



# Full wwPDB NMR Structure Validation Report ⓘ

Feb 16, 2018 – 07:14 pm GMT

PDB ID : 2F33  
Title : NMR solution structure of Ca<sup>2+</sup>-loaded calbindin D28K  
Authors : Kojetin, D.J.; Venters, R.A.; Kordys, D.R.; Thompson, R.J.; Kumar, R.; Cavanagh, J.  
Deposited on : 2005-11-18

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

<https://www.wwpdb.org/validation/2017/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	:	20171227.v01 (using entries in the PDB archive December 27th 2017)
RCI	:	v_1n_11_5_13_A (Berjanski et al., 2005)
PANAV	:	Wang et al. (2010)
ShiftChecker	:	trunk30686
Ideal geometry (proteins)	:	Engh & Huber (2001)
Ideal geometry (DNA, RNA)	:	Parkinson et al. (1996)
Validation Pipeline (wwPDB-VP)	:	trunk30686

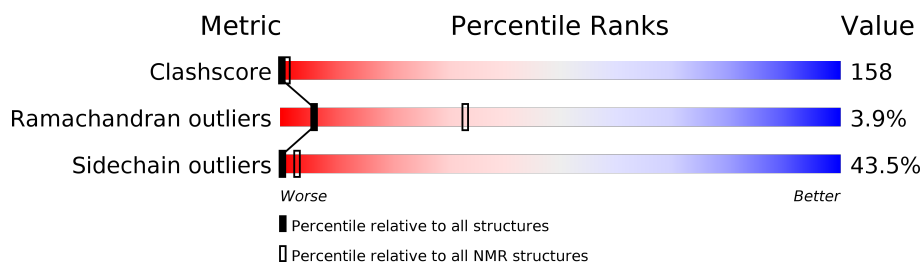
# 1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:

*SOLUTION NMR*

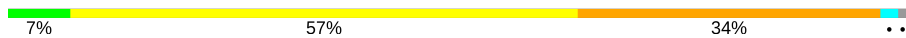
The overall completeness of chemical shifts assignment was not calculated.

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



Metric	Whole archive (#Entries)	NMR archive (#Entries)
Clashscore	136279	12091
Ramachandran outliers	132675	10835
Sidechain outliers	132484	10811

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	263	

## 2 Ensemble composition and analysis

This entry contains 10 models. Model 9 is the overall representative, medoid model (most similar to other models). The authors have identified model 1 as representative, based on the following criterion: *fewest violations, lowest energy*.

The following residues are included in the computation of the global validation metrics.

Well-defined (core) protein residues			
Well-defined core	Residue range (total)	Backbone RMSD (Å)	Medoid model
1	A:1-A:155, A:160-A:261 (257)	0.52	9

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

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

The models can be grouped into 2 clusters. No single-model clusters were found.

Cluster number	Models
1	1, 2, 5, 6, 7, 8, 9
2	3, 4, 10

### 3 Entry composition

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 4192 atoms, of which 2085 are hydrogens and 0 are deuteriums.

- Molecule 1 is a protein called Calbindin.

Mol	Chain	Residues	Atoms						Trace
1	A	261	Total	C	H	N	O	S	0
			4192	1336	2085	342	418	11	

There are 2 discrepancies between the modelled and reference sequences:

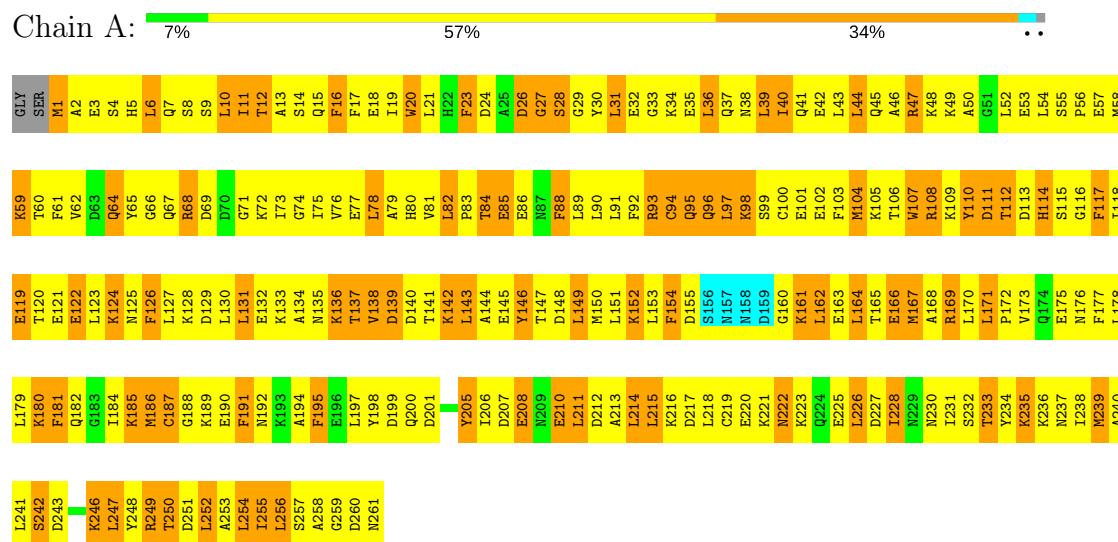
Chain	Residue	Modelled	Actual	Comment	Reference
A	-1	GLY	-	CLONING ARTIFACT	UNP P07171
A	0	SER	-	CLONING ARTIFACT	UNP P07171

## 4 Residue-property plots

### 4.1 Average score per residue in the NMR ensemble

These plots are provided for all protein, RNA and DNA chains in the entry. The first graphic is the same as shown in the summary in section 1 of this report. The second graphic shows the sequence where residues are colour-coded according to the number of geometric quality criteria for which they contain at least one outlier: green = 0, yellow = 1, orange = 2 and red = 3 or more. Stretches of 2 or more consecutive residues without any outliers are shown as green connectors. Residues which are classified as ill-defined in the NMR ensemble, are shown in cyan with an underline colour-coded according to the previous scheme. Residues which were present in the experimental sample, but not modelled in the final structure are shown in grey.

#### • Molecule 1: Calbindin

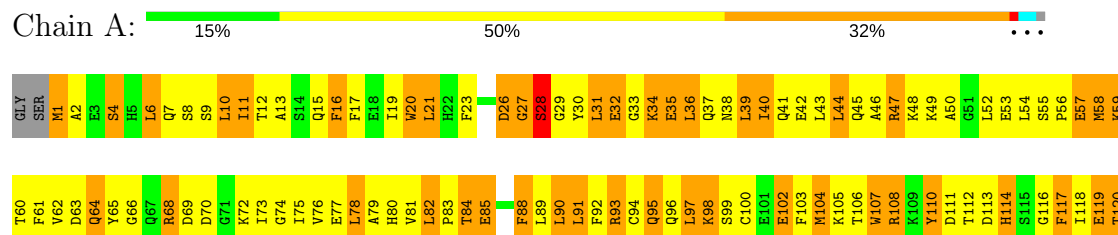


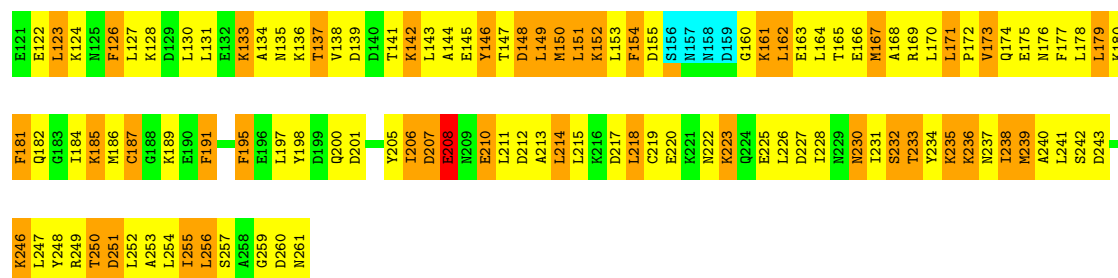
### 4.2 Scores per residue for each member of the ensemble

Colouring as in section 4.1 above.

#### 4.2.1 Score per residue for model 1

#### • Molecule 1: Calbindin

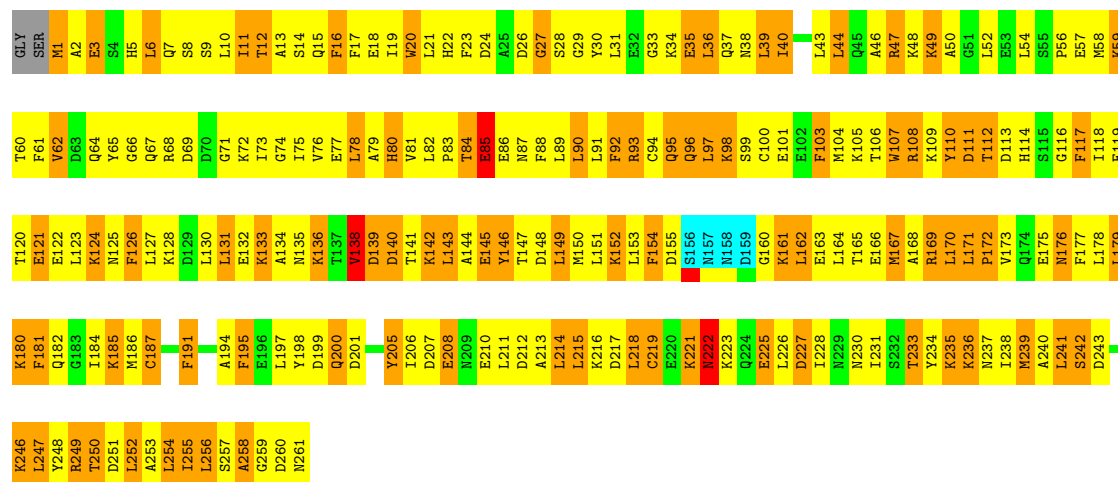




## 4.2.2 Score per residue for model 2

- Molecule 1: Calbindin

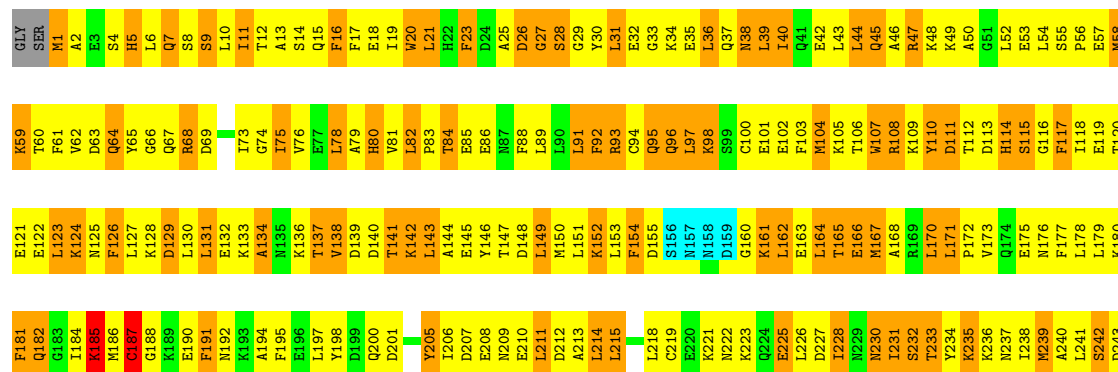
Chain A: 13% 50% 34% ...



## 4.2.3 Score per residue for model 3

- Molecule 1: Calbindin

Chain A: 11% 52% 34% ...

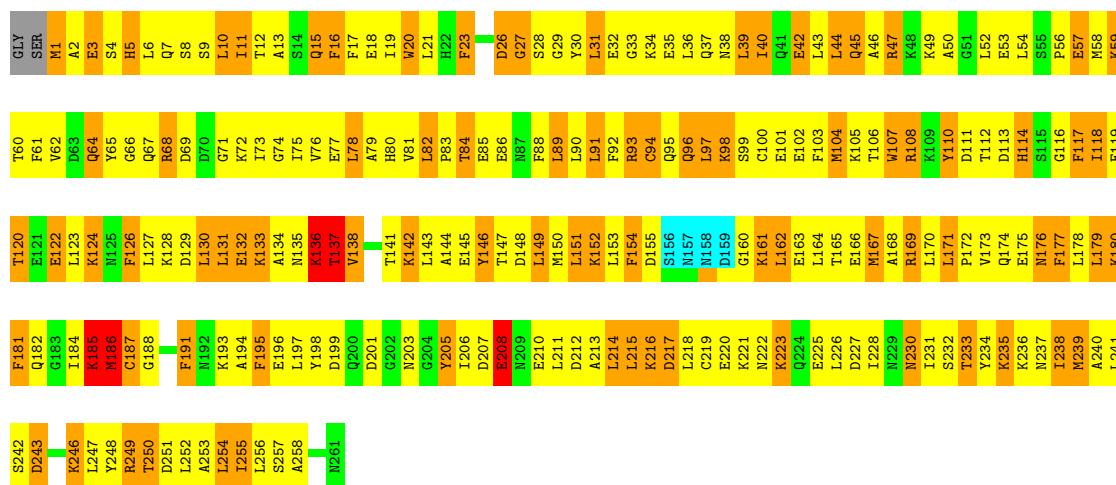




#### 4.2.4 Score per residue for model 4

- Molecule 1: Calbindin

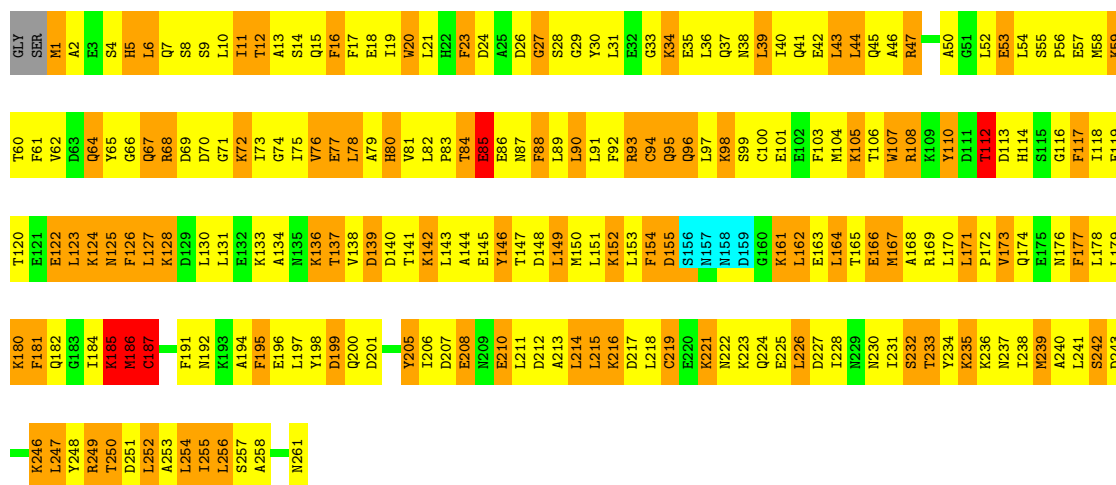
Chain A: 12% 52% 32% ...



#### 4.2.5 Score per residue for model 5

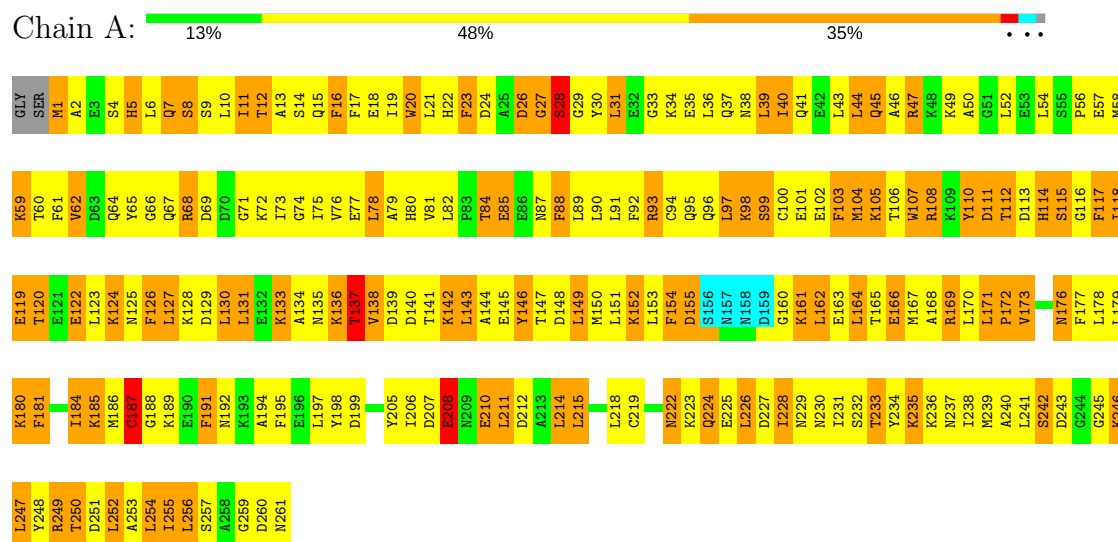
- Molecule 1: Calbindin

Chain A: 13% 50% 33% ...



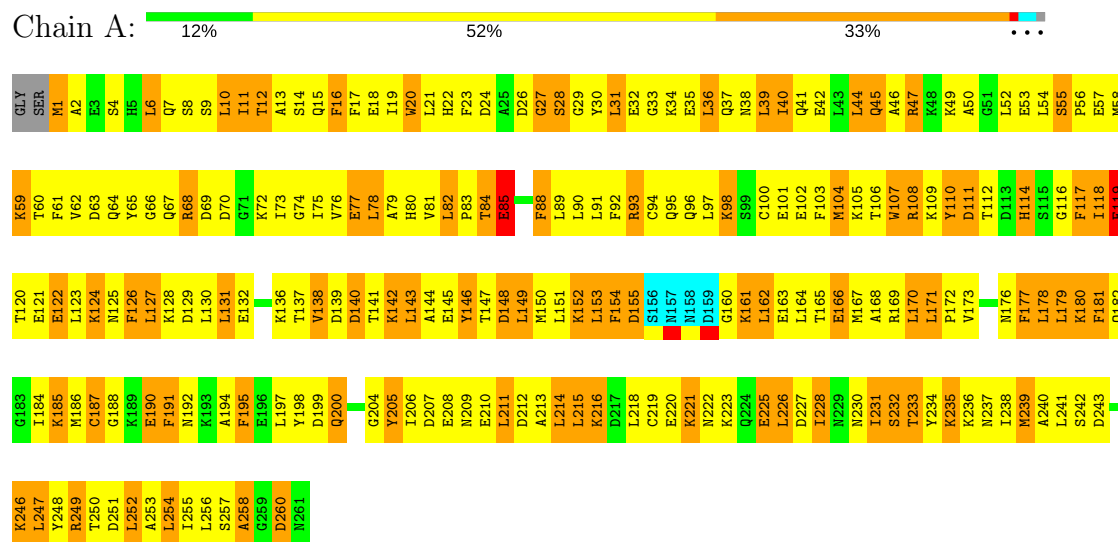
## 4.2.6 Score per residue for model 6

### • Molecule 1: Calbindin



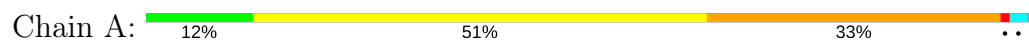
## 4.2.7 Score per residue for model 7

### • Molecule 1: Calbindin

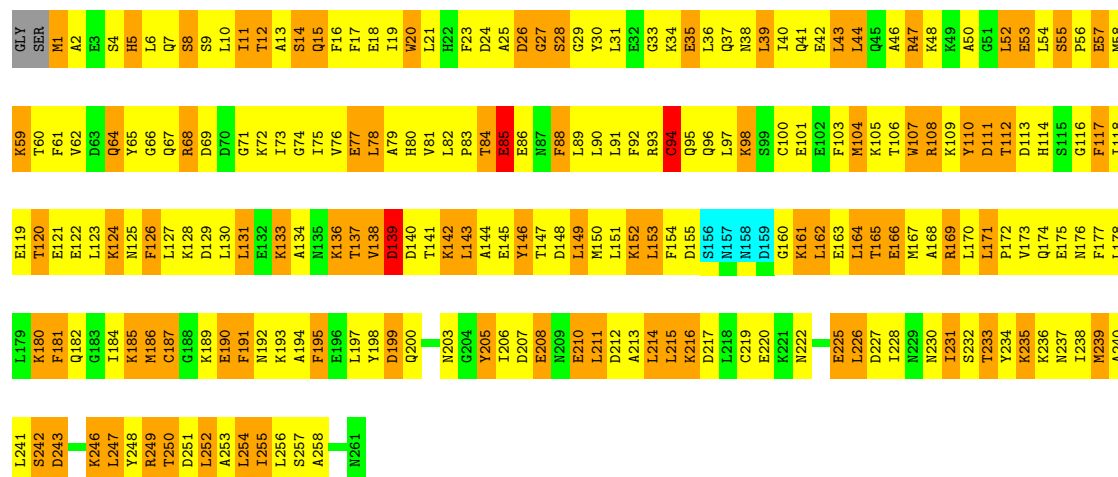


## 4.2.8 Score per residue for model 8

### • Molecule 1: Calbindin



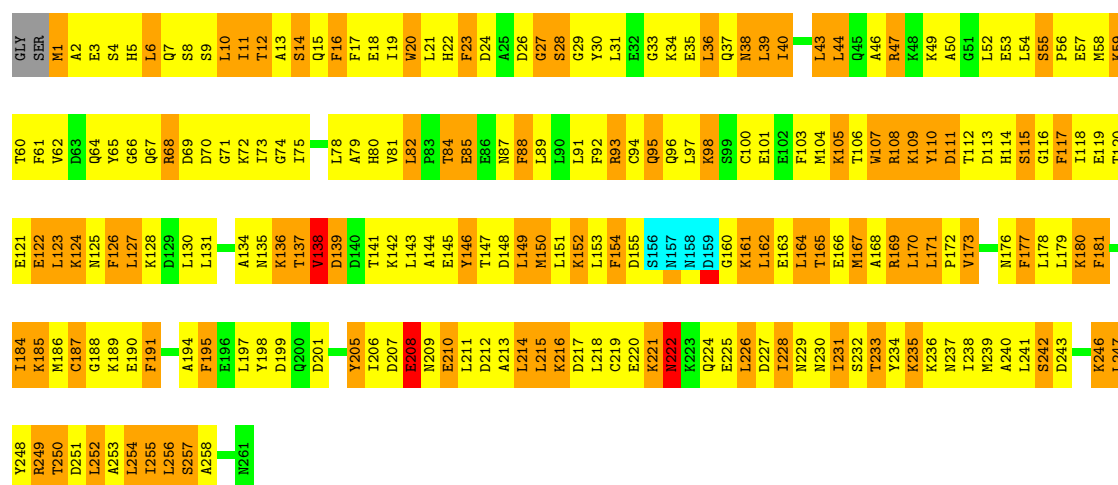




#### 4.2.9 Score per residue for model 9 (medoid)

- Molecule 1: Calbindin

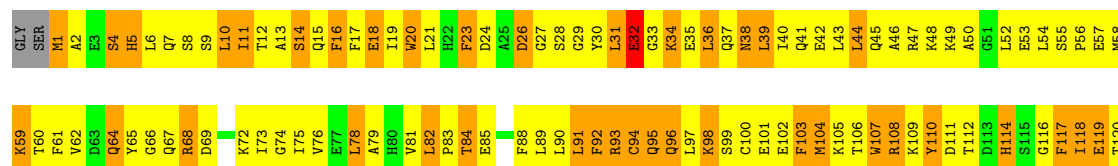
Chain A: 14% 50% 33%



#### 4.2.10 Score per residue for model 10

- Molecule 1: Calbindin

Chain A: 10% 53% 33%



E121	F181	D243
E122	Q182	G244
L123	G183	G245
K124	I184	K246
N125	K185	L247
F126	M186	Y248
L127	C187	R249
K128	G188	T250
D129	K189	D251
L130	F190	L252
L131	F191	A253
E132	N192	L254
K133	K193	L255
A134	A194	L256
N135	F195	S257
K136	E196	A258
T137	L197	G259
V138	Y198	D260
D139	D199	N261
D140	Q200	
T141		
K142	Y205	
L143	I206	
A144	D207	
E145	E208	
Y146	N209	
T147	E210	
D148	L211	
L149	D212	
M150	A213	
L151	L214	
K152	L215	
L153	K216	
F154	D217	
D155	L218	
S156	C219	
N157	E220	
N158	K221	
D159	N222	
G160	K223	
K161	Q224	
L162	E225	
E163	L226	
L164	D227	
T165	I228	
E166	N229	
M167	N230	
A168	I231	
R169	S232	
L170	T233	
L171	Y234	
P172	K235	
V173	K236	
Q174	N237	
E175	I238	
N176	M239	
F177	A240	
L178	L241	
L179	S242	
K180		

## 5 Refinement protocol and experimental data overview

The models were refined using the following method: *torsion angle dynamics molecular dynamics simulated annealing*.

Of the 900 calculated structures, 10 were deposited, based on the following criterion: *structures with the least restraint violations, structures with the lowest energy*.

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

Software name	Classification	Version
CNS	refinement	1.0

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

## 6 Model quality ⓘ

### 6.1 Standard geometry ⓘ

There are no covalent bond-length or bond-angle outliers.

There are no bond-length outliers.

There are no bond-angle outliers.

There are no chirality outliers.

There are no planarity outliers.

### 6.2 Too-close contacts ⓘ

In the following table, the Non-H and H(model) columns list the number of non-hydrogen atoms and hydrogen atoms in each chain respectively. The H(added) column lists the number of hydrogen atoms added and optimized by MolProbity. The Clashes column lists the number of clashes averaged over the ensemble.

Mol	Chain	Non-H	H(model)	H(added)	Clashes
1	A	2077	2064	2062	654±30
All	All	20770	20640	20620	6537

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 158.

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

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:205:TYR:CZ	1:A:246:LYS:HB3	1.13	1.79	8	7
1:A:128:LYS:HA	1:A:131:LEU:HD22	1.10	1.19	6	2
1:A:11:ILE:HG12	1:A:84:THR:HA	1.08	1.23	8	2
1:A:242:SER:HA	1:A:247:LEU:HD13	1.07	1.18	3	6
1:A:214:LEU:HD11	1:A:256:LEU:HD21	1.06	1.27	10	2
1:A:191:PHE:CE1	1:A:253:ALA:HB2	1.06	1.85	4	5
1:A:238:ILE:HG21	1:A:252:LEU:HD13	1.06	1.27	7	1
1:A:154:PHE:CE2	1:A:163:GLU:HB3	1.05	1.87	1	9
1:A:168:ALA:HA	1:A:171:LEU:HG	1.05	1.23	9	7
1:A:127:LEU:HD13	1:A:143:LEU:HB2	1.03	1.26	4	3
1:A:247:LEU:HG	1:A:252:LEU:HD21	1.02	1.31	3	7
1:A:247:LEU:HD11	1:A:251:ASP:HB2	1.02	1.25	7	5
1:A:103:PHE:CE1	1:A:171:LEU:HD11	1.00	1.88	8	1
1:A:94:CYS:HA	1:A:97:LEU:HD23	1.00	1.27	8	4

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:127:LEU:HD11	1:A:143:LEU:HB2	1.00	1.34	10	3
1:A:186:MET:HE3	1:A:256:LEU:HD13	1.00	1.30	10	4
1:A:238:ILE:HG22	1:A:252:LEU:HD22	0.99	1.31	1	4
1:A:47:ARG:HG2	1:A:54:LEU:HA	0.99	1.32	10	9
1:A:215:LEU:HD12	1:A:231:ILE:HG22	0.99	1.34	9	3
1:A:207:ASP:HB3	1:A:246:LYS:HE2	0.98	1.35	2	1
1:A:7:GLN:HB3	1:A:52:LEU:HD12	0.98	1.35	7	5
1:A:91:LEU:HB2	1:A:131:LEU:HB3	0.97	1.32	3	1
1:A:44:LEU:HD21	1:A:62:VAL:HG11	0.97	1.35	1	4
1:A:238:ILE:HG22	1:A:252:LEU:HD12	0.96	1.32	5	2
1:A:205:TYR:CE2	1:A:246:LYS:HB3	0.96	1.96	6	7
1:A:47:ARG:HG3	1:A:54:LEU:HD12	0.96	1.37	1	1
1:A:121:GLU:HA	1:A:124:LYS:HD3	0.95	1.37	3	2
1:A:254:LEU:H	1:A:254:LEU:HD23	0.95	1.21	7	3
1:A:218:LEU:HB2	1:A:226:LEU:HG	0.95	1.36	9	2
1:A:58:MET:O	1:A:62:VAL:HG23	0.94	1.62	8	4
1:A:91:LEU:HD13	1:A:130:LEU:HB3	0.94	1.39	9	6
1:A:59:LYS:O	1:A:62:VAL:HG12	0.94	1.62	5	2
1:A:138:VAL:HG13	1:A:142:LYS:HB2	0.94	1.39	9	6
1:A:205:TYR:CZ	1:A:246:LYS:HD3	0.94	1.97	2	4
1:A:20:TRP:HA	1:A:23:PHE:CZ	0.94	1.97	7	10
1:A:40:ILE:HG23	1:A:62:VAL:HG22	0.94	1.35	3	3
1:A:191:PHE:CE2	1:A:253:ALA:HA	0.94	1.96	5	2
1:A:127:LEU:HD22	1:A:147:THR:HB	0.94	1.40	6	6
1:A:91:LEU:HD23	1:A:136:LYS:HD2	0.94	1.34	3	1
1:A:23:PHE:CE1	1:A:39:LEU:HD12	0.94	1.98	6	1
1:A:180:LYS:HG2	1:A:225:GLU:HA	0.93	1.39	7	8
1:A:13:ALA:HB1	1:A:149:LEU:HD13	0.93	1.39	1	1
1:A:110:TYR:CE2	1:A:126:PHE:CD2	0.93	2.56	4	6
1:A:247:LEU:HD23	1:A:252:LEU:HG	0.93	1.40	10	1
1:A:131:LEU:HB2	1:A:138:VAL:HG12	0.93	1.38	3	1
1:A:104:MET:SD	1:A:164:LEU:HD21	0.93	2.03	7	8
1:A:191:PHE:CE2	1:A:256:LEU:HG	0.92	1.99	1	2
1:A:44:LEU:HD23	1:A:54:LEU:CD2	0.92	1.93	5	4
1:A:238:ILE:CG2	1:A:252:LEU:HD22	0.91	1.95	1	5
1:A:20:TRP:HA	1:A:23:PHE:CE1	0.91	1.99	8	10
1:A:194:ALA:HB1	1:A:198:TYR:CE2	0.91	1.99	9	6
1:A:181:PHE:CD2	1:A:226:LEU:HD21	0.91	2.00	8	2
1:A:218:LEU:HA	1:A:221:LYS:HG2	0.91	1.41	9	3
1:A:191:PHE:CE1	1:A:249:ARG:HD3	0.91	2.00	10	2
1:A:23:PHE:CG	1:A:39:LEU:HB2	0.91	1.99	8	10

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:191:PHE:HB2	1:A:256:LEU:HD12	0.91	1.42	10	4
1:A:91:LEU:HB3	1:A:134:ALA:HB2	0.90	1.42	8	4
1:A:131:LEU:HG	1:A:138:VAL:HB	0.90	1.42	6	2
1:A:94:CYS:O	1:A:97:LEU:HD12	0.90	1.66	2	5
1:A:123:LEU:HG	1:A:151:LEU:HD11	0.90	1.42	4	4
1:A:164:LEU:HD23	1:A:178:LEU:HD11	0.90	1.42	6	2
1:A:4:SER:O	1:A:8:SER:HB2	0.90	1.67	4	8
1:A:215:LEU:HD11	1:A:235:LYS:HB2	0.89	1.42	8	7
1:A:195:PHE:CD2	1:A:249:ARG:HB3	0.89	2.02	3	5
1:A:241:LEU:HB3	1:A:251:ASP:HB3	0.89	1.43	5	7
1:A:110:TYR:CE1	1:A:126:PHE:CD2	0.89	2.61	10	4
1:A:89:LEU:HA	1:A:92:PHE:HB3	0.89	1.45	6	7
1:A:242:SER:CB	1:A:247:LEU:HD22	0.89	1.96	6	6
1:A:61:PHE:O	1:A:65:TYR:HB2	0.88	1.68	9	10
1:A:211:LEU:HD11	1:A:238:ILE:HG21	0.88	1.45	6	2
1:A:95:GLN:HB3	1:A:171:LEU:HD22	0.88	1.43	8	1
1:A:254:LEU:HD12	1:A:255:ILE:N	0.88	1.83	1	2
1:A:211:LEU:HD22	1:A:247:LEU:HD23	0.88	1.43	9	1
1:A:127:LEU:HB3	1:A:143:LEU:HG	0.88	1.46	9	1
1:A:107:TRP:CZ2	1:A:254:LEU:HD13	0.88	2.03	3	2
1:A:119:GLU:HB2	1:A:122:GLU:HB2	0.88	1.45	10	9
1:A:39:LEU:HD22	1:A:39:LEU:C	0.88	1.89	8	1
1:A:13:ALA:HB3	1:A:149:LEU:HG	0.88	1.44	10	7
1:A:91:LEU:HD12	1:A:92:PHE:N	0.88	1.84	3	1
1:A:95:GLN:HA	1:A:103:PHE:HB2	0.88	1.45	10	3
1:A:39:LEU:HD23	1:A:40:ILE:N	0.88	1.83	6	1
1:A:247:LEU:HG	1:A:252:LEU:CD2	0.87	2.00	3	6
1:A:91:LEU:HD13	1:A:131:LEU:HD13	0.87	1.44	3	1
1:A:91:LEU:HD11	1:A:142:LYS:HB2	0.87	1.46	3	1
1:A:97:LEU:HD13	1:A:98:LYS:H	0.87	1.28	2	5
1:A:96:GLN:HA	1:A:172:PRO:HG3	0.87	1.46	8	8
1:A:249:ARG:HA	1:A:252:LEU:HD22	0.87	1.47	6	3
1:A:7:GLN:HB2	1:A:52:LEU:HD12	0.87	1.44	10	3
1:A:231:ILE:HG13	1:A:234:TYR:HD2	0.87	1.29	10	1
1:A:214:LEU:HD13	1:A:215:LEU:N	0.86	1.84	9	7
1:A:103:PHE:CZ	1:A:171:LEU:HD21	0.86	2.04	8	2
1:A:255:ILE:HG22	1:A:256:LEU:HD23	0.86	1.46	5	2
1:A:85:GLU:HB3	1:A:88:PHE:HB3	0.86	1.44	9	6
1:A:1:MET:HE1	1:A:19:ILE:HG12	0.86	1.45	8	2
1:A:10:LEU:HD12	1:A:85:GLU:HA	0.86	1.45	9	1
1:A:47:ARG:HB3	1:A:52:LEU:O	0.86	1.69	1	3

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:181:PHE:HA	1:A:184:ILE:HD12	0.86	1.46	2	8
1:A:76:VAL:HB	1:A:170:LEU:HG	0.86	1.47	2	1
1:A:127:LEU:HD21	1:A:143:LEU:HD13	0.86	1.46	7	2
1:A:124:LYS:HA	1:A:147:THR:HG21	0.86	1.48	5	1
1:A:39:LEU:HG	1:A:40:ILE:N	0.86	1.84	4	8
1:A:128:LYS:HA	1:A:131:LEU:HD11	0.86	1.48	7	1
1:A:88:PHE:HB3	1:A:142:LYS:HB3	0.86	1.47	3	3
1:A:184:ILE:HG13	1:A:225:GLU:HG3	0.86	1.46	5	6
1:A:181:PHE:CD2	1:A:255:ILE:HG23	0.86	2.06	5	2
1:A:11:ILE:H	1:A:11:ILE:HD13	0.86	1.28	2	1
1:A:179:LEU:HD13	1:A:180:LYS:N	0.86	1.86	1	3
1:A:205:TYR:CE1	1:A:246:LYS:HD3	0.86	2.06	2	2
1:A:171:LEU:O	1:A:171:LEU:HD13	0.85	1.70	2	1
1:A:238:ILE:HG22	1:A:252:LEU:CD1	0.85	2.00	5	3
1:A:207:ASP:CB	1:A:246:LYS:HE2	0.85	2.02	2	2
1:A:198:TYR:HB2	1:A:206:ILE:HD11	0.85	1.48	1	4
1:A:149:LEU:HD13	1:A:150:MET:N	0.85	1.87	8	8
1:A:104:MET:HG3	1:A:164:LEU:HD11	0.85	1.45	3	1
1:A:205:TYR:CE2	1:A:246:LYS:HD3	0.84	2.07	4	6
1:A:179:LEU:HD22	1:A:180:LYS:N	0.84	1.87	2	4
1:A:171:LEU:HD13	1:A:171:LEU:O	0.84	1.71	6	1
1:A:54:LEU:HG	1:A:58:MET:HB3	0.84	1.44	3	1
1:A:184:ILE:HD11	1:A:226:LEU:HG	0.84	1.49	5	4
1:A:12:THR:HB	1:A:145:GLU:HB3	0.84	1.47	4	10
1:A:123:LEU:HG	1:A:151:LEU:HD13	0.84	1.49	6	2
1:A:91:LEU:HB2	1:A:146:TYR:HE2	0.84	1.30	5	3
1:A:142:LYS:O	1:A:146:TYR:HB2	0.84	1.72	2	9
1:A:168:ALA:O	1:A:171:LEU:HD12	0.84	1.71	5	8
1:A:186:MET:CE	1:A:256:LEU:HD13	0.84	2.01	10	7
1:A:211:LEU:HD13	1:A:252:LEU:HD13	0.84	1.50	9	2
1:A:54:LEU:HG	1:A:58:MET:HB2	0.84	1.46	10	9
1:A:206:ILE:HG13	1:A:210:GLU:HB3	0.84	1.48	3	3
1:A:235:LYS:HE3	1:A:239:MET:HG3	0.83	1.50	8	6
1:A:162:LEU:HD11	1:A:166:GLU:OE2	0.83	1.73	3	2
1:A:165:THR:HA	1:A:168:ALA:HB3	0.83	1.47	8	9
1:A:205:TYR:CD2	1:A:246:LYS:HD3	0.83	2.06	4	6
1:A:36:LEU:HD23	1:A:65:TYR:HB3	0.83	1.50	10	4
1:A:127:LEU:HD23	1:A:143:LEU:HB2	0.83	1.50	5	2
1:A:13:ALA:H	1:A:149:LEU:HD22	0.83	1.33	7	1
1:A:242:SER:HA	1:A:247:LEU:HD23	0.83	1.47	4	2
1:A:214:LEU:HD22	1:A:214:LEU:O	0.83	1.73	7	4

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:247:LEU:HD11	1:A:251:ASP:CB	0.83	2.02	7	3
1:A:143:LEU:HD12	1:A:144:ALA:N	0.83	1.89	1	5
1:A:171:LEU:HD12	1:A:176:ASN:OD1	0.83	1.73	8	1
1:A:16:PHE:CE2	1:A:75:ILE:HG23	0.83	2.09	5	6
1:A:23:PHE:CD1	1:A:39:LEU:HB2	0.83	2.08	8	10
1:A:128:LYS:HA	1:A:131:LEU:CD2	0.83	2.02	6	2
1:A:111:ASP:HB3	1:A:114:HIS:HA	0.82	1.51	7	3
1:A:184:ILE:CD1	1:A:218:LEU:HD12	0.82	2.03	10	2
1:A:195:PHE:CE1	1:A:249:ARG:HD2	0.82	2.08	3	1
1:A:195:PHE:CE2	1:A:249:ARG:HB3	0.82	2.09	2	6
1:A:123:LEU:HD12	1:A:147:THR:HG23	0.82	1.49	5	1
1:A:36:LEU:O	1:A:40:ILE:HB	0.82	1.74	1	4
1:A:16:PHE:HA	1:A:19:ILE:HD12	0.82	1.52	7	6
1:A:215:LEU:HD13	1:A:231:ILE:O	0.82	1.74	5	9
1:A:23:PHE:CZ	1:A:39:LEU:HD12	0.82	2.09	6	1
1:A:10:LEU:HA	1:A:83:PRO:O	0.82	1.74	8	7
1:A:127:LEU:CD2	1:A:147:THR:HB	0.82	2.05	10	6
1:A:167:MET:O	1:A:171:LEU:HD23	0.82	1.72	10	2
1:A:13:ALA:HA	1:A:16:PHE:HD2	0.82	1.32	9	7
1:A:92:PHE:CE1	1:A:170:LEU:HD11	0.82	2.10	4	1
1:A:95:GLN:HG3	1:A:171:LEU:HA	0.82	1.50	3	4
1:A:150:MET:O	1:A:166:GLU:HG3	0.82	1.75	1	9
1:A:97:LEU:HD13	1:A:98:LYS:N	0.82	1.88	6	5
1:A:211:LEU:HD13	1:A:235:LYS:O	0.82	1.74	10	1
1:A:128:LYS:CA	1:A:131:LEU:HD22	0.82	2.02	6	1
1:A:116:GLY:O	1:A:254:LEU:HD22	0.82	1.74	2	4
1:A:103:PHE:CD2	1:A:171:LEU:HD11	0.82	2.09	10	1
1:A:242:SER:HB3	1:A:247:LEU:HD22	0.81	1.52	2	5
1:A:89:LEU:HA	1:A:92:PHE:HB2	0.81	1.51	1	4
1:A:16:PHE:CZ	1:A:75:ILE:HG23	0.81	2.11	9	2
1:A:13:ALA:HA	1:A:16:PHE:CD2	0.81	2.10	7	4
1:A:11:ILE:HD13	1:A:11:ILE:H	0.81	1.34	6	1
1:A:54:LEU:HD23	1:A:59:LYS:HA	0.81	1.51	6	10
1:A:116:GLY:HA2	1:A:254:LEU:HD23	0.81	1.53	1	1
1:A:57:GLU:O	1:A:61:PHE:HB2	0.81	1.74	8	10
1:A:219:CYS:HB2	1:A:226:LEU:HD12	0.81	1.52	7	1
1:A:44:LEU:HD23	1:A:54:LEU:HD22	0.81	1.53	3	5
1:A:154:PHE:CB	1:A:166:GLU:HB3	0.81	2.05	8	1
1:A:195:PHE:CD2	1:A:206:ILE:HD12	0.81	2.11	6	2
1:A:162:LEU:HD21	1:A:166:GLU:HG2	0.81	1.53	8	1
1:A:40:ILE:O	1:A:44:LEU:HB2	0.81	1.74	6	3

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:60:THR:O	1:A:64:GLN:N	0.81	2.12	5	10
1:A:127:LEU:HD11	1:A:146:TYR:CD2	0.81	2.10	9	2
1:A:17:PHE:CG	1:A:153:LEU:HD21	0.80	2.10	6	5
1:A:23:PHE:CD1	1:A:31:LEU:HD11	0.80	2.11	2	8
1:A:227:ASP:O	1:A:231:ILE:HG12	0.80	1.75	2	8
1:A:104:MET:HB3	1:A:241:LEU:HD21	0.80	1.53	10	3
1:A:54:LEU:HB3	1:A:59:LYS:HD2	0.80	1.54	5	3
1:A:228:ILE:HA	1:A:231:ILE:HD11	0.80	1.52	9	3
1:A:177:PHE:HB3	1:A:234:TYR:CD1	0.80	2.11	10	4
1:A:171:LEU:HD13	1:A:171:LEU:C	0.80	1.96	5	4
1:A:96:GLN:CB	1:A:172:PRO:HG3	0.80	2.06	5	6
1:A:164:LEU:CD1	1:A:254:LEU:HD12	0.80	2.07	7	1
1:A:127:LEU:HD22	1:A:128:LYS:N	0.80	1.92	5	1
1:A:110:TYR:HE2	1:A:126:PHE:CD2	0.80	1.93	4	6
1:A:103:PHE:CE2	1:A:171:LEU:HD21	0.80	2.11	8	2
1:A:39:LEU:HD23	1:A:40:ILE:H	0.80	1.36	6	1
1:A:92:PHE:HA	1:A:146:TYR:CE2	0.80	2.12	4	4
1:A:254:LEU:H	1:A:254:LEU:HD13	0.80	1.36	8	1
1:A:154:PHE:CZ	1:A:163:GLU:HB3	0.80	2.12	6	10
1:A:211:LEU:HB2	1:A:247:LEU:HD21	0.80	1.53	5	1
1:A:92:PHE:CD2	1:A:170:LEU:HD23	0.80	2.12	5	2
1:A:154:PHE:HB2	1:A:166:GLU:HB2	0.80	1.51	7	8
1:A:249:ARG:HD2	1:A:249:ARG:C	0.80	1.97	6	1
1:A:254:LEU:HD13	1:A:254:LEU:H	0.80	1.36	9	1
1:A:127:LEU:HD13	1:A:128:LYS:N	0.80	1.92	7	1
1:A:13:ALA:HB1	1:A:149:LEU:HG	0.80	1.52	4	1
1:A:205:TYR:CD1	1:A:205:TYR:C	0.80	2.54	7	2
1:A:124:LYS:HA	1:A:147:THR:OG1	0.79	1.76	8	7
1:A:13:ALA:HB3	1:A:149:LEU:CG	0.79	2.07	9	8
1:A:252:LEU:N	1:A:252:LEU:HD23	0.79	1.92	9	2
1:A:43:LEU:HD21	1:A:58:MET:HG3	0.79	1.50	3	1
1:A:251:ASP:HA	1:A:254:LEU:HD21	0.79	1.55	7	3
1:A:40:ILE:HG23	1:A:62:VAL:CG2	0.79	2.07	1	3
1:A:96:GLN:HB3	1:A:172:PRO:HG3	0.79	1.55	5	2
1:A:95:GLN:HA	1:A:103:PHE:CG	0.79	2.13	9	7
1:A:101:GLU:HA	1:A:237:ASN:CG	0.79	1.98	8	4
1:A:181:PHE:CE2	1:A:226:LEU:HD21	0.79	2.12	8	2
1:A:43:LEU:HD23	1:A:54:LEU:HD11	0.79	1.55	8	1
1:A:238:ILE:CG2	1:A:252:LEU:HG	0.79	2.07	2	2
1:A:36:LEU:HD12	1:A:68:ARG:HB3	0.79	1.53	8	1
1:A:168:ALA:CA	1:A:171:LEU:HG	0.79	2.07	9	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:214:LEU:HD23	1:A:215:LEU:N	0.79	1.93	5	3
1:A:44:LEU:HD12	1:A:54:LEU:HD21	0.79	1.55	10	1
1:A:171:LEU:C	1:A:171:LEU:HD13	0.79	1.97	7	3
1:A:198:TYR:CZ	1:A:214:LEU:HA	0.79	2.13	5	9
1:A:186:MET:O	1:A:187:CYS:HB2	0.79	1.77	6	9
1:A:33:GLY:HA2	1:A:69:ASP:O	0.79	1.78	4	6
1:A:44:LEU:HG	1:A:54:LEU:HD22	0.79	1.55	9	3
1:A:241:LEU:HD12	1:A:254:LEU:HD11	0.78	1.54	1	1
1:A:238:ILE:HG12	1:A:255:ILE:HG21	0.78	1.55	10	2
1:A:54:LEU:CG	1:A:58:MET:HB3	0.78	2.08	3	1
1:A:164:LEU:HD23	1:A:178:LEU:HD13	0.78	1.53	7	3
1:A:247:LEU:HD13	1:A:247:LEU:N	0.78	1.92	5	1
1:A:88:PHE:HB2	1:A:142:LYS:HB3	0.78	1.55	9	2
1:A:131:LEU:CB	1:A:138:VAL:HG12	0.78	2.08	3	1
1:A:103:PHE:CE2	1:A:171:LEU:HD11	0.78	2.13	10	1
1:A:105:LYS:HA	1:A:240:ALA:O	0.78	1.79	9	8
1:A:211:LEU:HD21	1:A:238:ILE:HB	0.78	1.56	5	5
1:A:215:LEU:HD22	1:A:234:TYR:HB3	0.78	1.54	7	1
1:A:47:ARG:HG2	1:A:54:LEU:CA	0.78	2.08	5	9
1:A:154:PHE:CD2	1:A:166:GLU:HB2	0.78	2.14	3	6
1:A:181:PHE:CE1	1:A:226:LEU:HD21	0.78	2.14	10	2
1:A:206:ILE:CG1	1:A:210:GLU:HB3	0.78	2.08	2	4
1:A:254:LEU:CD2	1:A:255:ILE:HD12	0.77	2.09	9	2
1:A:214:LEU:HG	1:A:249:ARG:HH12	0.77	1.39	9	1
1:A:247:LEU:CG	1:A:252:LEU:HD21	0.77	2.07	9	3
1:A:251:ASP:O	1:A:254:LEU:HD11	0.77	1.79	6	2
1:A:39:LEU:HD13	1:A:40:ILE:N	0.77	1.93	8	1
1:A:219:CYS:HB3	1:A:226:LEU:HD12	0.77	1.54	9	1
1:A:181:PHE:CD1	1:A:226:LEU:HD21	0.77	2.12	10	1
1:A:228:ILE:HA	1:A:231:ILE:CG1	0.77	2.10	9	7
1:A:241:LEU:HD13	1:A:254:LEU:HD11	0.77	1.55	7	2
1:A:222:ASN:HB3	1:A:225:GLU:HG2	0.77	1.53	6	8
1:A:36:LEU:HD21	1:A:65:TYR:HB3	0.77	1.56	3	4
1:A:177:PHE:CD1	1:A:178:LEU:HD22	0.77	2.14	9	2
1:A:177:PHE:HB3	1:A:234:TYR:CE1	0.77	2.15	2	4
1:A:103:PHE:CE2	1:A:104:MET:HG3	0.77	2.15	10	2
1:A:95:GLN:HG3	1:A:171:LEU:HD22	0.77	1.57	10	1
1:A:166:GLU:O	1:A:169:ARG:HG2	0.77	1.80	10	7
1:A:234:TYR:O	1:A:238:ILE:HG13	0.77	1.80	4	6
1:A:151:LEU:HG	1:A:162:LEU:HD23	0.77	1.57	8	2
1:A:215:LEU:HD11	1:A:235:LYS:HB3	0.77	1.56	7	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:88:PHE:HB2	1:A:142:LYS:CA	0.77	2.09	1	3
1:A:181:PHE:CE2	1:A:226:LEU:HD11	0.77	2.14	6	2
1:A:191:PHE:CZ	1:A:249:ARG:HD3	0.77	2.15	10	2
1:A:188:GLY:HA2	1:A:191:PHE:CD2	0.77	2.14	3	3
1:A:75:ILE:HG22	1:A:92:PHE:CZ	0.77	2.14	5	4
1:A:31:LEU:HG	1:A:39:LEU:HD22	0.77	1.56	10	4
1:A:84:THR:HG22	1:A:89:LEU:HD11	0.77	1.54	10	4
1:A:23:PHE:CZ	1:A:39:LEU:HB2	0.76	2.15	7	6
1:A:10:LEU:HD12	1:A:85:GLU:CD	0.76	2.00	8	1
1:A:110:TYR:HE1	1:A:126:PHE:CD2	0.76	1.97	10	4
1:A:138:VAL:HG23	1:A:143:LEU:HD22	0.76	1.57	3	1
1:A:16:PHE:CD2	1:A:82:LEU:HD11	0.76	2.15	8	1
1:A:228:ILE:HA	1:A:231:ILE:CD1	0.76	2.10	9	3
1:A:107:TRP:HZ3	1:A:162:LEU:HD13	0.76	1.39	5	6
1:A:23:PHE:CE2	1:A:39:LEU:HD23	0.76	2.15	8	1
1:A:238:ILE:HG22	1:A:252:LEU:CD2	0.76	2.11	1	4
1:A:104:MET:HB3	1:A:241:LEU:CD2	0.76	2.10	10	2
1:A:108:ARG:HD3	1:A:241:LEU:HA	0.76	1.57	6	1
1:A:231:ILE:HD13	1:A:234:TYR:HD2	0.76	1.40	6	4
1:A:146:TYR:HA	1:A:149:LEU:HD12	0.76	1.57	6	8
1:A:131:LEU:HD12	1:A:137:THR:HA	0.76	1.58	9	1
1:A:14:SER:HB2	1:A:149:LEU:HB2	0.76	1.57	3	3
1:A:127:LEU:O	1:A:131:LEU:HD13	0.75	1.80	6	4
1:A:241:LEU:CB	1:A:251:ASP:HB3	0.75	2.11	8	9
1:A:47:ARG:HG3	1:A:54:LEU:CD1	0.75	2.09	1	1
1:A:212:ASP:HA	1:A:235:LYS:HB2	0.75	1.58	5	8
1:A:249:ARG:HD2	1:A:252:LEU:HD12	0.75	1.59	9	1
1:A:59:LYS:O	1:A:62:VAL:HG13	0.75	1.80	6	3
1:A:227:ASP:O	1:A:231:ILE:HB	0.75	1.82	10	2
1:A:247:LEU:HD21	1:A:251:ASP:HB2	0.75	1.58	4	2
1:A:116:GLY:HA3	1:A:250:THR:O	0.75	1.82	5	5
1:A:215:LEU:HB3	1:A:231:ILE:HG23	0.75	1.58	1	1
1:A:168:ALA:HA	1:A:171:LEU:CG	0.75	2.09	9	5
1:A:68:ARG:HG3	1:A:71:GLY:HA3	0.75	1.57	8	6
1:A:247:LEU:HD23	1:A:252:LEU:CG	0.75	2.10	10	1
1:A:130:LEU:O	1:A:133:LYS:HG3	0.75	1.82	1	1
1:A:123:LEU:HD21	1:A:162:LEU:HD12	0.75	1.56	5	4
1:A:231:ILE:O	1:A:234:TYR:N	0.75	2.20	10	8
1:A:104:MET:HE3	1:A:241:LEU:HD13	0.75	1.59	4	2
1:A:215:LEU:HB2	1:A:231:ILE:HG23	0.75	1.56	3	6
1:A:191:PHE:CE1	1:A:253:ALA:HA	0.75	2.16	10	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:40:ILE:HG21	1:A:62:VAL:HA	0.75	1.59	10	2
1:A:96:GLN:HB2	1:A:172:PRO:HG3	0.75	1.58	10	1
1:A:177:PHE:HE1	1:A:237:ASN:HB3	0.75	1.42	6	1
1:A:219:CYS:HB3	1:A:231:ILE:HD12	0.75	1.56	10	1
1:A:91:LEU:HD21	1:A:142:LYS:HG3	0.75	1.58	3	1
1:A:184:ILE:HD13	1:A:226:LEU:HD21	0.75	1.57	1	4
1:A:88:PHE:HB2	1:A:142:LYS:HA	0.75	1.57	1	1
1:A:128:LYS:HA	1:A:131:LEU:HD21	0.75	1.59	9	1
1:A:162:LEU:CD2	1:A:166:GLU:HG2	0.74	2.11	8	1
1:A:205:TYR:HD1	1:A:205:TYR:C	0.74	1.86	7	1
1:A:127:LEU:O	1:A:131:LEU:HG	0.74	1.81	2	4
1:A:92:PHE:CE2	1:A:170:LEU:HD23	0.74	2.17	10	2
1:A:215:LEU:HB3	1:A:231:ILE:HD12	0.74	1.58	1	1
1:A:148:ASP:O	1:A:152:LYS:HD2	0.74	1.81	8	3
1:A:54:LEU:HG	1:A:58:MET:CB	0.74	2.12	3	5
1:A:20:TRP:CZ2	1:A:75:ILE:HD13	0.74	2.17	1	3
1:A:211:LEU:HD11	1:A:238:ILE:CG2	0.74	2.12	6	3
1:A:110:TYR:HE1	1:A:126:PHE:CE2	0.74	2.00	5	1
1:A:205:TYR:OH	1:A:246:LYS:HD3	0.74	1.83	10	2
1:A:91:LEU:HD12	1:A:131:LEU:HD13	0.74	1.57	10	1
1:A:141:THR:O	1:A:145:GLU:HG2	0.74	1.82	1	8
1:A:167:MET:O	1:A:171:LEU:HB3	0.74	1.82	6	7
1:A:12:THR:O	1:A:16:PHE:HB3	0.74	1.82	10	3
1:A:215:LEU:HD21	1:A:235:LYS:CB	0.74	2.12	10	2
1:A:131:LEU:HD21	1:A:143:LEU:HD23	0.74	1.57	1	1
1:A:241:LEU:HB2	1:A:251:ASP:HB3	0.74	1.57	8	4
1:A:82:LEU:HD12	1:A:82:LEU:O	0.74	1.83	8	1
1:A:181:PHE:HE1	1:A:256:LEU:HB3	0.74	1.42	7	4
1:A:149:LEU:O	1:A:149:LEU:HD22	0.74	1.82	4	5
1:A:226:LEU:HD23	1:A:234:TYR:CE2	0.74	2.17	4	2
1:A:96:GLN:CA	1:A:172:PRO:HG3	0.74	2.12	1	7
1:A:36:LEU:HD11	1:A:73:ILE:HG12	0.74	1.58	7	4
1:A:148:ASP:O	1:A:152:LYS:HG2	0.74	1.82	3	7
1:A:17:PHE:O	1:A:21:LEU:HB2	0.74	1.82	8	10
1:A:13:ALA:HB3	1:A:149:LEU:HD13	0.74	1.60	7	1
1:A:214:LEU:HD11	1:A:256:LEU:CD2	0.74	2.09	10	3
1:A:212:ASP:HA	1:A:215:LEU:HD11	0.74	1.59	8	7
1:A:242:SER:CB	1:A:247:LEU:HD12	0.74	2.12	5	1
1:A:180:LYS:HG3	1:A:225:GLU:CB	0.74	2.13	2	2
1:A:58:MET:O	1:A:62:VAL:HG12	0.74	1.82	2	2
1:A:36:LEU:HD22	1:A:68:ARG:HB3	0.73	1.58	9	5

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:169:ARG:HG2	1:A:170:LEU:HD12	0.73	1.58	10	1
1:A:23:PHE:CE2	1:A:39:LEU:HB2	0.73	2.18	7	7
1:A:88:PHE:CG	1:A:142:LYS:HG2	0.73	2.18	2	1
1:A:249:ARG:HD2	1:A:249:ARG:O	0.73	1.82	10	3
1:A:171:LEU:HD22	1:A:172:PRO:HD2	0.73	1.58	7	3
1:A:103:PHE:HE2	1:A:171:LEU:HD23	0.73	1.44	5	3
1:A:195:PHE:CE2	1:A:252:LEU:HD23	0.73	2.17	6	2
1:A:171:LEU:HD21	1:A:176:ASN:HD22	0.73	1.43	5	1
1:A:108:ARG:HD2	1:A:241:LEU:HA	0.73	1.59	1	4
1:A:78:LEU:O	1:A:81:VAL:HG12	0.73	1.82	9	10
1:A:107:TRP:CZ2	1:A:164:LEU:HD12	0.73	2.18	7	6
1:A:36:LEU:HD11	1:A:65:TYR:HB3	0.73	1.61	8	1
1:A:251:ASP:O	1:A:254:LEU:HD21	0.73	1.83	9	4
1:A:215:LEU:HB3	1:A:231:ILE:HG12	0.73	1.60	10	1
1:A:215:LEU:HD13	1:A:234:TYR:HB2	0.73	1.60	7	2
1:A:149:LEU:HD22	1:A:149:LEU:O	0.73	1.83	6	3
1:A:177:PHE:CZ	1:A:237:ASN:HB3	0.73	2.17	5	4
1:A:195:PHE:CE2	1:A:206:ILE:HG21	0.73	2.19	5	2
1:A:191:PHE:CD1	1:A:253:ALA:HB2	0.73	2.17	4	3
1:A:171:LEU:HD13	1:A:172:PRO:HD2	0.73	1.60	8	2
1:A:95:GLN:CG	1:A:171:LEU:HD22	0.73	2.14	10	2
1:A:13:ALA:O	1:A:17:PHE:HB2	0.73	1.83	10	5
1:A:16:PHE:CE2	1:A:79:ALA:HB2	0.73	2.19	3	6
1:A:40:ILE:O	1:A:44:LEU:HG	0.73	1.83	7	2
1:A:238:ILE:HG12	1:A:255:ILE:HG12	0.73	1.60	3	3
1:A:247:LEU:CD1	1:A:247:LEU:N	0.73	2.52	5	1
1:A:171:LEU:HG	1:A:178:LEU:HD12	0.72	1.58	2	4
1:A:181:PHE:CE2	1:A:255:ILE:HG23	0.72	2.19	5	2
1:A:247:LEU:HD11	1:A:249:ARG:HA	0.72	1.61	4	2
1:A:54:LEU:HD23	1:A:59:LYS:CA	0.72	2.14	6	8
1:A:124:LYS:O	1:A:127:LEU:HD23	0.72	1.83	6	1
1:A:131:LEU:HD21	1:A:143:LEU:HB2	0.72	1.60	6	1
1:A:130:LEU:HD13	1:A:133:LYS:HE3	0.72	1.58	5	1
1:A:242:SER:HB2	1:A:247:LEU:HD22	0.72	1.59	6	2
1:A:252:LEU:HD13	1:A:252:LEU:N	0.72	1.99	6	2
1:A:91:LEU:HD11	1:A:138:VAL:HG11	0.72	1.60	5	1
1:A:180:LYS:HG3	1:A:225:GLU:CA	0.72	2.14	4	2
1:A:23:PHE:CD1	1:A:31:LEU:HD21	0.72	2.19	4	4
1:A:226:LEU:HD22	1:A:234:TYR:CE2	0.72	2.20	10	5
1:A:78:LEU:HD22	1:A:81:VAL:HG11	0.72	1.60	6	6
1:A:151:LEU:HG	1:A:160:GLY:O	0.72	1.84	4	6

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:149:LEU:CD2	1:A:153:LEU:HD11	0.72	2.15	8	1
1:A:2:ALA:HB1	1:A:6:LEU:HD12	0.72	1.60	7	3
1:A:11:ILE:HG13	1:A:84:THR:HA	0.72	1.62	5	1
1:A:85:GLU:CB	1:A:89:LEU:HG	0.72	2.15	3	2
1:A:256:LEU:HD12	1:A:256:LEU:O	0.72	1.84	1	1
1:A:123:LEU:HD22	1:A:126:PHE:CD2	0.72	2.19	5	9
1:A:206:ILE:HG21	1:A:252:LEU:HD11	0.72	1.59	3	2
1:A:44:LEU:HG	1:A:54:LEU:CD2	0.72	2.14	9	3
1:A:128:LYS:HA	1:A:138:VAL:HG11	0.72	1.59	3	2
1:A:154:PHE:CE2	1:A:163:GLU:CB	0.72	2.73	5	8
1:A:187:CYS:HA	1:A:258:ALA:HB2	0.72	1.61	10	1
1:A:236:LYS:O	1:A:239:MET:HB3	0.72	1.84	1	3
1:A:242:SER:HA	1:A:247:LEU:CD1	0.72	2.09	3	2
1:A:151:LEU:HB3	1:A:152:LYS:CE	0.72	2.14	6	3
1:A:44:LEU:HA	1:A:54:LEU:HD13	0.71	1.60	3	6
1:A:10:LEU:HG	1:A:10:LEU:O	0.71	1.83	8	5
1:A:121:GLU:HA	1:A:124:LYS:CD	0.71	2.14	10	2
1:A:91:LEU:HB2	1:A:131:LEU:CB	0.71	2.13	3	1
1:A:20:TRP:CE3	1:A:31:LEU:HD23	0.71	2.19	3	4
1:A:1:MET:CA	1:A:1:MET:HE2	0.71	2.14	5	1
1:A:110:TYR:HE2	1:A:126:PHE:CE2	0.71	2.02	4	3
1:A:116:GLY:O	1:A:254:LEU:HD12	0.71	1.85	8	1
1:A:40:ILE:CG1	1:A:62:VAL:HG22	0.71	2.15	8	1
1:A:238:ILE:CD1	1:A:255:ILE:HG21	0.71	2.15	3	5
1:A:218:LEU:HB3	1:A:226:LEU:HD22	0.71	1.63	2	4
1:A:194:ALA:HB1	1:A:198:TYR:CD2	0.71	2.21	2	4
1:A:34:LYS:O	1:A:38:ASN:N	0.71	2.23	3	8
1:A:182:GLN:HA	1:A:185:LYS:HD3	0.71	1.62	7	1
1:A:2:ALA:HA	1:A:19:ILE:HG23	0.71	1.62	4	8
1:A:247:LEU:HD22	1:A:248:TYR:N	0.71	2.00	4	2
1:A:219:CYS:HB3	1:A:231:ILE:HG13	0.71	1.61	3	5
1:A:118:ILE:O	1:A:161:LYS:HB2	0.71	1.86	6	5
1:A:177:PHE:HD2	1:A:181:PHE:CD2	0.71	2.03	8	4
1:A:246:LYS:CE	1:A:246:LYS:HA	0.71	2.16	3	3
1:A:208:GLU:HB3	1:A:239:MET:HE2	0.71	1.63	6	1
1:A:247:LEU:CB	1:A:252:LEU:HD21	0.71	2.16	5	1
1:A:238:ILE:HG23	1:A:255:ILE:HD13	0.71	1.62	4	4
1:A:180:LYS:HG3	1:A:225:GLU:HA	0.71	1.61	4	2
1:A:117:PHE:CD2	1:A:161:LYS:HE2	0.71	2.21	10	1
1:A:235:LYS:O	1:A:239:MET:HB2	0.70	1.85	7	9
1:A:116:GLY:CA	1:A:254:LEU:HD22	0.70	2.15	7	1

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:164:LEU:HD13	1:A:254:LEU:CD1	0.70	2.15	2	4
1:A:127:LEU:CD1	1:A:143:LEU:HB2	0.70	2.16	2	4
1:A:176:ASN:O	1:A:179:LEU:HD12	0.70	1.85	4	5
1:A:40:ILE:HD11	1:A:61:PHE:O	0.70	1.84	8	2
1:A:127:LEU:HD11	1:A:143:LEU:CA	0.70	2.16	6	1
1:A:249:ARG:HD3	1:A:252:LEU:HG	0.70	1.63	3	1
1:A:95:GLN:OE1	1:A:170:LEU:HD11	0.70	1.86	8	1
1:A:231:ILE:HA	1:A:234:TYR:CD2	0.70	2.22	3	6
1:A:85:GLU:C	1:A:89:LEU:HD12	0.70	2.06	2	5
1:A:14:SER:HB3	1:A:149:LEU:HB2	0.70	1.62	5	2
1:A:179:LEU:HD13	1:A:180:LYS:H	0.70	1.45	1	5
1:A:123:LEU:HD22	1:A:126:PHE:CG	0.70	2.21	3	4
1:A:161:LYS:HZ2	1:A:163:GLU:HB2	0.70	1.46	5	1
1:A:235:LYS:HE2	1:A:236:LYS:HA	0.70	1.63	4	4
1:A:126:PHE:O	1:A:130:LEU:HD23	0.70	1.86	8	2
1:A:131:LEU:HD12	1:A:132:GLU:N	0.70	2.01	2	1
1:A:40:ILE:CG2	1:A:62:VAL:HG13	0.70	2.16	1	3
1:A:177:PHE:CD2	1:A:181:PHE:CD2	0.70	2.80	6	5
1:A:147:THR:O	1:A:151:LEU:HD22	0.70	1.87	4	2
1:A:177:PHE:CE1	1:A:237:ASN:HB3	0.70	2.22	7	10
1:A:88:PHE:HA	1:A:138:VAL:HG21	0.70	1.63	8	1
1:A:16:PHE:HE2	1:A:75:ILE:HG23	0.70	1.47	10	5
1:A:206:ILE:HD11	1:A:211:LEU:N	0.70	2.01	10	2
1:A:207:ASP:HB3	1:A:246:LYS:HE3	0.70	1.64	1	2
1:A:252:LEU:HD23	1:A:252:LEU:N	0.70	2.02	8	1
1:A:252:LEU:O	1:A:255:ILE:HB	0.70	1.87	9	7
1:A:124:LYS:O	1:A:127:LEU:CD1	0.70	2.40	7	2
1:A:198:TYR:HB3	1:A:206:ILE:HD12	0.70	1.64	2	3
1:A:61:PHE:CG	1:A:81:VAL:HG21	0.69	2.22	2	7
1:A:7:GLN:OE1	1:A:46:ALA:HB1	0.69	1.86	6	1
1:A:91:LEU:HD13	1:A:130:LEU:CB	0.69	2.17	1	2
1:A:30:TYR:HB2	1:A:72:LYS:HD2	0.69	1.64	10	2
1:A:162:LEU:HD13	1:A:163:GLU:O	0.69	1.87	9	3
1:A:207:ASP:HA	1:A:246:LYS:HE2	0.69	1.64	7	3
1:A:39:LEU:HD11	1:A:78:LEU:HD21	0.69	1.63	6	2
1:A:179:LEU:HD11	1:A:180:LYS:CD	0.69	2.17	5	1
1:A:104:MET:HG2	1:A:164:LEU:HD21	0.69	1.64	9	2
1:A:92:PHE:CE1	1:A:170:LEU:HB2	0.69	2.22	6	1
1:A:104:MET:HE3	1:A:241:LEU:HD21	0.69	1.62	2	3
1:A:253:ALA:O	1:A:257:SER:N	0.69	2.25	7	9
1:A:131:LEU:HD11	1:A:138:VAL:HG12	0.69	1.62	8	1

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:80:HIS:HB3	1:A:89:LEU:HD13	0.69	1.62	2	2
1:A:177:PHE:O	1:A:181:PHE:HB2	0.69	1.86	10	9
1:A:149:LEU:HD22	1:A:149:LEU:C	0.69	2.06	4	4
1:A:20:TRP:HB3	1:A:78:LEU:HD22	0.69	1.64	1	2
1:A:31:LEU:HB3	1:A:36:LEU:CD1	0.69	2.17	7	8
1:A:181:PHE:CE1	1:A:256:LEU:HB3	0.69	2.22	8	6
1:A:124:LYS:O	1:A:127:LEU:HD12	0.69	1.87	7	1
1:A:20:TRP:CA	1:A:23:PHE:CE1	0.69	2.76	4	10
1:A:88:PHE:CD2	1:A:146:TYR:HB2	0.69	2.23	8	1
1:A:85:GLU:O	1:A:89:LEU:HD12	0.69	1.86	4	3
1:A:43:LEU:HD12	1:A:44:LEU:N	0.69	2.02	6	1
1:A:164:LEU:O	1:A:168:ALA:N	0.69	2.26	3	10
1:A:40:ILE:HG23	1:A:62:VAL:CB	0.69	2.18	7	6
1:A:118:ILE:HB	1:A:123:LEU:HD23	0.69	1.63	3	8
1:A:101:GLU:HA	1:A:237:ASN:ND2	0.69	2.03	8	4
1:A:104:MET:CB	1:A:241:LEU:HD21	0.69	2.18	6	3
1:A:1:MET:HA	1:A:1:MET:HE2	0.69	1.62	5	1
1:A:132:GLU:HG2	1:A:137:THR:HA	0.69	1.63	4	1
1:A:128:LYS:O	1:A:131:LEU:HB2	0.69	1.87	1	2
1:A:215:LEU:CB	1:A:231:ILE:HG23	0.69	2.18	1	2
1:A:105:LYS:HB2	1:A:240:ALA:HB1	0.69	1.65	3	3
1:A:117:PHE:HB2	1:A:161:LYS:CD	0.69	2.17	2	1
1:A:44:LEU:HD21	1:A:62:VAL:HB	0.69	1.65	5	1
1:A:10:LEU:HD12	1:A:85:GLU:HG2	0.68	1.64	1	3
1:A:154:PHE:CE2	1:A:165:THR:N	0.68	2.61	6	8
1:A:136:LYS:HD3	1:A:138:VAL:HG23	0.68	1.65	8	1
1:A:91:LEU:HD21	1:A:138:VAL:HB	0.68	1.63	8	3
1:A:31:LEU:HD12	1:A:36:LEU:HA	0.68	1.62	3	3
1:A:249:ARG:HH12	1:A:256:LEU:HD11	0.68	1.47	7	1
1:A:191:PHE:CE1	1:A:195:PHE:CD1	0.68	2.80	5	1
1:A:177:PHE:CZ	1:A:255:ILE:HD12	0.68	2.23	10	1
1:A:92:PHE:HA	1:A:146:TYR:OH	0.68	1.88	5	8
1:A:55:SER:HB3	1:A:58:MET:HG3	0.68	1.65	5	2
1:A:84:THR:O	1:A:85:GLU:HG2	0.68	1.88	9	5
1:A:127:LEU:O	1:A:131:LEU:HD23	0.68	1.87	9	1
1:A:30:TYR:CE2	1:A:173:VAL:HG11	0.68	2.22	2	8
1:A:91:LEU:CD1	1:A:138:VAL:HG11	0.68	2.17	5	1
1:A:23:PHE:CZ	1:A:39:LEU:HD13	0.68	2.23	5	3
1:A:95:GLN:HG3	1:A:172:PRO:HD3	0.68	1.65	10	1
1:A:131:LEU:HD12	1:A:138:VAL:HB	0.68	1.65	3	2
1:A:121:GLU:HA	1:A:124:LYS:HD2	0.68	1.64	7	3

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:13:ALA:HB3	1:A:149:LEU:HD22	0.68	1.65	7	1
1:A:194:ALA:HB1	1:A:198:TYR:CZ	0.68	2.23	10	2
1:A:91:LEU:HA	1:A:133:LYS:HE2	0.68	1.63	2	1
1:A:91:LEU:HB2	1:A:146:TYR:CE2	0.68	2.23	1	2
1:A:205:TYR:CE1	1:A:248:TYR:CD1	0.68	2.81	6	6
1:A:136:LYS:HE2	1:A:138:VAL:HA	0.68	1.66	8	2
1:A:216:LYS:HG3	1:A:231:ILE:HG21	0.68	1.64	7	1
1:A:205:TYR:CE2	1:A:248:TYR:CE1	0.68	2.81	2	1
1:A:219:CYS:CB	1:A:231:ILE:HD12	0.68	2.18	10	1
1:A:198:TYR:CB	1:A:206:ILE:HD11	0.68	2.18	1	1
1:A:92:PHE:CZ	1:A:170:LEU:HD22	0.68	2.23	8	2
1:A:249:ARG:HG2	1:A:252:LEU:CD1	0.68	2.19	8	1
1:A:171:LEU:C	1:A:171:LEU:CD1	0.68	2.62	5	3
1:A:118:ILE:HG13	1:A:126:PHE:CE2	0.68	2.23	10	3
1:A:10:LEU:HD12	1:A:84:THR:O	0.68	1.88	4	4
1:A:205:TYR:CZ	1:A:246:LYS:CB	0.68	2.70	8	5
1:A:138:VAL:HG22	1:A:142:LYS:CB	0.68	2.19	2	2
1:A:179:LEU:C	1:A:179:LEU:HD22	0.68	2.09	7	4
1:A:191:PHE:CZ	1:A:195:PHE:CE1	0.68	2.82	5	1
1:A:181:PHE:CE1	1:A:256:LEU:HA	0.68	2.23	4	1
1:A:154:PHE:CG	1:A:166:GLU:HB2	0.68	2.23	3	2
1:A:118:ILE:CB	1:A:123:LEU:HD23	0.68	2.19	3	8
1:A:47:ARG:HG3	1:A:52:LEU:O	0.68	1.88	9	8
1:A:180:LYS:HG2	1:A:225:GLU:CA	0.68	2.18	10	8
1:A:92:PHE:CE2	1:A:170:LEU:HB2	0.68	2.24	7	1
1:A:104:MET:SD	1:A:255:ILE:HD11	0.68	2.29	8	1
1:A:7:GLN:OE1	1:A:47:ARG:HD2	0.68	1.89	9	2
1:A:206:ILE:O	1:A:247:LEU:HB2	0.68	1.89	10	1
1:A:206:ILE:HG22	1:A:247:LEU:HB3	0.67	1.67	1	1
1:A:128:LYS:O	1:A:131:LEU:HD12	0.67	1.89	7	1
1:A:16:PHE:CE1	1:A:78:LEU:HD12	0.67	2.24	6	4
1:A:91:LEU:HD21	1:A:138:VAL:HG21	0.67	1.65	5	2
1:A:12:THR:HB	1:A:145:GLU:CB	0.67	2.19	4	3
1:A:218:LEU:HA	1:A:221:LYS:CG	0.67	2.18	9	4
1:A:118:ILE:HG13	1:A:126:PHE:CD2	0.67	2.23	6	3
1:A:211:LEU:CD1	1:A:252:LEU:HD13	0.67	2.19	9	1
1:A:40:ILE:HG23	1:A:62:VAL:HB	0.67	1.66	6	4
1:A:177:PHE:O	1:A:181:PHE:N	0.67	2.26	7	4
1:A:247:LEU:H	1:A:247:LEU:HD13	0.67	1.50	5	1
1:A:47:ARG:CB	1:A:52:LEU:O	0.67	2.42	1	10
1:A:238:ILE:CG2	1:A:252:LEU:HD13	0.67	2.15	7	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:120:THR:O	1:A:124:LYS:HD3	0.67	1.90	1	4
1:A:13:ALA:HB1	1:A:149:LEU:CD1	0.67	2.17	1	1
1:A:151:LEU:HB3	1:A:152:LYS:HE3	0.67	1.66	10	2
1:A:123:LEU:HG	1:A:151:LEU:CD1	0.67	2.19	4	2
1:A:226:LEU:HD22	1:A:234:TYR:CZ	0.67	2.25	8	1
1:A:127:LEU:CD2	1:A:143:LEU:HB2	0.67	2.20	7	2
1:A:54:LEU:CG	1:A:58:MET:HB2	0.67	2.19	10	4
1:A:40:ILE:HG12	1:A:62:VAL:HG22	0.67	1.65	8	1
1:A:149:LEU:CD2	1:A:153:LEU:HD22	0.67	2.18	5	3
1:A:154:PHE:CE2	1:A:163:GLU:C	0.67	2.68	6	4
1:A:95:GLN:HB2	1:A:171:LEU:HA	0.67	1.66	1	1
1:A:93:ARG:O	1:A:97:LEU:N	0.67	2.26	8	8
1:A:127:LEU:HB3	1:A:143:LEU:HB2	0.67	1.65	8	1
1:A:92:PHE:HA	1:A:146:TYR:CZ	0.67	2.23	10	4
1:A:119:GLU:HA	1:A:161:LYS:HG3	0.67	1.66	7	1
1:A:127:LEU:CD2	1:A:143:LEU:HD13	0.67	2.20	5	1
1:A:247:LEU:HB3	1:A:252:LEU:HD21	0.67	1.67	10	2
1:A:88:PHE:O	1:A:91:LEU:HG	0.67	1.90	10	2
1:A:218:LEU:HB3	1:A:226:LEU:HD13	0.67	1.65	1	4
1:A:33:GLY:HA3	1:A:69:ASP:O	0.67	1.90	10	4
1:A:11:ILE:HG13	1:A:82:LEU:HD13	0.67	1.67	8	1
1:A:191:PHE:CZ	1:A:253:ALA:HB2	0.67	2.24	2	6
1:A:144:ALA:O	1:A:147:THR:HG22	0.67	1.89	1	5
1:A:151:LEU:HB2	1:A:152:LYS:CE	0.67	2.20	1	2
1:A:23:PHE:CD2	1:A:39:LEU:HB2	0.67	2.25	3	9
1:A:11:ILE:O	1:A:84:THR:HG23	0.67	1.90	3	10
1:A:107:TRP:CE2	1:A:164:LEU:HD12	0.67	2.25	8	4
1:A:43:LEU:HD21	1:A:58:MET:CG	0.67	2.20	3	1
1:A:253:ALA:O	1:A:257:SER:HB3	0.66	1.90	6	3
1:A:226:LEU:HD13	1:A:234:TYR:CD2	0.66	2.25	10	4
1:A:13:ALA:N	1:A:149:LEU:HD22	0.66	2.05	7	1
1:A:211:LEU:HD11	1:A:252:LEU:HD21	0.66	1.65	7	1
1:A:231:ILE:HG13	1:A:234:TYR:CD2	0.66	2.20	10	1
1:A:107:TRP:CD1	1:A:108:ARG:N	0.66	2.63	5	10
1:A:35:GLU:O	1:A:39:LEU:N	0.66	2.28	6	10
1:A:226:LEU:HD13	1:A:234:TYR:CE2	0.66	2.25	9	2
1:A:195:PHE:CD2	1:A:249:ARG:HG2	0.66	2.24	10	3
1:A:188:GLY:O	1:A:191:PHE:HD2	0.66	1.74	10	3
1:A:110:TYR:CE2	1:A:126:PHE:CG	0.66	2.83	4	5
1:A:206:ILE:HD12	1:A:249:ARG:HB2	0.66	1.65	9	1
1:A:31:LEU:HB3	1:A:36:LEU:HD12	0.66	1.67	5	5

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:44:LEU:HD21	1:A:62:VAL:CB	0.66	2.19	5	1
1:A:179:LEU:HD11	1:A:180:LYS:HD2	0.66	1.68	7	2
1:A:91:LEU:HD23	1:A:136:LYS:CD	0.66	2.19	3	1
1:A:127:LEU:HD13	1:A:143:LEU:CB	0.66	2.15	4	2
1:A:195:PHE:CZ	1:A:249:ARG:HB3	0.66	2.24	8	4
1:A:215:LEU:HD21	1:A:235:LYS:HA	0.66	1.67	5	6
1:A:171:LEU:HD21	1:A:176:ASN:ND2	0.66	2.05	5	2
1:A:95:GLN:HB3	1:A:172:PRO:HD2	0.66	1.66	6	1
1:A:2:ALA:HA	1:A:6:LEU:HG	0.66	1.66	10	1
1:A:89:LEU:O	1:A:93:ARG:HD3	0.66	1.91	6	5
1:A:151:LEU:HA	1:A:162:LEU:HD23	0.66	1.68	10	1
1:A:164:LEU:HD13	1:A:254:LEU:HD13	0.66	1.68	1	1
1:A:227:ASP:C	1:A:231:ILE:HG12	0.66	2.11	2	5
1:A:121:GLU:O	1:A:125:ASN:HB2	0.66	1.90	8	4
1:A:16:PHE:CZ	1:A:78:LEU:HB3	0.66	2.26	8	3
1:A:216:LYS:HA	1:A:231:ILE:HD13	0.66	1.67	8	2
1:A:31:LEU:HB2	1:A:73:ILE:CG1	0.66	2.21	3	5
1:A:91:LEU:H	1:A:91:LEU:HD12	0.66	1.50	4	1
1:A:191:PHE:CD1	1:A:192:ASN:N	0.66	2.64	3	1
1:A:242:SER:CA	1:A:247:LEU:HD23	0.66	2.19	4	2
1:A:177:PHE:HB2	1:A:234:TYR:CE1	0.66	2.26	3	5
1:A:91:LEU:CD2	1:A:138:VAL:HB	0.66	2.19	8	2
1:A:211:LEU:HD23	1:A:239:MET:HG2	0.66	1.66	9	1
1:A:13:ALA:CB	1:A:149:LEU:HD22	0.66	2.20	7	1
1:A:239:MET:O	1:A:242:SER:HB3	0.66	1.90	4	3
1:A:177:PHE:CD1	1:A:234:TYR:HD1	0.66	2.08	7	3
1:A:23:PHE:CE1	1:A:39:LEU:HB2	0.66	2.25	7	7
1:A:76:VAL:HB	1:A:170:LEU:O	0.66	1.90	7	2
1:A:16:PHE:CD1	1:A:78:LEU:HD12	0.66	2.26	7	4
1:A:75:ILE:HB	1:A:170:LEU:HB3	0.66	1.68	6	2
1:A:36:LEU:O	1:A:40:ILE:HD12	0.66	1.89	5	2
1:A:152:LYS:N	1:A:152:LYS:HE3	0.66	2.05	10	3
1:A:85:GLU:HB2	1:A:89:LEU:HG	0.66	1.68	3	2
1:A:39:LEU:CD2	1:A:39:LEU:C	0.65	2.61	8	1
1:A:247:LEU:HD12	1:A:248:TYR:O	0.65	1.92	3	6
1:A:131:LEU:HD23	1:A:131:LEU:H	0.65	1.50	9	1
1:A:177:PHE:HD2	1:A:181:PHE:CD1	0.65	2.09	9	2
1:A:96:GLN:HG3	1:A:172:PRO:HB3	0.65	1.66	6	2
1:A:127:LEU:HD12	1:A:131:LEU:HD11	0.65	1.67	6	1
1:A:217:ASP:O	1:A:221:LYS:HG2	0.65	1.91	5	3
1:A:94:CYS:HB3	1:A:130:LEU:HD11	0.65	1.68	2	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:171:LEU:CG	1:A:178:LEU:HD12	0.65	2.20	10	2
1:A:218:LEU:HD11	1:A:256:LEU:HD22	0.65	1.67	3	1
1:A:154:PHE:CE1	1:A:165:THR:HB	0.65	2.27	8	1
1:A:242:SER:CA	1:A:247:LEU:HD13	0.65	2.08	7	5
1:A:56:PRO:O	1:A:60:THR:OG1	0.65	2.13	7	5
1:A:177:PHE:CE2	1:A:255:ILE:HG12	0.65	2.26	5	6
1:A:36:LEU:O	1:A:39:LEU:HD23	0.65	1.91	4	2
1:A:126:PHE:CE1	1:A:130:LEU:HD12	0.65	2.26	4	1
1:A:91:LEU:HD22	1:A:131:LEU:HA	0.65	1.68	6	3
1:A:16:PHE:CE1	1:A:78:LEU:HB3	0.65	2.26	2	6
1:A:251:ASP:O	1:A:254:LEU:HG	0.65	1.91	4	4
1:A:31:LEU:O	1:A:32:GLU:O	0.65	2.13	10	1
1:A:195:PHE:CG	1:A:249:ARG:HB3	0.65	2.26	7	4
1:A:1:MET:HE1	1:A:19:ILE:HA	0.65	1.67	10	3
1:A:23:PHE:CE1	1:A:31:LEU:HD11	0.65	2.26	4	2
1:A:106:THR:HG22	1:A:110:TYR:OH	0.65	1.91	3	6
1:A:119:GLU:HA	1:A:161:LYS:CG	0.65	2.22	7	1
1:A:219:CYS:HB3	1:A:231:ILE:CD1	0.65	2.22	5	3
1:A:91:LEU:HD21	1:A:138:VAL:CG2	0.65	2.21	2	1
1:A:219:CYS:HB3	1:A:231:ILE:HD11	0.65	1.68	5	3
1:A:6:LEU:HD11	1:A:43:LEU:HD12	0.65	1.68	5	1
1:A:238:ILE:CG1	1:A:255:ILE:HG21	0.65	2.22	10	2
1:A:222:ASN:HB3	1:A:225:GLU:CG	0.65	2.21	8	7
1:A:95:GLN:CB	1:A:171:LEU:HD22	0.65	2.21	8	2
1:A:104:MET:HE2	1:A:237:ASN:ND2	0.65	2.06	7	1
1:A:1:MET:HA	1:A:5:HIS:CE1	0.65	2.27	5	1
1:A:131:LEU:CB	1:A:138:VAL:HB	0.65	2.22	10	2
1:A:92:PHE:CE1	1:A:170:LEU:HG	0.65	2.25	1	1
1:A:227:ASP:O	1:A:231:ILE:N	0.65	2.30	10	7
1:A:10:LEU:CD1	1:A:85:GLU:HG2	0.65	2.21	4	4
1:A:39:LEU:HG	1:A:40:ILE:H	0.65	1.50	9	6
1:A:251:ASP:CA	1:A:254:LEU:HD21	0.65	2.22	7	2
1:A:110:TYR:CD2	1:A:126:PHE:CD2	0.65	2.85	4	2
1:A:177:PHE:CE2	1:A:255:ILE:HG23	0.65	2.27	10	1
1:A:91:LEU:HB3	1:A:130:LEU:HB3	0.65	1.69	1	2
1:A:40:ILE:HG23	1:A:62:VAL:CG1	0.65	2.22	9	5
1:A:40:ILE:HD11	1:A:61:PHE:C	0.65	2.12	8	1
1:A:123:LEU:O	1:A:126:PHE:HB3	0.65	1.92	4	7
1:A:75:ILE:HG12	1:A:169:ARG:HB2	0.65	1.67	6	3
1:A:219:CYS:SG	1:A:226:LEU:HB3	0.65	2.31	8	1
1:A:91:LEU:HD22	1:A:131:LEU:CA	0.65	2.21	2	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:59:LYS:O	1:A:62:VAL:CG1	0.65	2.44	5	3
1:A:147:THR:O	1:A:151:LEU:HB2	0.65	1.91	10	2
1:A:76:VAL:HG22	1:A:92:PHE:HE1	0.65	1.52	5	1
1:A:96:GLN:CB	1:A:172:PRO:HD3	0.65	2.22	2	1
1:A:206:ILE:HG13	1:A:210:GLU:HB2	0.65	1.67	10	1
1:A:212:ASP:CA	1:A:235:LYS:HB2	0.64	2.22	1	4
1:A:181:PHE:HA	1:A:184:ILE:CD1	0.64	2.20	2	6
1:A:46:ALA:O	1:A:50:ALA:HB3	0.64	1.91	5	10
1:A:108:ARG:CB	1:A:241:LEU:HD22	0.64	2.22	8	1
1:A:75:ILE:O	1:A:79:ALA:HB2	0.64	1.93	8	3
1:A:16:PHE:HE1	1:A:78:LEU:HB3	0.64	1.52	10	6
1:A:75:ILE:HG22	1:A:92:PHE:CE2	0.64	2.26	5	1
1:A:88:PHE:CD2	1:A:142:LYS:HD2	0.64	2.27	10	1
1:A:206:ILE:O	1:A:247:LEU:N	0.64	2.30	1	6
1:A:2:ALA:HB1	1:A:6:LEU:CD1	0.64	2.23	4	3
1:A:127:LEU:HG	1:A:143:LEU:O	0.64	1.92	8	2
1:A:224:GLN:HB2	1:A:225:GLU:OE1	0.64	1.91	9	3
1:A:205:TYR:CG	1:A:246:LYS:NZ	0.64	2.65	7	1
1:A:1:MET:HA	1:A:1:MET:HE3	0.64	1.70	10	1
1:A:7:GLN:HG2	1:A:50:ALA:HB3	0.64	1.69	10	2
1:A:123:LEU:CG	1:A:151:LEU:HD11	0.64	2.23	8	3
1:A:195:PHE:O	1:A:199:ASP:HB2	0.64	1.92	7	3
1:A:80:HIS:HB2	1:A:89:LEU:HD22	0.64	1.68	6	3
1:A:7:GLN:NE2	1:A:46:ALA:HB1	0.64	2.08	6	1
1:A:249:ARG:HG2	1:A:252:LEU:HD12	0.64	1.67	4	1
1:A:215:LEU:HD21	1:A:235:LYS:HB2	0.64	1.69	3	1
1:A:208:GLU:HA	1:A:239:MET:HE2	0.64	1.70	1	1
1:A:47:ARG:CD	1:A:53:GLU:O	0.64	2.45	1	1
1:A:89:LEU:HA	1:A:92:PHE:CB	0.64	2.22	1	7
1:A:154:PHE:O	1:A:154:PHE:CD1	0.64	2.50	5	5
1:A:218:LEU:CB	1:A:226:LEU:HG	0.64	2.20	9	2
1:A:20:TRP:O	1:A:31:LEU:HD21	0.64	1.91	10	4
1:A:164:LEU:HD13	1:A:254:LEU:HD12	0.64	1.68	10	4
1:A:138:VAL:O	1:A:143:LEU:HB3	0.64	1.92	5	2
1:A:177:PHE:HB2	1:A:181:PHE:CD1	0.64	2.27	10	1
1:A:94:CYS:HB3	1:A:130:LEU:HD22	0.64	1.70	10	2
1:A:127:LEU:O	1:A:130:LEU:HB2	0.64	1.92	1	3
1:A:171:LEU:CD1	1:A:171:LEU:C	0.64	2.64	7	4
1:A:214:LEU:C	1:A:214:LEU:HD22	0.64	2.12	7	4
1:A:39:LEU:CD2	1:A:40:ILE:N	0.64	2.60	6	1
1:A:91:LEU:HA	1:A:133:LYS:CE	0.64	2.22	2	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:207:ASP:CA	1:A:246:LYS:HE2	0.64	2.23	2	3
1:A:76:VAL:HG21	1:A:96:GLN:HE21	0.64	1.52	4	1
1:A:205:TYR:HD1	1:A:206:ILE:N	0.64	1.91	3	1
1:A:13:ALA:HB2	1:A:88:PHE:CZ	0.64	2.28	1	2
1:A:43:LEU:HD11	1:A:58:MET:HE3	0.64	1.67	2	2
1:A:184:ILE:HD13	1:A:226:LEU:HD23	0.64	1.68	7	1
1:A:54:LEU:HB3	1:A:59:LYS:CD	0.64	2.22	4	3
1:A:126:PHE:HD1	1:A:127:LEU:N	0.64	1.90	3	4
1:A:91:LEU:HD22	1:A:138:VAL:CG2	0.64	2.23	4	1
1:A:151:LEU:HB3	1:A:160:GLY:HA2	0.64	1.70	4	1
1:A:151:LEU:HD13	1:A:151:LEU:N	0.64	2.07	1	1
1:A:181:PHE:HA	1:A:184:ILE:HB	0.64	1.70	1	6
1:A:47:ARG:HD2	1:A:53:GLU:O	0.64	1.93	1	1
1:A:13:ALA:CB	1:A:149:LEU:HD13	0.64	2.22	7	2
1:A:205:TYR:CZ	1:A:248:TYR:CE1	0.64	2.86	6	6
1:A:107:TRP:CZ3	1:A:118:ILE:HG12	0.64	2.27	9	4
1:A:119:GLU:O	1:A:123:LEU:HB2	0.64	1.93	3	4
1:A:79:ALA:CB	1:A:89:LEU:HD21	0.64	2.23	4	2
1:A:104:MET:SD	1:A:241:LEU:HD11	0.64	2.32	8	3
1:A:17:PHE:CG	1:A:153:LEU:HD13	0.64	2.28	8	1
1:A:88:PHE:CE1	1:A:146:TYR:CG	0.63	2.86	1	1
1:A:207:ASP:CB	1:A:246:LYS:HE3	0.63	2.23	1	3
1:A:154:PHE:CZ	1:A:165:THR:OG1	0.63	2.51	8	6
1:A:215:LEU:CD1	1:A:231:ILE:O	0.63	2.46	6	7
1:A:195:PHE:CE1	1:A:249:ARG:HB3	0.63	2.28	9	2
1:A:6:LEU:HD22	1:A:19:ILE:CG2	0.63	2.24	9	2
1:A:205:TYR:CD2	1:A:248:TYR:CE1	0.63	2.86	2	1
1:A:76:VAL:O	1:A:80:HIS:HB2	0.63	1.92	3	1
1:A:126:PHE:CE1	1:A:130:LEU:HD21	0.63	2.27	5	2
1:A:215:LEU:HD11	1:A:235:LYS:CB	0.63	2.23	5	8
1:A:91:LEU:O	1:A:94:CYS:HB2	0.63	1.93	5	4
1:A:138:VAL:HB	1:A:142:LYS:CB	0.63	2.24	1	1
1:A:103:PHE:O	1:A:106:THR:HB	0.63	1.93	2	7
1:A:246:LYS:HA	1:A:246:LYS:HE3	0.63	1.71	10	1
1:A:55:SER:HB3	1:A:58:MET:HG2	0.63	1.69	10	1
1:A:44:LEU:HD21	1:A:62:VAL:CG1	0.63	2.17	1	4
1:A:2:ALA:O	1:A:6:LEU:HB2	0.63	1.92	7	10
1:A:131:LEU:HB3	1:A:138:VAL:HB	0.63	1.70	7	3
1:A:91:LEU:CD2	1:A:138:VAL:HG21	0.63	2.23	6	2
1:A:17:PHE:CD2	1:A:153:LEU:HD21	0.63	2.28	2	2
1:A:205:TYR:HB2	1:A:248:TYR:HA	0.63	1.71	2	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:213:ALA:O	1:A:216:LYS:HG3	0.63	1.93	4	1
1:A:131:LEU:HD23	1:A:137:THR:HG22	0.63	1.71	1	1
1:A:168:ALA:HB2	1:A:178:LEU:HD12	0.63	1.70	6	2
1:A:124:LYS:HA	1:A:127:LEU:HD23	0.63	1.69	3	2
1:A:191:PHE:CZ	1:A:253:ALA:HB1	0.63	2.28	3	1
1:A:219:CYS:HB3	1:A:231:ILE:CG1	0.63	2.23	4	6
1:A:195:PHE:HA	1:A:198:TYR:CD2	0.63	2.28	10	4
1:A:17:PHE:O	1:A:20:TRP:HD1	0.63	1.76	10	10
1:A:47:ARG:HG2	1:A:54:LEU:HD12	0.63	1.69	4	9
1:A:97:LEU:HD12	1:A:98:LYS:N	0.63	2.09	7	5
1:A:247:LEU:HD12	1:A:248:TYR:N	0.63	2.09	3	6
1:A:219:CYS:CB	1:A:226:LEU:HD12	0.63	2.22	9	2
1:A:238:ILE:HD11	1:A:255:ILE:HG21	0.63	1.68	3	3
1:A:205:TYR:OH	1:A:246:LYS:O	0.63	2.17	4	3
1:A:43:LEU:HD11	1:A:58:MET:HE1	0.63	1.71	10	1
1:A:128:LYS:O	1:A:131:LEU:CD1	0.63	2.46	7	2
1:A:17:PHE:CD1	1:A:153:LEU:HD21	0.63	2.28	10	5
1:A:161:LYS:NZ	1:A:163:GLU:HB2	0.63	2.08	5	1
1:A:23:PHE:HD1	1:A:31:LEU:HD11	0.63	1.52	5	8
1:A:35:GLU:O	1:A:39:LEU:HB3	0.63	1.93	7	5
1:A:39:LEU:CG	1:A:40:ILE:N	0.63	2.61	9	9
1:A:110:TYR:O	1:A:112:THR:N	0.63	2.32	9	7
1:A:205:TYR:CG	1:A:246:LYS:HE2	0.63	2.28	9	4
1:A:30:TYR:HB2	1:A:72:LYS:HE2	0.63	1.70	9	1
1:A:166:GLU:O	1:A:170:LEU:HD23	0.63	1.93	7	1
1:A:215:LEU:HD21	1:A:235:LYS:HB3	0.63	1.70	10	1
1:A:131:LEU:HD23	1:A:138:VAL:HG21	0.63	1.69	4	1
1:A:31:LEU:HD13	1:A:39:LEU:HD22	0.63	1.70	4	1
1:A:241:LEU:CD2	1:A:254:LEU:HD11	0.63	2.24	3	1
1:A:215:LEU:HD22	1:A:234:TYR:CB	0.63	2.24	7	1
1:A:143:LEU:HD12	1:A:143:LEU:C	0.62	2.14	2	5
1:A:39:LEU:HD13	1:A:40:ILE:H	0.62	1.51	8	1
1:A:16:PHE:CE2	1:A:79:ALA:HA	0.62	2.29	8	1
1:A:167:MET:O	1:A:171:LEU:N	0.62	2.32	4	6
1:A:44:LEU:HD12	1:A:62:VAL:HG21	0.62	1.70	2	2
1:A:214:LEU:O	1:A:214:LEU:HD22	0.62	1.94	8	3
1:A:47:ARG:CG	1:A:54:LEU:HD12	0.62	2.24	3	4
1:A:146:TYR:O	1:A:149:LEU:HG	0.62	1.94	7	1
1:A:107:TRP:CZ3	1:A:162:LEU:HD13	0.62	2.27	5	1
1:A:3:GLU:HG3	1:A:49:LYS:HE2	0.62	1.71	4	2
1:A:245:GLY:O	1:A:246:LYS:HE3	0.62	1.94	3	2

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:103:PHE:CZ	1:A:104:MET:HG3	0.62	2.28	8	2
1:A:95:GLN:HA	1:A:103:PHE:CB	0.62	2.25	8	5
1:A:212:ASP:HA	1:A:215:LEU:CD1	0.62	2.24	10	8
1:A:207:ASP:HB3	1:A:246:LYS:CE	0.62	2.20	2	5
1:A:108:ARG:NH1	1:A:113:ASP:O	0.62	2.32	6	1
1:A:44:LEU:CD2	1:A:54:LEU:HD22	0.62	2.23	6	2
1:A:97:LEU:HD22	1:A:97:LEU:C	0.62	2.14	6	2
1:A:149:LEU:HD23	1:A:153:LEU:HD22	0.62	1.70	5	2
1:A:249:ARG:HD3	1:A:252:LEU:CG	0.62	2.24	3	1
1:A:241:LEU:CD1	1:A:254:LEU:HD11	0.62	2.23	1	2
1:A:242:SER:HB2	1:A:247:LEU:HD23	0.62	1.70	1	1
1:A:94:CYS:CA	1:A:97:LEU:HD23	0.62	2.24	9	4
1:A:177:PHE:CD1	1:A:234:TYR:CD1	0.62	2.87	2	3
1:A:181:PHE:CA	1:A:184:ILE:HD12	0.62	2.23	2	5
1:A:219:CYS:HA	1:A:226:LEU:O	0.62	1.93	10	4
1:A:145:GLU:O	1:A:149:LEU:HB3	0.62	1.94	2	5
1:A:238:ILE:HG21	1:A:252:LEU:HB3	0.62	1.71	3	3
1:A:238:ILE:HG22	1:A:252:LEU:CG	0.62	2.23	5	2
1:A:128:LYS:O	1:A:132:GLU:HB2	0.62	1.94	3	3
1:A:131:LEU:HD21	1:A:143:LEU:CD2	0.62	2.24	1	3
1:A:10:LEU:O	1:A:10:LEU:HG	0.62	1.95	4	4
1:A:75:ILE:HG22	1:A:92:PHE:HZ	0.62	1.55	6	4
1:A:80:HIS:HA	1:A:89:LEU:HD13	0.62	1.71	6	2
1:A:41:GLN:HA	1:A:44:LEU:HD11	0.62	1.69	7	1
1:A:24:ASP:CG	1:A:31:LEU:HD22	0.62	2.14	6	5
1:A:102:GLU:O	1:A:105:LYS:HB2	0.62	1.95	6	1
1:A:150:MET:O	1:A:162:LEU:HD21	0.62	1.95	10	3
1:A:131:LEU:HD21	1:A:146:TYR:HE2	0.62	1.54	10	1
1:A:211:LEU:HD11	1:A:238:ILE:HD12	0.62	1.71	4	1
1:A:177:PHE:HB2	1:A:234:TYR:CD1	0.62	2.30	3	5
1:A:211:LEU:HD23	1:A:235:LYS:O	0.62	1.95	2	3
1:A:88:PHE:HD2	1:A:146:TYR:HB2	0.62	1.52	8	1
1:A:186:MET:HB3	1:A:190:GLU:HB3	0.62	1.69	7	2
1:A:115:SER:O	1:A:250:THR:HB	0.62	1.94	6	2
1:A:252:LEU:CD1	1:A:252:LEU:N	0.62	2.62	6	2
1:A:91:LEU:HD21	1:A:131:LEU:HD12	0.62	1.71	6	1
1:A:94:CYS:O	1:A:97:LEU:HD23	0.62	1.95	5	2
1:A:28:SER:HB2	1:A:32:GLU:HG3	0.62	1.72	3	2
1:A:177:PHE:CZ	1:A:255:ILE:HG12	0.62	2.30	8	3
1:A:246:LYS:HE2	1:A:246:LYS:HA	0.62	1.70	7	1
1:A:91:LEU:HD22	1:A:130:LEU:HB3	0.62	1.71	5	1

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:114:HIS:HB3	1:A:251:ASP:OD2	0.62	1.93	10	1
1:A:85:GLU:HB3	1:A:88:PHE:HB2	0.62	1.71	4	3
1:A:107:TRP:CE2	1:A:164:LEU:HD23	0.62	2.30	3	1
1:A:20:TRP:CB	1:A:78:LEU:HD22	0.62	2.25	1	2
1:A:29:GLY:O	1:A:30:TYR:CD1	0.62	2.53	5	10
1:A:242:SER:HA	1:A:247:LEU:CD2	0.62	2.24	4	2
1:A:20:TRP:HB2	1:A:78:LEU:HD13	0.62	1.72	9	2
1:A:238:ILE:CG2	1:A:252:LEU:HA	0.62	2.24	7	4
1:A:88:PHE:HB2	1:A:142:LYS:CB	0.62	2.24	8	4
1:A:7:GLN:O	1:A:8:SER:CB	0.62	2.48	8	1
1:A:103:PHE:CD1	1:A:104:MET:N	0.62	2.68	6	3
1:A:44:LEU:CG	1:A:54:LEU:HD22	0.62	2.25	2	3
1:A:36:LEU:CD1	1:A:73:ILE:HG12	0.62	2.25	5	7
1:A:246:LYS:HZ3	1:A:246:LYS:C	0.62	1.98	7	1
1:A:151:LEU:HD12	1:A:162:LEU:HD23	0.62	1.72	10	1
1:A:172:PRO:O	1:A:176:ASN:HB2	0.62	1.95	8	2
1:A:180:LYS:HB3	1:A:225:GLU:HB2	0.62	1.71	6	2
1:A:75:ILE:HG13	1:A:170:LEU:HG	0.62	1.70	10	1
1:A:247:LEU:CD1	1:A:252:LEU:HD11	0.62	2.24	4	1
1:A:207:ASP:HB3	1:A:246:LYS:HG2	0.61	1.69	9	5
1:A:152:LYS:HE3	1:A:152:LYS:N	0.61	2.10	3	4
1:A:88:PHE:CE1	1:A:89:LEU:HG	0.61	2.30	6	2
1:A:216:LYS:HG3	1:A:231:ILE:HD12	0.61	1.71	9	2
1:A:36:LEU:HA	1:A:39:LEU:HD23	0.61	1.72	10	4
1:A:11:ILE:N	1:A:11:ILE:HD13	0.61	2.06	2	1
1:A:107:TRP:CD2	1:A:164:LEU:HD23	0.61	2.30	3	1
1:A:173:VAL:HA	1:A:176:ASN:CG	0.61	2.15	3	3
1:A:12:THR:CB	1:A:145:GLU:HB3	0.61	2.25	5	8
1:A:58:MET:O	1:A:62:VAL:HG13	0.61	1.96	9	2
1:A:118:ILE:O	1:A:161:LYS:HG2	0.61	1.95	7	1
1:A:211:LEU:HD22	1:A:247:LEU:HG	0.61	1.71	5	1
1:A:205:TYR:CZ	1:A:246:LYS:CD	0.61	2.80	2	1
1:A:131:LEU:HB2	1:A:138:VAL:HB	0.61	1.71	10	1
1:A:1:MET:HE2	1:A:2:ALA:H	0.61	1.55	10	1
1:A:127:LEU:HD12	1:A:128:LYS:N	0.61	2.10	1	2
1:A:215:LEU:HG	1:A:234:TYR:HB2	0.61	1.70	1	1
1:A:20:TRP:HE3	1:A:78:LEU:HG	0.61	1.54	6	6
1:A:76:VAL:HG21	1:A:96:GLN:NE2	0.61	2.10	4	1
1:A:106:THR:O	1:A:110:TYR:CZ	0.61	2.54	1	9
1:A:251:ASP:O	1:A:254:LEU:CD1	0.61	2.49	6	2
1:A:138:VAL:HG13	1:A:142:LYS:CB	0.61	2.26	8	5

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:176:ASN:HB2	1:A:178:LEU:HD23	0.61	1.70	9	2
1:A:124:LYS:HG3	1:A:147:THR:HG21	0.61	1.72	6	1
1:A:110:TYR:CD1	1:A:126:PHE:CD2	0.61	2.89	10	2
1:A:205:TYR:CD1	1:A:206:ILE:N	0.61	2.68	10	2
1:A:228:ILE:HA	1:A:231:ILE:HB	0.61	1.72	3	2
1:A:171:LEU:HD21	1:A:176:ASN:CG	0.61	2.15	7	1
1:A:206:ILE:HD11	1:A:210:GLU:C	0.61	2.16	3	2
1:A:11:ILE:HG12	1:A:84:THR:CA	0.61	2.13	8	1
1:A:144:ALA:HA	1:A:147:THR:HG22	0.61	1.71	8	6
1:A:100:CYS:HB3	1:A:172:PRO:HB2	0.61	1.73	6	2
1:A:87:ASN:HB3	1:A:136:LYS:CE	0.61	2.26	9	1
1:A:101:GLU:HA	1:A:237:ASN:OD1	0.61	1.95	4	4
1:A:97:LEU:C	1:A:97:LEU:HD22	0.61	2.17	1	3
1:A:154:PHE:CE1	1:A:165:THR:OG1	0.61	2.52	4	3
1:A:30:TYR:HB3	1:A:72:LYS:HG2	0.61	1.72	5	4
1:A:92:PHE:CZ	1:A:170:LEU:HG	0.61	2.30	5	1
1:A:95:GLN:HB2	1:A:171:LEU:HB2	0.61	1.71	2	1
1:A:223:LYS:HE2	1:A:227:ASP:HA	0.61	1.72	4	1
1:A:94:CYS:SG	1:A:106:THR:HG21	0.61	2.36	8	1
1:A:15:GLN:O	1:A:18:GLU:N	0.61	2.34	10	8
1:A:145:GLU:O	1:A:149:LEU:HD23	0.61	1.96	7	1
1:A:103:PHE:CD1	1:A:103:PHE:C	0.61	2.74	6	3
1:A:171:LEU:HD13	1:A:172:PRO:CD	0.61	2.26	10	1
1:A:177:PHE:HB3	1:A:234:TYR:CZ	0.61	2.30	4	1
1:A:92:PHE:CE1	1:A:170:LEU:HD22	0.61	2.31	3	1
1:A:184:ILE:CD1	1:A:226:LEU:HG	0.60	2.25	6	4
1:A:149:LEU:C	1:A:149:LEU:HD22	0.60	2.15	6	4
1:A:138:VAL:CG1	1:A:142:LYS:HB2	0.60	2.22	9	5
1:A:227:ASP:HB2	1:A:230:ASN:HB2	0.60	1.73	9	1
1:A:95:GLN:HG3	1:A:171:LEU:CA	0.60	2.25	3	3
1:A:185:LYS:HG3	1:A:256:LEU:C	0.60	2.16	7	1
1:A:57:GLU:O	1:A:61:PHE:N	0.60	2.34	5	10
1:A:154:PHE:HB2	1:A:166:GLU:CG	0.60	2.26	9	4
1:A:131:LEU:HD21	1:A:143:LEU:HD22	0.60	1.72	8	1
1:A:191:PHE:C	1:A:191:PHE:CD1	0.60	2.74	3	3
1:A:165:THR:O	1:A:169:ARG:HG2	0.60	1.96	6	1
1:A:211:LEU:O	1:A:215:LEU:HG	0.60	1.96	7	1
1:A:73:ILE:HD12	1:A:78:LEU:HB2	0.60	1.72	10	5
1:A:131:LEU:HD12	1:A:138:VAL:HG21	0.60	1.70	10	1
1:A:16:PHE:HD2	1:A:82:LEU:HD11	0.60	1.54	8	1
1:A:125:ASN:O	1:A:128:LYS:HB2	0.60	1.97	5	4

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:29:GLY:HA2	1:A:169:ARG:HH21	0.60	1.57	5	1
1:A:206:ILE:HG12	1:A:210:GLU:HB2	0.60	1.72	5	1
1:A:205:TYR:HB2	1:A:247:LEU:O	0.60	1.94	2	3
1:A:211:LEU:CD1	1:A:247:LEU:HD21	0.60	2.26	10	1
1:A:47:ARG:O	1:A:52:LEU:N	0.60	2.35	8	10
1:A:61:PHE:CB	1:A:81:VAL:HG23	0.60	2.26	8	3
1:A:238:ILE:O	1:A:247:LEU:HD21	0.60	1.97	9	6
1:A:47:ARG:CG	1:A:54:LEU:HA	0.60	2.26	7	3
1:A:247:LEU:CD1	1:A:251:ASP:HB2	0.60	2.15	7	3
1:A:92:PHE:CE1	1:A:170:LEU:HD13	0.60	2.32	2	3
1:A:78:LEU:O	1:A:78:LEU:HD13	0.60	1.97	4	3
1:A:169:ARG:CG	1:A:170:LEU:HD12	0.60	2.26	10	1
1:A:40:ILE:O	1:A:44:LEU:HD22	0.60	1.95	10	1
1:A:92:PHE:CD2	1:A:146:TYR:CZ	0.60	2.90	9	2
1:A:110:TYR:CE1	1:A:126:PHE:CG	0.60	2.90	5	4
1:A:7:GLN:HG3	1:A:50:ALA:CB	0.60	2.27	6	1
1:A:131:LEU:HD12	1:A:138:VAL:CG2	0.60	2.26	10	1
1:A:91:LEU:HD22	1:A:138:VAL:HG23	0.60	1.73	4	1
1:A:208:GLU:CA	1:A:239:MET:HE2	0.60	2.26	1	1
1:A:100:CYS:HB3	1:A:172:PRO:HG2	0.60	1.71	2	5
1:A:31:LEU:HD11	1:A:39:LEU:HG	0.60	1.72	8	1
1:A:95:GLN:OE1	1:A:170:LEU:HD12	0.60	1.96	9	1
1:A:118:ILE:HG22	1:A:122:GLU:HB3	0.60	1.74	6	5
1:A:91:LEU:HD22	1:A:130:LEU:HD22	0.60	1.73	7	1
1:A:149:LEU:O	1:A:153:LEU:HB2	0.60	1.96	4	2
1:A:218:LEU:CB	1:A:226:LEU:HD12	0.60	2.26	6	3
1:A:7:GLN:HE22	1:A:46:ALA:HB1	0.60	1.55	6	1
1:A:137:THR:O	1:A:138:VAL:HG22	0.60	1.97	3	1
1:A:75:ILE:HG13	1:A:169:ARG:HG3	0.60	1.73	1	2
1:A:143:LEU:C	1:A:143:LEU:HD12	0.60	2.16	5	4
1:A:136:LYS:O	1:A:137:THR:HG23	0.60	1.95	4	3
1:A:131:LEU:HD11	1:A:138:VAL:HG22	0.60	1.73	1	1
1:A:31:LEU:O	1:A:72:LYS:HG3	0.60	1.96	6	3
1:A:211:LEU:HG	1:A:252:LEU:HD11	0.60	1.74	7	2
1:A:147:THR:O	1:A:151:LEU:HD13	0.60	1.96	9	3
1:A:108:ARG:HG2	1:A:114:HIS:CG	0.60	2.32	7	1
1:A:195:PHE:CZ	1:A:252:LEU:HD23	0.60	2.32	5	2
1:A:255:ILE:HG22	1:A:256:LEU:CD2	0.60	2.26	5	1
1:A:151:LEU:HD23	1:A:161:LYS:N	0.60	2.12	3	1
1:A:146:TYR:O	1:A:149:LEU:HD23	0.60	1.96	1	1
1:A:210:GLU:O	1:A:214:LEU:N	0.60	2.35	7	10

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:107:TRP:HA	1:A:110:TYR:OH	0.60	1.97	5	8
1:A:118:ILE:CG1	1:A:123:LEU:HD23	0.60	2.27	8	8
1:A:249:ARG:HH21	1:A:256:LEU:HD21	0.60	1.57	8	1
1:A:31:LEU:HD13	1:A:39:LEU:HD12	0.60	1.73	8	1
1:A:191:PHE:CE1	1:A:253:ALA:CB	0.60	2.82	7	5
1:A:77:GLU:HA	1:A:80:HIS:CE1	0.60	2.32	5	1
1:A:164:LEU:HD13	1:A:254:LEU:HD23	0.59	1.73	9	2
1:A:226:LEU:HA	1:A:234:TYR:CE2	0.59	2.32	10	6
1:A:176:ASN:ND2	1:A:178:LEU:HB2	0.59	2.12	5	2
1:A:241:LEU:HB3	1:A:251:ASP:CB	0.59	2.23	5	3
1:A:177:PHE:HE2	1:A:255:ILE:HG12	0.59	1.55	7	2
1:A:91:LEU:HB3	1:A:130:LEU:HD13	0.59	1.74	7	1
1:A:208:GLU:O	1:A:235:LYS:HD2	0.59	1.97	10	2
1:A:111:ASP:CG	1:A:118:ILE:HD13	0.59	2.17	6	2
1:A:126:PHE:CD1	1:A:127:LEU:N	0.59	2.71	10	4
1:A:198:TYR:HB3	1:A:210:GLU:HB3	0.59	1.74	10	1
1:A:121:GLU:CA	1:A:124:LYS:HD3	0.59	2.23	3	1
1:A:40:ILE:CD1	1:A:62:VAL:HA	0.59	2.28	8	1
1:A:91:LEU:HB2	1:A:130:LEU:HD12	0.59	1.72	8	1
1:A:89:LEU:O	1:A:93:ARG:HG2	0.59	1.97	8	1
1:A:215:LEU:CD1	1:A:231:ILE:HG22	0.59	2.22	9	1
1:A:184:ILE:CD1	1:A:218:LEU:HD22	0.59	2.27	5	1
1:A:247:LEU:HG	1:A:252:LEU:HD11	0.59	1.72	2	1
1:A:44:LEU:HG	1:A:62:VAL:HG21	0.59	1.72	1	4
1:A:146:TYR:CA	1:A:149:LEU:HD12	0.59	2.26	8	3
1:A:85:GLU:HB2	1:A:88:PHE:CD1	0.59	2.32	9	3
1:A:211:LEU:O	1:A:214:LEU:HB3	0.59	1.98	3	4
1:A:163:GLU:HG2	1:A:164:LEU:H	0.59	1.57	8	3
1:A:17:PHE:CD2	1:A:153:LEU:HB3	0.59	2.32	8	1
1:A:164:LEU:HD11	1:A:241:LEU:HD21	0.59	1.74	9	1
1:A:206:ILE:HG23	1:A:247:LEU:CD2	0.59	2.26	5	1
1:A:133:LYS:HE2	1:A:133:LYS:N	0.59	2.11	4	1
1:A:92:PHE:CZ	1:A:170:LEU:HD11	0.59	2.33	4	1
1:A:75:ILE:HB	1:A:170:LEU:HG	0.59	1.74	4	1
1:A:238:ILE:HG22	1:A:252:LEU:HA	0.59	1.74	1	2
1:A:127:LEU:HD11	1:A:143:LEU:HA	0.59	1.73	6	1
1:A:242:SER:HB2	1:A:247:LEU:HD12	0.59	1.74	5	2
1:A:87:ASN:CA	1:A:136:LYS:HE3	0.59	2.27	5	1
1:A:205:TYR:OH	1:A:246:LYS:HB3	0.59	1.96	1	5
1:A:100:CYS:O	1:A:103:PHE:CE2	0.59	2.56	7	6
1:A:40:ILE:HG23	1:A:62:VAL:HG13	0.59	1.74	4	3

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:79:ALA:HB1	1:A:89:LEU:HD21	0.59	1.74	9	3
1:A:181:PHE:O	1:A:184:ILE:HB	0.59	1.97	8	2
1:A:120:THR:O	1:A:124:LYS:HB3	0.59	1.98	9	3
1:A:127:LEU:HB3	1:A:143:LEU:CG	0.59	2.24	9	1
1:A:88:PHE:CZ	1:A:92:PHE:CD1	0.59	2.91	7	1
1:A:20:TRP:CE3	1:A:78:LEU:HG	0.59	2.32	4	4
1:A:138:VAL:HG22	1:A:142:LYS:HB2	0.59	1.75	2	1
1:A:131:LEU:HB2	1:A:138:VAL:CG1	0.59	2.27	10	1
1:A:168:ALA:O	1:A:171:LEU:CD1	0.59	2.49	1	6
1:A:33:GLY:C	1:A:69:ASP:HA	0.59	2.17	10	3
1:A:93:ARG:O	1:A:96:GLN:HG3	0.59	1.97	5	2
1:A:215:LEU:HD13	1:A:235:LYS:N	0.59	2.12	8	2
1:A:166:GLU:OE1	1:A:170:LEU:HD21	0.59	1.96	9	1
1:A:40:ILE:HD11	1:A:65:TYR:HB2	0.59	1.72	6	2
1:A:79:ALA:HB3	1:A:89:LEU:HD21	0.59	1.74	6	2
1:A:154:PHE:CD1	1:A:165:THR:HB	0.59	2.33	3	1
1:A:180:LYS:HG2	1:A:225:GLU:CB	0.59	2.28	10	3
1:A:184:ILE:HG23	1:A:218:LEU:HD12	0.59	1.73	2	2
1:A:84:THR:O	1:A:85:GLU:CG	0.59	2.50	9	3
1:A:40:ILE:HG23	1:A:62:VAL:HG12	0.59	1.74	9	2
1:A:88:PHE:HD2	1:A:142:LYS:O	0.59	1.80	9	2
1:A:75:ILE:HG22	1:A:170:LEU:HD12	0.59	1.75	2	1
1:A:95:GLN:CG	1:A:172:PRO:HD3	0.59	2.28	10	1
1:A:44:LEU:HD13	1:A:44:LEU:N	0.59	2.13	10	1
1:A:110:TYR:CD1	1:A:126:PHE:HB2	0.59	2.33	3	2
1:A:161:LYS:HE3	1:A:163:GLU:N	0.59	2.12	4	1
1:A:177:PHE:CB	1:A:234:TYR:CE1	0.59	2.86	5	6
1:A:1:MET:CE	1:A:19:ILE:HG12	0.59	2.27	8	2
1:A:184:ILE:CG2	1:A:218:LEU:HD13	0.59	2.27	7	1
1:A:185:LYS:CA	1:A:258:ALA:HA	0.59	2.28	5	1
1:A:242:SER:OG	1:A:247:LEU:HD12	0.59	1.98	5	1
1:A:181:PHE:O	1:A:185:LYS:HG2	0.59	1.98	2	1
1:A:146:TYR:HA	1:A:149:LEU:HD21	0.59	1.73	7	1
1:A:44:LEU:HD13	1:A:44:LEU:H	0.59	1.56	10	1
1:A:80:HIS:CA	1:A:89:LEU:HD13	0.58	2.28	6	1
1:A:171:LEU:HD22	1:A:172:PRO:N	0.58	2.12	2	2
1:A:127:LEU:HD11	1:A:143:LEU:HD13	0.58	1.74	2	1
1:A:93:ARG:HA	1:A:170:LEU:HD21	0.58	1.74	2	1
1:A:187:CYS:O	1:A:191:PHE:HB3	0.58	1.98	10	1
1:A:178:LEU:N	1:A:178:LEU:HD23	0.58	2.13	4	2
1:A:91:LEU:HD23	1:A:131:LEU:O	0.58	1.98	4	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:126:PHE:CE1	1:A:130:LEU:CD1	0.58	2.86	3	1
1:A:30:TYR:O	1:A:32:GLU:HG2	0.58	1.98	3	1
1:A:105:LYS:HG3	1:A:240:ALA:O	0.58	1.98	9	2
1:A:123:LEU:HG	1:A:162:LEU:HG	0.58	1.75	8	4
1:A:249:ARG:HH11	1:A:252:LEU:HD12	0.58	1.57	9	2
1:A:242:SER:HB2	1:A:247:LEU:CB	0.58	2.27	5	4
1:A:246:LYS:CA	1:A:246:LYS:CE	0.58	2.81	7	1
1:A:205:TYR:CE1	1:A:248:TYR:CE1	0.58	2.91	1	6
1:A:171:LEU:HD21	1:A:176:ASN:HB2	0.58	1.72	3	2
1:A:6:LEU:HD13	1:A:19:ILE:HG21	0.58	1.74	2	2
1:A:185:LYS:HB2	1:A:258:ALA:HB2	0.58	1.75	8	1
1:A:243:ASP:N	1:A:246:LYS:O	0.58	2.36	3	6
1:A:11:ILE:HG12	1:A:84:THR:OG1	0.58	1.99	2	2
1:A:123:LEU:CD2	1:A:162:LEU:HD12	0.58	2.28	5	1
1:A:136:LYS:HD2	1:A:138:VAL:CG2	0.58	2.28	5	1
1:A:5:HIS:HB2	1:A:19:ILE:HD11	0.58	1.75	5	1
1:A:177:PHE:CZ	1:A:178:LEU:HD21	0.58	2.33	1	2
1:A:242:SER:CB	1:A:247:LEU:HD23	0.58	2.27	1	1
1:A:195:PHE:CG	1:A:249:ARG:HG3	0.58	2.34	1	1
1:A:120:THR:HA	1:A:151:LEU:HD21	0.58	1.74	9	3
1:A:105:LYS:CB	1:A:240:ALA:HB1	0.58	2.28	7	1
1:A:164:LEU:HG	1:A:254:LEU:HD12	0.58	1.74	3	1
1:A:166:GLU:HA	1:A:169:ARG:CD	0.58	2.28	1	3
1:A:95:GLN:HG3	1:A:103:PHE:CD2	0.58	2.34	8	1
1:A:168:ALA:CB	1:A:178:LEU:HD12	0.58	2.28	6	1
1:A:154:PHE:CD1	1:A:154:PHE:O	0.58	2.56	8	4
1:A:191:PHE:CZ	1:A:253:ALA:CB	0.58	2.87	10	5
1:A:56:PRO:HA	1:A:59:LYS:CD	0.58	2.29	10	5
1:A:105:LYS:CA	1:A:240:ALA:HB1	0.58	2.29	7	1
1:A:87:ASN:HA	1:A:136:LYS:HE3	0.58	1.75	5	1
1:A:150:MET:HA	1:A:166:GLU:CD	0.58	2.18	10	1
1:A:238:ILE:HG12	1:A:255:ILE:HG13	0.58	1.75	10	1
1:A:206:ILE:HD12	1:A:249:ARG:CG	0.58	2.27	4	1
1:A:184:ILE:HG12	1:A:226:LEU:HD11	0.58	1.73	1	1
1:A:184:ILE:HG12	1:A:225:GLU:HG3	0.58	1.76	4	3
1:A:88:PHE:CB	1:A:142:LYS:CB	0.58	2.82	7	3
1:A:138:VAL:HG13	1:A:143:LEU:N	0.58	2.14	2	3
1:A:184:ILE:HD13	1:A:218:LEU:HD12	0.58	1.74	6	1
1:A:219:CYS:O	1:A:223:LYS:HD2	0.58	1.98	2	1
1:A:181:PHE:CE1	1:A:184:ILE:HG21	0.58	2.34	1	3
1:A:1:MET:CE	1:A:19:ILE:HA	0.58	2.29	1	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:44:LEU:CB	1:A:54:LEU:HD22	0.58	2.29	1	1
1:A:254:LEU:HD22	1:A:255:ILE:N	0.58	2.13	9	2
1:A:126:PHE:CD1	1:A:126:PHE:C	0.58	2.77	2	4
1:A:139:ASP:O	1:A:142:LYS:HG2	0.58	1.98	10	1
1:A:149:LEU:HD23	1:A:153:LEU:HD13	0.58	1.76	3	1
1:A:103:PHE:CG	1:A:104:MET:N	0.58	2.72	6	6
1:A:13:ALA:HB3	1:A:149:LEU:CD1	0.58	2.28	7	2
1:A:254:LEU:H	1:A:254:LEU:CD2	0.58	2.01	7	1
1:A:58:MET:O	1:A:62:VAL:HG22	0.58	1.99	7	1
1:A:177:PHE:HB2	1:A:181:PHE:HD2	0.58	1.58	2	3
1:A:238:ILE:CG2	1:A:252:LEU:HD12	0.58	2.29	10	2
1:A:37:GLN:O	1:A:41:GLN:HB2	0.58	1.99	10	4
1:A:230:ASN:O	1:A:233:THR:HB	0.58	1.99	3	9
1:A:103:PHE:CE2	1:A:171:LEU:HD23	0.58	2.31	5	3
1:A:100:CYS:O	1:A:103:PHE:CD1	0.58	2.57	8	1
1:A:44:LEU:HD23	1:A:62:VAL:HG21	0.58	1.76	7	1
1:A:177:PHE:HD2	1:A:181:PHE:CG	0.58	2.17	10	1
1:A:215:LEU:CB	1:A:231:ILE:HG12	0.58	2.27	10	1
1:A:206:ILE:O	1:A:247:LEU:HB3	0.57	1.98	7	5
1:A:7:GLN:O	1:A:52:LEU:HD13	0.57	1.99	8	1
1:A:126:PHE:C	1:A:126:PHE:CD1	0.57	2.77	3	5
1:A:59:LYS:O	1:A:62:VAL:HG22	0.57	1.98	9	2
1:A:88:PHE:CE2	1:A:146:TYR:CG	0.57	2.92	6	3
1:A:195:PHE:HE2	1:A:252:LEU:HD23	0.57	1.57	6	1
1:A:151:LEU:C	1:A:152:LYS:HE3	0.57	2.19	10	2
1:A:43:LEU:HG	1:A:58:MET:HE1	0.57	1.76	4	1
1:A:171:LEU:HD11	1:A:176:ASN:ND2	0.57	2.14	9	4
1:A:179:LEU:HD11	1:A:180:LYS:HD3	0.57	1.76	5	1
1:A:79:ALA:O	1:A:84:THR:HB	0.57	1.99	10	4
1:A:92:PHE:CZ	1:A:146:TYR:CE1	0.57	2.91	2	1
1:A:253:ALA:HA	1:A:256:LEU:CD2	0.57	2.29	2	1
1:A:92:PHE:CE2	1:A:146:TYR:CD1	0.57	2.92	3	2
1:A:88:PHE:HE2	1:A:141:THR:HB	0.57	1.59	10	1
1:A:173:VAL:HA	1:A:176:ASN:OD1	0.57	1.98	5	4
1:A:127:LEU:O	1:A:131:LEU:CD2	0.57	2.52	9	1
1:A:136:LYS:CD	1:A:138:VAL:N	0.57	2.67	9	1
1:A:185:LYS:HG2	1:A:258:ALA:HA	0.57	1.76	7	1
1:A:138:VAL:CG2	1:A:142:LYS:HG3	0.57	2.30	4	1
1:A:247:LEU:C	1:A:247:LEU:HD13	0.57	2.18	1	2
1:A:226:LEU:HB3	1:A:231:ILE:HD11	0.57	1.75	5	2
1:A:2:ALA:CB	1:A:19:ILE:HG23	0.57	2.29	7	3

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:125:ASN:HA	1:A:128:LYS:HG3	0.57	1.76	8	1
1:A:162:LEU:HD21	1:A:166:GLU:CG	0.57	2.29	8	2
1:A:154:PHE:CE1	1:A:165:THR:CB	0.57	2.88	8	1
1:A:168:ALA:HB1	1:A:178:LEU:HB3	0.57	1.76	4	4
1:A:124:LYS:O	1:A:127:LEU:HD11	0.57	1.99	5	1
1:A:167:MET:O	1:A:171:LEU:CD2	0.57	2.52	10	1
1:A:154:PHE:HZ	1:A:163:GLU:HB3	0.57	1.58	3	1
1:A:215:LEU:CD1	1:A:232:SER:HA	0.57	2.29	3	1
1:A:110:TYR:CE2	1:A:126:PHE:CE2	0.57	2.92	1	2
1:A:166:GLU:HA	1:A:169:ARG:HD3	0.57	1.76	1	2
1:A:54:LEU:CD1	1:A:58:MET:HB2	0.57	2.30	1	2
1:A:56:PRO:O	1:A:60:THR:CB	0.57	2.53	6	10
1:A:1:MET:HB2	1:A:5:HIS:CE1	0.57	2.33	8	1
1:A:6:LEU:HD21	1:A:43:LEU:HD12	0.57	1.76	8	3
1:A:131:LEU:HD22	1:A:143:LEU:HD12	0.57	1.77	9	1
1:A:138:VAL:HG12	1:A:143:LEU:HB2	0.57	1.77	9	1
1:A:154:PHE:HZ	1:A:165:THR:HG1	0.57	1.41	9	1
1:A:206:ILE:CD1	1:A:249:ARG:HD3	0.57	2.29	9	1
1:A:88:PHE:CD2	1:A:146:TYR:CD2	0.57	2.93	6	1
1:A:127:LEU:O	1:A:131:LEU:CD1	0.57	2.53	5	1
1:A:88:PHE:CZ	1:A:92:PHE:CE2	0.57	2.93	1	1
1:A:88:PHE:O	1:A:88:PHE:CD1	0.57	2.58	1	1
1:A:154:PHE:HB2	1:A:166:GLU:CB	0.57	2.29	9	7
1:A:195:PHE:CD2	1:A:249:ARG:CG	0.57	2.88	5	4
1:A:20:TRP:CD2	1:A:31:LEU:HD23	0.57	2.34	10	5
1:A:161:LYS:HD2	1:A:162:LEU:N	0.57	2.15	8	4
1:A:10:LEU:O	1:A:10:LEU:HD23	0.57	1.99	7	2
1:A:6:LEU:HD11	1:A:43:LEU:CD1	0.57	2.30	5	1
1:A:181:PHE:CD1	1:A:255:ILE:O	0.57	2.58	2	1
1:A:95:GLN:CD	1:A:170:LEU:HD23	0.57	2.20	2	1
1:A:238:ILE:HG22	1:A:252:LEU:HD23	0.57	1.77	4	1
1:A:191:PHE:O	1:A:195:PHE:HB2	0.57	1.99	1	1
1:A:6:LEU:O	1:A:7:GLN:OE1	0.57	2.23	1	1
1:A:32:GLU:O	1:A:36:LEU:HD13	0.57	2.00	7	3
1:A:211:LEU:CD1	1:A:252:LEU:HD11	0.57	2.30	7	2
1:A:106:THR:O	1:A:110:TYR:CE1	0.57	2.58	4	6
1:A:151:LEU:CG	1:A:162:LEU:HD23	0.57	2.29	8	1
1:A:239:MET:HA	1:A:247:LEU:CD2	0.57	2.30	6	2
1:A:59:LYS:O	1:A:62:VAL:CG2	0.57	2.53	7	2
1:A:182:GLN:O	1:A:185:LYS:HB2	0.57	1.99	7	1
1:A:218:LEU:HD23	1:A:221:LYS:HE2	0.57	1.75	7	1

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:247:LEU:CG	1:A:252:LEU:HD11	0.57	2.30	6	2
1:A:96:GLN:OE1	1:A:171:LEU:HA	0.57	1.99	4	1
1:A:218:LEU:CB	1:A:226:LEU:HD13	0.57	2.29	1	3
1:A:215:LEU:HD11	1:A:234:TYR:HB3	0.57	1.76	1	1
1:A:100:CYS:HB3	1:A:172:PRO:CG	0.57	2.29	10	10
1:A:242:SER:HB2	1:A:247:LEU:CA	0.57	2.30	7	5
1:A:107:TRP:HZ2	1:A:116:GLY:O	0.57	1.82	9	2
1:A:136:LYS:HD2	1:A:138:VAL:HG23	0.57	1.75	9	1
1:A:95:GLN:CB	1:A:172:PRO:HD2	0.57	2.29	6	1
1:A:127:LEU:HD11	1:A:143:LEU:CB	0.57	2.20	10	2
1:A:215:LEU:HD21	1:A:235:LYS:CA	0.57	2.29	3	3
1:A:137:THR:O	1:A:138:VAL:O	0.57	2.22	10	3
1:A:93:ARG:HB2	1:A:96:GLN:HG3	0.57	1.76	3	1
1:A:11:ILE:CG1	1:A:82:LEU:HD13	0.57	2.29	8	1
1:A:208:GLU:HB3	1:A:239:MET:SD	0.57	2.40	9	6
1:A:14:SER:O	1:A:17:PHE:HB3	0.57	2.00	2	5
1:A:1:MET:HE3	1:A:1:MET:CA	0.57	2.30	6	1
1:A:40:ILE:HD11	1:A:61:PHE:CD2	0.57	2.35	2	2
1:A:100:CYS:SG	1:A:175:GLU:HB3	0.57	2.40	3	2
1:A:131:LEU:HB3	1:A:137:THR:HA	0.57	1.77	8	2
1:A:108:ARG:HB3	1:A:241:LEU:HD22	0.57	1.77	7	2
1:A:251:ASP:O	1:A:254:LEU:CD2	0.57	2.52	9	4
1:A:131:LEU:CD2	1:A:143:LEU:HD12	0.57	2.30	9	1
1:A:226:LEU:HD13	1:A:234:TYR:HE2	0.57	1.59	9	1
1:A:191:PHE:HB2	1:A:256:LEU:CD1	0.57	2.24	10	3
1:A:44:LEU:HB3	1:A:54:LEU:HD22	0.57	1.76	7	1
1:A:88:PHE:HB3	1:A:138:VAL:CG2	0.57	2.30	2	1
1:A:92:PHE:CG	1:A:146:TYR:CZ	0.57	2.92	2	1
1:A:251:ASP:OD1	1:A:251:ASP:N	0.56	2.38	1	1
1:A:40:ILE:HG12	1:A:62:VAL:HG13	0.56	1.76	8	1
1:A:31:LEU:CB	1:A:36:LEU:HD12	0.56	2.30	4	4
1:A:54:LEU:O	1:A:59:LYS:HD3	0.56	1.99	4	3
1:A:73:ILE:HD13	1:A:78:LEU:HD23	0.56	1.74	5	1
1:A:141:THR:O	1:A:145:GLU:HB2	0.56	2.00	2	1
1:A:194:ALA:HB1	1:A:198:TYR:OH	0.56	2.00	10	1
1:A:44:LEU:HD11	1:A:62:VAL:HB	0.56	1.76	10	1
1:A:247:LEU:HD12	1:A:252:LEU:HD11	0.56	1.75	4	1
1:A:146:TYR:HA	1:A:149:LEU:CD1	0.56	2.29	8	4
1:A:255:ILE:CG2	1:A:256:LEU:HD23	0.56	2.28	6	1
1:A:16:PHE:CD1	1:A:79:ALA:HA	0.56	2.35	5	2
1:A:90:LEU:HA	1:A:93:ARG:HD3	0.56	1.76	4	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:168:ALA:HB2	1:A:178:LEU:HD13	0.56	1.75	3	1
1:A:247:LEU:CD1	1:A:252:LEU:HG	0.56	2.29	1	1
1:A:104:MET:CE	1:A:241:LEU:HD21	0.56	2.29	2	3
1:A:167:MET:O	1:A:170:LEU:HG	0.56	1.99	8	2
1:A:15:GLN:O	1:A:19:ILE:HG13	0.56	1.99	8	1
1:A:215:LEU:O	1:A:226:LEU:HD12	0.56	2.00	8	1
1:A:151:LEU:C	1:A:152:LYS:HE2	0.56	2.21	7	3
1:A:148:ASP:O	1:A:152:LYS:HE3	0.56	2.00	9	1
1:A:138:VAL:HG12	1:A:138:VAL:O	0.56	1.99	9	1
1:A:10:LEU:CD1	1:A:85:GLU:HA	0.56	2.27	9	1
1:A:12:THR:CG2	1:A:145:GLU:HB3	0.56	2.30	6	6
1:A:154:PHE:CZ	1:A:163:GLU:CG	0.56	2.89	2	4
1:A:40:ILE:CG2	1:A:62:VAL:HB	0.56	2.31	10	5
1:A:116:GLY:O	1:A:254:LEU:CD2	0.56	2.54	6	1
1:A:205:TYR:C	1:A:205:TYR:CD1	0.56	2.78	10	1
1:A:44:LEU:HD21	1:A:62:VAL:CG2	0.56	2.30	10	1
1:A:117:PHE:CG	1:A:161:LYS:HE2	0.56	2.36	3	2
1:A:137:THR:O	1:A:138:VAL:HG12	0.56	2.01	4	1
1:A:76:VAL:HA	1:A:92:PHE:CE1	0.56	2.36	5	3
1:A:154:PHE:HE2	1:A:163:GLU:C	0.56	2.03	8	3
1:A:168:ALA:CA	1:A:171:LEU:HD12	0.56	2.30	2	2
1:A:58:MET:SD	1:A:82:LEU:HA	0.56	2.41	10	1
1:A:124:LYS:NZ	1:A:151:LEU:HD23	0.56	2.16	4	1
1:A:249:ARG:NH1	1:A:256:LEU:HD21	0.56	2.15	4	1
1:A:166:GLU:OE1	1:A:170:LEU:HD13	0.56	2.01	10	2
1:A:30:TYR:HB3	1:A:72:LYS:CG	0.56	2.30	10	3
1:A:23:PHE:CD2	1:A:39:LEU:HA	0.56	2.35	6	4
1:A:13:ALA:H	1:A:149:LEU:CD2	0.56	2.11	7	1
1:A:75:ILE:HB	1:A:170:LEU:CB	0.56	2.31	7	2
1:A:36:LEU:HG	1:A:39:LEU:HD22	0.56	1.76	6	1
1:A:212:ASP:O	1:A:215:LEU:HG	0.56	2.01	10	2
1:A:180:LYS:O	1:A:184:ILE:HG13	0.56	2.01	1	2
1:A:16:PHE:CZ	1:A:75:ILE:HG22	0.56	2.36	1	1
1:A:154:PHE:CD2	1:A:166:GLU:N	0.56	2.74	8	6
1:A:128:LYS:HG2	1:A:143:LEU:HD11	0.56	1.77	9	1
1:A:40:ILE:HG12	1:A:62:VAL:HG12	0.56	1.77	7	2
1:A:185:LYS:HA	1:A:258:ALA:HA	0.56	1.77	5	2
1:A:76:VAL:HG13	1:A:77:GLU:N	0.56	2.16	2	4
1:A:76:VAL:HG13	1:A:92:PHE:CE1	0.56	2.36	5	1
1:A:10:LEU:HD23	1:A:10:LEU:H	0.56	1.59	2	1
1:A:181:PHE:CE2	1:A:255:ILE:HG22	0.56	2.36	10	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:127:LEU:CD1	1:A:128:LYS:HG2	0.56	2.31	4	1
1:A:36:LEU:CD2	1:A:65:TYR:CD1	0.56	2.89	1	3
1:A:10:LEU:HD12	1:A:85:GLU:CG	0.56	2.30	8	1
1:A:88:PHE:CD1	1:A:89:LEU:HG	0.56	2.36	6	3
1:A:110:TYR:CE1	1:A:126:PHE:CE2	0.56	2.88	5	2
1:A:103:PHE:CZ	1:A:104:MET:CG	0.56	2.89	6	1
1:A:30:TYR:CG	1:A:72:LYS:HE3	0.56	2.36	4	2
1:A:43:LEU:HD21	1:A:58:MET:SD	0.56	2.40	10	1
1:A:107:TRP:CD2	1:A:164:LEU:CD2	0.56	2.88	3	1
1:A:181:PHE:CD1	1:A:184:ILE:HG21	0.56	2.35	1	2
1:A:36:LEU:HD11	1:A:73:ILE:CG1	0.56	2.31	10	3
1:A:1:MET:HE1	1:A:19:ILE:CG1	0.56	2.27	8	4
1:A:107:TRP:O	1:A:110:TYR:CE1	0.56	2.59	9	4
1:A:136:LYS:HD2	1:A:138:VAL:N	0.56	2.15	9	1
1:A:181:PHE:HB3	1:A:255:ILE:O	0.56	2.00	9	1
1:A:124:LYS:HA	1:A:147:THR:CG2	0.56	2.31	7	2
1:A:167:MET:HA	1:A:170:LEU:CD2	0.56	2.31	7	2
1:A:100:CYS:HA	1:A:172:PRO:HG2	0.56	1.76	6	1
1:A:88:PHE:CA	1:A:142:LYS:HB3	0.56	2.30	5	1
1:A:120:THR:O	1:A:124:LYS:HD2	0.56	2.01	10	1
1:A:88:PHE:HA	1:A:142:LYS:HD2	0.56	1.77	3	1
1:A:95:GLN:HB2	1:A:172:PRO:HD3	0.56	1.77	1	1
1:A:36:LEU:CD1	1:A:68:ARG:HB3	0.56	2.29	8	1
1:A:20:TRP:O	1:A:24:ASP:HB2	0.56	2.01	5	5
1:A:7:GLN:NE2	1:A:47:ARG:NE	0.56	2.54	7	1
1:A:211:LEU:HD21	1:A:238:ILE:HG22	0.56	1.77	2	1
1:A:5:HIS:HB2	1:A:19:ILE:HG12	0.56	1.77	4	4
1:A:246:LYS:CA	1:A:246:LYS:HE3	0.56	2.30	10	1
1:A:195:PHE:CD1	1:A:249:ARG:HD2	0.56	2.36	3	1
1:A:186:MET:HG2	1:A:190:GLU:HB3	0.56	1.76	9	1
1:A:61:PHE:O	1:A:65:TYR:CB	0.56	2.52	5	5
1:A:205:TYR:CD1	1:A:246:LYS:NZ	0.56	2.74	7	2
1:A:113:ASP:O	1:A:114:HIS:HB3	0.56	2.01	6	1
1:A:7:GLN:CD	1:A:46:ALA:HB1	0.56	2.22	6	1
1:A:117:PHE:CE1	1:A:254:LEU:HB3	0.56	2.36	2	1
1:A:100:CYS:SG	1:A:175:GLU:HB2	0.56	2.41	10	2
1:A:124:LYS:O	1:A:127:LEU:HG	0.55	2.00	1	4
1:A:238:ILE:CB	1:A:252:LEU:HD22	0.55	2.30	1	1
1:A:123:LEU:HD11	1:A:150:MET:SD	0.55	2.41	9	1
1:A:178:LEU:HD22	1:A:178:LEU:H	0.55	1.61	9	2
1:A:181:PHE:CZ	1:A:218:LEU:HD12	0.55	2.35	9	1

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:127:LEU:HD22	1:A:127:LEU:C	0.55	2.21	7	1
1:A:104:MET:O	1:A:107:TRP:HD1	0.55	1.84	6	1
1:A:131:LEU:HG	1:A:138:VAL:CB	0.55	2.27	6	1
1:A:92:PHE:CE1	1:A:146:TYR:CE1	0.55	2.95	2	1
1:A:218:LEU:HD13	1:A:221:LYS:HD3	0.55	1.77	2	1
1:A:234:TYR:O	1:A:238:ILE:HD12	0.55	2.01	10	1
1:A:177:PHE:HZ	1:A:255:ILE:HD12	0.55	1.60	10	1
1:A:211:LEU:HB3	1:A:235:LYS:HG2	0.55	1.78	3	1
1:A:184:ILE:HD13	1:A:226:LEU:CD2	0.55	2.31	3	2
1:A:54:LEU:HD11	1:A:58:MET:HB3	0.55	1.79	9	4
1:A:116:GLY:HA2	1:A:254:LEU:HD22	0.55	1.78	7	2
1:A:247:LEU:HD21	1:A:252:LEU:HD11	0.55	1.77	6	1
1:A:45:GLN:O	1:A:49:LYS:HB2	0.55	2.00	4	5
1:A:208:GLU:HB3	1:A:239:MET:CE	0.55	2.30	6	5
1:A:110:TYR:OH	1:A:126:PHE:CZ	0.55	2.55	7	3
1:A:106:THR:O	1:A:110:TYR:CE2	0.55	2.60	3	4
1:A:124:LYS:HA	1:A:147:THR:HG23	0.55	1.77	7	1
1:A:178:LEU:O	1:A:182:GLN:HG3	0.55	2.01	5	1
1:A:107:TRP:HE1	1:A:241:LEU:HD11	0.55	1.59	5	1
1:A:56:PRO:HA	1:A:59:LYS:CE	0.55	2.31	10	1
1:A:177:PHE:HE1	1:A:237:ASN:ND2	0.55	1.99	8	2
1:A:23:PHE:CZ	1:A:39:LEU:HG	0.55	2.37	8	1
1:A:142:LYS:O	1:A:146:TYR:CB	0.55	2.55	10	3
1:A:123:LEU:HA	1:A:126:PHE:HB3	0.55	1.79	10	4
1:A:17:PHE:O	1:A:20:TRP:CD1	0.55	2.60	7	9
1:A:207:ASP:CA	1:A:246:LYS:HE3	0.55	2.32	8	5
1:A:16:PHE:CE2	1:A:82:LEU:HD11	0.55	2.36	8	1
1:A:47:ARG:HG3	1:A:53:GLU:O	0.55	2.01	4	7
1:A:205:TYR:CE2	1:A:246:LYS:CB	0.55	2.84	6	5
1:A:231:ILE:HD13	1:A:234:TYR:CD2	0.55	2.31	2	3
1:A:207:ASP:HB2	1:A:246:LYS:HE3	0.55	1.77	5	1
1:A:242:SER:HB2	1:A:247:LEU:CG	0.55	2.32	5	1
1:A:173:VAL:HG12	1:A:179:LEU:HB3	0.55	1.76	4	2
1:A:118:ILE:N	1:A:162:LEU:O	0.55	2.39	9	7
1:A:230:ASN:O	1:A:234:TYR:N	0.55	2.40	7	7
1:A:171:LEU:HD11	1:A:176:ASN:HD22	0.55	1.61	3	3
1:A:31:LEU:HD12	1:A:73:ILE:HD11	0.55	1.78	8	2
1:A:164:LEU:HD13	1:A:254:LEU:CD2	0.55	2.30	9	2
1:A:13:ALA:CB	1:A:149:LEU:HG	0.55	2.24	10	5
1:A:85:GLU:OE2	1:A:142:LYS:HG3	0.55	2.01	5	1
1:A:211:LEU:HD11	1:A:239:MET:N	0.55	2.16	10	1

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:31:LEU:O	1:A:36:LEU:HD13	0.55	2.01	10	1
1:A:40:ILE:O	1:A:44:LEU:HD13	0.55	2.02	10	1
1:A:238:ILE:HG23	1:A:255:ILE:CD1	0.55	2.31	4	1
1:A:61:PHE:CE2	1:A:65:TYR:CE2	0.55	2.95	1	5
1:A:15:GLN:O	1:A:18:GLU:HB3	0.55	2.02	8	4
1:A:88:PHE:HB2	1:A:142:LYS:HB2	0.55	1.78	6	2
1:A:105:LYS:O	1:A:109:LYS:HD2	0.55	2.01	9	1
1:A:7:GLN:CG	1:A:46:ALA:HB1	0.55	2.31	9	1
1:A:13:ALA:HB3	1:A:149:LEU:CD2	0.55	2.32	7	2
1:A:254:LEU:N	1:A:254:LEU:HD23	0.55	2.06	7	1
1:A:88:PHE:HB2	1:A:142:LYS:O	0.55	2.02	7	1
1:A:131:LEU:CG	1:A:138:VAL:HB	0.55	2.32	5	1
1:A:186:MET:HG2	1:A:221:LYS:HE2	0.55	1.79	5	1
1:A:107:TRP:CE2	1:A:164:LEU:CD1	0.55	2.90	2	4
1:A:92:PHE:CD1	1:A:146:TYR:CZ	0.55	2.95	2	1
1:A:139:ASP:CB	1:A:142:LYS:HD3	0.55	2.30	10	1
1:A:91:LEU:HD22	1:A:134:ALA:CB	0.55	2.32	10	1
1:A:162:LEU:HD21	1:A:166:GLU:CB	0.55	2.32	3	1
1:A:91:LEU:HD11	1:A:142:LYS:CB	0.55	2.29	3	1
1:A:75:ILE:CG1	1:A:169:ARG:HG3	0.55	2.32	4	2
1:A:166:GLU:HG3	1:A:167:MET:H	0.55	1.62	8	1
1:A:107:TRP:HA	1:A:110:TYR:CZ	0.55	2.37	3	4
1:A:116:GLY:HA3	1:A:254:LEU:HD22	0.55	1.79	7	1
1:A:126:PHE:C	1:A:126:PHE:HD1	0.55	2.05	2	1
1:A:122:GLU:O	1:A:126:PHE:HB3	0.55	2.02	3	2
1:A:254:LEU:HD23	1:A:254:LEU:N	0.55	2.16	4	1
1:A:1:MET:HE2	1:A:19:ILE:HG23	0.55	1.78	8	1
1:A:88:PHE:N	1:A:142:LYS:HD2	0.55	2.17	9	1
1:A:164:LEU:HD11	1:A:254:LEU:HD12	0.55	1.79	7	1
1:A:154:PHE:HE2	1:A:165:THR:N	0.55	1.99	2	3
1:A:252:LEU:N	1:A:252:LEU:HD13	0.55	2.17	5	2
1:A:198:TYR:HE2	1:A:249:ARG:HH21	0.55	1.44	3	1
1:A:169:ARG:HG3	1:A:170:LEU:HD12	0.55	1.78	1	1
1:A:198:TYR:O	1:A:210:GLU:HG2	0.55	2.01	10	4
1:A:17:PHE:CE2	1:A:153:LEU:HB3	0.55	2.37	8	1
1:A:154:PHE:CD2	1:A:166:GLU:HB3	0.55	2.37	8	1
1:A:123:LEU:HG	1:A:162:LEU:HB2	0.55	1.76	2	3
1:A:59:LYS:C	1:A:62:VAL:HG22	0.55	2.23	7	2
1:A:97:LEU:HD12	1:A:98:LYS:HB2	0.55	1.79	7	2
1:A:54:LEU:HD23	1:A:59:LYS:HG3	0.55	1.78	5	1
1:A:131:LEU:HD12	1:A:132:GLU:H	0.55	1.62	2	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:136:LYS:CE	1:A:138:VAL:HA	0.55	2.32	2	1
1:A:241:LEU:HD22	1:A:241:LEU:N	0.55	2.17	2	1
1:A:216:LYS:CA	1:A:231:ILE:HG21	0.54	2.32	8	1
1:A:191:PHE:CD1	1:A:191:PHE:C	0.54	2.80	5	2
1:A:73:ILE:CD1	1:A:78:LEU:HD23	0.54	2.32	5	5
1:A:36:LEU:CD2	1:A:68:ARG:HB3	0.54	2.33	2	4
1:A:36:LEU:HD12	1:A:39:LEU:HD23	0.54	1.79	5	3
1:A:1:MET:CA	1:A:1:MET:HE3	0.54	2.31	10	1
1:A:32:GLU:HB2	1:A:35:GLU:CD	0.54	2.23	10	1
1:A:138:VAL:HG22	1:A:142:LYS:HG3	0.54	1.78	8	2
1:A:13:ALA:HA	1:A:16:PHE:HB3	0.54	1.80	8	1
1:A:91:LEU:HD21	1:A:138:VAL:CB	0.54	2.33	2	3
1:A:215:LEU:CD1	1:A:234:TYR:HB3	0.54	2.33	1	1
1:A:95:GLN:HB3	1:A:103:PHE:CE2	0.54	2.37	5	3
1:A:124:LYS:HE2	1:A:147:THR:HG23	0.54	1.79	8	1
1:A:76:VAL:O	1:A:79:ALA:HB3	0.54	2.03	8	1
1:A:252:LEU:O	1:A:256:LEU:HG	0.54	2.03	9	1
1:A:166:GLU:O	1:A:169:ARG:CG	0.54	2.56	6	3
1:A:96:GLN:HB2	1:A:172:PRO:HD3	0.54	1.77	6	2
1:A:88:PHE:CD1	1:A:142:LYS:HG2	0.54	2.36	2	1
1:A:92:PHE:CE1	1:A:93:ARG:HG3	0.54	2.37	10	1
1:A:177:PHE:CB	1:A:234:TYR:CE2	0.54	2.90	4	1
1:A:184:ILE:HG13	1:A:225:GLU:HB2	0.54	1.77	3	2
1:A:30:TYR:CD2	1:A:74:GLY:HA2	0.54	2.37	1	7
1:A:79:ALA:HB2	1:A:92:PHE:CZ	0.54	2.38	1	1
1:A:154:PHE:CB	1:A:166:GLU:HB2	0.54	2.32	4	6
1:A:17:PHE:CE2	1:A:153:LEU:HG	0.54	2.37	4	2
1:A:136:LYS:HE2	1:A:138:VAL:CA	0.54	2.32	8	1
1:A:39:LEU:HD13	1:A:40:ILE:HB	0.54	1.78	8	1
1:A:177:PHE:CE1	1:A:178:LEU:CD2	0.54	2.91	9	3
1:A:39:LEU:HD12	1:A:39:LEU:C	0.54	2.23	2	2
1:A:140:ASP:HA	1:A:143:LEU:HG	0.54	1.78	2	2
1:A:131:LEU:N	1:A:131:LEU:HD23	0.54	2.18	10	1
1:A:226:LEU:HD13	1:A:231:ILE:HG13	0.54	1.80	10	1
1:A:44:LEU:HD12	1:A:54:LEU:CD2	0.54	2.31	10	1
1:A:206:ILE:HA	1:A:210:GLU:OE1	0.54	2.03	4	1
1:A:88:PHE:CZ	1:A:92:PHE:CD2	0.54	2.96	6	4
1:A:205:TYR:CD1	1:A:247:LEU:O	0.54	2.60	5	3
1:A:108:ARG:CD	1:A:241:LEU:HA	0.54	2.33	7	2
1:A:184:ILE:HG21	1:A:218:LEU:HD13	0.54	1.79	9	2
1:A:6:LEU:HD22	1:A:19:ILE:HG21	0.54	1.79	9	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:108:ARG:HD3	1:A:241:LEU:CA	0.54	2.31	6	1
1:A:117:PHE:HA	1:A:162:LEU:O	0.54	2.03	4	4
1:A:91:LEU:HD22	1:A:131:LEU:CB	0.54	2.33	2	1
1:A:131:LEU:HB2	1:A:138:VAL:CB	0.54	2.33	10	1
1:A:132:GLU:HA	1:A:137:THR:HA	0.54	1.80	10	1
1:A:115:SER:O	1:A:250:THR:HG22	0.54	2.01	3	1
1:A:88:PHE:CD1	1:A:146:TYR:CD2	0.54	2.96	1	1
1:A:164:LEU:HD23	1:A:178:LEU:CD1	0.54	2.30	7	3
1:A:100:CYS:CA	1:A:172:PRO:HG2	0.54	2.32	8	4
1:A:177:PHE:CE1	1:A:237:ASN:ND2	0.54	2.75	9	2
1:A:20:TRP:O	1:A:23:PHE:CD1	0.54	2.61	4	8
1:A:136:LYS:HD2	1:A:138:VAL:HG22	0.54	1.77	5	1
1:A:40:ILE:HG21	1:A:62:VAL:CA	0.54	2.32	5	2
1:A:131:LEU:HD23	1:A:138:VAL:HG12	0.54	1.80	2	1
1:A:7:GLN:HG2	1:A:46:ALA:O	0.54	2.03	10	1
1:A:107:TRP:O	1:A:110:TYR:CE2	0.54	2.61	1	5
1:A:239:MET:SD	1:A:242:SER:HB3	0.54	2.42	1	2
1:A:152:LYS:HE2	1:A:152:LYS:N	0.54	2.18	7	2
1:A:92:PHE:CD1	1:A:93:ARG:HG3	0.54	2.37	10	1
1:A:226:LEU:HA	1:A:234:TYR:HE2	0.54	1.63	3	2
1:A:116:GLY:CA	1:A:254:LEU:HD23	0.54	2.32	1	1
1:A:108:ARG:O	1:A:111:ASP:HB2	0.54	2.03	2	2
1:A:6:LEU:HD13	1:A:46:ALA:HB2	0.54	1.78	7	1
1:A:88:PHE:CE2	1:A:149:LEU:HD21	0.54	2.37	7	1
1:A:78:LEU:HD22	1:A:81:VAL:CG1	0.54	2.33	6	1
1:A:40:ILE:HG12	1:A:61:PHE:HD2	0.54	1.63	10	1
1:A:123:LEU:CD1	1:A:151:LEU:HD11	0.54	2.33	8	1
1:A:31:LEU:HD13	1:A:36:LEU:HD23	0.54	1.78	8	1
1:A:168:ALA:HA	1:A:171:LEU:HD12	0.54	1.78	2	2
1:A:33:GLY:HA2	1:A:68:ARG:O	0.54	2.03	10	2
1:A:205:TYR:HD2	1:A:248:TYR:CD1	0.54	2.21	2	1
1:A:94:CYS:CB	1:A:130:LEU:HD22	0.54	2.33	10	2
1:A:241:LEU:HD23	1:A:254:LEU:HD12	0.54	1.79	4	1
1:A:102:GLU:O	1:A:105:LYS:HB3	0.54	2.02	1	1
1:A:247:LEU:HD13	1:A:248:TYR:C	0.54	2.23	1	1
1:A:97:LEU:HD22	1:A:98:LYS:N	0.54	2.18	1	3
1:A:40:ILE:CG2	1:A:62:VAL:HG22	0.54	2.24	3	3
1:A:168:ALA:O	1:A:171:LEU:HB2	0.54	2.02	8	1
1:A:178:LEU:HD22	1:A:178:LEU:N	0.54	2.18	9	1
1:A:218:LEU:HB3	1:A:226:LEU:HD12	0.54	1.78	6	2
1:A:127:LEU:O	1:A:131:LEU:HB2	0.54	2.03	4	1

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:151:LEU:HB2	1:A:152:LYS:HE2	0.53	1.78	1	1
1:A:145:GLU:O	1:A:149:LEU:HD12	0.53	2.03	8	1
1:A:177:PHE:CD2	1:A:181:PHE:CD1	0.53	2.96	9	3
1:A:173:VAL:HA	1:A:176:ASN:ND2	0.53	2.18	7	2
1:A:238:ILE:CG2	1:A:252:LEU:CG	0.53	2.84	2	3
1:A:123:LEU:HD12	1:A:147:THR:CG2	0.53	2.27	5	1
1:A:171:LEU:HD12	1:A:176:ASN:HD22	0.53	1.63	10	1
1:A:166:GLU:CG	1:A:167:MET:N	0.53	2.71	8	1
1:A:184:ILE:HG13	1:A:225:GLU:CG	0.53	2.33	9	2
1:A:110:TYR:CD2	1:A:126:PHE:HB2	0.53	2.38	6	1
1:A:205:TYR:CE1	1:A:246:LYS:CD	0.53	2.86	2	1
1:A:205:TYR:CE2	1:A:248:TYR:CZ	0.53	2.96	2	1
1:A:186:MET:O	1:A:187:CYS:CB	0.53	2.56	7	4
1:A:149:LEU:O	1:A:153:LEU:HG	0.53	2.03	8	1
1:A:6:LEU:HG	1:A:19:ILE:HG21	0.53	1.79	5	2
1:A:61:PHE:CE1	1:A:65:TYR:CE2	0.53	2.97	2	3
1:A:107:TRP:CH2	1:A:117:PHE:HA	0.53	2.37	9	3
1:A:206:ILE:HD12	1:A:249:ARG:HD3	0.53	1.79	9	1
1:A:126:PHE:HE1	1:A:130:LEU:HD21	0.53	1.63	5	2
1:A:212:ASP:O	1:A:216:LYS:HD3	0.53	2.03	7	1
1:A:136:LYS:HG3	1:A:137:THR:H	0.53	1.64	5	1
1:A:249:ARG:HD3	1:A:252:LEU:HB2	0.53	1.80	2	1
1:A:91:LEU:HD12	1:A:131:LEU:CD1	0.53	2.31	10	1
1:A:211:LEU:HD13	1:A:252:LEU:CD1	0.53	2.34	4	1
1:A:39:LEU:O	1:A:39:LEU:HD22	0.53	2.03	8	1
1:A:91:LEU:HD21	1:A:131:LEU:HA	0.53	1.80	7	1
1:A:164:LEU:CD2	1:A:178:LEU:HD11	0.53	2.26	6	1
1:A:127:LEU:HD13	1:A:127:LEU:H	0.53	1.64	5	1
1:A:7:GLN:NE2	1:A:52:LEU:HB2	0.53	2.19	5	1
1:A:1:MET:O	1:A:4:SER:N	0.53	2.40	10	1
1:A:218:LEU:O	1:A:221:LYS:HB2	0.53	2.02	4	2
1:A:114:HIS:CD2	1:A:114:HIS:N	0.53	2.77	1	4
1:A:11:ILE:O	1:A:84:THR:O	0.53	2.25	7	9
1:A:154:PHE:O	1:A:155:ASP:C	0.53	2.47	7	10
1:A:212:ASP:N	1:A:235:LYS:HG3	0.53	2.17	3	4
1:A:123:LEU:HD22	1:A:126:PHE:HD2	0.53	1.61	5	2
1:A:65:TYR:OH	1:A:77:GLU:HG2	0.53	2.03	5	2
1:A:89:LEU:CA	1:A:92:PHE:HB3	0.53	2.30	9	4
1:A:207:ASP:HA	1:A:246:LYS:CE	0.53	2.32	7	1
1:A:16:PHE:HD1	1:A:78:LEU:HD12	0.53	1.60	7	2
1:A:12:THR:OG1	1:A:13:ALA:N	0.53	2.42	5	1

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:139:ASP:HB3	1:A:142:LYS:HD3	0.53	1.79	3	1
1:A:105:LYS:O	1:A:108:ARG:HD3	0.53	2.04	5	3
1:A:171:LEU:HB2	1:A:172:PRO:CD	0.53	2.32	3	6
1:A:149:LEU:C	1:A:149:LEU:HD13	0.53	2.23	3	4
1:A:20:TRP:CZ3	1:A:74:GLY:O	0.53	2.62	7	9
1:A:85:GLU:CB	1:A:88:PHE:CD1	0.53	2.92	6	4
1:A:216:LYS:HD2	1:A:231:ILE:HG21	0.53	1.80	9	1
1:A:188:GLY:HA3	1:A:260:ASP:HB2	0.53	1.80	7	1
1:A:249:ARG:C	1:A:249:ARG:CD	0.53	2.71	6	2
1:A:246:LYS:HZ2	1:A:246:LYS:HB3	0.53	1.64	2	1
1:A:238:ILE:HG21	1:A:252:LEU:HG	0.53	1.78	2	1
1:A:246:LYS:HE3	1:A:246:LYS:HA	0.53	1.79	3	1
1:A:88:PHE:CE1	1:A:146:TYR:CD2	0.53	2.96	1	1
1:A:1:MET:CE	1:A:19:ILE:HG23	0.53	2.34	8	1
1:A:40:ILE:HG12	1:A:62:VAL:CG2	0.53	2.34	8	1
1:A:177:PHE:CB	1:A:234:TYR:CD1	0.53	2.92	5	4
1:A:23:PHE:CZ	1:A:78:LEU:HD11	0.53	2.39	9	1
1:A:96:GLN:CG	1:A:172:PRO:HG3	0.53	2.33	9	1
1:A:146:TYR:O	1:A:150:MET:HG2	0.53	2.03	7	1
1:A:57:GLU:HA	1:A:60:THR:OG1	0.53	2.03	7	1
1:A:116:GLY:O	1:A:254:LEU:HD23	0.53	2.04	6	1
1:A:177:PHE:CE1	1:A:178:LEU:HD21	0.53	2.37	10	2
1:A:127:LEU:O	1:A:131:LEU:HD22	0.53	2.03	4	1
1:A:88:PHE:HE1	1:A:146:TYR:CG	0.53	2.22	1	1
1:A:191:PHE:CD2	1:A:253:ALA:HA	0.53	2.38	1	1
1:A:138:VAL:CG2	1:A:142:LYS:HB2	0.53	2.33	2	2
1:A:177:PHE:CE1	1:A:178:LEU:HD22	0.53	2.38	9	2
1:A:88:PHE:CB	1:A:142:LYS:HB3	0.53	2.33	5	5
1:A:100:CYS:HB2	1:A:176:ASN:CG	0.53	2.24	6	3
1:A:154:PHE:HB2	1:A:166:GLU:HG2	0.53	1.80	5	1
1:A:105:LYS:O	1:A:108:ARG:CD	0.53	2.57	1	2
1:A:230:ASN:O	1:A:233:THR:N	0.53	2.42	7	5
1:A:103:PHE:CE1	1:A:104:MET:HG3	0.53	2.39	8	1
1:A:31:LEU:HD22	1:A:36:LEU:HA	0.53	1.79	8	2
1:A:184:ILE:HD11	1:A:226:LEU:CG	0.53	2.29	5	3
1:A:164:LEU:HD13	1:A:254:LEU:HB2	0.53	1.81	7	1
1:A:16:PHE:CE2	1:A:79:ALA:CB	0.53	2.92	7	1
1:A:91:LEU:HD11	1:A:131:LEU:CA	0.53	2.34	7	1
1:A:23:PHE:CE1	1:A:31:LEU:HD21	0.53	2.39	2	3
1:A:143:LEU:O	1:A:147:THR:OG1	0.53	2.24	5	1
1:A:191:PHE:HE1	1:A:249:ARG:CG	0.53	2.16	5	1

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:164:LEU:HD22	1:A:167:MET:HB2	0.53	1.81	3	1
1:A:16:PHE:CZ	1:A:79:ALA:HB2	0.53	2.39	1	2
1:A:30:TYR:CD2	1:A:74:GLY:CA	0.53	2.92	9	7
1:A:117:PHE:CD1	1:A:161:LYS:HE2	0.53	2.38	9	1
1:A:154:PHE:CZ	1:A:163:GLU:HG2	0.53	2.38	2	4
1:A:176:ASN:OD1	1:A:178:LEU:N	0.53	2.42	7	1
1:A:11:ILE:HD13	1:A:11:ILE:N	0.53	2.14	6	1
1:A:214:LEU:HD22	1:A:214:LEU:C	0.53	2.24	6	2
1:A:139:ASP:HB2	1:A:142:LYS:HD3	0.53	1.79	10	1
1:A:236:LYS:HG2	1:A:237:ASN:N	0.52	2.19	2	2
1:A:82:LEU:CD1	1:A:84:THR:HB	0.52	2.35	9	6
1:A:122:GLU:O	1:A:126:PHE:N	0.52	2.37	3	9
1:A:218:LEU:HB3	1:A:226:LEU:CD2	0.52	2.34	2	4
1:A:176:ASN:HD21	1:A:178:LEU:HD12	0.52	1.63	8	1
1:A:88:PHE:HA	1:A:138:VAL:CG2	0.52	2.34	8	2
1:A:181:PHE:CE1	1:A:226:LEU:CD2	0.52	2.92	9	1
1:A:253:ALA:O	1:A:257:SER:HB2	0.52	2.04	7	2
1:A:238:ILE:HG21	1:A:252:LEU:CD1	0.52	2.17	7	1
1:A:1:MET:HE2	1:A:2:ALA:N	0.52	2.19	10	2
1:A:6:LEU:CD2	1:A:43:LEU:HD12	0.52	2.34	2	1
1:A:185:LYS:HG3	1:A:185:LYS:O	0.52	2.04	10	1
1:A:91:LEU:HD23	1:A:91:LEU:N	0.52	2.19	10	1
1:A:96:GLN:HG3	1:A:172:PRO:CD	0.52	2.34	4	1
1:A:17:PHE:HD1	1:A:20:TRP:HE1	0.52	1.48	4	1
1:A:23:PHE:CE2	1:A:39:LEU:HD13	0.52	2.38	3	1
1:A:131:LEU:CB	1:A:137:THR:HA	0.52	2.35	1	2
1:A:241:LEU:HD12	1:A:251:ASP:O	0.52	2.04	8	1
1:A:239:MET:CE	1:A:242:SER:OG	0.52	2.57	2	4
1:A:186:MET:HG2	1:A:190:GLU:CB	0.52	2.34	9	1
1:A:107:TRP:HB2	1:A:167:MET:CE	0.52	2.34	7	3
1:A:214:LEU:CD1	1:A:215:LEU:HD23	0.52	2.34	7	1
1:A:61:PHE:CE1	1:A:65:TYR:CD2	0.52	2.98	2	3
1:A:211:LEU:HD21	1:A:238:ILE:CB	0.52	2.34	10	1
1:A:110:TYR:OH	1:A:130:LEU:HG	0.52	2.04	3	2
1:A:238:ILE:HG23	1:A:252:LEU:HA	0.52	1.80	3	1
1:A:177:PHE:HD2	1:A:181:PHE:HD2	0.52	1.45	1	1
1:A:61:PHE:CG	1:A:81:VAL:CG2	0.52	2.92	1	6
1:A:247:LEU:HD11	1:A:252:LEU:HG	0.52	1.80	4	2
1:A:23:PHE:CG	1:A:39:LEU:CB	0.52	2.91	10	6
1:A:166:GLU:OE1	1:A:167:MET:N	0.52	2.42	8	2
1:A:214:LEU:HG	1:A:249:ARG:NH1	0.52	2.18	9	1

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:181:PHE:CE2	1:A:256:LEU:HB3	0.52	2.40	9	1
1:A:36:LEU:HD13	1:A:73:ILE:HG12	0.52	1.79	5	3
1:A:103:PHE:CE1	1:A:167:MET:HG2	0.52	2.40	6	3
1:A:247:LEU:CD2	1:A:252:LEU:HD11	0.52	2.35	6	1
1:A:16:PHE:HZ	1:A:75:ILE:HA	0.52	1.64	3	2
1:A:181:PHE:CE1	1:A:184:ILE:CG2	0.52	2.93	2	2
1:A:181:PHE:CG	1:A:184:ILE:HG21	0.52	2.40	10	1
1:A:44:LEU:N	1:A:44:LEU:CD1	0.52	2.72	10	1
1:A:138:VAL:HG13	1:A:143:LEU:HD23	0.52	1.82	4	1
1:A:184:ILE:HD11	1:A:225:GLU:O	0.52	2.05	3	2
1:A:138:VAL:HG13	1:A:142:LYS:CG	0.52	2.33	8	3
1:A:7:GLN:HG2	1:A:50:ALA:CB	0.52	2.34	8	2
1:A:185:LYS:CB	1:A:258:ALA:HA	0.52	2.35	2	3
1:A:90:LEU:HD12	1:A:134:ALA:CB	0.52	2.34	5	1
1:A:191:PHE:CD2	1:A:256:LEU:HG	0.52	2.39	5	1
1:A:195:PHE:CZ	1:A:252:LEU:HB2	0.52	2.39	10	2
1:A:146:TYR:HA	1:A:149:LEU:HD22	0.52	1.82	1	1
1:A:96:GLN:HA	1:A:172:PRO:CG	0.52	2.30	3	3
1:A:91:LEU:HB3	1:A:134:ALA:CB	0.52	2.25	8	3
1:A:100:CYS:HB3	1:A:172:PRO:CB	0.52	2.34	6	3
1:A:81:VAL:HG13	1:A:82:LEU:N	0.52	2.20	7	7
1:A:178:LEU:H	1:A:178:LEU:CD2	0.52	2.18	9	1
1:A:126:PHE:HD1	1:A:126:PHE:C	0.52	2.07	7	1
1:A:195:PHE:CZ	1:A:252:LEU:CB	0.52	2.93	10	1
1:A:195:PHE:CZ	1:A:252:LEU:HD12	0.52	2.39	1	1
1:A:44:LEU:HD23	1:A:54:LEU:HD23	0.52	1.78	1	1
1:A:40:ILE:HG12	1:A:62:VAL:HA	0.52	1.82	7	7
1:A:126:PHE:CZ	1:A:167:MET:HE3	0.52	2.39	8	1
1:A:127:LEU:HD13	1:A:128:LYS:H	0.52	1.60	7	1
1:A:215:LEU:HD12	1:A:231:ILE:CG2	0.52	2.34	6	3
1:A:123:LEU:O	1:A:123:LEU:HD13	0.52	2.05	4	3
1:A:124:LYS:HE3	1:A:147:THR:CG2	0.52	2.35	5	1
1:A:215:LEU:HD13	1:A:231:ILE:C	0.52	2.25	3	2
1:A:91:LEU:CB	1:A:131:LEU:HB3	0.52	2.20	3	2
1:A:146:TYR:CD1	1:A:150:MET:HG3	0.52	2.40	3	2
1:A:104:MET:CG	1:A:164:LEU:HD11	0.52	2.27	3	1
1:A:182:GLN:O	1:A:185:LYS:HG2	0.52	2.04	10	2
1:A:16:PHE:CD1	1:A:16:PHE:C	0.52	2.80	2	4
1:A:208:GLU:O	1:A:235:LYS:HG3	0.52	2.05	9	5
1:A:73:ILE:O	1:A:73:ILE:HG13	0.52	2.04	9	1
1:A:212:ASP:O	1:A:216:LYS:HD2	0.52	2.05	5	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:181:PHE:O	1:A:184:ILE:HG22	0.52	2.03	10	2
1:A:138:VAL:HG22	1:A:142:LYS:CG	0.52	2.35	2	1
1:A:91:LEU:HD13	1:A:131:LEU:HA	0.52	1.81	2	1
1:A:39:LEU:CD1	1:A:78:LEU:HD21	0.52	2.35	4	1
1:A:80:HIS:CB	1:A:89:LEU:HD13	0.52	2.35	6	4
1:A:126:PHE:CE2	1:A:167:MET:HE3	0.52	2.40	8	1
1:A:136:LYS:C	1:A:137:THR:HG23	0.52	2.25	9	1
1:A:147:THR:HG23	1:A:148:ASP:N	0.52	2.19	3	5
1:A:181:PHE:CZ	1:A:218:LEU:CD1	0.52	2.93	7	1
1:A:61:PHE:CE2	1:A:65:TYR:CD2	0.52	2.98	4	3
1:A:75:ILE:O	1:A:79:ALA:HB3	0.52	2.04	3	2
1:A:76:VAL:HB	1:A:170:LEU:HD23	0.52	1.82	4	1
1:A:177:PHE:CG	1:A:234:TYR:CE2	0.52	2.97	4	1
1:A:7:GLN:HB2	1:A:52:LEU:CD1	0.52	2.32	3	1
1:A:151:LEU:HD12	1:A:161:LYS:O	0.52	2.04	1	2
1:A:79:ALA:HB1	1:A:89:LEU:CD2	0.52	2.35	9	2
1:A:62:VAL:O	1:A:66:GLY:HA3	0.52	2.04	6	10
1:A:154:PHE:HB3	1:A:166:GLU:HB3	0.52	1.81	8	1
1:A:243:ASP:HB2	1:A:248:TYR:CD1	0.52	2.40	8	1
1:A:131:LEU:HB3	1:A:138:VAL:CB	0.52	2.35	7	2
1:A:232:SER:O	1:A:236:LYS:HG3	0.52	2.05	7	1
1:A:127:LEU:C	1:A:127:LEU:HD22	0.52	2.25	5	1
1:A:205:TYR:CD2	1:A:248:TYR:CZ	0.52	2.97	2	1
1:A:16:PHE:HB2	1:A:84:THR:OG1	0.52	2.05	3	2
1:A:16:PHE:CZ	1:A:75:ILE:HA	0.52	2.39	3	1
1:A:247:LEU:CD1	1:A:249:ARG:HA	0.52	2.34	1	2
1:A:36:LEU:HD23	1:A:65:TYR:CB	0.52	2.30	1	2
1:A:30:TYR:OH	1:A:169:ARG:HA	0.52	2.05	4	4
1:A:154:PHE:CZ	1:A:165:THR:CB	0.52	2.93	8	1
1:A:162:LEU:CD1	1:A:166:GLU:OE2	0.52	2.53	3	2
1:A:104:MET:HB3	1:A:241:LEU:CD1	0.52	2.34	9	1
1:A:117:PHE:HB2	1:A:161:LYS:CE	0.52	2.35	9	2
1:A:142:LYS:HD2	1:A:142:LYS:H	0.52	1.64	5	1
1:A:214:LEU:HD11	1:A:256:LEU:HD22	0.52	1.82	5	1
1:A:222:ASN:HB3	1:A:225:GLU:HG3	0.52	1.82	2	1
1:A:218:LEU:CB	1:A:226:LEU:HD22	0.52	2.35	4	2
1:A:131:LEU:HD21	1:A:146:TYR:CE2	0.52	2.38	10	2
1:A:238:ILE:CG1	1:A:255:ILE:HG13	0.52	2.35	10	1
1:A:94:CYS:SG	1:A:130:LEU:HD23	0.52	2.44	3	1
1:A:247:LEU:HG	1:A:252:LEU:CG	0.51	2.35	1	1
1:A:95:GLN:OE1	1:A:170:LEU:HD21	0.51	2.05	8	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:44:LEU:HD11	1:A:62:VAL:HG11	0.51	1.82	8	1
1:A:195:PHE:CD1	1:A:249:ARG:HB3	0.51	2.40	9	2
1:A:104:MET:CG	1:A:164:LEU:HD21	0.51	2.35	9	2
1:A:104:MET:CE	1:A:240:ALA:HB3	0.51	2.35	6	2
1:A:76:VAL:CG2	1:A:96:GLN:NE2	0.51	2.72	4	1
1:A:195:PHE:CE2	1:A:206:ILE:HD12	0.51	2.41	1	1
1:A:212:ASP:N	1:A:235:LYS:HB2	0.51	2.20	1	1
1:A:215:LEU:HG	1:A:234:TYR:CB	0.51	2.35	1	1
1:A:205:TYR:OH	1:A:246:LYS:CB	0.51	2.59	8	5
1:A:154:PHE:HB2	1:A:166:GLU:HB3	0.51	1.78	8	1
1:A:211:LEU:HD21	1:A:247:LEU:HG	0.51	1.82	8	1
1:A:210:GLU:O	1:A:213:ALA:HB3	0.51	2.05	2	6
1:A:195:PHE:HE1	1:A:204:GLY:O	0.51	1.88	7	1
1:A:91:LEU:HD11	1:A:131:LEU:CB	0.51	2.34	7	1
1:A:7:GLN:CB	1:A:52:LEU:HD12	0.51	2.34	6	2
1:A:61:PHE:CD2	1:A:81:VAL:HG21	0.51	2.40	5	1
1:A:171:LEU:CD1	1:A:178:LEU:HD12	0.51	2.35	10	1
1:A:186:MET:HE2	1:A:218:LEU:HD11	0.51	1.81	10	1
1:A:154:PHE:HB2	1:A:166:GLU:HA	0.51	1.81	3	1
1:A:184:ILE:CG1	1:A:225:GLU:HG3	0.51	2.35	8	4
1:A:100:CYS:CB	1:A:172:PRO:HG2	0.51	2.34	6	2
1:A:118:ILE:HG22	1:A:119:GLU:H	0.51	1.65	3	3
1:A:184:ILE:HG13	1:A:226:LEU:HG	0.51	1.82	10	1
1:A:39:LEU:C	1:A:39:LEU:HD12	0.51	2.25	7	4
1:A:149:LEU:HD23	1:A:153:LEU:HD11	0.51	1.81	8	1
1:A:88:PHE:CZ	1:A:92:PHE:CE1	0.51	2.99	7	1
1:A:114:HIS:CD2	1:A:243:ASP:HB2	0.51	2.40	6	1
1:A:205:TYR:CD2	1:A:248:TYR:CD1	0.51	2.98	2	1
1:A:61:PHE:CD1	1:A:81:VAL:HG21	0.51	2.40	10	1
1:A:91:LEU:HB2	1:A:131:LEU:HD22	0.51	1.81	10	1
1:A:238:ILE:CG2	1:A:252:LEU:CD2	0.51	2.89	4	2
1:A:248:TYR:CD1	1:A:248:TYR:N	0.51	2.78	3	1
1:A:2:ALA:HB1	1:A:6:LEU:HD22	0.51	1.81	1	1
1:A:39:LEU:O	1:A:42:GLU:N	0.51	2.42	7	5
1:A:50:ALA:O	1:A:52:LEU:HD22	0.51	2.05	9	1
1:A:85:GLU:O	1:A:89:LEU:HG	0.51	2.06	1	1
1:A:55:SER:O	1:A:58:MET:N	0.51	2.44	8	6
1:A:118:ILE:HG13	1:A:123:LEU:HD23	0.51	1.83	6	3
1:A:186:MET:HE3	1:A:256:LEU:HB2	0.51	1.82	9	1
1:A:211:LEU:HD21	1:A:239:MET:N	0.51	2.21	9	4
1:A:127:LEU:HD21	1:A:143:LEU:CD1	0.51	2.30	7	2

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:177:PHE:HB2	1:A:181:PHE:CD2	0.51	2.41	7	3
1:A:228:ILE:O	1:A:228:ILE:HG13	0.51	2.04	7	3
1:A:1:MET:HE3	1:A:1:MET:HA	0.51	1.82	6	1
1:A:177:PHE:CZ	1:A:255:ILE:CG1	0.51	2.94	5	1
1:A:91:LEU:HD23	1:A:134:ALA:CB	0.51	2.35	2	1
1:A:171:LEU:HD21	1:A:176:ASN:CB	0.51	2.34	3	2
1:A:166:GLU:HA	1:A:169:ARG:HD2	0.51	1.82	10	1
1:A:39:LEU:HD13	1:A:78:LEU:HD21	0.51	1.82	4	1
1:A:95:GLN:HB2	1:A:96:GLN:OE1	0.51	2.06	4	1
1:A:31:LEU:HD12	1:A:36:LEU:CA	0.51	2.35	3	1
1:A:2:ALA:CA	1:A:19:ILE:HG23	0.51	2.36	1	5
1:A:237:ASN:O	1:A:240:ALA:N	0.51	2.43	1	9
1:A:30:TYR:CE2	1:A:74:GLY:CA	0.51	2.94	9	4
1:A:50:ALA:C	1:A:52:LEU:HD22	0.51	2.26	9	1
1:A:75:ILE:O	1:A:79:ALA:CB	0.51	2.59	5	6
1:A:154:PHE:CB	1:A:166:GLU:HA	0.51	2.36	3	1
1:A:12:THR:O	1:A:16:PHE:CB	0.51	2.58	8	1
1:A:36:LEU:HD22	1:A:39:LEU:HD12	0.51	1.82	8	1
1:A:172:PRO:O	1:A:176:ASN:HB3	0.51	2.05	9	1
1:A:198:TYR:CB	1:A:206:ILE:HD12	0.51	2.35	10	3
1:A:16:PHE:CD2	1:A:75:ILE:HG23	0.51	2.41	5	1
1:A:176:ASN:HB3	1:A:178:LEU:HG	0.51	1.83	10	1
1:A:85:GLU:CB	1:A:88:PHE:HB2	0.51	2.36	10	1
1:A:93:ARG:HA	1:A:96:GLN:HE22	0.51	1.66	4	1
1:A:107:TRP:HA	1:A:110:TYR:HH	0.51	1.65	3	1
1:A:123:LEU:CD2	1:A:126:PHE:CD2	0.51	2.93	1	6
1:A:243:ASP:O	1:A:246:LYS:O	0.51	2.29	1	2
1:A:181:PHE:CD1	1:A:256:LEU:HB3	0.51	2.41	1	2
1:A:43:LEU:HD11	1:A:58:MET:CE	0.51	2.36	10	4
1:A:118:ILE:N	1:A:118:ILE:HD13	0.51	2.20	7	2
1:A:179:LEU:HD21	1:A:180:LYS:CE	0.51	2.36	7	1
1:A:76:VAL:HA	1:A:92:PHE:CE2	0.51	2.41	7	1
1:A:211:LEU:HG	1:A:247:LEU:CD2	0.51	2.36	10	1
1:A:249:ARG:HA	1:A:252:LEU:HD23	0.51	1.83	10	1
1:A:6:LEU:CD2	1:A:19:ILE:HG21	0.51	2.36	4	1
1:A:79:ALA:O	1:A:82:LEU:HD12	0.51	2.06	7	4
1:A:107:TRP:CD2	1:A:118:ILE:HD11	0.51	2.41	7	2
1:A:232:SER:O	1:A:235:LYS:HG3	0.51	2.06	7	1
1:A:205:TYR:CE1	1:A:246:LYS:HE3	0.51	2.41	7	1
1:A:165:THR:O	1:A:169:ARG:HD2	0.51	2.06	2	2
1:A:110:TYR:CD2	1:A:126:PHE:CB	0.51	2.94	6	1

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:149:LEU:CD2	1:A:153:LEU:HD12	0.51	2.36	2	1
1:A:181:PHE:CD2	1:A:184:ILE:CG2	0.51	2.94	10	1
1:A:6:LEU:HD22	1:A:43:LEU:CD1	0.51	2.36	10	1
1:A:5:HIS:H	1:A:5:HIS:CD2	0.51	2.24	10	1
1:A:103:PHE:CE2	1:A:171:LEU:HB2	0.50	2.41	1	3
1:A:126:PHE:CZ	1:A:167:MET:CE	0.50	2.94	1	4
1:A:57:GLU:O	1:A:61:PHE:CB	0.50	2.58	4	5
1:A:14:SER:CB	1:A:149:LEU:HB2	0.50	2.36	8	5
1:A:16:PHE:CE1	1:A:75:ILE:HG23	0.50	2.42	8	1
1:A:249:ARG:CD	1:A:249:ARG:O	0.50	2.59	6	1
1:A:85:GLU:OE1	1:A:142:LYS:HB3	0.50	2.05	2	1
1:A:75:ILE:CG1	1:A:170:LEU:HG	0.50	2.36	10	1
1:A:195:PHE:CD2	1:A:249:ARG:HG3	0.50	2.42	1	2
1:A:85:GLU:CB	1:A:88:PHE:HB3	0.50	2.35	8	3
1:A:194:ALA:HB1	1:A:198:TYR:HE2	0.50	1.60	8	3
1:A:92:PHE:CD1	1:A:170:LEU:HD13	0.50	2.42	7	1
1:A:111:ASP:OD2	1:A:118:ILE:HD13	0.50	2.07	6	2
1:A:107:TRP:NE1	1:A:241:LEU:HD11	0.50	2.22	5	1
1:A:211:LEU:HD13	1:A:247:LEU:HD23	0.50	1.83	5	1
1:A:219:CYS:SG	1:A:228:ILE:HD13	0.50	2.46	2	1
1:A:184:ILE:HD12	1:A:218:LEU:HD12	0.50	1.81	10	1
1:A:215:LEU:HB3	1:A:231:ILE:HD13	0.50	1.82	3	1
1:A:110:TYR:OH	1:A:126:PHE:CE1	0.50	2.58	1	2
1:A:178:LEU:HD23	1:A:178:LEU:N	0.50	2.20	1	2
1:A:12:THR:HB	1:A:145:GLU:CG	0.50	2.37	4	2
1:A:10:LEU:CG	1:A:10:LEU:O	0.50	2.59	3	4
1:A:235:LYS:CE	1:A:239:MET:HG3	0.50	2.36	10	3
1:A:214:LEU:HD13	1:A:215:LEU:CA	0.50	2.35	9	1
1:A:238:ILE:HG21	1:A:252:LEU:HA	0.50	1.83	7	1
1:A:56:PRO:O	1:A:60:THR:HG23	0.50	2.06	7	1
1:A:94:CYS:CB	1:A:130:LEU:HD11	0.50	2.35	2	1
1:A:184:ILE:HG13	1:A:226:LEU:CG	0.50	2.36	10	1
1:A:85:GLU:O	1:A:89:LEU:HB2	0.50	2.06	4	2
1:A:249:ARG:CD	1:A:253:ALA:HB2	0.50	2.37	1	1
1:A:91:LEU:O	1:A:94:CYS:HB3	0.50	2.06	9	2
1:A:249:ARG:HG3	1:A:249:ARG:HH11	0.50	1.66	8	1
1:A:39:LEU:CD1	1:A:40:ILE:N	0.50	2.71	8	4
1:A:176:ASN:OD1	1:A:176:ASN:O	0.50	2.28	9	1
1:A:238:ILE:HD13	1:A:255:ILE:HG21	0.50	1.83	4	2
1:A:101:GLU:HG2	1:A:237:ASN:ND2	0.50	2.21	10	2
1:A:116:GLY:O	1:A:254:LEU:HD13	0.50	2.06	5	1

*Continued on next page...*



Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:227:ASP:O	1:A:231:ILE:CB	0.50	2.59	3	2
1:A:154:PHE:O	1:A:154:PHE:CG	0.50	2.64	3	1
1:A:23:PHE:CE1	1:A:39:LEU:HD22	0.50	2.42	3	3
1:A:56:PRO:HA	1:A:59:LYS:CG	0.50	2.37	2	6
1:A:179:LEU:HD13	1:A:179:LEU:C	0.50	2.27	9	1
1:A:249:ARG:HD2	1:A:252:LEU:CD1	0.50	2.35	9	1
1:A:205:TYR:CD2	1:A:246:LYS:CE	0.50	2.95	5	1
1:A:76:VAL:HG13	1:A:92:PHE:CD1	0.50	2.42	5	1
1:A:173:VAL:CG1	1:A:179:LEU:HB3	0.50	2.36	2	2
1:A:191:PHE:CE1	1:A:253:ALA:CA	0.50	2.92	10	1
1:A:171:LEU:CD2	1:A:176:ASN:OD1	0.50	2.60	4	1
1:A:75:ILE:HG12	1:A:169:ARG:HG3	0.50	1.83	4	1
1:A:186:MET:HE2	1:A:256:LEU:HD13	0.50	1.83	3	1
1:A:195:PHE:HA	1:A:198:TYR:HD2	0.50	1.66	1	3
1:A:242:SER:OG	1:A:247:LEU:HA	0.50	2.06	1	1
1:A:78:LEU:HG	1:A:81:VAL:CG1	0.50	2.37	1	1
1:A:146:TYR:CE1	1:A:150:MET:SD	0.50	3.05	3	2
1:A:107:TRP:HZ3	1:A:162:LEU:CD1	0.50	2.19	9	3
1:A:131:LEU:HD12	1:A:137:THR:CA	0.50	2.33	9	1
1:A:186:MET:HB3	1:A:190:GLU:CB	0.50	2.36	7	1
1:A:188:GLY:O	1:A:192:ASN:HB2	0.50	2.07	6	1
1:A:11:ILE:H	1:A:11:ILE:CD1	0.50	2.04	2	2
1:A:182:GLN:HA	1:A:185:LYS:HE3	0.50	1.82	2	1
1:A:92:PHE:CD1	1:A:170:LEU:HD22	0.50	2.42	2	1
1:A:17:PHE:CD2	1:A:21:LEU:HD13	0.50	2.42	10	1
1:A:32:GLU:HB2	1:A:35:GLU:CG	0.50	2.36	10	1
1:A:40:ILE:HG23	1:A:44:LEU:HD11	0.50	1.83	10	1
1:A:179:LEU:HD22	1:A:179:LEU:C	0.50	2.27	1	1
1:A:27:GLY:C	1:A:29:GLY:H	0.50	2.10	6	10
1:A:184:ILE:HG12	1:A:226:LEU:CD1	0.50	2.37	3	2
1:A:124:LYS:HD2	1:A:147:THR:OG1	0.50	2.06	6	2
1:A:152:LYS:N	1:A:152:LYS:HE2	0.50	2.21	8	1
1:A:214:LEU:HD13	1:A:214:LEU:C	0.50	2.26	9	1
1:A:104:MET:SD	1:A:241:LEU:HD21	0.50	2.46	7	1
1:A:13:ALA:O	1:A:17:PHE:CB	0.50	2.59	7	1
1:A:218:LEU:HA	1:A:221:LYS:HD3	0.50	1.84	7	1
1:A:87:ASN:HB3	1:A:136:LYS:HE3	0.50	1.84	6	1
1:A:95:GLN:HG2	1:A:103:PHE:CE1	0.50	2.41	4	1
1:A:231:ILE:O	1:A:234:TYR:HB2	0.50	2.07	3	2
1:A:34:LYS:O	1:A:37:GLN:N	0.50	2.44	7	9
1:A:218:LEU:HB3	1:A:226:LEU:CD1	0.50	2.37	6	6

Continued on next page...



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:146:TYR:O	1:A:149:LEU:CD1	0.50	2.59	2	5
1:A:87:ASN:HB2	1:A:142:LYS:CE	0.50	2.37	9	1
1:A:214:LEU:CD1	1:A:215:LEU:N	0.50	2.70	9	1
1:A:242:SER:HB2	1:A:247:LEU:CD2	0.50	2.35	6	2
1:A:177:PHE:CE1	1:A:234:TYR:HA	0.50	2.41	7	1
1:A:228:ILE:O	1:A:228:ILE:HG22	0.50	2.07	5	2
1:A:181:PHE:CE2	1:A:255:ILE:CG2	0.50	2.95	5	1
1:A:107:TRP:CH2	1:A:162:LEU:O	0.50	2.65	3	4
1:A:16:PHE:HZ	1:A:75:ILE:HG22	0.50	1.65	1	1
1:A:206:ILE:HG12	1:A:210:GLU:CB	0.50	2.36	1	2
1:A:20:TRP:CD1	1:A:21:LEU:N	0.50	2.80	5	10
1:A:11:ILE:O	1:A:84:THR:CB	0.50	2.60	3	8
1:A:128:LYS:CA	1:A:131:LEU:HD11	0.50	2.30	7	1
1:A:179:LEU:CD1	1:A:180:LYS:HD2	0.50	2.36	7	2
1:A:207:ASP:CA	1:A:246:LYS:CE	0.50	2.90	7	1
1:A:249:ARG:NH1	1:A:256:LEU:HD11	0.50	2.20	7	1
1:A:151:LEU:HD21	1:A:160:GLY:O	0.50	2.06	10	2
1:A:139:ASP:C	1:A:143:LEU:HD23	0.50	2.28	2	2
1:A:181:PHE:CD2	1:A:255:ILE:O	0.50	2.65	10	2
1:A:212:ASP:HA	1:A:215:LEU:CG	0.50	2.37	10	2
1:A:211:LEU:CD1	1:A:239:MET:N	0.50	2.75	10	1
1:A:5:HIS:N	1:A:5:HIS:CD2	0.50	2.80	3	2
1:A:247:LEU:HD22	1:A:248:TYR:H	0.49	1.67	1	2
1:A:211:LEU:CG	1:A:252:LEU:HD11	0.49	2.36	7	2
1:A:120:THR:O	1:A:124:LYS:CD	0.49	2.60	8	2
1:A:91:LEU:HB2	1:A:133:LYS:HE2	0.49	1.84	8	1
1:A:94:CYS:HB3	1:A:95:GLN:NE2	0.49	2.22	8	1
1:A:126:PHE:CD1	1:A:130:LEU:HG	0.49	2.42	9	1
1:A:166:GLU:CD	1:A:170:LEU:HD21	0.49	2.27	9	1
1:A:179:LEU:HD21	1:A:180:LYS:HE2	0.49	1.83	7	1
1:A:123:LEU:HD23	1:A:162:LEU:CB	0.49	2.36	6	3
1:A:254:LEU:HD12	1:A:255:ILE:H	0.49	1.65	6	1
1:A:184:ILE:HG12	1:A:225:GLU:CG	0.49	2.37	10	1
1:A:231:ILE:CG1	1:A:234:TYR:HD2	0.49	2.12	10	1
1:A:259:GLY:O	1:A:261:ASN:ND2	0.49	2.45	1	1
1:A:94:CYS:O	1:A:97:LEU:CD1	0.49	2.57	3	3
1:A:167:MET:C	1:A:171:LEU:HD23	0.49	2.26	8	1
1:A:118:ILE:HG13	1:A:123:LEU:CD2	0.49	2.37	3	5
1:A:119:GLU:CB	1:A:122:GLU:HB2	0.49	2.37	4	2
1:A:140:ASP:HA	1:A:143:LEU:CD2	0.49	2.37	10	1
1:A:171:LEU:HD12	1:A:176:ASN:ND2	0.49	2.21	10	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:44:LEU:HA	1:A:54:LEU:CD1	0.49	2.37	3	1
1:A:211:LEU:CD2	1:A:239:MET:N	0.49	2.76	1	2
1:A:47:ARG:HD3	1:A:52:LEU:O	0.49	2.07	1	1
1:A:120:THR:O	1:A:124:LYS:HB2	0.49	2.06	8	3
1:A:95:GLN:HB2	1:A:170:LEU:CD1	0.49	2.37	8	1
1:A:88:PHE:O	1:A:92:PHE:HB2	0.49	2.08	6	3
1:A:100:CYS:HB2	1:A:176:ASN:HB3	0.49	1.82	7	2
1:A:91:LEU:CD2	1:A:131:LEU:HA	0.49	2.36	6	1
1:A:47:ARG:HD3	1:A:54:LEU:HD12	0.49	1.82	5	2
1:A:130:LEU:HA	1:A:133:LYS:CE	0.49	2.37	5	1
1:A:61:PHE:CD2	1:A:81:VAL:CG2	0.49	2.95	5	1
1:A:107:TRP:HA	1:A:110:TYR:CE1	0.49	2.41	3	1
1:A:91:LEU:HD21	1:A:142:LYS:CE	0.49	2.37	3	1
1:A:242:SER:OG	1:A:247:LEU:CA	0.49	2.60	1	1
1:A:177:PHE:HE2	1:A:255:ILE:CG1	0.49	2.20	6	3
1:A:10:LEU:O	1:A:10:LEU:CG	0.49	2.60	6	5
1:A:47:ARG:CG	1:A:52:LEU:O	0.49	2.58	9	4
1:A:131:LEU:N	1:A:131:LEU:HD12	0.49	2.21	7	1
1:A:205:TYR:CD1	1:A:205:TYR:O	0.49	2.66	7	1
1:A:179:LEU:HD12	1:A:180:LYS:N	0.49	2.22	5	1
1:A:7:GLN:OE1	1:A:47:ARG:NH1	0.49	2.45	5	1
1:A:211:LEU:CD1	1:A:252:LEU:HD21	0.49	2.38	2	1
1:A:75:ILE:CB	1:A:170:LEU:HG	0.49	2.37	10	1
1:A:85:GLU:HB3	1:A:88:PHE:CB	0.49	2.27	9	2
1:A:154:PHE:O	1:A:154:PHE:HD1	0.49	1.89	6	2
1:A:110:TYR:CD2	1:A:126:PHE:CG	0.49	3.00	4	2
1:A:95:GLN:HG2	1:A:167:MET:CG	0.49	2.37	5	1
1:A:104:MET:HE3	1:A:241:LEU:CD1	0.49	2.34	4	1
1:A:114:HIS:HB3	1:A:251:ASP:OD1	0.49	2.06	3	1
1:A:91:LEU:HD13	1:A:131:LEU:CD1	0.49	2.30	3	1
1:A:92:PHE:C	1:A:92:PHE:CD1	0.49	2.85	6	2
1:A:107:TRP:CE3	1:A:118:ILE:HD11	0.49	2.42	9	2
1:A:118:ILE:HG22	1:A:123:LEU:N	0.49	2.23	7	1
1:A:239:MET:HE1	1:A:242:SER:HB3	0.49	1.85	7	1
1:A:59:LYS:O	1:A:63:ASP:HB2	0.49	2.07	7	1
1:A:177:PHE:HD2	1:A:181:PHE:CB	0.49	2.19	6	1
1:A:242:SER:HB2	1:A:247:LEU:CD1	0.49	2.36	5	1
1:A:15:GLN:O	1:A:19:ILE:HD12	0.49	2.08	10	1
1:A:215:LEU:O	1:A:231:ILE:HD13	0.49	2.07	10	1
1:A:242:SER:CB	1:A:247:LEU:HG	0.49	2.37	10	1
1:A:76:VAL:CB	1:A:96:GLN:NE2	0.49	2.75	4	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:94:CYS:SG	1:A:130:LEU:HD22	0.49	2.47	4	1
1:A:131:LEU:CD1	1:A:138:VAL:HG22	0.49	2.37	1	1
1:A:91:LEU:HB3	1:A:130:LEU:HD12	0.49	1.83	5	2
1:A:75:ILE:O	1:A:79:ALA:N	0.49	2.37	9	5
1:A:88:PHE:C	1:A:88:PHE:CD1	0.49	2.85	9	4
1:A:7:GLN:HG2	1:A:46:ALA:HB1	0.49	1.84	9	2
1:A:40:ILE:CD1	1:A:65:TYR:HB2	0.49	2.36	8	2
1:A:5:HIS:CG	1:A:19:ILE:HD11	0.49	2.43	6	1
1:A:233:THR:O	1:A:236:LYS:HB2	0.49	2.08	10	4
1:A:127:LEU:HD13	1:A:127:LEU:N	0.49	2.22	5	1
1:A:191:PHE:CZ	1:A:195:PHE:CD1	0.49	3.01	5	1
1:A:36:LEU:CD2	1:A:65:TYR:HB3	0.49	2.38	4	3
1:A:217:ASP:O	1:A:221:LYS:HG3	0.49	2.06	4	1
1:A:80:HIS:CE1	1:A:86:GLU:HG3	0.49	2.43	4	1
1:A:198:TYR:HB3	1:A:210:GLU:CG	0.49	2.38	3	1
1:A:93:ARG:HB2	1:A:96:GLN:NE2	0.49	2.23	3	1
1:A:208:GLU:HA	1:A:211:LEU:HD13	0.49	1.85	1	1
1:A:211:LEU:O	1:A:215:LEU:CD2	0.49	2.61	1	3
1:A:43:LEU:HD11	1:A:58:MET:HE2	0.49	1.82	1	1
1:A:36:LEU:HD21	1:A:65:TYR:CB	0.49	2.34	3	3
1:A:214:LEU:HG	1:A:249:ARG:NH2	0.49	2.22	7	1
1:A:36:LEU:HD12	1:A:39:LEU:CD2	0.49	2.38	5	2
1:A:222:ASN:O	1:A:226:LEU:N	0.49	2.45	2	3
1:A:20:TRP:CD1	1:A:20:TRP:C	0.49	2.87	5	4
1:A:177:PHE:CE2	1:A:238:ILE:HG12	0.49	2.42	9	1
1:A:36:LEU:O	1:A:39:LEU:HG	0.49	2.08	9	2
1:A:52:LEU:N	1:A:52:LEU:HD22	0.49	2.23	9	1
1:A:138:VAL:HG12	1:A:143:LEU:N	0.49	2.23	7	1
1:A:246:LYS:NZ	1:A:246:LYS:CB	0.49	2.75	7	1
1:A:186:MET:HE1	1:A:218:LEU:HG	0.49	1.84	5	1
1:A:185:LYS:HB3	1:A:258:ALA:N	0.49	2.23	2	1
1:A:11:ILE:HG22	1:A:15:GLN:HB3	0.49	1.83	10	1
1:A:211:LEU:HD21	1:A:238:ILE:CG2	0.49	2.38	10	1
1:A:16:PHE:CD2	1:A:79:ALA:HB2	0.49	2.42	3	2
1:A:16:PHE:HE2	1:A:75:ILE:HG13	0.49	1.68	3	1
1:A:151:LEU:HD12	1:A:161:LYS:C	0.49	2.28	1	2
1:A:176:ASN:OD1	1:A:179:LEU:HD12	0.49	2.08	1	1
1:A:207:ASP:N	1:A:246:LYS:HE3	0.49	2.22	8	5
1:A:59:LYS:CA	1:A:62:VAL:HG22	0.49	2.38	7	2
1:A:80:HIS:ND1	1:A:89:LEU:HD13	0.49	2.22	7	1
1:A:6:LEU:HD13	1:A:43:LEU:HA	0.49	1.85	10	2

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:41:GLN:HA	1:A:44:LEU:HD12	0.49	1.84	5	1
1:A:130:LEU:CD1	1:A:167:MET:HE2	0.49	2.37	10	1
1:A:93:ARG:HA	1:A:95:GLN:OE1	0.49	2.08	10	1
1:A:11:ILE:O	1:A:84:THR:CG2	0.49	2.59	3	3
1:A:180:LYS:HE2	1:A:225:GLU:O	0.49	2.08	4	1
1:A:208:GLU:O	1:A:235:LYS:CG	0.48	2.61	1	3
1:A:171:LEU:HB3	1:A:176:ASN:ND2	0.48	2.23	8	1
1:A:188:GLY:HA2	1:A:191:PHE:HD2	0.48	1.68	7	3
1:A:146:TYR:HA	1:A:149:LEU:CD2	0.48	2.38	7	1
1:A:23:PHE:CD1	1:A:39:LEU:CB	0.48	2.96	7	2
1:A:176:ASN:HB2	1:A:178:LEU:CD2	0.48	2.38	5	1
1:A:208:GLU:CB	1:A:239:MET:SD	0.48	3.01	2	1
1:A:255:ILE:HG22	1:A:256:LEU:HD13	0.48	1.83	2	1
1:A:252:LEU:HD22	1:A:252:LEU:H	0.48	1.68	10	1
1:A:23:PHE:HD1	1:A:31:LEU:HD21	0.48	1.66	4	1
1:A:89:LEU:HD23	1:A:92:PHE:CD1	0.48	2.42	4	1
1:A:242:SER:HA	1:A:251:ASP:OD2	0.48	2.08	1	1
1:A:147:THR:CG2	1:A:148:ASP:N	0.48	2.76	2	7
1:A:185:LYS:HB2	1:A:258:ALA:CB	0.48	2.38	8	2
1:A:138:VAL:CG1	1:A:138:VAL:O	0.48	2.61	9	2
1:A:91:LEU:HD12	1:A:91:LEU:C	0.48	2.29	9	1
1:A:211:LEU:HD11	1:A:238:ILE:HB	0.48	1.83	10	2
1:A:188:GLY:O	1:A:191:PHE:CD2	0.48	2.61	10	5
1:A:58:MET:CG	1:A:81:VAL:O	0.48	2.61	7	1
1:A:104:MET:HB2	1:A:241:LEU:HD21	0.48	1.84	6	1
1:A:138:VAL:HA	1:A:142:LYS:HD3	0.48	1.83	5	1
1:A:106:THR:HG22	1:A:130:LEU:HG	0.48	1.84	10	1
1:A:191:PHE:CD1	1:A:253:ALA:CB	0.48	2.95	4	1
1:A:231:ILE:HG12	1:A:234:TYR:CD2	0.48	2.42	3	1
1:A:39:LEU:HD22	1:A:40:ILE:N	0.48	2.24	8	1
1:A:208:GLU:HB2	1:A:235:LYS:HE3	0.48	1.84	6	2
1:A:11:ILE:O	1:A:84:THR:OG1	0.48	2.31	6	2
1:A:10:LEU:C	1:A:84:THR:O	0.48	2.52	6	3
1:A:150:MET:HA	1:A:166:GLU:OE2	0.48	2.07	5	1
1:A:103:PHE:CE2	1:A:171:LEU:CD1	0.48	2.95	10	1
1:A:107:TRP:HH2	1:A:162:LEU:O	0.48	1.91	4	1
1:A:126:PHE:CE1	1:A:130:LEU:HD11	0.48	2.43	3	1
1:A:126:PHE:O	1:A:130:LEU:HD12	0.48	2.08	3	1
1:A:171:LEU:HB2	1:A:172:PRO:HD3	0.48	1.85	1	1
1:A:95:GLN:CB	1:A:171:LEU:HA	0.48	2.36	1	1
1:A:20:TRP:CH2	1:A:30:TYR:HA	0.48	2.44	5	4

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:94:CYS:HA	1:A:97:LEU:HB3	0.48	1.84	9	1
1:A:60:THR:O	1:A:64:GLN:HB2	0.48	2.08	7	1
1:A:107:TRP:HB2	1:A:167:MET:HE1	0.48	1.84	4	2
1:A:128:LYS:O	1:A:131:LEU:HD11	0.48	2.06	2	1
1:A:30:TYR:CB	1:A:72:LYS:HG2	0.48	2.38	4	1
1:A:241:LEU:HD23	1:A:254:LEU:HD11	0.48	1.84	3	1
1:A:211:LEU:HG	1:A:252:LEU:CD1	0.48	2.39	1	1
1:A:91:LEU:C	1:A:91:LEU:HD12	0.48	2.29	8	1
1:A:179:LEU:HD21	1:A:180:LYS:HD2	0.48	1.85	10	2
1:A:124:LYS:HA	1:A:147:THR:HG1	0.48	1.66	6	1
1:A:40:ILE:HG21	1:A:62:VAL:HG23	0.48	1.85	2	2
1:A:154:PHE:CD2	1:A:163:GLU:HB3	0.48	2.40	5	1
1:A:249:ARG:HD3	1:A:253:ALA:HB2	0.48	1.83	5	1
1:A:206:ILE:HG23	1:A:210:GLU:HB2	0.48	1.84	4	1
1:A:191:PHE:CE2	1:A:253:ALA:CA	0.48	2.85	5	2
1:A:164:LEU:HB2	1:A:254:LEU:HB2	0.48	1.84	8	1
1:A:31:LEU:HD11	1:A:39:LEU:CG	0.48	2.38	8	1
1:A:163:GLU:HG3	1:A:254:LEU:CB	0.48	2.39	9	1
1:A:177:PHE:CD1	1:A:178:LEU:CD2	0.48	2.95	9	1
1:A:218:LEU:HB2	1:A:226:LEU:CG	0.48	2.25	9	1
1:A:249:ARG:HA	1:A:252:LEU:HG	0.48	1.86	9	1
1:A:184:ILE:O	1:A:185:LYS:C	0.48	2.51	2	5
1:A:136:LYS:O	1:A:137:THR:HB	0.48	2.08	5	1
1:A:191:PHE:CE1	1:A:249:ARG:CG	0.48	2.96	5	1
1:A:75:ILE:HB	1:A:170:LEU:HB2	0.48	1.83	2	1
1:A:194:ALA:HB1	1:A:198:TYR:HD2	0.48	1.64	2	1
1:A:17:PHE:CB	1:A:153:LEU:HD11	0.48	2.39	3	1
1:A:150:MET:O	1:A:162:LEU:CD2	0.48	2.61	1	4
1:A:16:PHE:CZ	1:A:75:ILE:CG2	0.48	2.97	1	2
1:A:216:LYS:HD2	1:A:231:ILE:CG2	0.48	2.38	9	1
1:A:239:MET:HE1	1:A:247:LEU:HB2	0.48	1.86	7	2
1:A:195:PHE:CE1	1:A:249:ARG:HB2	0.48	2.43	7	1
1:A:184:ILE:CG1	1:A:225:GLU:HB2	0.48	2.38	4	2
1:A:131:LEU:HD11	1:A:146:TYR:HD2	0.48	1.68	10	1
1:A:162:LEU:HD11	1:A:166:GLU:CD	0.48	2.29	3	1
1:A:191:PHE:CE2	1:A:253:ALA:HB1	0.48	2.43	3	1
1:A:56:PRO:O	1:A:60:THR:HB	0.48	2.09	9	8
1:A:36:LEU:HD11	1:A:73:ILE:CD1	0.48	2.39	10	3
1:A:31:LEU:HD13	1:A:36:LEU:CD2	0.48	2.39	8	1
1:A:93:ARG:O	1:A:96:GLN:N	0.48	2.47	4	6
1:A:219:CYS:CA	1:A:226:LEU:HD12	0.48	2.39	9	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:247:LEU:CG	1:A:252:LEU:CD2	0.48	2.88	9	1
1:A:191:PHE:CZ	1:A:249:ARG:CD	0.48	2.93	10	2
1:A:92:PHE:CE2	1:A:170:LEU:CD2	0.48	2.96	5	1
1:A:191:PHE:O	1:A:195:PHE:HD1	0.48	1.92	3	1
1:A:79:ALA:HA	1:A:82:LEU:HD11	0.48	1.85	3	1
1:A:208:GLU:CB	1:A:239:MET:HG2	0.48	2.39	1	1
1:A:46:ALA:O	1:A:50:ALA:CB	0.48	2.62	7	3
1:A:7:GLN:HG3	1:A:46:ALA:O	0.48	2.09	9	1
1:A:137:THR:O	1:A:138:VAL:C	0.48	2.52	5	2
1:A:205:TYR:HH	1:A:246:LYS:C	0.48	2.10	6	1
1:A:78:LEU:HD13	1:A:82:LEU:HD23	0.48	1.85	6	2
1:A:130:LEU:HA	1:A:133:LYS:HE2	0.48	1.85	5	1
1:A:61:PHE:CD1	1:A:65:TYR:HB2	0.48	2.44	5	1
1:A:92:PHE:CE2	1:A:170:LEU:HG	0.48	2.44	5	1
1:A:127:LEU:CD1	1:A:143:LEU:HD13	0.48	2.38	4	1
1:A:76:VAL:HB	1:A:170:LEU:CD2	0.48	2.38	4	1
1:A:61:PHE:HE2	1:A:77:GLU:HG3	0.48	1.68	4	1
1:A:154:PHE:CE2	1:A:163:GLU:HG2	0.48	2.44	5	4
1:A:253:ALA:O	1:A:257:SER:CB	0.48	2.62	6	4
1:A:104:MET:HE3	1:A:240:ALA:HB3	0.48	1.84	5	1
1:A:211:LEU:CD2	1:A:238:ILE:HB	0.48	2.36	5	1
1:A:123:LEU:HD22	1:A:126:PHE:CD1	0.48	2.43	10	2
1:A:101:GLU:HG2	1:A:237:ASN:HD21	0.48	1.68	10	1
1:A:1:MET:C	1:A:1:MET:HE3	0.47	2.29	1	1
1:A:44:LEU:CD2	1:A:54:LEU:CD2	0.47	2.89	1	1
1:A:13:ALA:HB2	1:A:88:PHE:HZ	0.47	1.68	9	2
1:A:85:GLU:OE1	1:A:142:LYS:HA	0.47	2.08	9	1
1:A:117:PHE:O	1:A:161:LYS:HD3	0.47	2.08	7	1
1:A:88:PHE:CD2	1:A:146:TYR:CG	0.47	3.02	6	2
1:A:228:ILE:HA	1:A:231:ILE:HG13	0.47	1.85	6	1
1:A:16:PHE:HE1	1:A:78:LEU:HD12	0.47	1.67	2	4
1:A:93:ARG:HA	1:A:96:GLN:HG2	0.47	1.86	5	1
1:A:17:PHE:CD2	1:A:153:LEU:CD2	0.47	2.96	2	1
1:A:116:GLY:C	1:A:254:LEU:HD22	0.47	2.28	2	1
1:A:197:LEU:HD13	1:A:197:LEU:O	0.47	2.07	10	1
1:A:36:LEU:HG	1:A:39:LEU:CD2	0.47	2.39	4	1
1:A:171:LEU:CB	1:A:172:PRO:CD	0.47	2.92	1	5
1:A:177:PHE:N	1:A:177:PHE:CD1	0.47	2.80	1	2
1:A:186:MET:HE2	1:A:218:LEU:HD21	0.47	1.84	1	1
1:A:237:ASN:O	1:A:240:ALA:HB3	0.47	2.09	7	2
1:A:117:PHE:CA	1:A:162:LEU:O	0.47	2.62	7	5

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:131:LEU:CD1	1:A:138:VAL:HB	0.47	2.39	8	2
1:A:154:PHE:HD2	1:A:166:GLU:HB2	0.47	1.67	9	1
1:A:16:PHE:O	1:A:20:TRP:HB3	0.47	2.09	9	1
1:A:243:ASP:HB3	1:A:248:TYR:CE1	0.47	2.44	5	4
1:A:205:TYR:CE1	1:A:246:LYS:CE	0.47	2.97	7	2
1:A:148:ASP:O	1:A:152:LYS:N	0.47	2.43	10	3
1:A:251:ASP:O	1:A:254:LEU:CG	0.47	2.62	2	2
1:A:5:HIS:O	1:A:11:ILE:HD12	0.47	2.09	2	1
1:A:124:LYS:O	1:A:127:LEU:CD2	0.47	2.62	4	4
1:A:171:LEU:HG	1:A:178:LEU:CD1	0.47	2.39	10	1
1:A:124:LYS:O	1:A:127:LEU:HD21	0.47	2.10	4	1
1:A:131:LEU:HD12	1:A:138:VAL:CB	0.47	2.38	3	1
1:A:235:LYS:HE2	1:A:236:LYS:CA	0.47	2.38	4	2
1:A:20:TRP:CE3	1:A:78:LEU:CB	0.47	2.97	4	2
1:A:218:LEU:CA	1:A:221:LYS:HG2	0.47	2.39	2	1
1:A:110:TYR:CD1	1:A:126:PHE:CB	0.47	2.97	10	2
1:A:43:LEU:HG	1:A:58:MET:CE	0.47	2.40	4	1
1:A:92:PHE:CD2	1:A:146:TYR:CE1	0.47	3.02	9	2
1:A:205:TYR:CD2	1:A:246:LYS:CD	0.47	2.92	4	2
1:A:154:PHE:CZ	1:A:163:GLU:CB	0.47	2.93	6	5
1:A:6:LEU:CD1	1:A:43:LEU:HA	0.47	2.39	6	1
1:A:7:GLN:NE2	1:A:47:ARG:HA	0.47	2.24	5	1
1:A:191:PHE:CE1	1:A:249:ARG:HD2	0.47	2.45	4	1
1:A:44:LEU:CD2	1:A:62:VAL:HG11	0.47	2.30	4	1
1:A:150:MET:C	1:A:166:GLU:HG3	0.47	2.30	3	1
1:A:177:PHE:CE2	1:A:178:LEU:CD2	0.47	2.98	1	1
1:A:177:PHE:CE1	1:A:237:ASN:CB	0.47	2.97	10	3
1:A:111:ASP:OD2	1:A:117:PHE:N	0.47	2.47	9	1
1:A:16:PHE:HZ	1:A:75:ILE:HG23	0.47	1.63	9	1
1:A:40:ILE:CG1	1:A:62:VAL:HG12	0.47	2.40	7	1
1:A:80:HIS:CG	1:A:89:LEU:HD13	0.47	2.44	7	2
1:A:177:PHE:HB2	1:A:181:PHE:HB2	0.47	1.86	6	2
1:A:254:LEU:CD1	1:A:255:ILE:HD12	0.47	2.39	6	1
1:A:238:ILE:HG23	1:A:255:ILE:CG1	0.47	2.40	4	1
1:A:6:LEU:O	1:A:83:PRO:HD2	0.47	2.09	3	1
1:A:151:LEU:N	1:A:151:LEU:CD1	0.47	2.78	1	1
1:A:16:PHE:HB3	1:A:84:THR:OG1	0.47	2.08	1	1
1:A:88:PHE:CE1	1:A:92:PHE:CD2	0.47	3.02	1	1
1:A:1:MET:CE	1:A:2:ALA:N	0.47	2.78	6	3
1:A:212:ASP:HB2	1:A:235:LYS:HG3	0.47	1.86	5	3
1:A:208:GLU:CB	1:A:239:MET:HG3	0.47	2.40	6	1

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:238:ILE:CG2	1:A:252:LEU:CD1	0.47	2.92	2	2
1:A:200:GLN:HG2	1:A:210:GLU:OE1	0.47	2.09	2	1
1:A:65:TYR:CE1	1:A:73:ILE:CG2	0.47	2.98	3	2
1:A:91:LEU:HD21	1:A:136:LYS:HD2	0.47	1.87	4	1
1:A:241:LEU:CD2	1:A:254:LEU:HD12	0.47	2.40	4	1
1:A:228:ILE:CA	1:A:231:ILE:HB	0.47	2.39	3	1
1:A:195:PHE:CE1	1:A:252:LEU:HD12	0.47	2.45	1	1
1:A:44:LEU:CG	1:A:62:VAL:HG21	0.47	2.40	3	3
1:A:127:LEU:CD2	1:A:147:THR:CB	0.47	2.92	4	2
1:A:205:TYR:CE1	1:A:247:LEU:C	0.47	2.88	6	3
1:A:1:MET:HE3	1:A:5:HIS:ND1	0.47	2.25	8	1
1:A:166:GLU:O	1:A:169:ARG:HB2	0.47	2.09	8	1
1:A:198:TYR:CE2	1:A:214:LEU:HD23	0.47	2.44	7	2
1:A:206:ILE:O	1:A:247:LEU:O	0.47	2.32	4	4
1:A:138:VAL:HG22	1:A:142:LYS:HB3	0.47	1.85	9	1
1:A:136:LYS:O	1:A:137:THR:CB	0.47	2.61	5	2
1:A:31:LEU:HG	1:A:39:LEU:CD2	0.47	2.40	7	1
1:A:195:PHE:CE2	1:A:250:THR:N	0.47	2.83	2	3
1:A:179:LEU:HD12	1:A:180:LYS:HD2	0.47	1.85	6	1
1:A:7:GLN:HE22	1:A:46:ALA:CB	0.47	2.23	6	1
1:A:205:TYR:CE1	1:A:247:LEU:O	0.47	2.67	5	1
1:A:102:GLU:HA	1:A:105:LYS:HD2	0.47	1.86	10	1
1:A:232:SER:O	1:A:235:LYS:CG	0.47	2.63	10	1
1:A:16:PHE:CE1	1:A:79:ALA:N	0.47	2.83	10	1
1:A:215:LEU:CD1	1:A:231:ILE:HG23	0.47	2.40	10	1
1:A:180:LYS:HE3	1:A:225:GLU:HA	0.47	1.84	4	1
1:A:30:TYR:CZ	1:A:173:VAL:HG11	0.47	2.44	4	1
1:A:191:PHE:CD2	1:A:257:SER:HB3	0.47	2.45	3	1
1:A:55:SER:O	1:A:59:LYS:HG2	0.47	2.10	3	1
1:A:91:LEU:HD11	1:A:131:LEU:HD12	0.47	1.86	1	2
1:A:26:ASP:O	1:A:28:SER:N	0.47	2.47	5	10
1:A:123:LEU:O	1:A:126:PHE:N	0.47	2.48	7	3
1:A:100:CYS:SG	1:A:101:GLU:HG3	0.47	2.49	9	1
1:A:10:LEU:O	1:A:10:LEU:CD2	0.47	2.63	7	1
1:A:212:ASP:HA	1:A:235:LYS:HB3	0.47	1.87	7	2
1:A:23:PHE:HE1	1:A:31:LEU:HD21	0.47	1.69	2	1
1:A:106:THR:HG21	1:A:130:LEU:CD2	0.47	2.39	10	1
1:A:76:VAL:HG22	1:A:92:PHE:CZ	0.47	2.45	10	1
1:A:31:LEU:CD1	1:A:73:ILE:HD11	0.47	2.40	4	1
1:A:104:MET:CB	1:A:241:LEU:HD11	0.47	2.39	3	1
1:A:195:PHE:CZ	1:A:247:LEU:HD12	0.47	2.44	1	1

*Continued on next page...*



Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:195:PHE:CD2	1:A:249:ARG:HB2	0.47	2.44	6	2
1:A:236:LYS:O	1:A:239:MET:HB2	0.47	2.10	4	3
1:A:181:PHE:HE2	1:A:256:LEU:HB3	0.47	1.69	9	1
1:A:39:LEU:HD11	1:A:78:LEU:CD2	0.47	2.38	6	1
1:A:127:LEU:CD1	1:A:131:LEU:HD11	0.47	2.40	3	2
1:A:61:PHE:CZ	1:A:65:TYR:CD2	0.47	3.03	3	3
1:A:1:MET:HE2	1:A:1:MET:C	0.47	2.29	5	1
1:A:168:ALA:C	1:A:171:LEU:HD12	0.47	2.30	2	1
1:A:170:LEU:HD23	1:A:170:LEU:O	0.47	2.10	4	1
1:A:131:LEU:O	1:A:134:ALA:HB3	0.47	2.09	3	1
1:A:207:ASP:HB2	1:A:246:LYS:NZ	0.47	2.25	3	1
1:A:43:LEU:CD2	1:A:58:MET:HB3	0.47	2.39	8	2
1:A:104:MET:HE3	1:A:241:LEU:HG	0.47	1.86	8	1
1:A:215:LEU:CD1	1:A:235:LYS:N	0.47	2.78	7	3
1:A:238:ILE:HG22	1:A:252:LEU:HG	0.47	1.85	6	1
1:A:20:TRP:O	1:A:23:PHE:CE1	0.47	2.68	5	2
1:A:61:PHE:CZ	1:A:78:LEU:CD2	0.47	2.97	5	1
1:A:117:PHE:O	1:A:161:LYS:HE2	0.47	2.10	2	1
1:A:205:TYR:CB	1:A:248:TYR:HA	0.47	2.39	2	1
1:A:210:GLU:O	1:A:213:ALA:N	0.47	2.48	2	2
1:A:93:ARG:HA	1:A:96:GLN:NE2	0.47	2.24	4	1
1:A:108:ARG:HG2	1:A:114:HIS:CE1	0.47	2.45	3	1
1:A:154:PHE:HD1	1:A:165:THR:HB	0.47	1.67	3	1
1:A:195:PHE:CE2	1:A:206:ILE:HB	0.46	2.45	1	1
1:A:78:LEU:HG	1:A:81:VAL:HG11	0.46	1.86	9	2
1:A:107:TRP:CE3	1:A:167:MET:SD	0.46	3.08	8	1
1:A:143:LEU:O	1:A:147:THR:HB	0.46	2.10	8	1
1:A:100:CYS:N	1:A:172:PRO:HG2	0.46	2.25	8	1
1:A:31:LEU:HB2	1:A:73:ILE:HG13	0.46	1.87	8	3
1:A:97:LEU:C	1:A:97:LEU:HD12	0.46	2.30	8	1
1:A:6:LEU:HD11	1:A:82:LEU:HB3	0.46	1.87	9	1
1:A:179:LEU:C	1:A:179:LEU:HD13	0.46	2.31	6	2
1:A:90:LEU:O	1:A:90:LEU:HD13	0.46	2.10	5	1
1:A:238:ILE:HG23	1:A:252:LEU:HD12	0.46	1.87	2	1
1:A:191:PHE:CE2	1:A:257:SER:HB3	0.46	2.45	3	1
1:A:211:LEU:HD11	1:A:252:LEU:HD11	0.46	1.87	1	1
1:A:20:TRP:C	1:A:20:TRP:CD1	0.46	2.89	10	5
1:A:168:ALA:HA	1:A:171:LEU:HB2	0.46	1.87	10	2
1:A:118:ILE:HD13	1:A:118:ILE:N	0.46	2.25	9	1
1:A:16:PHE:C	1:A:16:PHE:CD1	0.46	2.88	9	3
1:A:78:LEU:HA	1:A:81:VAL:HG12	0.46	1.87	10	2

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:40:ILE:CG2	1:A:62:VAL:CB	0.46	2.94	10	2
1:A:150:MET:O	1:A:162:LEU:HD23	0.46	2.11	2	1
1:A:78:LEU:O	1:A:82:LEU:HD23	0.46	2.09	2	1
1:A:17:PHE:CD1	1:A:75:ILE:CD1	0.46	2.97	10	1
1:A:211:LEU:CD2	1:A:235:LYS:O	0.46	2.63	1	2
1:A:191:PHE:CZ	1:A:253:ALA:HA	0.46	2.41	5	2
1:A:7:GLN:O	1:A:8:SER:HB3	0.46	2.10	8	1
1:A:131:LEU:HD23	1:A:138:VAL:HB	0.46	1.85	7	1
1:A:110:TYR:C	1:A:112:THR:H	0.46	2.13	5	2
1:A:100:CYS:HB2	1:A:176:ASN:ND2	0.46	2.26	6	1
1:A:107:TRP:HE1	1:A:241:LEU:CD1	0.46	2.23	5	1
1:A:171:LEU:HD12	1:A:178:LEU:HD12	0.46	1.88	10	1
1:A:17:PHE:CE1	1:A:20:TRP:NE1	0.46	2.84	10	1
1:A:61:PHE:CD1	1:A:81:VAL:CG2	0.46	2.99	10	1
1:A:134:ALA:O	1:A:135:ASN:HB2	0.46	2.09	4	1
1:A:112:THR:C	1:A:114:HIS:N	0.46	2.69	8	4
1:A:151:LEU:N	1:A:151:LEU:HD12	0.46	2.26	8	1
1:A:254:LEU:H	1:A:254:LEU:CD1	0.46	2.14	8	2
1:A:108:ARG:HA	1:A:111:ASP:HB2	0.46	1.88	2	2
1:A:195:PHE:CA	1:A:249:ARG:HD2	0.46	2.41	7	1
1:A:17:PHE:CD1	1:A:20:TRP:NE1	0.46	2.83	10	3
1:A:59:LYS:HA	1:A:62:VAL:CG1	0.46	2.41	6	2
1:A:123:LEU:C	1:A:123:LEU:HD13	0.46	2.30	2	3
1:A:61:PHE:CD1	1:A:65:TYR:CD2	0.46	3.04	5	2
1:A:131:LEU:CD2	1:A:138:VAL:O	0.46	2.63	2	1
1:A:241:LEU:HB3	1:A:251:ASP:CG	0.46	2.31	3	1
1:A:234:TYR:O	1:A:238:ILE:CG1	0.46	2.62	1	1
1:A:195:PHE:CE2	1:A:249:ARG:CG	0.46	2.99	6	2
1:A:6:LEU:HB3	1:A:46:ALA:CB	0.46	2.41	8	1
1:A:141:THR:O	1:A:145:GLU:CG	0.46	2.63	2	6
1:A:14:SER:O	1:A:18:GLU:N	0.46	2.49	9	1
1:A:104:MET:HB3	1:A:241:LEU:HD11	0.46	1.88	2	3
1:A:118:ILE:HB	1:A:123:LEU:CD2	0.46	2.39	7	1
1:A:195:PHE:CD1	1:A:249:ARG:CB	0.46	2.99	7	1
1:A:198:TYR:O	1:A:200:GLN:HG2	0.46	2.10	7	1
1:A:235:LYS:HG3	1:A:236:LYS:N	0.46	2.24	7	2
1:A:91:LEU:CD2	1:A:131:LEU:HD12	0.46	2.39	6	1
1:A:74:GLY:HA3	1:A:169:ARG:O	0.46	2.11	2	2
1:A:47:ARG:HH22	1:A:83:PRO:HG2	0.46	1.70	5	1
1:A:89:LEU:O	1:A:92:PHE:HB3	0.46	2.11	4	2
1:A:92:PHE:CE2	1:A:170:LEU:HB3	0.46	2.46	10	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:131:LEU:HB2	1:A:138:VAL:HG11	0.46	1.87	4	1
1:A:100:CYS:O	1:A:103:PHE:HD1	0.46	1.90	8	1
1:A:239:MET:HE1	1:A:242:SER:OG	0.46	2.10	8	1
1:A:249:ARG:HH21	1:A:256:LEU:CD2	0.46	2.23	8	1
1:A:194:ALA:CB	1:A:249:ARG:NH2	0.46	2.79	9	2
1:A:1:MET:O	1:A:1:MET:HE3	0.46	2.11	9	1
1:A:181:PHE:CD2	1:A:255:ILE:CG2	0.46	2.98	9	1
1:A:44:LEU:CD1	1:A:62:VAL:HG21	0.46	2.40	6	2
1:A:179:LEU:HD21	1:A:180:LYS:CD	0.46	2.41	7	1
1:A:214:LEU:C	1:A:214:LEU:CD2	0.46	2.83	7	1
1:A:41:GLN:HA	1:A:44:LEU:CD1	0.46	2.40	7	1
1:A:145:GLU:OE1	1:A:145:GLU:HA	0.46	2.11	6	2
1:A:103:PHE:CZ	1:A:104:MET:HG2	0.46	2.45	6	1
1:A:105:LYS:O	1:A:108:ARG:NE	0.46	2.48	10	2
1:A:78:LEU:O	1:A:82:LEU:HG	0.46	2.09	10	1
1:A:195:PHE:CE2	1:A:249:ARG:CB	0.46	2.99	1	1
1:A:33:GLY:CA	1:A:68:ARG:O	0.46	2.64	10	4
1:A:54:LEU:CD2	1:A:59:LYS:HA	0.46	2.36	8	3
1:A:195:PHE:CE1	1:A:249:ARG:CB	0.46	2.98	7	2
1:A:151:LEU:CD2	1:A:160:GLY:O	0.46	2.64	6	2
1:A:231:ILE:O	1:A:232:SER:C	0.46	2.54	4	4
1:A:104:MET:HE3	1:A:241:LEU:CD2	0.46	2.40	7	1
1:A:198:TYR:HE2	1:A:214:LEU:HD23	0.46	1.70	7	1
1:A:177:PHE:CB	1:A:181:PHE:HD2	0.46	2.23	6	3
1:A:195:PHE:CE2	1:A:249:ARG:HG2	0.46	2.46	5	1
1:A:131:LEU:CD1	1:A:132:GLU:N	0.46	2.75	2	1
1:A:181:PHE:HA	1:A:184:ILE:CG1	0.46	2.40	2	1
1:A:238:ILE:HG21	1:A:252:LEU:CB	0.46	2.40	3	1
1:A:128:LYS:O	1:A:131:LEU:N	0.46	2.48	1	1
1:A:114:HIS:O	1:A:250:THR:HB	0.46	2.11	1	1
1:A:40:ILE:HD11	1:A:61:PHE:CD1	0.46	2.46	4	4
1:A:236:LYS:O	1:A:239:MET:CB	0.46	2.63	5	4
1:A:107:TRP:HA	1:A:110:TYR:CE2	0.46	2.45	8	1
1:A:91:LEU:CD1	1:A:146:TYR:HE2	0.46	2.22	8	1
1:A:95:GLN:CG	1:A:171:LEU:CD2	0.46	2.94	8	1
1:A:107:TRP:CH2	1:A:163:GLU:C	0.46	2.89	5	2
1:A:256:LEU:H	1:A:256:LEU:HD22	0.46	1.70	2	1
1:A:31:LEU:CG	1:A:39:LEU:HD22	0.46	2.34	10	1
1:A:20:TRP:CE3	1:A:31:LEU:HD12	0.46	2.45	4	1
1:A:211:LEU:O	1:A:215:LEU:HD22	0.46	2.11	1	1
1:A:31:LEU:HD12	1:A:36:LEU:HD12	0.46	1.86	1	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:127:LEU:HG	1:A:147:THR:HB	0.46	1.87	8	1
1:A:131:LEU:CA	1:A:137:THR:HA	0.46	2.41	8	1
1:A:40:ILE:HG13	1:A:62:VAL:HG22	0.46	1.87	8	1
1:A:92:PHE:CZ	1:A:170:LEU:HB3	0.46	2.46	9	1
1:A:95:GLN:HA	1:A:103:PHE:CD2	0.46	2.45	9	1
1:A:177:PHE:CG	1:A:181:PHE:CD2	0.46	3.04	6	1
1:A:177:PHE:HD1	1:A:178:LEU:HD22	0.46	1.65	5	1
1:A:238:ILE:HG23	1:A:252:LEU:CD1	0.46	2.40	2	1
1:A:126:PHE:CZ	1:A:167:MET:HE1	0.46	2.45	10	1
1:A:40:ILE:CG1	1:A:61:PHE:HD2	0.46	2.24	10	1
1:A:254:LEU:HD23	1:A:254:LEU:H	0.46	1.71	3	2
1:A:187:CYS:O	1:A:191:PHE:N	0.46	2.47	4	1
1:A:238:ILE:CG2	1:A:255:ILE:HD13	0.46	2.36	4	1
1:A:211:LEU:CD1	1:A:252:LEU:HD22	0.46	2.40	4	1
1:A:20:TRP:HB2	1:A:78:LEU:HG	0.46	1.88	3	2
1:A:177:PHE:CE2	1:A:255:ILE:CG1	0.46	2.99	3	1
1:A:243:ASP:CB	1:A:248:TYR:CE1	0.46	2.99	8	2
1:A:23:PHE:O	1:A:35:GLU:HB3	0.46	2.10	9	1
1:A:39:LEU:CD1	1:A:43:LEU:HD13	0.46	2.41	5	1
1:A:141:THR:HA	1:A:145:GLU:OE2	0.46	2.11	2	1
1:A:242:SER:CA	1:A:247:LEU:HD22	0.46	2.41	3	2
1:A:191:PHE:CD1	1:A:195:PHE:CE1	0.46	3.04	3	1
1:A:205:TYR:CB	1:A:248:TYR:CD1	0.46	2.98	3	1
1:A:76:VAL:HG11	1:A:96:GLN:OE1	0.46	2.11	3	1
1:A:177:PHE:CD2	1:A:181:PHE:HD2	0.45	2.28	1	1
1:A:16:PHE:CE1	1:A:79:ALA:HA	0.45	2.45	1	1
1:A:30:TYR:CB	1:A:72:LYS:HD2	0.45	2.39	10	3
1:A:100:CYS:O	1:A:103:PHE:CD2	0.45	2.69	3	5
1:A:176:ASN:OD1	1:A:178:LEU:HG	0.45	2.10	8	1
1:A:146:TYR:O	1:A:150:MET:HB2	0.45	2.11	9	1
1:A:166:GLU:O	1:A:170:LEU:HG	0.45	2.11	9	1
1:A:215:LEU:HD22	1:A:234:TYR:C	0.45	2.31	9	1
1:A:6:LEU:HD13	1:A:46:ALA:CB	0.45	2.41	7	1
1:A:76:VAL:CG1	1:A:77:GLU:N	0.45	2.80	2	4
1:A:212:ASP:OD1	1:A:216:LYS:HE3	0.45	2.11	5	1
1:A:184:ILE:CG1	1:A:226:LEU:HG	0.45	2.41	10	2
1:A:231:ILE:HD13	1:A:234:TYR:CD1	0.45	2.46	4	1
1:A:117:PHE:CB	1:A:161:LYS:HE2	0.45	2.40	3	1
1:A:181:PHE:CE1	1:A:218:LEU:HD13	0.45	2.46	3	1
1:A:116:GLY:HA2	1:A:250:THR:O	0.45	2.11	3	1
1:A:187:CYS:HA	1:A:258:ALA:HB3	0.45	1.88	8	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:23:PHE:CZ	1:A:39:LEU:CG	0.45	2.99	8	1
1:A:104:MET:CE	1:A:237:ASN:OD1	0.45	2.64	9	2
1:A:20:TRP:CZ2	1:A:75:ILE:HD12	0.45	2.46	9	1
1:A:243:ASP:HB3	1:A:248:TYR:CD1	0.45	2.46	5	2
1:A:106:THR:CG2	1:A:130:LEU:HG	0.45	2.42	10	1
1:A:168:ALA:CB	1:A:178:LEU:HD13	0.45	2.42	10	1
1:A:195:PHE:CE1	1:A:214:LEU:CD1	0.45	3.00	10	1
1:A:139:ASP:HB2	1:A:142:LYS:CE	0.45	2.41	3	1
1:A:11:ILE:HG22	1:A:15:GLN:CB	0.45	2.41	3	1
1:A:7:GLN:CA	1:A:7:GLN:OE1	0.45	2.64	1	1
1:A:102:GLU:O	1:A:105:LYS:CB	0.45	2.65	7	2
1:A:47:ARG:CA	1:A:52:LEU:O	0.45	2.64	10	9
1:A:96:GLN:HG3	1:A:172:PRO:HG3	0.45	1.87	8	1
1:A:16:PHE:HZ	1:A:78:LEU:HB3	0.45	1.70	8	1
1:A:88:PHE:CD1	1:A:89:LEU:N	0.45	2.84	8	3
1:A:138:VAL:O	1:A:138:VAL:HG12	0.45	2.11	2	2
1:A:138:VAL:HG12	1:A:143:LEU:HB3	0.45	1.88	2	4
1:A:104:MET:SD	1:A:164:LEU:CD2	0.45	3.04	9	2
1:A:215:LEU:HD11	1:A:235:LYS:N	0.45	2.26	7	1
1:A:23:PHE:CE1	1:A:39:LEU:CD1	0.45	2.87	6	1
1:A:205:TYR:HE1	1:A:247:LEU:C	0.45	2.15	6	1
1:A:31:LEU:HG	1:A:39:LEU:HD13	0.45	1.88	6	1
1:A:91:LEU:CD2	1:A:130:LEU:HB3	0.45	2.41	5	1
1:A:173:VAL:O	1:A:179:LEU:HD23	0.45	2.11	5	1
1:A:176:ASN:ND2	1:A:237:ASN:ND2	0.45	2.64	2	1
1:A:40:ILE:HD11	1:A:61:PHE:HD2	0.45	1.72	2	1
1:A:139:ASP:O	1:A:143:LEU:HB3	0.45	2.10	10	2
1:A:56:PRO:O	1:A:60:THR:N	0.45	2.48	4	1
1:A:14:SER:HA	1:A:153:LEU:CD1	0.45	2.41	3	1
1:A:104:MET:SD	1:A:241:LEU:CD1	0.45	3.03	8	1
1:A:249:ARG:HG2	1:A:252:LEU:HD11	0.45	1.88	8	1
1:A:116:GLY:CA	1:A:250:THR:O	0.45	2.64	8	2
1:A:61:PHE:CE1	1:A:77:GLU:O	0.45	2.70	8	1
1:A:90:LEU:HD23	1:A:133:LYS:NZ	0.45	2.26	2	1
1:A:173:VAL:O	1:A:179:LEU:HG	0.45	2.11	10	1
1:A:11:ILE:N	1:A:84:THR:HA	0.45	2.27	4	3
1:A:254:LEU:HD12	1:A:254:LEU:C	0.45	2.31	1	1
1:A:34:LYS:C	1:A:36:LEU:N	0.45	2.69	6	3
1:A:205:TYR:CE2	1:A:246:LYS:CD	0.45	2.97	5	5
1:A:91:LEU:CB	1:A:134:ALA:HB2	0.45	2.29	8	1
1:A:166:GLU:CG	1:A:167:MET:H	0.45	2.24	8	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:254:LEU:HD22	1:A:255:ILE:H	0.45	1.68	9	2
1:A:137:THR:O	1:A:139:ASP:N	0.45	2.49	9	1
1:A:104:MET:HE2	1:A:237:ASN:CG	0.45	2.32	7	1
1:A:251:ASP:C	1:A:254:LEU:HD21	0.45	2.30	2	2
1:A:151:LEU:CG	1:A:160:GLY:O	0.45	2.65	6	2
1:A:151:LEU:CB	1:A:152:LYS:CE	0.45	2.95	5	1
1:A:94:CYS:O	1:A:97:LEU:CD2	0.45	2.63	5	2
1:A:184:ILE:CG2	1:A:218:LEU:HD12	0.45	2.41	2	1
1:A:215:LEU:CD1	1:A:235:LYS:HB3	0.45	2.42	10	1
1:A:206:ILE:HG23	1:A:210:GLU:CB	0.45	2.41	4	1
1:A:146:TYR:CE1	1:A:150:MET:CE	0.45	3.00	3	1
1:A:242:SER:OG	1:A:243:ASP:N	0.45	2.50	1	2
1:A:177:PHE:HE1	1:A:237:ASN:CG	0.45	2.15	8	1
1:A:40:ILE:HG12	1:A:62:VAL:CG1	0.45	2.42	8	2
1:A:11:ILE:CD1	1:A:82:LEU:HD13	0.45	2.41	8	1
1:A:11:ILE:HG22	1:A:15:GLN:NE2	0.45	2.27	9	1
1:A:30:TYR:CD2	1:A:74:GLY:N	0.45	2.85	9	1
1:A:125:ASN:ND2	1:A:128:LYS:HD3	0.45	2.27	7	1
1:A:181:PHE:CZ	1:A:218:LEU:HG	0.45	2.47	6	1
1:A:212:ASP:OD2	1:A:232:SER:HA	0.45	2.11	6	1
1:A:88:PHE:N	1:A:88:PHE:CD1	0.45	2.82	10	1
1:A:104:MET:HE2	1:A:237:ASN:OD1	0.45	2.12	4	1
1:A:250:THR:O	1:A:254:LEU:HD21	0.45	2.12	4	1
1:A:124:LYS:HD2	1:A:124:LYS:N	0.45	2.26	8	1
1:A:139:ASP:H	1:A:142:LYS:HE2	0.45	1.70	8	1
1:A:103:PHE:HE1	1:A:167:MET:HE3	0.45	1.71	9	1
1:A:211:LEU:HD23	1:A:239:MET:CG	0.45	2.40	9	1
1:A:117:PHE:CB	1:A:162:LEU:O	0.45	2.65	7	1
1:A:35:GLU:O	1:A:39:LEU:CB	0.45	2.64	6	1
1:A:123:LEU:CD2	1:A:162:LEU:CB	0.45	2.94	10	2
1:A:211:LEU:HD11	1:A:252:LEU:HG	0.45	1.89	5	1
1:A:148:ASP:O	1:A:152:LYS:HB2	0.45	2.12	2	1
1:A:239:MET:HE2	1:A:242:SER:OG	0.45	2.12	4	2
1:A:75:ILE:HB	1:A:170:LEU:CG	0.45	2.40	4	1
1:A:16:PHE:CE2	1:A:75:ILE:HG13	0.45	2.46	3	1
1:A:97:LEU:CD1	1:A:98:LYS:HG2	0.45	2.41	3	1
1:A:108:ARG:HB2	1:A:241:LEU:HD22	0.45	1.86	8	1
1:A:127:LEU:CB	1:A:143:LEU:HD13	0.45	2.41	8	1
1:A:39:LEU:HD12	1:A:40:ILE:N	0.45	2.27	9	3
1:A:40:ILE:HD11	1:A:65:TYR:CB	0.45	2.42	6	4
1:A:246:LYS:HZ3	1:A:247:LEU:N	0.45	2.08	7	1

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:101:GLU:HB3	1:A:237:ASN:HB2	0.45	1.89	6	1
1:A:168:ALA:HA	1:A:171:LEU:HB3	0.45	1.89	6	1
1:A:100:CYS:O	1:A:103:PHE:HD2	0.45	1.95	10	1
1:A:195:PHE:CE1	1:A:214:LEU:HD12	0.45	2.47	10	1
1:A:23:PHE:HE1	1:A:31:LEU:HD11	0.45	1.70	4	1
1:A:127:LEU:HD13	1:A:131:LEU:HD11	0.45	1.88	3	1
1:A:91:LEU:CD1	1:A:130:LEU:HB3	0.45	2.41	1	2
1:A:216:LYS:HA	1:A:231:ILE:HG21	0.45	1.88	8	1
1:A:47:ARG:HG2	1:A:54:LEU:CD1	0.45	2.41	7	1
1:A:33:GLY:O	1:A:36:LEU:CB	0.45	2.65	6	2
1:A:105:LYS:HG2	1:A:240:ALA:HB1	0.45	1.89	6	1
1:A:123:LEU:HD13	1:A:126:PHE:HB3	0.45	1.87	5	1
1:A:123:LEU:CG	1:A:162:LEU:HG	0.45	2.42	10	1
1:A:181:PHE:CD1	1:A:184:ILE:HB	0.45	2.47	4	1
1:A:247:LEU:CD1	1:A:252:LEU:CD1	0.45	2.94	4	1
1:A:151:LEU:HD23	1:A:160:GLY:C	0.45	2.33	3	1
1:A:94:CYS:C	1:A:97:LEU:HD12	0.45	2.32	3	1
1:A:89:LEU:HD23	1:A:92:PHE:CD2	0.45	2.47	5	2
1:A:210:GLU:HA	1:A:213:ALA:HB3	0.45	1.89	10	6
1:A:78:LEU:HD13	1:A:78:LEU:O	0.45	2.12	7	2
1:A:112:THR:O	1:A:113:ASP:CB	0.45	2.65	6	1
1:A:123:LEU:CA	1:A:126:PHE:HB3	0.45	2.42	6	2
1:A:164:LEU:HD13	1:A:254:LEU:HD11	0.45	1.87	5	1
1:A:173:VAL:CB	1:A:179:LEU:HB3	0.45	2.42	10	2
1:A:92:PHE:HD2	1:A:170:LEU:HD23	0.45	1.67	10	1
1:A:75:ILE:HG13	1:A:170:LEU:CG	0.45	2.40	10	1
1:A:116:GLY:O	1:A:117:PHE:CD1	0.45	2.70	3	1
1:A:184:ILE:HG12	1:A:226:LEU:HG	0.45	1.89	3	1
1:A:92:PHE:CD2	1:A:146:TYR:CG	0.45	3.05	3	1
1:A:92:PHE:CE1	1:A:170:LEU:CG	0.44	3.00	1	1
1:A:94:CYS:SG	1:A:130:LEU:HD11	0.44	2.52	2	2
1:A:126:PHE:O	1:A:126:PHE:HD1	0.44	1.94	9	2
1:A:11:ILE:HG22	1:A:15:GLN:CD	0.44	2.33	9	1
1:A:107:TRP:HZ3	1:A:162:LEU:HD12	0.44	1.71	9	1
1:A:171:LEU:C	1:A:171:LEU:HD12	0.44	2.32	9	1
1:A:207:ASP:OD2	1:A:209:ASN:HB2	0.44	2.12	7	1
1:A:88:PHE:CD1	1:A:88:PHE:C	0.44	2.91	6	2
1:A:177:PHE:CD2	1:A:181:PHE:CG	0.44	3.06	6	1
1:A:254:LEU:CD1	1:A:255:ILE:N	0.44	2.80	6	1
1:A:95:GLN:O	1:A:99:SER:O	0.44	2.35	6	1
1:A:127:LEU:HD12	1:A:147:THR:HG23	0.44	1.88	5	1

Continued on next page...



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:6:LEU:HD22	1:A:43:LEU:HD12	0.44	1.88	10	1
1:A:154:PHE:CD1	1:A:166:GLU:N	0.44	2.85	3	1
1:A:62:VAL:O	1:A:66:GLY:N	0.44	2.49	8	2
1:A:16:PHE:CZ	1:A:75:ILE:O	0.44	2.70	7	3
1:A:215:LEU:O	1:A:218:LEU:N	0.44	2.50	2	5
1:A:23:PHE:CE1	1:A:39:LEU:HG	0.44	2.47	8	1
1:A:198:TYR:HD2	1:A:249:ARG:HH12	0.44	1.53	8	1
1:A:5:HIS:ND1	1:A:5:HIS:N	0.44	2.66	8	1
1:A:123:LEU:HG	1:A:162:LEU:CB	0.44	2.42	7	3
1:A:65:TYR:C	1:A:67:GLN:H	0.44	2.15	5	2
1:A:150:MET:HA	1:A:166:GLU:HG3	0.44	1.88	7	1
1:A:97:LEU:CD1	1:A:98:LYS:HB2	0.44	2.43	10	2
1:A:40:ILE:HG12	1:A:62:VAL:CA	0.44	2.41	6	1
1:A:40:ILE:HA	1:A:43:LEU:CD2	0.44	2.43	6	1
1:A:40:ILE:CG2	1:A:62:VAL:HG23	0.44	2.43	2	2
1:A:40:ILE:HG21	1:A:62:VAL:CB	0.44	2.42	5	1
1:A:211:LEU:HD21	1:A:238:ILE:HG21	0.44	1.89	10	1
1:A:44:LEU:HD21	1:A:62:VAL:HG21	0.44	1.88	10	1
1:A:219:CYS:CB	1:A:231:ILE:HG13	0.44	2.39	4	1
1:A:254:LEU:CD2	1:A:254:LEU:H	0.44	2.25	4	1
1:A:139:ASP:HB3	1:A:142:LYS:CD	0.44	2.42	3	1
1:A:241:LEU:HD21	1:A:254:LEU:HD11	0.44	1.89	3	1
1:A:104:MET:HG2	1:A:164:LEU:HD11	0.44	1.89	8	1
1:A:178:LEU:O	1:A:182:GLN:N	0.44	2.50	8	2
1:A:30:TYR:HB2	1:A:72:LYS:HD3	0.44	1.89	8	1
1:A:40:ILE:HG12	1:A:62:VAL:CB	0.44	2.42	8	1
1:A:89:LEU:O	1:A:93:ARG:CD	0.44	2.65	9	2
1:A:95:GLN:HB2	1:A:171:LEU:CB	0.44	2.42	9	1
1:A:123:LEU:HD13	1:A:123:LEU:C	0.44	2.33	7	1
1:A:138:VAL:O	1:A:143:LEU:HD23	0.44	2.12	6	1
1:A:171:LEU:HD21	1:A:176:ASN:OD1	0.44	2.13	6	1
1:A:107:TRP:CD1	1:A:107:TRP:C	0.44	2.90	5	2
1:A:76:VAL:CA	1:A:92:PHE:CE1	0.44	3.00	5	1
1:A:152:LYS:N	1:A:152:LYS:CE	0.44	2.81	4	2
1:A:184:ILE:HG13	1:A:226:LEU:CD2	0.44	2.42	10	1
1:A:215:LEU:CD2	1:A:235:LYS:HB3	0.44	2.41	10	1
1:A:131:LEU:HD23	1:A:143:LEU:HB3	0.44	1.90	4	1
1:A:85:GLU:HB3	1:A:89:LEU:HG	0.44	1.86	3	1
1:A:131:LEU:HD11	1:A:138:VAL:CG1	0.44	2.38	8	1
1:A:29:GLY:C	1:A:30:TYR:CD1	0.44	2.91	8	5
1:A:163:GLU:CG	1:A:164:LEU:N	0.44	2.81	9	1

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:119:GLU:O	1:A:123:LEU:CB	0.44	2.66	7	1
1:A:118:ILE:HB	1:A:123:LEU:HB2	0.44	1.89	7	2
1:A:215:LEU:HD11	1:A:235:LYS:CA	0.44	2.43	7	1
1:A:41:GLN:O	1:A:45:GLN:HB2	0.44	2.12	7	1
1:A:111:ASP:HB2	1:A:118:ILE:CD1	0.44	2.43	6	1
1:A:112:THR:C	1:A:114:HIS:H	0.44	2.16	6	1
1:A:230:ASN:OD1	1:A:233:THR:HG21	0.44	2.13	6	1
1:A:75:ILE:HD12	1:A:75:ILE:N	0.44	2.27	5	1
1:A:151:LEU:CB	1:A:152:LYS:HE3	0.44	2.43	3	2
1:A:182:GLN:HG3	1:A:183:GLY:N	0.44	2.27	10	1
1:A:247:LEU:CD2	1:A:251:ASP:HB2	0.44	2.37	4	1
1:A:14:SER:HA	1:A:153:LEU:HD11	0.44	1.89	3	1
1:A:82:LEU:O	1:A:82:LEU:HD12	0.44	2.13	3	1
1:A:177:PHE:CZ	1:A:178:LEU:CD2	0.44	3.00	10	3
1:A:125:ASN:O	1:A:128:LYS:N	0.44	2.51	8	1
1:A:184:ILE:HA	1:A:225:GLU:OE2	0.44	2.13	8	1
1:A:92:PHE:CE1	1:A:170:LEU:HB3	0.44	2.48	9	1
1:A:176:ASN:O	1:A:179:LEU:CD1	0.44	2.63	2	2
1:A:154:PHE:CE2	1:A:163:GLU:CG	0.44	3.01	5	2
1:A:177:PHE:CE1	1:A:178:LEU:HD13	0.44	2.48	5	1
1:A:218:LEU:HB3	1:A:226:LEU:HG	0.44	1.90	5	1
1:A:92:PHE:CZ	1:A:149:LEU:HD11	0.44	2.48	2	1
1:A:173:VAL:HG12	1:A:179:LEU:CB	0.44	2.42	10	2
1:A:91:LEU:CD1	1:A:131:LEU:HD12	0.44	2.43	1	1
1:A:149:LEU:CA	1:A:153:LEU:HD13	0.44	2.43	1	1
1:A:149:LEU:CB	1:A:153:LEU:HD13	0.44	2.43	1	1
1:A:206:ILE:HG22	1:A:247:LEU:HD12	0.44	1.89	1	1
1:A:124:LYS:O	1:A:127:LEU:CG	0.44	2.66	4	2
1:A:186:MET:O	1:A:187:CYS:HB3	0.44	2.12	7	1
1:A:228:ILE:HA	1:A:231:ILE:CB	0.44	2.43	4	2
1:A:17:PHE:HZ	1:A:169:ARG:NH2	0.44	2.10	5	1
1:A:184:ILE:HD13	1:A:218:LEU:HD22	0.44	1.88	5	1
1:A:191:PHE:CE2	1:A:256:LEU:HD21	0.44	2.47	5	1
1:A:222:ASN:CB	1:A:226:LEU:HD12	0.44	2.42	2	1
1:A:138:VAL:CG2	1:A:143:LEU:HB3	0.44	2.42	10	1
1:A:40:ILE:O	1:A:44:LEU:CD2	0.44	2.66	10	1
1:A:182:GLN:O	1:A:185:LYS:HB3	0.44	2.13	3	1
1:A:167:MET:O	1:A:171:LEU:CB	0.44	2.61	3	4
1:A:81:VAL:CG1	1:A:82:LEU:N	0.44	2.80	9	5
1:A:91:LEU:HD22	1:A:131:LEU:N	0.44	2.28	9	1
1:A:97:LEU:HD12	1:A:97:LEU:C	0.44	2.33	7	2

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:92:PHE:O	1:A:95:GLN:OE1	0.44	2.36	6	1
1:A:191:PHE:CD2	1:A:256:LEU:CD1	0.44	3.01	5	1
1:A:211:LEU:HD22	1:A:247:LEU:CG	0.44	2.42	5	1
1:A:239:MET:HE2	1:A:242:SER:CB	0.44	2.43	4	2
1:A:11:ILE:CD1	1:A:11:ILE:N	0.44	2.75	2	1
1:A:92:PHE:HD1	1:A:170:LEU:HD22	0.44	1.73	2	1
1:A:184:ILE:CG2	1:A:226:LEU:HD11	0.44	2.43	2	1
1:A:6:LEU:CD1	1:A:82:LEU:HB2	0.44	2.43	2	1
1:A:91:LEU:HD11	1:A:142:LYS:HG3	0.44	1.87	10	1
1:A:215:LEU:O	1:A:231:ILE:CD1	0.44	2.66	10	1
1:A:131:LEU:HD11	1:A:146:TYR:CE2	0.44	2.48	4	1
1:A:116:GLY:CA	1:A:254:LEU:HD21	0.44	2.43	4	1
1:A:30:TYR:OH	1:A:173:VAL:CG1	0.44	2.66	4	1
1:A:117:PHE:N	1:A:117:PHE:CD1	0.44	2.86	8	1
1:A:123:LEU:HG	1:A:162:LEU:CG	0.44	2.43	8	1
1:A:154:PHE:CD2	1:A:166:GLU:CB	0.44	3.01	8	1
1:A:145:GLU:HA	1:A:145:GLU:OE1	0.44	2.12	9	1
1:A:208:GLU:HB3	1:A:239:MET:CG	0.44	2.43	9	1
1:A:59:LYS:HA	1:A:62:VAL:HG22	0.44	1.89	9	1
1:A:146:TYR:CD1	1:A:149:LEU:HD11	0.44	2.47	7	1
1:A:154:PHE:HE2	1:A:164:LEU:N	0.44	2.11	5	2
1:A:191:PHE:CE2	1:A:256:LEU:CG	0.44	3.00	5	1
1:A:114:HIS:N	1:A:114:HIS:CD2	0.44	2.86	10	1
1:A:219:CYS:N	1:A:231:ILE:CD1	0.44	2.81	10	1
1:A:246:LYS:CE	1:A:246:LYS:CA	0.44	2.94	10	1
1:A:151:LEU:O	1:A:155:ASP:N	0.44	2.50	3	1
1:A:242:SER:N	1:A:247:LEU:HD22	0.44	2.27	3	1
1:A:36:LEU:HD23	1:A:65:TYR:O	0.44	2.13	3	1
1:A:6:LEU:HB3	1:A:46:ALA:HB1	0.44	1.90	1	1
1:A:7:GLN:CD	1:A:47:ARG:HE	0.44	2.16	1	1
1:A:195:PHE:CZ	1:A:249:ARG:CB	0.44	3.01	7	3
1:A:103:PHE:CZ	1:A:171:LEU:HD23	0.44	2.48	9	1
1:A:186:MET:CG	1:A:190:GLU:HB3	0.44	2.42	9	1
1:A:226:LEU:CD2	1:A:234:TYR:CD2	0.44	3.01	9	1
1:A:130:LEU:HD22	1:A:133:LYS:NZ	0.44	2.28	5	1
1:A:88:PHE:CE1	1:A:92:PHE:HD2	0.44	2.31	5	1
1:A:138:VAL:CG2	1:A:139:ASP:N	0.44	2.81	10	1
1:A:181:PHE:CE1	1:A:226:LEU:HD11	0.44	2.48	10	1
1:A:13:ALA:HB2	1:A:92:PHE:HE2	0.44	1.72	4	1
1:A:127:LEU:HA	1:A:130:LEU:HD12	0.44	1.90	3	1
1:A:151:LEU:HB2	1:A:152:LYS:HE3	0.44	1.88	3	1

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:123:LEU:HD13	1:A:123:LEU:O	0.43	2.12	1	3
1:A:168:ALA:HB2	1:A:178:LEU:CD1	0.43	2.42	3	2
1:A:168:ALA:HA	1:A:171:LEU:CB	0.43	2.43	8	1
1:A:31:LEU:CD1	1:A:39:LEU:HD12	0.43	2.42	8	1
1:A:40:ILE:CG1	1:A:62:VAL:HA	0.43	2.43	7	2
1:A:252:LEU:N	1:A:252:LEU:CD2	0.43	2.65	9	2
1:A:171:LEU:CD2	1:A:172:PRO:HD2	0.43	2.38	7	1
1:A:237:ASN:OD1	1:A:237:ASN:C	0.43	2.57	6	1
1:A:91:LEU:O	1:A:130:LEU:HD11	0.43	2.12	2	1
1:A:5:HIS:HB2	1:A:19:ILE:CD1	0.43	2.43	10	1
1:A:61:PHE:CB	1:A:81:VAL:HG21	0.43	2.43	10	1
1:A:20:TRP:CH2	1:A:74:GLY:O	0.43	2.71	4	1
1:A:6:LEU:HG	1:A:19:ILE:CG2	0.43	2.43	3	1
1:A:133:LYS:HE3	1:A:134:ALA:HB2	0.43	1.90	1	1
1:A:195:PHE:CE2	1:A:249:ARG:HB2	0.43	2.47	1	1
1:A:25:ALA:HB3	1:A:35:GLU:HG2	0.43	1.90	8	1
1:A:143:LEU:HD23	1:A:143:LEU:C	0.43	2.34	9	1
1:A:56:PRO:O	1:A:60:THR:CG2	0.43	2.65	7	1
1:A:88:PHE:CA	1:A:142:LYS:HB2	0.43	2.44	7	1
1:A:215:LEU:HD12	1:A:231:ILE:HG23	0.43	1.88	6	1
1:A:177:PHE:CE1	1:A:178:LEU:CD1	0.43	3.00	5	1
1:A:191:PHE:CE1	1:A:249:ARG:CD	0.43	3.01	5	1
1:A:61:PHE:CZ	1:A:78:LEU:HD23	0.43	2.48	5	1
1:A:181:PHE:CD2	1:A:184:ILE:HG21	0.43	2.48	10	1
1:A:138:VAL:O	1:A:138:VAL:HG23	0.43	2.13	3	1
1:A:17:PHE:CD1	1:A:153:LEU:CD2	0.43	3.01	3	1
1:A:181:PHE:CZ	1:A:218:LEU:HD13	0.43	2.48	3	1
1:A:92:PHE:CZ	1:A:146:TYR:CD1	0.43	3.05	3	1
1:A:165:THR:CA	1:A:168:ALA:HB3	0.43	2.33	8	1
1:A:11:ILE:O	1:A:84:THR:CA	0.43	2.66	8	5
1:A:254:LEU:HD21	1:A:255:ILE:HD12	0.43	1.88	9	1
1:A:127:LEU:HG	1:A:147:THR:OG1	0.43	2.14	7	2
1:A:238:ILE:O	1:A:247:LEU:CD2	0.43	2.66	3	2
1:A:120:THR:HG22	1:A:124:LYS:HE2	0.43	1.89	6	1
1:A:7:GLN:OE1	1:A:46:ALA:CB	0.43	2.62	6	1
1:A:85:GLU:HB3	1:A:88:PHE:CD1	0.43	2.49	6	2
1:A:166:GLU:O	1:A:169:ARG:N	0.43	2.51	5	1
1:A:177:PHE:CB	1:A:234:TYR:HE1	0.43	2.26	5	1
1:A:166:GLU:OE1	1:A:170:LEU:CD1	0.43	2.65	10	1
1:A:238:ILE:CG2	1:A:252:LEU:HB3	0.43	2.44	10	1
1:A:131:LEU:CD2	1:A:138:VAL:HG21	0.43	2.42	4	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:96:GLN:HG3	1:A:172:PRO:N	0.43	2.29	4	1
1:A:88:PHE:CA	1:A:142:LYS:HD2	0.43	2.43	3	1
1:A:242:SER:HB2	1:A:247:LEU:HB2	0.43	1.90	1	2
1:A:88:PHE:HA	1:A:142:LYS:HB3	0.43	1.90	5	2
1:A:93:ARG:O	1:A:95:GLN:N	0.43	2.52	8	1
1:A:228:ILE:CA	1:A:231:ILE:CG1	0.43	2.92	9	2
1:A:186:MET:CB	1:A:190:GLU:HB3	0.43	2.39	7	1
1:A:113:ASP:O	1:A:114:HIS:CB	0.43	2.65	6	1
1:A:176:ASN:OD1	1:A:178:LEU:HD23	0.43	2.13	6	1
1:A:214:LEU:HD23	1:A:215:LEU:CA	0.43	2.44	5	1
1:A:95:GLN:CG	1:A:170:LEU:HD23	0.43	2.43	2	1
1:A:238:ILE:HG12	1:A:255:ILE:CG2	0.43	2.35	10	1
1:A:231:ILE:HA	1:A:234:TYR:CD1	0.43	2.48	4	1
1:A:249:ARG:HD2	1:A:253:ALA:HB2	0.43	1.90	1	1
1:A:133:LYS:HE3	1:A:133:LYS:C	0.43	2.34	6	1
1:A:205:TYR:CD2	1:A:246:LYS:HE2	0.43	2.49	5	1
1:A:238:ILE:O	1:A:241:LEU:HB2	0.43	2.13	5	1
1:A:249:ARG:HG2	1:A:252:LEU:CD2	0.43	2.43	2	1
1:A:255:ILE:HG22	1:A:256:LEU:CD1	0.43	2.44	2	1
1:A:75:ILE:HG22	1:A:170:LEU:CD1	0.43	2.43	2	1
1:A:228:ILE:HG13	1:A:228:ILE:O	0.43	2.13	10	1
1:A:247:LEU:HD11	1:A:252:LEU:CG	0.43	2.42	4	1
1:A:60:THR:O	1:A:63:ASP:N	0.43	2.52	3	1
1:A:89:LEU:C	1:A:93:ARG:HD3	0.43	2.34	3	1
1:A:239:MET:HE1	1:A:242:SER:CB	0.43	2.44	1	2
1:A:91:LEU:HD13	1:A:130:LEU:HB2	0.43	1.89	1	1
1:A:127:LEU:CD1	1:A:146:TYR:CD2	0.43	2.98	8	1
1:A:154:PHE:CG	1:A:166:GLU:HB3	0.43	2.48	8	1
1:A:10:LEU:CD2	1:A:10:LEU:O	0.43	2.67	6	1
1:A:151:LEU:HD11	1:A:162:LEU:HB2	0.43	1.90	4	1
1:A:138:VAL:CG1	1:A:143:LEU:N	0.43	2.81	8	3
1:A:219:CYS:SG	1:A:231:ILE:HG12	0.43	2.53	8	1
1:A:43:LEU:HD21	1:A:58:MET:HB3	0.43	1.89	2	2
1:A:195:PHE:CG	1:A:249:ARG:CB	0.43	3.01	7	1
1:A:40:ILE:CD1	1:A:65:TYR:CB	0.43	2.97	7	1
1:A:143:LEU:CD1	1:A:144:ALA:N	0.43	2.77	5	2
1:A:181:PHE:HD2	1:A:255:ILE:O	0.43	1.96	5	1
1:A:241:LEU:HD22	1:A:241:LEU:H	0.43	1.72	2	1
1:A:5:HIS:CD2	1:A:5:HIS:N	0.43	2.86	2	1
1:A:30:TYR:HD2	1:A:73:ILE:C	0.43	2.17	10	3
1:A:184:ILE:HG13	1:A:226:LEU:HD23	0.43	1.91	10	1

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:89:LEU:O	1:A:92:PHE:N	0.43	2.52	10	1
1:A:104:MET:CG	1:A:241:LEU:HD11	0.43	2.43	3	1
1:A:7:GLN:OE1	1:A:50:ALA:HB1	0.43	2.14	8	1
1:A:88:PHE:HD1	1:A:89:LEU:HG	0.43	1.72	9	1
1:A:242:SER:HB2	1:A:247:LEU:HA	0.43	1.90	7	1
1:A:218:LEU:HB2	1:A:226:LEU:HD12	0.43	1.91	5	1
1:A:123:LEU:HB3	1:A:151:LEU:HD11	0.43	1.91	2	1
1:A:242:SER:HB3	1:A:247:LEU:HG	0.43	1.89	10	1
1:A:223:LYS:CE	1:A:228:ILE:H	0.43	2.26	4	1
1:A:211:LEU:CD1	1:A:238:ILE:HD12	0.43	2.40	4	1
1:A:247:LEU:CG	1:A:252:LEU:HG	0.43	2.42	1	1
1:A:126:PHE:CD1	1:A:130:LEU:CD2	0.43	3.02	5	2
1:A:65:TYR:C	1:A:67:GLN:N	0.43	2.72	5	3
1:A:117:PHE:HB3	1:A:162:LEU:O	0.43	2.14	9	1
1:A:123:LEU:HD12	1:A:151:LEU:CD1	0.43	2.44	7	2
1:A:171:LEU:CD1	1:A:176:ASN:ND2	0.43	2.82	7	1
1:A:85:GLU:OE2	1:A:142:LYS:HA	0.43	2.14	6	1
1:A:186:MET:HG3	1:A:218:LEU:HD21	0.43	1.91	5	1
1:A:61:PHE:O	1:A:65:TYR:N	0.43	2.51	5	1
1:A:239:MET:CE	1:A:242:SER:CB	0.43	2.97	2	1
1:A:7:GLN:NE2	1:A:47:ARG:CD	0.43	2.82	4	1
1:A:129:ASP:O	1:A:133:LYS:HE3	0.43	2.13	3	1
1:A:93:ARG:HB2	1:A:96:GLN:CG	0.43	2.43	3	1
1:A:16:PHE:CD1	1:A:78:LEU:HD23	0.43	2.49	1	1
1:A:181:PHE:CD1	1:A:255:ILE:HG23	0.43	2.49	8	1
1:A:58:MET:CE	1:A:82:LEU:HA	0.43	2.44	7	1
1:A:127:LEU:HD22	1:A:147:THR:CB	0.43	2.29	6	1
1:A:153:LEU:HB2	1:A:166:GLU:OE2	0.43	2.14	2	1
1:A:184:ILE:HD11	1:A:225:GLU:HB2	0.43	1.91	2	1
1:A:1:MET:HE3	1:A:1:MET:C	0.43	2.34	2	2
1:A:85:GLU:O	1:A:89:LEU:N	0.43	2.44	2	2
1:A:151:LEU:CD1	1:A:162:LEU:HB2	0.43	2.44	4	1
1:A:104:MET:CE	1:A:241:LEU:HD13	0.43	2.44	3	1
1:A:25:ALA:HB3	1:A:35:GLU:CD	0.43	2.33	3	1
1:A:95:GLN:HB3	1:A:103:PHE:CZ	0.42	2.49	1	2
1:A:176:ASN:O	1:A:176:ASN:OD1	0.42	2.37	1	1
1:A:247:LEU:HG	1:A:252:LEU:HG	0.42	1.90	1	1
1:A:44:LEU:CA	1:A:54:LEU:HD22	0.42	2.44	1	1
1:A:214:LEU:HD21	1:A:218:LEU:HD12	0.42	1.91	5	1
1:A:249:ARG:O	1:A:249:ARG:CD	0.42	2.67	5	1
1:A:252:LEU:O	1:A:255:ILE:N	0.42	2.52	2	2

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:44:LEU:CD1	1:A:54:LEU:HD21	0.42	2.35	10	1
1:A:85:GLU:CG	1:A:88:PHE:HB2	0.42	2.44	10	1
1:A:127:LEU:HB2	1:A:131:LEU:HD22	0.42	1.90	4	1
1:A:13:ALA:HB2	1:A:88:PHE:CE2	0.42	2.48	1	1
1:A:195:PHE:O	1:A:199:ASP:OD2	0.42	2.37	9	1
1:A:228:ILE:HA	1:A:231:ILE:HG12	0.42	1.86	9	1
1:A:249:ARG:HH22	1:A:256:LEU:HD21	0.42	1.74	7	1
1:A:123:LEU:CD2	1:A:126:PHE:CE2	0.42	3.02	6	1
1:A:195:PHE:O	1:A:199:ASP:N	0.42	2.52	5	2
1:A:206:ILE:HG23	1:A:247:LEU:HD22	0.42	1.88	5	1
1:A:211:LEU:HG	1:A:247:LEU:HD22	0.42	1.89	10	1
1:A:219:CYS:H	1:A:231:ILE:CD1	0.42	2.27	10	1
1:A:249:ARG:HA	1:A:252:LEU:CD2	0.42	2.44	10	1
1:A:114:HIS:ND1	1:A:114:HIS:N	0.42	2.66	3	1
1:A:138:VAL:HG23	1:A:143:LEU:CD2	0.42	2.37	3	1
1:A:65:TYR:CD1	1:A:68:ARG:HD3	0.42	2.49	1	2
1:A:7:GLN:NE2	1:A:47:ARG:HG2	0.42	2.30	1	1
1:A:91:LEU:CD2	1:A:134:ALA:HB2	0.42	2.44	1	1
1:A:214:LEU:HD21	1:A:256:LEU:HD22	0.42	1.92	8	1
1:A:226:LEU:HA	1:A:234:TYR:CZ	0.42	2.48	8	1
1:A:198:TYR:HB2	1:A:206:ILE:CD1	0.42	2.44	9	2
1:A:218:LEU:HB3	1:A:226:LEU:CG	0.42	2.44	6	1
1:A:104:MET:HB2	1:A:104:MET:HE3	0.42	1.64	5	1
1:A:44:LEU:HD23	1:A:54:LEU:HD21	0.42	1.82	5	1
1:A:36:LEU:HD22	1:A:68:ARG:CB	0.42	2.44	3	2
1:A:173:VAL:CA	1:A:179:LEU:HB3	0.42	2.44	10	1
1:A:94:CYS:O	1:A:97:LEU:HG	0.42	2.15	10	1
1:A:117:PHE:CD1	1:A:117:PHE:N	0.42	2.87	4	2
1:A:180:LYS:CE	1:A:225:GLU:O	0.42	2.67	4	1
1:A:8:SER:O	1:A:9:SER:HB2	0.42	2.14	8	1
1:A:214:LEU:HD12	1:A:215:LEU:HD23	0.42	1.89	7	2
1:A:95:GLN:HB3	1:A:103:PHE:CD2	0.42	2.49	7	1
1:A:227:ASP:N	1:A:234:TYR:HE2	0.42	2.11	7	1
1:A:62:VAL:O	1:A:66:GLY:CA	0.42	2.67	6	2
1:A:142:LYS:H	1:A:142:LYS:CD	0.42	2.26	2	2
1:A:39:LEU:HD21	1:A:78:LEU:HD21	0.42	1.91	5	1
1:A:111:ASP:O	1:A:113:ASP:N	0.42	2.53	2	1
1:A:215:LEU:CD2	1:A:235:LYS:CA	0.42	2.97	10	1
1:A:131:LEU:CD1	1:A:131:LEU:N	0.42	2.83	4	1
1:A:225:GLU:C	1:A:226:LEU:HG	0.42	2.35	4	1
1:A:101:GLU:HB3	1:A:237:ASN:OD1	0.42	2.14	3	1

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:181:PHE:CE1	1:A:255:ILE:HG22	0.42	2.49	3	1
1:A:91:LEU:HD12	1:A:92:PHE:H	0.42	1.67	3	1
1:A:95:GLN:HB2	1:A:170:LEU:HD11	0.42	1.91	8	1
1:A:208:GLU:HB3	1:A:239:MET:HG2	0.42	1.91	7	1
1:A:167:MET:HA	1:A:170:LEU:HD21	0.42	1.92	6	1
1:A:177:PHE:HD2	1:A:181:PHE:CE1	0.42	2.32	5	1
1:A:141:THR:O	1:A:145:GLU:CB	0.42	2.66	2	1
1:A:101:GLU:OE2	1:A:233:THR:HG23	0.42	2.15	2	1
1:A:246:LYS:HZ2	1:A:246:LYS:CB	0.42	2.27	2	1
1:A:123:LEU:CD2	1:A:162:LEU:HG	0.42	2.44	10	1
1:A:124:LYS:CA	1:A:147:THR:OG1	0.42	2.65	10	1
1:A:205:TYR:CD1	1:A:206:ILE:C	0.42	2.93	10	1
1:A:205:TYR:CB	1:A:247:LEU:O	0.42	2.67	10	1
1:A:94:CYS:HB3	1:A:130:LEU:CD2	0.42	2.45	4	1
1:A:184:ILE:HG13	1:A:225:GLU:CB	0.42	2.42	3	1
1:A:246:LYS:HE3	1:A:246:LYS:CA	0.42	2.45	3	1
1:A:108:ARG:HG2	1:A:114:HIS:CD2	0.42	2.49	1	1
1:A:16:PHE:CZ	1:A:79:ALA:CA	0.42	3.02	1	1
1:A:40:ILE:HD11	1:A:61:PHE:CE1	0.42	2.49	1	1
1:A:61:PHE:CG	1:A:81:VAL:HG23	0.42	2.49	1	1
1:A:12:THR:O	1:A:16:PHE:HB2	0.42	2.15	8	1
1:A:100:CYS:HB3	1:A:172:PRO:CD	0.42	2.44	8	1
1:A:184:ILE:O	1:A:185:LYS:O	0.42	2.38	8	1
1:A:254:LEU:HD13	1:A:254:LEU:N	0.42	2.18	9	1
1:A:187:CYS:HA	1:A:258:ALA:CB	0.42	2.45	7	1
1:A:114:HIS:O	1:A:114:HIS:CG	0.42	2.71	6	1
1:A:123:LEU:HD23	1:A:162:LEU:HB3	0.42	1.90	6	1
1:A:7:GLN:NE2	1:A:7:GLN:N	0.42	2.68	6	1
1:A:124:LYS:HE3	1:A:147:THR:HG22	0.42	1.91	5	1
1:A:131:LEU:HD23	1:A:143:LEU:CB	0.42	2.44	4	1
1:A:91:LEU:CB	1:A:134:ALA:CB	0.42	2.98	3	1
1:A:88:PHE:CB	1:A:142:LYS:HD2	0.42	2.44	3	1
1:A:241:LEU:N	1:A:241:LEU:CD1	0.42	2.83	3	1
1:A:43:LEU:HG	1:A:58:MET:HG2	0.42	1.91	3	1
1:A:11:ILE:O	1:A:84:THR:C	0.42	2.58	6	3
1:A:92:PHE:CZ	1:A:170:LEU:HD13	0.42	2.49	7	1
1:A:120:THR:HA	1:A:160:GLY:O	0.42	2.14	6	1
1:A:127:LEU:CD2	1:A:127:LEU:C	0.42	2.88	5	1
1:A:2:ALA:O	1:A:6:LEU:CB	0.42	2.68	5	1
1:A:216:LYS:HA	1:A:219:CYS:SG	0.42	2.55	2	1
1:A:33:GLY:HA3	1:A:69:ASP:C	0.42	2.35	10	1

Continued on next page...



Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:133:LYS:C	1:A:135:ASN:H	0.42	2.18	4	2
1:A:193:LYS:O	1:A:196:GLU:HB2	0.42	2.15	4	1
1:A:216:LYS:HD3	1:A:217:ASP:N	0.42	2.29	4	1
1:A:184:ILE:HG23	1:A:226:LEU:HD11	0.42	1.91	3	2
1:A:76:VAL:HG21	1:A:96:GLN:HG2	0.42	1.90	3	1
1:A:90:LEU:HD12	1:A:133:LYS:HZ1	0.42	1.75	1	1
1:A:43:LEU:HD21	1:A:81:VAL:HG22	0.42	1.90	1	1
1:A:11:ILE:HD11	1:A:82:LEU:HB2	0.42	1.90	8	1
1:A:163:GLU:CG	1:A:254:LEU:HB3	0.42	2.45	6	1
1:A:170:LEU:HD12	1:A:170:LEU:N	0.42	2.28	5	1
1:A:205:TYR:CE1	1:A:246:LYS:NZ	0.42	2.87	2	1
1:A:76:VAL:N	1:A:170:LEU:HD12	0.42	2.30	2	1
1:A:30:TYR:HB3	1:A:72:LYS:HG3	0.42	1.92	10	1
1:A:17:PHE:CE1	1:A:75:ILE:HD11	0.42	2.49	10	1
1:A:131:LEU:CG	1:A:138:VAL:HG12	0.42	2.45	3	1
1:A:180:LYS:C	1:A:184:ILE:HD12	0.42	2.35	3	1
1:A:191:PHE:CE1	1:A:253:ALA:HB1	0.42	2.49	3	1
1:A:44:LEU:HA	1:A:54:LEU:HD22	0.42	1.90	1	1
1:A:104:MET:CE	1:A:237:ASN:O	0.42	2.68	8	1
1:A:151:LEU:HD23	1:A:160:GLY:O	0.42	2.14	8	1
1:A:187:CYS:O	1:A:189:LYS:N	0.42	2.52	8	1
1:A:211:LEU:HD21	1:A:252:LEU:CD2	0.42	2.44	8	1
1:A:184:ILE:CD1	1:A:226:LEU:CD2	0.42	2.97	3	2
1:A:127:LEU:HD11	1:A:146:TYR:CG	0.42	2.46	9	1
1:A:211:LEU:HD11	1:A:238:ILE:CB	0.42	2.45	9	1
1:A:47:ARG:C	1:A:52:LEU:O	0.42	2.59	9	3
1:A:92:PHE:CD1	1:A:92:PHE:C	0.42	2.92	3	2
1:A:95:GLN:HE22	1:A:170:LEU:HD11	0.42	1.75	7	1
1:A:216:LYS:HA	1:A:231:ILE:CD1	0.42	2.44	7	1
1:A:257:SER:O	1:A:259:GLY:N	0.42	2.52	2	1
1:A:84:THR:CG2	1:A:89:LEU:HD11	0.42	2.40	2	1
1:A:227:ASP:HB3	1:A:229:ASN:ND2	0.42	2.29	10	1
1:A:206:ILE:O	1:A:247:LEU:CA	0.42	2.68	4	1
1:A:123:LEU:HD21	1:A:162:LEU:CD1	0.42	2.45	3	1
1:A:127:LEU:HD22	1:A:143:LEU:O	0.42	2.15	3	1
1:A:181:PHE:CE1	1:A:218:LEU:CD1	0.42	3.03	3	1
1:A:191:PHE:HD1	1:A:191:PHE:C	0.42	2.16	3	1
1:A:164:LEU:CD1	1:A:254:LEU:HD13	0.42	2.42	1	1
1:A:108:ARG:HB3	1:A:241:LEU:CD2	0.42	2.44	8	1
1:A:128:LYS:O	1:A:131:LEU:CD2	0.42	2.67	9	1
1:A:191:PHE:O	1:A:194:ALA:HB3	0.42	2.15	9	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:91:LEU:O	1:A:94:CYS:CB	0.42	2.67	9	1
1:A:171:LEU:CD2	1:A:176:ASN:ND2	0.42	2.83	7	1
1:A:1:MET:SD	1:A:22:HIS:CD2	0.42	3.13	6	1
1:A:10:LEU:HD23	1:A:10:LEU:O	0.42	2.15	5	1
1:A:85:GLU:CD	1:A:88:PHE:HB3	0.42	2.35	5	1
1:A:6:LEU:CG	1:A:43:LEU:HD12	0.42	2.45	2	1
1:A:82:LEU:HD11	1:A:84:THR:OG1	0.42	2.15	2	1
1:A:91:LEU:HG	1:A:134:ALA:CB	0.42	2.44	4	1
1:A:230:ASN:O	1:A:233:THR:CB	0.41	2.68	1	2
1:A:138:VAL:CA	1:A:142:LYS:HG3	0.41	2.45	8	1
1:A:184:ILE:C	1:A:185:LYS:HG2	0.41	2.35	8	1
1:A:252:LEU:O	1:A:255:ILE:CB	0.41	2.65	8	2
1:A:249:ARG:C	1:A:251:ASP:N	0.41	2.73	4	4
1:A:17:PHE:CB	1:A:153:LEU:HD21	0.41	2.45	9	1
1:A:3:GLU:OE2	1:A:49:LYS:HB2	0.41	2.15	9	1
1:A:208:GLU:HB3	1:A:239:MET:HG3	0.41	1.91	6	2
1:A:44:LEU:HD23	1:A:62:VAL:CG2	0.41	2.45	7	1
1:A:58:MET:HG2	1:A:81:VAL:O	0.41	2.15	7	1
1:A:171:LEU:HD22	1:A:172:PRO:CD	0.41	2.45	6	1
1:A:247:LEU:HB2	1:A:252:LEU:HD21	0.41	1.90	5	1
1:A:91:LEU:HD11	1:A:138:VAL:CG1	0.41	2.38	5	1
1:A:94:CYS:CB	1:A:130:LEU:HD21	0.41	2.45	2	1
1:A:126:PHE:CE2	1:A:167:MET:HE2	0.41	2.50	2	1
1:A:238:ILE:HG23	1:A:252:LEU:CG	0.41	2.45	2	1
1:A:173:VAL:HB	1:A:179:LEU:CB	0.41	2.45	10	1
1:A:76:VAL:HA	1:A:92:PHE:CZ	0.41	2.49	10	1
1:A:84:THR:O	1:A:85:GLU:HG3	0.41	2.15	10	1
1:A:91:LEU:N	1:A:91:LEU:HD12	0.41	2.25	4	1
1:A:76:VAL:HB	1:A:96:GLN:NE2	0.41	2.29	4	1
1:A:132:GLU:HA	1:A:136:LYS:O	0.41	2.15	3	1
1:A:20:TRP:CH2	1:A:73:ILE:O	0.41	2.73	3	1
1:A:7:GLN:HA	1:A:7:GLN:OE1	0.41	2.16	4	2
1:A:27:GLY:C	1:A:29:GLY:N	0.41	2.73	6	4
1:A:138:VAL:HA	1:A:142:LYS:HG3	0.41	1.92	8	1
1:A:181:PHE:CD1	1:A:255:ILE:CG2	0.41	3.03	8	1
1:A:187:CYS:C	1:A:189:LYS:H	0.41	2.19	8	1
1:A:235:LYS:HE3	1:A:239:MET:CG	0.41	2.45	6	1
1:A:24:ASP:CB	1:A:31:LEU:HD22	0.41	2.45	6	1
1:A:181:PHE:O	1:A:184:ILE:CG2	0.41	2.68	5	1
1:A:92:PHE:CE1	1:A:170:LEU:HA	0.41	2.49	5	1
1:A:7:GLN:CD	1:A:47:ARG:NE	0.41	2.72	4	1

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:30:TYR:HB2	1:A:32:GLU:OE2	0.41	2.15	3	1
1:A:181:PHE:CD1	1:A:184:ILE:CG2	0.41	3.03	1	1
1:A:219:CYS:CB	1:A:228:ILE:HD13	0.41	2.45	8	1
1:A:111:ASP:OD2	1:A:116:GLY:N	0.41	2.52	9	1
1:A:214:LEU:C	1:A:214:LEU:HD13	0.41	2.35	6	1
1:A:4:SER:O	1:A:8:SER:CB	0.41	2.62	5	1
1:A:212:ASP:C	1:A:215:LEU:HG	0.41	2.35	10	1
1:A:2:ALA:HB1	1:A:6:LEU:HG	0.41	1.92	3	2
1:A:181:PHE:N	1:A:184:ILE:HD12	0.41	2.30	3	1
1:A:91:LEU:CB	1:A:130:LEU:HB3	0.41	2.44	1	1
1:A:178:LEU:N	1:A:178:LEU:CD2	0.41	2.83	9	1
1:A:6:LEU:CD1	1:A:82:LEU:HB3	0.41	2.46	9	1
1:A:91:LEU:HG	1:A:138:VAL:HG21	0.41	1.91	7	1
1:A:86:GLU:N	1:A:89:LEU:HD12	0.41	2.30	2	1
1:A:92:PHE:CE2	1:A:146:TYR:CE1	0.41	3.08	2	1
1:A:143:LEU:HG	1:A:144:ALA:N	0.41	2.30	10	1
1:A:191:PHE:CD2	1:A:192:ASN:N	0.41	2.88	10	1
1:A:242:SER:CB	1:A:247:LEU:HB2	0.41	2.45	4	1
1:A:10:LEU:HD22	1:A:88:PHE:CE1	0.41	2.50	3	1
1:A:127:LEU:HD12	1:A:127:LEU:C	0.41	2.35	3	1
1:A:17:PHE:CG	1:A:153:LEU:HD11	0.41	2.50	3	1
1:A:54:LEU:CD1	1:A:58:MET:HB3	0.41	2.46	3	1
1:A:107:TRP:CZ2	1:A:254:LEU:HD22	0.41	2.51	1	1
1:A:181:PHE:CA	1:A:184:ILE:HB	0.41	2.44	1	1
1:A:91:LEU:HB3	1:A:130:LEU:CB	0.41	2.42	1	1
1:A:79:ALA:CB	1:A:92:PHE:CZ	0.41	3.03	1	1
1:A:93:ARG:O	1:A:94:CYS:C	0.41	2.59	8	1
1:A:152:LYS:CE	1:A:152:LYS:N	0.41	2.82	6	1
1:A:85:GLU:CG	1:A:88:PHE:HB3	0.41	2.45	5	1
1:A:75:ILE:N	1:A:169:ARG:O	0.41	2.52	2	1
1:A:95:GLN:NE2	1:A:167:MET:SD	0.41	2.93	2	1
1:A:131:LEU:HD11	1:A:146:TYR:CD2	0.41	2.50	10	1
1:A:149:LEU:HD13	1:A:149:LEU:C	0.41	2.34	10	1
1:A:127:LEU:O	1:A:131:LEU:CB	0.41	2.69	4	1
1:A:127:LEU:HD23	1:A:147:THR:HB	0.41	1.89	3	1
1:A:219:CYS:HB2	1:A:223:LYS:CE	0.41	2.45	1	1
1:A:130:LEU:HA	1:A:133:LYS:CG	0.41	2.45	8	1
1:A:249:ARG:O	1:A:249:ARG:HD3	0.41	2.15	8	1
1:A:30:TYR:CD2	1:A:73:ILE:C	0.41	2.94	9	1
1:A:179:LEU:C	1:A:179:LEU:CD2	0.41	2.83	7	1
1:A:219:CYS:SG	1:A:228:ILE:N	0.41	2.94	7	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:165:THR:O	1:A:169:ARG:NE	0.41	2.54	6	1
1:A:1:MET:SD	1:A:22:HIS:CG	0.41	3.13	6	1
1:A:110:TYR:CE1	1:A:126:PHE:CZ	0.41	3.09	5	1
1:A:136:LYS:C	1:A:137:THR:HG22	0.41	2.36	5	1
1:A:24:ASP:OD2	1:A:31:LEU:HD22	0.41	2.16	5	1
1:A:105:LYS:HG3	1:A:108:ARG:HH11	0.41	1.75	2	1
1:A:95:GLN:OE1	1:A:167:MET:HG3	0.41	2.15	2	1
1:A:219:CYS:SG	1:A:228:ILE:HD12	0.41	2.56	10	1
1:A:215:LEU:CB	1:A:231:ILE:CG1	0.41	2.97	10	1
1:A:45:GLN:HB3	1:A:49:LYS:HE3	0.41	1.92	10	1
1:A:91:LEU:CD2	1:A:91:LEU:N	0.41	2.84	10	1
1:A:146:TYR:O	1:A:149:LEU:HD13	0.41	2.16	4	1
1:A:164:LEU:O	1:A:168:ALA:CB	0.41	2.69	4	1
1:A:126:PHE:HZ	1:A:167:MET:CE	0.41	2.28	4	1
1:A:178:LEU:CD2	1:A:178:LEU:N	0.41	2.83	4	1
1:A:207:ASP:CB	1:A:246:LYS:CE	0.41	2.98	3	1
1:A:88:PHE:CD1	1:A:88:PHE:N	0.41	2.88	3	1
1:A:228:ILE:HD13	1:A:231:ILE:HD11	0.41	1.92	8	1
1:A:126:PHE:CD1	1:A:130:LEU:HD21	0.41	2.51	5	1
1:A:177:PHE:CD1	1:A:178:LEU:N	0.41	2.89	5	1
1:A:214:LEU:HD23	1:A:214:LEU:C	0.41	2.34	5	1
1:A:85:GLU:O	1:A:89:LEU:CB	0.41	2.68	2	2
1:A:103:PHE:CE2	1:A:171:LEU:CD2	0.41	3.02	10	1
1:A:123:LEU:CD2	1:A:162:LEU:CG	0.41	2.98	10	1
1:A:126:PHE:HZ	1:A:167:MET:SD	0.41	2.38	10	1
1:A:17:PHE:CE2	1:A:21:LEU:CD1	0.41	3.04	10	1
1:A:177:PHE:HE2	1:A:255:ILE:HG23	0.41	1.73	10	1
1:A:54:LEU:CD1	1:A:58:MET:CB	0.41	2.99	10	1
1:A:88:PHE:CD2	1:A:142:LYS:HB3	0.41	2.50	10	1
1:A:211:LEU:CD2	1:A:238:ILE:HD12	0.41	2.46	3	1
1:A:214:LEU:CD1	1:A:215:LEU:HD22	0.41	2.46	1	1
1:A:127:LEU:HB3	1:A:143:LEU:HD13	0.41	1.93	8	1
1:A:206:ILE:CG1	1:A:210:GLU:CB	0.41	2.98	8	2
1:A:54:LEU:O	1:A:59:LYS:CD	0.41	2.69	8	1
1:A:6:LEU:HD21	1:A:43:LEU:CD1	0.41	2.45	8	1
1:A:186:MET:SD	1:A:218:LEU:HD21	0.41	2.56	7	1
1:A:188:GLY:HA3	1:A:260:ASP:CB	0.41	2.45	7	1
1:A:38:ASN:O	1:A:41:GLN:HB3	0.41	2.15	7	2
1:A:154:PHE:CE2	1:A:164:LEU:N	0.41	2.89	6	1
1:A:39:LEU:HD23	1:A:40:ILE:CA	0.41	2.44	6	1
1:A:198:TYR:HB3	1:A:206:ILE:HD11	0.41	1.93	5	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:130:LEU:C	1:A:130:LEU:HD13	0.41	2.36	2	1
1:A:12:THR:CG2	1:A:145:GLU:HG3	0.41	2.46	2	1
1:A:219:CYS:SG	1:A:228:ILE:CD1	0.41	3.09	2	1
1:A:91:LEU:CD1	1:A:131:LEU:HD13	0.41	2.33	3	1
1:A:138:VAL:CG2	1:A:138:VAL:O	0.41	2.69	1	1
1:A:195:PHE:CZ	1:A:206:ILE:HG21	0.41	2.51	1	1
1:A:214:LEU:HD12	1:A:238:ILE:CD1	0.41	2.45	1	1
1:A:113:ASP:C	1:A:114:HIS:CG	0.41	2.94	1	1
1:A:227:ASP:N	1:A:234:TYR:CE2	0.41	2.89	8	2
1:A:104:MET:HB2	1:A:104:MET:HE2	0.41	1.83	8	1
1:A:23:PHE:O	1:A:25:ALA:N	0.41	2.50	8	1
1:A:107:TRP:CZ2	1:A:117:PHE:HA	0.41	2.51	9	1
1:A:226:LEU:CD1	1:A:234:TYR:CE2	0.41	3.01	9	1
1:A:207:ASP:CB	1:A:246:LYS:HG2	0.41	2.43	9	1
1:A:117:PHE:CD1	1:A:161:LYS:CD	0.41	3.04	7	1
1:A:139:ASP:CB	1:A:142:LYS:HE2	0.41	2.45	7	1
1:A:153:LEU:CB	1:A:166:GLU:OE2	0.41	2.69	7	1
1:A:33:GLY:O	1:A:36:LEU:HB2	0.41	2.16	7	1
1:A:91:LEU:HD11	1:A:131:LEU:N	0.41	2.30	7	1
1:A:118:ILE:CG1	1:A:126:PHE:CD2	0.41	3.02	6	1
1:A:208:GLU:CB	1:A:239:MET:CG	0.41	2.99	6	1
1:A:218:LEU:O	1:A:222:ASN:N	0.41	2.54	6	1
1:A:239:MET:HE1	1:A:245:GLY:C	0.41	2.36	6	1
1:A:259:GLY:C	1:A:261:ASN:N	0.41	2.74	6	3
1:A:92:PHE:CZ	1:A:170:LEU:CB	0.41	3.03	6	1
1:A:123:LEU:O	1:A:127:LEU:CD1	0.41	2.69	5	1
1:A:242:SER:CB	1:A:247:LEU:HA	0.41	2.45	5	1
1:A:140:ASP:O	1:A:144:ALA:HB3	0.41	2.15	5	1
1:A:168:ALA:CA	1:A:171:LEU:HB2	0.41	2.45	10	1
1:A:17:PHE:HD1	1:A:20:TRP:NE1	0.41	2.14	4	1
1:A:61:PHE:CE2	1:A:77:GLU:HG3	0.41	2.49	4	1
1:A:150:MET:HB3	1:A:151:LEU:HD13	0.41	1.93	1	1
1:A:151:LEU:O	1:A:155:ASP:CA	0.41	2.69	1	1
1:A:237:ASN:O	1:A:240:ALA:CB	0.41	2.69	1	1
1:A:61:PHE:CD1	1:A:81:VAL:HB	0.41	2.51	8	1
1:A:247:LEU:CD1	1:A:252:LEU:HD21	0.41	2.45	9	1
1:A:145:GLU:O	1:A:149:LEU:CD2	0.41	2.67	7	1
1:A:184:ILE:CG2	1:A:185:LYS:N	0.41	2.83	5	1
1:A:194:ALA:O	1:A:198:TYR:N	0.41	2.53	5	1
1:A:214:LEU:CD2	1:A:215:LEU:HD23	0.41	2.46	5	1
1:A:47:ARG:CD	1:A:54:LEU:HD12	0.41	2.46	5	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:54:LEU:CB	1:A:59:LYS:HD2	0.41	2.38	5	1
1:A:184:ILE:CG2	1:A:218:LEU:CD1	0.41	2.99	2	1
1:A:17:PHE:HA	1:A:20:TRP:CD1	0.41	2.50	10	1
1:A:242:SER:CB	1:A:247:LEU:CD1	0.41	2.99	10	1
1:A:181:PHE:CE2	1:A:255:ILE:O	0.41	2.73	10	1
1:A:91:LEU:HB3	1:A:131:LEU:HB3	0.41	1.92	10	1
1:A:11:ILE:HD12	1:A:84:THR:OG1	0.41	2.15	4	1
1:A:195:PHE:CZ	1:A:250:THR:N	0.41	2.89	4	1
1:A:184:ILE:CD1	1:A:226:LEU:CG	0.41	2.99	3	1
1:A:180:LYS:O	1:A:184:ILE:CG1	0.41	2.69	3	1
1:A:95:GLN:HB2	1:A:103:PHE:CE2	0.40	2.51	9	1
1:A:163:GLU:CG	1:A:164:LEU:H	0.40	2.29	9	2
1:A:180:LYS:O	1:A:225:GLU:HB2	0.40	2.16	9	1
1:A:59:LYS:HA	1:A:62:VAL:CG2	0.40	2.47	7	1
1:A:191:PHE:CG	1:A:192:ASN:N	0.40	2.88	6	1
1:A:95:GLN:CD	1:A:95:GLN:N	0.40	2.74	6	1
1:A:205:TYR:HB3	1:A:246:LYS:HZ3	0.40	1.76	5	1
1:A:226:LEU:HD13	1:A:231:ILE:HD13	0.40	1.94	5	1
1:A:40:ILE:O	1:A:44:LEU:CD1	0.40	2.69	5	1
1:A:59:LYS:C	1:A:62:VAL:HG12	0.40	2.33	5	1
1:A:138:VAL:CG1	1:A:143:LEU:HB3	0.40	2.47	2	1
1:A:136:LYS:HE3	1:A:142:LYS:CE	0.40	2.46	10	1
1:A:13:ALA:CB	1:A:149:LEU:CD2	0.40	2.98	10	1
1:A:181:PHE:CG	1:A:184:ILE:CG2	0.40	3.04	10	1
1:A:181:PHE:HE1	1:A:226:LEU:HD11	0.40	1.74	10	1
1:A:138:VAL:HG13	1:A:143:LEU:CD2	0.40	2.46	4	1
1:A:36:LEU:HD21	1:A:65:TYR:CD1	0.40	2.50	4	1
1:A:166:GLU:OE1	1:A:167:MET:CA	0.40	2.69	3	1
1:A:164:LEU:CG	1:A:254:LEU:HD12	0.40	2.46	3	1
1:A:43:LEU:CD2	1:A:58:MET:CG	0.40	2.95	3	1
1:A:10:LEU:CD1	1:A:85:GLU:CG	0.40	3.00	1	1
1:A:9:SER:O	1:A:83:PRO:O	0.40	2.39	8	1
1:A:11:ILE:CG2	1:A:15:GLN:CB	0.40	3.00	9	1
1:A:143:LEU:O	1:A:146:TYR:HB3	0.40	2.17	7	1
1:A:111:ASP:CB	1:A:118:ILE:HD13	0.40	2.47	6	1
1:A:127:LEU:O	1:A:131:LEU:N	0.40	2.54	6	1
1:A:150:MET:HA	1:A:166:GLU:OE1	0.40	2.16	6	1
1:A:40:ILE:HA	1:A:43:LEU:HD21	0.40	1.93	6	1
1:A:127:LEU:H	1:A:127:LEU:CD1	0.40	2.26	5	1
1:A:192:ASN:O	1:A:196:GLU:HB2	0.40	2.16	5	1
1:A:123:LEU:HD21	1:A:126:PHE:CZ	0.40	2.50	10	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:40:ILE:HD11	1:A:61:PHE:CE2	0.40	2.50	10	1
1:A:111:ASP:O	1:A:114:HIS:N	0.40	2.54	3	1
1:A:192:ASN:O	1:A:195:PHE:HB2	0.40	2.16	3	1
1:A:80:HIS:CE1	1:A:86:GLU:HA	0.40	2.52	3	1
1:A:16:PHE:CZ	1:A:79:ALA:HA	0.40	2.51	1	1
1:A:20:TRP:HB3	1:A:78:LEU:CD2	0.40	2.41	1	1
1:A:47:ARG:HD3	1:A:53:GLU:O	0.40	2.15	1	1
1:A:150:MET:HG2	1:A:166:GLU:OE1	0.40	2.17	8	1
1:A:104:MET:CG	1:A:241:LEU:HD21	0.40	2.46	8	1
1:A:91:LEU:HD13	1:A:130:LEU:HD12	0.40	1.93	8	1
1:A:121:GLU:CA	1:A:124:LYS:HD2	0.40	2.44	9	1
1:A:138:VAL:CG1	1:A:142:LYS:CG	0.40	3.00	6	1
1:A:107:TRP:CZ3	1:A:163:GLU:O	0.40	2.74	5	1
1:A:65:TYR:CE1	1:A:73:ILE:HG21	0.40	2.51	2	1
1:A:140:ASP:HA	1:A:143:LEU:HD23	0.40	1.93	10	1
1:A:23:PHE:CE1	1:A:31:LEU:HG	0.40	2.51	10	1
1:A:5:HIS:HB2	1:A:19:ILE:CG1	0.40	2.46	10	1
1:A:127:LEU:HD12	1:A:128:LYS:HG2	0.40	1.92	4	1
1:A:76:VAL:CG2	1:A:93:ARG:HB3	0.40	2.47	4	1
1:A:11:ILE:HG22	1:A:15:GLN:HB2	0.40	1.92	3	1
1:A:215:LEU:O	1:A:231:ILE:HD12	0.40	2.17	3	1
1:A:232:SER:O	1:A:235:LYS:HD3	0.40	2.16	1	1
1:A:152:LYS:CA	1:A:152:LYS:HE2	0.40	2.47	8	1
1:A:23:PHE:CZ	1:A:39:LEU:HD23	0.40	2.51	8	1
1:A:88:PHE:O	1:A:92:PHE:CB	0.40	2.70	8	1
1:A:82:LEU:HD13	1:A:84:THR:HB	0.40	1.94	9	1
1:A:121:GLU:O	1:A:124:LYS:CD	0.40	2.70	7	1
1:A:47:ARG:CG	1:A:54:LEU:CA	0.40	2.96	7	1
1:A:127:LEU:HG	1:A:128:LYS:N	0.40	2.32	3	1
1:A:131:LEU:HG	1:A:138:VAL:N	0.40	2.30	1	1
1:A:177:PHE:CD1	1:A:237:ASN:ND2	0.40	2.90	1	1
1:A:124:LYS:HD3	1:A:125:ASN:N	0.40	2.32	7	1
1:A:165:THR:O	1:A:169:ARG:CG	0.40	2.69	7	1
1:A:88:PHE:CB	1:A:142:LYS:HB2	0.40	2.47	6	1
1:A:127:LEU:CD1	1:A:143:LEU:HA	0.40	2.44	6	1
1:A:237:ASN:O	1:A:238:ILE:C	0.40	2.60	6	1
1:A:124:LYS:CA	1:A:147:THR:HG21	0.40	2.35	5	1
1:A:191:PHE:CE1	1:A:195:PHE:CG	0.40	3.09	5	1
1:A:211:LEU:HB2	1:A:247:LEU:CD2	0.40	2.35	5	1
1:A:120:THR:HG23	1:A:121:GLU:N	0.40	2.31	2	1
1:A:143:LEU:C	1:A:143:LEU:CD1	0.40	2.87	4	1

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:191:PHE:O	1:A:195:PHE:CD1	0.40	2.75	3	1
1:A:241:LEU:HB3	1:A:251:ASP:OD1	0.40	2.17	3	1

## 6.3 Torsion angles [i](#)

### 6.3.1 Protein backbone [i](#)

In the following table, the Percentiles column shows the percent Ramachandran outliers of the chain as a percentile score with respect to all 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	255/263 (97%)	222±1 (87±0%)	23±3 (9±1%)	10±2 (4±1%)	6	33
All	All	2550/2630 (97%)	2220 (87%)	230 (9%)	100 (4%)	6	33

All 25 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	185	LYS	10
1	A	187	CYS	10
1	A	27	GLY	9
1	A	138	VAL	8
1	A	111	ASP	7
1	A	208	GLU	6
1	A	9	SER	6
1	A	85	GLU	6
1	A	137	THR	5
1	A	139	ASP	4
1	A	114	HIS	4
1	A	112	THR	3
1	A	222	ASN	3
1	A	28	SER	3
1	A	258	ALA	2
1	A	186	MET	2
1	A	172	PRO	2
1	A	134	ALA	2
1	A	155	ASP	2
1	A	119	GLU	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	118	ILE	1
1	A	94	CYS	1
1	A	8	SER	1
1	A	32	GLU	1
1	A	136	LYS	1

### 6.3.2 Protein sidechains ⓘ

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

Mol	Chain	Analysed	Rotameric	Outliers	Percentiles
1	A	227/232 (98%)	128±3 (57±1%)	99±3 (43±1%)	0 3
All	All	2270/2320 (98%)	1283 (57%)	987 (43%)	0 3

All 200 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	84	THR	10
1	A	39	LEU	10
1	A	107	TRP	10
1	A	98	LYS	10
1	A	152	LYS	10
1	A	117	PHE	10
1	A	44	LEU	10
1	A	197	LEU	10
1	A	149	LEU	10
1	A	110	TYR	10
1	A	126	PHE	10
1	A	108	ARG	10
1	A	162	LEU	10
1	A	59	LYS	10
1	A	235	LYS	10
1	A	181	PHE	10
1	A	214	LEU	10
1	A	161	LYS	10
1	A	11	ILE	10
1	A	246	LYS	10

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	171	LEU	10
1	A	20	TRP	10
1	A	1	MET	10
1	A	233	THR	9
1	A	124	LYS	9
1	A	16	PHE	9
1	A	254	LEU	9
1	A	154	PHE	9
1	A	78	LEU	9
1	A	142	LYS	9
1	A	191	PHE	9
1	A	68	ARG	9
1	A	93	ARG	9
1	A	250	THR	9
1	A	47	ARG	9
1	A	215	LEU	9
1	A	136	LYS	9
1	A	249	ARG	8
1	A	252	LEU	8
1	A	205	TYR	8
1	A	146	TYR	8
1	A	239	MET	8
1	A	180	LYS	8
1	A	90	LEU	7
1	A	195	PHE	7
1	A	255	ILE	7
1	A	104	MET	7
1	A	5	HIS	7
1	A	247	LEU	7
1	A	167	MET	7
1	A	40	ILE	7
1	A	201	ASP	7
1	A	256	LEU	7
1	A	67	GLN	7
1	A	223	LYS	7
1	A	82	LEU	7
1	A	36	LEU	6
1	A	12	THR	6
1	A	226	LEU	6
1	A	164	LEU	6
1	A	64	GLN	6
1	A	131	LEU	6

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	169	ARG	6
1	A	133	LYS	6
1	A	242	SER	6
1	A	173	VAL	6
1	A	200	GLN	6
1	A	210	GLU	6
1	A	99	SER	6
1	A	31	LEU	6
1	A	26	ASP	6
1	A	122	GLU	6
1	A	220	GLU	6
1	A	260	ASP	6
1	A	88	PHE	6
1	A	109	LYS	6
1	A	143	LEU	6
1	A	140	ASP	6
1	A	23	PHE	6
1	A	95	GLN	6
1	A	10	LEU	5
1	A	216	LYS	5
1	A	166	GLU	5
1	A	97	LEU	5
1	A	45	GLN	5
1	A	48	LYS	5
1	A	113	ASP	5
1	A	96	GLN	5
1	A	228	ILE	5
1	A	211	LEU	5
1	A	6	LEU	5
1	A	208	GLU	5
1	A	129	ASP	5
1	A	179	LEU	5
1	A	232	SER	5
1	A	85	GLU	5
1	A	28	SER	5
1	A	139	ASP	4
1	A	137	THR	4
1	A	80	HIS	4
1	A	217	ASP	4
1	A	225	GLU	4
1	A	9	SER	4
1	A	174	GLN	4

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	170	LEU	4
1	A	185	LYS	4
1	A	123	LEU	4
1	A	221	LYS	4
1	A	176	ASN	4
1	A	70	ASP	4
1	A	127	LEU	4
1	A	77	GLU	4
1	A	231	ILE	4
1	A	199	ASP	4
1	A	165	THR	4
1	A	120	THR	4
1	A	189	LYS	4
1	A	119	GLU	4
1	A	177	PHE	4
1	A	94	CYS	4
1	A	135	ASN	4
1	A	91	LEU	4
1	A	34	LYS	3
1	A	22	HIS	3
1	A	118	ILE	3
1	A	187	CYS	3
1	A	102	GLU	3
1	A	35	GLU	3
1	A	230	ASN	3
1	A	138	VAL	3
1	A	186	MET	3
1	A	38	ASN	3
1	A	236	LYS	3
1	A	55	SER	3
1	A	184	ILE	3
1	A	130	LEU	3
1	A	43	LEU	3
1	A	92	PHE	3
1	A	190	GLU	3
1	A	103	PHE	3
1	A	4	SER	3
1	A	115	SER	3
1	A	132	GLU	3
1	A	114	HIS	3
1	A	105	LYS	3
1	A	42	GLU	3

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	15	GLN	3
1	A	14	SER	3
1	A	57	GLU	3
1	A	175	GLU	2
1	A	153	LEU	2
1	A	218	LEU	2
1	A	209	ASN	2
1	A	58	MET	2
1	A	111	ASP	2
1	A	203	ASN	2
1	A	8	SER	2
1	A	243	ASP	2
1	A	238	ILE	2
1	A	150	MET	2
1	A	125	ASN	2
1	A	53	GLU	2
1	A	148	ASP	2
1	A	128	LYS	2
1	A	112	THR	2
1	A	229	ASN	2
1	A	21	LEU	2
1	A	182	GLN	2
1	A	86	GLU	2
1	A	62	VAL	2
1	A	32	GLU	2
1	A	222	ASN	2
1	A	121	GLU	2
1	A	3	GLU	2
1	A	192	ASN	2
1	A	219	CYS	2
1	A	227	ASP	2
1	A	151	LEU	2
1	A	206	ILE	2
1	A	7	GLN	2
1	A	87	ASN	1
1	A	141	THR	1
1	A	193	LYS	1
1	A	251	ASP	1
1	A	155	ASP	1
1	A	224	GLN	1
1	A	178	LEU	1
1	A	89	LEU	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	207	ASP	1
1	A	76	VAL	1
1	A	196	GLU	1
1	A	75	ILE	1
1	A	257	SER	1
1	A	63	ASP	1
1	A	49	LYS	1
1	A	52	LEU	1
1	A	18	GLU	1
1	A	241	LEU	1
1	A	145	GLU	1
1	A	72	LYS	1

### 6.3.3 RNA [i](#)

There are no RNA molecules in this entry.

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

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

### 6.5 Carbohydrates [i](#)

There are no carbohydrates in this entry.

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

There are no ligands in this entry.

### 6.7 Other polymers [i](#)

There are no such molecules in this entry.

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

There are no chain breaks in this entry.



## 7 Chemical shift validation

No chemical shift data were provided