



Full wwPDB NMR Structure Validation Report ⓘ

May 28, 2020 – 10:20 pm BST

PDB ID : 2JXU
Title : NMR solution structure of KP-TerB, a tellurite resistance protein from *Klebsiella pneumoniae*
Authors : Chiang, S.-K.; Lou, Y.-C.; Chen, C.
Deposited on : 2007-11-30

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

We welcome your comments at validation@mail.wwpdb.org

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 : 20191225.v01 (using entries in the PDB archive December 25th 2019)
RCI : v_1n_11_5_13_A (Berjanski et al., 2005)
PANAV : Wang et al. (2010)
ShiftChecker : 2.11
Ideal geometry (proteins) : Engh & Huber (2001)
Ideal geometry (DNA, RNA) : Parkinson et al. (1996)
Validation Pipeline (wwPDB-VP) : 2.11

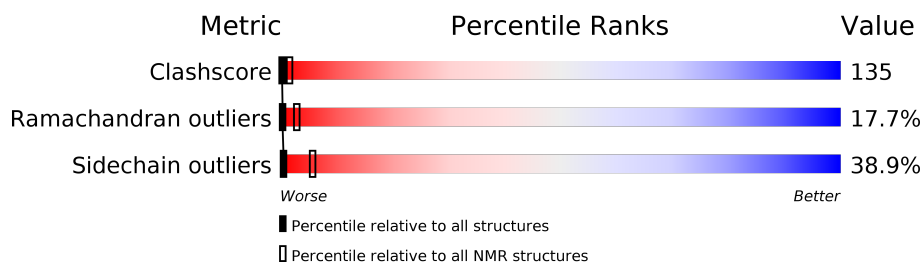
1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:

SOLUTION NMR

The overall completeness of chemical shifts assignment is 92%.

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	158937	12864
Ramachandran outliers	154571	11451
Sidechain outliers	154315	11428

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

Mol	Chain	Length	Quality of chain
1	A	153	

2 Ensemble composition and analysis

This entry contains 20 models. Model 18 is the overall representative, medoid model (most similar to other models). The authors have identified model 1 as representative, based on the following criterion: *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:7-A:150 (144)	0.18	18

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 4 clusters and 2 single-model clusters were found.

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

3 Entry composition

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 2387 atoms, of which 1197 are hydrogens and 0 are deuteriums.

- Molecule 1 is a protein called TerB.

Mol	Chain	Residues	Atoms						Trace
1	A	153	Total	C	H	N	O	S	0
			2387	753	1197	199	233	5	

There are 2 discrepancies between the modelled and reference sequences:

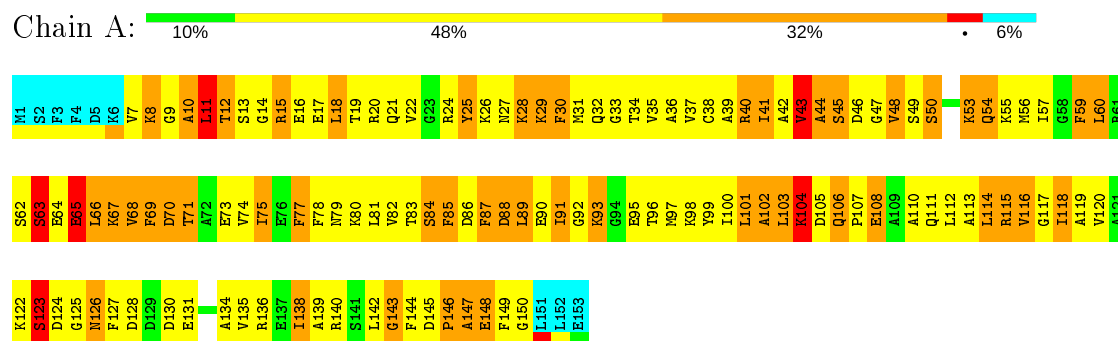
Chain	Residue	Modelled	Actual	Comment	Reference
A	152	LEU	-	expression tag	UNP Q6U646
A	153	GLU	-	expression tag	UNP Q6U646

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: TerB

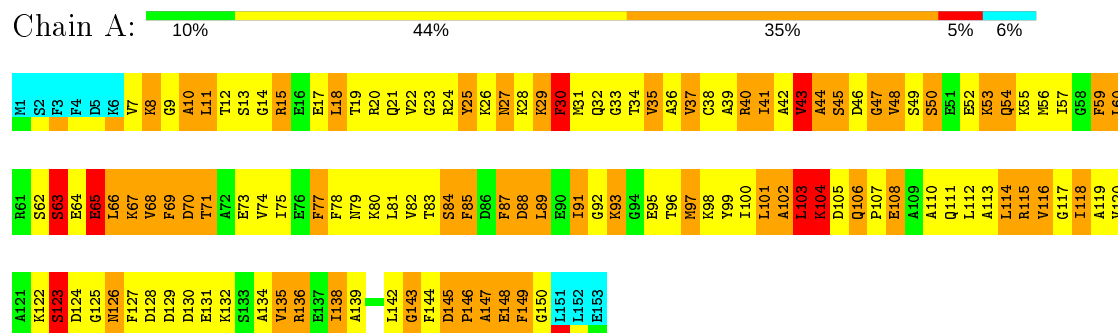


4.2 Scores per residue for each member of the ensemble

Colouring as in section 4.1 above.

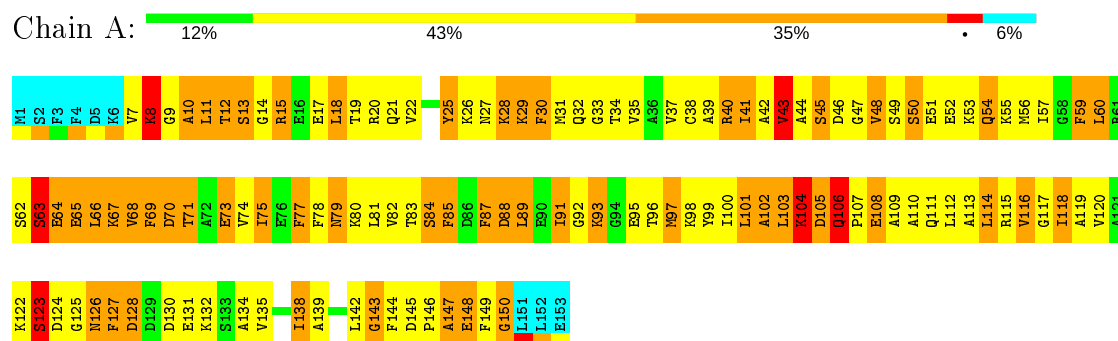
4.2.1 Score per residue for model 1

- Molecule 1: TerB



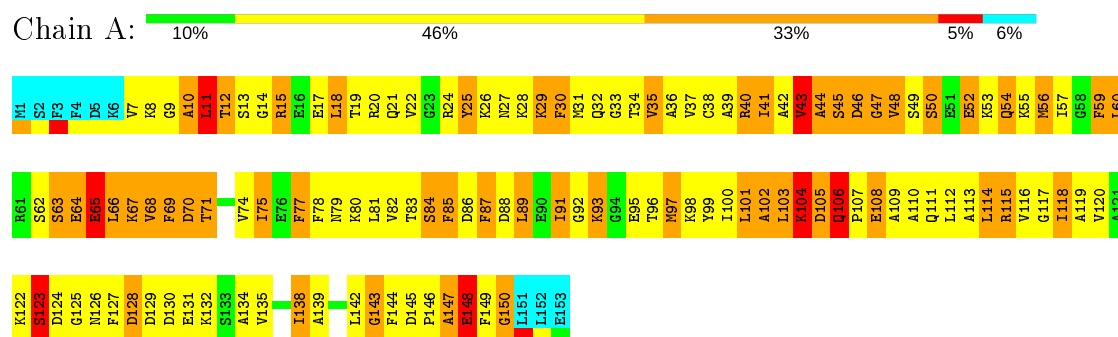
4.2.2 Score per residue for model 2

- Molecule 1: TerB



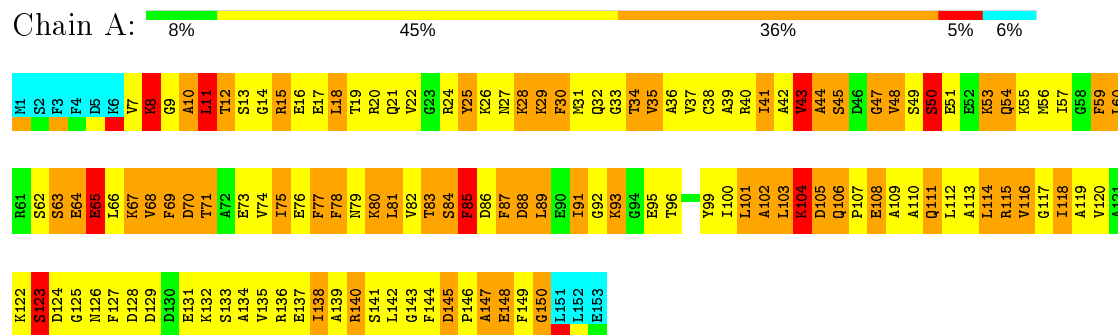
4.2.3 Score per residue for model 3

- Molecule 1: TerB



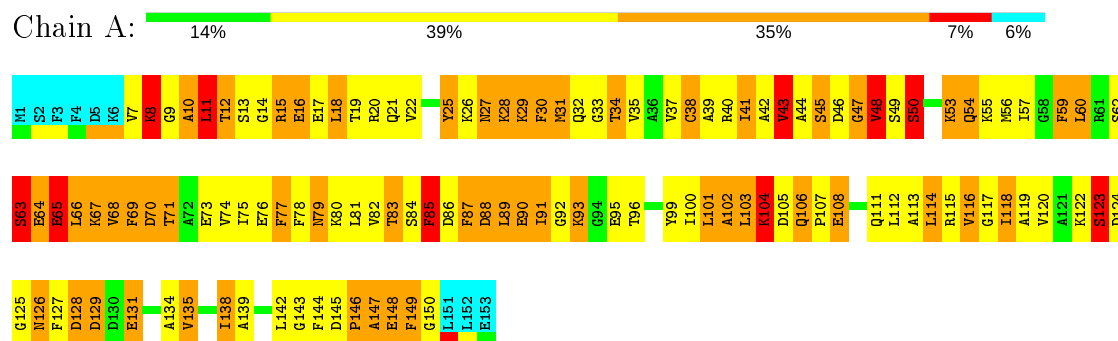
4.2.4 Score per residue for model 4

- Molecule 1: TerB



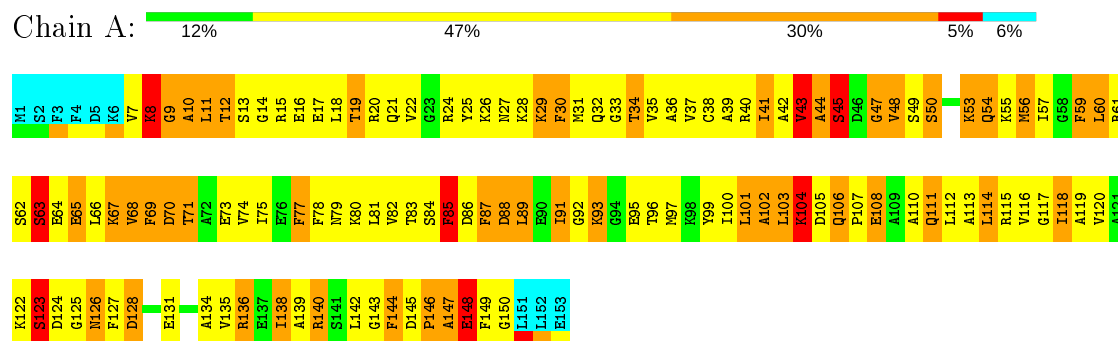
4.2.5 Score per residue for model 5

- Molecule 1: TerB



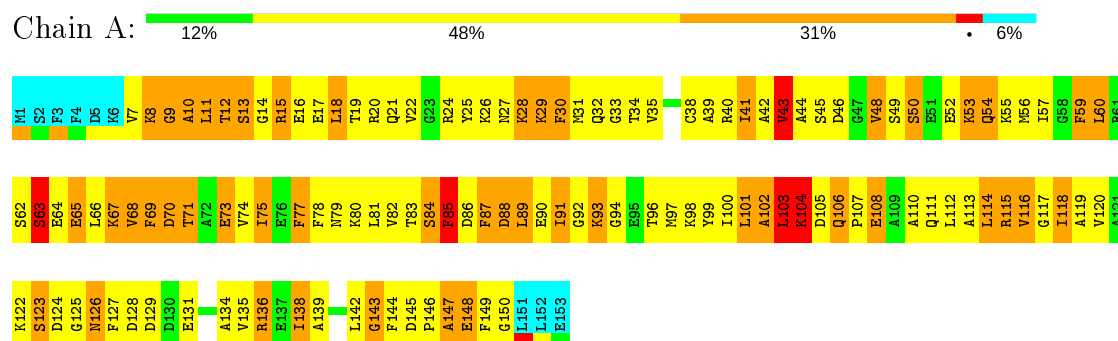
4.2.6 Score per residue for model 6

- Molecule 1: TerB



4.2.7 Score per residue for model 7

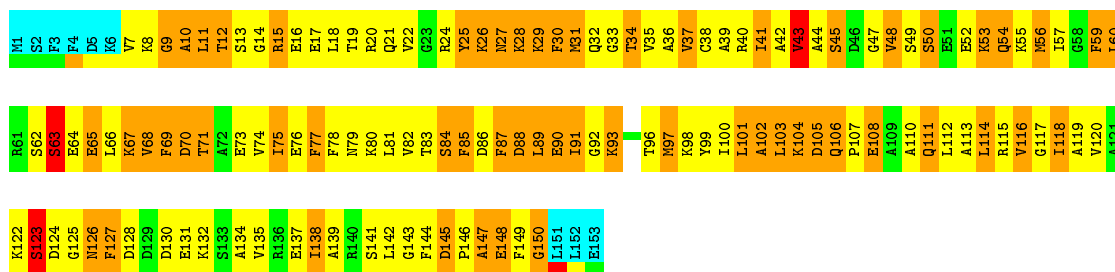
- Molecule 1: TerB



4.2.8 Score per residue for model 8

- Molecule 1: TerB

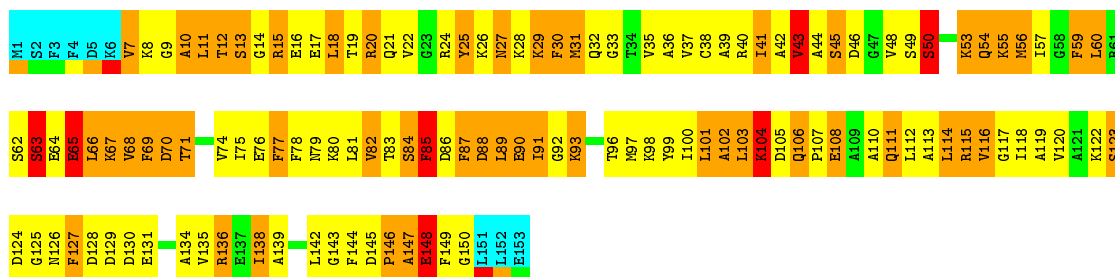




4.2.9 Score per residue for model 9

- Molecule 1: TerB

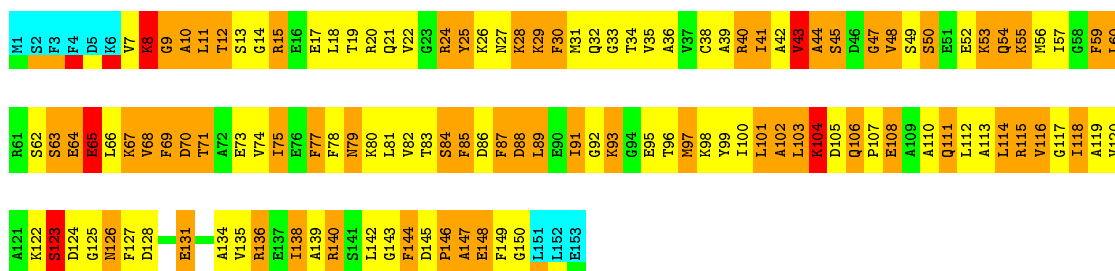
Chain A: 12% 44% 33% 5% 6%



4.2.10 Score per residue for model 10

- Molecule 1: TerB

Chain A: 12% 40% 39% 6%

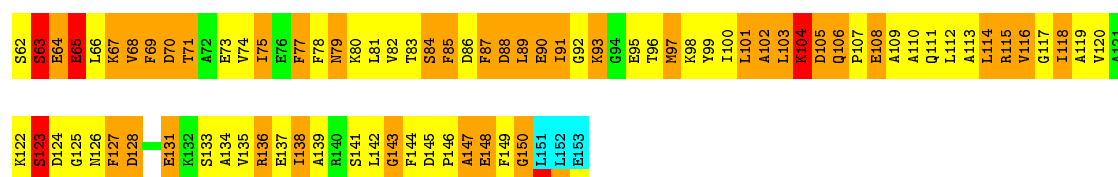


4.2.11 Score per residue for model 11

- Molecule 1: TerB

Chain A: 10% 42% 37% 5% 6%

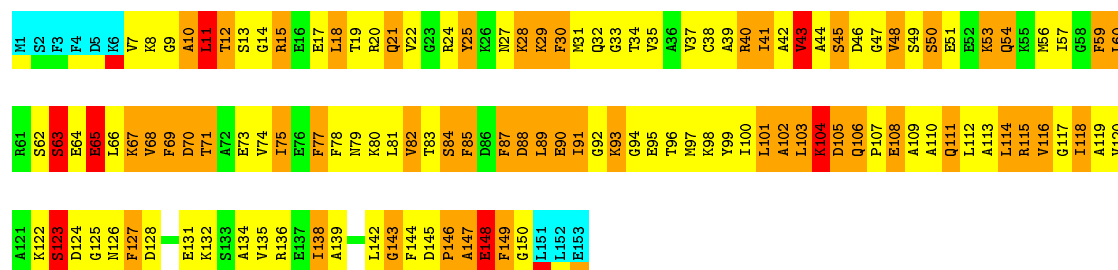




4.2.12 Score per residue for model 12

- Molecule 1: TerB

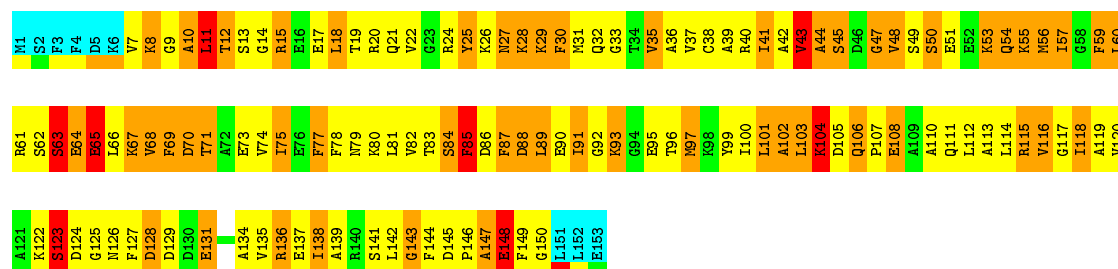
Chain A: 12% 44% 33% 5% 6%



4.2.13 Score per residue for model 13

- Molecule 1: TerB

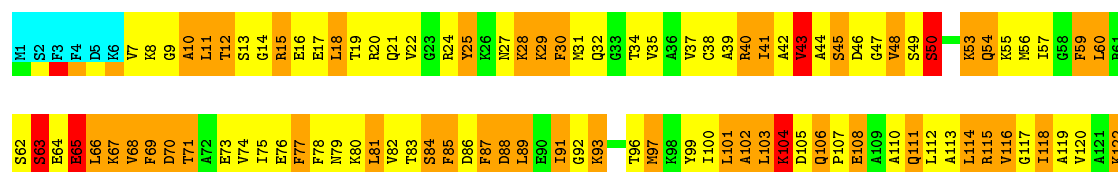
Chain A: 10% 44% 35% 5% 6%

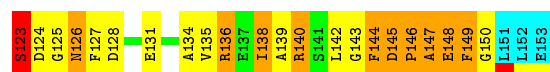


4.2.14 Score per residue for model 14

- Molecule 1: TerB

Chain A: 14% 41% 35% 6%





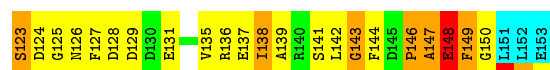
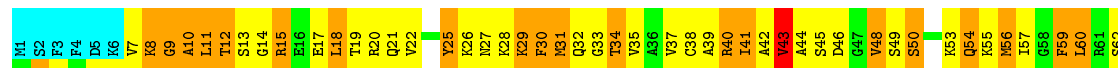
4.2.15 Score per residue for model 15

- Molecule 1: TerB



4.2.16 Score per residue for model 16

- Molecule 1: TerB



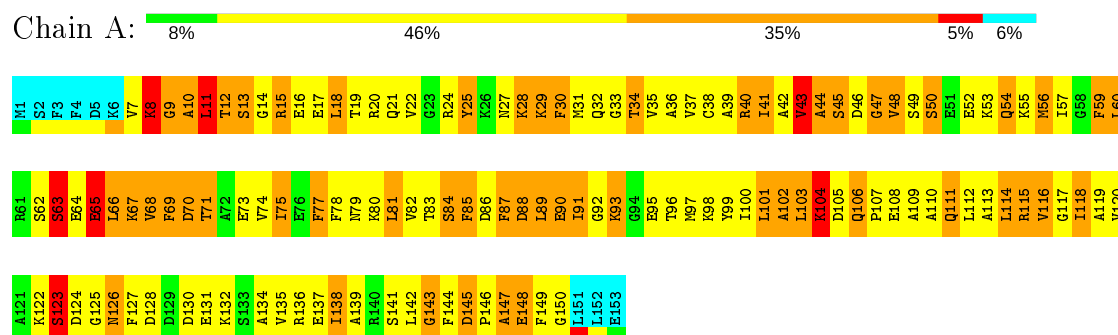
4.2.17 Score per residue for model 17

- Molecule 1: TerB



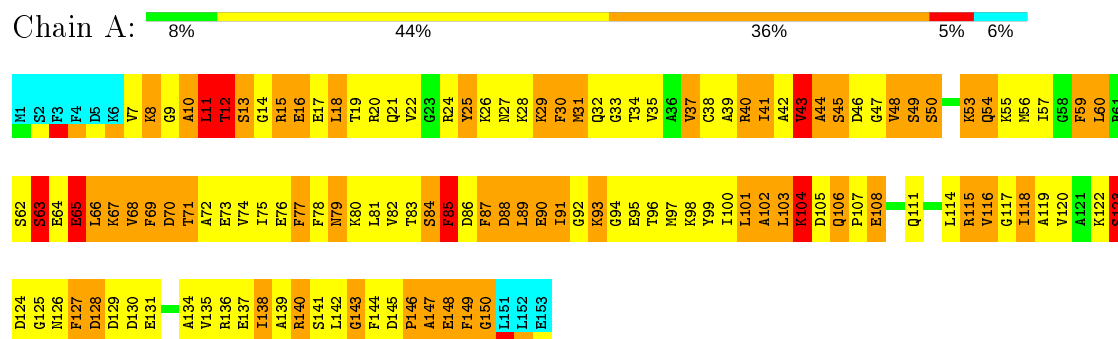
4.2.18 Score per residue for model 18 (medoid)

• Molecule 1: TerB



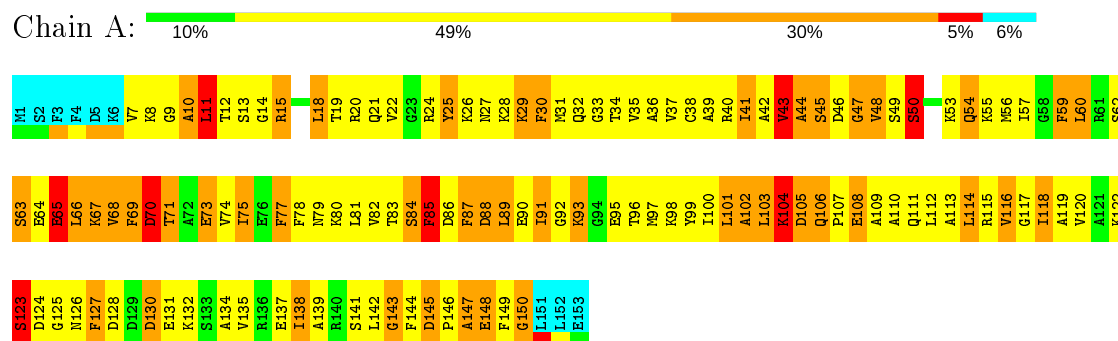
4.2.19 Score per residue for model 19

• Molecule 1: TerB



4.2.20 Score per residue for model 20

• Molecule 1: TerB



5 Refinement protocol and experimental data overview

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

Of the 200 calculated structures, 20 were deposited, based on the following criterion: *structures with the least restraint violations*.

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

Software name	Classification	Version
X-PLOR NIH	refinement	

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

Chemical shift file(s)	input_cs.cif
Number of chemical shift lists	1
Total number of shifts	1898
Number of shifts mapped to atoms	1898
Number of unparsed shifts	0
Number of shifts with mapping errors	0
Number of shifts with mapping warnings	0
Assignment completeness (well-defined parts)	92%

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	1111	1118	1118	301±12
All	All	22220	22360	22360	6024

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 135.

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

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:118:ILE:HD13	1:A:119:ALA:N	1.22	1.50	4	2
1:A:118:ILE:HD12	1:A:119:ALA:N	1.09	1.62	9	18
1:A:131:GLU:O	1:A:135:VAL:HG22	1.03	1.52	1	5
1:A:135:VAL:HG11	1:A:149:PHE:CD1	1.02	1.89	12	5
1:A:115:ARG:O	1:A:118:ILE:HG23	1.02	1.53	3	2
1:A:41:ILE:HD13	1:A:42:ALA:N	1.00	1.72	5	7
1:A:30:PHE:CD1	1:A:31:MET:N	0.95	2.33	6	20
1:A:7:VAL:HG13	1:A:82:VAL:HG21	0.93	1.40	19	4
1:A:119:ALA:O	1:A:123:SER:N	0.92	2.02	3	20
1:A:131:GLU:O	1:A:135:VAL:HG23	0.92	1.65	12	14
1:A:115:ARG:O	1:A:118:ILE:HG13	0.91	1.66	15	18
1:A:89:LEU:N	1:A:89:LEU:HD13	0.91	1.80	7	11
1:A:103:LEU:O	1:A:103:LEU:HD12	0.91	1.64	17	1
1:A:89:LEU:HD13	1:A:89:LEU:N	0.90	1.80	2	9

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:67:LYS:HZ3	1:A:70:ASP:N	0.90	1.64	4	1
1:A:118:ILE:HD13	1:A:119:ALA:H	0.89	1.18	3	2
1:A:7:VAL:HG22	1:A:9:GLY:H	0.89	1.28	4	5
1:A:135:VAL:HG21	1:A:149:PHE:CD1	0.88	2.03	14	1
1:A:116:VAL:HG23	1:A:127:PHE:CZ	0.87	2.04	6	20
1:A:82:VAL:O	1:A:85:PHE:CE1	0.87	2.28	4	20
1:A:78:PHE:O	1:A:82:VAL:HG12	0.87	1.69	13	9
1:A:68:VAL:O	1:A:69:PHE:CG	0.86	2.27	6	20
1:A:19:THR:OG1	1:A:74:VAL:HG21	0.86	1.70	15	20
1:A:67:LYS:HZ3	1:A:69:PHE:C	0.86	1.74	4	1
1:A:22:VAL:HG21	1:A:65:GLU:CD	0.86	1.91	6	1
1:A:53:LYS:NZ	1:A:57:ILE:HD11	0.85	1.86	11	2
1:A:118:ILE:CD1	1:A:119:ALA:N	0.85	2.39	4	20
1:A:18:LEU:HD12	1:A:30:PHE:CE2	0.85	2.07	3	19
1:A:116:VAL:HG23	1:A:127:PHE:CE1	0.84	2.07	6	20
1:A:118:ILE:HD12	1:A:119:ALA:H	0.84	1.28	16	18
1:A:35:VAL:HG22	1:A:78:PHE:CZ	0.84	2.07	9	3
1:A:37:VAL:HG22	1:A:53:LYS:NZ	0.84	1.88	4	1
1:A:112:LEU:HD21	1:A:134:ALA:CB	0.83	2.03	5	1
1:A:87:PHE:CG	1:A:88:ASP:N	0.82	2.48	10	20
1:A:7:VAL:HG12	1:A:9:GLY:H	0.82	1.35	9	2
1:A:115:ARG:O	1:A:118:ILE:HD12	0.82	1.75	4	2
1:A:85:PHE:O	1:A:89:LEU:HD12	0.81	1.76	4	20
1:A:79:ASN:O	1:A:83:THR:HG22	0.81	1.73	14	2
1:A:68:VAL:O	1:A:69:PHE:CD2	0.81	2.34	17	20
1:A:77:PHE:CG	1:A:78:PHE:N	0.81	2.49	19	20
1:A:78:PHE:O	1:A:82:VAL:HG22	0.80	1.75	12	5
1:A:19:THR:O	1:A:22:VAL:HG12	0.80	1.77	2	8
1:A:59:PHE:CZ	1:A:63:SER:OG	0.80	2.34	3	3
1:A:102:ALA:O	1:A:104:LYS:N	0.80	2.15	17	20
1:A:27:ASN:O	1:A:30:PHE:CD2	0.79	2.35	1	3
1:A:22:VAL:CG1	1:A:68:VAL:HG22	0.79	2.07	20	8
1:A:103:LEU:O	1:A:103:LEU:HD13	0.79	1.78	19	2
1:A:30:PHE:N	1:A:30:PHE:CD1	0.79	2.49	3	14
1:A:38:CYS:O	1:A:41:ILE:CD1	0.78	2.32	12	20
1:A:135:VAL:HG11	1:A:149:PHE:CE1	0.77	2.13	16	3
1:A:59:PHE:O	1:A:63:SER:N	0.77	2.17	4	20
1:A:112:LEU:HD21	1:A:134:ALA:HB1	0.77	1.54	1	17
1:A:103:LEU:HD23	1:A:103:LEU:C	0.77	2.00	7	2
1:A:30:PHE:CD1	1:A:30:PHE:N	0.77	2.49	11	6
1:A:87:PHE:C	1:A:87:PHE:CD1	0.77	2.56	2	13

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:7:VAL:HG12	1:A:82:VAL:HG11	0.77	1.55	14	1
1:A:93:LYS:N	1:A:93:LYS:NZ	0.77	2.33	10	5
1:A:41:ILE:HD13	1:A:42:ALA:H	0.77	1.39	12	7
1:A:87:PHE:CD1	1:A:87:PHE:C	0.77	2.56	20	7
1:A:22:VAL:CG2	1:A:68:VAL:HG22	0.77	2.10	11	5
1:A:122:LYS:O	1:A:124:ASP:N	0.76	2.18	16	20
1:A:93:LYS:NZ	1:A:93:LYS:N	0.76	2.34	20	9
1:A:146:PRO:O	1:A:147:ALA:HB3	0.76	1.81	12	6
1:A:81:LEU:O	1:A:85:PHE:HB3	0.76	1.80	7	20
1:A:37:VAL:HG22	1:A:53:LYS:HZ2	0.76	1.39	4	1
1:A:7:VAL:HG22	1:A:82:VAL:HG11	0.75	1.57	17	4
1:A:7:VAL:CG1	1:A:82:VAL:HG11	0.75	2.12	18	2
1:A:149:PHE:N	1:A:149:PHE:CD1	0.75	2.53	5	6
1:A:85:PHE:O	1:A:89:LEU:CD1	0.75	2.35	5	20
1:A:48:VAL:N	1:A:89:LEU:HD23	0.75	1.96	14	18
1:A:89:LEU:O	1:A:93:LYS:CE	0.75	2.35	9	4
1:A:82:VAL:O	1:A:85:PHE:CD1	0.74	2.40	8	20
1:A:9:GLY:O	1:A:10:ALA:HB2	0.74	1.82	18	20
1:A:7:VAL:HG23	1:A:82:VAL:HG11	0.74	1.60	13	6
1:A:19:THR:O	1:A:22:VAL:HG23	0.74	1.82	14	7
1:A:29:LYS:HB3	1:A:57:ILE:HG22	0.74	1.60	11	19
1:A:37:VAL:HG13	1:A:53:LYS:NZ	0.73	1.98	4	2
1:A:35:VAL:HG22	1:A:78:PHE:CE1	0.73	2.19	9	2
1:A:15:ARG:CD	1:A:15:ARG:H	0.73	1.97	19	1
1:A:106:GLN:N	1:A:108:GLU:OE2	0.73	2.22	3	4
1:A:93:LYS:HZ3	1:A:93:LYS:N	0.72	1.80	5	6
1:A:93:LYS:CE	1:A:93:LYS:N	0.72	2.52	3	9
1:A:149:PHE:CD1	1:A:149:PHE:N	0.72	2.56	16	11
1:A:93:LYS:HZ3	1:A:93:LYS:CA	0.72	1.97	10	8
1:A:115:ARG:O	1:A:118:ILE:CG1	0.72	2.37	12	18
1:A:22:VAL:HG12	1:A:68:VAL:HG13	0.72	1.62	6	8
1:A:31:MET:O	1:A:35:VAL:HG13	0.72	1.84	17	3
1:A:63:SER:O	1:A:66:LEU:HD13	0.72	1.85	19	4
1:A:87:PHE:CE1	1:A:120:VAL:HA	0.72	2.20	9	20
1:A:93:LYS:CA	1:A:93:LYS:HZ3	0.71	1.98	1	6
1:A:37:VAL:HG13	1:A:53:LYS:HZ2	0.71	1.45	4	2
1:A:15:ARG:H	1:A:15:ARG:CD	0.71	1.98	8	2
1:A:40:ARG:O	1:A:43:VAL:CG1	0.71	2.38	16	19
1:A:29:LYS:CB	1:A:57:ILE:HG22	0.71	2.15	11	20
1:A:108:GLU:OE1	1:A:108:GLU:N	0.71	2.24	20	10
1:A:29:LYS:HB2	1:A:57:ILE:HG22	0.71	1.61	18	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:7:VAL:O	1:A:9:GLY:N	0.71	2.23	15	20
1:A:35:VAL:CG1	1:A:78:PHE:CG	0.71	2.74	2	13
1:A:108:GLU:CD	1:A:109:ALA:H	0.71	1.88	3	9
1:A:27:ASN:O	1:A:30:PHE:CE2	0.71	2.43	3	18
1:A:87:PHE:CE2	1:A:120:VAL:HG22	0.71	2.21	6	20
1:A:33:GLY:O	1:A:37:VAL:HG23	0.71	1.85	9	3
1:A:99:TYR:CZ	1:A:100:ILE:HD11	0.71	2.21	11	20
1:A:87:PHE:CD1	1:A:88:ASP:N	0.71	2.59	5	20
1:A:28:LYS:HA	1:A:30:PHE:CE1	0.70	2.21	6	20
1:A:43:VAL:HG23	1:A:45:SER:H	0.70	1.45	6	14
1:A:43:VAL:O	1:A:44:ALA:HB3	0.70	1.86	2	9
1:A:27:ASN:O	1:A:30:PHE:CG	0.70	2.43	1	1
1:A:64:GLU:O	1:A:66:LEU:N	0.70	2.24	10	20
1:A:62:SER:O	1:A:63:SER:O	0.70	2.09	12	18
1:A:41:ILE:HD12	1:A:42:ALA:N	0.70	2.02	2	13
1:A:12:THR:HG23	1:A:14:GLY:H	0.70	1.45	10	1
1:A:136:ARG:CA	1:A:147:ALA:HB2	0.70	2.17	7	4
1:A:7:VAL:HG11	1:A:82:VAL:HG11	0.70	1.63	18	1
1:A:131:GLU:O	1:A:135:VAL:HG12	0.70	1.85	14	1
1:A:89:LEU:N	1:A:89:LEU:CD1	0.70	2.54	4	7
1:A:131:GLU:O	1:A:135:VAL:CG2	0.70	2.40	7	18
1:A:89:LEU:CD1	1:A:89:LEU:N	0.69	2.54	9	12
1:A:56:MET:SD	1:A:81:LEU:HD11	0.69	2.28	7	9
1:A:7:VAL:HG11	1:A:78:PHE:CE2	0.69	2.23	20	4
1:A:102:ALA:C	1:A:104:LYS:H	0.69	1.90	13	20
1:A:35:VAL:CG1	1:A:78:PHE:CD1	0.69	2.76	16	9
1:A:7:VAL:HG13	1:A:8:LYS:H	0.69	1.48	20	4
1:A:135:VAL:CG1	1:A:149:PHE:CD1	0.68	2.75	5	2
1:A:42:ALA:O	1:A:44:ALA:N	0.68	2.26	15	17
1:A:60:LEU:O	1:A:63:SER:OG	0.68	2.12	12	11
1:A:7:VAL:CG1	1:A:82:VAL:HG21	0.68	2.18	19	2
1:A:56:MET:CE	1:A:60:LEU:HD13	0.68	2.17	9	4
1:A:25:TYR:N	1:A:25:TYR:CD1	0.68	2.62	17	6
1:A:7:VAL:HG22	1:A:9:GLY:N	0.68	2.04	4	4
1:A:28:LYS:O	1:A:30:PHE:CE1	0.68	2.47	1	20
1:A:127:PHE:CE2	1:A:131:GLU:OE2	0.68	2.47	13	3
1:A:69:PHE:O	1:A:71:THR:N	0.67	2.27	17	20
1:A:67:LYS:C	1:A:68:VAL:HG23	0.67	2.10	4	20
1:A:59:PHE:CE2	1:A:63:SER:OG	0.67	2.47	20	3
1:A:53:LYS:CE	1:A:57:ILE:HD11	0.67	2.19	11	2
1:A:25:TYR:CD1	1:A:25:TYR:N	0.67	2.60	20	14

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:67:LYS:O	1:A:68:VAL:CB	0.67	2.43	2	20
1:A:79:ASN:OD1	1:A:80:LYS:N	0.67	2.28	9	1
1:A:9:GLY:O	1:A:10:ALA:CB	0.67	2.43	8	20
1:A:43:VAL:O	1:A:45:SER:N	0.66	2.28	4	16
1:A:138:ILE:CG2	1:A:139:ALA:N	0.66	2.58	7	20
1:A:40:ARG:HH11	1:A:41:ILE:HG23	0.66	1.48	6	2
1:A:85:PHE:CA	1:A:93:LYS:HZ2	0.66	2.03	3	1
1:A:103:LEU:O	1:A:104:LYS:C	0.66	2.34	19	20
1:A:8:LYS:H	1:A:82:VAL:HG21	0.66	1.50	1	5
1:A:87:PHE:CE2	1:A:88:ASP:OD2	0.66	2.49	6	20
1:A:81:LEU:O	1:A:85:PHE:CG	0.66	2.48	4	19
1:A:22:VAL:O	1:A:26:LYS:N	0.66	2.29	13	10
1:A:115:ARG:CA	1:A:115:ARG:NE	0.66	2.58	4	3
1:A:28:LYS:O	1:A:30:PHE:CD1	0.66	2.49	3	20
1:A:91:ILE:CG2	1:A:127:PHE:CD2	0.66	2.78	5	20
1:A:88:ASP:O	1:A:92:GLY:N	0.66	2.27	9	16
1:A:7:VAL:C	1:A:9:GLY:H	0.65	1.95	18	20
1:A:28:LYS:CB	1:A:60:LEU:O	0.65	2.44	12	18
1:A:8:LYS:O	1:A:79:ASN:ND2	0.65	2.29	11	5
1:A:18:LEU:HD12	1:A:30:PHE:CZ	0.65	2.26	15	16
1:A:114:LEU:O	1:A:117:GLY:N	0.65	2.29	11	20
1:A:103:LEU:O	1:A:105:ASP:N	0.65	2.29	16	19
1:A:105:ASP:O	1:A:106:GLN:CB	0.65	2.45	5	20
1:A:11:LEU:N	1:A:11:LEU:CD2	0.65	2.60	8	12
1:A:37:VAL:CG2	1:A:53:LYS:HZ2	0.65	2.03	4	1
1:A:48:VAL:H	1:A:89:LEU:CD2	0.65	2.05	3	13
1:A:32:GLN:CB	1:A:60:LEU:HD21	0.65	2.21	9	20
1:A:53:LYS:CD	1:A:54:GLN:N	0.65	2.59	1	2
1:A:85:PHE:C	1:A:85:PHE:CD1	0.65	2.68	20	13
1:A:85:PHE:HA	1:A:93:LYS:HZ2	0.65	1.50	3	1
1:A:43:VAL:C	1:A:45:SER:H	0.65	1.95	19	14
1:A:27:ASN:O	1:A:30:PHE:CZ	0.65	2.50	11	18
1:A:7:VAL:CG2	1:A:82:VAL:HG11	0.65	2.21	13	8
1:A:108:GLU:OE1	1:A:109:ALA:N	0.65	2.30	2	7
1:A:41:ILE:HD12	1:A:42:ALA:H	0.65	1.50	2	13
1:A:81:LEU:HD23	1:A:81:LEU:N	0.65	2.07	4	9
1:A:135:VAL:HG21	1:A:149:PHE:CG	0.65	2.26	14	1
1:A:115:ARG:O	1:A:118:ILE:CD1	0.65	2.45	4	20
1:A:19:THR:O	1:A:22:VAL:HG13	0.65	1.91	8	5
1:A:131:GLU:CD	1:A:131:GLU:N	0.64	2.50	10	1
1:A:146:PRO:O	1:A:147:ALA:CB	0.64	2.44	12	6

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:81:LEU:O	1:A:85:PHE:CB	0.64	2.45	4	20
1:A:22:VAL:HG22	1:A:68:VAL:HG13	0.64	1.69	16	5
1:A:85:PHE:CD1	1:A:85:PHE:C	0.64	2.69	19	7
1:A:12:THR:O	1:A:14:GLY:N	0.64	2.31	1	19
1:A:49:SER:O	1:A:50:SER:CB	0.64	2.46	9	20
1:A:99:TYR:CZ	1:A:100:ILE:CD1	0.64	2.81	4	20
1:A:45:SER:O	1:A:46:ASP:CB	0.64	2.46	12	5
1:A:7:VAL:HG12	1:A:9:GLY:N	0.64	2.06	9	1
1:A:73:GLU:OE1	1:A:73:GLU:N	0.64	2.31	20	3
1:A:108:GLU:CD	1:A:108:GLU:H	0.64	1.96	16	2
1:A:67:LYS:O	1:A:68:VAL:HB	0.64	1.93	17	19
1:A:77:PHE:CD1	1:A:78:PHE:N	0.64	2.66	20	19
1:A:11:LEU:CD2	1:A:11:LEU:H	0.64	2.06	2	4
1:A:88:ASP:N	1:A:88:ASP:OD1	0.64	2.30	9	10
1:A:62:SER:CB	1:A:101:LEU:HD11	0.64	2.22	8	17
1:A:67:LYS:HD3	1:A:70:ASP:H	0.64	1.53	7	5
1:A:136:ARG:CG	1:A:147:ALA:HB2	0.64	2.23	12	5
1:A:7:VAL:HG21	1:A:11:LEU:N	0.64	2.08	14	1
1:A:93:LYS:N	1:A:93:LYS:CE	0.63	2.62	18	7
1:A:62:SER:HB2	1:A:101:LEU:HD11	0.63	1.69	16	14
1:A:25:TYR:O	1:A:27:ASN:N	0.63	2.32	1	15
1:A:135:VAL:HG11	1:A:149:PHE:HB2	0.63	1.70	10	3
1:A:91:ILE:HD12	1:A:119:ALA:CB	0.63	2.24	14	20
1:A:126:ASN:O	1:A:127:PHE:CB	0.63	2.47	9	20
1:A:19:THR:HG21	1:A:67:LYS:NZ	0.63	2.08	4	1
1:A:91:ILE:HG22	1:A:116:VAL:HG22	0.63	1.71	6	17
1:A:52:GLU:O	1:A:56:MET:SD	0.63	2.57	3	2
1:A:56:MET:SD	1:A:56:MET:C	0.63	2.76	16	3
1:A:118:ILE:HD13	1:A:126:ASN:CB	0.63	2.24	7	18
1:A:119:ALA:O	1:A:122:LYS:N	0.63	2.31	12	20
1:A:45:SER:OG	1:A:46:ASP:N	0.62	2.30	19	5
1:A:32:GLN:NE2	1:A:65:GLU:OE1	0.62	2.32	4	1
1:A:37:VAL:HG23	1:A:53:LYS:HZ3	0.62	1.54	12	1
1:A:84:SER:O	1:A:86:ASP:N	0.62	2.31	7	9
1:A:93:LYS:N	1:A:93:LYS:HZ1	0.62	1.91	4	2
1:A:40:ARG:NE	1:A:49:SER:O	0.62	2.31	17	3
1:A:140:ARG:NE	1:A:140:ARG:O	0.62	2.32	10	1
1:A:12:THR:C	1:A:14:GLY:H	0.62	1.97	1	20
1:A:138:ILE:HG22	1:A:139:ALA:N	0.62	2.09	1	20
1:A:43:VAL:N	1:A:85:PHE:CE2	0.62	2.68	1	20
1:A:21:GLN:O	1:A:25:TYR:CD1	0.62	2.52	14	6

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:47:GLY:C	1:A:48:VAL:HG23	0.62	2.14	13	8
1:A:67:LYS:CD	1:A:70:ASP:H	0.62	2.06	7	17
1:A:63:SER:O	1:A:66:LEU:HD21	0.62	1.94	20	5
1:A:15:ARG:NE	1:A:71:THR:OG1	0.62	2.33	1	5
1:A:110:ALA:O	1:A:113:ALA:HB3	0.62	1.95	11	17
1:A:47:GLY:O	1:A:48:VAL:O	0.62	2.17	4	4
1:A:88:ASP:OD1	1:A:88:ASP:N	0.62	2.32	7	10
1:A:21:GLN:NE2	1:A:25:TYR:CE2	0.62	2.68	20	1
1:A:139:ALA:O	1:A:143:GLY:N	0.62	2.32	18	12
1:A:20:ARG:HA	1:A:68:VAL:HG12	0.62	1.71	16	20
1:A:25:TYR:C	1:A:27:ASN:H	0.62	1.98	1	16
1:A:38:CYS:O	1:A:41:ILE:HD11	0.62	1.95	2	13
1:A:63:SER:O	1:A:66:LEU:CD2	0.62	2.47	20	5
1:A:32:GLN:O	1:A:35:VAL:HG22	0.62	1.94	8	4
1:A:7:VAL:HG21	1:A:78:PHE:CE2	0.62	2.30	1	2
1:A:7:VAL:HG23	1:A:8:LYS:N	0.62	2.10	7	9
1:A:108:GLU:CD	1:A:109:ALA:N	0.62	2.53	15	6
1:A:108:GLU:N	1:A:108:GLU:OE1	0.61	2.33	1	4
1:A:19:THR:HG23	1:A:65:GLU:HG2	0.61	1.71	16	9
1:A:67:LYS:NZ	1:A:70:ASP:N	0.61	2.46	4	1
1:A:47:GLY:C	1:A:89:LEU:HD23	0.61	2.15	4	3
1:A:90:GLU:OE1	1:A:90:GLU:N	0.61	2.32	11	2
1:A:75:ILE:O	1:A:79:ASN:CG	0.61	2.38	1	3
1:A:99:TYR:CD1	1:A:99:TYR:C	0.61	2.73	4	9
1:A:26:LYS:O	1:A:28:LYS:NZ	0.61	2.33	16	5
1:A:53:LYS:HZ3	1:A:57:ILE:HD11	0.61	1.56	11	1
1:A:128:ASP:N	1:A:131:GLU:OE2	0.61	2.33	14	1
1:A:62:SER:O	1:A:101:LEU:HD21	0.61	1.94	5	13
1:A:11:LEU:CD2	1:A:11:LEU:N	0.61	2.64	4	7
1:A:37:VAL:CG1	1:A:53:LYS:HZ2	0.61	2.08	4	1
1:A:75:ILE:O	1:A:79:ASN:CB	0.61	2.48	10	20
1:A:50:SER:O	1:A:53:LYS:NZ	0.61	2.34	8	1
1:A:15:ARG:HB3	1:A:75:ILE:HG23	0.61	1.72	20	20
1:A:49:SER:OG	1:A:50:SER:N	0.61	2.32	16	12
1:A:7:VAL:HG13	1:A:10:ALA:O	0.61	1.96	8	2
1:A:89:LEU:HD22	1:A:89:LEU:H	0.61	1.55	5	3
1:A:140:ARG:O	1:A:140:ARG:NE	0.61	2.33	4	1
1:A:85:PHE:N	1:A:93:LYS:HZ1	0.61	1.94	18	1
1:A:34:THR:O	1:A:38:CYS:SG	0.61	2.59	19	10
1:A:103:LEU:HD13	1:A:103:LEU:C	0.60	2.16	4	1
1:A:62:SER:O	1:A:101:LEU:HD11	0.60	1.96	4	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:54:GLN:NE2	1:A:54:GLN:O	0.60	2.33	18	2
1:A:19:THR:HG23	1:A:65:GLU:CG	0.60	2.26	13	19
1:A:32:GLN:NE2	1:A:65:GLU:OE2	0.60	2.34	10	5
1:A:21:GLN:NE2	1:A:25:TYR:OH	0.60	2.33	15	1
1:A:11:LEU:H	1:A:11:LEU:CD2	0.60	2.09	7	3
1:A:89:LEU:H	1:A:89:LEU:HD13	0.60	1.56	9	9
1:A:37:VAL:CG2	1:A:53:LYS:NZ	0.60	2.63	4	2
1:A:108:GLU:CD	1:A:108:GLU:N	0.60	2.55	9	6
1:A:108:GLU:N	1:A:108:GLU:CD	0.60	2.55	5	6
1:A:35:VAL:CG1	1:A:36:ALA:N	0.60	2.63	3	3
1:A:31:MET:SD	1:A:31:MET:O	0.60	2.59	18	4
1:A:147:ALA:O	1:A:148:GLU:CB	0.60	2.50	10	8
1:A:62:SER:O	1:A:101:LEU:CD2	0.60	2.49	12	8
1:A:129:ASP:N	1:A:131:GLU:OE2	0.60	2.34	7	1
1:A:87:PHE:CE2	1:A:88:ASP:CG	0.60	2.75	9	20
1:A:102:ALA:HB1	1:A:142:LEU:HD13	0.60	1.73	5	8
1:A:131:GLU:O	1:A:135:VAL:CG1	0.60	2.48	14	1
1:A:78:PHE:CE1	1:A:82:VAL:HG13	0.60	2.32	16	4
1:A:103:LEU:HD12	1:A:103:LEU:C	0.60	2.17	17	1
1:A:64:GLU:C	1:A:66:LEU:N	0.60	2.54	10	20
1:A:91:ILE:CG2	1:A:116:VAL:HG22	0.60	2.27	14	20
1:A:41:ILE:CD1	1:A:42:ALA:N	0.60	2.60	7	20
1:A:80:LYS:O	1:A:84:SER:CB	0.60	2.50	5	20
1:A:100:ILE:HD12	1:A:100:ILE:N	0.59	2.11	4	15
1:A:89:LEU:O	1:A:93:LYS:CD	0.59	2.50	7	11
1:A:11:LEU:HD23	1:A:11:LEU:H	0.59	1.57	6	2
1:A:103:LEU:C	1:A:103:LEU:HD13	0.59	2.16	19	1
1:A:142:LEU:HD12	1:A:144:PHE:CE2	0.59	2.32	4	20
1:A:149:PHE:O	1:A:150:GLY:C	0.59	2.40	2	12
1:A:7:VAL:CG2	1:A:8:LYS:N	0.59	2.64	3	9
1:A:32:GLN:O	1:A:35:VAL:HG12	0.59	1.98	20	3
1:A:147:ALA:O	1:A:148:GLU:CG	0.59	2.50	10	5
1:A:93:LYS:O	1:A:97:MET:SD	0.59	2.60	6	1
1:A:96:THR:O	1:A:100:ILE:CD1	0.59	2.51	18	20
1:A:132:LYS:O	1:A:136:ARG:CG	0.59	2.50	12	1
1:A:20:ARG:O	1:A:68:VAL:CG1	0.59	2.50	10	18
1:A:7:VAL:C	1:A:9:GLY:N	0.59	2.55	10	20
1:A:99:TYR:C	1:A:99:TYR:CD1	0.59	2.76	18	11
1:A:100:ILE:H	1:A:100:ILE:HD12	0.59	1.57	4	8
1:A:8:LYS:O	1:A:8:LYS:CG	0.59	2.50	13	6
1:A:43:VAL:HG11	1:A:48:VAL:HA	0.59	1.75	4	13

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:135:VAL:CG2	1:A:149:PHE:CD1	0.59	2.85	14	1
1:A:103:LEU:HD23	1:A:104:LYS:N	0.59	2.13	1	2
1:A:43:VAL:HG23	1:A:45:SER:N	0.59	2.13	6	17
1:A:43:VAL:HA	1:A:85:PHE:CD2	0.58	2.33	2	20
1:A:127:PHE:O	1:A:128:ASP:CB	0.58	2.50	14	15
1:A:94:GLY:O	1:A:97:MET:SD	0.58	2.61	12	1
1:A:85:PHE:N	1:A:93:LYS:NZ	0.58	2.51	18	1
1:A:48:VAL:N	1:A:89:LEU:CD2	0.58	2.66	14	12
1:A:17:GLU:O	1:A:21:GLN:CG	0.58	2.52	12	19
1:A:83:THR:CG2	1:A:84:SER:N	0.58	2.66	12	18
1:A:29:LYS:C	1:A:29:LYS:CD	0.58	2.72	18	9
1:A:26:LYS:O	1:A:28:LYS:CE	0.58	2.51	7	3
1:A:139:ALA:HB1	1:A:144:PHE:C	0.58	2.19	1	8
1:A:136:ARG:CB	1:A:147:ALA:HB2	0.58	2.28	11	8
1:A:100:ILE:HD12	1:A:100:ILE:H	0.58	1.57	19	12
1:A:30:PHE:N	1:A:30:PHE:HD1	0.58	1.96	4	11
1:A:76:GLU:O	1:A:79:ASN:OD1	0.58	2.20	9	1
1:A:103:LEU:CD2	1:A:103:LEU:C	0.58	2.70	1	2
1:A:11:LEU:C	1:A:11:LEU:HD23	0.58	2.18	1	6
1:A:42:ALA:C	1:A:85:PHE:CE2	0.58	2.77	1	20
1:A:148:GLU:C	1:A:149:PHE:CD1	0.58	2.77	16	14
1:A:64:GLU:O	1:A:67:LYS:CG	0.58	2.51	4	4
1:A:15:ARG:N	1:A:15:ARG:CD	0.58	2.66	7	1
1:A:90:GLU:CD	1:A:90:GLU:H	0.58	2.02	12	2
1:A:19:THR:O	1:A:22:VAL:CG1	0.58	2.51	20	8
1:A:87:PHE:CZ	1:A:120:VAL:N	0.58	2.72	3	20
1:A:43:VAL:O	1:A:44:ALA:CB	0.58	2.51	12	6
1:A:135:VAL:HG11	1:A:149:PHE:CD2	0.58	2.33	11	3
1:A:116:VAL:N	1:A:127:PHE:CE1	0.58	2.72	9	20
1:A:62:SER:HB3	1:A:101:LEU:HD11	0.58	1.74	5	3
1:A:93:LYS:N	1:A:93:LYS:HZ3	0.58	1.95	13	2
1:A:22:VAL:O	1:A:24:ARG:N	0.58	2.37	1	7
1:A:19:THR:O	1:A:22:VAL:CG2	0.57	2.51	14	6
1:A:11:LEU:H	1:A:11:LEU:HD23	0.57	1.58	10	4
1:A:112:LEU:HD23	1:A:138:ILE:HD13	0.57	1.75	20	9
1:A:44:ALA:O	1:A:46:ASP:N	0.57	2.37	9	5
1:A:72:ALA:O	1:A:76:GLU:CG	0.57	2.52	19	2
1:A:47:GLY:O	1:A:48:VAL:HG22	0.57	2.00	2	2
1:A:87:PHE:CE1	1:A:120:VAL:CA	0.57	2.87	3	20
1:A:132:LYS:O	1:A:147:ALA:CB	0.57	2.53	20	8
1:A:108:GLU:CA	1:A:108:GLU:OE1	0.57	2.52	8	9

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:48:VAL:H	1:A:89:LEU:HD23	0.57	1.56	3	1
1:A:21:GLN:O	1:A:24:ARG:N	0.57	2.37	10	6
1:A:90:GLU:H	1:A:90:GLU:CD	0.57	2.03	16	6
1:A:100:ILE:N	1:A:100:ILE:HD12	0.57	2.14	19	5
1:A:122:LYS:C	1:A:124:ASP:N	0.57	2.57	12	20
1:A:97:MET:C	1:A:97:MET:SD	0.57	2.82	2	4
1:A:19:THR:CG2	1:A:67:LYS:HZ2	0.57	2.12	4	1
1:A:131:GLU:CD	1:A:131:GLU:H	0.57	2.01	14	3
1:A:53:LYS:HE3	1:A:57:ILE:HD11	0.57	1.75	13	1
1:A:42:ALA:O	1:A:43:VAL:C	0.57	2.43	4	20
1:A:102:ALA:C	1:A:104:LYS:N	0.57	2.57	15	19
1:A:15:ARG:CD	1:A:15:ARG:N	0.57	2.66	8	2
1:A:115:ARG:NH1	1:A:130:ASP:OD2	0.57	2.37	1	1
1:A:107:PRO:O	1:A:111:GLN:CG	0.57	2.52	19	20
1:A:105:ASP:O	1:A:106:GLN:CG	0.57	2.53	15	16
1:A:32:GLN:HB3	1:A:60:LEU:HD21	0.57	1.76	6	10
1:A:86:ASP:N	1:A:86:ASP:OD1	0.57	2.37	4	6
1:A:37:VAL:HB	1:A:53:LYS:HZ3	0.57	1.59	17	2
1:A:35:VAL:HG22	1:A:78:PHE:CE2	0.57	2.35	3	4
1:A:97:MET:SD	1:A:97:MET:C	0.57	2.83	3	3
1:A:70:ASP:OD1	1:A:73:GLU:N	0.57	2.37	11	7
1:A:106:GLN:CB	1:A:107:PRO:CD	0.57	2.83	15	16
1:A:92:GLY:C	1:A:93:LYS:HZ1	0.57	2.03	4	5
1:A:140:ARG:C	1:A:140:ARG:CD	0.57	2.73	15	4
1:A:79:ASN:C	1:A:79:ASN:HD22	0.57	2.01	11	2
1:A:131:GLU:N	1:A:131:GLU:OE1	0.57	2.38	11	1
1:A:7:VAL:HG22	1:A:10:ALA:N	0.57	2.14	14	1
1:A:15:ARG:CZ	1:A:71:THR:OG1	0.56	2.53	3	3
1:A:19:THR:HG21	1:A:67:LYS:HZ2	0.56	1.59	4	1
1:A:89:LEU:HD13	1:A:89:LEU:H	0.56	1.60	7	4
1:A:56:MET:CE	1:A:60:LEU:HD22	0.56	2.30	8	1
1:A:125:GLY:O	1:A:126:ASN:OD1	0.56	2.23	4	1
1:A:63:SER:OG	1:A:64:GLU:N	0.56	2.38	7	4
1:A:15:ARG:HG2	1:A:16:GLU:N	0.56	2.15	8	2
1:A:85:PHE:HB3	1:A:93:LYS:HZ2	0.56	1.60	18	1
1:A:118:ILE:HD11	1:A:126:ASN:HB3	0.56	1.77	4	1
1:A:136:ARG:HH11	1:A:136:ARG:CB	0.56	2.12	13	1
1:A:99:TYR:CE2	1:A:100:ILE:HD11	0.56	2.35	4	19
1:A:30:PHE:HD1	1:A:30:PHE:N	0.56	1.97	13	9
1:A:62:SER:O	1:A:101:LEU:CD1	0.56	2.53	4	1
1:A:131:GLU:OE1	1:A:131:GLU:N	0.56	2.38	5	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:64:GLU:CG	1:A:67:LYS:HZ3	0.56	2.13	16	1
1:A:115:ARG:CD	1:A:115:ARG:N	0.56	2.69	5	6
1:A:12:THR:HG23	1:A:14:GLY:N	0.56	2.15	10	1
1:A:60:LEU:HA	1:A:63:SER:OG	0.56	2.00	10	3
1:A:7:VAL:HG13	1:A:8:LYS:N	0.56	2.15	18	5
1:A:36:ALA:CB	1:A:56:MET:SD	0.56	2.94	6	2
1:A:54:GLN:NE2	1:A:54:GLN:C	0.56	2.59	18	1
1:A:73:GLU:CA	1:A:73:GLU:OE1	0.56	2.54	20	1
1:A:115:ARG:NH1	1:A:130:ASP:CG	0.56	2.59	1	1
1:A:77:PHE:C	1:A:77:PHE:CD1	0.56	2.79	20	9
1:A:119:ALA:O	1:A:122:LYS:C	0.55	2.44	1	20
1:A:144:PHE:CD1	1:A:144:PHE:N	0.55	2.73	6	15
1:A:47:GLY:O	1:A:48:VAL:CG2	0.55	2.55	4	2
1:A:35:VAL:HG13	1:A:36:ALA:N	0.55	2.16	9	3
1:A:108:GLU:CG	1:A:109:ALA:N	0.55	2.68	18	5
1:A:63:SER:O	1:A:66:LEU:CD1	0.55	2.54	16	1
1:A:145:ASP:OD1	1:A:145:ASP:N	0.55	2.38	1	1
1:A:7:VAL:HG22	1:A:82:VAL:HG21	0.55	1.78	7	3
1:A:115:ARG:HE	1:A:115:ARG:CA	0.55	2.12	9	2
1:A:77:PHE:CD2	1:A:78:PHE:N	0.55	2.75	18	4
1:A:31:MET:O	1:A:34:THR:HG22	0.55	2.02	10	2
1:A:115:ARG:NE	1:A:115:ARG:CA	0.55	2.69	14	1
1:A:30:PHE:CG	1:A:31:MET:N	0.55	2.66	19	20
1:A:67:LYS:O	1:A:68:VAL:HG23	0.55	2.01	2	16
1:A:45:SER:OG	1:A:86:ASP:O	0.55	2.24	6	6
1:A:73:GLU:OE1	1:A:73:GLU:CA	0.55	2.55	7	1
1:A:140:ARG:CD	1:A:140:ARG:C	0.55	2.73	6	2
1:A:145:ASP:O	1:A:147:ALA:N	0.55	2.40	1	9
1:A:119:ALA:C	1:A:122:LYS:H	0.55	2.05	4	20
1:A:33:GLY:O	1:A:37:VAL:CG1	0.55	2.55	8	1
1:A:11:LEU:HD23	1:A:11:LEU:C	0.55	2.21	15	7
1:A:136:ARG:HA	1:A:147:ALA:HB2	0.55	1.77	7	3
1:A:28:LYS:CA	1:A:30:PHE:CE1	0.55	2.90	15	20
1:A:129:ASP:OD1	1:A:129:ASP:N	0.55	2.39	5	2
1:A:64:GLU:C	1:A:66:LEU:H	0.55	2.04	19	20
1:A:35:VAL:CG1	1:A:78:PHE:CD2	0.55	2.89	1	4
1:A:124:ASP:CG	1:A:124:ASP:O	0.55	2.45	16	13
1:A:108:GLU:C	1:A:138:ILE:HD11	0.55	2.22	10	13
1:A:115:ARG:CA	1:A:115:ARG:HE	0.55	2.15	11	2
1:A:32:GLN:HE21	1:A:74:VAL:HG12	0.55	1.62	11	1
1:A:12:THR:C	1:A:14:GLY:N	0.54	2.60	1	20

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:75:ILE:O	1:A:79:ASN:OD1	0.54	2.24	9	3
1:A:7:VAL:HG13	1:A:82:VAL:HG11	0.54	1.76	4	2
1:A:146:PRO:O	1:A:147:ALA:O	0.54	2.25	3	11
1:A:19:THR:O	1:A:22:VAL:HG22	0.54	2.02	16	4
1:A:93:LYS:CA	1:A:93:LYS:NZ	0.54	2.71	6	1
1:A:39:ALA:HB1	1:A:85:PHE:CD2	0.54	2.37	5	19
1:A:112:LEU:CD2	1:A:134:ALA:HB1	0.54	2.32	9	14
1:A:8:LYS:CG	1:A:8:LYS:O	0.54	2.56	9	2
1:A:43:VAL:C	1:A:45:SER:N	0.54	2.60	20	14
1:A:77:PHE:CD1	1:A:77:PHE:C	0.54	2.80	2	10
1:A:37:VAL:CG1	1:A:53:LYS:NZ	0.54	2.70	4	1
1:A:86:ASP:OD1	1:A:86:ASP:N	0.54	2.41	10	4
1:A:135:VAL:HG11	1:A:149:PHE:CG	0.54	2.36	5	2
1:A:127:PHE:O	1:A:128:ASP:OD2	0.54	2.26	2	14
1:A:130:ASP:O	1:A:134:ALA:N	0.54	2.30	19	3
1:A:16:GLU:CG	1:A:17:GLU:N	0.54	2.70	17	6
1:A:96:THR:O	1:A:99:TYR:CD2	0.54	2.60	4	5
1:A:11:LEU:N	1:A:11:LEU:HD23	0.54	2.18	4	6
1:A:128:ASP:N	1:A:131:GLU:OE1	0.54	2.40	10	1
1:A:37:VAL:HG23	1:A:53:LYS:HZ1	0.54	1.62	17	2
1:A:19:THR:HG23	1:A:65:GLU:HG3	0.54	1.80	4	6
1:A:112:LEU:CD1	1:A:131:GLU:OE1	0.54	2.55	11	2
1:A:28:LYS:NZ	1:A:61:ARG:O	0.54	2.33	13	1
1:A:67:LYS:NZ	1:A:69:PHE:C	0.54	2.56	4	1
1:A:49:SER:O	1:A:50:SER:OG	0.54	2.26	17	10
1:A:32:GLN:HE21	1:A:74:VAL:CG1	0.54	2.15	11	1
1:A:80:LYS:O	1:A:84:SER:OG	0.53	2.25	3	18
1:A:93:LYS:HE3	1:A:93:LYS:N	0.53	2.16	3	1
1:A:35:VAL:CG2	1:A:36:ALA:N	0.53	2.71	17	4
1:A:10:ALA:O	1:A:11:LEU:O	0.53	2.25	4	4
1:A:56:MET:SD	1:A:93:LYS:CB	0.53	2.96	5	4
1:A:21:GLN:HB3	1:A:25:TYR:CE1	0.53	2.38	7	3
1:A:37:VAL:HG22	1:A:53:LYS:HD3	0.53	1.80	9	1
1:A:18:LEU:CD1	1:A:30:PHE:CE2	0.53	2.92	1	12
1:A:59:PHE:CE1	1:A:63:SER:CB	0.53	2.92	4	1
1:A:64:GLU:O	1:A:67:LYS:HG3	0.53	2.02	4	1
1:A:28:LYS:HB2	1:A:60:LEU:C	0.53	2.23	1	2
1:A:91:ILE:HG22	1:A:116:VAL:CG2	0.53	2.33	18	18
1:A:41:ILE:N	1:A:41:ILE:HD12	0.53	2.18	3	8
1:A:53:LYS:HZ3	1:A:93:LYS:HD3	0.53	1.63	3	1
1:A:136:ARG:CD	1:A:147:ALA:HB2	0.53	2.34	14	6

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:77:PHE:O	1:A:81:LEU:HG	0.53	2.03	11	17
1:A:67:LYS:O	1:A:68:VAL:CG2	0.53	2.57	2	18
1:A:34:THR:O	1:A:37:VAL:CG1	0.53	2.56	14	9
1:A:87:PHE:CE2	1:A:120:VAL:CG2	0.53	2.91	6	20
1:A:28:LYS:C	1:A:30:PHE:CD1	0.53	2.82	19	20
1:A:52:GLU:OE1	1:A:94:GLY:CA	0.53	2.57	7	1
1:A:37:VAL:HB	1:A:53:LYS:HZ2	0.53	1.63	12	1
1:A:108:GLU:OE1	1:A:108:GLU:CA	0.53	2.55	13	2
1:A:64:GLU:CG	1:A:67:LYS:NZ	0.53	2.72	16	1
1:A:115:ARG:HH11	1:A:130:ASP:CG	0.53	2.07	1	1
1:A:22:VAL:C	1:A:24:ARG:N	0.53	2.63	17	15
1:A:11:LEU:O	1:A:12:THR:O	0.53	2.27	7	9
1:A:15:ARG:O	1:A:19:THR:OG1	0.53	2.24	10	7
1:A:19:THR:HG21	1:A:67:LYS:CE	0.53	2.34	4	1
1:A:35:VAL:HG23	1:A:36:ALA:N	0.53	2.18	10	4
1:A:28:LYS:NZ	1:A:65:GLU:C	0.53	2.63	19	1
1:A:88:ASP:HB2	1:A:92:GLY:N	0.53	2.19	6	19
1:A:32:GLN:HE22	1:A:65:GLU:CD	0.53	2.07	19	9
1:A:79:ASN:C	1:A:79:ASN:ND2	0.53	2.61	11	1
1:A:31:MET:SD	1:A:31:MET:C	0.53	2.87	16	1
1:A:35:VAL:HG12	1:A:36:ALA:N	0.53	2.19	4	4
1:A:65:GLU:O	1:A:65:GLU:OE2	0.53	2.27	6	1
1:A:122:LYS:C	1:A:124:ASP:H	0.52	2.07	15	20
1:A:12:THR:HG22	1:A:13:SER:N	0.52	2.20	9	3
1:A:59:PHE:CZ	1:A:63:SER:CB	0.52	2.92	4	1
1:A:43:VAL:CG2	1:A:44:ALA:N	0.52	2.71	12	4
1:A:60:LEU:HD12	1:A:63:SER:OG	0.52	2.04	3	3
1:A:29:LYS:HA	1:A:60:LEU:HD23	0.52	1.81	6	3
1:A:124:ASP:O	1:A:124:ASP:CG	0.52	2.47	20	7
1:A:93:LYS:HZ3	1:A:93:LYS:CB	0.52	2.16	10	8
1:A:85:PHE:CA	1:A:93:LYS:NZ	0.52	2.71	3	2
1:A:49:SER:OG	1:A:89:LEU:C	0.52	2.48	20	4
1:A:104:LYS:CA	1:A:104:LYS:HZ3	0.52	2.16	9	1
1:A:108:GLU:HG2	1:A:109:ALA:N	0.52	2.18	11	4
1:A:115:ARG:N	1:A:115:ARG:CD	0.52	2.72	17	2
1:A:41:ILE:HD12	1:A:41:ILE:N	0.52	2.20	10	5
1:A:144:PHE:N	1:A:144:PHE:CD1	0.52	2.75	15	5
1:A:83:THR:HG23	1:A:84:SER:N	0.52	2.20	12	14
1:A:21:GLN:OE1	1:A:25:TYR:OH	0.52	2.27	10	2
1:A:11:LEU:CD2	1:A:75:ILE:HG22	0.52	2.34	10	4
1:A:7:VAL:CG2	1:A:10:ALA:H	0.52	2.18	4	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:32:GLN:C	1:A:60:LEU:HD21	0.52	2.25	9	16
1:A:93:LYS:NZ	1:A:93:LYS:CA	0.52	2.73	4	1
1:A:7:VAL:CG1	1:A:9:GLY:H	0.52	2.15	9	1
1:A:136:ARG:HG2	1:A:147:ALA:HB2	0.52	1.82	12	1
1:A:46:ASP:N	1:A:46:ASP:OD1	0.52	2.41	1	1
1:A:31:MET:O	1:A:31:MET:SD	0.52	2.67	15	2
1:A:11:LEU:HD23	1:A:11:LEU:N	0.52	2.20	7	4
1:A:41:ILE:HD13	1:A:41:ILE:C	0.52	2.22	5	2
1:A:12:THR:OG1	1:A:31:MET:CE	0.52	2.58	8	1
1:A:41:ILE:C	1:A:41:ILE:HD13	0.52	2.25	1	4
1:A:22:VAL:C	1:A:24:ARG:H	0.52	2.08	17	10
1:A:45:SER:O	1:A:46:ASP:OD2	0.52	2.28	2	2
1:A:115:ARG:CD	1:A:115:ARG:H	0.52	2.16	9	2
1:A:92:GLY:O	1:A:96:THR:OG1	0.52	2.24	16	2
1:A:118:ILE:HD13	1:A:126:ASN:HB3	0.51	1.82	12	18
1:A:36:ALA:HB1	1:A:53:LYS:HD2	0.51	1.82	3	1
1:A:32:GLN:OE1	1:A:65:GLU:OE2	0.51	2.28	3	4
1:A:66:LEU:N	1:A:66:LEU:HD23	0.51	2.19	20	4
1:A:25:TYR:C	1:A:27:ASN:N	0.51	2.63	1	18
1:A:137:GLU:O	1:A:141:SER:OG	0.51	2.28	18	8
1:A:15:ARG:HG2	1:A:16:GLU:H	0.51	1.65	19	3
1:A:28:LYS:CD	1:A:63:SER:OG	0.51	2.57	6	1
1:A:87:PHE:CD2	1:A:120:VAL:HG22	0.51	2.40	11	20
1:A:115:ARG:O	1:A:116:VAL:C	0.51	2.48	6	18
1:A:22:VAL:HG13	1:A:68:VAL:HG22	0.51	1.80	17	5
1:A:31:MET:C	1:A:31:MET:SD	0.51	2.89	18	3
1:A:80:LYS:O	1:A:84:SER:N	0.51	2.41	5	3
1:A:44:ALA:O	1:A:45:SER:O	0.51	2.28	17	6
1:A:67:LYS:CD	1:A:68:VAL:N	0.51	2.73	16	1
1:A:87:PHE:CZ	1:A:88:ASP:HB3	0.51	2.41	18	20
1:A:35:VAL:HG12	1:A:78:PHE:CD1	0.51	2.40	2	9
1:A:43:VAL:HG22	1:A:44:ALA:N	0.51	2.19	5	1
1:A:128:ASP:CA	1:A:131:GLU:CD	0.51	2.79	7	1
1:A:53:LYS:CE	1:A:54:GLN:N	0.51	2.74	7	1
1:A:28:LYS:CE	1:A:74:VAL:HG13	0.51	2.35	6	1
1:A:93:LYS:HE2	1:A:93:LYS:N	0.51	2.20	3	1
1:A:98:LYS:O	1:A:102:ALA:CB	0.51	2.59	11	6
1:A:135:VAL:CG1	1:A:149:PHE:CE1	0.51	2.92	16	3
1:A:13:SER:OG	1:A:16:GLU:OE2	0.51	2.29	19	1
1:A:131:GLU:CA	1:A:131:GLU:OE1	0.51	2.59	11	1
1:A:147:ALA:O	1:A:148:GLU:OE1	0.51	2.28	6	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:36:ALA:HB2	1:A:56:MET:SD	0.51	2.45	15	1
1:A:28:LYS:N	1:A:28:LYS:CD	0.51	2.74	1	1
1:A:118:ILE:CD1	1:A:118:ILE:C	0.51	2.79	2	12
1:A:142:LEU:CD1	1:A:144:PHE:CE2	0.51	2.94	16	8
1:A:84:SER:C	1:A:86:ASP:H	0.51	2.09	13	9
1:A:8:LYS:O	1:A:79:ASN:OD1	0.51	2.29	3	3
1:A:135:VAL:CG1	1:A:149:PHE:CD2	0.51	2.93	11	3
1:A:104:LYS:HB3	1:A:142:LEU:HD23	0.51	1.83	16	4
1:A:64:GLU:OE2	1:A:103:LEU:CD2	0.51	2.59	13	2
1:A:28:LYS:NZ	1:A:65:GLU:CB	0.51	2.74	19	1
1:A:54:GLN:HG3	1:A:55:LYS:N	0.51	2.21	18	7
1:A:66:LEU:HD23	1:A:66:LEU:N	0.51	2.21	5	1
1:A:127:PHE:C	1:A:128:ASP:CG	0.50	2.69	6	13
1:A:63:SER:OG	1:A:65:GLU:OE2	0.50	2.28	7	2
1:A:24:ARG:C	1:A:25:TYR:CD1	0.50	2.85	7	4
1:A:131:GLU:O	1:A:135:VAL:CB	0.50	2.59	20	12
1:A:67:LYS:NZ	1:A:69:PHE:H	0.50	2.05	4	1
1:A:140:ARG:CD	1:A:140:ARG:O	0.50	2.59	14	3
1:A:131:GLU:OE1	1:A:131:GLU:CA	0.50	2.59	5	2
1:A:7:VAL:HG21	1:A:78:PHE:CD2	0.50	2.41	19	2
1:A:11:LEU:HD22	1:A:75:ILE:HG22	0.50	1.83	1	3
1:A:136:ARG:NH1	1:A:146:PRO:O	0.50	2.43	4	2
1:A:43:VAL:HG22	1:A:45:SER:N	0.50	2.20	5	1
1:A:112:LEU:HD12	1:A:131:GLU:CD	0.50	2.27	13	1
1:A:118:ILE:C	1:A:118:ILE:CD1	0.50	2.80	7	8
1:A:112:LEU:CD2	1:A:131:GLU:OE1	0.50	2.58	5	1
1:A:108:GLU:O	1:A:138:ILE:HD11	0.50	2.07	1	18
1:A:53:LYS:HD2	1:A:54:GLN:N	0.50	2.21	9	3
1:A:43:VAL:CG2	1:A:45:SER:H	0.50	2.19	5	1
1:A:31:MET:O	1:A:34:THR:OG1	0.50	2.28	18	3
1:A:44:ALA:O	1:A:46:ASP:OD1	0.50	2.30	2	2
1:A:99:TYR:CE2	1:A:100:ILE:CD1	0.50	2.95	4	8
1:A:62:SER:O	1:A:66:LEU:HD11	0.50	2.07	13	2
1:A:98:LYS:NZ	1:A:131:GLU:OE1	0.50	2.45	12	1
1:A:132:LYS:O	1:A:135:VAL:HG23	0.50	2.06	1	1
1:A:79:ASN:ND2	1:A:79:ASN:C	0.50	2.64	10	4
1:A:28:LYS:HD2	1:A:63:SER:OG	0.50	2.06	6	1
1:A:56:MET:SD	1:A:57:ILE:N	0.50	2.84	6	1
1:A:47:GLY:CA	1:A:89:LEU:HD23	0.50	2.37	5	2
1:A:43:VAL:CG2	1:A:45:SER:N	0.50	2.75	5	1
1:A:16:GLU:OE2	1:A:20:ARG:NH2	0.50	2.45	14	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:21:GLN:HB3	1:A:25:TYR:CE2	0.49	2.42	18	13
1:A:19:THR:OG1	1:A:74:VAL:CG2	0.49	2.59	7	10
1:A:103:LEU:CD1	1:A:103:LEU:C	0.49	2.80	17	3
1:A:28:LYS:CG	1:A:65:GLU:OE1	0.49	2.60	13	4
1:A:25:TYR:O	1:A:27:ASN:OD1	0.49	2.29	10	1
1:A:53:LYS:NZ	1:A:93:LYS:HD2	0.49	2.22	10	1
1:A:117:GLY:O	1:A:120:VAL:N	0.49	2.45	1	20
1:A:37:VAL:HG23	1:A:53:LYS:NZ	0.49	2.22	14	4
1:A:128:ASP:N	1:A:131:GLU:CD	0.49	2.66	7	1
1:A:15:ARG:CG	1:A:71:THR:OG1	0.49	2.60	8	2
1:A:115:ARG:NE	1:A:115:ARG:N	0.49	2.60	11	1
1:A:64:GLU:O	1:A:65:GLU:C	0.49	2.51	4	19
1:A:112:LEU:HD21	1:A:134:ALA:HB2	0.49	1.83	5	1
1:A:54:GLN:C	1:A:54:GLN:CD	0.49	2.71	13	4
1:A:118:ILE:HD11	1:A:126:ASN:CB	0.49	2.37	4	2
1:A:116:VAL:O	1:A:119:ALA:N	0.49	2.45	9	20
1:A:62:SER:O	1:A:101:LEU:CG	0.49	2.60	7	10
1:A:127:PHE:C	1:A:128:ASP:OD2	0.49	2.51	2	6
1:A:139:ALA:HB1	1:A:145:ASP:N	0.49	2.22	4	9
1:A:138:ILE:HG22	1:A:139:ALA:H	0.49	1.68	12	14
1:A:118:ILE:CG1	1:A:126:ASN:CB	0.49	2.90	3	2
1:A:75:ILE:O	1:A:79:ASN:HB3	0.49	2.08	8	5
1:A:31:MET:O	1:A:34:THR:CG2	0.49	2.61	10	1
1:A:64:GLU:OE1	1:A:73:GLU:OE1	0.49	2.30	19	1
1:A:88:ASP:OD2	1:A:116:VAL:CG1	0.49	2.60	18	19
1:A:37:VAL:HG22	1:A:53:LYS:HE3	0.49	1.82	13	1
1:A:85:PHE:CA	1:A:93:LYS:HZ1	0.49	2.19	18	1
1:A:59:PHE:CE1	1:A:63:SER:HA	0.49	2.43	8	14
1:A:33:GLY:CA	1:A:57:ILE:HG23	0.49	2.38	18	9
1:A:140:ARG:O	1:A:140:ARG:CD	0.49	2.61	15	2
1:A:32:GLN:NE2	1:A:65:GLU:CD	0.49	2.65	12	8
1:A:32:GLN:OE1	1:A:65:GLU:OE1	0.49	2.31	7	3
1:A:28:LYS:HA	1:A:30:PHE:CZ	0.49	2.43	6	3
1:A:93:LYS:CB	1:A:93:LYS:HZ3	0.49	2.20	6	3
1:A:129:ASP:OD1	1:A:130:ASP:N	0.49	2.46	9	2
1:A:7:VAL:CG2	1:A:9:GLY:H	0.49	2.11	19	2
1:A:65:GLU:O	1:A:67:LYS:N	0.49	2.46	6	1
1:A:82:VAL:HG13	1:A:83:THR:N	0.49	2.22	1	1
1:A:115:ARG:O	1:A:118:ILE:N	0.49	2.45	18	18
1:A:103:LEU:C	1:A:105:ASP:N	0.49	2.65	16	11
1:A:54:GLN:CD	1:A:54:GLN:C	0.49	2.71	18	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:30:PHE:HD1	1:A:31:MET:N	0.49	2.01	3	4
1:A:105:ASP:O	1:A:106:GLN:NE2	0.49	2.46	10	1
1:A:56:MET:HE2	1:A:60:LEU:HD13	0.49	1.83	6	1
1:A:28:LYS:HE2	1:A:74:VAL:HG13	0.49	1.83	6	1
1:A:29:LYS:CB	1:A:57:ILE:CG2	0.49	2.90	3	12
1:A:85:PHE:CB	1:A:93:LYS:NZ	0.49	2.76	3	1
1:A:32:GLN:CD	1:A:65:GLU:OE2	0.49	2.51	4	3
1:A:147:ALA:O	1:A:148:GLU:CD	0.49	2.51	13	1
1:A:28:LYS:C	1:A:30:PHE:CE1	0.48	2.87	1	19
1:A:45:SER:C	1:A:46:ASP:CG	0.48	2.72	16	2
1:A:73:GLU:OE2	1:A:76:GLU:OE1	0.48	2.30	5	2
1:A:63:SER:OG	1:A:65:GLU:CD	0.48	2.51	7	1
1:A:56:MET:O	1:A:56:MET:SD	0.48	2.71	16	2
1:A:106:GLN:H	1:A:108:GLU:CD	0.48	2.11	16	1
1:A:64:GLU:OE1	1:A:100:ILE:O	0.48	2.31	16	2
1:A:32:GLN:C	1:A:60:LEU:CD2	0.48	2.82	9	14
1:A:70:ASP:N	1:A:70:ASP:OD1	0.48	2.45	20	3
1:A:11:LEU:HD12	1:A:35:VAL:HG11	0.48	1.83	18	3
1:A:140:ARG:HH11	1:A:140:ARG:CG	0.48	2.21	19	1
1:A:29:LYS:CD	1:A:30:PHE:N	0.48	2.76	1	2
1:A:54:GLN:CG	1:A:55:LYS:N	0.48	2.77	1	11
1:A:22:VAL:HG21	1:A:68:VAL:HG22	0.48	1.84	11	4
1:A:32:GLN:OE1	1:A:65:GLU:CD	0.48	2.52	7	5
1:A:101:LEU:CD1	1:A:101:LEU:C	0.48	2.82	13	1
1:A:27:ASN:O	1:A:30:PHE:CD1	0.48	2.66	1	1
1:A:67:LYS:HE3	1:A:70:ASP:N	0.48	2.24	6	8
1:A:45:SER:O	1:A:46:ASP:CG	0.48	2.52	2	3
1:A:44:ALA:C	1:A:46:ASP:N	0.48	2.64	9	4
1:A:137:GLU:O	1:A:141:SER:CB	0.48	2.62	11	5
1:A:140:ARG:NH1	1:A:140:ARG:CG	0.48	2.76	19	1
1:A:67:LYS:CD	1:A:70:ASP:N	0.48	2.77	6	9
1:A:16:GLU:OE1	1:A:17:GLU:OE2	0.48	2.31	5	1
1:A:106:GLN:N	1:A:107:PRO:HD2	0.48	2.24	1	4
1:A:87:PHE:CD1	1:A:120:VAL:HA	0.48	2.43	16	20
1:A:35:VAL:HG13	1:A:78:PHE:CD2	0.48	2.43	13	4
1:A:119:ALA:O	1:A:120:VAL:C	0.48	2.51	3	20
1:A:67:LYS:C	1:A:68:VAL:CG2	0.48	2.79	4	12
1:A:7:VAL:CG2	1:A:10:ALA:C	0.48	2.82	14	1
1:A:15:ARG:CD	1:A:71:THR:OG1	0.48	2.62	2	9
1:A:33:GLY:HA2	1:A:57:ILE:HG23	0.48	1.86	18	6
1:A:15:ARG:H	1:A:15:ARG:HD2	0.48	1.67	7	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:13:SER:OG	1:A:13:SER:O	0.48	2.32	11	1
1:A:115:ARG:HH21	1:A:130:ASP:CG	0.48	2.12	15	1
1:A:80:LYS:HE2	1:A:80:LYS:N	0.48	2.24	4	1
1:A:27:ASN:C	1:A:28:LYS:HZ3	0.48	2.11	10	1
1:A:57:ILE:HD13	1:A:57:ILE:N	0.48	2.24	10	1
1:A:139:ALA:O	1:A:144:PHE:N	0.48	2.47	1	8
1:A:116:VAL:N	1:A:127:PHE:CD1	0.48	2.82	5	17
1:A:93:LYS:H	1:A:93:LYS:CE	0.48	2.22	16	8
1:A:7:VAL:HG23	1:A:9:GLY:H	0.48	1.68	15	3
1:A:96:THR:O	1:A:100:ILE:HD12	0.47	2.09	3	20
1:A:148:GLU:CD	1:A:148:GLU:O	0.47	2.52	20	2
1:A:115:ARG:H	1:A:115:ARG:CD	0.47	2.18	11	2
1:A:15:ARG:H	1:A:15:ARG:HD3	0.47	1.69	8	2
1:A:12:THR:CG2	1:A:13:SER:N	0.47	2.78	9	1
1:A:83:THR:O	1:A:86:ASP:OD1	0.47	2.31	9	1
1:A:64:GLU:OE1	1:A:73:GLU:CD	0.47	2.52	19	1
1:A:52:GLU:OE1	1:A:56:MET:SD	0.47	2.73	3	1
1:A:21:GLN:O	1:A:25:TYR:HD1	0.47	1.89	12	3
1:A:93:LYS:N	1:A:93:LYS:HE2	0.47	2.24	18	1
1:A:63:SER:OG	1:A:65:GLU:OE1	0.47	2.27	12	3
1:A:118:ILE:HD13	1:A:118:ILE:C	0.47	2.23	4	2
1:A:93:LYS:CE	1:A:93:LYS:H	0.47	2.23	5	5
1:A:91:ILE:HD12	1:A:119:ALA:HB1	0.47	1.86	14	2
1:A:76:GLU:O	1:A:80:LYS:CE	0.47	2.63	4	1
1:A:124:ASP:OD2	1:A:124:ASP:O	0.47	2.32	11	2
1:A:9:GLY:HA2	1:A:79:ASN:CG	0.47	2.29	14	1
1:A:108:GLU:H	1:A:108:GLU:CD	0.47	2.13	7	7
1:A:79:ASN:OD1	1:A:79:ASN:C	0.47	2.53	8	2
1:A:127:PHE:O	1:A:128:ASP:CG	0.47	2.53	6	3
1:A:15:ARG:HG3	1:A:16:GLU:H	0.47	1.70	6	1
1:A:54:GLN:HG2	1:A:55:LYS:N	0.47	2.24	15	12
1:A:122:LYS:O	1:A:123:SER:C	0.47	2.54	9	19
1:A:42:ALA:C	1:A:44:ALA:N	0.47	2.68	4	14
1:A:87:PHE:CD2	1:A:88:ASP:CG	0.47	2.88	11	18
1:A:127:PHE:C	1:A:129:ASP:H	0.47	2.12	19	2
1:A:37:VAL:HG23	1:A:53:LYS:HZ2	0.47	1.70	14	2
1:A:62:SER:O	1:A:63:SER:C	0.47	2.53	12	2
1:A:14:GLY:O	1:A:18:LEU:N	0.47	2.48	15	1
1:A:106:GLN:N	1:A:108:GLU:OE1	0.47	2.37	16	1
1:A:29:LYS:HG2	1:A:29:LYS:O	0.47	2.09	18	1
1:A:111:GLN:O	1:A:114:LEU:N	0.47	2.44	11	6

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:20:ARG:HG2	1:A:69:PHE:CD1	0.47	2.45	16	5
1:A:53:LYS:NZ	1:A:93:LYS:CD	0.47	2.78	10	1
1:A:62:SER:O	1:A:101:LEU:HD22	0.47	2.09	13	1
1:A:35:VAL:HG11	1:A:78:PHE:CG	0.47	2.45	14	10
1:A:98:LYS:O	1:A:102:ALA:HB3	0.47	2.10	11	3
1:A:112:LEU:HD22	1:A:131:GLU:OE1	0.47	2.10	5	1
1:A:12:THR:HG22	1:A:13:SER:H	0.47	1.70	7	1
1:A:49:SER:OG	1:A:90:GLU:N	0.47	2.48	19	3
1:A:40:ARG:NH2	1:A:49:SER:O	0.47	2.48	17	1
1:A:65:GLU:C	1:A:67:LYS:N	0.47	2.66	6	1
1:A:83:THR:O	1:A:86:ASP:OD2	0.46	2.33	14	4
1:A:35:VAL:O	1:A:38:CYS:N	0.46	2.48	13	1
1:A:88:ASP:CG	1:A:92:GLY:CA	0.46	2.83	18	1
1:A:87:PHE:CE1	1:A:120:VAL:N	0.46	2.83	3	20
1:A:35:VAL:HG23	1:A:78:PHE:CD1	0.46	2.46	8	2
1:A:32:GLN:HE22	1:A:65:GLU:CG	0.46	2.23	10	2
1:A:7:VAL:HG23	1:A:82:VAL:HG21	0.46	1.86	12	3
1:A:19:THR:HG21	1:A:67:LYS:HE3	0.46	1.88	4	1
1:A:19:THR:HG1	1:A:74:VAL:HG21	0.46	1.70	7	3
1:A:63:SER:O	1:A:66:LEU:HG	0.46	2.10	12	4
1:A:47:GLY:C	1:A:48:VAL:CG2	0.46	2.84	13	2
1:A:15:ARG:CB	1:A:75:ILE:HG23	0.46	2.39	17	7
1:A:63:SER:C	1:A:65:GLU:N	0.46	2.69	16	1
1:A:33:GLY:N	1:A:60:LEU:HD23	0.46	2.25	1	11
1:A:42:ALA:O	1:A:85:PHE:CZ	0.46	2.68	14	13
1:A:33:GLY:O	1:A:37:VAL:HG13	0.46	2.11	19	2
1:A:78:PHE:CZ	1:A:82:VAL:CG1	0.46	2.98	12	2
1:A:67:LYS:HD2	1:A:68:VAL:H	0.46	1.70	16	1
1:A:43:VAL:HA	1:A:85:PHE:CE2	0.46	2.46	19	18
1:A:104:LYS:NZ	1:A:104:LYS:CB	0.46	2.76	9	1
1:A:78:PHE:CZ	1:A:82:VAL:HG13	0.46	2.46	12	2
1:A:149:PHE:HD1	1:A:149:PHE:N	0.46	2.06	16	1
1:A:21:GLN:NE2	1:A:25:TYR:CZ	0.46	2.84	20	1
1:A:84:SER:C	1:A:86:ASP:N	0.46	2.68	19	9
1:A:32:GLN:NE2	1:A:32:GLN:HA	0.46	2.25	16	1
1:A:53:LYS:HZ3	1:A:81:LEU:HD13	0.46	1.70	3	1
1:A:79:ASN:C	1:A:79:ASN:OD1	0.46	2.54	4	5
1:A:118:ILE:CD1	1:A:126:ASN:HB3	0.46	2.40	4	1
1:A:49:SER:C	1:A:50:SER:OG	0.46	2.54	4	7
1:A:53:LYS:HE2	1:A:57:ILE:HD11	0.46	1.86	11	1
1:A:94:GLY:O	1:A:97:MET:CG	0.46	2.63	12	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:7:VAL:HG11	1:A:78:PHE:CZ	0.46	2.46	19	2
1:A:139:ALA:CB	1:A:145:ASP:O	0.46	2.63	9	7
1:A:75:ILE:O	1:A:79:ASN:N	0.46	2.48	9	7
1:A:85:PHE:HB3	1:A:93:LYS:NZ	0.46	2.25	3	1
1:A:7:VAL:CG2	1:A:10:ALA:N	0.46	2.79	14	2
1:A:102:ALA:CB	1:A:142:LEU:HD13	0.46	2.41	8	2
1:A:127:PHE:CD2	1:A:131:GLU:OE2	0.46	2.69	11	1
1:A:28:LYS:HB2	1:A:60:LEU:O	0.46	2.10	1	2
1:A:47:GLY:O	1:A:48:VAL:CB	0.46	2.64	3	8
1:A:81:LEU:N	1:A:81:LEU:HD23	0.46	2.26	16	5
1:A:79:ASN:HD22	1:A:79:ASN:C	0.45	2.14	5	2
1:A:128:ASP:H	1:A:131:GLU:CD	0.45	2.14	7	1
1:A:82:VAL:HG23	1:A:83:THR:N	0.45	2.26	8	1
1:A:95:GLU:OE1	1:A:98:LYS:NZ	0.45	2.49	20	1
1:A:67:LYS:HD2	1:A:69:PHE:N	0.45	2.26	7	5
1:A:108:GLU:HG3	1:A:142:LEU:HD21	0.45	1.88	11	3
1:A:104:LYS:NZ	1:A:104:LYS:CA	0.45	2.79	9	1
1:A:54:GLN:O	1:A:54:GLN:OE1	0.45	2.34	10	1
1:A:25:TYR:HD1	1:A:25:TYR:N	0.45	2.04	20	2
1:A:35:VAL:HG13	1:A:78:PHE:CE2	0.45	2.47	13	3
1:A:59:PHE:CE1	1:A:63:SER:OG	0.45	2.64	10	2
1:A:44:ALA:O	1:A:45:SER:C	0.45	2.54	9	3
1:A:20:ARG:CZ	1:A:20:ARG:CB	0.45	2.93	11	1
1:A:139:ALA:CB	1:A:145:ASP:C	0.45	2.85	1	6
1:A:95:GLU:CD	1:A:95:GLU:C	0.45	2.75	15	12
1:A:35:VAL:O	1:A:36:ALA:C	0.45	2.54	13	8
1:A:108:GLU:CD	1:A:142:LEU:HD21	0.45	2.32	15	1
1:A:11:LEU:HD13	1:A:78:PHE:CD2	0.45	2.46	18	1
1:A:112:LEU:CD2	1:A:112:LEU:N	0.45	2.80	1	4
1:A:85:PHE:HB3	1:A:93:LYS:HZ3	0.45	1.71	3	1
1:A:34:THR:O	1:A:37:VAL:HG22	0.45	2.12	19	1
1:A:135:VAL:HG13	1:A:149:PHE:CE2	0.45	2.47	15	8
1:A:114:LEU:C	1:A:114:LEU:CD1	0.45	2.85	4	7
1:A:29:LYS:O	1:A:33:GLY:HA3	0.45	2.11	8	15
1:A:56:MET:CG	1:A:93:LYS:O	0.45	2.65	3	2
1:A:56:MET:HE3	1:A:56:MET:N	0.45	2.26	3	1
1:A:7:VAL:CG1	1:A:8:LYS:N	0.45	2.80	14	1
1:A:15:ARG:CG	1:A:15:ARG:NH1	0.45	2.79	19	1
1:A:43:VAL:HG21	1:A:89:LEU:HG	0.45	1.89	9	6
1:A:59:PHE:CZ	1:A:63:SER:HB3	0.45	2.47	4	1
1:A:7:VAL:CG2	1:A:82:VAL:HG21	0.45	2.42	7	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:67:LYS:CE	1:A:69:PHE:H	0.45	2.25	7	2
1:A:87:PHE:CE1	1:A:119:ALA:C	0.44	2.91	7	20
1:A:40:ARG:O	1:A:43:VAL:HG13	0.44	2.11	2	10
1:A:54:GLN:O	1:A:54:GLN:NE2	0.44	2.51	2	1
1:A:131:GLU:O	1:A:135:VAL:HB	0.44	2.12	20	2
1:A:63:SER:O	1:A:66:LEU:CG	0.44	2.65	7	5
1:A:88:ASP:O	1:A:92:GLY:CA	0.44	2.65	9	1
1:A:135:VAL:HG21	1:A:149:PHE:HB2	0.44	1.89	12	1
1:A:63:SER:O	1:A:65:GLU:N	0.44	2.51	16	1
1:A:46:ASP:O	1:A:46:ASP:CG	0.44	2.55	18	1
1:A:116:VAL:O	1:A:119:ALA:HB3	0.44	2.12	16	20
1:A:32:GLN:O	1:A:35:VAL:HB	0.44	2.12	11	2
1:A:7:VAL:HG13	1:A:9:GLY:H	0.44	1.72	14	1
1:A:79:ASN:O	1:A:83:THR:CG2	0.44	2.65	17	1
1:A:7:VAL:HG23	1:A:10:ALA:N	0.44	2.27	4	1
1:A:56:MET:HE2	1:A:60:LEU:HD22	0.44	1.89	6	1
1:A:39:ALA:O	1:A:40:ARG:C	0.44	2.56	15	19
1:A:32:GLN:NE2	1:A:74:VAL:CG1	0.44	2.80	2	1
1:A:11:LEU:O	1:A:12:THR:C	0.44	2.55	10	7
1:A:57:ILE:O	1:A:60:LEU:HB2	0.44	2.12	17	5
1:A:35:VAL:HG13	1:A:78:PHE:CD1	0.44	2.47	6	9
1:A:112:LEU:CD1	1:A:131:GLU:OE2	0.44	2.66	10	1
1:A:108:GLU:OE2	1:A:142:LEU:HD21	0.44	2.12	20	2
1:A:15:ARG:CG	1:A:15:ARG:HH11	0.44	2.25	19	1
1:A:22:VAL:HG11	1:A:65:GLU:OE2	0.44	2.11	6	1
1:A:7:VAL:O	1:A:8:LYS:C	0.44	2.56	15	3
1:A:106:GLN:CA	1:A:108:GLU:OE2	0.44	2.65	3	3
1:A:56:MET:SD	1:A:56:MET:N	0.44	2.91	3	1
1:A:31:MET:O	1:A:35:VAL:HG23	0.44	2.13	14	3
1:A:115:ARG:HA	1:A:115:ARG:NE	0.44	2.26	4	1
1:A:114:LEU:HD13	1:A:114:LEU:O	0.44	2.13	7	2
1:A:15:ARG:NE	1:A:75:ILE:CG2	0.44	2.81	19	1
1:A:104:LYS:C	1:A:105:ASP:OD1	0.44	2.56	1	1
1:A:29:LYS:HD2	1:A:30:PHE:N	0.44	2.28	1	4
1:A:114:LEU:O	1:A:114:LEU:HD13	0.44	2.13	6	4
1:A:112:LEU:CD2	1:A:134:ALA:CB	0.44	2.90	5	1
1:A:89:LEU:O	1:A:93:LYS:HD2	0.44	2.13	17	1
1:A:32:GLN:OE1	1:A:74:VAL:CG1	0.44	2.66	1	1
1:A:95:GLU:CD	1:A:96:THR:N	0.44	2.71	3	11
1:A:118:ILE:HD13	1:A:126:ASN:HB2	0.44	1.89	7	2
1:A:57:ILE:N	1:A:57:ILE:HD13	0.44	2.28	9	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:112:LEU:CD2	1:A:138:ILE:HD13	0.44	2.43	20	3
1:A:41:ILE:H	1:A:41:ILE:HD12	0.44	1.72	16	5
1:A:35:VAL:HG13	1:A:78:PHE:CG	0.44	2.47	13	4
1:A:30:PHE:O	1:A:34:THR:OG1	0.44	2.31	4	2
1:A:127:PHE:C	1:A:129:ASP:N	0.44	2.71	19	2
1:A:28:LYS:CG	1:A:65:GLU:CD	0.44	2.86	16	1
1:A:67:LYS:HD3	1:A:69:PHE:H	0.44	1.73	16	1
1:A:124:ASP:C	1:A:124:ASP:OD1	0.44	2.57	18	1
1:A:124:ASP:O	1:A:124:ASP:OD2	0.43	2.36	4	1
1:A:135:VAL:HG13	1:A:147:ALA:HA	0.43	1.89	14	1
1:A:46:ASP:OD1	1:A:46:ASP:N	0.43	2.51	20	1
1:A:41:ILE:HD12	1:A:41:ILE:H	0.43	1.72	3	4
1:A:95:GLU:C	1:A:95:GLU:CD	0.43	2.76	10	2
1:A:39:ALA:HB3	1:A:53:LYS:NZ	0.43	2.27	3	1
1:A:53:LYS:HE2	1:A:54:GLN:N	0.43	2.28	15	2
1:A:70:ASP:CG	1:A:73:GLU:CG	0.43	2.86	1	4
1:A:99:TYR:CE1	1:A:100:ILE:HG13	0.43	2.49	4	10
1:A:85:PHE:CB	1:A:93:LYS:HZ2	0.43	2.26	3	1
1:A:39:ALA:O	1:A:85:PHE:CD2	0.43	2.71	19	8
1:A:62:SER:OG	1:A:101:LEU:HD21	0.43	2.13	12	2
1:A:7:VAL:CG2	1:A:11:LEU:N	0.43	2.81	14	1
1:A:70:ASP:O	1:A:74:VAL:HG23	0.43	2.14	16	1
1:A:43:VAL:CA	1:A:85:PHE:CE2	0.43	3.01	19	12
1:A:28:LYS:CG	1:A:60:LEU:O	0.43	2.67	17	2
1:A:62:SER:O	1:A:66:LEU:HD21	0.43	2.14	12	1
1:A:146:PRO:O	1:A:147:ALA:C	0.43	2.57	17	1
1:A:111:GLN:O	1:A:114:LEU:CB	0.43	2.67	3	2
1:A:70:ASP:OD1	1:A:70:ASP:N	0.43	2.52	5	1
1:A:37:VAL:CB	1:A:53:LYS:HZ3	0.43	2.26	17	1
1:A:21:GLN:O	1:A:22:VAL:C	0.43	2.56	10	9
1:A:15:ARG:N	1:A:15:ARG:HD3	0.43	2.29	7	1
1:A:75:ILE:O	1:A:79:ASN:HB2	0.43	2.13	10	3
1:A:26:LYS:C	1:A:28:LYS:HZ1	0.43	2.16	10	1
1:A:132:LYS:O	1:A:136:ARG:HG2	0.43	2.13	12	1
1:A:138:ILE:O	1:A:142:LEU:HG	0.43	2.12	15	1
1:A:114:LEU:HD13	1:A:114:LEU:C	0.43	2.34	6	3
1:A:33:GLY:N	1:A:60:LEU:CD2	0.43	2.82	6	3
1:A:59:PHE:CG	1:A:97:MET:HB2	0.43	2.49	15	8
1:A:49:SER:OG	1:A:89:LEU:CB	0.43	2.67	19	3
1:A:25:TYR:N	1:A:25:TYR:HD1	0.43	2.07	17	2
1:A:79:ASN:O	1:A:79:ASN:ND2	0.43	2.50	5	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:35:VAL:HB	1:A:78:PHE:CZ	0.43	2.49	8	1
1:A:52:GLU:O	1:A:56:MET:CE	0.43	2.66	18	1
1:A:99:TYR:CD1	1:A:100:ILE:N	0.42	2.87	4	4
1:A:15:ARG:CG	1:A:16:GLU:N	0.42	2.82	8	2
1:A:43:VAL:O	1:A:86:ASP:HA	0.42	2.14	9	2
1:A:114:LEU:C	1:A:114:LEU:HD13	0.42	2.34	10	1
1:A:53:LYS:NZ	1:A:81:LEU:HD13	0.42	2.29	3	1
1:A:56:MET:HG2	1:A:93:LYS:O	0.42	2.14	3	1
1:A:29:LYS:CD	1:A:29:LYS:C	0.42	2.88	15	5
1:A:61:ARG:NH1	1:A:61:ARG:CB	0.42	2.81	11	2
1:A:129:ASP:N	1:A:129:ASP:OD1	0.42	2.49	3	1
1:A:41:ILE:CD1	1:A:41:ILE:H	0.42	2.26	13	7
1:A:93:LYS:H	1:A:93:LYS:HE2	0.42	1.75	10	1
1:A:32:GLN:NE2	1:A:74:VAL:HG12	0.42	2.29	11	1
1:A:135:VAL:HG11	1:A:149:PHE:CB	0.42	2.43	9	1
1:A:41:ILE:H	1:A:41:ILE:CD1	0.42	2.27	14	2
1:A:93:LYS:CA	1:A:93:LYS:HE2	0.42	2.44	18	1
1:A:7:VAL:HG13	1:A:82:VAL:CG2	0.42	2.28	19	1
1:A:115:ARG:H	1:A:115:ARG:HD3	0.42	1.75	3	2
1:A:99:TYR:CE1	1:A:100:ILE:CD1	0.42	3.02	5	6
1:A:7:VAL:HG23	1:A:10:ALA:H	0.42	1.75	19	3
1:A:53:LYS:O	1:A:57:ILE:HG12	0.42	2.15	9	1
1:A:51:GLU:H	1:A:51:GLU:CD	0.42	2.18	12	1
1:A:8:LYS:O	1:A:8:LYS:HG3	0.42	2.14	13	1
1:A:47:GLY:C	1:A:48:VAL:HG22	0.42	2.35	2	2
1:A:105:ASP:CB	1:A:108:GLU:OE1	0.42	2.67	16	1
1:A:29:LYS:O	1:A:29:LYS:CG	0.42	2.67	18	1
1:A:66:LEU:N	1:A:66:LEU:CD2	0.42	2.82	20	1
1:A:45:SER:OG	1:A:89:LEU:HD21	0.42	2.15	3	5
1:A:128:ASP:C	1:A:129:ASP:OD1	0.42	2.58	5	1
1:A:43:VAL:HB	1:A:89:LEU:HD12	0.42	1.92	9	3
1:A:67:LYS:NZ	1:A:70:ASP:HB3	0.42	2.29	16	1
1:A:22:VAL:HG22	1:A:26:LYS:HA	0.42	1.90	6	1
1:A:68:VAL:C	1:A:69:PHE:CG	0.42	2.92	7	10
1:A:48:VAL:HG13	1:A:49:SER:N	0.42	2.30	5	1
1:A:114:LEU:O	1:A:115:ARG:C	0.42	2.58	19	12
1:A:15:ARG:HD3	1:A:15:ARG:N	0.42	2.28	8	1
1:A:135:VAL:HB	1:A:149:PHE:CD1	0.42	2.50	10	2
1:A:37:VAL:CB	1:A:53:LYS:HZ2	0.42	2.28	4	1
1:A:27:ASN:CB	1:A:30:PHE:CD2	0.42	3.03	19	3
1:A:93:LYS:HE2	1:A:93:LYS:H	0.42	1.75	14	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:27:ASN:HB3	1:A:30:PHE:CD2	0.42	2.50	19	1
1:A:20:ARG:O	1:A:68:VAL:HG12	0.41	2.14	7	3
1:A:32:GLN:NE2	1:A:74:VAL:HG13	0.41	2.30	2	1
1:A:19:THR:HG21	1:A:67:LYS:HE2	0.41	1.92	11	6
1:A:135:VAL:CG1	1:A:149:PHE:CE2	0.41	3.03	11	6
1:A:62:SER:O	1:A:101:LEU:HG	0.41	2.15	4	2
1:A:38:CYS:O	1:A:41:ILE:HD13	0.41	2.15	4	4
1:A:29:LYS:HB2	1:A:57:ILE:CG2	0.41	2.45	7	4
1:A:127:PHE:O	1:A:128:ASP:HB2	0.41	2.14	14	1
1:A:115:ARG:HE	1:A:130:ASP:CB	0.41	2.27	15	1
1:A:15:ARG:HG3	1:A:16:GLU:N	0.41	2.29	6	1
1:A:32:GLN:CD	1:A:65:GLU:CD	0.41	2.79	4	1
1:A:89:LEU:H	1:A:89:LEU:HD22	0.41	1.75	16	3
1:A:115:ARG:HE	1:A:115:ARG:HA	0.41	1.75	14	2
1:A:21:GLN:HB3	1:A:25:TYR:CZ	0.41	2.50	10	1
1:A:83:THR:O	1:A:86:ASP:CG	0.41	2.58	14	1
1:A:7:VAL:HG13	1:A:9:GLY:N	0.41	2.30	14	1
1:A:35:VAL:HG13	1:A:78:PHE:CE1	0.41	2.50	16	1
1:A:124:ASP:OD1	1:A:124:ASP:O	0.41	2.38	18	1
1:A:15:ARG:HA	1:A:74:VAL:HG11	0.41	1.92	19	1
1:A:100:ILE:CD1	1:A:100:ILE:N	0.41	2.83	4	1
1:A:85:PHE:HB2	1:A:93:LYS:HZ1	0.41	1.75	17	1
1:A:79:ASN:ND2	1:A:79:ASN:O	0.41	2.52	2	1
1:A:16:GLU:HG2	1:A:17:GLU:N	0.41	2.31	18	3
1:A:132:LYS:O	1:A:136:ARG:HG3	0.41	2.14	12	1
1:A:136:ARG:CD	1:A:147:ALA:CB	0.41	2.99	19	3
1:A:64:GLU:OE2	1:A:73:GLU:OE1	0.41	2.38	4	1
1:A:135:VAL:O	1:A:136:ARG:C	0.41	2.58	12	1
1:A:127:PHE:CZ	1:A:131:GLU:OE2	0.41	2.72	13	1
1:A:93:LYS:HZ1	1:A:93:LYS:N	0.41	2.08	20	1
1:A:15:ARG:HD3	1:A:71:THR:OG1	0.41	2.16	2	1
1:A:89:LEU:O	1:A:93:LYS:HG2	0.41	2.16	3	1
1:A:32:GLN:CB	1:A:60:LEU:CD2	0.41	2.96	9	1
1:A:8:LYS:HG3	1:A:8:LYS:O	0.41	2.16	9	1
1:A:115:ARG:C	1:A:117:GLY:N	0.41	2.73	18	2
1:A:59:PHE:CZ	1:A:63:SER:HB2	0.41	2.51	4	1
1:A:108:GLU:CG	1:A:142:LEU:HD21	0.41	2.45	11	1
1:A:63:SER:CB	1:A:65:GLU:OE1	0.41	2.69	12	2
1:A:37:VAL:CG2	1:A:38:CYS:N	0.41	2.82	19	1
1:A:93:LYS:HA	1:A:96:THR:OG1	0.41	2.16	20	1
1:A:22:VAL:HG21	1:A:65:GLU:OE1	0.41	2.15	6	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:45:SER:HG	1:A:89:LEU:HD21	0.41	1.75	1	1
1:A:32:GLN:HB3	1:A:77:PHE:CE2	0.41	2.51	1	1
1:A:106:GLN:N	1:A:107:PRO:CD	0.41	2.84	5	2
1:A:28:LYS:HZ3	1:A:65:GLU:HB3	0.41	1.75	8	1
1:A:26:LYS:C	1:A:28:LYS:NZ	0.41	2.74	10	1
1:A:62:SER:C	1:A:63:SER:O	0.41	2.59	12	1
1:A:17:GLU:O	1:A:21:GLN:HG3	0.41	2.16	12	1
1:A:93:LYS:N	1:A:93:LYS:HE3	0.41	2.30	18	1
1:A:149:PHE:N	1:A:149:PHE:HD1	0.41	2.05	19	1
1:A:35:VAL:O	1:A:38:CYS:HB3	0.41	2.16	20	1
1:A:35:VAL:HG11	1:A:78:PHE:CD2	0.41	2.51	4	2
1:A:115:ARG:HD2	1:A:115:ARG:N	0.41	2.30	3	3
1:A:79:ASN:O	1:A:79:ASN:OD1	0.41	2.39	7	1
1:A:73:GLU:O	1:A:76:GLU:CB	0.41	2.69	8	1
1:A:36:ALA:O	1:A:39:ALA:HB3	0.41	2.15	9	1
1:A:136:ARG:HG2	1:A:147:ALA:CB	0.41	2.46	12	1
1:A:20:ARG:CA	1:A:68:VAL:HG12	0.40	2.42	16	1
1:A:67:LYS:HG3	1:A:67:LYS:H	0.40	1.55	6	1
1:A:114:LEU:CD1	1:A:114:LEU:C	0.40	2.89	3	2
1:A:41:ILE:C	1:A:41:ILE:CD1	0.40	2.90	7	1
1:A:62:SER:OG	1:A:101:LEU:HD11	0.40	2.15	8	1
1:A:11:LEU:CD2	1:A:11:LEU:C	0.40	2.87	15	1
1:A:68:VAL:O	1:A:69:PHE:CD1	0.40	2.73	16	1
1:A:85:PHE:HB2	1:A:93:LYS:NZ	0.40	2.31	17	1
1:A:53:LYS:C	1:A:53:LYS:CD	0.40	2.89	19	1
1:A:98:LYS:NZ	1:A:131:GLU:OE2	0.40	2.54	2	1
1:A:112:LEU:O	1:A:113:ALA:C	0.40	2.58	5	1
1:A:53:LYS:HE2	1:A:57:ILE:CG1	0.40	2.47	11	1
1:A:129:ASP:CG	1:A:130:ASP:N	0.40	2.75	19	1
1:A:11:LEU:O	1:A:11:LEU:HD23	0.40	2.16	9	1
1:A:64:GLU:OE1	1:A:103:LEU:HD22	0.40	2.16	15	1
1:A:112:LEU:HD21	1:A:131:GLU:HA	0.40	1.93	16	1
1:A:67:LYS:NZ	1:A:70:ASP:CB	0.40	2.85	16	1
1:A:40:ARG:HE	1:A:49:SER:C	0.40	2.20	17	1
1:A:80:LYS:HE3	1:A:99:TYR:OH	0.40	2.17	4	1
1:A:56:MET:SD	1:A:93:LYS:HB2	0.40	2.57	7	1
1:A:7:VAL:HG21	1:A:78:PHE:HE2	0.40	1.74	8	1
1:A:51:GLU:N	1:A:51:GLU:CD	0.40	2.75	13	1
1:A:33:GLY:O	1:A:37:VAL:HG12	0.40	2.17	17	1
1:A:60:LEU:HD12	1:A:60:LEU:HA	0.40	1.74	6	1

6.3 Torsion angles

6.3.1 Protein backbone

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

Mol	Chain	Analysed	Favoured	Allowed	Outliers	Percentiles	
1	A	144/153 (94%)	99±2 (69±1%)	19±2 (13±1%)	26±2 (18±1%)	0	3
All	All	2880/3060 (94%)	1985 (69%)	384 (13%)	511 (18%)	0	3

All 34 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	50	SER	20
1	A	10	ALA	20
1	A	147	ALA	20
1	A	63	SER	20
1	A	103	LEU	20
1	A	48	VAL	20
1	A	148	GLU	20
1	A	106	GLN	20
1	A	70	ASP	20
1	A	102	ALA	20
1	A	13	SER	20
1	A	123	SER	20
1	A	43	VAL	20
1	A	65	GLU	20
1	A	143	GLY	20
1	A	69	PHE	20
1	A	125	GLY	19
1	A	104	LYS	19
1	A	68	VAL	19
1	A	12	THR	17
1	A	45	SER	16
1	A	47	GLY	15
1	A	8	LYS	14
1	A	146	PRO	13
1	A	44	ALA	11
1	A	11	LEU	11
1	A	85	PHE	9

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	127	PHE	8
1	A	150	GLY	8
1	A	9	GLY	6
1	A	23	GLY	2
1	A	26	LYS	2
1	A	30	PHE	1
1	A	7	VAL	1

6.3.2 Protein sidechains [i](#)

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	117/126 (93%)	71±4 (61±3%)	46±4 (39±3%)	<div>06</div>
All	All	2340/2520 (93%)	1429 (61%)	911 (39%)	<div>06</div>

All 94 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	87	PHE	20
1	A	54	GLN	20
1	A	91	ILE	20
1	A	93	LYS	20
1	A	60	LEU	20
1	A	89	LEU	20
1	A	101	LEU	20
1	A	59	PHE	20
1	A	71	THR	20
1	A	30	PHE	20
1	A	77	PHE	20
1	A	41	ILE	20
1	A	11	LEU	20
1	A	67	LYS	20
1	A	29	LYS	20
1	A	43	VAL	20
1	A	85	PHE	20
1	A	138	ILE	20

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	108	GLU	19
1	A	104	LYS	19
1	A	15	ARG	19
1	A	88	ASP	19
1	A	25	TYR	18
1	A	118	ILE	18
1	A	116	VAL	18
1	A	84	SER	18
1	A	114	LEU	18
1	A	18	LEU	17
1	A	123	SER	17
1	A	53	LYS	17
1	A	63	SER	16
1	A	75	ILE	14
1	A	115	ARG	14
1	A	65	GLU	14
1	A	56	MET	12
1	A	28	LYS	12
1	A	40	ARG	12
1	A	97	MET	12
1	A	66	LEU	11
1	A	126	ASN	10
1	A	90	GLU	9
1	A	128	ASP	9
1	A	111	GLN	8
1	A	145	ASP	8
1	A	105	ASP	8
1	A	136	ARG	8
1	A	8	LYS	8
1	A	34	THR	7
1	A	64	GLU	7
1	A	27	ASN	7
1	A	50	SER	7
1	A	140	ARG	6
1	A	98	LYS	6
1	A	81	LEU	6
1	A	148	GLU	6
1	A	149	PHE	6
1	A	79	ASN	5
1	A	52	GLU	5
1	A	31	MET	5
1	A	35	VAL	5

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	45	SER	4
1	A	131	GLU	4
1	A	130	ASP	4
1	A	55	LYS	3
1	A	129	ASP	3
1	A	133	SER	3
1	A	103	LEU	3
1	A	144	PHE	3
1	A	38	CYS	3
1	A	37	VAL	3
1	A	83	THR	3
1	A	73	GLU	3
1	A	12	THR	2
1	A	106	GLN	2
1	A	13	SER	2
1	A	82	VAL	2
1	A	16	GLU	2
1	A	122	LYS	2
1	A	51	GLU	2
1	A	24	ARG	2
1	A	21	GLN	2
1	A	135	VAL	2
1	A	20	ARG	1
1	A	46	ASP	1
1	A	142	LEU	1
1	A	48	VAL	1
1	A	26	LYS	1
1	A	86	ASP	1
1	A	78	PHE	1
1	A	80	LYS	1
1	A	70	ASP	1
1	A	49	SER	1
1	A	19	THR	1
1	A	57	ILE	1

6.3.3 RNA ⓘ

There are no RNA molecules in this entry.

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

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

6.5 Carbohydrates [i](#)

There are no carbohydrates in this entry.

6.6 Ligand geometry [i](#)

There are no ligands in this entry.

6.7 Other polymers [i](#)

There are no such molecules in this entry.

6.8 Polymer linkage issues [i](#)

There are no chain breaks in this entry.

7 Chemical shift validation

The completeness of assignment taking into account all chemical shift lists is 92% for the well-defined parts and 91% for the entire structure.

7.1 Chemical shift list 1

File name: input_cs.cif

Chemical shift list name: *assigned_chem_shift_list_1*

7.1.1 Bookkeeping

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

Total number of shifts	1898
Number of shifts mapped to atoms	1898
Number of unparsed shifts	0
Number of shifts with mapping errors	0
Number of shifts with mapping warnings	0
Number of shift outliers (ShiftChecker)	1

7.1.2 Chemical shift referencing

The following table shows the suggested chemical shift referencing corrections.

Nucleus	# values	Correction \pm precision, ppm	Suggested action
$^{13}\text{C}_\alpha$	151	-0.47 ± 0.09	None needed (< 0.5 ppm)
$^{13}\text{C}_\beta$	139	0.43 ± 0.05	None needed (< 0.5 ppm)
$^{13}\text{C}'$	151	-0.27 ± 0.09	None needed (< 0.5 ppm)
^{15}N	148	0.41 ± 0.12	None needed (< 0.5 ppm)

7.1.3 Completeness of resonance assignments

The following table shows the completeness of the chemical shift assignments for the well-defined regions of the structure. The overall completeness is 92%, i.e. 1600 atoms were assigned a chemical shift out of a possible 1743. 23 out of 23 assigned methyl groups (LEU and VAL) were assigned stereospecifically.

	Total	^1H	^{13}C	^{15}N
Backbone	715/716 (100%)	285/286 (100%)	288/288 (100%)	142/142 (100%)
Sidechain	779/921 (85%)	480/536 (90%)	291/340 (86%)	8/45 (18%)

Continued on next page...

Continued from previous page...

	Total	¹ H	¹³ C	¹⁵ N
Aromatic	106/106 (100%)	58/58 (100%)	48/48 (100%)	0/0 (—%)
Overall	1600/1743 (92%)	823/880 (94%)	627/676 (93%)	150/187 (80%)

The following table shows the completeness of the chemical shift assignments for the full structure. The overall completeness is 91%, i.e. 1696 atoms were assigned a chemical shift out of a possible 1865. 25 out of 25 assigned methyl groups (LEU and VAL) were assigned stereospecifically.

	Total	¹ H	¹³ C	¹⁵ N
Backbone	748/761 (98%)	298/304 (98%)	302/306 (99%)	148/151 (98%)
Sidechain	824/980 (84%)	508/571 (89%)	308/363 (85%)	8/46 (17%)
Aromatic	124/124 (100%)	68/68 (100%)	56/56 (100%)	0/0 (—%)
Overall	1696/1865 (91%)	874/943 (93%)	666/725 (92%)	156/197 (79%)

7.1.4 Statistically unusual chemical shifts ⓘ

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

Mol	Chain	Res	Type	Atom	Shift, ppm	Expected range, ppm	Z-score
1	A	32	GLN	HG3	0.10	3.75 – 0.85	-7.6

7.1.5 Random Coil Index (RCI) plots ⓘ

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

Random coil index (RCI) for chain A:

