



# Full wwPDB X-ray Structure Validation Report ⓘ

Jun 26, 2017 – 07:37 PM EDT

PDB ID : 1QJM  
Title : Crystal Structure of a Complex of Lactoferrin with a Lanthanide Ion (SM3+) at 3.4 Angstrom Resolution  
Authors : Sharma, A.K.; Singh, T.P.  
Deposited on : 1999-06-27  
Resolution : 3.40 Å(reported)

This is a Full wwPDB X-ray Structure Validation Report for a publicly released PDB entry.

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

A user guide is available at

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

with specific help available everywhere you see the ⓘ symbol.

---

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

MolProbity	:	4.02b-467
Mogul	:	1.7.2 (RC1), CSD as538be (2017)
Xtriage (Phenix)	:	NOT EXECUTED
EDS	:	NOT EXECUTED
Percentile statistics	:	20161228.v01 (using entries in the PDB archive December 28th 2016)
Ideal geometry (proteins)	:	Engh & Huber (2001)
Ideal geometry (DNA, RNA)	:	Parkinson et al. (1996)
Validation Pipeline (wwPDB-VP)	:	rb-20029077

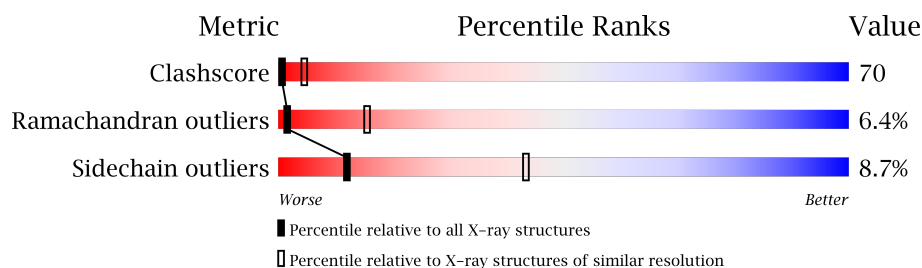
# 1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:

*X-RAY DIFFRACTION*

The reported resolution of this entry is 3.40 Å.

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



Metric	Whole archive (#Entries)	Similar resolution (#Entries, resolution range(Å))
Clashscore	112137	1832 (3.50-3.30)
Ramachandran outliers	110173	1789 (3.50-3.30)
Sidechain outliers	110143	1789 (3.50-3.30)

The table below summarises the geometric issues observed across the polymeric chains and their fit to the electron density. The red, orange, yellow and green segments on the lower bar indicate the fraction of residues that contain outliers for  $\geq 3$ , 2, 1 and 0 types of geometric quality criteria. A grey segment represents the fraction of residues that are not modelled. The numeric value for each fraction is indicated below the corresponding segment, with a dot representing fractions  $\leq 5\%$ . The upper red bar (where present) indicates the fraction of residues that have poor fit to the electron density. The numeric value is given above the bar.

Note EDS was not executed.

Mol	Chain	Length	Quality of chain
1	A	689	

The following table lists non-polymeric compounds, carbohydrate monomers and non-standard residues in protein, DNA, RNA chains that are outliers for geometric or electron-density-fit criteria:

Mol	Type	Chain	Res	Chirality	Geometry	Clashes	Electron density
3	CO3	A	692	-	-	X	-
3	CO3	A	693	-	-	X	-

## 2 Entry composition

There are 3 unique types of molecules in this entry. The entry contains 5291 atoms, of which 0 are hydrogens and 0 are deuteriums.

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

- Molecule 1 is a protein called LACTOFERRIN.

Mol	Chain	Residues	Atoms					ZeroOcc	AltConf	Trace
1	A	689	Total	C	N	O	S	0	0	0
			5281	3299	937	1008	37			

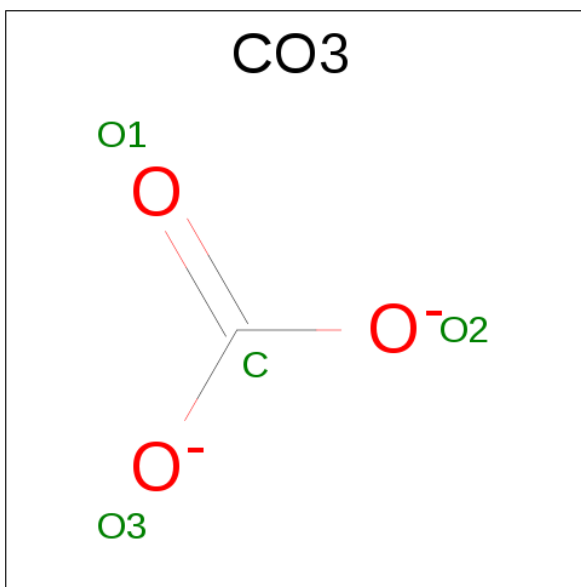
There are 6 discrepancies between the modelled and reference sequences:

Chain	Residue	Modelled	Actual	Comment	Reference
A	223	GLU	ASP	conflict	UNP O77811
A	269	LYS	ARG	conflict	UNP O77811
A	290	GLY	LYS	conflict	UNP O77811
A	294	GLY	GLU	conflict	UNP O77811
A	295	GLU	ASN	conflict	UNP O77811
A	296	GLN	LYS	conflict	UNP O77811

- Molecule 2 is SAMARIUM (III) ION (three-letter code: SM) (formula: Sm).

Mol	Chain	Residues	Atoms		ZeroOcc	AltConf
2	A	2	Total	Sm	0	0
			2	2		

- Molecule 3 is CARBONATE ION (three-letter code: CO3) (formula: CO<sub>3</sub>).



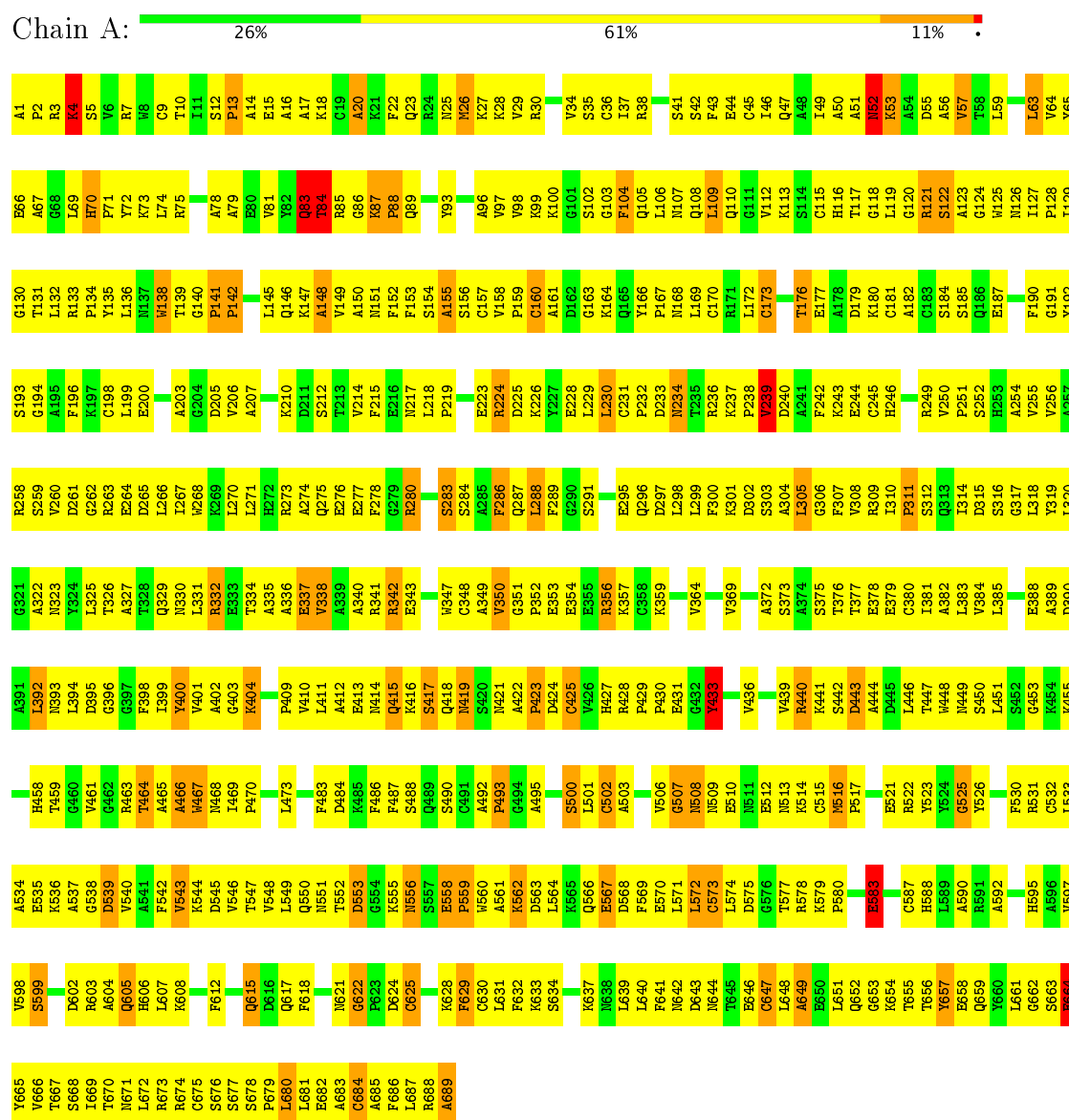
Mol	Chain	Residues	Atoms			ZeroOcc	AltConf
3	A	1	Total	C	O	0	0
			4	1	3		
3	A	1	Total	C	O	0	0
			4	1	3		

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

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

Note EDS was not executed.

#### • Molecule 1: LACTOFERRIN



## 4 Data and refinement statistics

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

Property	Value	Source
Space group	P 21 21 21	Depositor
Cell constants a, b, c, $\alpha$ , $\beta$ , $\gamma$	80.49 Å   103.19 Å   113.16 Å 90.00°   90.00°   90.00°	Depositor
Resolution (Å)	17.00 – 3.40	Depositor
% Data completeness (in resolution range)	85.0 (17.00-3.40)	Depositor
$R_{merge}$	(Not available)	Depositor
$R_{sym}$	0.13	Depositor
Refinement program	X-PLOR	Depositor
R, $R_{free}$	0.219 , 0.316	Depositor
Estimated twinning fraction	No twinning to report.	Xtriage
Total number of atoms	5291	wwPDB-VP
Average B, all atoms (Å <sup>2</sup> )	25.0	wwPDB-VP

## 5 Model quality [i](#)

### 5.1 Standard geometry [i](#)

Bond lengths and bond angles in the following residue types are not validated in this section: CO3, SM

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

Mol	Chain	Bond lengths		Bond angles	
		RMSZ	$\# Z  > 5$	RMSZ	$\# Z  > 5$
1	A	1.18	7/5392 (0.1%)	1.20	21/7298 (0.3%)

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

Mol	Chain	#Chirality outliers	#Planarity outliers
1	A	0	2

All (7) bond length outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(Å)	Ideal(Å)
1	A	689	ALA	C-OXT	25.54	1.71	1.23
1	A	510	GLU	CD-OE2	6.88	1.33	1.25
1	A	433	TYR	CD1-CE1	6.26	1.48	1.39
1	A	425	CYS	CB-SG	6.19	1.92	1.82
1	A	244	GLU	CG-CD	5.72	1.60	1.51
1	A	433	TYR	CD2-CE2	5.61	1.47	1.39
1	A	337	GLU	CG-CD	5.30	1.59	1.51

All (21) bond angle outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
1	A	356	ARG	NE-CZ-NH2	-7.03	116.78	120.30
1	A	224	ARG	NE-CZ-NH2	-6.42	117.09	120.30
1	A	502	CYS	CA-CB-SG	6.40	125.52	114.00
1	A	288	LEU	CA-CB-CG	-6.23	100.97	115.30
1	A	684	CYS	CA-CB-SG	-6.20	102.85	114.00
1	A	305	LEU	CA-CB-CG	-6.08	101.30	115.30

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
1	A	230	LEU	CA-CB-CG	5.92	128.91	115.30
1	A	288	LEU	CB-CG-CD2	5.90	121.03	111.00
1	A	121	ARG	NE-CZ-NH2	-5.86	117.37	120.30
1	A	239	VAL	CB-CA-C	-5.75	100.47	111.40
1	A	350	VAL	CB-CA-C	-5.73	100.52	111.40
1	A	249	ARG	N-CA-C	-5.67	95.70	111.00
1	A	649	ALA	N-CA-C	5.35	125.45	111.00
1	A	440	ARG	NE-CZ-NH2	-5.35	117.63	120.30
1	A	318	LEU	CA-CB-CG	5.18	127.22	115.30
1	A	510	GLU	OE1-CD-OE2	5.15	129.48	123.30
1	A	315	ASP	N-CA-C	-5.09	97.26	111.00
1	A	173	CYS	CA-CB-SG	-5.08	104.85	114.00
1	A	369	VAL	N-CA-C	-5.08	97.29	111.00
1	A	689	ALA	CA-C-O	-5.06	109.47	120.10
1	A	572	LEU	CA-CB-CG	5.06	126.93	115.30

There are no chirality outliers.

All (2) planarity outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Group
1	A	433	TYR	Sidechain
1	A	65	TYR	Sidechain

## 5.2 Too-close contacts ⓘ

In the following table, the Non-H and H(model) columns list the number of non-hydrogen atoms and hydrogen atoms in the chain respectively. The H(added) column lists the number of hydrogen atoms added and optimized by MolProbity. The Clashes column lists the number of clashes within the asymmetric unit, whereas Symm-Clashes lists symmetry related clashes.

Mol	Chain	Non-H	H(model)	H(added)	Clashes	Symm-Clashes
1	A	5281	0	5145	734	0
2	A	2	0	0	0	0
3	A	8	0	0	10	0
All	All	5291	0	5145	734	0

The all-atom clashscore is defined as the number of clashes found per 1000 atoms (including hydrogen atoms). The all-atom clashscore for this structure is 70.

All (734) close contacts within the same asymmetric unit are listed below, sorted by their clash magnitude.



Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:288:LEU:HD23	1:A:289:PHE:CE1	1.77	1.17
1:A:561:ALA:HA	1:A:564:LEU:HD12	1.34	1.05
1:A:484:ASP:HA	1:A:501:LEU:HD21	1.31	1.04
1:A:463:ARG:HB3	3:A:693:CO3:O2	1.58	1.03
1:A:580:PRO:HD2	1:A:583:GLU:HG3	1.41	1.02
1:A:401:VAL:HG22	1:A:681:LEU:HD13	1.38	1.01
1:A:411:LEU:HD11	1:A:608:LYS:HG3	1.43	1.00
1:A:483:PHE:CZ	1:A:675:CYS:SG	2.54	1.00
1:A:561:ALA:HA	1:A:564:LEU:CD1	1.91	0.99
1:A:9:CYS:HB3	1:A:57:VAL:CG1	1.92	0.98
1:A:109:LEU:HD21	1:A:230:LEU:HD11	1.46	0.96
1:A:155:ALA:HA	1:A:168:ASN:ND2	1.81	0.96
1:A:4:LYS:HE2	1:A:5:SER:OG	1.65	0.95
1:A:357:LYS:HD3	1:A:639:LEU:HB3	1.48	0.94
1:A:483:PHE:HZ	1:A:675:CYS:SG	1.90	0.94
1:A:523:TYR:CZ	1:A:532:CYS:HA	2.04	0.93
1:A:490:SER:HB2	1:A:501:LEU:HA	1.49	0.93
1:A:176:THR:OG1	1:A:179:ASP:HB2	1.70	0.92
1:A:161:ALA:HB3	1:A:170:CYS:SG	2.08	0.91
1:A:493:PRO:HB3	1:A:516:MET:O	1.71	0.91
1:A:45:CYS:HB3	1:A:57:VAL:HG11	1.51	0.91
1:A:288:LEU:HD23	1:A:289:PHE:HE1	1.26	0.91
1:A:444:ALA:HA	1:A:578:ARG:NH1	1.86	0.90
1:A:7:ARG:HH22	1:A:52:ASN:ND2	1.66	0.90
1:A:546:VAL:HA	1:A:549:LEU:HD12	1.51	0.90
1:A:380:CYS:HB3	1:A:392:LEU:CD2	2.02	0.90
1:A:348:CYS:HB3	1:A:392:LEU:HD23	1.53	0.89
1:A:73:LYS:HB3	1:A:259:SER:OG	1.74	0.88
1:A:416:LYS:HA	1:A:646:GLU:OE1	1.74	0.87
1:A:484:ASP:HA	1:A:501:LEU:CD2	2.05	0.87
1:A:15:GLU:HG2	1:A:299:LEU:CD2	2.06	0.86
1:A:75:ARG:CZ	1:A:312:SER:HA	2.06	0.86
1:A:357:LYS:HD3	1:A:639:LEU:CB	2.06	0.86
1:A:446:LEU:HD12	1:A:450:SER:OG	1.76	0.86
1:A:129:ILE:HD12	1:A:149:VAL:HG21	1.58	0.86
1:A:223:GLU:HA	1:A:226:LYS:HE3	1.55	0.85
1:A:237:LYS:HB3	1:A:238:PRO:HD2	1.56	0.85
1:A:18:LYS:HG2	1:A:299:LEU:HD12	1.56	0.85
1:A:508:ASN:HD21	1:A:512:GLU:HB2	1.39	0.85
1:A:493:PRO:HA	1:A:515:CYS:SG	2.17	0.85
1:A:22:PHE:CE1	1:A:26:MET:SD	2.69	0.84
1:A:561:ALA:O	1:A:564:LEU:HG	1.76	0.84

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:34:VAL:HG12	1:A:35:SER:H	1.41	0.84
1:A:447:THR:HA	1:A:572:LEU:HD22	1.60	0.84
1:A:155:ALA:HA	1:A:168:ASN:CG	1.98	0.84
1:A:83:GLN:HG3	1:A:84:THR:H	1.41	0.84
1:A:439:VAL:HG12	1:A:539:ASP:O	1.77	0.84
1:A:334:THR:O	1:A:338:VAL:HG23	1.78	0.83
1:A:657:TYR:CE1	1:A:658:GLU:HG3	2.13	0.83
1:A:18:LYS:HG2	1:A:299:LEU:CD1	2.07	0.83
1:A:348:CYS:HA	1:A:372:ALA:O	1.79	0.83
1:A:440:ARG:HH21	1:A:536:LYS:HA	1.44	0.82
1:A:337:GLU:O	1:A:340:ALA:HB3	1.78	0.82
1:A:25:ASN:O	1:A:29:VAL:HG23	1.79	0.82
1:A:412:ALA:O	1:A:648:LEU:HA	1.78	0.82
1:A:9:CYS:HB3	1:A:57:VAL:HG13	1.62	0.82
1:A:465:ALA:HB3	3:A:693:CO3:O3	1.79	0.81
1:A:185:SER:HB2	1:A:295:GLU:HG2	1.62	0.80
1:A:453:GLY:O	1:A:488:SER:HB3	1.80	0.80
1:A:107:ASN:OD1	1:A:108:GLN:HG3	1.81	0.80
1:A:455:LYS:HD3	1:A:537:ALA:O	1.82	0.80
1:A:29:VAL:HG21	1:A:278:PHE:CZ	2.17	0.79
1:A:29:VAL:HG11	1:A:277:GLU:HG2	1.63	0.79
1:A:27:LYS:HD3	1:A:28:LYS:N	1.97	0.79
1:A:551:ASN:OD1	1:A:556:ASN:HB2	1.83	0.79
1:A:75:ARG:NH2	1:A:312:SER:HA	1.98	0.79
1:A:276:GLU:HG2	1:A:276:GLU:O	1.80	0.79
1:A:446:LEU:HD12	1:A:447:THR:H	1.46	0.79
1:A:656:THR:HG23	1:A:659:GLN:OE1	1.82	0.79
1:A:446:LEU:HD12	1:A:450:SER:HG	1.45	0.78
1:A:399:ILE:CG2	1:A:661:LEU:HD11	2.14	0.78
1:A:46:ILE:HG23	1:A:74:LEU:HD12	1.64	0.78
1:A:46:ILE:HG23	1:A:74:LEU:CD1	2.14	0.78
1:A:217:ASN:O	1:A:219:PRO:HD3	1.84	0.78
1:A:526:TYR:CE2	1:A:544:LYS:NZ	2.52	0.77
1:A:147:LYS:HG2	1:A:166:TYR:CE1	2.20	0.77
1:A:447:THR:HA	1:A:572:LEU:CD2	2.14	0.77
1:A:651:LEU:O	1:A:654:LYS:HG2	1.85	0.77
1:A:192:TYR:CD1	1:A:210:LYS:HB2	2.19	0.77
1:A:155:ALA:HA	1:A:168:ASN:HD21	1.50	0.77
1:A:380:CYS:HB3	1:A:392:LEU:HD23	1.64	0.76
1:A:106:LEU:HA	1:A:230:LEU:HD13	1.67	0.76
1:A:109:LEU:HD12	1:A:132:LEU:HD11	1.68	0.76

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:233:ASP:O	1:A:234:ASN:HB2	1.84	0.76
1:A:440:ARG:NH2	1:A:538:GLY:O	2.19	0.76
1:A:106:LEU:CA	1:A:230:LEU:HD13	2.16	0.76
1:A:571:LEU:HB2	1:A:587:CYS:SG	2.26	0.75
1:A:141:PRO:HG2	1:A:142:PRO:HD3	1.68	0.75
1:A:526:TYR:CD2	1:A:544:LYS:HE2	2.21	0.75
1:A:280:ARG:NH2	1:A:303:SER:HA	2.01	0.75
1:A:665:TYR:CZ	1:A:669:ILE:HD11	2.22	0.75
1:A:682:GLU:O	1:A:685:ALA:HB3	1.86	0.75
1:A:409:PRO:HA	1:A:598:VAL:HG12	1.69	0.74
1:A:141:PRO:HG2	1:A:334:THR:HG22	1.69	0.74
1:A:384:VAL:HA	1:A:389:ALA:O	1.87	0.74
1:A:617:GLN:NE2	1:A:618:PHE:CZ	2.55	0.74
1:A:109:LEU:HD21	1:A:230:LEU:CD1	2.17	0.74
1:A:466:ALA:O	1:A:470:PRO:HD2	1.87	0.74
1:A:441:LYS:HA	1:A:578:ARG:HH21	1.52	0.73
1:A:678:SER:HB2	1:A:679:PRO:HD2	1.69	0.73
1:A:657:TYR:CD1	1:A:658:GLU:N	2.57	0.73
1:A:118:GLY:HA2	1:A:159:PRO:HD2	1.70	0.73
1:A:580:PRO:HD2	1:A:583:GLU:CG	2.17	0.73
1:A:297:ASP:OD1	1:A:301:LYS:HD2	1.90	0.72
1:A:447:THR:HG23	1:A:450:SER:N	2.04	0.72
1:A:334:THR:O	1:A:337:GLU:HB2	1.88	0.72
1:A:3:ARG:HG3	1:A:266:LEU:HD21	1.70	0.72
1:A:341:ARG:HH12	1:A:603:ARG:HH21	1.35	0.72
1:A:83:GLN:CG	1:A:84:THR:H	2.03	0.72
1:A:117:THR:O	1:A:159:PRO:HG2	1.89	0.72
1:A:399:ILE:HG22	1:A:661:LEU:HD11	1.70	0.72
1:A:22:PHE:HE1	1:A:26:MET:SD	2.13	0.72
1:A:357:LYS:HG2	1:A:640:LEU:HD12	1.72	0.72
1:A:634:SER:O	1:A:637:LYS:HB2	1.88	0.71
1:A:441:LYS:HA	1:A:578:ARG:NH2	2.05	0.71
1:A:629:PHE:HE2	1:A:631:LEU:HA	1.54	0.71
1:A:118:GLY:HA2	1:A:159:PRO:HB2	1.73	0.71
1:A:107:ASN:HB2	1:A:135:TYR:OH	1.91	0.70
1:A:196:PHE:HE2	1:A:200:GLU:OE1	1.74	0.70
1:A:376:THR:O	1:A:379:GLU:HB2	1.90	0.70
1:A:286:PHE:CD1	1:A:287:GLN:N	2.60	0.70
1:A:556:ASN:HD21	1:A:558:GLU:HB2	1.57	0.70
1:A:9:CYS:HB3	1:A:57:VAL:HG12	1.73	0.70
1:A:29:VAL:HG21	1:A:278:PHE:HZ	1.55	0.70

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:129:ILE:HD12	1:A:149:VAL:CG2	2.21	0.69
1:A:263:ARG:HB3	1:A:266:LEU:HD13	1.72	0.69
1:A:198:CYS:O	1:A:203:ALA:HB3	1.92	0.69
1:A:464:THR:HA	1:A:468:ASN:HB2	1.72	0.69
1:A:283:SER:OG	1:A:284:SER:N	2.24	0.69
1:A:79:ALA:HB3	1:A:308:VAL:CG2	2.21	0.69
1:A:506:VAL:HG12	1:A:506:VAL:O	1.93	0.69
1:A:441:LYS:HB2	1:A:570:GLU:HG3	1.75	0.69
1:A:553:ASP:OD1	1:A:566:GLN:HG3	1.93	0.69
1:A:521:GLU:OE2	1:A:523:TYR:HB2	1.90	0.68
1:A:327:ALA:HA	1:A:330:ASN:HB2	1.74	0.68
1:A:534:ALA:O	1:A:536:LYS:HG3	1.94	0.68
1:A:100:LYS:HA	1:A:228:GLU:OE1	1.92	0.68
1:A:258:ARG:NH1	1:A:261:ASP:O	2.26	0.68
1:A:131:THR:O	1:A:134:PRO:HD2	1.94	0.68
1:A:429:PRO:HG3	1:A:652:GLN:NE2	2.08	0.68
1:A:562:LYS:HG2	1:A:563:ASP:OD1	1.94	0.68
1:A:4:LYS:O	1:A:266:LEU:HD23	1.94	0.68
1:A:439:VAL:HA	1:A:533:LEU:HD21	1.76	0.68
1:A:447:THR:HG23	1:A:450:SER:H	1.58	0.68
1:A:155:ALA:HA	1:A:168:ASN:OD1	1.93	0.68
1:A:125:TRP:CZ3	1:A:129:ILE:HD11	2.28	0.67
1:A:465:ALA:N	3:A:693:CO3:O1	2.27	0.67
1:A:15:GLU:HG2	1:A:299:LEU:HD21	1.76	0.67
1:A:192:TYR:CE2	1:A:210:LYS:HD2	2.30	0.67
1:A:531:ARG:HA	1:A:534:ALA:HB3	1.76	0.67
1:A:400:TYR:CE1	1:A:404:LYS:HG3	2.29	0.67
1:A:17:ALA:O	1:A:20:ALA:HB3	1.95	0.67
1:A:310:ILE:HG22	1:A:311:PRO:O	1.94	0.67
1:A:484:ASP:CA	1:A:501:LEU:HD21	2.17	0.67
1:A:588:HIS:HD2	1:A:590:ALA:N	1.92	0.67
1:A:427:HIS:O	1:A:652:GLN:NE2	2.28	0.66
1:A:268:TRP:CH2	1:A:309:ARG:HB2	2.31	0.66
1:A:289:PHE:CD2	1:A:304:ALA:O	2.49	0.66
1:A:377:THR:HG21	1:A:398:PHE:CG	2.30	0.66
1:A:13:PRO:HD3	1:A:38:ARG:HH22	1.60	0.66
1:A:383:LEU:HD22	1:A:388:GLU:HB2	1.78	0.66
1:A:97:VAL:O	1:A:199:LEU:HD21	1.96	0.66
1:A:15:GLU:HG2	1:A:299:LEU:HD23	1.75	0.66
1:A:656:THR:OG1	1:A:659:GLN:HG3	1.96	0.66
1:A:117:THR:C	1:A:159:PRO:HG2	2.16	0.65

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:185:SER:HB2	1:A:295:GLU:CG	2.25	0.65
1:A:266:LEU:HD12	1:A:266:LEU:N	2.11	0.65
1:A:377:THR:HG21	1:A:398:PHE:CD2	2.31	0.65
1:A:377:THR:CG2	1:A:398:PHE:CD2	2.80	0.65
1:A:422:ALA:O	1:A:424:ASP:N	2.30	0.65
1:A:395:ASP:OD2	3:A:693:CO3:O2	2.15	0.65
1:A:278:PHE:CD2	1:A:286:PHE:HB3	2.32	0.65
1:A:422:ALA:HB3	1:A:424:ASP:OD1	1.95	0.65
1:A:530:PHE:CZ	1:A:548:VAL:HG13	2.32	0.65
1:A:155:ALA:CA	1:A:168:ASN:HD21	2.08	0.65
1:A:556:ASN:ND2	1:A:558:GLU:HB2	2.11	0.64
1:A:106:LEU:CB	1:A:230:LEU:HD13	2.27	0.64
1:A:199:LEU:HD11	1:A:205:ASP:C	2.17	0.64
1:A:79:ALA:HB3	1:A:308:VAL:HG23	1.77	0.64
1:A:18:LYS:CD	1:A:298:LEU:HB2	2.27	0.64
1:A:440:ARG:O	1:A:443:ASP:N	2.30	0.64
1:A:615:GLN:NE2	1:A:647:CYS:HB2	2.12	0.64
1:A:617:GLN:O	1:A:618:PHE:CD1	2.51	0.64
1:A:665:TYR:O	1:A:669:ILE:HG13	1.97	0.64
1:A:673:ARG:CZ	1:A:681:LEU:HD23	2.27	0.64
1:A:81:VAL:HG23	1:A:306:GLY:O	1.96	0.64
1:A:561:ALA:CA	1:A:564:LEU:HD12	2.19	0.64
1:A:629:PHE:CE2	1:A:631:LEU:HA	2.33	0.64
1:A:444:ALA:HA	1:A:578:ARG:CZ	2.28	0.64
1:A:125:TRP:O	1:A:128:PRO:HG2	1.97	0.64
1:A:447:THR:CA	1:A:572:LEU:HD22	2.26	0.64
1:A:288:LEU:CD2	1:A:289:PHE:CE1	2.69	0.64
1:A:433:TYR:HE2	1:A:595:HIS:CD2	2.15	0.64
1:A:605:GLN:O	1:A:608:LYS:N	2.31	0.64
1:A:288:LEU:HD21	1:A:300:PHE:CE2	2.33	0.64
1:A:422:ALA:C	1:A:424:ASP:H	2.01	0.63
1:A:534:ALA:C	1:A:536:LYS:H	2.00	0.63
1:A:376:THR:O	1:A:379:GLU:N	2.31	0.63
1:A:546:VAL:HA	1:A:549:LEU:CD1	2.25	0.63
1:A:556:ASN:OD1	1:A:560:TRP:CZ2	2.51	0.63
1:A:630:CYS:HB2	1:A:633:LYS:HB2	1.80	0.63
1:A:102:SER:HB2	1:A:104:PHE:HE1	1.63	0.63
1:A:439:VAL:HG12	1:A:540:VAL:HA	1.81	0.63
1:A:672:LEU:O	1:A:675:CYS:HB2	1.99	0.63
1:A:47:GLN:O	1:A:50:ALA:HB3	1.98	0.63
1:A:414:ASN:OD1	1:A:430:PRO:HA	1.98	0.63

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:18:LYS:HD3	1:A:298:LEU:HB2	1.81	0.63
1:A:342:ARG:O	1:A:603:ARG:NH1	2.32	0.63
1:A:223:GLU:O	1:A:226:LYS:HG3	1.98	0.63
1:A:105:GLN:HE22	1:A:236:ARG:CD	2.11	0.62
1:A:412:ALA:O	1:A:648:LEU:HD23	1.99	0.62
1:A:73:LYS:HB3	1:A:259:SER:HG	1.63	0.62
1:A:29:VAL:CG2	1:A:278:PHE:HZ	2.12	0.62
1:A:138:TRP:O	1:A:140:GLY:N	2.32	0.62
1:A:413:GLU:HA	1:A:648:LEU:HD23	1.82	0.62
1:A:164:LYS:O	1:A:167:PRO:HD3	2.00	0.62
1:A:567:GLU:N	1:A:567:GLU:CD	2.53	0.62
1:A:446:LEU:HD12	1:A:447:THR:N	2.14	0.62
1:A:418:GLN:OE1	1:A:418:GLN:N	2.32	0.62
1:A:530:PHE:CE1	1:A:548:VAL:HG22	2.34	0.62
1:A:47:GLN:HG2	1:A:72:TYR:CE1	2.35	0.62
1:A:447:THR:HG23	1:A:449:ASN:N	2.15	0.62
1:A:615:GLN:HE22	1:A:648:LEU:H	1.46	0.62
1:A:567:GLU:H	1:A:567:GLU:CD	2.03	0.61
1:A:98:VAL:HG12	1:A:205:ASP:O	1.99	0.61
1:A:464:THR:HG23	1:A:469:ILE:HD11	1.82	0.61
1:A:634:SER:HB2	1:A:639:LEU:HG	1.83	0.61
1:A:125:TRP:CE2	1:A:129:ILE:HG13	2.35	0.61
1:A:400:TYR:CZ	1:A:404:LYS:HD2	2.35	0.61
1:A:376:THR:N	1:A:379:GLU:OE1	2.33	0.61
1:A:34:VAL:HG12	1:A:35:SER:N	2.15	0.61
1:A:502:CYS:O	1:A:514:LYS:HE2	2.01	0.61
1:A:617:GLN:HG2	1:A:618:PHE:CE1	2.36	0.61
1:A:79:ALA:O	1:A:307:PHE:HA	2.01	0.61
1:A:483:PHE:CE2	1:A:675:CYS:HB3	2.36	0.61
1:A:67:ALA:HB1	1:A:74:LEU:HB2	1.83	0.61
1:A:150:ALA:HA	1:A:169:LEU:HD21	1.81	0.61
1:A:10:THR:HB	1:A:15:GLU:HB3	1.82	0.61
1:A:147:LYS:HG2	1:A:166:TYR:HE1	1.65	0.61
1:A:277:GLU:HB3	1:A:278:PHE:CE1	2.36	0.61
1:A:334:THR:OG1	1:A:337:GLU:HG3	2.01	0.61
1:A:526:TYR:CE2	1:A:544:LYS:CE	2.84	0.61
1:A:84:THR:O	1:A:85:ARG:HB3	2.01	0.60
1:A:334:THR:H	1:A:337:GLU:CD	2.03	0.60
1:A:410:VAL:HG12	1:A:411:LEU:HG	1.82	0.60
1:A:268:TRP:CZ3	1:A:309:ARG:HB2	2.35	0.60
1:A:551:ASN:OD1	1:A:556:ASN:CB	2.49	0.60

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:286:PHE:HD1	1:A:287:GLN:H	1.47	0.60
1:A:394:LEU:HD22	1:A:398:PHE:HB2	1.84	0.60
1:A:447:THR:OG1	1:A:448:TRP:N	2.34	0.60
1:A:615:GLN:HE21	1:A:632:PHE:HZ	1.49	0.60
1:A:193:SER:O	1:A:194:GLY:C	2.39	0.60
1:A:29:VAL:CG1	1:A:277:GLU:HG2	2.30	0.60
1:A:22:PHE:CD1	1:A:286:PHE:HE2	2.19	0.60
1:A:400:TYR:C	1:A:400:TYR:CD1	2.74	0.60
1:A:441:LYS:HD3	1:A:570:GLU:OE2	2.01	0.60
1:A:459:THR:HB	1:A:525:GLY:HA2	1.84	0.60
1:A:124:GLY:O	1:A:128:PRO:HG3	2.02	0.60
1:A:549:LEU:HD23	1:A:549:LEU:N	2.17	0.60
1:A:4:LYS:HG3	1:A:5:SER:H	1.66	0.59
1:A:271:LEU:HD22	1:A:307:PHE:CZ	2.37	0.59
1:A:469:ILE:HD13	1:A:469:ILE:N	2.16	0.59
1:A:615:GLN:HE22	1:A:648:LEU:N	2.00	0.59
1:A:415:GLN:HG2	1:A:417:SER:OG	2.02	0.59
1:A:147:LYS:O	1:A:150:ALA:HB3	2.02	0.59
1:A:106:LEU:HB2	1:A:230:LEU:HD13	1.85	0.59
1:A:401:VAL:CG2	1:A:681:LEU:HD13	2.23	0.59
1:A:214:VAL:HG11	1:A:239:VAL:HG11	1.84	0.59
1:A:526:TYR:CZ	1:A:544:LYS:HD3	2.38	0.59
1:A:115:CYS:O	1:A:116:HIS:CD2	2.55	0.59
1:A:180:LYS:O	1:A:182:ALA:N	2.36	0.59
1:A:663:SER:O	1:A:666:VAL:HB	2.02	0.59
1:A:123:ALA:N	3:A:692:CO3:O1	2.35	0.59
1:A:100:LYS:HG2	1:A:228:GLU:CD	2.24	0.58
1:A:57:VAL:HG23	1:A:57:VAL:O	2.03	0.58
1:A:394:LEU:HD22	1:A:398:PHE:CB	2.32	0.58
1:A:401:VAL:HG22	1:A:681:LEU:CD1	2.25	0.58
1:A:119:LEU:HB3	1:A:160:CYS:HB2	1.86	0.58
1:A:105:GLN:HE22	1:A:236:ARG:NE	2.02	0.58
1:A:113:LYS:HB3	1:A:172:LEU:HD11	1.85	0.58
1:A:255:VAL:HG21	1:A:271:LEU:CD1	2.33	0.58
1:A:18:LYS:HG2	1:A:299:LEU:HD11	1.85	0.58
1:A:410:VAL:O	1:A:651:LEU:HD11	2.03	0.58
1:A:579:LYS:HB3	1:A:583:GLU:HG3	1.85	0.58
1:A:25:ASN:ND2	1:A:286:PHE:HB2	2.17	0.58
1:A:343:GLU:O	1:A:606:HIS:CE1	2.56	0.58
1:A:356:ARG:O	1:A:359:LYS:HB2	2.04	0.58
1:A:676:SER:OG	1:A:677:SER:N	2.37	0.57

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:83:GLN:OE1	1:A:212:SER:HB3	2.04	0.57
1:A:193:SER:O	1:A:196:PHE:N	2.37	0.57
1:A:106:LEU:HA	1:A:230:LEU:CD1	2.35	0.57
1:A:192:TYR:HE2	1:A:301:LYS:HD3	1.69	0.57
1:A:615:GLN:NE2	1:A:632:PHE:HZ	2.02	0.57
1:A:210:LYS:CD	1:A:301:LYS:HE3	2.33	0.57
1:A:121:ARG:HB3	3:A:692:CO3:O2	2.04	0.57
1:A:117:THR:OG1	1:A:118:GLY:N	2.33	0.57
1:A:436:VAL:HG22	1:A:543:VAL:O	2.04	0.57
1:A:364:VAL:HG12	1:A:618:PHE:CZ	2.40	0.56
1:A:415:GLN:O	1:A:417:SER:N	2.36	0.56
1:A:394:LEU:O	1:A:595:HIS:HB3	2.04	0.56
1:A:141:PRO:CG	1:A:334:THR:HG22	2.35	0.56
1:A:632:PHE:O	1:A:633:LYS:HD2	2.05	0.56
1:A:122:SER:HA	1:A:126:ASN:HB2	1.87	0.56
1:A:242:PHE:O	1:A:245:CYS:O	2.24	0.56
1:A:509:ASN:HA	1:A:522:ARG:CZ	2.35	0.56
1:A:271:LEU:HD22	1:A:307:PHE:CE2	2.40	0.56
1:A:447:THR:HG22	1:A:450:SER:OG	2.05	0.56
1:A:579:LYS:HD2	1:A:583:GLU:OE1	2.05	0.56
1:A:4:LYS:CG	1:A:5:SER:H	2.19	0.56
1:A:118:GLY:HA2	1:A:159:PRO:CD	2.35	0.56
1:A:411:LEU:HD11	1:A:608:LYS:CG	2.29	0.56
1:A:664:GLU:O	1:A:667:THR:N	2.39	0.56
1:A:273:ARG:O	1:A:277:GLU:N	2.39	0.56
1:A:353:GLU:O	1:A:356:ARG:HB2	2.06	0.55
1:A:441:LYS:HD3	1:A:570:GLU:CD	2.26	0.55
1:A:447:THR:N	1:A:450:SER:OG	2.32	0.55
1:A:665:TYR:CE1	1:A:669:ILE:HD11	2.41	0.55
1:A:516:MET:HG3	1:A:517:PRO:N	2.22	0.55
1:A:506:VAL:O	1:A:507:GLY:O	2.24	0.55
1:A:509:ASN:OD1	1:A:522:ARG:HD3	2.07	0.55
1:A:544:LYS:O	1:A:547:THR:N	2.40	0.55
1:A:18:LYS:HD3	1:A:298:LEU:CB	2.37	0.55
1:A:22:PHE:HD1	1:A:286:PHE:HE2	1.53	0.55
1:A:106:LEU:HD13	1:A:230:LEU:HD12	1.89	0.55
1:A:561:ALA:HA	1:A:564:LEU:HD11	1.84	0.55
1:A:45:CYS:CB	1:A:57:VAL:HG11	2.30	0.55
1:A:70:HIS:HB3	1:A:71:PRO:CD	2.37	0.55
1:A:148:ALA:O	1:A:151:ASN:N	2.40	0.55
1:A:469:ILE:O	1:A:473:LEU:HG	2.06	0.55

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:531:ARG:O	1:A:534:ALA:N	2.40	0.55
1:A:141:PRO:CG	1:A:142:PRO:HD3	2.35	0.54
1:A:187:GLU:O	1:A:190:PHE:HB3	2.07	0.54
1:A:458:HIS:CD2	1:A:492:ALA:HB2	2.41	0.54
1:A:495:ALA:HB3	1:A:502:CYS:SG	2.48	0.54
1:A:119:LEU:HD12	1:A:120:GLY:N	2.23	0.54
1:A:53:LYS:O	1:A:53:LYS:HD3	2.08	0.54
1:A:118:GLY:CA	1:A:159:PRO:HD2	2.37	0.54
1:A:288:LEU:HD21	1:A:300:PHE:CD2	2.42	0.54
1:A:526:TYR:CE2	1:A:544:LYS:HE2	2.43	0.54
1:A:401:VAL:HG13	1:A:681:LEU:CD1	2.37	0.54
1:A:4:LYS:HG3	1:A:5:SER:N	2.23	0.54
1:A:7:ARG:NH2	1:A:55:ASP:OD1	2.41	0.54
1:A:412:ALA:C	1:A:648:LEU:HD23	2.29	0.53
1:A:571:LEU:CB	1:A:587:CYS:SG	2.96	0.53
1:A:597:VAL:HG12	1:A:598:VAL:N	2.23	0.53
1:A:268:TRP:CZ2	1:A:309:ARG:HB2	2.43	0.53
1:A:378:GLU:O	1:A:381:ILE:HB	2.08	0.53
1:A:78:ALA:HB3	1:A:255:VAL:CG2	2.37	0.53
1:A:686:PHE:C	1:A:686:PHE:CD1	2.81	0.53
1:A:392:LEU:HD12	1:A:392:LEU:O	2.08	0.53
1:A:545:ASP:OD1	1:A:546:VAL:HG23	2.08	0.53
1:A:440:ARG:O	1:A:441:LYS:C	2.47	0.53
1:A:118:GLY:HA2	1:A:159:PRO:CB	2.37	0.53
1:A:396:GLY:HA2	1:A:399:ILE:HD12	1.91	0.53
1:A:401:VAL:O	1:A:404:LYS:N	2.41	0.53
1:A:105:GLN:NE2	1:A:236:ARG:HE	2.07	0.53
1:A:357:LYS:CD	1:A:639:LEU:CB	2.83	0.53
1:A:237:LYS:HB3	1:A:238:PRO:CD	2.33	0.53
1:A:335:ALA:O	1:A:338:VAL:HB	2.09	0.53
1:A:673:ARG:NE	1:A:681:LEU:HD23	2.24	0.53
1:A:680:LEU:HD23	1:A:683:ALA:HB3	1.89	0.53
1:A:83:GLN:CG	1:A:84:THR:N	2.72	0.53
1:A:250:VAL:HB	1:A:251:PRO:HD2	1.91	0.52
1:A:357:LYS:HG2	1:A:640:LEU:CD1	2.38	0.52
1:A:377:THR:HG22	1:A:398:PHE:CD2	2.44	0.52
1:A:157:CYS:HB2	1:A:172:LEU:HB2	1.92	0.52
1:A:628:LYS:O	1:A:629:PHE:HB2	2.10	0.52
1:A:632:PHE:CE2	1:A:647:CYS:HA	2.45	0.52
1:A:192:TYR:CE1	1:A:210:LYS:HB2	2.44	0.52
1:A:453:GLY:C	1:A:488:SER:H	2.12	0.52

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:7:ARG:NH2	1:A:52:ASN:ND2	2.47	0.52
1:A:380:CYS:HB3	1:A:392:LEU:HD21	1.89	0.52
1:A:53:LYS:O	1:A:53:LYS:CD	2.58	0.52
1:A:119:LEU:HD12	1:A:120:GLY:H	1.74	0.52
1:A:483:PHE:CZ	1:A:675:CYS:CB	2.92	0.52
1:A:403:GLY:HA3	1:A:657:TYR:CD2	2.44	0.52
1:A:533:LEU:HD12	1:A:538:GLY:O	2.10	0.52
1:A:631:LEU:HD23	1:A:632:PHE:CE1	2.45	0.52
1:A:158:VAL:HB	1:A:169:LEU:O	2.09	0.52
1:A:192:TYR:CZ	1:A:210:LYS:HD2	2.45	0.52
1:A:170:CYS:O	1:A:180:LYS:HE2	2.09	0.51
1:A:18:LYS:CG	1:A:299:LEU:HD12	2.36	0.51
1:A:401:VAL:HG13	1:A:681:LEU:HD12	1.91	0.51
1:A:377:THR:O	1:A:381:ILE:HG13	2.09	0.51
1:A:629:PHE:CE2	1:A:630:CYS:C	2.83	0.51
1:A:127:ILE:N	1:A:128:PRO:HD2	2.25	0.51
1:A:558:GLU:HB3	1:A:560:TRP:NE1	2.26	0.51
1:A:673:ARG:CZ	1:A:681:LEU:CD2	2.89	0.51
1:A:29:VAL:HG12	1:A:29:VAL:O	2.11	0.51
1:A:422:ALA:HB1	1:A:423:PRO:HD2	1.93	0.51
1:A:444:ALA:HA	1:A:578:ARG:HH12	1.72	0.51
1:A:531:ARG:HA	1:A:534:ALA:CB	2.41	0.51
1:A:97:VAL:O	1:A:199:LEU:CD2	2.59	0.51
1:A:52:ASN:ND2	1:A:52:ASN:O	2.43	0.51
1:A:150:ALA:HA	1:A:169:LEU:CD2	2.40	0.51
1:A:152:PHE:CD2	1:A:153:PHE:CE1	2.99	0.51
1:A:112:VAL:CG1	1:A:205:ASP:HB2	2.41	0.51
1:A:382:ALA:O	1:A:385:LEU:HB2	2.10	0.51
1:A:410:VAL:HG12	1:A:411:LEU:CD1	2.41	0.51
1:A:44:GLU:O	1:A:45:CYS:C	2.48	0.51
1:A:453:GLY:O	1:A:488:SER:CB	2.56	0.51
1:A:10:THR:HG21	1:A:16:ALA:HA	1.93	0.51
1:A:446:LEU:CD1	1:A:447:THR:O	2.59	0.51
1:A:280:ARG:HH22	1:A:303:SER:HA	1.75	0.51
1:A:424:ASP:O	1:A:425:CYS:C	2.48	0.51
1:A:417:SER:HB3	1:A:431:GLU:OE2	2.10	0.51
1:A:531:ARG:HD2	1:A:560:TRP:CD2	2.46	0.51
1:A:447:THR:CA	1:A:572:LEU:CD2	2.86	0.51
1:A:136:LEU:HD22	1:A:148:ALA:HB1	1.93	0.50
1:A:483:PHE:HE2	1:A:675:CYS:HB3	1.76	0.50
1:A:546:VAL:HG12	1:A:550:GLN:HE21	1.76	0.50

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:673:ARG:HA	1:A:676:SER:O	2.11	0.50
1:A:464:THR:O	1:A:469:ILE:HG12	2.12	0.50
1:A:530:PHE:CE2	1:A:548:VAL:HA	2.46	0.50
1:A:571:LEU:O	1:A:578:ARG:HA	2.11	0.50
1:A:617:GLN:NE2	1:A:618:PHE:HZ	2.07	0.50
1:A:112:VAL:HG13	1:A:205:ASP:HB2	1.94	0.50
1:A:233:ASP:O	1:A:234:ASN:CB	2.59	0.50
1:A:329:GLN:HA	1:A:332:ARG:HD3	1.94	0.50
1:A:413:GLU:CA	1:A:648:LEU:HD23	2.41	0.50
1:A:433:TYR:CD1	1:A:592:ALA:HB3	2.46	0.50
1:A:533:LEU:HD13	1:A:539:ASP:C	2.31	0.50
1:A:617:GLN:CD	1:A:618:PHE:CZ	2.85	0.50
1:A:173:CYS:HB3	1:A:187:GLU:OE1	2.12	0.50
1:A:317:GLY:O	1:A:320:LEU:HB2	2.11	0.50
1:A:83:GLN:HE21	1:A:84:THR:N	2.10	0.50
1:A:291:SER:HB2	1:A:302:ASP:OD2	2.12	0.49
1:A:59:LEU:HD12	1:A:256:VAL:HG21	1.92	0.49
1:A:156:SER:CA	1:A:172:LEU:HG	2.42	0.49
1:A:357:LYS:HD3	1:A:639:LEU:HB2	1.90	0.49
1:A:573:CYS:O	1:A:575:ASP:N	2.44	0.49
1:A:67:ALA:HB1	1:A:74:LEU:HD12	1.93	0.49
1:A:42:SER:O	1:A:46:ILE:HG13	2.13	0.49
1:A:78:ALA:HB3	1:A:255:VAL:HG23	1.94	0.49
1:A:615:GLN:NE2	1:A:632:PHE:CZ	2.80	0.49
1:A:684:CYS:O	1:A:687:LEU:N	2.45	0.49
1:A:70:HIS:CB	1:A:71:PRO:CD	2.91	0.49
1:A:192:TYR:CE2	1:A:301:LYS:HD3	2.47	0.49
1:A:106:LEU:HD13	1:A:230:LEU:CD1	2.43	0.49
1:A:75:ARG:NH1	1:A:312:SER:HA	2.27	0.49
1:A:483:PHE:HZ	1:A:675:CYS:CB	2.24	0.49
1:A:542:PHE:O	1:A:543:VAL:HG13	2.11	0.49
1:A:336:ALA:O	1:A:337:GLU:C	2.51	0.49
1:A:192:TYR:O	1:A:193:SER:C	2.51	0.49
1:A:34:VAL:CG1	1:A:35:SER:H	2.20	0.49
1:A:236:ARG:O	1:A:237:LYS:HG3	2.13	0.48
1:A:310:ILE:HG23	1:A:314:ILE:HD12	1.94	0.48
1:A:66:GLU:HA	1:A:69:LEU:CD1	2.43	0.48
1:A:29:VAL:CG2	1:A:278:PHE:CZ	2.91	0.48
1:A:534:ALA:C	1:A:536:LYS:N	2.66	0.48
1:A:615:GLN:NE2	1:A:648:LEU:H	2.10	0.48
1:A:199:LEU:HD22	1:A:207:ALA:CB	2.44	0.48

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:343:GLU:O	1:A:606:HIS:NE2	2.46	0.48
1:A:552:THR:O	1:A:555:LYS:HG3	2.13	0.48
1:A:568:ASP:HB2	1:A:569:PHE:CE2	2.48	0.48
1:A:113:LYS:HD2	1:A:203:ALA:O	2.14	0.48
1:A:546:VAL:CG1	1:A:550:GLN:HE21	2.26	0.48
1:A:603:ARG:O	1:A:604:ALA:C	2.50	0.48
1:A:138:TRP:O	1:A:138:TRP:CG	2.66	0.48
1:A:147:LYS:CG	1:A:166:TYR:CE1	2.95	0.48
1:A:440:ARG:HB3	1:A:442:SER:HB3	1.96	0.48
1:A:469:ILE:HB	1:A:470:PRO:CD	2.44	0.48
1:A:357:LYS:CD	1:A:639:LEU:HB2	2.44	0.48
1:A:658:GLU:O	1:A:662:GLY:N	2.43	0.48
1:A:105:GLN:HB2	1:A:108:GLN:HE21	1.78	0.48
1:A:463:ARG:HB3	3:A:693:CO3:C	2.42	0.48
1:A:506:VAL:C	1:A:507:GLY:O	2.53	0.48
1:A:515:CYS:O	1:A:515:CYS:SG	2.72	0.48
1:A:523:TYR:CE1	1:A:532:CYS:HA	2.48	0.48
1:A:536:LYS:C	1:A:538:GLY:N	2.67	0.48
1:A:14:ALA:HB2	1:A:295:GLU:OE2	2.14	0.47
1:A:451:LEU:HB3	1:A:487:PHE:HE1	1.79	0.47
1:A:682:GLU:O	1:A:685:ALA:CB	2.61	0.47
1:A:210:LYS:HE2	1:A:301:LYS:HE3	1.97	0.47
1:A:150:ALA:CA	1:A:169:LEU:HD21	2.44	0.47
1:A:20:ALA:O	1:A:23:GLN:N	2.47	0.47
1:A:341:ARG:HH12	1:A:603:ARG:NH2	2.06	0.47
1:A:334:THR:HG23	1:A:337:GLU:OE2	2.14	0.47
1:A:87:LYS:H	1:A:87:LYS:HD2	1.80	0.47
1:A:105:GLN:HE22	1:A:236:ARG:HE	1.59	0.47
1:A:274:ALA:O	1:A:275:GLN:C	2.52	0.47
1:A:410:VAL:HG12	1:A:411:LEU:HD12	1.95	0.47
1:A:433:TYR:CE2	1:A:595:HIS:CD2	3.02	0.47
1:A:621:ASN:O	1:A:622:GLY:C	2.53	0.47
1:A:421:ASN:OD1	1:A:646:GLU:OE1	2.33	0.47
1:A:414:ASN:HB3	1:A:425:CYS:SG	2.54	0.47
1:A:25:ASN:CG	1:A:286:PHE:HB2	2.35	0.47
1:A:544:LYS:HG3	1:A:547:THR:OG1	2.15	0.47
1:A:81:VAL:O	1:A:305:LEU:N	2.47	0.47
1:A:1:ALA:HB3	1:A:2:PRO:HD3	1.96	0.47
1:A:37:ILE:HG22	1:A:38:ARG:N	2.28	0.47
1:A:314:ILE:HD13	1:A:687:LEU:HD21	1.96	0.47
1:A:145:LEU:O	1:A:148:ALA:HB3	2.15	0.47

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:422:ALA:C	1:A:424:ASP:N	2.66	0.47
1:A:429:PRO:HG3	1:A:652:GLN:CD	2.35	0.47
1:A:680:LEU:HD22	1:A:680:LEU:O	2.15	0.47
1:A:12:SER:HB3	1:A:184:SER:HB2	1.97	0.47
1:A:545:ASP:O	1:A:549:LEU:HG	2.15	0.47
1:A:341:ARG:NH1	1:A:603:ARG:HH21	2.08	0.47
1:A:603:ARG:NH1	1:A:606:HIS:ND1	2.62	0.47
1:A:75:ARG:NH2	1:A:312:SER:CA	2.73	0.47
1:A:305:LEU:HD23	1:A:305:LEU:HA	1.52	0.47
1:A:400:TYR:CE1	1:A:404:LYS:HD2	2.49	0.47
1:A:424:ASP:O	1:A:428:ARG:N	2.41	0.47
1:A:433:TYR:CZ	1:A:526:TYR:OH	2.68	0.47
1:A:634:SER:N	1:A:643:ASP:OD1	2.48	0.47
1:A:657:TYR:HE1	1:A:658:GLU:HG3	1.77	0.47
1:A:125:TRP:CE3	1:A:129:ILE:HD11	2.50	0.46
1:A:215:PHE:HZ	1:A:240:ASP:HA	1.79	0.46
1:A:130:GLY:CA	1:A:331:LEU:HD21	2.45	0.46
1:A:86:GLY:O	1:A:88:PRO:HD3	2.15	0.46
1:A:124:GLY:C	1:A:128:PRO:HG3	2.35	0.46
1:A:415:GLN:C	1:A:417:SER:N	2.68	0.46
1:A:433:TYR:HE2	1:A:595:HIS:HD2	1.61	0.46
1:A:64:VAL:O	1:A:67:ALA:HB3	2.15	0.46
1:A:7:ARG:HH21	1:A:263:ARG:CZ	2.28	0.46
1:A:22:PHE:CD1	1:A:286:PHE:CE2	3.03	0.46
1:A:304:ALA:O	1:A:305:LEU:C	2.51	0.46
1:A:354:GLU:O	1:A:357:LYS:N	2.48	0.46
1:A:461:VAL:HG12	1:A:467:TRP:CZ3	2.50	0.46
1:A:275:GLN:OE1	1:A:306:GLY:HA3	2.16	0.46
1:A:523:TYR:CG	1:A:532:CYS:HB2	2.51	0.46
1:A:433:TYR:CE1	1:A:592:ALA:HB3	2.51	0.46
1:A:573:CYS:HB2	1:A:577:THR:HB	1.97	0.46
1:A:390:ASP:O	1:A:599:SER:HB2	2.16	0.46
1:A:630:CYS:CB	1:A:633:LYS:HB2	2.45	0.46
1:A:639:LEU:O	1:A:640:LEU:HB2	2.16	0.46
1:A:588:HIS:HD2	1:A:590:ALA:CA	2.28	0.46
1:A:394:LEU:HA	1:A:394:LEU:HD23	1.53	0.46
1:A:49:ILE:O	1:A:50:ALA:C	2.53	0.46
1:A:553:ASP:OD2	1:A:566:GLN:NE2	2.48	0.46
1:A:7:ARG:HH22	1:A:52:ASN:HD21	1.53	0.46
1:A:258:ARG:HB2	1:A:262:GLY:HA2	1.98	0.46
1:A:603:ARG:HH12	1:A:606:HIS:CE1	2.34	0.46

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:410:VAL:O	1:A:651:LEU:CD1	2.64	0.46
1:A:325:LEU:O	1:A:329:GLN:HG3	2.16	0.45
1:A:130:GLY:HA2	1:A:331:LEU:HD21	1.98	0.45
1:A:133:ARG:HB3	1:A:134:PRO:HD3	1.99	0.45
1:A:597:VAL:O	1:A:598:VAL:HG13	2.16	0.45
1:A:59:LEU:HD22	1:A:63:LEU:HB3	1.97	0.45
1:A:280:ARG:HD2	1:A:305:LEU:HD23	1.97	0.45
1:A:441:LYS:O	1:A:442:SER:C	2.54	0.45
1:A:4:LYS:CG	1:A:5:SER:N	2.77	0.45
1:A:526:TYR:CE1	1:A:544:LYS:HG2	2.51	0.45
1:A:357:LYS:CD	1:A:639:LEU:HB3	2.33	0.45
1:A:96:ALA:HB3	1:A:230:LEU:HB2	1.99	0.45
1:A:106:LEU:CD1	1:A:230:LEU:CD1	2.94	0.45
1:A:267:ILE:O	1:A:270:LEU:HB3	2.16	0.45
1:A:326:THR:O	1:A:330:ASN:ND2	2.50	0.45
1:A:597:VAL:CG1	1:A:598:VAL:N	2.80	0.45
1:A:243:LYS:O	1:A:246:HIS:CE1	2.69	0.45
1:A:326:THR:O	1:A:330:ASN:N	2.48	0.45
1:A:400:TYR:OH	1:A:404:LYS:HD2	2.16	0.45
1:A:549:LEU:O	1:A:555:LYS:HD3	2.15	0.45
1:A:566:GLN:HB2	1:A:567:GLU:OE2	2.16	0.45
1:A:243:LYS:O	1:A:246:HIS:HE1	2.00	0.45
1:A:15:GLU:CG	1:A:299:LEU:HD23	2.43	0.45
1:A:193:SER:OG	1:A:296:GLN:HG3	2.16	0.45
1:A:316:SER:O	1:A:319:TYR:N	2.50	0.45
1:A:629:PHE:HE2	1:A:631:LEU:CA	2.24	0.45
1:A:684:CYS:O	1:A:685:ALA:C	2.55	0.45
1:A:125:TRP:CD2	1:A:129:ILE:HG13	2.52	0.45
1:A:634:SER:CB	1:A:639:LEU:H	2.29	0.45
1:A:289:PHE:CE2	1:A:304:ALA:O	2.70	0.44
1:A:378:GLU:O	1:A:381:ILE:N	2.48	0.44
1:A:530:PHE:HZ	1:A:548:VAL:HG13	1.80	0.44
1:A:561:ALA:O	1:A:563:ASP:N	2.50	0.44
1:A:56:ALA:O	1:A:57:VAL:HG13	2.17	0.44
1:A:625:CYS:C	1:A:630:CYS:SG	2.95	0.44
1:A:115:CYS:C	1:A:116:HIS:CD2	2.91	0.44
1:A:401:VAL:O	1:A:402:ALA:C	2.56	0.44
1:A:607:LEU:HA	1:A:607:LEU:HD22	1.59	0.44
1:A:317:GLY:HA2	1:A:325:LEU:HD11	1.98	0.44
1:A:429:PRO:HA	1:A:430:PRO:HD3	1.73	0.44
1:A:493:PRO:HG3	1:A:521:GLU:HG2	1.99	0.44

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:351:GLY:O	1:A:354:GLU:HB2	2.17	0.44
1:A:625:CYS:HA	1:A:629:PHE:O	2.18	0.44
1:A:688:ARG:O	1:A:689:ALA:C	2.56	0.44
1:A:444:ALA:C	1:A:446:LEU:N	2.70	0.44
1:A:263:ARG:O	1:A:264:GLU:C	2.56	0.44
1:A:352:PRO:O	1:A:353:GLU:C	2.55	0.44
1:A:51:ALA:O	1:A:53:LYS:N	2.50	0.44
1:A:158:VAL:CG1	1:A:161:ALA:HB2	2.48	0.44
1:A:349:ALA:O	1:A:373:SER:HA	2.17	0.44
1:A:9:CYS:O	1:A:45:CYS:SG	2.75	0.44
1:A:562:LYS:HE2	1:A:563:ASP:OD2	2.18	0.44
1:A:629:PHE:CE2	1:A:631:LEU:CA	3.00	0.44
1:A:199:LEU:CD1	1:A:205:ASP:C	2.84	0.44
1:A:546:VAL:O	1:A:547:THR:C	2.55	0.44
1:A:156:SER:C	1:A:172:LEU:HB2	2.38	0.44
1:A:316:SER:O	1:A:317:GLY:C	2.56	0.44
1:A:544:LYS:O	1:A:545:ASP:C	2.57	0.44
1:A:665:TYR:O	1:A:668:SER:HB3	2.17	0.44
1:A:83:GLN:HE21	1:A:84:THR:CA	2.31	0.44
1:A:268:TRP:CE3	1:A:309:ARG:HG3	2.53	0.43
1:A:266:LEU:N	1:A:266:LEU:CD1	2.81	0.43
1:A:268:TRP:CE3	1:A:309:ARG:HB2	2.53	0.43
1:A:310:ILE:HG22	1:A:311:PRO:N	2.31	0.43
1:A:316:SER:O	1:A:319:TYR:HB3	2.18	0.43
1:A:49:ILE:O	1:A:52:ASN:N	2.51	0.43
1:A:526:TYR:CG	1:A:544:LYS:HE2	2.53	0.43
1:A:238:PRO:O	1:A:240:ASP:N	2.52	0.43
1:A:461:VAL:O	1:A:463:ARG:N	2.51	0.43
1:A:461:VAL:HG12	1:A:467:TRP:CE3	2.53	0.43
1:A:103:GLY:O	1:A:104:PHE:C	2.56	0.43
1:A:57:VAL:O	1:A:256:VAL:HG22	2.19	0.43
1:A:158:VAL:HG12	1:A:161:ALA:HB2	2.00	0.43
1:A:210:LYS:HD3	1:A:301:LYS:HE3	2.01	0.43
1:A:376:THR:OG1	1:A:378:GLU:HG2	2.19	0.43
1:A:552:THR:OG1	1:A:566:GLN:HG3	2.18	0.43
1:A:671:ASN:O	1:A:674:ARG:HB3	2.18	0.43
1:A:678:SER:HB2	1:A:679:PRO:CD	2.46	0.43
1:A:156:SER:HA	1:A:172:LEU:HG	1.99	0.43
1:A:231:CYS:O	1:A:233:ASP:N	2.51	0.43
1:A:429:PRO:HG3	1:A:652:GLN:HE22	1.83	0.43
1:A:79:ALA:O	1:A:308:VAL:HG22	2.18	0.43

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:106:LEU:O	1:A:109:LEU:HG	2.18	0.43
1:A:163:GLY:O	1:A:167:PRO:HD3	2.19	0.43
1:A:22:PHE:HA	1:A:286:PHE:CE2	2.53	0.43
1:A:410:VAL:CG1	1:A:411:LEU:HD12	2.48	0.43
1:A:416:LYS:C	1:A:417:SER:O	2.56	0.43
1:A:467:TRP:O	1:A:470:PRO:HG2	2.18	0.43
1:A:607:LEU:HD13	1:A:607:LEU:C	2.39	0.43
1:A:311:PRO:O	1:A:314:ILE:HG13	2.19	0.43
1:A:412:ALA:O	1:A:649:ALA:N	2.50	0.43
1:A:418:GLN:O	1:A:419:ASN:CG	2.57	0.43
1:A:440:ARG:HH21	1:A:536:LYS:CA	2.22	0.43
1:A:615:GLN:HE22	1:A:647:CYS:CA	2.31	0.43
1:A:141:PRO:HD2	1:A:334:THR:HA	2.01	0.43
1:A:18:LYS:HD2	1:A:298:LEU:HB2	1.99	0.43
1:A:327:ALA:O	1:A:330:ASN:HB2	2.18	0.43
1:A:84:THR:HG23	1:A:89:GLN:OE1	2.19	0.43
1:A:148:ALA:O	1:A:149:VAL:C	2.55	0.43
1:A:163:GLY:O	1:A:167:PRO:CA	2.67	0.43
1:A:298:LEU:O	1:A:299:LEU:HB2	2.19	0.43
1:A:155:ALA:CA	1:A:168:ASN:OD1	2.63	0.42
1:A:322:ALA:O	1:A:323:ASN:C	2.57	0.42
1:A:412:ALA:O	1:A:648:LEU:CA	2.58	0.42
1:A:46:ILE:HG23	1:A:74:LEU:HD11	1.98	0.42
1:A:105:GLN:HB2	1:A:108:GLN:NE2	2.34	0.42
1:A:343:GLU:C	1:A:606:HIS:CE1	2.92	0.42
1:A:102:SER:HB2	1:A:104:PHE:CE1	2.48	0.42
1:A:152:PHE:HD2	1:A:153:PHE:CE1	2.37	0.42
1:A:159:PRO:C	1:A:160:CYS:SG	2.98	0.42
1:A:409:PRO:CA	1:A:598:VAL:HG12	2.46	0.42
1:A:191:GLY:O	1:A:194:GLY:N	2.52	0.42
1:A:447:THR:CG2	1:A:450:SER:OG	2.67	0.42
1:A:217:ASN:C	1:A:218:LEU:HD23	2.40	0.42
1:A:93:TYR:CD1	1:A:246:HIS:CD2	3.07	0.42
1:A:18:LYS:CG	1:A:299:LEU:CD1	2.90	0.42
1:A:414:ASN:ND2	1:A:428:ARG:HB3	2.34	0.42
1:A:545:ASP:OD1	1:A:546:VAL:N	2.41	0.42
1:A:579:LYS:HB3	1:A:580:PRO:CD	2.50	0.42
1:A:141:PRO:CB	1:A:142:PRO:HD3	2.48	0.42
1:A:172:LEU:HD23	1:A:172:LEU:N	2.33	0.42
1:A:228:GLU:O	1:A:229:LEU:HD23	2.19	0.42
1:A:277:GLU:HB3	1:A:278:PHE:CD1	2.53	0.42

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:622:GLY:C	1:A:624:ASP:N	2.73	0.42
1:A:334:THR:H	1:A:337:GLU:CG	2.33	0.42
1:A:535:GLU:O	1:A:537:ALA:N	2.53	0.42
1:A:123:ALA:HB3	3:A:692:CO3:O1	2.20	0.42
1:A:657:TYR:O	1:A:658:GLU:C	2.56	0.42
1:A:74:LEU:HA	1:A:74:LEU:HD23	1.82	0.42
1:A:149:VAL:O	1:A:150:ALA:C	2.58	0.42
1:A:276:GLU:CG	1:A:276:GLU:O	2.60	0.42
1:A:500:SER:O	1:A:503:ALA:CB	2.67	0.42
1:A:255:VAL:HG21	1:A:271:LEU:HD13	2.02	0.41
1:A:27:LYS:HD3	1:A:27:LYS:C	2.40	0.41
1:A:385:LEU:HA	1:A:385:LEU:HD23	1.84	0.41
1:A:453:GLY:N	1:A:486:PHE:O	2.49	0.41
1:A:493:PRO:CB	1:A:516:MET:O	2.56	0.41
1:A:641:PHE:CD1	1:A:641:PHE:N	2.88	0.41
1:A:43:PHE:O	1:A:46:ILE:HB	2.21	0.41
1:A:446:LEU:HD11	1:A:447:THR:O	2.19	0.41
1:A:530:PHE:CZ	1:A:548:VAL:HG22	2.54	0.41
1:A:83:GLN:HG3	1:A:84:THR:N	2.22	0.41
1:A:118:GLY:HA2	1:A:159:PRO:CG	2.50	0.41
1:A:268:TRP:CE2	1:A:309:ARG:HB2	2.56	0.41
1:A:383:LEU:HD22	1:A:388:GLU:CB	2.47	0.41
1:A:459:THR:HB	1:A:525:GLY:CA	2.49	0.41
1:A:410:VAL:O	1:A:651:LEU:HG	2.19	0.41
1:A:377:THR:O	1:A:378:GLU:C	2.58	0.41
1:A:78:ALA:O	1:A:254:ALA:HB1	2.20	0.41
1:A:218:LEU:HB2	1:A:224:ARG:HG2	2.02	0.41
1:A:258:ARG:HB3	1:A:260:VAL:O	2.19	0.41
1:A:615:GLN:O	1:A:615:GLN:HG3	2.19	0.41
1:A:393:ASN:ND2	1:A:641:PHE:CD2	2.89	0.41
1:A:595:HIS:CE1	1:A:642:ASN:HD21	2.38	0.41
1:A:99:LYS:O	1:A:100:LYS:C	2.59	0.41
1:A:245:CYS:O	1:A:246:HIS:HB3	2.20	0.41
1:A:470:PRO:O	1:A:473:LEU:N	2.54	0.41
1:A:196:PHE:CE1	1:A:214:VAL:HG22	2.56	0.41
1:A:97:VAL:O	1:A:206:VAL:HA	2.20	0.41
1:A:395:ASP:OD2	3:A:693:CO3:C	2.69	0.41
1:A:642:ASN:HB3	1:A:644:ASN:OD1	2.21	0.41
1:A:66:GLU:HA	1:A:69:LEU:HD12	2.02	0.41
1:A:123:ALA:CB	3:A:692:CO3:O1	2.69	0.41
1:A:277:GLU:C	1:A:278:PHE:CG	2.94	0.41

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:376:THR:O	1:A:377:THR:C	2.57	0.41
1:A:400:TYR:O	1:A:400:TYR:CD1	2.74	0.41
1:A:410:VAL:HG12	1:A:411:LEU:CG	2.49	0.41
1:A:536:LYS:O	1:A:538:GLY:N	2.53	0.41
1:A:562:LYS:HG2	1:A:563:ASP:CG	2.42	0.41
1:A:680:LEU:HD22	1:A:684:CYS:SG	2.60	0.41
1:A:192:TYR:CD2	1:A:301:LYS:HE2	2.56	0.40
1:A:258:ARG:HB2	1:A:262:GLY:CA	2.50	0.40
1:A:310:ILE:CG2	1:A:311:PRO:N	2.84	0.40
1:A:353:GLU:HG2	1:A:356:ARG:HH21	1.86	0.40
1:A:531:ARG:HG3	1:A:560:TRP:CE3	2.56	0.40
1:A:531:ARG:O	1:A:535:GLU:N	2.49	0.40
1:A:617:GLN:C	1:A:618:PHE:CG	2.94	0.40
1:A:87:LYS:HA	1:A:88:PRO:HD3	1.82	0.40
1:A:146:GLN:OE1	1:A:166:TYR:CD2	2.75	0.40
1:A:199:LEU:HD11	1:A:205:ASP:O	2.20	0.40
1:A:236:ARG:HD3	1:A:236:ARG:HH11	1.74	0.40
1:A:268:TRP:CZ3	1:A:309:ARG:N	2.89	0.40
1:A:4:LYS:HE2	1:A:5:SER:H	1.85	0.40
1:A:595:HIS:N	1:A:595:HIS:CD2	2.89	0.40
1:A:629:PHE:CE2	1:A:631:LEU:N	2.88	0.40
1:A:653:GLY:O	1:A:655:THR:N	2.54	0.40
1:A:133:ARG:N	1:A:134:PRO:CD	2.85	0.40
1:A:347:TRP:CE2	1:A:392:LEU:HA	2.57	0.40
1:A:634:SER:HB3	1:A:639:LEU:HB2	2.02	0.40
1:A:410:VAL:O	1:A:651:LEU:CG	2.69	0.40
1:A:273:ARG:HD2	1:A:276:GLU:OE1	2.22	0.40
1:A:29:VAL:O	1:A:30:ARG:HB2	2.21	0.40
1:A:383:LEU:HD23	1:A:383:LEU:HA	1.92	0.40
1:A:394:LEU:HD22	1:A:398:PHE:HB3	2.02	0.40
1:A:513:ASN:O	1:A:514:LYS:C	2.60	0.40
1:A:526:TYR:CZ	1:A:544:LYS:CD	3.05	0.40
1:A:37:ILE:HD12	1:A:53:LYS:HZ2	1.87	0.40
1:A:580:PRO:CD	1:A:583:GLU:HG3	2.30	0.40
1:A:42:SER:HB3	1:A:63:LEU:HD12	2.04	0.40
1:A:615:GLN:CD	1:A:647:CYS:HB2	2.41	0.40

There are no symmetry-related clashes.

## 5.3 Torsion angles

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

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

Mol	Chain	Analysed	Favoured	Allowed	Outliers	Percentiles	
1	A	687/689 (100%)	518 (75%)	125 (18%)	44 (6%)	1	15

All (44) Ramachandran outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	4	LYS
1	A	52	ASN
1	A	70	HIS
1	A	139	THR
1	A	141	PRO
1	A	176	THR
1	A	177	GLU
1	A	234	ASN
1	A	467	TRP
1	A	562	LYS
1	A	574	LEU
1	A	83	GLN
1	A	148	ALA
1	A	280	ARG
1	A	417	SER
1	A	419	ASN
1	A	466	ALA
1	A	629	PHE
1	A	664	GLU
1	A	20	ALA
1	A	88	PRO
1	A	154	SER
1	A	583	GLU
1	A	602	ASP
1	A	122	SER
1	A	155	ALA
1	A	239	VAL
1	A	508	ASN

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type
1	A	525	GLY
1	A	559	PRO
1	A	622	GLY
1	A	84	THR
1	A	109	LEU
1	A	181	CYS
1	A	464	THR
1	A	605	GLN
1	A	104	PHE
1	A	423	PRO
1	A	543	VAL
1	A	57	VAL
1	A	338	VAL
1	A	507	GLY
1	A	493	PRO
1	A	232	PRO

### 5.3.2 Protein sidechains ⓘ

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

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

Mol	Chain	Analysed	Rotameric	Outliers	Percentiles	
1	A	565/565 (100%)	516 (91%)	49 (9%)	12	43

All (49) residues with a non-rotameric sidechain are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	4	LYS
1	A	13	PRO
1	A	26	MET
1	A	36	CYS
1	A	41	SER
1	A	52	ASN
1	A	53	LYS
1	A	63	LEU
1	A	83	GLN
1	A	84	THR

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type
1	A	87	LYS
1	A	110	GLN
1	A	138	TRP
1	A	142	PRO
1	A	160	CYS
1	A	225	ASP
1	A	252	SER
1	A	265	ASP
1	A	283	SER
1	A	286	PHE
1	A	311	PRO
1	A	332	ARG
1	A	342	ARG
1	A	350	VAL
1	A	375	SER
1	A	392	LEU
1	A	400	TYR
1	A	404	LYS
1	A	415	GLN
1	A	443	ASP
1	A	500	SER
1	A	516	MET
1	A	539	ASP
1	A	553	ASP
1	A	556	ASN
1	A	558	GLU
1	A	559	PRO
1	A	567	GLU
1	A	573	CYS
1	A	583	GLU
1	A	599	SER
1	A	612	PHE
1	A	615	GLN
1	A	625	CYS
1	A	647	CYS
1	A	657	TYR
1	A	664	GLU
1	A	670	THR
1	A	680	LEU

Some sidechains can be flipped to improve hydrogen bonding and reduce clashes. All (17) such sidechains are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	25	ASN
1	A	52	ASN
1	A	105	GLN
1	A	108	GLN
1	A	116	HIS
1	A	151	ASN
1	A	201	ASN
1	A	330	ASN
1	A	360	GLN
1	A	415	GLN
1	A	550	GLN
1	A	556	ASN
1	A	566	GLN
1	A	588	HIS
1	A	615	GLN
1	A	617	GLN
1	A	652	GLN

### 5.3.3 RNA [i](#)

There are no RNA molecules in this entry.

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

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

### 5.5 Carbohydrates [i](#)

There are no carbohydrates in this entry.

### 5.6 Ligand geometry [i](#)

Of 4 ligands modelled in this entry, 2 are monoatomic - leaving 2 for Mogul analysis.

In the following table, the Counts columns list the number of bonds (or angles) for which Mogul statistics could be retrieved, the number of bonds (or angles) that are observed in the model and the number of bonds (or angles) that are defined in the chemical component dictionary. The Link column lists molecule types, if any, to which the group is linked. 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  $|Z| > 2$  is considered an outlier worth inspection. RMSZ is the root-mean-square of all Z scores of the bond lengths (or angles).

Mol	Type	Chain	Res	Link	Bond lengths			Bond angles		
					Counts	RMSZ	$\# Z  > 2$	Counts	RMSZ	$\# Z  > 2$
3	CO3	A	692	2	0,3,3	0.00	-	0,3,3	0.00	-
3	CO3	A	693	2	0,3,3	0.00	-	0,3,3	0.00	-

In the following table, the Chirals column lists the number of chiral outliers, the number of chiral centers analysed, the number of these observed in the model and the number defined in the chemical component dictionary. Similar counts are reported in the Torsion and Rings columns. '-' means no outliers of that kind were identified.

Mol	Type	Chain	Res	Link	Chirals	Torsions	Rings
3	CO3	A	692	2	-	0/0/0/0	0/0/0/0
3	CO3	A	693	2	-	0/0/0/0	0/0/0/0

There are no bond length outliers.

There are no bond angle outliers.

There are no chirality outliers.

There are no torsion outliers.

There are no ring outliers.

2 monomers are involved in 10 short contacts:

Mol	Chain	Res	Type	Clashes	Symm-Clashes
3	A	692	CO3	4	0
3	A	693	CO3	6	0

## 5.7 Other polymers [i](#)

There are no such residues in this entry.

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

There are no chain breaks in this entry.

## 6 Fit of model and data ⓘ

### 6.1 Protein, DNA and RNA chains ⓘ

EDS was not executed - this section is therefore empty.

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

EDS was not executed - this section is therefore empty.

### 6.3 Carbohydrates ⓘ

EDS was not executed - this section is therefore empty.

### 6.4 Ligands ⓘ

EDS was not executed - this section is therefore empty.

### 6.5 Other polymers ⓘ

EDS was not executed - this section is therefore empty.