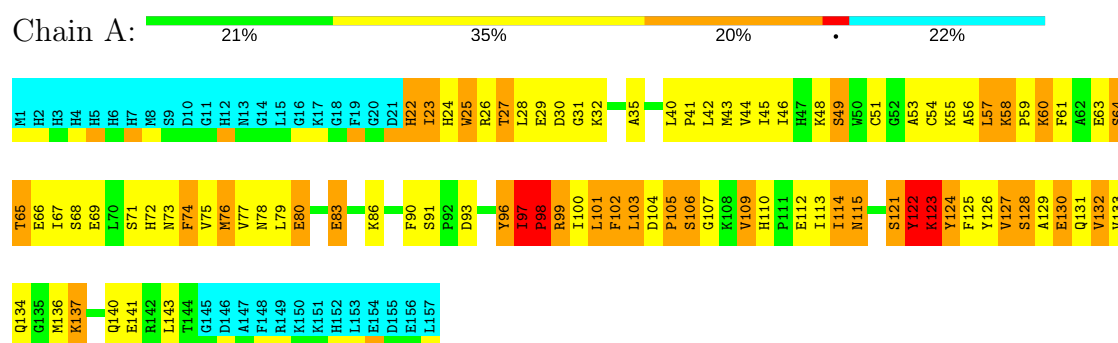
### 4.2.18 Score per residue for model 18

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



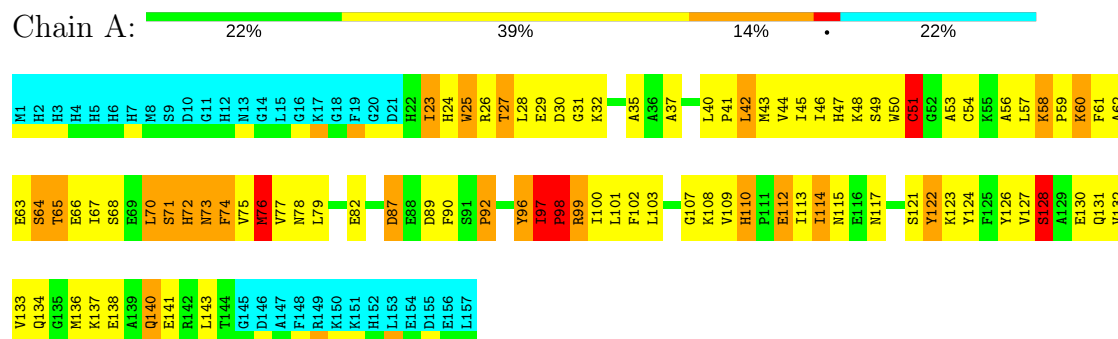
### 4.2.19 Score per residue for model 19

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



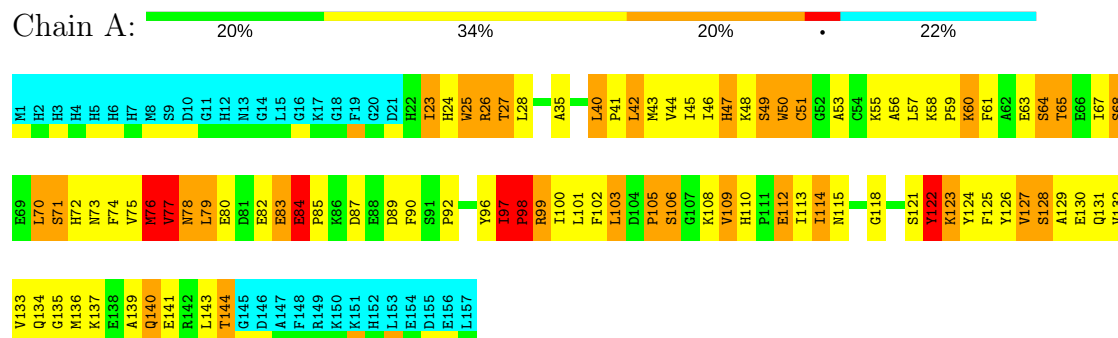
### 4.2.20 Score per residue for model 20

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



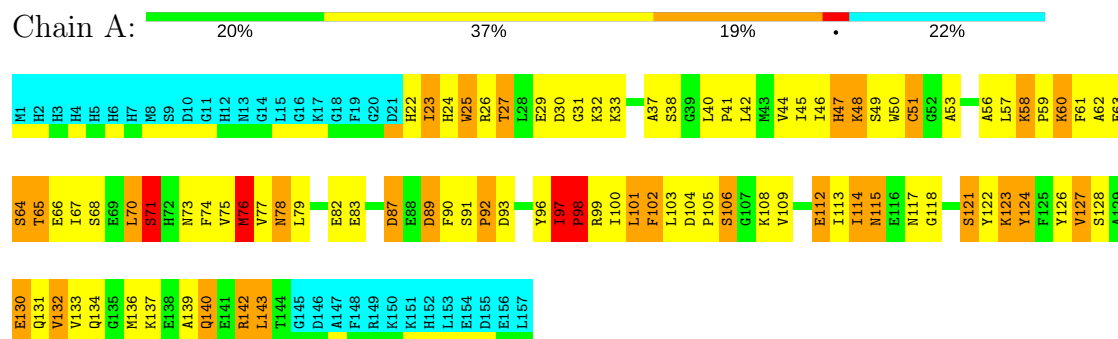
### 4.2.21 Score per residue for model 21

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



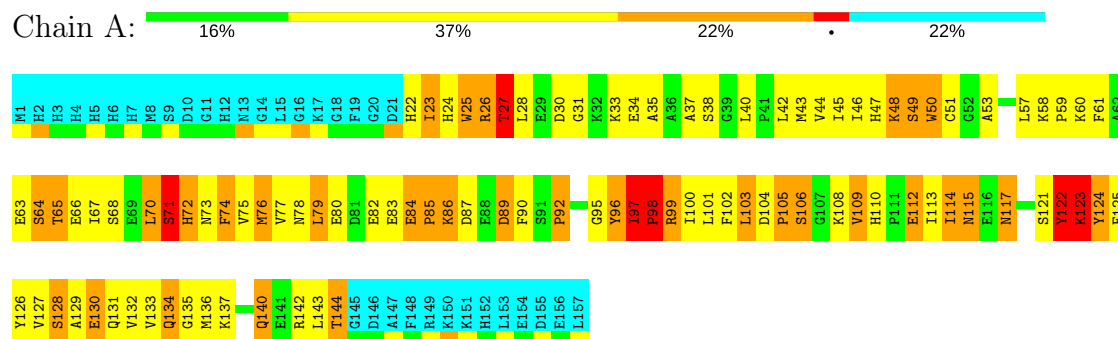
### 4.2.22 Score per residue for model 22 (medoid)

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



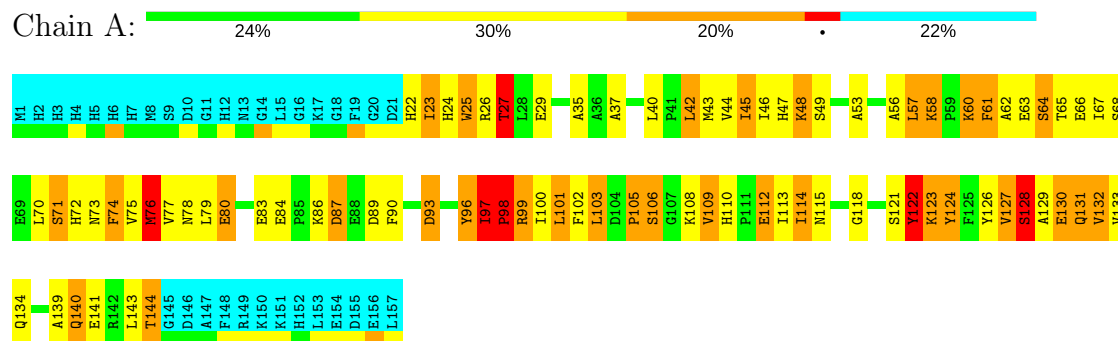
### 4.2.23 Score per residue for model 23

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



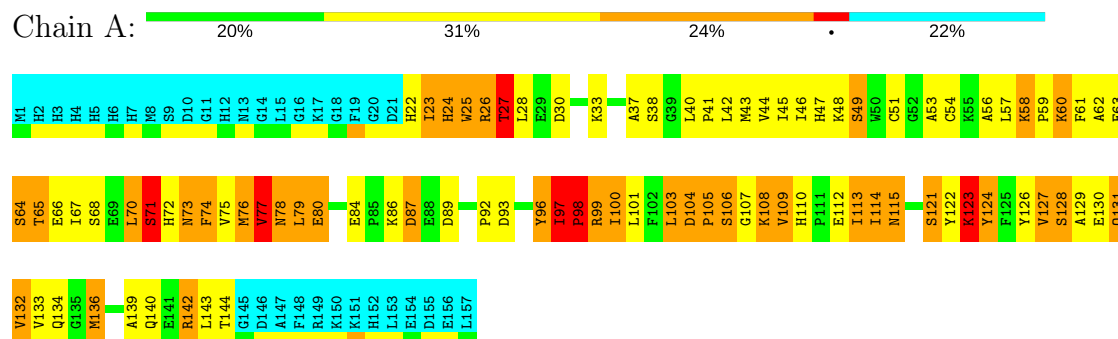
### 4.2.24 Score per residue for model 24

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



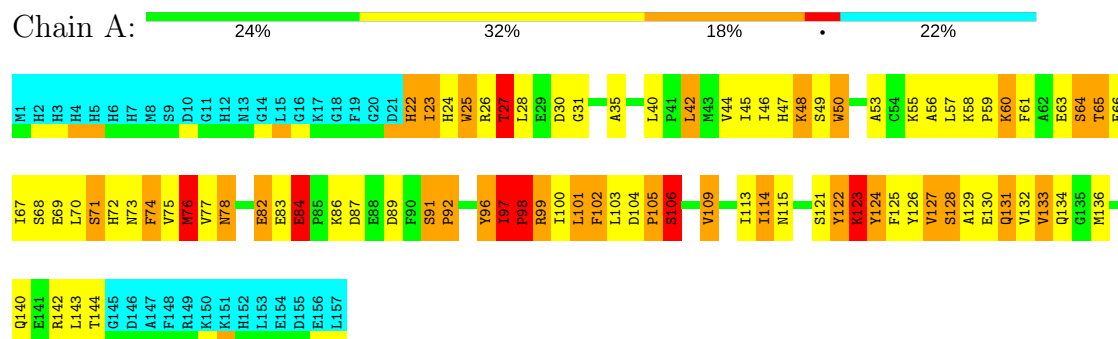
### 4.2.25 Score per residue for model 25

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



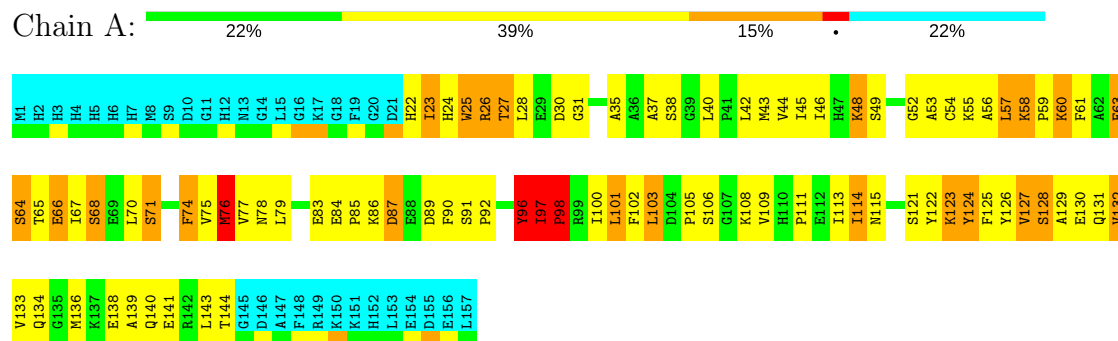
### 4.2.26 Score per residue for model 26

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



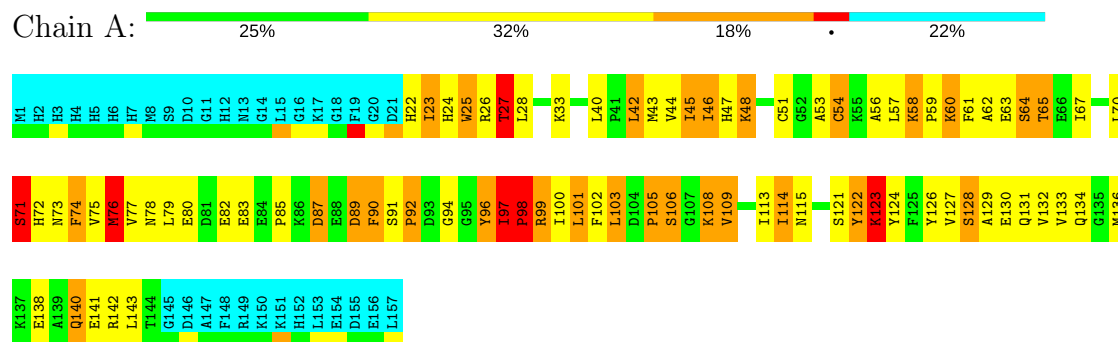
### 4.2.27 Score per residue for model 27

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



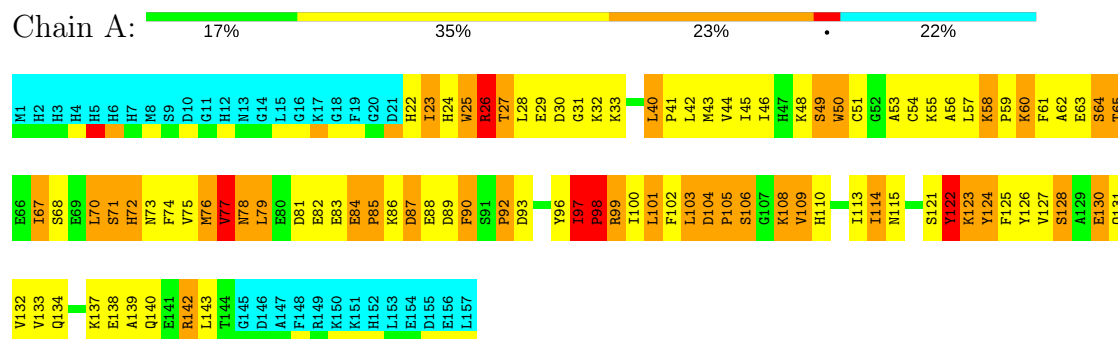
### 4.2.28 Score per residue for model 28

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



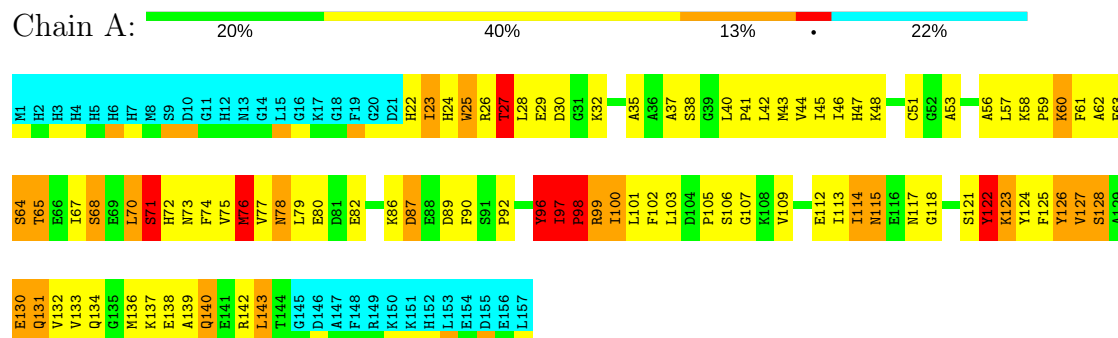
### 4.2.29 Score per residue for model 29

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



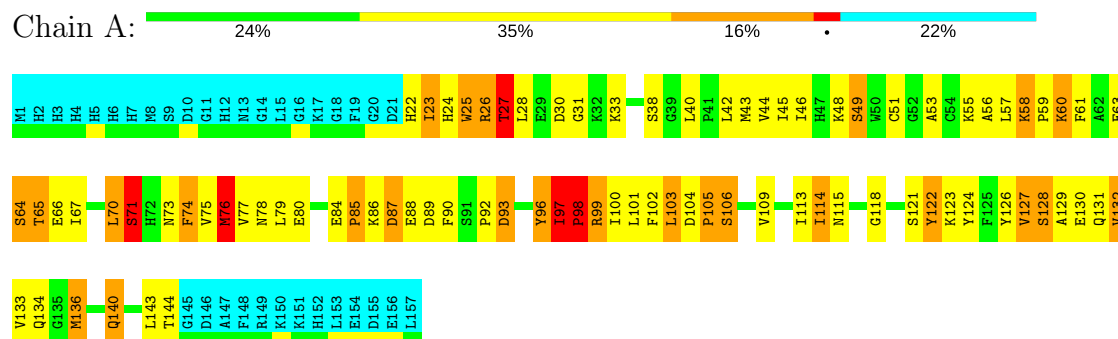
### 4.2.30 Score per residue for model 30

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



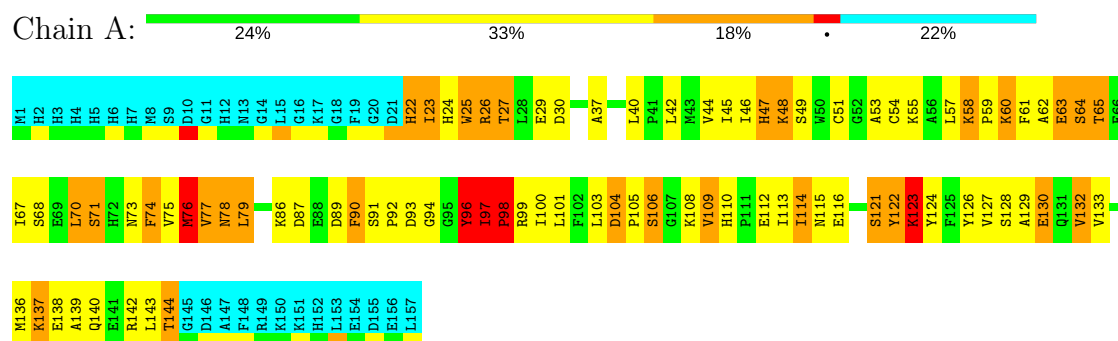
### 4.2.31 Score per residue for model 31

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



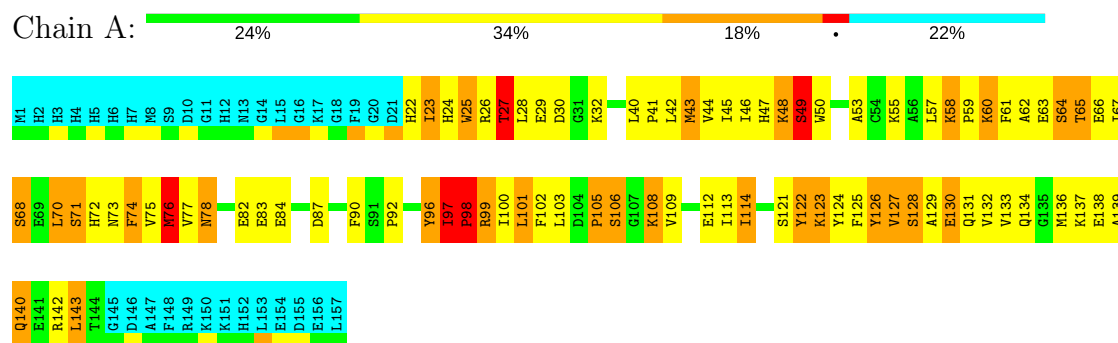
### 4.2.32 Score per residue for model 32

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



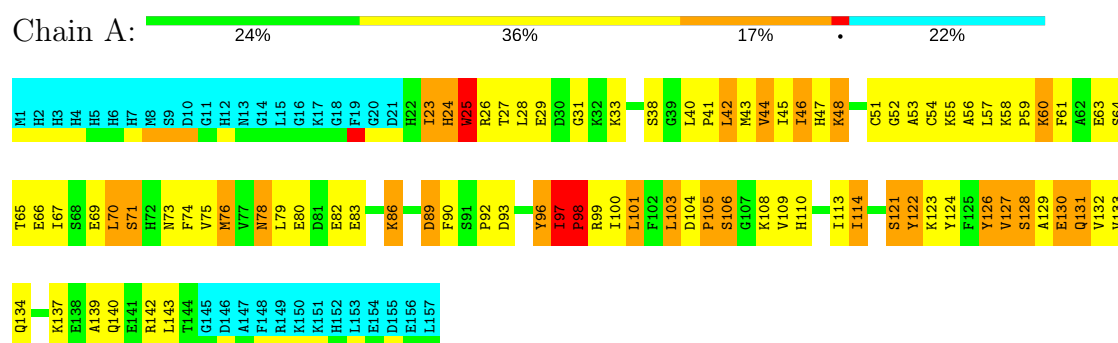
### 4.2.33 Score per residue for model 33

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



### 4.2.34 Score per residue for model 34

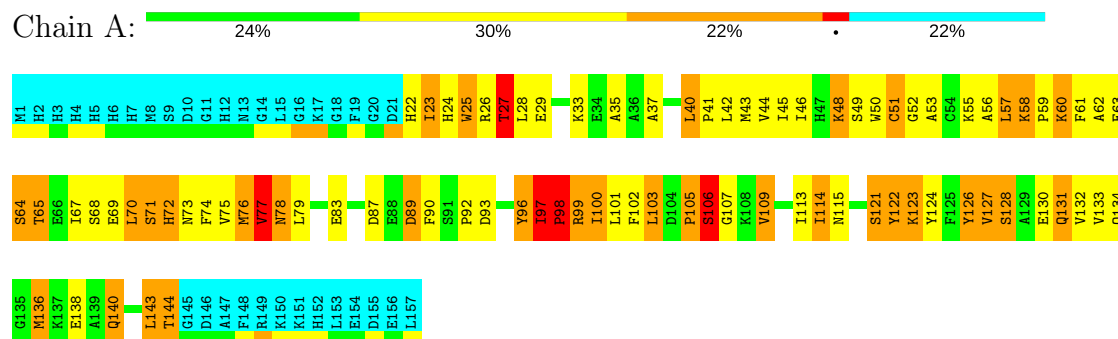
- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12





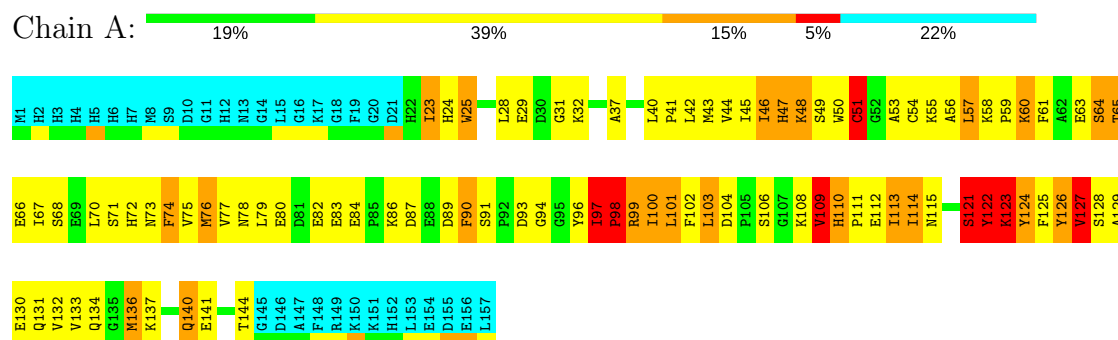
### 4.2.35 Score per residue for model 35

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



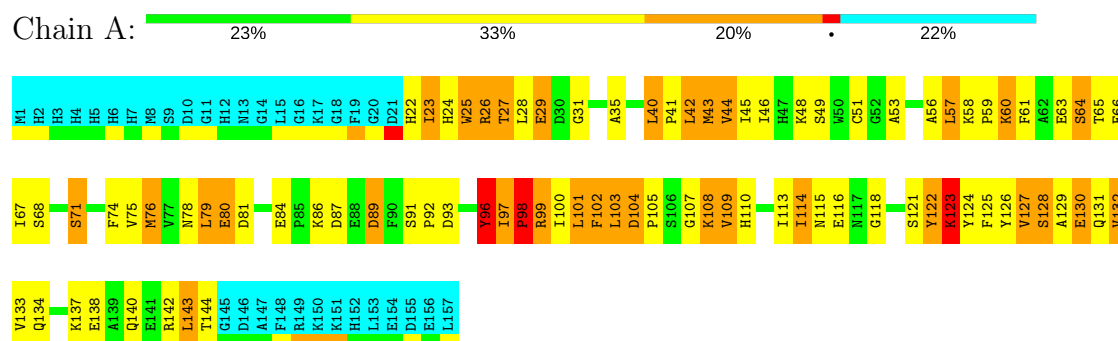
### 4.2.36 Score per residue for model 36

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



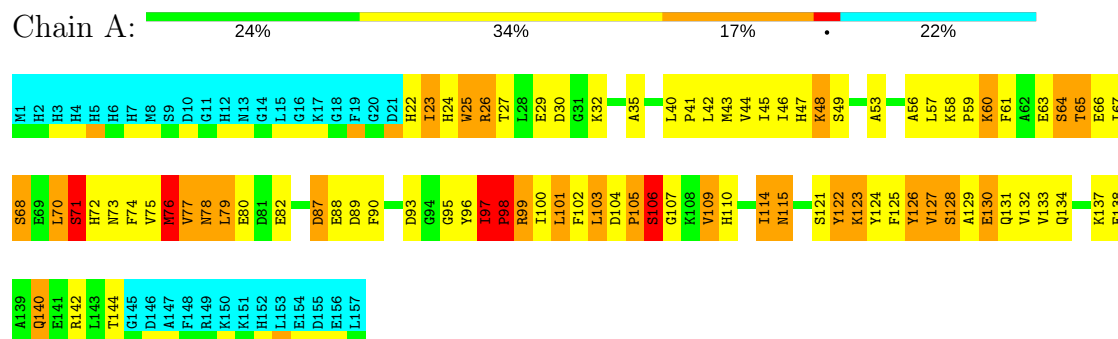
### 4.2.37 Score per residue for model 37

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



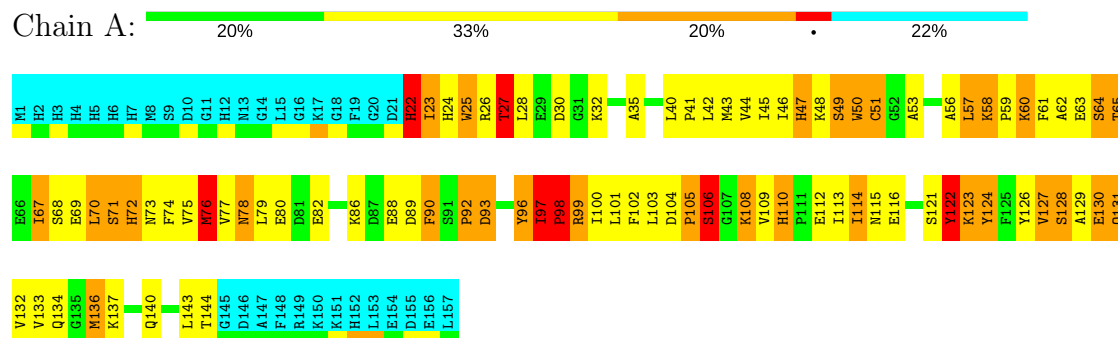
### 4.2.38 Score per residue for model 38

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



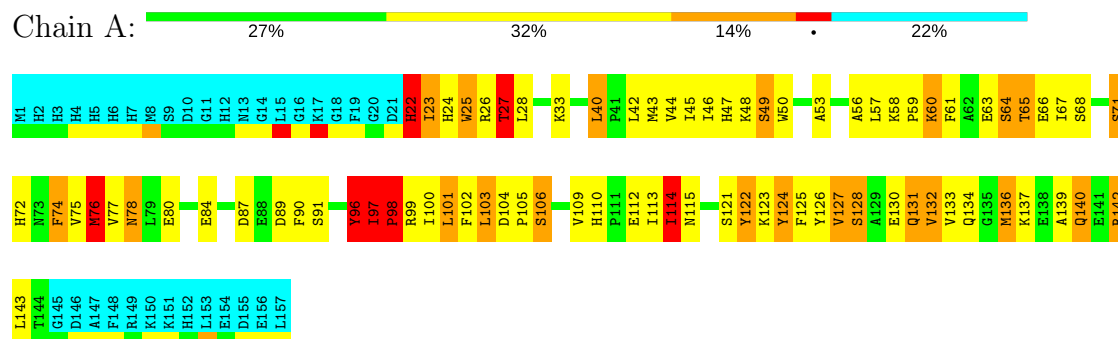
### 4.2.39 Score per residue for model 39

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



### 4.2.40 Score per residue for model 40

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



## 5 Refinement protocol and experimental data overview

The models were refined using the following method: *simulated annealing*.

Of the 100 calculated structures, 40 were deposited, based on the following criterion: *structures with the lowest energy*.

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

Software name	Classification	Version
CNS	structure solution	
TALOS	geometry optimization	
TALOS	refinement	

The following table shows chemical shift validation statistics as aggregates over all chemical shift files. Detailed validation can be found in section 7 of this report.

Chemical shift file(s)	BMRB entry 7430, BMRB entry 15964
Number of chemical shift lists	2
Total number of shifts	2361
Number of shifts mapped to atoms	2361
Number of unparsed shifts	0
Number of shifts with mapping errors	0
Number of shifts with mapping warnings	0
Assignment completeness (well-defined parts)	88%

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	0.30±0.01	0±0/1004 (0.0±0.0%)	0.82±0.01	2±0/1359 (0.1±0.0%)
All	All	0.30	0/40160 (0.0%)	0.82	80/54360 (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	2.0±0.0
All	All	0	80

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	98	PRO	CA-N-CD	-24.15	77.69	111.50	3	40
1	A	97	ILE	C-N-CD	-10.63	97.22	120.60	18	40

There are no chirality outliers.

All unique planar outliers are listed below.

Mol	Chain	Res	Type	Group	Models (Total)
1	A	97	ILE	Mainchain,Peptide	40

### 6.2 Too-close contacts [i](#)

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	978	949	944	122±12
All	All	39120	37960	37760	4897

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 64.

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

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:23:ILE:O	1:A:25:TRP:N	1.18	1.76	2	2
1:A:44:VAL:HG23	1:A:103:LEU:HD11	1.07	1.15	16	5
1:A:44:VAL:HG21	1:A:103:LEU:HD11	1.06	1.28	21	2
1:A:28:LEU:HD12	1:A:79:LEU:HD21	1.05	1.29	39	3
1:A:44:VAL:HG23	1:A:103:LEU:HD22	1.03	1.25	26	13
1:A:23:ILE:O	1:A:76:MET:CG	1.02	2.08	14	1
1:A:45:ILE:HG23	1:A:100:ILE:HG22	1.00	1.32	33	12
1:A:101:LEU:HD23	1:A:109:VAL:HG21	0.98	1.35	9	7
1:A:26:ARG:HB3	1:A:76:MET:HG3	0.96	1.32	8	9
1:A:70:LEU:HD22	1:A:70:LEU:O	0.96	1.60	20	3
1:A:44:VAL:HG21	1:A:103:LEU:HD23	0.95	1.36	27	1
1:A:130:GLU:O	1:A:133:VAL:HG12	0.95	1.62	26	40
1:A:23:ILE:O	1:A:76:MET:HB3	0.95	1.62	8	26
1:A:70:LEU:O	1:A:70:LEU:HD22	0.93	1.62	33	2
1:A:40:LEU:HD11	1:A:75:VAL:HG12	0.93	1.39	19	6
1:A:26:ARG:HB3	1:A:76:MET:CG	0.93	1.94	7	17
1:A:57:LEU:HD12	1:A:58:LYS:N	0.91	1.79	28	6
1:A:46:ILE:HD13	1:A:90:PHE:CD2	0.90	2.01	23	1
1:A:100:ILE:HG21	1:A:126:TYR:CD2	0.90	2.01	30	5
1:A:113:ILE:HD13	1:A:143:LEU:HD22	0.90	1.43	24	9
1:A:67:ILE:HG23	1:A:71:SER:CB	0.90	1.96	9	5
1:A:114:ILE:HG22	1:A:124:TYR:CE1	0.90	2.02	35	23
1:A:89:ASP:O	1:A:101:LEU:HD21	0.89	1.66	3	2
1:A:57:LEU:HD13	1:A:61:PHE:CD2	0.89	2.03	39	4
1:A:103:LEU:HB3	1:A:109:VAL:HA	0.88	1.45	24	27
1:A:56:ALA:HB1	1:A:60:LYS:HE3	0.88	1.45	36	8
1:A:114:ILE:HG22	1:A:124:TYR:CZ	0.88	2.04	31	20
1:A:23:ILE:O	1:A:76:MET:CB	0.88	2.22	14	12
1:A:101:LEU:HD22	1:A:124:TYR:CD2	0.87	2.03	26	3
1:A:53:ALA:HB2	1:A:125:PHE:CE1	0.87	2.04	30	5
1:A:42:LEU:HD12	1:A:77:VAL:HG21	0.86	1.45	22	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:44:VAL:HG12	1:A:101:LEU:O	0.86	1.71	18	1
1:A:57:LEU:HD23	1:A:58:LYS:N	0.85	1.86	10	2
1:A:100:ILE:HD13	1:A:126:TYR:CD2	0.84	2.07	13	3
1:A:42:LEU:HD22	1:A:77:VAL:HG21	0.84	1.49	30	5
1:A:126:TYR:CD1	1:A:132:VAL:HG12	0.84	2.07	30	8
1:A:79:LEU:HD21	1:A:90:PHE:CZ	0.84	2.08	23	2
1:A:45:ILE:HD11	1:A:76:MET:HG2	0.84	1.50	2	1
1:A:24:HIS:ND1	1:A:45:ILE:HD12	0.83	1.87	15	4
1:A:44:VAL:HG21	1:A:109:VAL:HG11	0.83	1.49	36	1
1:A:42:LEU:HD23	1:A:75:VAL:CG1	0.83	2.03	4	4
1:A:67:ILE:HG23	1:A:136:MET:CE	0.83	2.04	26	6
1:A:100:ILE:O	1:A:101:LEU:HD12	0.82	1.73	32	16
1:A:44:VAL:HG21	1:A:103:LEU:HD21	0.82	1.50	9	5
1:A:102:PHE:CD2	1:A:113:ILE:HG22	0.82	2.10	30	3
1:A:101:LEU:C	1:A:101:LEU:HD23	0.82	1.95	36	1
1:A:89:ASP:O	1:A:101:LEU:HD22	0.82	1.75	39	12
1:A:23:ILE:HG22	1:A:24:HIS:CD2	0.82	2.10	10	15
1:A:28:LEU:HD12	1:A:77:VAL:HG12	0.82	1.52	35	2
1:A:44:VAL:CG2	1:A:103:LEU:HD11	0.82	2.04	16	6
1:A:45:ILE:HG23	1:A:78:ASN:HB2	0.82	1.50	14	7
1:A:100:ILE:HD11	1:A:126:TYR:CE1	0.82	2.09	10	4
1:A:75:VAL:HG22	1:A:76:MET:CG	0.82	2.04	21	10
1:A:97:ILE:HB	1:A:98:PRO:HD2	0.82	1.52	20	17
1:A:100:ILE:HD11	1:A:126:TYR:CD1	0.82	2.10	23	1
1:A:40:LEU:CD1	1:A:75:VAL:HG12	0.81	2.05	15	5
1:A:44:VAL:HG11	1:A:109:VAL:HG22	0.81	1.53	30	1
1:A:42:LEU:CB	1:A:103:LEU:HD21	0.81	2.05	22	17
1:A:42:LEU:HD23	1:A:75:VAL:O	0.81	1.75	15	1
1:A:44:VAL:HG21	1:A:103:LEU:HD13	0.81	1.51	8	12
1:A:45:ILE:HD11	1:A:76:MET:CG	0.81	2.06	2	1
1:A:126:TYR:CD2	1:A:132:VAL:HG12	0.80	2.11	12	4
1:A:64:SER:OG	1:A:67:ILE:HD12	0.80	1.76	34	24
1:A:42:LEU:HB2	1:A:103:LEU:HD21	0.80	1.53	40	18
1:A:96:TYR:CE1	1:A:99:ARG:HB2	0.80	2.11	10	2
1:A:113:ILE:HG13	1:A:143:LEU:HD21	0.79	1.53	40	5
1:A:79:LEU:HD21	1:A:90:PHE:CE2	0.79	2.12	34	1
1:A:45:ILE:O	1:A:78:ASN:HA	0.79	1.78	34	23
1:A:23:ILE:O	1:A:76:MET:HG3	0.79	1.74	14	1
1:A:101:LEU:CD2	1:A:109:VAL:HG12	0.79	2.06	36	1
1:A:26:ARG:HB3	1:A:76:MET:SD	0.79	2.17	3	11
1:A:75:VAL:HG22	1:A:76:MET:HG2	0.79	1.53	27	17

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:45:ILE:HG22	1:A:47:HIS:NE2	0.78	1.92	13	9
1:A:26:ARG:HB3	1:A:76:MET:CB	0.78	2.07	33	12
1:A:45:ILE:HG22	1:A:100:ILE:CG2	0.78	2.07	8	1
1:A:100:ILE:HG22	1:A:124:TYR:O	0.78	1.78	1	3
1:A:56:ALA:HB1	1:A:60:LYS:NZ	0.78	1.94	17	2
1:A:58:LYS:O	1:A:62:ALA:HB2	0.78	1.77	1	23
1:A:101:LEU:HD21	1:A:109:VAL:HG12	0.78	1.53	36	1
1:A:26:ARG:CB	1:A:76:MET:HG3	0.78	2.08	22	4
1:A:79:LEU:HD11	1:A:83:GLU:O	0.78	1.78	27	3
1:A:44:VAL:HG12	1:A:46:ILE:HD11	0.78	1.53	28	7
1:A:46:ILE:HD13	1:A:79:LEU:HD23	0.77	1.57	32	1
1:A:103:LEU:HB3	1:A:109:VAL:HG22	0.77	1.57	8	2
1:A:28:LEU:CD1	1:A:79:LEU:HD21	0.77	2.08	39	3
1:A:26:ARG:HG3	1:A:27:THR:HG22	0.77	1.57	27	5
1:A:67:ILE:HG23	1:A:136:MET:HE3	0.77	1.54	19	3
1:A:92:PRO:HD3	1:A:101:LEU:HD21	0.76	1.57	35	7
1:A:53:ALA:HB2	1:A:125:PHE:CD1	0.76	2.14	30	3
1:A:24:HIS:HA	1:A:76:MET:HA	0.76	1.58	7	27
1:A:76:MET:H	1:A:76:MET:HE3	0.76	1.40	28	2
1:A:44:VAL:HG23	1:A:103:LEU:CD2	0.76	2.11	22	14
1:A:23:ILE:HG22	1:A:24:HIS:ND1	0.76	1.95	25	12
1:A:40:LEU:HD22	1:A:74:PHE:HA	0.76	1.58	1	10
1:A:43:MET:HG2	1:A:100:ILE:HD11	0.76	1.57	1	1
1:A:40:LEU:O	1:A:40:LEU:HD12	0.76	1.81	34	14
1:A:128:SER:O	1:A:132:VAL:HG13	0.76	1.80	6	17
1:A:28:LEU:HD23	1:A:77:VAL:HG13	0.76	1.58	10	2
1:A:100:ILE:HD13	1:A:126:TYR:HB2	0.75	1.56	16	9
1:A:79:LEU:HD12	1:A:80:GLU:N	0.75	1.95	37	9
1:A:127:VAL:O	1:A:127:VAL:HG13	0.75	1.81	13	6
1:A:44:VAL:HG13	1:A:101:LEU:HB2	0.75	1.58	20	2
1:A:67:ILE:HA	1:A:70:LEU:CD1	0.75	2.11	29	2
1:A:126:TYR:O	1:A:127:VAL:HG13	0.75	1.82	37	18
1:A:40:LEU:HD12	1:A:41:PRO:O	0.75	1.80	10	8
1:A:24:HIS:CB	1:A:45:ILE:HD12	0.75	2.12	23	6
1:A:48:LYS:HE3	1:A:79:LEU:HD11	0.75	1.57	37	1
1:A:103:LEU:HD22	1:A:109:VAL:HG13	0.75	1.58	36	1
1:A:40:LEU:HD12	1:A:40:LEU:O	0.75	1.82	27	13
1:A:67:ILE:HG23	1:A:136:MET:SD	0.75	2.22	6	1
1:A:103:LEU:HD22	1:A:109:VAL:HB	0.75	1.59	7	1
1:A:57:LEU:HD13	1:A:61:PHE:CG	0.74	2.15	35	3
1:A:53:ALA:HB2	1:A:125:PHE:CE2	0.74	2.17	21	2

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:42:LEU:HD12	1:A:77:VAL:CG2	0.74	2.12	22	1
1:A:113:ILE:HD11	1:A:143:LEU:HD21	0.74	1.58	25	3
1:A:24:HIS:HA	1:A:76:MET:HB2	0.74	1.58	17	10
1:A:42:LEU:HD23	1:A:77:VAL:HG11	0.74	1.59	29	1
1:A:100:ILE:HD13	1:A:126:TYR:CE2	0.74	2.18	13	2
1:A:40:LEU:HD13	1:A:74:PHE:CA	0.74	2.12	12	10
1:A:67:ILE:HG23	1:A:71:SER:HB2	0.74	1.58	9	3
1:A:129:ALA:O	1:A:132:VAL:HG22	0.73	1.83	32	13
1:A:42:LEU:O	1:A:103:LEU:HD12	0.73	1.83	16	2
1:A:45:ILE:HG12	1:A:100:ILE:HG23	0.73	1.60	9	8
1:A:102:PHE:C	1:A:103:LEU:HD23	0.73	2.04	7	6
1:A:96:TYR:CE2	1:A:99:ARG:HB2	0.73	2.19	15	21
1:A:103:LEU:CB	1:A:109:VAL:HA	0.73	2.14	36	26
1:A:43:MET:O	1:A:76:MET:HB3	0.73	1.83	23	5
1:A:100:ILE:C	1:A:101:LEU:HD12	0.73	2.03	1	15
1:A:115:ASN:HB3	1:A:123:LYS:O	0.72	1.83	26	15
1:A:96:TYR:O	1:A:97:ILE:HG23	0.72	1.83	26	3
1:A:42:LEU:HD12	1:A:103:LEU:HD11	0.72	1.60	34	7
1:A:45:ILE:HG23	1:A:100:ILE:HG13	0.72	1.62	21	7
1:A:40:LEU:HD13	1:A:74:PHE:HA	0.72	1.61	12	19
1:A:23:ILE:CG2	1:A:136:MET:HE3	0.72	2.14	16	1
1:A:23:ILE:HG23	1:A:71:SER:OG	0.72	1.83	13	5
1:A:139:ALA:HB1	1:A:143:LEU:HD23	0.72	1.59	33	5
1:A:41:PRO:CB	1:A:143:LEU:HD21	0.72	2.14	4	1
1:A:103:LEU:HD12	1:A:108:LYS:N	0.72	1.99	17	6
1:A:45:ILE:HG23	1:A:100:ILE:CG1	0.72	2.14	29	9
1:A:40:LEU:HD21	1:A:72:HIS:O	0.72	1.83	35	1
1:A:67:ILE:HG23	1:A:136:MET:HE1	0.72	1.61	8	3
1:A:22:HIS:O	1:A:25:TRP:CD1	0.72	2.42	40	12
1:A:114:ILE:HG22	1:A:124:TYR:CE2	0.72	2.19	23	8
1:A:45:ILE:HG22	1:A:100:ILE:HG23	0.72	1.58	8	1
1:A:42:LEU:HA	1:A:75:VAL:O	0.72	1.85	37	8
1:A:44:VAL:CG2	1:A:103:LEU:HD21	0.72	2.13	9	2
1:A:26:ARG:N	1:A:76:MET:HB2	0.72	1.99	39	24
1:A:49:SER:HB2	1:A:97:ILE:HD12	0.72	1.61	18	7
1:A:100:ILE:HD13	1:A:126:TYR:CD1	0.72	2.18	37	2
1:A:45:ILE:HG23	1:A:100:ILE:HG12	0.72	1.60	13	6
1:A:40:LEU:HD11	1:A:72:HIS:O	0.72	1.84	21	1
1:A:23:ILE:HG22	1:A:24:HIS:N	0.71	1.99	23	34
1:A:79:LEU:HD13	1:A:80:GLU:N	0.71	1.99	16	1
1:A:28:LEU:HD12	1:A:77:VAL:HG13	0.71	1.62	27	3

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:100:ILE:HD11	1:A:115:ASN:HB2	0.71	1.61	39	1
1:A:42:LEU:HD22	1:A:77:VAL:CG2	0.71	2.15	25	5
1:A:57:LEU:C	1:A:57:LEU:HD23	0.71	2.04	10	1
1:A:75:VAL:HG22	1:A:76:MET:HG3	0.71	1.61	21	1
1:A:100:ILE:C	1:A:101:LEU:HD23	0.71	2.04	26	5
1:A:40:LEU:HB2	1:A:73:ASN:O	0.71	1.85	9	4
1:A:23:ILE:O	1:A:25:TRP:CG	0.71	2.44	2	1
1:A:103:LEU:HD22	1:A:109:VAL:HG23	0.71	1.62	23	1
1:A:100:ILE:HG21	1:A:126:TYR:CE2	0.71	2.20	33	4
1:A:25:TRP:HA	1:A:76:MET:N	0.71	2.01	2	1
1:A:44:VAL:CG1	1:A:46:ILE:HD11	0.71	2.15	34	5
1:A:49:SER:CB	1:A:97:ILE:HD12	0.71	2.16	39	7
1:A:24:HIS:HA	1:A:76:MET:CG	0.71	2.15	16	10
1:A:53:ALA:O	1:A:57:LEU:HD13	0.71	1.85	27	7
1:A:28:LEU:HD23	1:A:28:LEU:O	0.71	1.86	2	3
1:A:64:SER:HA	1:A:67:ILE:HG23	0.71	1.61	2	1
1:A:79:LEU:HD21	1:A:85:PRO:HG3	0.70	1.61	13	3
1:A:42:LEU:CB	1:A:103:LEU:HD11	0.70	2.16	37	1
1:A:43:MET:C	1:A:77:VAL:HG23	0.70	2.06	29	2
1:A:143:LEU:O	1:A:143:LEU:HD12	0.70	1.87	14	2
1:A:41:PRO:CB	1:A:143:LEU:HD11	0.70	2.15	33	3
1:A:113:ILE:HG21	1:A:139:ALA:HB2	0.70	1.63	6	2
1:A:102:PHE:O	1:A:111:PRO:CD	0.70	2.39	36	1
1:A:22:HIS:CE1	1:A:65:THR:HG23	0.70	2.22	2	1
1:A:60:LYS:HG3	1:A:129:ALA:HB3	0.70	1.61	7	4
1:A:100:ILE:C	1:A:101:LEU:HD13	0.70	2.07	11	5
1:A:113:ILE:HG21	1:A:139:ALA:CB	0.70	2.16	6	6
1:A:140:GLN:O	1:A:144:THR:HG23	0.70	1.86	32	8
1:A:44:VAL:HG13	1:A:101:LEU:CB	0.70	2.17	30	2
1:A:79:LEU:HD11	1:A:84:GLU:HA	0.70	1.61	11	1
1:A:46:ILE:HG22	1:A:98:PRO:HB2	0.70	1.64	4	29
1:A:56:ALA:HB1	1:A:60:LYS:CE	0.70	2.15	36	6
1:A:100:ILE:HG23	1:A:124:TYR:O	0.69	1.87	36	1
1:A:77:VAL:HG12	1:A:77:VAL:O	0.69	1.86	32	10
1:A:128:SER:O	1:A:132:VAL:HG12	0.69	1.86	8	8
1:A:42:LEU:HD22	1:A:75:VAL:CG1	0.69	2.17	40	1
1:A:31:GLY:CA	1:A:75:VAL:HG11	0.69	2.18	1	8
1:A:44:VAL:HB	1:A:103:LEU:HD21	0.69	1.63	21	2
1:A:56:ALA:O	1:A:60:LYS:HB3	0.69	1.88	31	14
1:A:53:ALA:HB2	1:A:126:TYR:O	0.69	1.86	7	6
1:A:101:LEU:CD2	1:A:109:VAL:HG21	0.69	2.18	40	3

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:43:MET:CG	1:A:100:ILE:HD11	0.69	2.17	1	2
1:A:45:ILE:HG22	1:A:47:HIS:CE1	0.68	2.23	21	6
1:A:53:ALA:HB1	1:A:126:TYR:CE2	0.68	2.23	15	1
1:A:125:PHE:CZ	1:A:127:VAL:HG13	0.68	2.23	36	3
1:A:113:ILE:HD11	1:A:143:LEU:HD13	0.68	1.65	19	5
1:A:23:ILE:HG23	1:A:24:HIS:H	0.68	1.48	26	2
1:A:53:ALA:O	1:A:57:LEU:HD22	0.68	1.88	8	5
1:A:26:ARG:HB3	1:A:76:MET:HB3	0.68	1.64	10	6
1:A:31:GLY:CA	1:A:75:VAL:HG21	0.68	2.18	11	5
1:A:45:ILE:HG23	1:A:100:ILE:CG2	0.68	2.15	10	6
1:A:96:TYR:CZ	1:A:99:ARG:HB2	0.68	2.23	23	7
1:A:42:LEU:HD12	1:A:77:VAL:HG11	0.68	1.66	21	1
1:A:46:ILE:HG23	1:A:79:LEU:O	0.68	1.89	8	25
1:A:42:LEU:HD13	1:A:105:PRO:HA	0.68	1.65	35	7
1:A:24:HIS:C	1:A:76:MET:HA	0.68	2.09	9	17
1:A:35:ALA:HB1	1:A:40:LEU:O	0.68	1.87	13	16
1:A:24:HIS:ND1	1:A:76:MET:HG3	0.68	2.04	37	1
1:A:56:ALA:HB1	1:A:60:LYS:HZ3	0.68	1.49	17	1
1:A:44:VAL:CG2	1:A:103:LEU:HD13	0.67	2.19	26	10
1:A:101:LEU:HD13	1:A:109:VAL:HG21	0.67	1.66	16	5
1:A:42:LEU:HB3	1:A:103:LEU:HD11	0.67	1.65	37	1
1:A:76:MET:HE3	1:A:76:MET:H	0.67	1.49	13	1
1:A:60:LYS:HD2	1:A:129:ALA:HB3	0.67	1.65	28	2
1:A:42:LEU:HB3	1:A:77:VAL:HG21	0.67	1.66	13	3
1:A:40:LEU:HD22	1:A:72:HIS:O	0.67	1.89	5	10
1:A:42:LEU:HD23	1:A:75:VAL:HG13	0.67	1.65	4	3
1:A:101:LEU:CD1	1:A:109:VAL:HG21	0.67	2.19	38	6
1:A:25:TRP:HB3	1:A:76:MET:HB2	0.67	1.66	2	1
1:A:103:LEU:HB2	1:A:108:LYS:C	0.67	2.10	36	7
1:A:126:TYR:CE1	1:A:132:VAL:HG12	0.67	2.24	38	4
1:A:44:VAL:HA	1:A:77:VAL:O	0.67	1.90	39	13
1:A:101:LEU:HD23	1:A:109:VAL:HG11	0.67	1.65	31	5
1:A:103:LEU:HD23	1:A:103:LEU:N	0.67	2.05	18	8
1:A:45:ILE:CG2	1:A:100:ILE:HG22	0.67	2.17	33	6
1:A:103:LEU:HD22	1:A:109:VAL:CB	0.67	2.19	7	2
1:A:100:ILE:HD12	1:A:126:TYR:HB2	0.67	1.66	38	2
1:A:126:TYR:CE2	1:A:132:VAL:HG12	0.67	2.24	18	1
1:A:45:ILE:HD11	1:A:47:HIS:CE1	0.67	2.24	14	2
1:A:57:LEU:HD13	1:A:61:PHE:CD1	0.66	2.26	35	3
1:A:24:HIS:CA	1:A:76:MET:HA	0.66	2.21	30	25
1:A:26:ARG:O	1:A:27:THR:HG23	0.66	1.89	22	19

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:45:ILE:HG23	1:A:78:ASN:CA	0.66	2.20	34	1
1:A:42:LEU:HD23	1:A:42:LEU:N	0.66	2.05	28	3
1:A:42:LEU:HA	1:A:75:VAL:HG12	0.66	1.68	20	8
1:A:113:ILE:CD1	1:A:143:LEU:HD13	0.66	2.20	2	3
1:A:25:TRP:HB3	1:A:78:ASN:CB	0.66	2.21	13	13
1:A:40:LEU:HD23	1:A:41:PRO:HD2	0.66	1.66	35	2
1:A:23:ILE:O	1:A:24:HIS:C	0.66	2.33	34	2
1:A:112:GLU:O	1:A:114:ILE:HD13	0.66	1.90	23	7
1:A:43:MET:O	1:A:77:VAL:HG23	0.66	1.90	29	3
1:A:25:TRP:HA	1:A:77:VAL:HA	0.65	1.68	36	1
1:A:24:HIS:HA	1:A:76:MET:HG2	0.65	1.68	23	5
1:A:22:HIS:O	1:A:23:ILE:HG13	0.65	1.91	37	7
1:A:113:ILE:HG13	1:A:143:LEU:HD22	0.65	1.67	15	7
1:A:113:ILE:CD1	1:A:143:LEU:HD21	0.65	2.21	18	4
1:A:103:LEU:HD13	1:A:109:VAL:N	0.65	2.07	21	2
1:A:46:ILE:CD1	1:A:79:LEU:HD23	0.65	2.20	32	1
1:A:46:ILE:HG21	1:A:98:PRO:HB2	0.65	1.66	37	3
1:A:114:ILE:HD12	1:A:123:LYS:HG3	0.65	1.66	15	6
1:A:42:LEU:HD12	1:A:107:GLY:N	0.65	2.07	30	2
1:A:57:LEU:O	1:A:61:PHE:HB3	0.65	1.90	26	28
1:A:70:LEU:HD22	1:A:70:LEU:C	0.65	2.13	9	2
1:A:46:ILE:CG2	1:A:98:PRO:HB2	0.65	2.22	16	19
1:A:103:LEU:HD22	1:A:109:VAL:HA	0.64	1.67	23	2
1:A:89:ASP:O	1:A:101:LEU:HD11	0.64	1.91	22	4
1:A:75:VAL:CG2	1:A:76:MET:SD	0.64	2.85	33	10
1:A:103:LEU:HB3	1:A:109:VAL:CA	0.64	2.22	19	8
1:A:70:LEU:O	1:A:73:ASN:ND2	0.64	2.30	32	24
1:A:97:ILE:CG1	1:A:97:ILE:O	0.64	2.46	38	8
1:A:57:LEU:O	1:A:61:PHE:HB2	0.64	1.91	38	1
1:A:110:HIS:H	1:A:111:PRO:HD3	0.64	1.52	36	1
1:A:23:ILE:HG21	1:A:61:PHE:CE1	0.64	2.28	14	1
1:A:103:LEU:HB3	1:A:109:VAL:N	0.64	2.08	7	3
1:A:100:ILE:HD13	1:A:126:TYR:CG	0.64	2.28	37	1
1:A:46:ILE:HG22	1:A:98:PRO:CB	0.64	2.22	4	12
1:A:26:ARG:HG3	1:A:76:MET:HB3	0.64	1.68	30	6
1:A:100:ILE:O	1:A:101:LEU:HD23	0.64	1.93	5	7
1:A:28:LEU:HG	1:A:77:VAL:HG13	0.64	1.70	4	5
1:A:46:ILE:HG23	1:A:79:LEU:HG	0.64	1.70	34	4
1:A:101:LEU:CD2	1:A:101:LEU:C	0.64	2.65	36	1
1:A:23:ILE:HG22	1:A:24:HIS:CE1	0.64	2.27	25	5
1:A:40:LEU:HD13	1:A:40:LEU:N	0.64	2.08	14	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:31:GLY:HA2	1:A:75:VAL:HG11	0.64	1.68	12	5
1:A:57:LEU:O	1:A:61:PHE:CB	0.63	2.45	38	35
1:A:43:MET:HG3	1:A:45:ILE:HG23	0.63	1.69	8	1
1:A:60:LYS:HG3	1:A:129:ALA:HB2	0.63	1.70	4	2
1:A:125:PHE:CE2	1:A:127:VAL:HG13	0.63	2.29	36	4
1:A:26:ARG:HD3	1:A:27:THR:HG22	0.63	1.69	38	2
1:A:43:MET:SD	1:A:100:ILE:HD11	0.63	2.33	2	1
1:A:77:VAL:O	1:A:77:VAL:HG12	0.63	1.93	22	8
1:A:23:ILE:HG22	1:A:23:ILE:O	0.63	1.93	2	1
1:A:40:LEU:HD22	1:A:73:ASN:O	0.63	1.93	33	3
1:A:23:ILE:HG21	1:A:61:PHE:CZ	0.63	2.28	14	3
1:A:24:HIS:HB3	1:A:75:VAL:HG12	0.63	1.69	2	1
1:A:28:LEU:HD13	1:A:79:LEU:HD21	0.63	1.70	3	1
1:A:101:LEU:HD12	1:A:109:VAL:HG21	0.63	1.70	27	4
1:A:42:LEU:CG	1:A:103:LEU:HD21	0.63	2.23	12	6
1:A:25:TRP:CB	1:A:76:MET:O	0.62	2.46	2	1
1:A:23:ILE:HD13	1:A:64:SER:OG	0.62	1.93	32	1
1:A:46:ILE:HG12	1:A:79:LEU:HB3	0.62	1.71	16	10
1:A:23:ILE:O	1:A:76:MET:SD	0.62	2.57	8	2
1:A:24:HIS:HA	1:A:76:MET:CB	0.62	2.24	16	10
1:A:101:LEU:HD23	1:A:109:VAL:CG2	0.62	2.19	25	3
1:A:70:LEU:HD13	1:A:71:SER:N	0.62	2.09	29	2
1:A:101:LEU:HD12	1:A:109:VAL:CG2	0.62	2.25	26	3
1:A:41:PRO:HB3	1:A:143:LEU:HD11	0.62	1.72	22	4
1:A:101:LEU:HB3	1:A:124:TYR:CD1	0.62	2.29	7	4
1:A:70:LEU:C	1:A:70:LEU:HD22	0.62	2.15	20	3
1:A:103:LEU:HD13	1:A:109:VAL:HG23	0.62	1.72	33	3
1:A:101:LEU:O	1:A:101:LEU:HD23	0.62	1.93	36	1
1:A:49:SER:HB3	1:A:97:ILE:HD12	0.62	1.71	40	2
1:A:45:ILE:HB	1:A:100:ILE:HD12	0.62	1.72	36	1
1:A:44:VAL:HG22	1:A:77:VAL:HB	0.62	1.72	25	1
1:A:53:ALA:HA	1:A:127:VAL:HG12	0.62	1.71	9	1
1:A:102:PHE:CE1	1:A:143:LEU:HD21	0.62	2.29	22	1
1:A:97:ILE:O	1:A:97:ILE:CG1	0.61	2.48	3	6
1:A:44:VAL:HG12	1:A:46:ILE:CD1	0.61	2.25	37	2
1:A:40:LEU:CD2	1:A:74:PHE:HA	0.61	2.25	16	3
1:A:25:TRP:N	1:A:76:MET:CB	0.61	2.63	8	2
1:A:42:LEU:HD22	1:A:75:VAL:HG12	0.61	1.70	40	1
1:A:46:ILE:HD12	1:A:90:PHE:HA	0.61	1.72	32	3
1:A:97:ILE:CB	1:A:98:PRO:HD2	0.61	2.21	20	19
1:A:44:VAL:HG23	1:A:103:LEU:HB2	0.61	1.70	27	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:27:THR:HG23	1:A:30:ASP:HB2	0.61	1.71	26	2
1:A:24:HIS:CG	1:A:45:ILE:HD12	0.61	2.30	16	6
1:A:42:LEU:O	1:A:103:LEU:HD23	0.61	1.96	1	17
1:A:57:LEU:HD13	1:A:61:PHE:HB2	0.61	1.71	11	6
1:A:40:LEU:HD13	1:A:75:VAL:N	0.61	2.11	15	5
1:A:79:LEU:HD11	1:A:90:PHE:CE2	0.61	2.30	23	1
1:A:46:ILE:HD13	1:A:90:PHE:CG	0.61	2.30	23	1
1:A:46:ILE:HD12	1:A:99:ARG:O	0.61	1.96	16	2
1:A:25:TRP:HB3	1:A:78:ASN:HB3	0.61	1.71	28	26
1:A:58:LYS:HB2	1:A:59:PRO:HD3	0.60	1.72	26	17
1:A:45:ILE:O	1:A:78:ASN:ND2	0.60	2.34	31	16
1:A:42:LEU:HB3	1:A:103:LEU:HD21	0.60	1.72	22	7
1:A:26:ARG:CB	1:A:76:MET:CB	0.60	2.79	38	5
1:A:44:VAL:HG21	1:A:109:VAL:HG23	0.60	1.70	26	2
1:A:44:VAL:HG22	1:A:77:VAL:CG1	0.60	2.26	40	1
1:A:102:PHE:CD2	1:A:113:ILE:HG21	0.60	2.31	28	1
1:A:96:TYR:CE2	1:A:99:ARG:HG2	0.60	2.32	25	4
1:A:24:HIS:CD2	1:A:76:MET:HG3	0.60	2.30	12	4
1:A:102:PHE:CD1	1:A:113:ILE:HG22	0.60	2.30	27	4
1:A:25:TRP:CH2	1:A:61:PHE:CE1	0.60	2.89	34	2
1:A:42:LEU:HD11	1:A:107:GLY:H	0.60	1.55	20	1
1:A:139:ALA:HB1	1:A:143:LEU:CB	0.60	2.26	29	3
1:A:42:LEU:HB2	1:A:103:LEU:CD2	0.60	2.27	39	5
1:A:45:ILE:HG23	1:A:78:ASN:HA	0.60	1.71	34	1
1:A:114:ILE:HD12	1:A:123:LYS:CG	0.60	2.27	12	5
1:A:25:TRP:HB2	1:A:76:MET:O	0.60	1.96	2	1
1:A:28:LEU:HD12	1:A:77:VAL:CG1	0.60	2.26	8	3
1:A:58:LYS:HB2	1:A:59:PRO:CD	0.60	2.27	35	12
1:A:46:ILE:HD13	1:A:98:PRO:HB3	0.60	1.73	16	1
1:A:114:ILE:HB	1:A:123:LYS:HB3	0.60	1.71	22	7
1:A:101:LEU:HD13	1:A:124:TYR:CE2	0.60	2.31	26	1
1:A:53:ALA:O	1:A:57:LEU:HD23	0.60	1.97	34	14
1:A:43:MET:HB3	1:A:76:MET:HB3	0.60	1.74	37	8
1:A:102:PHE:HB3	1:A:113:ILE:HB	0.60	1.73	3	3
1:A:44:VAL:CG2	1:A:103:LEU:HD22	0.59	2.15	26	7
1:A:100:ILE:O	1:A:124:TYR:CD1	0.59	2.55	30	10
1:A:113:ILE:HD11	1:A:143:LEU:CD2	0.59	2.26	25	3
1:A:114:ILE:HG22	1:A:124:TYR:CD1	0.59	2.32	12	6
1:A:102:PHE:O	1:A:111:PRO:HD3	0.59	1.98	36	1
1:A:44:VAL:CG2	1:A:109:VAL:HG11	0.59	2.25	36	1
1:A:103:LEU:HD23	1:A:109:VAL:CA	0.59	2.28	24	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:24:HIS:HB2	1:A:45:ILE:HD12	0.59	1.74	23	2
1:A:40:LEU:HG	1:A:74:PHE:HA	0.59	1.74	11	1
1:A:125:PHE:CE1	1:A:127:VAL:HG13	0.59	2.33	21	3
1:A:103:LEU:HB2	1:A:109:VAL:N	0.59	2.12	36	4
1:A:23:ILE:HG22	1:A:24:HIS:CG	0.59	2.33	28	21
1:A:97:ILE:O	1:A:97:ILE:HG12	0.59	1.98	38	7
1:A:25:TRP:HA	1:A:76:MET:CA	0.59	2.28	34	1
1:A:103:LEU:HD22	1:A:107:GLY:C	0.59	2.18	35	2
1:A:101:LEU:HD13	1:A:101:LEU:N	0.59	2.12	4	4
1:A:42:LEU:HD23	1:A:75:VAL:HG12	0.59	1.74	25	3
1:A:23:ILE:HG23	1:A:136:MET:HE3	0.59	1.74	16	1
1:A:47:HIS:CD2	1:A:47:HIS:N	0.59	2.71	36	11
1:A:45:ILE:O	1:A:45:ILE:HG23	0.59	1.97	36	2
1:A:79:LEU:HD21	1:A:85:PRO:CG	0.59	2.28	13	2
1:A:75:VAL:HG22	1:A:76:MET:SD	0.58	2.37	25	4
1:A:103:LEU:HD13	1:A:109:VAL:HG22	0.58	1.75	36	1
1:A:24:HIS:O	1:A:26:ARG:N	0.58	2.36	2	1
1:A:44:VAL:O	1:A:44:VAL:HG13	0.58	1.98	30	2
1:A:100:ILE:HD12	1:A:126:TYR:CG	0.58	2.32	24	1
1:A:127:VAL:HG13	1:A:127:VAL:O	0.58	1.97	31	3
1:A:40:LEU:CD1	1:A:74:PHE:HA	0.58	2.28	29	7
1:A:133:VAL:HG22	1:A:137:LYS:HE3	0.58	1.75	5	1
1:A:127:VAL:O	1:A:128:SER:CB	0.58	2.52	37	29
1:A:40:LEU:C	1:A:40:LEU:HD12	0.58	2.18	4	12
1:A:42:LEU:HD13	1:A:75:VAL:O	0.58	1.97	23	1
1:A:103:LEU:HD22	1:A:109:VAL:HG22	0.58	1.75	19	2
1:A:48:LYS:CE	1:A:79:LEU:HD11	0.58	2.27	37	1
1:A:140:GLN:O	1:A:144:THR:HG22	0.58	1.99	21	1
1:A:43:MET:O	1:A:77:VAL:HB	0.58	1.99	10	3
1:A:103:LEU:HD12	1:A:107:GLY:HA2	0.58	1.74	7	1
1:A:100:ILE:O	1:A:124:TYR:HB3	0.58	1.99	11	3
1:A:27:THR:H	1:A:76:MET:HB2	0.58	1.59	21	3
1:A:25:TRP:HB3	1:A:76:MET:CB	0.58	2.28	2	1
1:A:31:GLY:HA2	1:A:75:VAL:HG21	0.58	1.75	29	8
1:A:42:LEU:HD13	1:A:75:VAL:HG12	0.58	1.75	22	1
1:A:57:LEU:HD13	1:A:61:PHE:CB	0.58	2.29	11	1
1:A:58:LYS:CB	1:A:59:PRO:CD	0.58	2.82	3	26
1:A:26:ARG:CB	1:A:75:VAL:HG23	0.58	2.28	16	2
1:A:45:ILE:HG13	1:A:100:ILE:HG22	0.58	1.76	34	2
1:A:101:LEU:CD1	1:A:101:LEU:N	0.58	2.67	18	4
1:A:84:GLU:N	1:A:85:PRO:HD2	0.58	2.14	5	1

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:75:VAL:CG2	1:A:76:MET:HG2	0.57	2.29	32	3
1:A:47:HIS:N	1:A:47:HIS:CD2	0.57	2.70	39	9
1:A:25:TRP:HE3	1:A:78:ASN:HB2	0.57	1.59	36	14
1:A:40:LEU:HD22	1:A:73:ASN:C	0.57	2.19	18	3
1:A:119:ASN:HB2	1:A:122:TYR:CE2	0.57	2.34	10	1
1:A:24:HIS:HB2	1:A:25:TRP:CZ3	0.57	2.34	37	35
1:A:70:LEU:HD23	1:A:136:MET:SD	0.57	2.38	36	2
1:A:89:ASP:O	1:A:109:VAL:HG11	0.57	1.99	37	1
1:A:44:VAL:HG13	1:A:44:VAL:O	0.57	2.00	18	1
1:A:113:ILE:HG21	1:A:143:LEU:HD22	0.57	1.74	39	2
1:A:112:GLU:O	1:A:113:ILE:C	0.57	2.42	36	1
1:A:103:LEU:N	1:A:103:LEU:HD12	0.57	2.14	25	1
1:A:58:LYS:HB3	1:A:59:PRO:HD3	0.57	1.75	38	4
1:A:100:ILE:HD13	1:A:126:TYR:CZ	0.57	2.35	33	1
1:A:102:PHE:CE1	1:A:143:LEU:HD12	0.57	2.34	35	1
1:A:40:LEU:HD12	1:A:40:LEU:C	0.57	2.20	13	8
1:A:97:ILE:N	1:A:97:ILE:CD1	0.57	2.67	19	5
1:A:31:GLY:C	1:A:75:VAL:HG21	0.57	2.20	11	1
1:A:64:SER:O	1:A:67:ILE:N	0.57	2.38	29	40
1:A:26:ARG:N	1:A:76:MET:CB	0.57	2.68	31	22
1:A:46:ILE:HA	1:A:79:LEU:O	0.57	1.99	13	7
1:A:46:ILE:HD13	1:A:90:PHE:HA	0.57	1.76	36	2
1:A:96:TYR:CD2	1:A:99:ARG:CD	0.57	2.87	32	4
1:A:70:LEU:HD23	1:A:73:ASN:HD21	0.57	1.60	23	3
1:A:53:ALA:HB1	1:A:126:TYR:O	0.57	1.99	3	2
1:A:28:LEU:HD23	1:A:77:VAL:CG1	0.57	2.29	10	1
1:A:44:VAL:O	1:A:100:ILE:HG13	0.57	2.00	36	1
1:A:131:GLN:HA	1:A:134:GLN:CG	0.56	2.30	33	19
1:A:100:ILE:O	1:A:100:ILE:HD13	0.56	1.99	35	1
1:A:50:TRP:CZ2	1:A:97:ILE:HD11	0.56	2.35	26	1
1:A:26:ARG:CB	1:A:76:MET:CG	0.56	2.80	32	8
1:A:40:LEU:HD13	1:A:74:PHE:C	0.56	2.21	15	7
1:A:26:ARG:CB	1:A:76:MET:SD	0.56	2.94	7	12
1:A:22:HIS:HB2	1:A:26:ARG:HG2	0.56	1.75	30	3
1:A:35:ALA:HB2	1:A:75:VAL:HG11	0.56	1.77	39	3
1:A:79:LEU:HD11	1:A:90:PHE:HE2	0.56	1.60	23	1
1:A:129:ALA:HA	1:A:132:VAL:CG1	0.56	2.30	26	9
1:A:103:LEU:CD2	1:A:109:VAL:HG23	0.56	2.30	23	1
1:A:113:ILE:HD13	1:A:143:LEU:HD11	0.56	1.77	23	1
1:A:23:ILE:CG2	1:A:24:HIS:CE1	0.56	2.88	40	11
1:A:54:CYS:HA	1:A:57:LEU:HB3	0.56	1.77	19	2

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:79:LEU:HD12	1:A:80:GLU:H	0.56	1.60	19	4
1:A:31:GLY:O	1:A:35:ALA:HB2	0.56	2.00	19	7
1:A:97:ILE:CD1	1:A:97:ILE:N	0.56	2.69	7	5
1:A:113:ILE:HD13	1:A:143:LEU:CD2	0.56	2.25	34	2
1:A:44:VAL:HG21	1:A:103:LEU:CD2	0.56	2.26	38	1
1:A:42:LEU:HD23	1:A:77:VAL:HG21	0.56	1.77	31	2
1:A:57:LEU:HD11	1:A:61:PHE:CD2	0.56	2.36	40	1
1:A:97:ILE:HG12	1:A:97:ILE:O	0.56	2.00	36	4
1:A:139:ALA:HB1	1:A:143:LEU:HB3	0.56	1.74	11	3
1:A:56:ALA:HB1	1:A:60:LYS:HD2	0.56	1.76	2	3
1:A:28:LEU:O	1:A:28:LEU:HD13	0.56	2.00	10	1
1:A:58:LYS:CB	1:A:59:PRO:HD3	0.56	2.31	30	14
1:A:28:LEU:HB2	1:A:77:VAL:HG21	0.56	1.76	19	3
1:A:46:ILE:HG12	1:A:79:LEU:HG	0.56	1.78	1	5
1:A:57:LEU:HG	1:A:61:PHE:HB2	0.56	1.78	27	2
1:A:67:ILE:HA	1:A:70:LEU:HD12	0.56	1.77	28	1
1:A:25:TRP:HD1	1:A:26:ARG:H	0.56	1.43	2	1
1:A:102:PHE:CG	1:A:113:ILE:HG22	0.56	2.36	5	3
1:A:44:VAL:HG11	1:A:109:VAL:CG2	0.56	2.29	30	1
1:A:24:HIS:CG	1:A:43:MET:HG2	0.55	2.36	20	15
1:A:56:ALA:O	1:A:60:LYS:HG2	0.55	2.01	2	10
1:A:23:ILE:O	1:A:76:MET:HG2	0.55	2.00	11	3
1:A:71:SER:O	1:A:74:PHE:O	0.55	2.24	16	24
1:A:113:ILE:CG2	1:A:139:ALA:HB2	0.55	2.31	6	2
1:A:53:ALA:HB1	1:A:100:ILE:HD11	0.55	1.76	13	1
1:A:25:TRP:HB3	1:A:78:ASN:HB2	0.55	1.78	13	5
1:A:26:ARG:HB2	1:A:75:VAL:HG23	0.55	1.78	19	3
1:A:79:LEU:HD13	1:A:83:GLU:O	0.55	2.01	28	1
1:A:28:LEU:HA	1:A:77:VAL:HG13	0.55	1.77	35	4
1:A:44:VAL:HG23	1:A:103:LEU:HD21	0.55	1.78	32	3
1:A:114:ILE:HG13	1:A:123:LYS:CD	0.55	2.32	10	6
1:A:40:LEU:HD13	1:A:73:ASN:O	0.55	2.01	39	1
1:A:23:ILE:HD13	1:A:61:PHE:CE2	0.55	2.36	16	1
1:A:24:HIS:HB2	1:A:76:MET:HG3	0.55	1.78	34	1
1:A:75:VAL:O	1:A:77:VAL:HG22	0.55	2.02	9	3
1:A:96:TYR:CZ	1:A:122:TYR:CD1	0.55	2.94	36	1
1:A:127:VAL:O	1:A:128:SER:HB2	0.55	2.02	9	2
1:A:23:ILE:HD11	1:A:67:ILE:HG22	0.55	1.77	26	1
1:A:100:ILE:HD13	1:A:101:LEU:N	0.55	2.16	1	1
1:A:58:LYS:O	1:A:62:ALA:CB	0.55	2.55	29	3
1:A:42:LEU:HD23	1:A:105:PRO:HA	0.55	1.78	21	1

Continued on next page...



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:31:GLY:HA3	1:A:75:VAL:HG21	0.55	1.77	18	1
1:A:75:VAL:HG23	1:A:76:MET:SD	0.55	2.42	7	6
1:A:57:LEU:O	1:A:61:PHE:N	0.55	2.39	1	28
1:A:113:ILE:CG1	1:A:143:LEU:HD21	0.55	2.30	40	2
1:A:100:ILE:HD12	1:A:124:TYR:O	0.55	2.02	28	1
1:A:44:VAL:HG12	1:A:44:VAL:O	0.54	2.02	39	4
1:A:24:HIS:HB2	1:A:45:ILE:HG21	0.54	1.78	14	2
1:A:113:ILE:HG13	1:A:143:LEU:HD13	0.54	1.79	27	4
1:A:43:MET:HB2	1:A:74:PHE:HB3	0.54	1.77	29	3
1:A:74:PHE:CG	1:A:76:MET:HE1	0.54	2.37	19	1
1:A:100:ILE:HG21	1:A:126:TYR:CE1	0.54	2.38	32	2
1:A:25:TRP:HA	1:A:76:MET:C	0.54	2.22	34	1
1:A:24:HIS:O	1:A:78:ASN:N	0.54	2.40	35	7
1:A:26:ARG:HB2	1:A:76:MET:HE3	0.54	1.79	22	2
1:A:23:ILE:HD13	1:A:61:PHE:CE1	0.54	2.36	12	1
1:A:60:LYS:HD3	1:A:128:SER:HA	0.54	1.77	35	5
1:A:23:ILE:HG22	1:A:24:HIS:H	0.54	1.62	9	8
1:A:113:ILE:CD1	1:A:143:LEU:HD11	0.54	2.32	23	2
1:A:67:ILE:HD13	1:A:136:MET:HE1	0.54	1.79	20	1
1:A:89:ASP:C	1:A:101:LEU:HD21	0.54	2.23	3	1
1:A:113:ILE:HD11	1:A:143:LEU:HD11	0.54	1.79	18	1
1:A:25:TRP:CH2	1:A:61:PHE:CZ	0.54	2.95	36	1
1:A:100:ILE:CG2	1:A:126:TYR:CD1	0.54	2.90	7	3
1:A:26:ARG:O	1:A:27:THR:CB	0.54	2.55	11	16
1:A:42:LEU:HD21	1:A:106:SER:H	0.54	1.63	28	1
1:A:96:TYR:OH	1:A:124:TYR:HB2	0.54	2.03	27	5
1:A:57:LEU:HD22	1:A:60:LYS:HD2	0.54	1.80	37	1
1:A:25:TRP:O	1:A:26:ARG:C	0.54	2.44	14	21
1:A:25:TRP:HA	1:A:78:ASN:H	0.54	1.63	14	3
1:A:113:ILE:HG13	1:A:143:LEU:HD11	0.54	1.78	32	1
1:A:22:HIS:C	1:A:23:ILE:HD12	0.54	2.23	11	6
1:A:113:ILE:CG1	1:A:143:LEU:HD13	0.54	2.33	27	1
1:A:73:ASN:OD1	1:A:74:PHE:N	0.54	2.41	10	5
1:A:97:ILE:CB	1:A:98:PRO:CD	0.54	2.85	20	5
1:A:28:LEU:CB	1:A:77:VAL:HG21	0.54	2.32	19	2
1:A:99:ARG:HB3	1:A:124:TYR:HB3	0.54	1.79	33	2
1:A:26:ARG:HB3	1:A:76:MET:HB2	0.54	1.80	14	1
1:A:96:TYR:CD2	1:A:99:ARG:HG3	0.53	2.38	32	1
1:A:57:LEU:HA	1:A:60:LYS:HG2	0.53	1.79	24	7
1:A:101:LEU:HD22	1:A:124:TYR:CE2	0.53	2.37	22	1
1:A:28:LEU:HD13	1:A:32:LYS:HB2	0.53	1.79	11	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:48:LYS:HB2	1:A:98:PRO:N	0.53	2.18	26	18
1:A:26:ARG:HB2	1:A:76:MET:CG	0.53	2.33	28	10
1:A:103:LEU:HD22	1:A:109:VAL:CA	0.53	2.33	23	2
1:A:114:ILE:H	1:A:114:ILE:HD13	0.53	1.63	28	8
1:A:31:GLY:O	1:A:42:LEU:HD11	0.53	2.03	16	2
1:A:103:LEU:HD23	1:A:109:VAL:HB	0.53	1.79	38	2
1:A:45:ILE:HG23	1:A:78:ASN:CB	0.53	2.33	34	2
1:A:25:TRP:C	1:A:27:THR:H	0.53	2.07	2	2
1:A:90:PHE:C	1:A:101:LEU:HD21	0.53	2.23	15	3
1:A:53:ALA:O	1:A:57:LEU:HG	0.53	2.03	1	6
1:A:101:LEU:HD22	1:A:101:LEU:O	0.53	2.04	4	1
1:A:63:GLU:C	1:A:65:THR:H	0.53	2.07	29	33
1:A:100:ILE:HG21	1:A:126:TYR:HD2	0.53	1.61	34	2
1:A:126:TYR:CG	1:A:126:TYR:O	0.53	2.61	11	1
1:A:136:MET:O	1:A:140:GLN:CG	0.53	2.57	8	14
1:A:100:ILE:HD11	1:A:114:ILE:O	0.53	2.04	30	1
1:A:23:ILE:CG2	1:A:24:HIS:CD2	0.53	2.92	18	10
1:A:114:ILE:HD13	1:A:114:ILE:H	0.53	1.64	14	12
1:A:47:HIS:HA	1:A:98:PRO:O	0.53	2.03	1	3
1:A:100:ILE:HG21	1:A:126:TYR:HE2	0.53	1.63	13	1
1:A:44:VAL:HG22	1:A:77:VAL:HG11	0.53	1.80	3	2
1:A:100:ILE:CD1	1:A:126:TYR:CE2	0.53	2.91	9	2
1:A:103:LEU:HD23	1:A:109:VAL:HG22	0.53	1.81	37	1
1:A:45:ILE:HD12	1:A:100:ILE:CG1	0.53	2.33	14	2
1:A:103:LEU:HD12	1:A:108:LYS:H	0.52	1.63	17	2
1:A:44:VAL:CG2	1:A:103:LEU:HD23	0.52	2.24	27	1
1:A:25:TRP:CA	1:A:76:MET:O	0.52	2.57	2	1
1:A:127:VAL:O	1:A:127:VAL:HG22	0.52	2.04	32	3
1:A:23:ILE:HD13	1:A:61:PHE:HE2	0.52	1.63	31	1
1:A:101:LEU:HD23	1:A:109:VAL:CG1	0.52	2.34	30	2
1:A:43:MET:HE2	1:A:100:ILE:HG22	0.52	1.80	37	1
1:A:40:LEU:HD23	1:A:74:PHE:HA	0.52	1.82	14	1
1:A:31:GLY:O	1:A:75:VAL:HG11	0.52	2.04	14	1
1:A:113:ILE:HG21	1:A:139:ALA:HB1	0.52	1.80	30	3
1:A:24:HIS:C	1:A:76:MET:H	0.52	2.07	34	1
1:A:40:LEU:O	1:A:40:LEU:HD22	0.52	2.04	11	1
1:A:46:ILE:HG23	1:A:79:LEU:HB3	0.52	1.82	16	1
1:A:64:SER:CB	1:A:67:ILE:HB	0.52	2.35	20	3
1:A:96:TYR:CE2	1:A:122:TYR:CD1	0.52	2.98	20	2
1:A:56:ALA:O	1:A:60:LYS:CE	0.52	2.58	35	6
1:A:49:SER:OG	1:A:97:ILE:HD11	0.52	2.05	36	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:100:ILE:O	1:A:124:TYR:CG	0.52	2.62	33	1
1:A:96:TYR:CG	1:A:99:ARG:HG3	0.52	2.40	32	1
1:A:28:LEU:CD1	1:A:77:VAL:HG13	0.52	2.34	8	1
1:A:42:LEU:HD21	1:A:107:GLY:N	0.52	2.20	19	1
1:A:100:ILE:HD12	1:A:126:TYR:CD1	0.52	2.40	24	1
1:A:25:TRP:CA	1:A:76:MET:N	0.52	2.72	2	1
1:A:24:HIS:CG	1:A:45:ILE:CD1	0.52	2.93	16	4
1:A:129:ALA:HA	1:A:132:VAL:HG22	0.52	1.82	1	7
1:A:42:LEU:HD11	1:A:107:GLY:N	0.52	2.19	20	1
1:A:60:LYS:HG3	1:A:61:PHE:N	0.52	2.20	32	3
1:A:114:ILE:HG22	1:A:124:TYR:CD2	0.52	2.39	25	2
1:A:23:ILE:C	1:A:25:TRP:N	0.52	2.60	2	2
1:A:129:ALA:HA	1:A:132:VAL:HG13	0.52	1.81	17	3
1:A:92:PRO:HG3	1:A:96:TYR:CE2	0.52	2.40	11	2
1:A:114:ILE:CG2	1:A:124:TYR:CE1	0.51	2.93	12	4
1:A:96:TYR:CE2	1:A:99:ARG:CZ	0.51	2.93	38	2
1:A:131:GLN:O	1:A:134:GLN:HG3	0.51	2.04	26	8
1:A:61:PHE:CE1	1:A:64:SER:CB	0.51	2.94	34	2
1:A:96:TYR:CG	1:A:96:TYR:O	0.51	2.63	34	1
1:A:28:LEU:CD1	1:A:77:VAL:HG12	0.51	2.32	35	1
1:A:74:PHE:CZ	1:A:102:PHE:CD1	0.51	2.97	30	1
1:A:41:PRO:HB2	1:A:143:LEU:HD21	0.51	1.79	4	1
1:A:45:ILE:HG23	1:A:100:ILE:HB	0.51	1.81	5	2
1:A:103:LEU:HD12	1:A:103:LEU:H	0.51	1.65	25	1
1:A:53:ALA:HB1	1:A:126:TYR:CZ	0.51	2.40	25	1
1:A:45:ILE:HG22	1:A:78:ASN:ND2	0.51	2.19	23	1
1:A:139:ALA:O	1:A:143:LEU:HD23	0.51	2.05	25	3
1:A:70:LEU:HD23	1:A:140:GLN:OE1	0.51	2.05	34	1
1:A:127:VAL:HG22	1:A:127:VAL:O	0.51	2.05	12	2
1:A:57:LEU:C	1:A:57:LEU:HD12	0.51	2.26	6	3
1:A:24:HIS:O	1:A:75:VAL:HA	0.51	2.06	34	1
1:A:96:TYR:OH	1:A:124:TYR:CG	0.51	2.63	8	5
1:A:127:VAL:O	1:A:127:VAL:HG23	0.51	2.05	9	1
1:A:22:HIS:CB	1:A:26:ARG:HG2	0.51	2.35	9	1
1:A:25:TRP:O	1:A:27:THR:N	0.51	2.43	2	1
1:A:42:LEU:O	1:A:103:LEU:CD2	0.51	2.58	12	12
1:A:103:LEU:HD22	1:A:109:VAL:CG2	0.51	2.35	23	1
1:A:23:ILE:HB	1:A:25:TRP:CZ2	0.51	2.41	30	5
1:A:27:THR:O	1:A:76:MET:HG3	0.51	2.05	10	1
1:A:102:PHE:HD2	1:A:113:ILE:HG22	0.51	1.64	4	1
1:A:64:SER:O	1:A:68:SER:N	0.51	2.44	38	25

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:102:PHE:CG	1:A:113:ILE:CG2	0.51	2.94	23	4
1:A:46:ILE:HG21	1:A:90:PHE:CE1	0.51	2.41	39	1
1:A:97:ILE:HB	1:A:98:PRO:CD	0.51	2.34	36	4
1:A:27:THR:O	1:A:76:MET:SD	0.51	2.68	21	1
1:A:63:GLU:O	1:A:65:THR:N	0.51	2.44	4	21
1:A:130:GLU:O	1:A:133:VAL:CG1	0.51	2.58	7	21
1:A:44:VAL:CB	1:A:103:LEU:HD21	0.51	2.35	21	1
1:A:122:TYR:O	1:A:124:TYR:N	0.51	2.44	11	18
1:A:70:LEU:HD23	1:A:73:ASN:ND2	0.51	2.21	23	3
1:A:96:TYR:CD2	1:A:99:ARG:HD2	0.51	2.41	11	2
1:A:100:ILE:HD12	1:A:100:ILE:N	0.51	2.21	32	3
1:A:101:LEU:N	1:A:101:LEU:CD1	0.51	2.74	28	3
1:A:45:ILE:HD12	1:A:100:ILE:HG12	0.51	1.83	14	1
1:A:131:GLN:HA	1:A:134:GLN:HG2	0.50	1.83	38	32
1:A:97:ILE:HD13	1:A:97:ILE:O	0.50	2.06	25	2
1:A:58:LYS:CG	1:A:59:PRO:HD3	0.50	2.35	19	2
1:A:96:TYR:CE1	1:A:124:TYR:CD2	0.50	3.00	15	1
1:A:46:ILE:HG23	1:A:79:LEU:C	0.50	2.26	21	1
1:A:57:LEU:HB3	1:A:61:PHE:CB	0.50	2.36	13	2
1:A:74:PHE:O	1:A:76:MET:HE1	0.50	2.06	36	1
1:A:26:ARG:HB2	1:A:76:MET:HG3	0.50	1.82	26	2
1:A:43:MET:CE	1:A:102:PHE:CD2	0.50	2.94	12	2
1:A:67:ILE:HG23	1:A:71:SER:HB3	0.50	1.81	9	1
1:A:25:TRP:N	1:A:76:MET:HB2	0.50	2.22	8	1
1:A:103:LEU:HB2	1:A:108:LYS:O	0.50	2.06	15	2
1:A:96:TYR:CD2	1:A:99:ARG:HB2	0.50	2.41	17	7
1:A:137:LYS:C	1:A:140:GLN:HG3	0.50	2.27	22	6
1:A:103:LEU:H	1:A:103:LEU:HD23	0.50	1.65	4	3
1:A:92:PRO:CB	1:A:124:TYR:CD1	0.50	2.95	18	2
1:A:45:ILE:CG2	1:A:47:HIS:CE1	0.50	2.94	21	6
1:A:43:MET:HG3	1:A:44:VAL:N	0.50	2.20	16	2
1:A:139:ALA:O	1:A:143:LEU:HD22	0.50	2.07	30	1
1:A:28:LEU:HD13	1:A:28:LEU:C	0.50	2.26	31	2
1:A:74:PHE:CD1	1:A:74:PHE:N	0.50	2.80	15	4
1:A:97:ILE:H	1:A:97:ILE:CD1	0.50	2.20	25	2
1:A:79:LEU:HD11	1:A:84:GLU:CA	0.50	2.35	11	1
1:A:25:TRP:HB3	1:A:76:MET:CA	0.50	2.37	2	1
1:A:46:ILE:CG2	1:A:98:PRO:CB	0.50	2.90	36	21
1:A:122:TYR:CD1	1:A:123:LYS:N	0.50	2.79	10	1
1:A:67:ILE:HD11	1:A:133:VAL:HB	0.50	1.83	7	1
1:A:42:LEU:HD13	1:A:75:VAL:CG1	0.50	2.37	22	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:24:HIS:CD2	1:A:43:MET:HG2	0.50	2.41	10	3
1:A:45:ILE:CB	1:A:100:ILE:HD12	0.50	2.36	36	1
1:A:24:HIS:C	1:A:25:TRP:CE3	0.50	2.85	25	12
1:A:53:ALA:HB3	1:A:99:ARG:HH22	0.50	1.67	24	1
1:A:96:TYR:CD1	1:A:96:TYR:N	0.50	2.80	9	5
1:A:126:TYR:CG	1:A:132:VAL:HG12	0.50	2.42	14	3
1:A:92:PRO:HG3	1:A:124:TYR:CG	0.49	2.41	26	1
1:A:24:HIS:CA	1:A:76:MET:HB2	0.49	2.37	23	4
1:A:96:TYR:CE1	1:A:99:ARG:HG2	0.49	2.42	36	2
1:A:25:TRP:HE3	1:A:78:ASN:CB	0.49	2.20	17	5
1:A:89:ASP:C	1:A:101:LEU:HD22	0.49	2.26	32	2
1:A:56:ALA:O	1:A:60:LYS:HD2	0.49	2.06	5	3
1:A:61:PHE:HA	1:A:129:ALA:HB2	0.49	1.83	34	2
1:A:71:SER:HA	1:A:74:PHE:CE1	0.49	2.43	26	1
1:A:96:TYR:C	1:A:96:TYR:CD1	0.49	2.84	26	2
1:A:60:LYS:CG	1:A:61:PHE:N	0.49	2.76	30	19
1:A:103:LEU:HD23	1:A:109:VAL:N	0.49	2.22	24	1
1:A:23:ILE:CG2	1:A:24:HIS:N	0.49	2.75	34	14
1:A:25:TRP:CE3	1:A:78:ASN:HB2	0.49	2.43	36	5
1:A:101:LEU:CG	1:A:109:VAL:HG21	0.49	2.38	40	1
1:A:122:TYR:CD1	1:A:125:PHE:CB	0.49	2.95	7	4
1:A:26:ARG:HB2	1:A:76:MET:CE	0.49	2.37	22	2
1:A:127:VAL:HG23	1:A:131:GLN:OE1	0.49	2.08	18	1
1:A:40:LEU:CD2	1:A:40:LEU:C	0.49	2.80	11	1
1:A:115:ASN:ND2	1:A:126:TYR:CD1	0.49	2.81	22	5
1:A:49:SER:O	1:A:51:CYS:N	0.49	2.46	21	8
1:A:139:ALA:HB1	1:A:143:LEU:HB2	0.49	1.84	18	2
1:A:23:ILE:HG21	1:A:24:HIS:CE1	0.49	2.42	19	2
1:A:94:GLY:HA3	1:A:99:ARG:CZ	0.49	2.37	3	2
1:A:26:ARG:HB2	1:A:76:MET:HG2	0.49	1.84	14	1
1:A:125:PHE:HE1	1:A:127:VAL:HG13	0.49	1.68	10	1
1:A:47:HIS:CD2	1:A:78:ASN:ND2	0.49	2.80	40	5
1:A:28:LEU:HD23	1:A:28:LEU:C	0.49	2.27	8	6
1:A:24:HIS:CD2	1:A:25:TRP:CH2	0.49	3.00	1	1
1:A:43:MET:O	1:A:76:MET:CB	0.49	2.61	15	3
1:A:96:TYR:CD1	1:A:122:TYR:CE1	0.49	3.00	33	3
1:A:75:VAL:HG22	1:A:76:MET:N	0.49	2.22	10	3
1:A:110:HIS:N	1:A:111:PRO:HD3	0.49	2.23	36	1
1:A:131:GLN:O	1:A:134:GLN:CG	0.49	2.60	26	11
1:A:90:PHE:CD1	1:A:91:SER:N	0.49	2.81	22	8
1:A:96:TYR:N	1:A:96:TYR:CD1	0.49	2.80	1	4

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:42:LEU:HD12	1:A:103:LEU:HD21	0.49	1.84	12	1
1:A:25:TRP:CE3	1:A:78:ASN:OD1	0.49	2.66	3	2
1:A:28:LEU:C	1:A:28:LEU:HD23	0.49	2.28	13	6
1:A:24:HIS:O	1:A:75:VAL:CA	0.49	2.61	34	1
1:A:53:ALA:HB2	1:A:125:PHE:CD2	0.49	2.42	9	2
1:A:57:LEU:HD22	1:A:60:LYS:CD	0.49	2.37	37	1
1:A:101:LEU:HB3	1:A:124:TYR:CE2	0.49	2.43	22	2
1:A:127:VAL:O	1:A:127:VAL:CG1	0.49	2.53	13	2
1:A:92:PRO:HD2	1:A:124:TYR:CE2	0.49	2.43	28	2
1:A:44:VAL:O	1:A:44:VAL:HG12	0.49	2.08	34	1
1:A:26:ARG:HB2	1:A:76:MET:SD	0.49	2.48	28	4
1:A:43:MET:HE1	1:A:102:PHE:CE1	0.49	2.43	29	1
1:A:101:LEU:HB3	1:A:124:TYR:CE1	0.49	2.43	7	3
1:A:26:ARG:C	1:A:27:THR:HG22	0.49	2.27	26	5
1:A:57:LEU:CD1	1:A:61:PHE:CD1	0.49	2.96	4	4
1:A:25:TRP:N	1:A:76:MET:HB3	0.49	2.22	14	2
1:A:41:PRO:HG2	1:A:74:PHE:CE2	0.49	2.43	13	3
1:A:100:ILE:CD1	1:A:126:TYR:CD2	0.49	2.96	6	1
1:A:96:TYR:CD2	1:A:99:ARG:HD3	0.48	2.43	18	10
1:A:23:ILE:HG23	1:A:24:HIS:N	0.48	2.23	34	2
1:A:102:PHE:HB2	1:A:113:ILE:HB	0.48	1.85	39	12
1:A:92:PRO:HB3	1:A:96:TYR:CZ	0.48	2.42	23	2
1:A:103:LEU:HB3	1:A:109:VAL:HG23	0.48	1.85	34	1
1:A:57:LEU:HD12	1:A:57:LEU:C	0.48	2.27	20	3
1:A:26:ARG:HB2	1:A:76:MET:CB	0.48	2.37	38	3
1:A:23:ILE:HD13	1:A:61:PHE:HE1	0.48	1.68	13	4
1:A:44:VAL:HG13	1:A:45:ILE:N	0.48	2.23	36	1
1:A:60:LYS:O	1:A:63:GLU:CB	0.48	2.62	25	20
1:A:134:GLN:HA	1:A:137:LYS:CD	0.48	2.38	39	14
1:A:110:HIS:O	1:A:112:GLU:N	0.48	2.42	7	6
1:A:67:ILE:CG2	1:A:71:SER:HB2	0.48	2.35	33	2
1:A:103:LEU:N	1:A:103:LEU:HD23	0.48	2.22	4	2
1:A:105:PRO:O	1:A:106:SER:CB	0.48	2.61	9	31
1:A:40:LEU:HD11	1:A:75:VAL:HB	0.48	1.84	5	4
1:A:101:LEU:HG	1:A:109:VAL:HG21	0.48	1.85	40	1
1:A:68:SER:O	1:A:72:HIS:CG	0.48	2.65	29	1
1:A:45:ILE:HG13	1:A:45:ILE:O	0.48	2.08	8	1
1:A:66:GLU:O	1:A:70:LEU:HD13	0.48	2.09	2	4
1:A:101:LEU:O	1:A:101:LEU:HD22	0.48	2.08	10	1
1:A:122:TYR:CD1	1:A:125:PHE:HB2	0.48	2.43	4	4
1:A:101:LEU:HB2	1:A:109:VAL:CG2	0.48	2.39	24	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:43:MET:CE	1:A:102:PHE:CE2	0.48	2.96	24	3
1:A:139:ALA:O	1:A:143:LEU:HB3	0.48	2.09	29	1
1:A:96:TYR:CZ	1:A:99:ARG:CZ	0.48	2.96	36	1
1:A:115:ASN:OD1	1:A:116:GLU:N	0.48	2.47	13	1
1:A:87:ASP:O	1:A:90:PHE:CE2	0.48	2.67	35	21
1:A:89:ASP:O	1:A:101:LEU:CD2	0.48	2.62	30	11
1:A:100:ILE:CD1	1:A:126:TYR:CD1	0.48	2.92	23	1
1:A:43:MET:HB3	1:A:76:MET:SD	0.48	2.48	23	2
1:A:53:ALA:HB2	1:A:125:PHE:CZ	0.48	2.44	9	1
1:A:92:PRO:CD	1:A:101:LEU:HD21	0.48	2.38	6	3
1:A:46:ILE:HD13	1:A:90:PHE:HB3	0.48	1.84	33	2
1:A:126:TYR:CE2	1:A:132:VAL:HA	0.48	2.43	2	4
1:A:26:ARG:HG3	1:A:76:MET:HE2	0.48	1.86	9	2
1:A:76:MET:N	1:A:76:MET:SD	0.48	2.87	19	1
1:A:103:LEU:HD12	1:A:109:VAL:N	0.48	2.24	15	1
1:A:143:LEU:CD2	1:A:143:LEU:N	0.48	2.77	35	1
1:A:73:ASN:OD1	1:A:74:PHE:CE1	0.48	2.66	25	2
1:A:54:CYS:HA	1:A:57:LEU:CD2	0.48	2.39	2	4
1:A:54:CYS:O	1:A:57:LEU:CD2	0.48	2.62	19	1
1:A:79:LEU:HG	1:A:80:GLU:N	0.48	2.24	15	1
1:A:102:PHE:CD2	1:A:113:ILE:CG2	0.48	2.97	10	2
1:A:100:ILE:HG22	1:A:101:LEU:N	0.48	2.24	19	2
1:A:99:ARG:NH1	1:A:122:TYR:O	0.48	2.47	3	1
1:A:57:LEU:HD23	1:A:58:LYS:CA	0.48	2.39	10	1
1:A:125:PHE:CZ	1:A:127:VAL:CG1	0.47	2.97	11	4
1:A:100:ILE:CG2	1:A:126:TYR:CE1	0.47	2.96	11	2
1:A:103:LEU:CD2	1:A:103:LEU:N	0.47	2.77	34	8
1:A:24:HIS:O	1:A:25:TRP:C	0.47	2.52	2	2
1:A:49:SER:OG	1:A:97:ILE:HD12	0.47	2.09	8	2
1:A:141:GLU:O	1:A:144:THR:HG23	0.47	2.08	21	1
1:A:75:VAL:HG13	1:A:75:VAL:O	0.47	2.09	37	2
1:A:53:ALA:HA	1:A:127:VAL:HG23	0.47	1.86	14	1
1:A:126:TYR:CD1	1:A:126:TYR:N	0.47	2.81	36	1
1:A:143:LEU:HD12	1:A:143:LEU:C	0.47	2.29	33	1
1:A:126:TYR:CD1	1:A:131:GLN:OE1	0.47	2.67	35	2
1:A:70:LEU:O	1:A:73:ASN:CG	0.47	2.52	1	1
1:A:102:PHE:CD1	1:A:113:ILE:CG2	0.47	2.97	36	3
1:A:103:LEU:CD2	1:A:109:VAL:HA	0.47	2.38	23	1
1:A:42:LEU:HD23	1:A:77:VAL:CG1	0.47	2.35	29	1
1:A:54:CYS:HA	1:A:57:LEU:HB2	0.47	1.84	15	2
1:A:136:MET:O	1:A:140:GLN:HG2	0.47	2.10	8	1

*Continued on next page...*



Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:40:LEU:CD1	1:A:74:PHE:C	0.47	2.83	20	1
1:A:87:ASP:O	1:A:90:PHE:CD2	0.47	2.67	16	12
1:A:41:PRO:O	1:A:74:PHE:HB2	0.47	2.09	34	4
1:A:44:VAL:HG22	1:A:44:VAL:O	0.47	2.09	20	1
1:A:92:PRO:CD	1:A:124:TYR:CE2	0.47	2.97	22	1
1:A:92:PRO:CG	1:A:124:TYR:CE2	0.47	2.97	22	1
1:A:44:VAL:CG2	1:A:103:LEU:HB2	0.47	2.39	27	1
1:A:43:MET:HE1	1:A:102:PHE:CD1	0.47	2.44	2	1
1:A:133:VAL:HA	1:A:136:MET:HG2	0.47	1.87	28	3
1:A:42:LEU:CD1	1:A:103:LEU:HD21	0.47	2.39	12	1
1:A:64:SER:OG	1:A:67:ILE:HB	0.47	2.09	33	1
1:A:115:ASN:CB	1:A:126:TYR:CE1	0.47	2.98	23	1
1:A:41:PRO:HB3	1:A:143:LEU:HD12	0.47	1.87	37	2
1:A:42:LEU:HD12	1:A:103:LEU:CD1	0.47	2.39	20	2
1:A:111:PRO:HA	1:A:124:TYR:OH	0.47	2.10	7	3
1:A:87:ASP:N	1:A:90:PHE:CE2	0.47	2.83	29	3
1:A:74:PHE:CD1	1:A:76:MET:HE1	0.47	2.45	19	1
1:A:74:PHE:CZ	1:A:136:MET:CE	0.47	2.98	6	1
1:A:45:ILE:HA	1:A:100:ILE:HA	0.47	1.87	35	3
1:A:79:LEU:HD12	1:A:80:GLU:O	0.47	2.08	25	1
1:A:45:ILE:HG12	1:A:47:HIS:NE2	0.47	2.24	7	1
1:A:125:PHE:CE2	1:A:127:VAL:CG1	0.47	2.96	29	3
1:A:48:LYS:HB3	1:A:97:ILE:O	0.47	2.09	11	4
1:A:101:LEU:HB3	1:A:109:VAL:HG23	0.47	1.86	35	2
1:A:25:TRP:HA	1:A:76:MET:CB	0.47	2.39	34	1
1:A:26:ARG:O	1:A:27:THR:HB	0.47	2.09	5	8
1:A:23:ILE:O	1:A:76:MET:CA	0.47	2.62	38	3
1:A:22:HIS:CE1	1:A:68:SER:HG	0.47	2.28	14	1
1:A:26:ARG:H	1:A:76:MET:HB3	0.47	1.69	14	2
1:A:101:LEU:O	1:A:101:LEU:CD2	0.47	2.63	11	1
1:A:97:ILE:O	1:A:97:ILE:HD13	0.47	2.10	11	3
1:A:140:GLN:HE21	1:A:144:THR:HG21	0.47	1.69	38	1
1:A:77:VAL:CG1	1:A:77:VAL:O	0.47	2.61	38	4
1:A:126:TYR:HD2	1:A:132:VAL:HG12	0.47	1.70	7	3
1:A:134:GLN:HG3	1:A:135:GLY:N	0.47	2.25	23	4
1:A:46:ILE:CD1	1:A:79:LEU:HD12	0.47	2.40	9	2
1:A:41:PRO:CD	1:A:144:THR:HG22	0.47	2.40	8	1
1:A:44:VAL:O	1:A:100:ILE:HG23	0.47	2.09	27	1
1:A:40:LEU:HG	1:A:74:PHE:CA	0.47	2.38	11	1
1:A:113:ILE:HD11	1:A:143:LEU:CG	0.47	2.40	25	1
1:A:110:HIS:NE2	1:A:143:LEU:HD13	0.47	2.25	13	1

Continued on next page...



Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:64:SER:HB3	1:A:67:ILE:HB	0.47	1.87	6	11
1:A:24:HIS:O	1:A:25:TRP:CE3	0.47	2.68	16	8
1:A:26:ARG:HB3	1:A:75:VAL:HG23	0.47	1.87	16	1
1:A:71:SER:C	1:A:73:ASN:N	0.47	2.68	9	6
1:A:46:ILE:HG12	1:A:79:LEU:HD23	0.47	1.86	15	2
1:A:101:LEU:HD13	1:A:109:VAL:HG11	0.47	1.87	13	1
1:A:44:VAL:HG23	1:A:103:LEU:HD13	0.47	1.86	2	1
1:A:100:ILE:CG1	1:A:126:TYR:CD1	0.47	2.98	10	2
1:A:96:TYR:OH	1:A:124:TYR:CD2	0.47	2.68	9	4
1:A:102:PHE:CB	1:A:113:ILE:CG2	0.47	2.93	20	3
1:A:127:VAL:CG1	1:A:127:VAL:O	0.47	2.63	22	1
1:A:103:LEU:CB	1:A:109:VAL:CA	0.47	2.91	36	1
1:A:57:LEU:HD21	1:A:126:TYR:HE1	0.47	1.70	13	1
1:A:25:TRP:C	1:A:27:THR:N	0.47	2.67	2	1
1:A:79:LEU:C	1:A:79:LEU:HD12	0.46	2.29	23	1
1:A:22:HIS:O	1:A:26:ARG:N	0.46	2.47	7	3
1:A:42:LEU:HB2	1:A:103:LEU:HD12	0.46	1.87	38	1
1:A:113:ILE:CD1	1:A:143:LEU:HD22	0.46	2.40	13	1
1:A:24:HIS:CD2	1:A:43:MET:HG3	0.46	2.45	7	1
1:A:114:ILE:HG12	1:A:115:ASN:H	0.46	1.69	30	5
1:A:115:ASN:HB2	1:A:126:TYR:CE1	0.46	2.46	7	4
1:A:46:ILE:CG1	1:A:79:LEU:HB3	0.46	2.40	16	1
1:A:56:ALA:O	1:A:60:LYS:HE2	0.46	2.10	38	2
1:A:40:LEU:HD13	1:A:74:PHE:CB	0.46	2.39	12	1
1:A:57:LEU:HD11	1:A:126:TYR:OH	0.46	2.10	17	1
1:A:48:LYS:CB	1:A:97:ILE:O	0.46	2.62	15	6
1:A:26:ARG:O	1:A:27:THR:OG1	0.46	2.31	29	2
1:A:89:ASP:HA	1:A:109:VAL:HG11	0.46	1.87	14	1
1:A:45:ILE:CG1	1:A:47:HIS:NE2	0.46	2.77	14	1
1:A:26:ARG:CB	1:A:76:MET:HE2	0.46	2.41	33	1
1:A:97:ILE:O	1:A:97:ILE:CD1	0.46	2.64	25	3
1:A:25:TRP:CZ2	1:A:61:PHE:CE1	0.46	3.04	26	3
1:A:28:LEU:HA	1:A:77:VAL:HG21	0.46	1.85	16	2
1:A:40:LEU:CD1	1:A:73:ASN:O	0.46	2.64	29	1
1:A:43:MET:CE	1:A:102:PHE:CZ	0.46	2.99	14	2
1:A:22:HIS:CG	1:A:22:HIS:O	0.46	2.69	14	2
1:A:22:HIS:HB3	1:A:26:ARG:HB2	0.46	1.88	35	1
1:A:100:ILE:HG12	1:A:126:TYR:CD1	0.46	2.45	4	2
1:A:110:HIS:N	1:A:111:PRO:CD	0.46	2.78	36	1
1:A:82:GLU:O	1:A:84:GLU:N	0.46	2.48	21	2
1:A:54:CYS:O	1:A:58:LYS:HG2	0.46	2.11	25	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:114:ILE:HD13	1:A:114:ILE:N	0.46	2.25	20	3
1:A:23:ILE:CG2	1:A:24:HIS:H	0.46	2.24	30	2
1:A:61:PHE:O	1:A:64:SER:HB2	0.46	2.10	29	2
1:A:100:ILE:CD1	1:A:126:TYR:CE1	0.46	2.99	18	1
1:A:124:TYR:O	1:A:126:TYR:CE1	0.46	2.68	36	1
1:A:57:LEU:HD11	1:A:126:TYR:HE2	0.46	1.70	11	1
1:A:61:PHE:O	1:A:64:SER:CB	0.46	2.64	9	8
1:A:102:PHE:N	1:A:102:PHE:CD1	0.46	2.84	13	5
1:A:74:PHE:CE2	1:A:102:PHE:CE2	0.46	3.04	29	1
1:A:27:THR:O	1:A:76:MET:O	0.46	2.33	21	1
1:A:100:ILE:C	1:A:101:LEU:CD1	0.46	2.84	18	2
1:A:70:LEU:HD22	1:A:136:MET:CE	0.46	2.40	35	1
1:A:50:TRP:CD1	1:A:50:TRP:O	0.46	2.68	4	2
1:A:48:LYS:HB2	1:A:98:PRO:HG2	0.46	1.87	18	3
1:A:74:PHE:CE1	1:A:102:PHE:CE2	0.46	3.03	28	1
1:A:75:VAL:O	1:A:77:VAL:CG2	0.46	2.63	35	3
1:A:42:LEU:CD1	1:A:77:VAL:HG11	0.46	2.38	21	1
1:A:24:HIS:CG	1:A:43:MET:CG	0.46	2.99	35	2
1:A:26:ARG:O	1:A:26:ARG:NE	0.46	2.49	10	2
1:A:91:SER:CB	1:A:96:TYR:CE1	0.46	2.98	26	1
1:A:57:LEU:HG	1:A:61:PHE:CB	0.46	2.41	29	1
1:A:48:LYS:HG2	1:A:83:GLU:HA	0.46	1.88	8	1
1:A:42:LEU:CB	1:A:103:LEU:CD2	0.46	2.93	4	1
1:A:95:GLY:N	1:A:99:ARG:NH1	0.46	2.64	38	1
1:A:25:TRP:CD1	1:A:26:ARG:N	0.46	2.84	2	1
1:A:25:TRP:CB	1:A:76:MET:C	0.46	2.84	2	1
1:A:73:ASN:HB3	1:A:140:GLN:HB2	0.46	1.88	26	2
1:A:115:ASN:ND2	1:A:126:TYR:CE1	0.46	2.84	28	2
1:A:126:TYR:CZ	1:A:132:VAL:HG12	0.46	2.46	1	1
1:A:71:SER:O	1:A:73:ASN:N	0.46	2.49	9	2
1:A:40:LEU:CD2	1:A:73:ASN:O	0.46	2.64	29	2
1:A:57:LEU:HD12	1:A:61:PHE:CD1	0.46	2.47	32	1
1:A:61:PHE:CE1	1:A:64:SER:OG	0.46	2.68	34	2
1:A:40:LEU:HD11	1:A:75:VAL:CG1	0.46	2.34	15	1
1:A:101:LEU:HB3	1:A:124:TYR:CZ	0.46	2.46	22	2
1:A:44:VAL:CG2	1:A:109:VAL:CG1	0.46	2.93	36	1
1:A:25:TRP:HZ3	1:A:45:ILE:HD13	0.46	1.72	36	1
1:A:50:TRP:HZ2	1:A:97:ILE:HD11	0.45	1.71	26	1
1:A:123:LYS:O	1:A:125:PHE:N	0.45	2.49	36	8
1:A:89:ASP:OD2	1:A:109:VAL:HB	0.45	2.11	17	2
1:A:102:PHE:CB	1:A:113:ILE:HB	0.45	2.41	1	6

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:53:ALA:O	1:A:57:LEU:CB	0.45	2.64	19	3
1:A:126:TYR:CD1	1:A:126:TYR:O	0.45	2.69	9	1
1:A:42:LEU:HD11	1:A:107:GLY:HA2	0.45	1.89	19	1
1:A:67:ILE:O	1:A:71:SER:CB	0.45	2.65	33	2
1:A:102:PHE:CD1	1:A:102:PHE:N	0.45	2.83	21	2
1:A:92:PRO:HG2	1:A:124:TYR:CE2	0.45	2.46	37	1
1:A:102:PHE:CE2	1:A:139:ALA:CB	0.45	3.00	12	1
1:A:53:ALA:O	1:A:57:LEU:CG	0.45	2.64	28	6
1:A:96:TYR:CE2	1:A:99:ARG:CB	0.45	2.99	37	5
1:A:114:ILE:N	1:A:114:ILE:HD13	0.45	2.26	6	3
1:A:104:ASP:O	1:A:106:SER:N	0.45	2.49	38	2
1:A:79:LEU:CD2	1:A:90:PHE:CE1	0.45	2.99	19	1
1:A:43:MET:SD	1:A:45:ILE:HD11	0.45	2.51	33	1
1:A:98:PRO:C	1:A:99:ARG:HG2	0.45	2.30	32	1
1:A:61:PHE:CD1	1:A:64:SER:OG	0.45	2.69	24	7
1:A:25:TRP:HA	1:A:76:MET:HB2	0.45	1.88	34	1
1:A:42:LEU:HD13	1:A:77:VAL:HG21	0.45	1.88	21	1
1:A:139:ALA:O	1:A:143:LEU:HB2	0.45	2.11	18	3
1:A:102:PHE:CE1	1:A:143:LEU:CD1	0.45	2.99	35	1
1:A:60:LYS:CE	1:A:128:SER:HA	0.45	2.41	36	2
1:A:23:ILE:HG23	1:A:71:SER:CB	0.45	2.42	17	1
1:A:24:HIS:O	1:A:78:ASN:CB	0.45	2.64	24	1
1:A:45:ILE:CG2	1:A:78:ASN:HB2	0.45	2.36	24	4
1:A:126:TYR:O	1:A:127:VAL:CG1	0.45	2.62	37	9
1:A:96:TYR:CG	1:A:99:ARG:HD3	0.45	2.47	1	1
1:A:75:VAL:CG2	1:A:76:MET:CE	0.45	2.95	27	2
1:A:23:ILE:HB	1:A:25:TRP:CE2	0.45	2.47	2	1
1:A:57:LEU:N	1:A:57:LEU:CD2	0.45	2.79	32	1
1:A:53:ALA:CB	1:A:125:PHE:CE2	0.45	2.99	9	1
1:A:103:LEU:N	1:A:103:LEU:CD2	0.45	2.80	6	4
1:A:57:LEU:HG	1:A:61:PHE:CD2	0.45	2.47	15	2
1:A:101:LEU:HD23	1:A:109:VAL:HG13	0.45	1.87	37	1
1:A:26:ARG:CG	1:A:76:MET:SD	0.45	3.05	33	2
1:A:46:ILE:CD1	1:A:90:PHE:CG	0.45	2.99	23	1
1:A:130:GLU:C	1:A:133:VAL:HG12	0.45	2.32	19	5
1:A:99:ARG:NH2	1:A:125:PHE:CE2	0.45	2.85	16	1
1:A:139:ALA:HA	1:A:142:ARG:HG3	0.45	1.89	29	6
1:A:89:ASP:OD2	1:A:109:VAL:CG2	0.45	2.65	21	1
1:A:115:ASN:ND2	1:A:126:TYR:CD2	0.45	2.85	32	1
1:A:103:LEU:CB	1:A:108:LYS:O	0.45	2.65	24	2
1:A:69:GLU:O	1:A:72:HIS:CD2	0.45	2.70	16	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:79:LEU:HD12	1:A:79:LEU:C	0.45	2.31	34	2
1:A:92:PRO:HD3	1:A:101:LEU:CD2	0.45	2.41	6	3
1:A:45:ILE:HG22	1:A:100:ILE:HG21	0.45	1.87	8	1
1:A:27:THR:N	1:A:76:MET:SD	0.45	2.89	21	1
1:A:115:ASN:HB2	1:A:126:TYR:CD1	0.45	2.47	36	1
1:A:64:SER:CA	1:A:67:ILE:HG23	0.45	2.38	2	1
1:A:75:VAL:O	1:A:77:VAL:HG23	0.45	2.12	13	2
1:A:126:TYR:CG	1:A:132:VAL:HB	0.45	2.47	28	1
1:A:99:ARG:CG	1:A:125:PHE:HA	0.45	2.42	8	1
1:A:46:ILE:HG22	1:A:48:LYS:HD3	0.45	1.88	8	1
1:A:112:GLU:O	1:A:114:ILE:CG2	0.45	2.65	36	1
1:A:45:ILE:HG21	1:A:126:TYR:OH	0.45	2.12	11	1
1:A:92:PRO:HD2	1:A:124:TYR:CD2	0.45	2.46	7	1
1:A:63:GLU:C	1:A:65:THR:N	0.45	2.69	29	14
1:A:122:TYR:CD1	1:A:125:PHE:HB3	0.45	2.47	10	2
1:A:43:MET:CE	1:A:102:PHE:CE1	0.45	3.00	29	1
1:A:67:ILE:HG23	1:A:136:MET:HE2	0.45	1.81	8	1
1:A:50:TRP:O	1:A:51:CYS:O	0.45	2.35	20	3
1:A:43:MET:HB2	1:A:74:PHE:HB2	0.45	1.89	20	1
1:A:54:CYS:HA	1:A:57:LEU:HD13	0.45	1.88	10	1
1:A:110:HIS:H	1:A:111:PRO:CD	0.45	2.23	36	1
1:A:24:HIS:HA	1:A:76:MET:SD	0.45	2.52	17	1
1:A:43:MET:CE	1:A:74:PHE:CE1	0.45	3.00	17	1
1:A:53:ALA:O	1:A:57:LEU:CD2	0.45	2.65	17	8
1:A:96:TYR:O	1:A:97:ILE:CG2	0.45	2.64	12	5
1:A:28:LEU:CG	1:A:77:VAL:HG13	0.45	2.42	8	2
1:A:100:ILE:HG12	1:A:126:TYR:CE2	0.45	2.47	36	1
1:A:58:LYS:HG3	1:A:59:PRO:HD3	0.45	1.89	4	1
1:A:50:TRP:CD2	1:A:50:TRP:O	0.44	2.70	26	2
1:A:44:VAL:HG12	1:A:45:ILE:N	0.44	2.27	16	1
1:A:72:HIS:CD2	1:A:73:ASN:ND2	0.44	2.85	19	3
1:A:25:TRP:O	1:A:76:MET:O	0.44	2.35	34	1
1:A:87:ASP:O	1:A:90:PHE:CZ	0.44	2.70	36	3
1:A:43:MET:CE	1:A:100:ILE:HG22	0.44	2.42	37	1
1:A:43:MET:CE	1:A:102:PHE:CD1	0.44	3.00	2	1
1:A:47:HIS:O	1:A:47:HIS:CG	0.44	2.69	26	1
1:A:92:PRO:HD3	1:A:96:TYR:CD1	0.44	2.47	23	3
1:A:73:ASN:HB2	1:A:140:GLN:HB2	0.44	1.89	1	1
1:A:54:CYS:CA	1:A:57:LEU:HB3	0.44	2.43	19	1
1:A:46:ILE:HD13	1:A:90:PHE:CD1	0.44	2.48	39	1
1:A:26:ARG:HD3	1:A:26:ARG:C	0.44	2.32	6	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:46:ILE:HB	1:A:98:PRO:CB	0.44	2.41	40	2
1:A:82:GLU:O	1:A:83:GLU:CB	0.44	2.65	8	1
1:A:101:LEU:CD2	1:A:124:TYR:CD2	0.44	2.98	22	1
1:A:73:ASN:ND2	1:A:140:GLN:NE2	0.44	2.66	3	2
1:A:115:ASN:N	1:A:126:TYR:CE1	0.44	2.85	36	1
1:A:60:LYS:HB3	1:A:60:LYS:NZ	0.44	2.28	36	2
1:A:64:SER:HB3	1:A:67:ILE:HG12	0.44	1.89	2	1
1:A:85:PRO:HG3	1:A:90:PHE:CG	0.44	2.48	23	1
1:A:114:ILE:CG2	1:A:124:TYR:CZ	0.44	2.98	9	3
1:A:69:GLU:O	1:A:72:HIS:CG	0.44	2.70	39	1
1:A:25:TRP:HE3	1:A:78:ASN:HB3	0.44	1.71	17	1
1:A:43:MET:O	1:A:76:MET:CA	0.44	2.66	11	1
1:A:131:GLN:O	1:A:134:GLN:HG2	0.44	2.12	4	5
1:A:115:ASN:CB	1:A:123:LYS:O	0.44	2.66	10	3
1:A:26:ARG:HB2	1:A:76:MET:HB3	0.44	1.89	25	2
1:A:45:ILE:HD11	1:A:78:ASN:HB2	0.44	1.89	8	1
1:A:43:MET:HE2	1:A:102:PHE:CD2	0.44	2.48	19	1
1:A:42:LEU:HB2	1:A:103:LEU:HD11	0.44	1.88	37	1
1:A:26:ARG:H	1:A:76:MET:CB	0.44	2.26	14	1
1:A:85:PRO:HB3	1:A:90:PHE:CE1	0.44	2.48	23	1
1:A:43:MET:CB	1:A:76:MET:HB3	0.44	2.43	16	4
1:A:43:MET:CG	1:A:44:VAL:N	0.44	2.81	19	1
1:A:41:PRO:O	1:A:74:PHE:HA	0.44	2.13	3	2
1:A:43:MET:CE	1:A:74:PHE:CZ	0.44	3.01	17	1
1:A:43:MET:HE1	1:A:74:PHE:CG	0.44	2.47	13	1
1:A:126:TYR:CD2	1:A:131:GLN:OE1	0.44	2.70	7	1
1:A:133:VAL:HG22	1:A:137:LYS:NZ	0.44	2.28	18	2
1:A:22:HIS:N	1:A:23:ILE:HD12	0.44	2.28	25	2
1:A:23:ILE:HG23	1:A:25:TRP:CZ2	0.44	2.48	29	1
1:A:74:PHE:CE2	1:A:136:MET:CG	0.44	3.01	39	1
1:A:57:LEU:HB2	1:A:61:PHE:CB	0.44	2.43	20	1
1:A:24:HIS:CD2	1:A:45:ILE:CD1	0.44	3.01	30	2
1:A:47:HIS:CG	1:A:47:HIS:O	0.44	2.71	33	1
1:A:79:LEU:HD13	1:A:85:PRO:HG3	0.44	1.89	5	1
1:A:45:ILE:HG23	1:A:100:ILE:HD12	0.44	1.87	2	1
1:A:96:TYR:OH	1:A:124:TYR:CB	0.44	2.66	18	6
1:A:73:ASN:OD1	1:A:74:PHE:CD1	0.44	2.70	12	2
1:A:57:LEU:C	1:A:57:LEU:CD2	0.44	2.77	10	1
1:A:23:ILE:O	1:A:23:ILE:CG2	0.44	2.65	2	1
1:A:60:LYS:HG3	1:A:129:ALA:CB	0.44	2.42	31	1
1:A:50:TRP:CG	1:A:50:TRP:O	0.44	2.69	10	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:40:LEU:HD23	1:A:72:HIS:O	0.44	2.12	40	1
1:A:40:LEU:CD1	1:A:41:PRO:O	0.44	2.66	39	3
1:A:103:LEU:HB3	1:A:109:VAL:CG2	0.44	2.38	8	1
1:A:137:LYS:HA	1:A:140:GLN:HG2	0.44	1.89	8	1
1:A:24:HIS:HD2	1:A:76:MET:HG3	0.44	1.73	15	1
1:A:50:TRP:CD1	1:A:51:CYS:N	0.44	2.86	5	3
1:A:74:PHE:CZ	1:A:143:LEU:HD12	0.44	2.48	21	1
1:A:28:LEU:O	1:A:28:LEU:HD23	0.44	2.12	27	2
1:A:52:GLY:HA2	1:A:55:LYS:HG2	0.44	1.89	35	2
1:A:114:ILE:HG22	1:A:124:TYR:HE1	0.44	1.70	33	1
1:A:100:ILE:O	1:A:100:ILE:HG13	0.43	2.12	23	1
1:A:114:ILE:HA	1:A:124:TYR:CE1	0.43	2.48	23	2
1:A:96:TYR:OH	1:A:101:LEU:HD11	0.43	2.12	23	2
1:A:57:LEU:CD2	1:A:57:LEU:N	0.43	2.81	16	3
1:A:114:ILE:CG1	1:A:115:ASN:H	0.43	2.26	38	2
1:A:41:PRO:CG	1:A:143:LEU:HD11	0.43	2.42	8	2
1:A:58:LYS:HB3	1:A:59:PRO:CD	0.43	2.43	39	2
1:A:96:TYR:CD1	1:A:99:ARG:CD	0.43	3.01	20	1
1:A:45:ILE:CD1	1:A:100:ILE:HG22	0.43	2.43	35	1
1:A:91:SER:N	1:A:92:PRO:HD3	0.43	2.28	17	1
1:A:101:LEU:HD13	1:A:109:VAL:CG1	0.43	2.43	13	1
1:A:96:TYR:CD2	1:A:99:ARG:CG	0.43	3.00	32	1
1:A:103:LEU:CD1	1:A:108:LYS:N	0.43	2.81	23	2
1:A:24:HIS:CB	1:A:76:MET:CG	0.43	2.96	34	1
1:A:84:GLU:N	1:A:85:PRO:CD	0.43	2.81	29	1
1:A:100:ILE:HG13	1:A:124:TYR:O	0.43	2.13	6	1
1:A:45:ILE:HA	1:A:100:ILE:HG22	0.43	1.90	18	1
1:A:133:VAL:O	1:A:137:LYS:CG	0.43	2.66	32	1
1:A:136:MET:O	1:A:140:GLN:HB3	0.43	2.13	32	5
1:A:92:PRO:CD	1:A:96:TYR:CE1	0.43	3.01	23	1
1:A:50:TRP:O	1:A:50:TRP:CE3	0.43	2.71	40	1
1:A:60:LYS:NZ	1:A:60:LYS:CB	0.43	2.81	37	2
1:A:96:TYR:CD2	1:A:99:ARG:HG2	0.43	2.47	25	3
1:A:102:PHE:CE1	1:A:143:LEU:HG	0.43	2.49	35	1
1:A:60:LYS:CD	1:A:128:SER:HA	0.43	2.43	25	1
1:A:25:TRP:HZ3	1:A:45:ILE:HG21	0.43	1.73	7	1
1:A:47:HIS:CE1	1:A:80:GLU:HG3	0.43	2.48	24	1
1:A:24:HIS:HB3	1:A:76:MET:HB2	0.43	1.90	23	3
1:A:115:ASN:ND2	1:A:126:TYR:HB3	0.43	2.28	9	1
1:A:26:ARG:HB3	1:A:76:MET:CE	0.43	2.44	8	2
1:A:92:PRO:O	1:A:124:TYR:CE1	0.43	2.71	21	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:42:LEU:CB	1:A:103:LEU:CD1	0.43	2.93	37	1
1:A:103:LEU:HD13	1:A:108:LYS:C	0.43	2.33	27	1
1:A:122:TYR:CE1	1:A:125:PHE:O	0.43	2.71	10	1
1:A:96:TYR:CE1	1:A:99:ARG:NH1	0.43	2.87	36	1
1:A:50:TRP:O	1:A:50:TRP:CG	0.43	2.72	13	2
1:A:53:ALA:HB3	1:A:99:ARG:NH2	0.43	2.27	24	1
1:A:23:ILE:CG2	1:A:25:TRP:CZ2	0.43	3.02	29	1
1:A:44:VAL:CG1	1:A:101:LEU:HB2	0.43	2.43	18	1
1:A:103:LEU:CB	1:A:108:LYS:C	0.43	2.87	18	2
1:A:97:ILE:H	1:A:97:ILE:HD13	0.43	1.74	36	1
1:A:115:ASN:ND2	1:A:131:GLN:OE1	0.43	2.51	11	2
1:A:44:VAL:CG2	1:A:103:LEU:CD1	0.43	2.94	38	4
1:A:23:ILE:CG2	1:A:24:HIS:ND1	0.43	2.81	23	1
1:A:89:ASP:OD2	1:A:101:LEU:CD2	0.43	2.67	40	1
1:A:22:HIS:O	1:A:23:ILE:C	0.43	2.56	7	3
1:A:48:LYS:O	1:A:49:SER:O	0.43	2.37	29	1
1:A:64:SER:CA	1:A:67:ILE:HB	0.43	2.44	20	2
1:A:112:GLU:O	1:A:113:ILE:HD13	0.43	2.13	15	1
1:A:102:PHE:CZ	1:A:143:LEU:CD2	0.43	3.02	22	1
1:A:115:ASN:O	1:A:116:GLU:CB	0.43	2.67	18	1
1:A:44:VAL:CG1	1:A:101:LEU:HB3	0.43	2.44	30	1
1:A:103:LEU:HD13	1:A:107:GLY:HA2	0.43	1.90	38	1
1:A:73:ASN:OD1	1:A:74:PHE:CE2	0.43	2.72	8	2
1:A:41:PRO:CG	1:A:74:PHE:CE2	0.43	3.02	37	1
1:A:100:ILE:HG13	1:A:100:ILE:O	0.43	2.13	18	1
1:A:100:ILE:HD11	1:A:126:TYR:HE1	0.43	1.66	4	1
1:A:60:LYS:CB	1:A:60:LYS:NZ	0.43	2.82	24	1
1:A:40:LEU:HB2	1:A:74:PHE:HA	0.43	1.90	15	2
1:A:23:ILE:O	1:A:25:TRP:CD1	0.43	2.72	34	2
1:A:41:PRO:HB2	1:A:74:PHE:CE2	0.43	2.48	21	1
1:A:40:LEU:CD1	1:A:40:LEU:N	0.43	2.80	14	1
1:A:103:LEU:HB2	1:A:109:VAL:CA	0.43	2.44	36	1
1:A:91:SER:HA	1:A:96:TYR:CZ	0.43	2.48	5	1
1:A:104:ASP:O	1:A:107:GLY:N	0.43	2.52	37	1
1:A:102:PHE:CZ	1:A:136:MET:CE	0.43	3.02	12	1
1:A:46:ILE:O	1:A:98:PRO:O	0.43	2.37	14	2
1:A:57:LEU:CD2	1:A:58:LYS:N	0.43	2.72	10	1
1:A:43:MET:HE1	1:A:101:LEU:O	0.43	2.14	30	1
1:A:73:ASN:OD1	1:A:74:PHE:CD2	0.43	2.71	33	1
1:A:69:GLU:O	1:A:72:HIS:ND1	0.43	2.52	26	2
1:A:124:TYR:N	1:A:124:TYR:CD1	0.43	2.86	16	1

Continued on next page...



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:22:HIS:CB	1:A:26:ARG:HD3	0.43	2.44	9	1
1:A:92:PRO:CD	1:A:101:LEU:CD2	0.43	2.97	29	1
1:A:75:VAL:HG23	1:A:76:MET:CE	0.43	2.43	8	1
1:A:46:ILE:HG22	1:A:47:HIS:N	0.43	2.29	15	1
1:A:69:GLU:HA	1:A:72:HIS:CD2	0.43	2.49	39	1
1:A:114:ILE:CG1	1:A:123:LYS:CD	0.43	2.96	27	1
1:A:114:ILE:CG1	1:A:123:LYS:HD2	0.43	2.44	27	1
1:A:119:ASN:HB2	1:A:122:TYR:CZ	0.43	2.49	10	1
1:A:42:LEU:CB	1:A:103:LEU:HD12	0.43	2.44	38	1
1:A:43:MET:HB3	1:A:76:MET:HG3	0.43	1.91	2	1
1:A:101:LEU:HB3	1:A:124:TYR:CD2	0.42	2.48	17	3
1:A:93:ASP:OD1	1:A:94:GLY:N	0.42	2.52	32	2
1:A:74:PHE:CE1	1:A:136:MET:HG3	0.42	2.48	23	1
1:A:89:ASP:OD1	1:A:109:VAL:CG1	0.42	2.67	40	1
1:A:44:VAL:CG1	1:A:46:ILE:CD1	0.42	2.95	34	1
1:A:41:PRO:HG3	1:A:143:LEU:HD11	0.42	1.91	8	1
1:A:26:ARG:CB	1:A:76:MET:HB3	0.42	2.43	21	1
1:A:100:ILE:HB	1:A:126:TYR:CD1	0.42	2.49	27	1
1:A:126:TYR:CZ	1:A:132:VAL:HA	0.42	2.49	6	1
1:A:27:THR:N	1:A:76:MET:HG3	0.42	2.28	10	1
1:A:70:LEU:C	1:A:70:LEU:CD2	0.42	2.86	33	1
1:A:22:HIS:O	1:A:22:HIS:CG	0.42	2.72	31	2
1:A:66:GLU:O	1:A:69:GLU:CG	0.42	2.67	34	1
1:A:53:ALA:CA	1:A:127:VAL:HG12	0.42	2.41	9	1
1:A:22:HIS:O	1:A:23:ILE:CB	0.42	2.67	29	1
1:A:48:LYS:HG3	1:A:83:GLU:CG	0.42	2.44	8	1
1:A:50:TRP:CE3	1:A:50:TRP:O	0.42	2.72	21	2
1:A:102:PHE:CE1	1:A:143:LEU:HD23	0.42	2.49	12	1
1:A:102:PHE:CE1	1:A:143:LEU:CG	0.42	3.02	35	1
1:A:143:LEU:HD22	1:A:143:LEU:N	0.42	2.29	10	1
1:A:44:VAL:HG21	1:A:109:VAL:CG1	0.42	2.32	36	1
1:A:25:TRP:C	1:A:76:MET:HB2	0.42	2.35	26	1
1:A:53:ALA:CB	1:A:126:TYR:O	0.42	2.68	33	4
1:A:28:LEU:HA	1:A:77:VAL:HG22	0.42	1.90	14	2
1:A:72:HIS:O	1:A:74:PHE:O	0.42	2.37	20	1
1:A:23:ILE:HG21	1:A:61:PHE:CE2	0.42	2.49	22	1
1:A:43:MET:SD	1:A:100:ILE:HD12	0.42	2.54	12	1
1:A:100:ILE:HD12	1:A:100:ILE:H	0.42	1.75	14	1
1:A:43:MET:O	1:A:77:VAL:N	0.42	2.52	17	1
1:A:43:MET:HG2	1:A:74:PHE:CE1	0.42	2.49	33	1
1:A:126:TYR:O	1:A:126:TYR:CD1	0.42	2.72	13	1

*Continued on next page...*



Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:46:ILE:HG23	1:A:79:LEU:CD1	0.42	2.43	2	1
1:A:31:GLY:CA	1:A:75:VAL:CG1	0.42	2.97	26	2
1:A:97:ILE:HA	1:A:98:PRO:HD3	0.42	1.52	34	13
1:A:73:ASN:HB3	1:A:140:GLN:CB	0.42	2.45	9	2
1:A:44:VAL:CG1	1:A:45:ILE:N	0.42	2.81	16	3
1:A:102:PHE:CG	1:A:113:ILE:HG21	0.42	2.49	40	3
1:A:22:HIS:O	1:A:23:ILE:HB	0.42	2.15	29	1
1:A:136:MET:CG	1:A:137:LYS:N	0.42	2.82	8	1
1:A:121:SER:O	1:A:122:TYR:CD2	0.42	2.73	3	3
1:A:96:TYR:CD1	1:A:99:ARG:HD3	0.42	2.49	20	1
1:A:56:ALA:O	1:A:59:PRO:HD2	0.42	2.13	35	2
1:A:132:VAL:O	1:A:136:MET:HG2	0.42	2.15	22	1
1:A:102:PHE:HB3	1:A:113:ILE:CB	0.42	2.43	3	1
1:A:43:MET:HB3	1:A:76:MET:CG	0.42	2.44	17	1
1:A:41:PRO:HD2	1:A:144:THR:HG22	0.42	1.92	7	2
1:A:55:LYS:O	1:A:58:LYS:HG3	0.42	2.14	32	1
1:A:43:MET:HE2	1:A:74:PHE:CD2	0.42	2.49	24	1
1:A:56:ALA:O	1:A:60:LYS:CD	0.42	2.68	1	2
1:A:28:LEU:HD23	1:A:29:GLU:N	0.42	2.29	3	1
1:A:44:VAL:O	1:A:44:VAL:CG1	0.42	2.68	30	1
1:A:24:HIS:CG	1:A:76:MET:HG3	0.42	2.49	36	1
1:A:133:VAL:O	1:A:137:LYS:N	0.42	2.53	13	1
1:A:144:THR:HG23	1:A:144:THR:O	0.42	2.15	31	1
1:A:24:HIS:HA	1:A:76:MET:CA	0.42	2.44	8	1
1:A:22:HIS:CD2	1:A:22:HIS:O	0.42	2.73	39	2
1:A:114:ILE:CG2	1:A:124:TYR:CE2	0.42	3.03	20	1
1:A:47:HIS:CD2	1:A:80:GLU:OE1	0.42	2.73	14	1
1:A:78:ASN:C	1:A:78:ASN:ND2	0.42	2.72	9	2
1:A:87:ASP:O	1:A:90:PHE:CE1	0.42	2.72	28	1
1:A:40:LEU:CD2	1:A:72:HIS:O	0.42	2.66	13	2
1:A:54:CYS:O	1:A:58:LYS:CG	0.42	2.68	5	2
1:A:101:LEU:CD1	1:A:109:VAL:CG2	0.42	2.98	19	1
1:A:44:VAL:HG22	1:A:46:ILE:HD11	0.42	1.91	20	1
1:A:73:ASN:HB2	1:A:140:GLN:CB	0.42	2.45	22	1
1:A:57:LEU:HB2	1:A:61:PHE:HB2	0.42	1.91	6	1
1:A:38:SER:CB	1:A:40:LEU:CD1	0.42	2.98	14	1
1:A:44:VAL:HG21	1:A:109:VAL:CG2	0.42	2.44	26	1
1:A:45:ILE:O	1:A:78:ASN:CA	0.42	2.67	32	1
1:A:101:LEU:HB3	1:A:109:VAL:CG2	0.42	2.44	23	2
1:A:92:PRO:HD3	1:A:96:TYR:CE1	0.42	2.50	23	2
1:A:136:MET:O	1:A:136:MET:HE3	0.42	2.15	40	2

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:25:TRP:HA	1:A:76:MET:O	0.42	2.15	34	2
1:A:55:LYS:CG	1:A:56:ALA:N	0.42	2.82	29	2
1:A:58:LYS:CG	1:A:59:PRO:CD	0.42	2.97	19	1
1:A:44:VAL:HG21	1:A:103:LEU:CD1	0.42	2.44	6	1
1:A:22:HIS:CE1	1:A:68:SER:OG	0.42	2.73	14	1
1:A:43:MET:HE3	1:A:102:PHE:CG	0.42	2.50	18	1
1:A:42:LEU:HD23	1:A:75:VAL:HG11	0.42	1.89	30	1
1:A:57:LEU:HD13	1:A:61:PHE:HD2	0.42	1.74	17	1
1:A:46:ILE:HG12	1:A:79:LEU:HB2	0.42	1.92	5	1
1:A:42:LEU:CB	1:A:77:VAL:HG21	0.42	2.44	5	1
1:A:71:SER:OG	1:A:76:MET:HE2	0.42	2.14	11	1
1:A:104:ASP:N	1:A:110:HIS:CE1	0.42	2.88	13	1
1:A:100:ILE:CG2	1:A:124:TYR:O	0.42	2.68	7	1
1:A:45:ILE:HD12	1:A:100:ILE:CD1	0.42	2.45	24	1
1:A:131:GLN:O	1:A:134:GLN:N	0.42	2.52	23	1
1:A:70:LEU:O	1:A:72:HIS:N	0.42	2.53	23	6
1:A:115:ASN:O	1:A:117:ASN:N	0.42	2.53	30	2
1:A:42:LEU:HD22	1:A:107:GLY:N	0.42	2.29	9	1
1:A:68:SER:O	1:A:72:HIS:HB2	0.42	2.14	29	1
1:A:89:ASP:OD1	1:A:109:VAL:HB	0.42	2.15	8	1
1:A:110:HIS:CD2	1:A:110:HIS:O	0.42	2.72	39	1
1:A:44:VAL:CG1	1:A:101:LEU:CB	0.42	2.97	20	2
1:A:54:CYS:HA	1:A:57:LEU:HD21	0.42	1.92	18	1
1:A:41:PRO:HG2	1:A:74:PHE:CD1	0.42	2.49	10	1
1:A:133:VAL:HG23	1:A:136:MET:HE3	0.42	1.91	33	1
1:A:41:PRO:HG2	1:A:74:PHE:CD2	0.42	2.50	38	1
1:A:96:TYR:C	1:A:96:TYR:HD1	0.42	2.18	26	1
1:A:89:ASP:O	1:A:101:LEU:HD13	0.42	2.14	24	1
1:A:71:SER:C	1:A:73:ASN:H	0.42	2.18	9	1
1:A:43:MET:SD	1:A:102:PHE:CZ	0.42	3.13	36	2
1:A:22:HIS:O	1:A:22:HIS:CD2	0.42	2.73	29	1
1:A:42:LEU:O	1:A:103:LEU:HG	0.42	2.15	19	1
1:A:42:LEU:HD21	1:A:107:GLY:CA	0.42	2.45	19	1
1:A:40:LEU:CG	1:A:74:PHE:HA	0.42	2.45	15	3
1:A:42:LEU:CA	1:A:75:VAL:O	0.42	2.68	18	1
1:A:70:LEU:HD22	1:A:136:MET:SD	0.42	2.55	35	1
1:A:48:LYS:O	1:A:49:SER:CB	0.42	2.68	25	1
1:A:23:ILE:HG12	1:A:24:HIS:CD2	0.41	2.50	26	1
1:A:40:LEU:HD13	1:A:75:VAL:H	0.41	1.75	23	1
1:A:45:ILE:N	1:A:77:VAL:O	0.41	2.52	23	1
1:A:24:HIS:CD2	1:A:25:TRP:CZ3	0.41	3.08	1	2

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:24:HIS:HB3	1:A:43:MET:CG	0.41	2.45	30	2
1:A:96:TYR:CZ	1:A:122:TYR:O	0.41	2.73	29	2
1:A:64:SER:HB3	1:A:67:ILE:CG2	0.41	2.45	29	1
1:A:61:PHE:CZ	1:A:64:SER:OG	0.41	2.72	8	1
1:A:61:PHE:O	1:A:64:SER:N	0.41	2.37	8	1
1:A:42:LEU:CD2	1:A:75:VAL:CG1	0.41	2.98	39	2
1:A:76:MET:CG	1:A:76:MET:O	0.41	2.68	10	2
1:A:126:TYR:CE1	1:A:132:VAL:HA	0.41	2.50	20	2
1:A:27:THR:N	1:A:76:MET:HB2	0.41	2.28	21	1
1:A:103:LEU:CD2	1:A:109:VAL:HB	0.41	2.45	27	1
1:A:122:TYR:HB3	1:A:125:PHE:HB3	0.41	1.92	30	1
1:A:22:HIS:HB2	1:A:26:ARG:CG	0.41	2.44	30	1
1:A:57:LEU:HD11	1:A:126:TYR:CE2	0.41	2.50	11	1
1:A:96:TYR:CE1	1:A:99:ARG:HB3	0.41	2.50	38	1
1:A:93:ASP:OD1	1:A:124:TYR:CE2	0.41	2.73	13	1
1:A:23:ILE:HG12	1:A:24:HIS:N	0.41	2.30	26	2
1:A:85:PRO:HG3	1:A:90:PHE:CD1	0.41	2.49	23	1
1:A:46:ILE:C	1:A:47:HIS:CD2	0.41	2.94	34	1
1:A:24:HIS:CB	1:A:76:MET:HG3	0.41	2.44	34	1
1:A:74:PHE:HZ	1:A:136:MET:HB2	0.41	1.76	28	1
1:A:133:VAL:O	1:A:137:LYS:HD2	0.41	2.14	18	2
1:A:84:GLU:CB	1:A:85:PRO:HD3	0.41	2.44	3	2
1:A:85:PRO:O	1:A:90:PHE:CD2	0.41	2.74	7	2
1:A:40:LEU:O	1:A:40:LEU:CD2	0.41	2.68	11	1
1:A:143:LEU:N	1:A:143:LEU:HD22	0.41	2.30	23	1
1:A:47:HIS:CD2	1:A:78:ASN:OD1	0.41	2.74	23	1
1:A:69:GLU:O	1:A:72:HIS:CE1	0.41	2.74	39	1
1:A:92:PRO:HB2	1:A:124:TYR:CD1	0.41	2.50	18	1
1:A:87:ASP:O	1:A:90:PHE:CD1	0.41	2.73	10	1
1:A:114:ILE:CB	1:A:123:LYS:HB3	0.41	2.44	30	1
1:A:24:HIS:ND1	1:A:45:ILE:CD1	0.41	2.83	4	1
1:A:91:SER:HA	1:A:96:TYR:CE1	0.41	2.51	26	1
1:A:42:LEU:CD1	1:A:75:VAL:CG1	0.41	2.98	22	2
1:A:114:ILE:HB	1:A:123:LYS:O	0.41	2.15	16	1
1:A:22:HIS:CD2	1:A:26:ARG:HD3	0.41	2.51	28	1
1:A:97:ILE:HD13	1:A:97:ILE:N	0.41	2.31	20	2
1:A:113:ILE:CD1	1:A:142:ARG:NH1	0.41	2.84	29	1
1:A:43:MET:N	1:A:77:VAL:HG23	0.41	2.29	21	1
1:A:132:VAL:O	1:A:136:MET:CB	0.41	2.69	14	1
1:A:44:VAL:O	1:A:101:LEU:O	0.41	2.38	35	1
1:A:74:PHE:CE2	1:A:140:GLN:HB3	0.41	2.50	36	1

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:61:PHE:CD1	1:A:61:PHE:O	0.41	2.74	5	1
1:A:99:ARG:NH2	1:A:122:TYR:O	0.41	2.53	38	1
1:A:56:ALA:O	1:A:60:LYS:CG	0.41	2.68	24	1
1:A:85:PRO:HG3	1:A:90:PHE:CD2	0.41	2.51	23	1
1:A:101:LEU:N	1:A:101:LEU:HD13	0.41	2.30	34	1
1:A:24:HIS:CD2	1:A:67:ILE:O	0.41	2.73	34	1
1:A:74:PHE:CE2	1:A:76:MET:SD	0.41	3.14	15	1
1:A:24:HIS:O	1:A:78:ASN:HB3	0.41	2.15	17	2
1:A:46:ILE:HG21	1:A:90:PHE:CE2	0.41	2.51	3	1
1:A:139:ALA:CB	1:A:143:LEU:HD23	0.41	2.38	33	1
1:A:57:LEU:HD21	1:A:128:SER:H	0.41	1.75	5	1
1:A:45:ILE:HG12	1:A:100:ILE:CG2	0.41	2.44	13	1
1:A:80:GLU:O	1:A:80:GLU:CG	0.41	2.69	7	1
1:A:114:ILE:O	1:A:126:TYR:CE1	0.41	2.73	24	1
1:A:60:LYS:O	1:A:63:GLU:HB3	0.41	2.14	10	2
1:A:105:PRO:O	1:A:106:SER:HB3	0.41	2.16	23	2
1:A:26:ARG:O	1:A:27:THR:CG2	0.41	2.67	23	2
1:A:96:TYR:OH	1:A:124:TYR:CD1	0.41	2.68	14	2
1:A:100:ILE:CG1	1:A:100:ILE:O	0.41	2.69	34	1
1:A:24:HIS:O	1:A:75:VAL:HB	0.41	2.16	34	1
1:A:115:ASN:CG	1:A:126:TYR:CE1	0.41	2.94	28	1
1:A:26:ARG:N	1:A:76:MET:HB3	0.41	2.31	21	1
1:A:143:LEU:N	1:A:143:LEU:CD2	0.41	2.83	10	1
1:A:96:TYR:HH	1:A:124:TYR:HD2	0.41	1.55	17	1
1:A:26:ARG:HG2	1:A:76:MET:SD	0.41	2.55	33	1
1:A:79:LEU:CD1	1:A:85:PRO:HG3	0.41	2.46	5	1
1:A:28:LEU:HD21	1:A:42:LEU:CD1	0.41	2.45	11	1
1:A:113:ILE:HG21	1:A:143:LEU:HD21	0.41	1.92	32	1
1:A:103:LEU:CD2	1:A:109:VAL:N	0.41	2.83	24	1
1:A:140:GLN:O	1:A:144:THR:CG2	0.41	2.69	12	5
1:A:103:LEU:HD23	1:A:103:LEU:H	0.41	1.76	34	2
1:A:72:HIS:O	1:A:74:PHE:N	0.41	2.53	9	1
1:A:24:HIS:HB3	1:A:45:ILE:HD12	0.41	1.91	29	2
1:A:28:LEU:CA	1:A:77:VAL:HG21	0.41	2.46	19	1
1:A:48:LYS:CD	1:A:99:ARG:CZ	0.41	2.99	15	1
1:A:103:LEU:HB2	1:A:109:VAL:HA	0.41	1.92	20	2
1:A:26:ARG:HG3	1:A:76:MET:SD	0.41	2.55	21	1
1:A:57:LEU:HD21	1:A:126:TYR:CE2	0.41	2.51	11	1
1:A:57:LEU:CD1	1:A:61:PHE:CG	0.41	3.03	11	1
1:A:24:HIS:ND1	1:A:43:MET:HG2	0.41	2.31	25	1
1:A:24:HIS:CB	1:A:45:ILE:CD1	0.41	2.98	38	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:46:ILE:HG12	1:A:79:LEU:CB	0.41	2.42	16	1
1:A:79:LEU:HD13	1:A:83:GLU:HB3	0.41	1.92	18	1
1:A:43:MET:O	1:A:76:MET:HA	0.41	2.16	36	1
1:A:40:LEU:HG	1:A:73:ASN:O	0.41	2.15	11	1
1:A:49:SER:O	1:A:50:TRP:CD1	0.41	2.74	26	1
1:A:132:VAL:O	1:A:136:MET:CG	0.41	2.68	32	1
1:A:115:ASN:ND2	1:A:126:TYR:CE2	0.41	2.88	32	1
1:A:73:ASN:CB	1:A:140:GLN:HB2	0.41	2.45	22	2
1:A:133:VAL:O	1:A:136:MET:HG3	0.41	2.16	28	1
1:A:115:ASN:CG	1:A:126:TYR:CE2	0.41	2.95	29	1
1:A:22:HIS:C	1:A:23:ILE:HG22	0.41	2.36	29	1
1:A:45:ILE:CG1	1:A:78:ASN:HB2	0.41	2.46	8	1
1:A:74:PHE:CD2	1:A:76:MET:SD	0.41	3.14	19	2
1:A:100:ILE:HD12	1:A:102:PHE:HE1	0.41	1.76	39	1
1:A:43:MET:CG	1:A:45:ILE:CD1	0.41	2.99	20	1
1:A:97:ILE:HD13	1:A:97:ILE:H	0.41	1.76	20	1
1:A:110:HIS:C	1:A:112:GLU:H	0.41	2.19	7	2
1:A:102:PHE:CD1	1:A:113:ILE:O	0.41	2.74	21	1
1:A:43:MET:N	1:A:77:VAL:CG2	0.41	2.84	21	1
1:A:53:ALA:O	1:A:57:LEU:CD1	0.41	2.66	27	1
1:A:114:ILE:HG13	1:A:115:ASN:H	0.41	1.76	12	1
1:A:42:LEU:HG	1:A:103:LEU:HD21	0.41	1.92	14	2
1:A:94:GLY:CA	1:A:99:ARG:CZ	0.41	2.99	3	1
1:A:41:PRO:O	1:A:74:PHE:CB	0.41	2.69	14	1
1:A:43:MET:SD	1:A:74:PHE:CG	0.41	3.14	30	1
1:A:132:VAL:O	1:A:136:MET:HB2	0.41	2.15	17	1
1:A:96:TYR:CG	1:A:122:TYR:CE1	0.41	3.09	33	1
1:A:67:ILE:CG2	1:A:71:SER:CB	0.41	2.95	33	1
1:A:40:LEU:HG	1:A:74:PHE:HB3	0.41	1.93	11	1
1:A:23:ILE:N	1:A:23:ILE:HD12	0.41	2.31	7	1
1:A:92:PRO:HG3	1:A:124:TYR:CD2	0.41	2.52	26	1
1:A:24:HIS:HB2	1:A:76:MET:CG	0.41	2.44	34	1
1:A:73:ASN:HB3	1:A:140:GLN:HB3	0.41	1.92	28	1
1:A:25:TRP:CH2	1:A:61:PHE:CE2	0.41	3.09	9	1
1:A:110:HIS:CE1	1:A:112:GLU:OE2	0.41	2.75	12	1
1:A:89:ASP:O	1:A:101:LEU:CD1	0.41	2.69	12	2
1:A:26:ARG:O	1:A:27:THR:HG22	0.41	2.16	10	1
1:A:46:ILE:CB	1:A:99:ARG:O	0.41	2.69	36	1
1:A:52:GLY:O	1:A:55:LYS:N	0.41	2.54	7	1
1:A:76:MET:SD	1:A:76:MET:N	0.40	2.94	36	2
1:A:57:LEU:HD12	1:A:61:PHE:HB2	0.40	1.92	29	1

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:114:ILE:O	1:A:115:ASN:HB2	0.40	2.17	19	2
1:A:74:PHE:CE1	1:A:140:GLN:HG2	0.40	2.52	37	1
1:A:22:HIS:NE2	1:A:68:SER:OG	0.40	2.54	30	1
1:A:46:ILE:CG2	1:A:98:PRO:HB3	0.40	2.45	36	1
1:A:119:ASN:HB2	1:A:120:PRO:HD2	0.40	1.93	13	1
1:A:96:TYR:CE2	1:A:124:TYR:HB2	0.40	2.51	2	1
1:A:56:ALA:HB1	1:A:60:LYS:HE2	0.40	1.93	24	1
1:A:73:ASN:OD1	1:A:74:PHE:CZ	0.40	2.74	31	1
1:A:55:LYS:O	1:A:58:LYS:HG2	0.40	2.16	29	1
1:A:40:LEU:CD1	1:A:74:PHE:CA	0.40	2.99	20	1
1:A:101:LEU:HA	1:A:124:TYR:CD1	0.40	2.51	27	1
1:A:115:ASN:HB2	1:A:123:LYS:O	0.40	2.16	36	1
1:A:24:HIS:NE2	1:A:43:MET:CE	0.40	2.84	36	1
1:A:99:ARG:NE	1:A:122:TYR:CE1	0.40	2.89	11	1
1:A:50:TRP:O	1:A:50:TRP:CD2	0.40	2.74	23	2
1:A:74:PHE:CZ	1:A:136:MET:HG3	0.40	2.51	23	1
1:A:99:ARG:CZ	1:A:125:PHE:CE2	0.40	3.05	16	1
1:A:45:ILE:CG1	1:A:100:ILE:HG22	0.40	2.46	34	1
1:A:73:ASN:OD1	1:A:140:GLN:HB2	0.40	2.16	28	1
1:A:43:MET:CE	1:A:102:PHE:N	0.40	2.84	37	1
1:A:75:VAL:CG1	1:A:75:VAL:O	0.40	2.69	37	1
1:A:96:TYR:OH	1:A:101:LEU:CD1	0.40	2.68	18	1
1:A:44:VAL:HB	1:A:101:LEU:CD2	0.40	2.47	4	1
1:A:25:TRP:CZ3	1:A:45:ILE:HD12	0.40	2.52	26	1
1:A:23:ILE:CG1	1:A:68:SER:HA	0.40	2.46	24	1
1:A:93:ASP:OD1	1:A:124:TYR:CD1	0.40	2.75	24	1
1:A:96:TYR:C	1:A:97:ILE:HG23	0.40	2.37	19	1
1:A:103:LEU:HA	1:A:110:HIS:CE1	0.40	2.52	6	1
1:A:58:LYS:H	1:A:58:LYS:HG2	0.40	1.57	4	1
1:A:77:VAL:O	1:A:77:VAL:CG1	0.40	2.68	26	1
1:A:42:LEU:HB3	1:A:103:LEU:CD1	0.40	2.46	24	1
1:A:74:PHE:CD2	1:A:76:MET:HE1	0.40	2.52	16	1
1:A:100:ILE:CG1	1:A:124:TYR:O	0.40	2.70	39	1
1:A:114:ILE:HG12	1:A:115:ASN:N	0.40	2.32	27	1
1:A:102:PHE:HB3	1:A:113:ILE:CG2	0.40	2.47	3	1
1:A:42:LEU:HG	1:A:103:LEU:CD2	0.40	2.46	14	1
1:A:78:ASN:ND2	1:A:78:ASN:C	0.40	2.74	14	1
1:A:103:LEU:HB3	1:A:108:LYS:O	0.40	2.17	25	1
1:A:93:ASP:OD2	1:A:124:TYR:CE2	0.40	2.75	7	1

## 6.3 Torsion angles

### 6.3.1 Protein backbone

In the following table, the Percentiles column shows the percent Ramachandran outliers of the chain as a percentile score with respect to all PDB entries followed by that with respect to all NMR entries. The Analysed column shows the number of residues for which the backbone conformation was analysed and the total number of residues.

Mol	Chain	Analysed	Favoured	Allowed	Outliers	Percentiles	
1	A	123/157 (78%)	85±4 (69±3%)	23±4 (19±3%)	15±2 (12±2%)	<b>1</b>	<b>7</b>
All	All	4920/6280 (78%)	3385 (69%)	925 (19%)	610 (12%)	<b>1</b>	<b>7</b>

All 51 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	23	ILE	39
1	A	123	LYS	37
1	A	64	SER	37
1	A	128	SER	37
1	A	121	SER	35
1	A	105	PRO	35
1	A	106	SER	35
1	A	27	THR	33
1	A	122	TYR	25
1	A	127	VAL	24
1	A	124	TYR	23
1	A	76	MET	21
1	A	92	PRO	18
1	A	71	SER	17
1	A	51	CYS	15
1	A	96	TYR	13
1	A	37	ALA	13
1	A	49	SER	12
1	A	50	TRP	11
1	A	115	ASN	11
1	A	144	THR	11
1	A	86	LYS	10
1	A	93	ASP	8
1	A	77	VAL	8
1	A	83	GLU	7
1	A	22	HIS	6
1	A	85	PRO	6

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	118	GLY	6
1	A	84	GLU	6
1	A	95	GLY	5
1	A	109	VAL	5
1	A	58	LYS	5
1	A	26	ARG	4
1	A	25	TRP	4
1	A	29	GLU	3
1	A	114	ILE	3
1	A	80	GLU	3
1	A	73	ASN	2
1	A	72	HIS	2
1	A	44	VAL	2
1	A	24	HIS	2
1	A	113	ILE	2
1	A	119	ASN	1
1	A	52	GLY	1
1	A	48	LYS	1
1	A	41	PRO	1
1	A	89	ASP	1
1	A	94	GLY	1
1	A	87	ASP	1
1	A	110	HIS	1
1	A	74	PHE	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	107/134 (80%)	71±4 (66±4%)	37±4 (34±4%)	1	11
All	All	4280/5360 (80%)	2820 (66%)	1460 (34%)	1	11

All 95 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	25	TRP	40

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	76	MET	40
1	A	98	PRO	40
1	A	114	ILE	39
1	A	71	SER	37
1	A	122	TYR	37
1	A	60	LYS	37
1	A	65	THR	33
1	A	140	GLN	32
1	A	99	ARG	32
1	A	103	LEU	29
1	A	48	LYS	29
1	A	87	ASP	27
1	A	30	ASP	27
1	A	101	LEU	26
1	A	74	PHE	24
1	A	97	ILE	24
1	A	66	GLU	24
1	A	130	GLU	23
1	A	96	TYR	23
1	A	123	LYS	23
1	A	27	THR	23
1	A	104	ASP	22
1	A	70	LEU	22
1	A	29	GLU	21
1	A	108	LYS	21
1	A	33	LYS	21
1	A	68	SER	21
1	A	138	GLU	21
1	A	78	ASN	20
1	A	142	ARG	20
1	A	93	ASP	19
1	A	112	GLU	19
1	A	49	SER	19
1	A	83	GLU	18
1	A	32	LYS	18
1	A	26	ARG	18
1	A	57	LEU	18
1	A	82	GLU	17
1	A	121	SER	17
1	A	89	ASP	16
1	A	80	GLU	16
1	A	110	HIS	16

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	86	LYS	16
1	A	55	LYS	15
1	A	106	SER	15
1	A	84	GLU	15
1	A	42	LEU	14
1	A	136	MET	14
1	A	58	LYS	14
1	A	131	GLN	13
1	A	132	VAL	13
1	A	38	SER	13
1	A	63	GLU	12
1	A	109	VAL	12
1	A	90	PHE	12
1	A	126	TYR	12
1	A	51	CYS	11
1	A	143	LEU	11
1	A	102	PHE	11
1	A	141	GLU	11
1	A	79	LEU	10
1	A	117	ASN	10
1	A	72	HIS	8
1	A	128	SER	8
1	A	22	HIS	8
1	A	88	GLU	8
1	A	47	HIS	8
1	A	116	GLU	7
1	A	43	MET	7
1	A	100	ILE	7
1	A	91	SER	7
1	A	40	LEU	7
1	A	28	LEU	6
1	A	137	LYS	6
1	A	45	ILE	5
1	A	77	VAL	5
1	A	54	CYS	5
1	A	81	ASP	5
1	A	127	VAL	4
1	A	24	HIS	4
1	A	46	ILE	3
1	A	67	ILE	3
1	A	69	GLU	3
1	A	73	ASN	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	34	GLU	2
1	A	119	ASN	1
1	A	115	ASN	1
1	A	113	ILE	1
1	A	61	PHE	1
1	A	50	TRP	1
1	A	23	ILE	1
1	A	134	GLN	1
1	A	133	VAL	1
1	A	125	PHE	1

### 6.3.3 RNA [i](#)

There are no RNA molecules in this entry.

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

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

## 6.5 Carbohydrates [i](#)

There are no carbohydrates in this entry.

## 6.6 Ligand geometry [i](#)

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

The completeness of assignment taking into account all chemical shift lists is 88% for the well-defined parts and 83% for the entire structure.

### 7.1 Chemical shift list 1

File name: BMRB entry 7430

Chemical shift list name: *assigned\_chem\_shift\_list\_1*

#### 7.1.1 Bookkeeping

The following table shows the results of parsing the chemical shift list and reports the number of nuclei with statistically unusual chemical shifts.

Total number of shifts	601
Number of shifts mapped to atoms	601
Number of unparsed shifts	0
Number of shifts with mapping errors	0
Number of shifts with mapping warnings	0
Number of shift outliers (ShiftChecker)	0

#### 7.1.2 Chemical shift referencing

The following table shows the suggested chemical shift referencing corrections.

Nucleus	# values	Correction $\pm$ precision, ppm	Suggested action
$^{13}\text{C}_\alpha$	151	$-0.36 \pm 0.12$	None needed ( $< 0.5$ ppm)
$^{13}\text{C}_\beta$	136	$0.20 \pm 0.18$	None needed ( $< 0.5$ ppm)
$^{13}\text{C}'$	0	—	None (insufficient data)
$^{15}\text{N}$	142	$0.51 \pm 0.32$	None needed (imprecise)

#### 7.1.3 Completeness of resonance assignments

The following table shows the completeness of the chemical shift assignments for the well-defined regions of the structure. The overall completeness is 33%, i.e. 495 atoms were assigned a chemical shift out of a possible 1518. 0 out of 16 assigned methyl groups (LEU and VAL) were assigned stereospecifically.

	Total	$^1\text{H}$	$^{13}\text{C}$	$^{15}\text{N}$
Backbone	353/599 (59%)	115/238 (48%)	123/246 (50%)	115/115 (100%)
Sidechain	138/778 (18%)	16/460 (3%)	114/291 (39%)	8/27 (30%)

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

	Total	<sup>1</sup> H	<sup>13</sup> C	<sup>15</sup> N
Aromatic	4/141 (3%)	2/73 (3%)	0/56 (0%)	2/12 (17%)
Overall	495/1518 (33%)	133/771 (17%)	237/593 (40%)	125/154 (81%)

The following table shows the completeness of the chemical shift assignments for the full structure. The overall completeness is 31%, i.e. 602 atoms were assigned a chemical shift out of a possible 1942. 0 out of 19 assigned methyl groups (LEU and VAL) were assigned stereospecifically.

	Total	<sup>1</sup> H	<sup>13</sup> C	<sup>15</sup> N
Backbone	435/769 (57%)	142/306 (46%)	151/314 (48%)	142/149 (95%)
Sidechain	163/950 (17%)	18/563 (3%)	136/353 (39%)	9/34 (26%)
Aromatic	4/223 (2%)	2/115 (2%)	0/80 (0%)	2/28 (7%)
Overall	602/1942 (31%)	162/984 (16%)	287/747 (38%)	153/211 (73%)

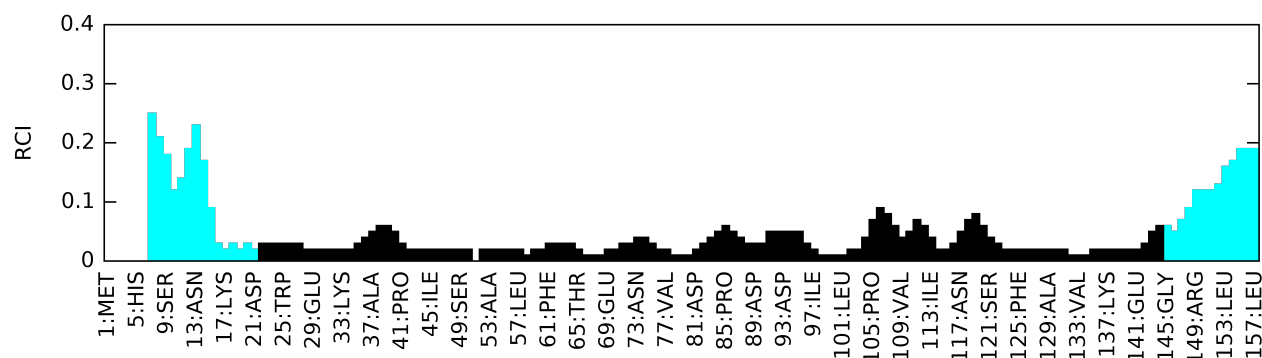
#### 7.1.4 Statistically unusual chemical shifts [i](#)

There are no statistically unusual chemical shifts.

#### 7.1.5 Random Coil Index (RCI) plots [i](#)

The image below reports *random coil index* values for the protein chains in the structure. The height of each bar gives a probability of a given residue to be disordered, as predicted from the available chemical shifts and the amino acid sequence. A value above 0.2 is an indication of significant predicted disorder. The colour of the bar shows whether the residue is in the well-defined core (black) or in the ill-defined residue ranges (cyan), as described in section 2 on ensemble composition.

Random coil index (RCI) for chain A:



## 7.2 Chemical shift list 2

File name: BMRB entry 15964

Chemical shift list name: *assigned\_chem\_shift\_list\_1*

### 7.2.1 Bookkeeping [i](#)

The following table shows the results of parsing the chemical shift list and reports the number of nuclei with statistically unusual chemical shifts.

Total number of shifts	1760
Number of shifts mapped to atoms	1760
Number of unparsed shifts	0
Number of shifts with mapping errors	0
Number of shifts with mapping warnings	0
Number of shift outliers (ShiftChecker)	5

### 7.2.2 Chemical shift referencing [i](#)

The following table shows the suggested chemical shift referencing corrections.

Nucleus	# values	Correction $\pm$ precision, ppm	Suggested action
$^{13}\text{C}_\alpha$	149	$-0.17 \pm 0.22$	None needed ( $< 0.5$ ppm)
$^{13}\text{C}_\beta$	135	$0.15 \pm 0.11$	None needed ( $< 0.5$ ppm)
$^{13}\text{C}'$	131	$-0.17 \pm 0.09$	None needed ( $< 0.5$ ppm)
$^{15}\text{N}$	138	$0.50 \pm 0.66$	None needed ( $< 0.5$ ppm)

### 7.2.3 Completeness of resonance assignments [i](#)

The following table shows the completeness of the chemical shift assignments for the well-defined regions of the structure. The overall completeness is 88%, i.e. 1330 atoms were assigned a chemical shift out of a possible 1518. 0 out of 16 assigned methyl groups (LEU and VAL) were assigned stereospecifically.

	Total	$^1\text{H}$	$^{13}\text{C}$	$^{15}\text{N}$
Backbone	575/599 (96%)	232/238 (97%)	232/246 (94%)	111/115 (97%)
Sidechain	672/778 (86%)	426/460 (93%)	238/291 (82%)	8/27 (30%)
Aromatic	83/141 (59%)	63/73 (86%)	18/56 (32%)	2/12 (17%)
Overall	1330/1518 (88%)	721/771 (94%)	488/593 (82%)	121/154 (79%)

The following table shows the completeness of the chemical shift assignments for the full structure. The overall completeness is 83%, i.e. 1603 atoms were assigned a chemical shift out of a possible 1942. 1 out of 19 assigned methyl groups (LEU and VAL) were assigned stereospecifically.

	Total	$^1\text{H}$	$^{13}\text{C}$	$^{15}\text{N}$
Backbone	704/769 (92%)	286/306 (93%)	280/314 (89%)	138/149 (93%)

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

	Total	<sup>1</sup> H	<sup>13</sup> C	<sup>15</sup> N
Sidechain	798/950 (84%)	506/563 (90%)	283/353 (80%)	9/34 (26%)
Aromatic	101/223 (45%)	77/115 (67%)	22/80 (28%)	2/28 (7%)
Overall	1603/1942 (83%)	869/984 (88%)	585/747 (78%)	149/211 (71%)

## 7.2.4 Statistically unusual chemical shifts ⓘ

The following table lists the statistically unusual chemical shifts. These are statistical measures, and large deviations from the mean do not necessarily imply incorrect assignments. Molecules containing paramagnetic centres or hemes are expected to give rise to anomalous chemical shifts.

Mol	Chain	Res	Type	Atom	Shift, ppm	Expected range, ppm	Z-score
1	A	78	ASN	HD21	4.28	9.74 – 4.94	-6.4
1	A	115	ASN	HB3	0.94	4.41 – 1.11	-5.5
1	A	23	ILE	HG22	-0.66	2.13 – -0.57	-5.3
1	A	23	ILE	HG23	-0.66	2.13 – -0.57	-5.3
1	A	23	ILE	HG21	-0.66	2.13 – -0.57	-5.3

## 7.2.5 Random Coil Index (RCI) plots ⓘ

The image below reports *random coil index* values for the protein chains in the structure. The height of each bar gives a probability of a given residue to be disordered, as predicted from the available chemical shifts and the amino acid sequence. A value above 0.2 is an indication of significant predicted disorder. The colour of the bar shows whether the residue is in the well-defined core (black) or in the ill-defined residue ranges (cyan), as described in section 2 on ensemble composition.

Random coil index (RCI) for chain A:

