



Full wwPDB X-ray Structure Validation Report ⓘ

May 22, 2020 – 02:17 am BST

PDB ID : 4MGU
Title : Crystal structure of Acheta domesticus Densovirus
Authors : Meng, G.; Rossmann, M.G.
Deposited on : 2013-08-28
Resolution : 3.50 Å(reported)

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

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

A user guide is available at

<https://www.wwpdb.org/validation/2017/XrayValidationReportHelp>

with specific help available everywhere you see the ⓘ symbol.

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

MolProbity	:	4.02b-467
Xtriage (Phenix)	:	1.13
EDS	:	2.11
Percentile statistics	:	20191225.v01 (using entries in the PDB archive December 25th 2019)
Refmac	:	5.8.0158
CCP4	:	7.0.044 (Gargrove)
Ideal geometry (proteins)	:	Engh & Huber (2001)
Ideal geometry (DNA, RNA)	:	Parkinson et al. (1996)
Validation Pipeline (wwPDB-VP)	:	2.11

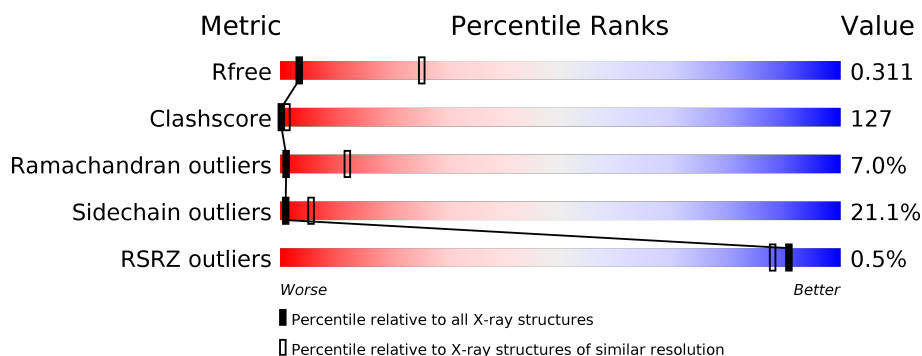
1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:

X-RAY DIFFRACTION

The reported resolution of this entry is 3.50 Å.

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



Metric	Whole archive (#Entries)	Similar resolution (#Entries, resolution range(Å))
R_{free}	130704	1659 (3.60-3.40)
Clashscore	141614	1036 (3.58-3.42)
Ramachandran outliers	138981	1005 (3.58-3.42)
Sidechain outliers	138945	1006 (3.58-3.42)
RSRZ outliers	127900	1559 (3.60-3.40)

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

Mol	Chain	Length	Quality of chain
1	A	428	
2	C	3	

2 Entry composition

There are 2 unique types of molecules in this entry. The entry contains 3005 atoms, of which 0 are hydrogens and 0 are deuteriums.

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

- Molecule 1 is a protein called Structural protein VP2.

Mol	Chain	Residues	Atoms					ZeroOcc	AltConf	Trace
1	A	379	Total	C	N	O	S	0	0	0
			2946	1872	508	557	9			

There are 7 discrepancies between the modelled and reference sequences:

Chain	Residue	Modelled	Actual	Comment	Reference
A	148	VAL	ILE	CONFLICT	UNP F2Y986
A	283	ALA	THR	CONFLICT	UNP F2Y986
A	?	-	ILE	DELETION	UNP F2Y986
A	306	THR	LYS	CONFLICT	UNP F2Y986
A	308	LYS	ASN	CONFLICT	UNP F2Y986
A	340	ARG	LYS	CONFLICT	UNP F2Y986
A	413	GLN	GLU	CONFLICT	UNP F2Y986

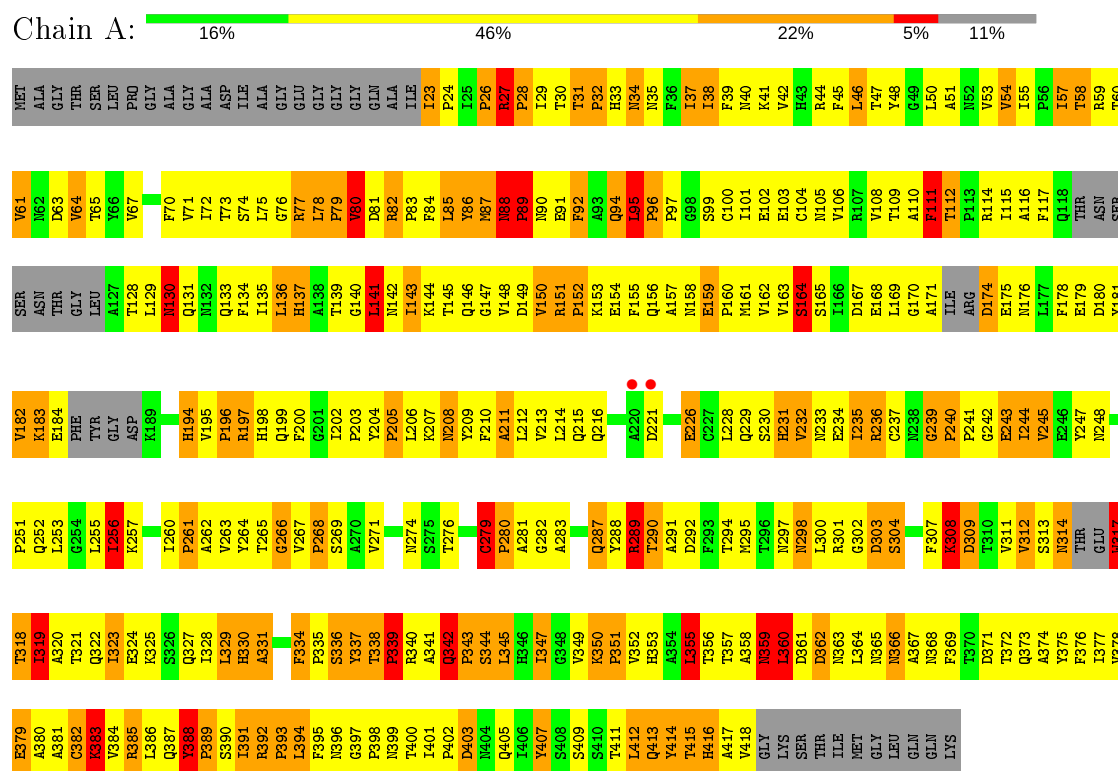
- Molecule 2 is a DNA chain called DNA (5'-D(P*TP*TP*T)-3').

Mol	Chain	Residues	Atoms					ZeroOcc	AltConf	Trace
2	C	3	Total	C	N	O	P	0	0	0
			59	29	6	21	3			

3 Residue-property plots

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

• Molecule 1: Structural protein VP2



• Molecule 2: DNA (5'-D(P*TP*TP*T)-3')



4 Data and refinement statistics

Property	Value	Source
Space group	P 4 ₂ 2 ₁ 2	Depositor
Cell constants a, b, c, α , β , γ	415.47Å 415.47Å 281.93Å 90.00° 90.00° 90.00°	Depositor
Resolution (Å)	40.00 – 3.50 12.00 – 3.50	Depositor EDS
% Data completeness (in resolution range)	(Not available) (40.00-3.50) 34.7 (12.00-3.50)	Depositor EDS
R_{merge}	(Not available)	Depositor
R_{sym}	(Not available)	Depositor
$\langle I/\sigma(I) \rangle$ ¹	2.08 (at 3.51Å)	Xtriage
Refinement program	CNS	Depositor
R, R_{free}	0.290 , 0.290 0.305 , 0.311	Depositor DCC
R_{free} test set	10250 reflections (9.91%)	wwPDB-VP
Wilson B-factor (Å ²)	60.8	Xtriage
Anisotropy	0.266	Xtriage
Bulk solvent k_{sol} (e/Å ³), B_{sol} (Å ²)	0.35 , -10.0	EDS
L-test for twinning ²	$\langle L \rangle = 0.33$, $\langle L^2 \rangle = 0.16$	Xtriage
Estimated twinning fraction	No twinning to report.	Xtriage
F_o, F_c correlation	0.70	EDS
Total number of atoms	3005	wwPDB-VP
Average B, all atoms (Å ²)	57.0	wwPDB-VP

Xtriage's analysis on translational NCS is as follows: *The largest off-origin peak in the Patterson function is 2.93% of the height of the origin peak. No significant pseudotranslation is detected.*

¹Intensities estimated from amplitudes.

²Theoretical values of $\langle |L| \rangle$, $\langle L^2 \rangle$ for acentric reflections are 0.5, 0.333 respectively for untwinned datasets, and 0.375, 0.2 for perfectly twinned datasets.

5 Model quality [i](#)

5.1 Standard geometry [i](#)

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

Mol	Chain	Bond lengths		Bond angles	
		RMSZ	$\# Z > 5$	RMSZ	$\# Z > 5$
1	A	0.70	5/3018 (0.2%)	1.34	70/4127 (1.7%)
2	C	0.81	0/64	1.03	0/96
All	All	0.70	5/3082 (0.2%)	1.34	70/4223 (1.7%)

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

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

All (5) bond length outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(Å)	Ideal(Å)
1	A	359	ASN	C-O	-6.69	1.10	1.23
1	A	317	TRP	CB-CG	6.20	1.61	1.50
1	A	280	PRO	N-CD	5.18	1.55	1.47
1	A	389	PRO	N-CD	5.09	1.54	1.47
1	A	152	PRO	N-CD	5.07	1.54	1.47

All (70) bond angle outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
1	A	116	ALA	CB-CA-C	15.65	133.57	110.10
1	A	130	ASN	N-CA-CB	-11.56	89.80	110.60
1	A	379	GLU	CB-CA-C	-10.57	89.25	110.40
1	A	380	ALA	CB-CA-C	-9.92	95.22	110.10
1	A	88	ASN	CB-CA-C	9.75	129.90	110.40
1	A	95	LEU	CB-CA-C	-9.63	91.90	110.20
1	A	382	CYS	CB-CA-C	-9.44	91.53	110.40
1	A	211	ALA	CB-CA-C	9.09	123.73	110.10
1	A	383	LYS	N-CA-CB	-8.85	94.67	110.60

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
1	A	380	ALA	N-CA-CB	-8.70	97.93	110.10
1	A	237	CYS	N-CA-CB	-8.65	95.02	110.60
1	A	89	PRO	N-CD-CG	-8.63	90.26	103.20
1	A	79	PRO	N-CA-C	-8.40	90.27	112.10
1	A	194	HIS	N-CA-C	-8.34	88.50	111.00
1	A	139	THR	N-CA-C	8.10	132.87	111.00
1	A	151	ARG	N-CA-C	7.69	131.77	111.00
1	A	303	ASP	N-CA-C	-7.65	90.34	111.00
1	A	239	GLY	N-CA-C	7.61	132.13	113.10
1	A	239	GLY	C-N-CD	-7.46	104.19	120.60
1	A	79	PRO	CB-CA-C	-7.45	93.38	112.00
1	A	319	ILE	CB-CA-C	7.22	126.05	111.60
1	A	331	ALA	CB-CA-C	-7.18	99.33	110.10
1	A	304	SER	N-CA-C	-7.15	91.69	111.00
1	A	244	ILE	CB-CA-C	7.14	125.88	111.60
1	A	88	ASN	N-CA-C	-7.05	91.97	111.00
1	A	92	PHE	CB-CA-C	-6.97	96.45	110.40
1	A	150	VAL	CB-CA-C	6.93	124.57	111.40
1	A	269	SER	N-CA-C	-6.92	92.30	111.00
1	A	139	THR	CB-CA-C	-6.86	93.09	111.60
1	A	287	GLN	CB-CA-C	-6.84	96.73	110.40
1	A	111	PHE	CB-CA-C	6.78	123.95	110.40
1	A	342	GLN	C-N-CD	-6.71	105.85	120.60
1	A	245	VAL	N-CA-CB	-6.69	96.79	111.50
1	A	150	VAL	N-CA-C	-6.36	93.84	111.00
1	A	266	GLY	N-CA-C	6.29	128.84	113.10
1	A	116	ALA	N-CA-C	-6.27	94.08	111.00
1	A	31	THR	C-N-CD	6.27	141.56	128.40
1	A	89	PRO	N-CA-CB	-6.20	95.78	102.60
1	A	308	LYS	CB-CA-C	-6.17	98.07	110.40
1	A	290	THR	N-CA-CB	-6.16	98.59	110.30
1	A	27	ARG	C-N-CD	-6.08	107.22	120.60
1	A	339	PRO	CA-N-CD	-6.07	103.00	111.50
1	A	414	TYR	N-CA-C	-6.01	94.78	111.00
1	A	87	MET	N-CA-C	5.98	127.14	111.00
1	A	337	TYR	CB-CA-C	-5.94	98.52	110.40
1	A	334	PHE	C-N-CD	5.91	140.82	128.40
1	A	164	SER	N-CA-C	-5.89	95.10	111.00
1	A	415	THR	N-CA-CB	-5.86	99.16	110.30
1	A	141	LEU	CB-CA-C	-5.83	99.12	110.20
1	A	80	VAL	N-CA-C	-5.83	95.27	111.00
1	A	64	VAL	CB-CA-C	-5.80	100.37	111.40

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
1	A	137	HIS	CB-CA-C	-5.76	98.89	110.40
1	A	151	ARG	C-N-CD	5.69	140.34	128.40
1	A	330	HIS	N-CA-C	-5.63	95.80	111.00
1	A	412	LEU	N-CA-C	5.61	126.16	111.00
1	A	279	CYS	C-N-CD	5.58	140.13	128.40
1	A	360	LEU	N-CA-C	-5.58	95.92	111.00
1	A	152	PRO	CB-CA-C	-5.58	98.06	112.00
1	A	413	GLN	N-CA-C	5.51	125.88	111.00
1	A	403	ASP	N-CA-C	-5.49	96.17	111.00
1	A	338	THR	C-N-CD	5.30	139.54	128.40
1	A	95	LEU	N-CA-C	5.26	125.20	111.00
1	A	303	ASP	CB-CG-OD2	5.24	123.02	118.30
1	A	388	TYR	C-N-CD	5.24	139.40	128.40
1	A	318	THR	N-CA-C	-5.22	96.91	111.00
1	A	180	ASP	CB-CG-OD2	5.20	122.98	118.30
1	A	221	ASP	CB-CG-OD2	5.16	122.95	118.30
1	A	309	ASP	N-CA-CB	-5.16	101.31	110.60
1	A	174	ASP	CB-CG-OD2	5.15	122.94	118.30
1	A	283	ALA	N-CA-CB	-5.01	103.08	110.10

There are no chirality outliers.

All (2) planarity outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Group
1	A	289	ARG	Peptide
1	A	355	LEU	Peptide

5.2 Too-close contacts [i](#)

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

Mol	Chain	Non-H	H(model)	H(added)	Clashes	Symm-Clashes
1	A	2946	0	2876	746	0
2	C	59	0	34	11	0
All	All	3005	0	2910	749	0

The all-atom clashscore is defined as the number of clashes found per 1000 atoms (including hydrogen atoms). The all-atom clashscore for this structure is 127.

All (749) close contacts within the same asymmetric unit are listed below, sorted by their clash magnitude.

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:72:ILE:HB	1:A:151:ARG:NH2	1.22	1.53
1:A:289:ARG:CD	1:A:302:GLY:HA3	1.36	1.50
1:A:152:PRO:HD3	1:A:168:GLU:CD	1.46	1.36
1:A:280:PRO:HA	1:A:281:ALA:CB	1.54	1.34
1:A:289:ARG:HD2	1:A:302:GLY:CA	1.56	1.34
1:A:260:ILE:HG21	1:A:391:ILE:CA	1.58	1.34
1:A:260:ILE:CG2	1:A:391:ILE:HA	1.57	1.32
1:A:289:ARG:HD2	1:A:302:GLY:C	1.50	1.31
1:A:289:ARG:HD2	1:A:303:ASP:N	1.45	1.29
1:A:153:LYS:HB2	1:A:164:SER:O	1.16	1.28
1:A:94:GLN:O	1:A:96:PRO:HD3	1.32	1.28
1:A:72:ILE:CB	1:A:151:ARG:HH22	1.45	1.28
1:A:94:GLN:HE21	1:A:95:LEU:CB	1.47	1.28
1:A:264:TYR:OH	1:A:274:ASN:ND2	1.67	1.25
1:A:289:ARG:CD	1:A:302:GLY:CA	2.12	1.25
1:A:280:PRO:CA	1:A:281:ALA:HB3	1.67	1.25
1:A:153:LYS:CB	1:A:164:SER:O	1.85	1.24
1:A:94:GLN:NE2	1:A:95:LEU:HB2	1.52	1.22
1:A:50:LEU:HD23	1:A:72:ILE:HD11	1.24	1.20
1:A:46:LEU:HD23	1:A:204:TYR:O	1.43	1.18
1:A:50:LEU:CD1	1:A:153:LYS:HE3	1.73	1.16
1:A:159:GLU:HG3	1:A:160:PRO:CD	1.75	1.15
1:A:329:LEU:HA	1:A:398:PRO:CA	1.75	1.15
1:A:50:LEU:CD2	1:A:72:ILE:HG12	1.76	1.14
1:A:148:VAL:HG23	1:A:150:VAL:HG12	1.16	1.13
1:A:50:LEU:HD23	1:A:72:ILE:CD1	1.79	1.13
1:A:252:GLN:HB2	1:A:324:GLU:HG2	1.21	1.12
1:A:328:ILE:CD1	1:A:399:ASN:HB2	1.80	1.11
1:A:153:LYS:CD	1:A:162:VAL:HG23	1.81	1.11
1:A:111:PHE:HA	1:A:241:PRO:HD2	1.30	1.11
1:A:260:ILE:HG21	1:A:391:ILE:N	1.64	1.10
1:A:152:PRO:HD3	1:A:168:GLU:OE2	1.49	1.10
1:A:153:LYS:HD2	1:A:162:VAL:HA	1.32	1.10
1:A:329:LEU:HA	1:A:398:PRO:HA	1.11	1.09
1:A:137:HIS:CE1	1:A:233:ASN:HD21	1.70	1.09
1:A:260:ILE:CG2	1:A:391:ILE:CA	2.23	1.08
1:A:159:GLU:CG	1:A:160:PRO:HD2	1.84	1.07
1:A:349:VAL:HG12	1:A:351:PRO:HD3	1.36	1.07
1:A:50:LEU:HD11	1:A:153:LYS:CE	1.84	1.07
1:A:150:VAL:HG23	1:A:168:GLU:N	1.70	1.07

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:358:ALA:O	1:A:359:ASN:ND2	1.88	1.06
1:A:50:LEU:CD2	1:A:72:ILE:CG1	2.33	1.06
1:A:393:PRO:O	1:A:396:ASN:HB2	1.56	1.05
1:A:50:LEU:CD2	1:A:72:ILE:CD1	2.34	1.05
1:A:114:ARG:N	1:A:365:ASN:O	1.89	1.05
1:A:153:LYS:HD3	1:A:162:VAL:HG23	1.36	1.05
1:A:72:ILE:CB	1:A:151:ARG:NH2	2.12	1.04
1:A:394:LEU:HD12	1:A:395:PHE:H	1.22	1.04
1:A:94:GLN:HE21	1:A:95:LEU:HB2	0.88	1.04
1:A:152:PRO:HD3	1:A:168:GLU:CG	1.88	1.03
1:A:136:LEU:HD23	1:A:344:SER:O	1.57	1.03
1:A:60:THR:HB	1:A:64:VAL:HG12	1.39	1.03
1:A:159:GLU:HG3	1:A:160:PRO:HD2	1.08	1.02
1:A:329:LEU:CA	1:A:398:PRO:HA	1.89	1.02
1:A:148:VAL:CG2	1:A:150:VAL:HG12	1.88	1.02
1:A:385:ARG:HD3	1:A:386:LEU:HG	1.37	1.02
1:A:214:LEU:HD21	1:A:216:GLN:OE1	1.59	1.02
1:A:37:ILE:HG23	1:A:376:PHE:CZ	1.93	1.02
1:A:330:HIS:CD2	1:A:395:PHE:HA	1.95	1.01
1:A:50:LEU:CD2	1:A:72:ILE:HD11	1.90	1.01
1:A:261:PRO:HA	1:A:396:ASN:ND2	1.76	1.00
1:A:383:LYS:H	1:A:391:ILE:HD13	1.24	0.99
1:A:72:ILE:HG21	1:A:162:VAL:HG11	1.38	0.99
1:A:148:VAL:HG11	1:A:412:LEU:H	1.25	0.99
1:A:130:ASN:O	1:A:131:GLN:HG3	1.62	0.99
1:A:260:ILE:HG12	1:A:390:SER:HB2	1.41	0.99
1:A:153:LYS:HD3	1:A:162:VAL:CG2	1.93	0.99
1:A:289:ARG:HD3	1:A:302:GLY:HA3	0.99	0.98
1:A:152:PRO:CD	1:A:168:GLU:HG3	1.93	0.98
1:A:328:ILE:HD11	1:A:399:ASN:HB2	0.99	0.98
1:A:350:LYS:NZ	1:A:360:LEU:HD22	1.78	0.98
1:A:83:PRO:HG2	1:A:318:THR:HG23	1.46	0.98
1:A:150:VAL:HG23	1:A:168:GLU:H	1.24	0.97
1:A:152:PRO:CD	1:A:168:GLU:CG	2.41	0.97
1:A:297:ASN:O	1:A:298:ASN:OD1	1.83	0.97
1:A:112:THR:HB	1:A:239:GLY:O	1.64	0.97
1:A:136:LEU:HD21	1:A:344:SER:HB3	1.46	0.97
1:A:152:PRO:HD2	1:A:168:GLU:HG3	1.45	0.97
1:A:50:LEU:HD23	1:A:72:ILE:CG1	1.91	0.97
1:A:289:ARG:CD	1:A:303:ASP:N	2.27	0.96
1:A:350:LYS:HE3	1:A:361:ASP:O	1.65	0.96

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:311:VAL:HG22	1:A:400:THR:HB	1.45	0.95
1:A:84:PHE:HB3	1:A:318:THR:HG21	1.47	0.95
1:A:37:ILE:HG23	1:A:376:PHE:CE1	2.02	0.95
1:A:159:GLU:CG	1:A:160:PRO:CD	2.41	0.94
1:A:328:ILE:HD11	1:A:399:ASN:CB	1.96	0.94
1:A:247:TYR:OH	1:A:339:PRO:HG2	1.66	0.94
1:A:329:LEU:CD1	2:C:7:DT:O2	2.16	0.94
1:A:159:GLU:HB2	1:A:160:PRO:HD3	1.50	0.94
1:A:152:PRO:CD	1:A:168:GLU:CD	2.36	0.94
1:A:50:LEU:HD11	1:A:153:LYS:HE3	0.94	0.94
1:A:148:VAL:CG1	1:A:412:LEU:H	1.81	0.93
1:A:153:LYS:HD2	1:A:162:VAL:CA	1.98	0.93
1:A:61:VAL:HG23	1:A:63:ASP:H	1.33	0.93
1:A:289:ARG:HD2	1:A:303:ASP:H	1.31	0.92
1:A:236:ARG:NH1	1:A:236:ARG:HB2	1.83	0.92
1:A:64:VAL:HG23	1:A:64:VAL:O	1.68	0.92
1:A:94:GLN:C	1:A:96:PRO:HD3	1.89	0.92
1:A:325:LYS:HE3	1:A:416:HIS:HB2	1.52	0.91
1:A:140:GLY:HA3	1:A:340:ARG:H	1.35	0.91
1:A:50:LEU:CD1	1:A:153:LYS:CE	2.46	0.91
1:A:50:LEU:HD21	1:A:72:ILE:HG12	1.49	0.91
1:A:325:LYS:CE	1:A:416:HIS:HB2	1.99	0.91
1:A:153:LYS:CD	1:A:162:VAL:CG2	2.47	0.91
1:A:38:ILE:HG22	1:A:375:TYR:HA	1.53	0.90
1:A:334:PHE:CZ	2:C:7:DT:H2"	2.06	0.90
1:A:261:PRO:HA	1:A:396:ASN:HD22	1.32	0.90
1:A:261:PRO:CA	1:A:396:ASN:ND2	2.35	0.89
1:A:255:LEU:O	1:A:323:ILE:HD12	1.73	0.89
1:A:72:ILE:HG21	1:A:162:VAL:CG1	2.01	0.89
1:A:86:TYR:HE2	1:A:104:CYS:HB2	1.37	0.89
1:A:153:LYS:HE3	1:A:162:VAL:HB	1.54	0.89
1:A:260:ILE:HG12	1:A:390:SER:CB	2.03	0.89
1:A:46:LEU:CD2	1:A:204:TYR:O	2.21	0.88
1:A:109:THR:HA	1:A:243:GLU:HA	1.55	0.88
1:A:253:LEU:H	1:A:324:GLU:CG	1.85	0.88
1:A:153:LYS:CD	1:A:162:VAL:CB	2.52	0.88
1:A:79:PRO:O	1:A:85:LEU:HG	1.73	0.88
1:A:262:ALA:HB2	1:A:393:PRO:O	1.73	0.87
1:A:287:GLN:OE1	1:A:303:ASP:HB3	1.75	0.87
1:A:350:LYS:HZ2	1:A:360:LEU:HD22	1.36	0.87
1:A:29:ILE:HG22	1:A:30:THR:H	1.40	0.87

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:53:VAL:HG22	1:A:54:VAL:H	1.40	0.87
1:A:314:ASN:H	1:A:314:ASN:HD22	1.18	0.87
1:A:386:LEU:O	1:A:388:TYR:CE1	2.28	0.86
1:A:72:ILE:CG2	1:A:162:VAL:HG11	2.04	0.86
1:A:137:HIS:CE1	1:A:233:ASN:ND2	2.41	0.86
1:A:100:CYS:O	1:A:376:PHE:HB2	1.75	0.86
1:A:154:GLU:HB3	1:A:164:SER:OG	1.76	0.86
1:A:152:PRO:HB3	1:A:207:LYS:O	1.74	0.86
1:A:260:ILE:HG22	1:A:391:ILE:HA	1.58	0.85
1:A:58:THR:HA	1:A:67:VAL:HG22	1.55	0.85
1:A:83:PRO:HD3	1:A:321:THR:HG23	1.58	0.85
1:A:343:PRO:HB2	1:A:368:ASN:HD21	1.42	0.85
1:A:289:ARG:HB3	1:A:302:GLY:H	1.40	0.85
1:A:94:GLN:NE2	1:A:95:LEU:CB	2.20	0.85
1:A:289:ARG:CD	1:A:303:ASP:H	1.88	0.85
1:A:156:GLN:HG2	1:A:157:ALA:H	1.42	0.84
1:A:260:ILE:CG1	1:A:390:SER:HB2	2.07	0.84
1:A:391:ILE:HG22	1:A:392:ARG:H	1.43	0.84
1:A:44:ARG:HH11	1:A:44:ARG:HG3	1.43	0.83
1:A:151:ARG:HG2	1:A:165:SER:HB2	1.59	0.83
1:A:292:ASP:OD1	1:A:297:ASN:HA	1.78	0.83
1:A:309:ASP:O	1:A:400:THR:N	2.10	0.83
1:A:72:ILE:HD12	1:A:73:THR:H	1.42	0.83
1:A:72:ILE:N	1:A:151:ARG:HH12	1.76	0.82
1:A:155:PHE:O	1:A:163:VAL:HG21	1.77	0.82
1:A:143:ILE:HD13	1:A:144:LYS:H	1.43	0.82
1:A:236:ARG:CZ	1:A:236:ARG:HB2	2.06	0.82
1:A:343:PRO:HB2	1:A:368:ASN:ND2	1.95	0.81
1:A:141:LEU:HD12	1:A:142:ASN:N	1.94	0.81
1:A:153:LYS:HD2	1:A:162:VAL:HG23	1.61	0.81
1:A:375:TYR:O	1:A:376:PHE:HB3	1.79	0.81
1:A:94:GLN:C	1:A:96:PRO:CD	2.48	0.81
1:A:142:ASN:ND2	1:A:143:ILE:HG23	1.95	0.81
1:A:328:ILE:O	1:A:399:ASN:N	2.13	0.81
1:A:53:VAL:HG22	1:A:54:VAL:N	1.95	0.81
1:A:64:VAL:CG2	1:A:64:VAL:O	2.28	0.81
1:A:383:LYS:HB2	1:A:391:ILE:HB	1.60	0.81
1:A:51:ALA:O	1:A:72:ILE:CG2	2.29	0.81
1:A:244:ILE:HG22	1:A:245:VAL:H	1.46	0.80
1:A:105:ASN:HB2	1:A:247:TYR:O	1.81	0.80
1:A:289:ARG:HD3	1:A:302:GLY:CA	1.95	0.80

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:153:LYS:HD2	1:A:162:VAL:CB	2.09	0.80
1:A:415:THR:HB	1:A:416:HIS:CE1	2.17	0.79
1:A:253:LEU:H	1:A:324:GLU:HG2	1.47	0.79
1:A:71:VAL:C	1:A:151:ARG:HH12	1.86	0.79
1:A:159:GLU:CB	1:A:160:PRO:CD	2.60	0.79
1:A:214:LEU:CD2	1:A:216:GLN:OE1	2.29	0.79
1:A:148:VAL:CG2	1:A:150:VAL:CG1	2.61	0.79
1:A:26:PRO:O	1:A:28:PRO:HD3	1.83	0.79
1:A:345:LEU:CD2	1:A:345:LEU:H	1.97	0.78
1:A:317:TRP:N	1:A:319:ILE:HD11	1.98	0.78
1:A:51:ALA:O	1:A:72:ILE:HG23	1.83	0.78
1:A:345:LEU:HD22	1:A:345:LEU:H	1.48	0.78
1:A:260:ILE:HG23	1:A:390:SER:O	1.84	0.77
1:A:37:ILE:CG2	1:A:376:PHE:CZ	2.66	0.77
1:A:261:PRO:CA	1:A:396:ASN:HD22	1.95	0.77
1:A:50:LEU:CG	1:A:72:ILE:HG12	2.14	0.77
1:A:48:TYR:O	1:A:50:LEU:N	2.18	0.77
1:A:291:ALA:HB3	1:A:300:LEU:HB2	1.64	0.77
1:A:260:ILE:HG21	1:A:390:SER:C	2.05	0.76
1:A:135:ILE:HG12	1:A:136:LEU:N	1.98	0.76
1:A:271:VAL:HG13	1:A:271:VAL:O	1.84	0.76
1:A:50:LEU:HD21	1:A:72:ILE:CD1	2.14	0.76
1:A:234:GLU:C	1:A:235:ILE:HD13	2.06	0.76
1:A:289:ARG:HB3	1:A:302:GLY:N	2.00	0.76
1:A:358:ALA:C	1:A:359:ASN:HD22	1.89	0.76
1:A:382:CYS:SG	1:A:382:CYS:O	2.44	0.76
1:A:111:PHE:HA	1:A:241:PRO:CD	2.15	0.76
1:A:153:LYS:CE	1:A:162:VAL:HB	2.15	0.76
1:A:287:GLN:OE1	1:A:303:ASP:CB	2.34	0.75
1:A:101:ILE:HA	1:A:376:PHE:CB	2.15	0.75
1:A:264:TYR:CE2	1:A:265:THR:O	2.39	0.75
1:A:42:VAL:O	1:A:42:VAL:HG23	1.85	0.75
1:A:265:THR:HG22	1:A:266:GLY:H	1.51	0.75
1:A:214:LEU:HD12	1:A:215:GLN:N	2.01	0.75
1:A:287:GLN:CD	1:A:303:ASP:HB3	2.07	0.75
1:A:148:VAL:HG11	1:A:412:LEU:N	2.00	0.75
1:A:72:ILE:HB	1:A:151:ARG:HH21	1.50	0.75
1:A:110:ALA:HB2	1:A:368:ASN:HA	1.69	0.74
1:A:79:PRO:O	1:A:85:LEU:CG	2.34	0.74
1:A:153:LYS:CD	1:A:162:VAL:HB	2.16	0.74
1:A:289:ARG:HB2	1:A:302:GLY:C	2.08	0.74

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:383:LYS:CB	1:A:391:ILE:HB	2.16	0.74
1:A:130:ASN:HD22	1:A:131:GLN:N	1.85	0.74
1:A:96:PRO:HB2	1:A:99:SER:HB2	1.70	0.74
1:A:148:VAL:HG23	1:A:150:VAL:CG1	2.07	0.73
1:A:135:ILE:O	1:A:235:ILE:HG12	1.87	0.73
1:A:287:GLN:OE1	1:A:303:ASP:CA	2.37	0.73
1:A:234:GLU:O	1:A:235:ILE:HD13	1.88	0.73
1:A:94:GLN:HE21	1:A:95:LEU:HB3	1.51	0.73
1:A:159:GLU:OE1	1:A:363:ASN:HB3	1.89	0.73
1:A:29:ILE:HG22	1:A:30:THR:N	2.03	0.73
1:A:71:VAL:O	1:A:211:ALA:HB1	1.89	0.72
1:A:82:ARG:HB2	1:A:84:PHE:CE1	2.23	0.72
1:A:329:LEU:HA	1:A:398:PRO:CB	2.19	0.72
1:A:44:ARG:HG3	1:A:44:ARG:NH1	2.04	0.72
1:A:82:ARG:HB2	1:A:84:PHE:HE1	1.55	0.72
1:A:50:LEU:HD21	1:A:72:ILE:CG1	2.11	0.72
1:A:159:GLU:HB2	1:A:160:PRO:CD	2.19	0.72
1:A:57:ILE:O	1:A:67:VAL:HG13	1.90	0.72
1:A:150:VAL:HG22	1:A:151:ARG:H	1.53	0.72
1:A:280:PRO:HA	1:A:281:ALA:HB3	0.75	0.72
1:A:136:LEU:HD23	1:A:344:SER:C	2.10	0.72
1:A:229:GLN:O	1:A:232:VAL:HG12	1.89	0.71
1:A:349:VAL:HG12	1:A:351:PRO:CD	2.18	0.71
1:A:329:LEU:HD13	2:C:7:DT:O2	1.89	0.71
1:A:142:ASN:HD21	1:A:143:ILE:HG23	1.54	0.71
1:A:31:THR:OG1	1:A:32:PRO:HD3	1.91	0.71
1:A:294:THR:O	1:A:295:MET:HB2	1.90	0.71
1:A:53:VAL:CG2	1:A:54:VAL:H	2.04	0.71
1:A:383:LYS:N	1:A:391:ILE:HD13	2.04	0.70
1:A:73:THR:HG22	1:A:210:PHE:O	1.92	0.70
1:A:47:THR:HG21	1:A:343:PRO:O	1.90	0.70
1:A:48:TYR:HE2	1:A:365:ASN:ND2	1.89	0.70
1:A:101:ILE:HG13	1:A:375:TYR:O	1.90	0.70
1:A:183:LYS:HB3	1:A:194:HIS:CD2	2.27	0.70
1:A:27:ARG:C	1:A:27:ARG:HE	1.94	0.70
1:A:329:LEU:HD12	2:C:7:DT:O2	1.92	0.70
1:A:407:TYR:CE1	1:A:418:VAL:HG13	2.26	0.70
1:A:161:MET:O	1:A:163:VAL:HG13	1.91	0.70
1:A:323:ILE:HG22	1:A:323:ILE:O	1.91	0.70
1:A:320:ALA:HB1	1:A:322:GLN:NE2	2.07	0.69
1:A:253:LEU:HD13	1:A:327:GLN:HB3	1.74	0.69

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:350:LYS:HZ3	1:A:360:LEU:HD22	1.57	0.69
1:A:88:ASN:HB2	1:A:91:GLU:HG3	1.75	0.69
1:A:86:TYR:HD2	1:A:374:ALA:HB2	1.55	0.69
1:A:109:THR:CA	1:A:243:GLU:HA	2.22	0.69
1:A:130:ASN:O	1:A:131:GLN:CG	2.38	0.69
1:A:233:ASN:OD1	1:A:233:ASN:O	2.10	0.69
1:A:262:ALA:HB2	1:A:393:PRO:C	2.13	0.69
1:A:111:PHE:CA	1:A:241:PRO:HD2	2.18	0.69
1:A:334:PHE:CE2	2:C:7:DT:H1'	2.28	0.69
1:A:159:GLU:CB	1:A:160:PRO:HD3	2.19	0.68
1:A:106:VAL:HG12	1:A:372:THR:HB	1.76	0.68
1:A:255:LEU:HD22	1:A:256:ILE:H	1.59	0.68
1:A:28:PRO:C	1:A:29:ILE:HD12	2.14	0.68
1:A:287:GLN:OE1	1:A:304:SER:N	2.27	0.68
1:A:27:ARG:NE	1:A:27:ARG:O	2.27	0.68
1:A:153:LYS:CD	1:A:162:VAL:HA	2.20	0.68
1:A:60:THR:HA	1:A:64:VAL:HA	1.76	0.68
1:A:151:ARG:HH21	1:A:162:VAL:HG21	1.59	0.67
1:A:103:GLU:HG2	1:A:104:CYS:H	1.57	0.67
1:A:153:LYS:HD2	1:A:162:VAL:CG2	2.17	0.67
1:A:385:ARG:CD	1:A:386:LEU:HG	2.21	0.67
1:A:37:ILE:HD12	1:A:38:ILE:H	1.58	0.67
1:A:50:LEU:HG	1:A:72:ILE:HG12	1.76	0.67
1:A:264:TYR:CZ	1:A:265:THR:O	2.48	0.67
1:A:169:LEU:HD22	1:A:411:THR:OG1	1.95	0.67
1:A:60:THR:HG22	1:A:64:VAL:HB	1.77	0.67
1:A:261:PRO:C	1:A:396:ASN:ND2	2.47	0.67
1:A:80:VAL:HG12	1:A:81:ASP:N	2.09	0.67
1:A:288:TYR:OH	1:A:405:GLN:NE2	2.28	0.66
1:A:136:LEU:CD2	1:A:344:SER:HB3	2.23	0.66
1:A:415:THR:O	1:A:415:THR:HG22	1.95	0.66
1:A:41:LYS:HE2	1:A:87:MET:HA	1.77	0.66
1:A:94:GLN:O	1:A:96:PRO:CD	2.24	0.66
1:A:328:ILE:HG13	1:A:399:ASN:O	1.94	0.66
1:A:140:GLY:C	1:A:142:ASN:H	1.97	0.66
1:A:148:VAL:HG11	1:A:411:THR:HA	1.77	0.66
1:A:95:LEU:HG	1:A:95:LEU:O	1.95	0.66
1:A:110:ALA:CB	1:A:368:ASN:HA	2.25	0.66
1:A:108:VAL:HG23	1:A:109:THR:N	2.11	0.66
1:A:394:LEU:CD1	1:A:395:PHE:H	2.05	0.66
1:A:171:ALA:O	1:A:174:ASP:N	2.28	0.65

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:136:LEU:CD2	1:A:344:SER:O	2.41	0.65
1:A:42:VAL:HG12	1:A:371:ASP:HB2	1.76	0.65
1:A:88:ASN:CB	1:A:91:GLU:HG3	2.26	0.65
1:A:329:LEU:C	1:A:398:PRO:HA	2.16	0.65
1:A:75:LEU:HD12	1:A:344:SER:CB	2.26	0.65
1:A:101:ILE:HA	1:A:376:PHE:HB3	1.76	0.65
1:A:23:ILE:N	1:A:23:ILE:HD13	2.11	0.65
1:A:158:ASN:O	1:A:159:GLU:HG2	1.96	0.65
1:A:260:ILE:CG2	1:A:390:SER:C	2.65	0.65
1:A:308:LYS:HZ1	1:A:331:ALA:HB2	1.61	0.65
1:A:289:ARG:NE	1:A:303:ASP:O	2.30	0.65
1:A:150:VAL:CG2	1:A:167:ASP:HA	2.27	0.65
1:A:289:ARG:CD	1:A:302:GLY:C	2.43	0.65
1:A:260:ILE:CG2	1:A:390:SER:O	2.45	0.65
1:A:140:GLY:HA2	1:A:340:ARG:O	1.97	0.64
1:A:75:LEU:HD12	1:A:344:SER:HB2	1.78	0.64
1:A:244:ILE:HD12	1:A:244:ILE:N	2.13	0.64
1:A:394:LEU:HD12	1:A:395:PHE:N	2.06	0.64
1:A:72:ILE:CA	1:A:151:ARG:HH22	2.09	0.64
1:A:334:PHE:HZ	2:C:7:DT:H2"	1.61	0.64
1:A:289:ARG:NE	1:A:303:ASP:H	1.95	0.64
1:A:143:ILE:HD13	1:A:144:LYS:N	2.13	0.64
1:A:47:THR:HA	1:A:209:TYR:OH	1.98	0.64
1:A:260:ILE:HG21	1:A:391:ILE:C	2.19	0.64
1:A:198:HIS:O	1:A:199:GLN:HB2	1.97	0.63
1:A:28:PRO:O	1:A:29:ILE:HG13	1.97	0.63
1:A:90:ASN:C	1:A:92:PHE:N	2.50	0.63
1:A:314:ASN:N	1:A:314:ASN:HD22	1.94	0.63
1:A:51:ALA:O	1:A:72:ILE:HG21	1.98	0.63
1:A:94:GLN:NE2	1:A:95:LEU:HB3	2.11	0.63
1:A:260:ILE:HG23	1:A:391:ILE:HA	1.73	0.63
1:A:134:PHE:CD1	1:A:236:ARG:NH1	2.67	0.63
1:A:321:THR:O	1:A:323:ILE:HG13	1.98	0.63
1:A:377:ILE:HG22	1:A:378:VAL:N	2.14	0.63
1:A:151:ARG:NH1	1:A:211:ALA:HB1	2.14	0.63
1:A:350:LYS:HE3	1:A:361:ASP:C	2.18	0.63
1:A:195:VAL:O	1:A:196:PRO:C	2.37	0.63
1:A:350:LYS:N	1:A:351:PRO:HD3	2.14	0.63
1:A:372:THR:OG1	1:A:373:GLN:N	2.32	0.63
1:A:27:ARG:NE	1:A:29:ILE:CD1	2.62	0.62
1:A:86:TYR:CD2	1:A:374:ALA:HB2	2.32	0.62

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:130:ASN:HD22	1:A:131:GLN:H	1.44	0.62
1:A:128:THR:HG22	1:A:129:LEU:N	2.13	0.62
1:A:414:TYR:CD2	1:A:415:THR:N	2.63	0.62
1:A:414:TYR:CE2	1:A:415:THR:HB	2.33	0.62
1:A:75:LEU:HA	1:A:344:SER:HB2	1.81	0.62
1:A:50:LEU:HD11	1:A:162:VAL:HB	1.81	0.62
1:A:114:ARG:HB2	1:A:365:ASN:HB2	1.82	0.62
1:A:252:GLN:HB2	1:A:324:GLU:CG	2.13	0.61
1:A:355:LEU:HB3	1:A:356:THR:HG23	1.82	0.61
1:A:84:PHE:CB	1:A:318:THR:HG21	2.27	0.61
1:A:88:ASN:O	1:A:92:PHE:CB	2.48	0.61
1:A:267:VAL:N	1:A:268:PRO:HD3	2.14	0.61
1:A:414:TYR:CG	1:A:415:THR:N	2.68	0.61
1:A:88:ASN:HB3	1:A:91:GLU:CG	2.30	0.61
1:A:151:ARG:HG2	1:A:165:SER:CB	2.29	0.61
1:A:290:THR:HA	1:A:301:ARG:HA	1.83	0.61
1:A:289:ARG:CB	1:A:302:GLY:C	2.68	0.61
1:A:386:LEU:O	1:A:388:TYR:CZ	2.52	0.61
1:A:78:LEU:O	1:A:80:VAL:N	2.34	0.61
1:A:27:ARG:CD	1:A:29:ILE:CD1	2.78	0.61
1:A:95:LEU:N	1:A:96:PRO:CD	2.64	0.61
1:A:50:LEU:HD13	1:A:153:LYS:CE	2.30	0.61
1:A:318:THR:O	1:A:319:ILE:HG13	2.01	0.61
1:A:392:ARG:HB2	1:A:396:ASN:OD1	2.01	0.61
1:A:53:VAL:HG13	1:A:55:ILE:CD1	2.31	0.61
1:A:108:VAL:HG23	1:A:109:THR:H	1.66	0.61
1:A:60:THR:CB	1:A:64:VAL:HG12	2.25	0.61
1:A:114:ARG:HH12	1:A:367:ALA:HB2	1.66	0.60
1:A:179:GLU:HA	1:A:182:VAL:HG23	1.83	0.60
1:A:181:TYR:O	1:A:184:GLU:HG3	2.00	0.60
1:A:90:ASN:C	1:A:92:PHE:H	2.04	0.60
1:A:147:GLY:HA3	1:A:212:LEU:HD23	1.83	0.60
1:A:291:ALA:HB3	1:A:300:LEU:CB	2.31	0.60
1:A:151:ARG:CG	1:A:165:SER:HB2	2.30	0.60
1:A:197:ARG:O	1:A:202:ILE:HG22	2.01	0.60
1:A:330:HIS:HD2	1:A:395:PHE:HA	1.66	0.59
1:A:150:VAL:HG21	1:A:169:LEU:HD23	1.83	0.59
1:A:377:ILE:CG2	1:A:378:VAL:N	2.65	0.59
1:A:38:ILE:H	1:A:38:ILE:HD13	1.68	0.59
1:A:55:ILE:HG12	1:A:162:VAL:HG22	1.83	0.59
1:A:81:ASP:HB2	1:A:322:GLN:OE1	2.02	0.59

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:167:ASP:OD1	1:A:169:LEU:HD21	2.02	0.59
1:A:302:GLY:O	1:A:303:ASP:OD1	2.21	0.59
1:A:383:LYS:HA	1:A:383:LYS:HE3	1.85	0.59
1:A:103:GLU:HG2	1:A:104:CYS:N	2.17	0.58
1:A:311:VAL:HG12	1:A:313:SER:H	1.68	0.58
1:A:338:THR:CG2	1:A:340:ARG:HH12	2.15	0.58
1:A:137:HIS:CD2	1:A:137:HIS:C	2.76	0.58
1:A:143:ILE:HD13	1:A:143:ILE:N	2.19	0.58
1:A:210:PHE:O	1:A:211:ALA:HB2	2.04	0.58
1:A:140:GLY:CA	1:A:340:ARG:H	2.13	0.58
1:A:256:ILE:O	1:A:257:LYS:HD2	2.03	0.58
1:A:86:TYR:HD1	1:A:86:TYR:N	2.02	0.58
1:A:134:PHE:HA	1:A:235:ILE:O	2.03	0.58
1:A:280:PRO:CA	1:A:281:ALA:CB	2.42	0.58
1:A:392:ARG:CB	1:A:396:ASN:OD1	2.52	0.58
1:A:82:ARG:HH11	1:A:82:ARG:HB3	1.69	0.58
1:A:136:LEU:CD2	1:A:344:SER:C	2.71	0.58
1:A:101:ILE:HA	1:A:376:PHE:HB2	1.85	0.58
1:A:154:GLU:OE1	1:A:154:GLU:HA	2.04	0.57
1:A:72:ILE:CD1	1:A:73:THR:H	2.14	0.57
1:A:133:GLN:HG2	1:A:364:LEU:HD23	1.84	0.57
1:A:151:ARG:NH1	1:A:211:ALA:CB	2.67	0.57
1:A:260:ILE:O	1:A:396:ASN:ND2	2.36	0.57
1:A:143:ILE:H	1:A:143:ILE:CD1	2.17	0.57
1:A:240:PRO:C	1:A:242:GLY:H	2.07	0.57
1:A:74:SER:C	1:A:344:SER:OG	2.43	0.57
1:A:86:TYR:CD1	1:A:86:TYR:N	2.71	0.57
1:A:140:GLY:C	1:A:142:ASN:N	2.55	0.57
1:A:289:ARG:O	1:A:290:THR:OG1	2.16	0.57
1:A:109:THR:O	1:A:109:THR:OG1	2.22	0.57
1:A:325:LYS:HE3	1:A:416:HIS:CB	2.32	0.57
1:A:388:TYR:CD1	1:A:388:TYR:N	2.73	0.57
1:A:88:ASN:CB	1:A:91:GLU:CG	2.82	0.57
1:A:150:VAL:CG2	1:A:168:GLU:H	2.10	0.57
1:A:297:ASN:O	1:A:298:ASN:CG	2.42	0.57
1:A:45:PHE:HB3	1:A:206:LEU:HD21	1.85	0.57
1:A:53:VAL:H	1:A:72:ILE:CG2	2.17	0.57
1:A:84:PHE:H	1:A:318:THR:HG23	1.70	0.57
1:A:55:ILE:HD11	1:A:162:VAL:HG13	1.85	0.57
1:A:44:ARG:HB2	1:A:203:PRO:HA	1.86	0.57
1:A:350:LYS:N	1:A:351:PRO:CD	2.68	0.57

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:72:ILE:HB	1:A:151:ARG:HH22	0.76	0.57
1:A:183:LYS:HB3	1:A:194:HIS:NE2	2.19	0.57
1:A:400:THR:OG1	1:A:401:ILE:N	2.35	0.56
1:A:153:LYS:HB3	1:A:164:SER:O	1.95	0.56
1:A:23:ILE:N	1:A:24:PRO:CD	2.68	0.56
1:A:137:HIS:NE2	1:A:233:ASN:ND2	2.46	0.56
1:A:154:GLU:CB	1:A:164:SER:OG	2.49	0.56
1:A:336:SER:C	1:A:337:TYR:HD1	2.09	0.56
1:A:90:ASN:O	1:A:92:PHE:N	2.38	0.56
1:A:328:ILE:CD1	1:A:399:ASN:CB	2.70	0.56
1:A:336:SER:O	1:A:337:TYR:CD1	2.59	0.56
1:A:83:PRO:HD3	1:A:321:THR:CG2	2.32	0.56
1:A:264:TYR:CG	1:A:265:THR:N	2.73	0.56
1:A:85:LEU:HD13	1:A:85:LEU:O	2.05	0.56
1:A:153:LYS:HB3	1:A:165:SER:HA	1.87	0.56
1:A:322:GLN:O	1:A:322:GLN:HG2	2.06	0.56
1:A:181:TYR:O	1:A:183:LYS:N	2.39	0.56
1:A:311:VAL:HG21	1:A:327:GLN:NE2	2.21	0.56
1:A:196:PRO:HG2	1:A:200:PHE:HD2	1.70	0.55
1:A:53:VAL:CG2	1:A:54:VAL:N	2.62	0.55
1:A:253:LEU:H	1:A:324:GLU:HG3	1.67	0.55
1:A:329:LEU:HD12	2:C:7:DT:C2	2.41	0.55
1:A:247:TYR:HD2	1:A:341:ALA:HB2	1.70	0.55
1:A:141:LEU:HB2	1:A:145:THR:CG2	2.37	0.55
1:A:383:LYS:H	1:A:391:ILE:CD1	2.09	0.55
1:A:76:GLY:O	1:A:342:GLN:HB3	2.05	0.55
1:A:350:LYS:CE	1:A:361:ASP:O	2.49	0.55
1:A:391:ILE:HG22	1:A:392:ARG:N	2.18	0.55
1:A:72:ILE:CG1	1:A:73:THR:N	2.69	0.55
1:A:72:ILE:HG13	1:A:73:THR:N	2.22	0.55
1:A:86:TYR:CE2	1:A:104:CYS:HB2	2.29	0.55
1:A:343:PRO:CB	1:A:368:ASN:ND2	2.69	0.55
1:A:142:ASN:ND2	1:A:143:ILE:N	2.55	0.55
1:A:112:THR:CB	1:A:239:GLY:O	2.48	0.55
1:A:255:LEU:HD22	1:A:256:ILE:N	2.22	0.55
1:A:156:GLN:HB2	1:A:163:VAL:HG11	1.88	0.54
1:A:159:GLU:HG3	1:A:160:PRO:N	2.22	0.54
1:A:95:LEU:O	1:A:97:PRO:CD	2.56	0.54
1:A:135:ILE:HG12	1:A:136:LEU:H	1.70	0.54
1:A:143:ILE:CD1	1:A:143:ILE:N	2.70	0.54
1:A:314:ASN:H	1:A:314:ASN:ND2	1.98	0.54

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:329:LEU:HA	1:A:398:PRO:HB3	1.89	0.54
1:A:73:THR:HG23	1:A:75:LEU:HB2	1.89	0.54
1:A:82:ARG:NE	1:A:178:PHE:CD2	2.75	0.54
1:A:160:PRO:HG2	1:A:363:ASN:HA	1.87	0.54
1:A:216:GLN:O	1:A:216:GLN:HG3	2.07	0.54
1:A:355:LEU:HD12	1:A:356:THR:HG22	1.88	0.54
1:A:106:VAL:HG12	1:A:372:THR:CB	2.36	0.54
1:A:159:GLU:OE2	1:A:362:ASP:HA	2.07	0.54
1:A:247:TYR:CD2	1:A:341:ALA:HB2	2.43	0.54
1:A:106:VAL:HG22	1:A:247:TYR:HB3	1.90	0.54
1:A:287:GLN:OE1	1:A:303:ASP:HA	2.07	0.54
1:A:355:LEU:HB3	1:A:356:THR:CG2	2.37	0.54
1:A:287:GLN:NE2	1:A:303:ASP:HB3	2.23	0.54
1:A:336:SER:O	1:A:337:TYR:HD1	1.90	0.54
1:A:231:HIS:N	1:A:231:HIS:CD2	2.75	0.54
1:A:261:PRO:CA	1:A:396:ASN:HD21	2.19	0.54
1:A:264:TYR:CZ	1:A:274:ASN:ND2	2.71	0.54
1:A:407:TYR:HB3	1:A:417:ALA:HB1	1.89	0.54
1:A:202:ILE:HG13	1:A:203:PRO:HD2	1.89	0.53
1:A:27:ARG:HD2	1:A:29:ILE:CD1	2.38	0.53
1:A:114:ARG:HB2	1:A:365:ASN:O	2.08	0.53
1:A:50:LEU:O	1:A:347:ILE:HD12	2.08	0.53
1:A:95:LEU:CG	1:A:95:LEU:O	2.55	0.53
1:A:82:ARG:CB	1:A:84:PHE:HE1	2.21	0.53
1:A:213:VAL:HG22	1:A:214:LEU:N	2.23	0.53
1:A:263:VAL:HG21	1:A:384:VAL:HG21	1.90	0.53
1:A:204:TYR:CD1	1:A:205:PRO:HD2	2.42	0.53
1:A:94:GLN:C	1:A:96:PRO:HD2	2.28	0.53
1:A:134:PHE:CE1	1:A:236:ARG:NH1	2.76	0.53
1:A:198:HIS:O	1:A:200:PHE:N	2.34	0.52
1:A:183:LYS:HE3	1:A:183:LYS:HA	1.91	0.52
1:A:45:PHE:CG	1:A:206:LEU:HD21	2.43	0.52
1:A:307:PHE:O	1:A:402:PRO:HD3	2.08	0.52
1:A:27:ARG:HG2	1:A:29:ILE:HD11	1.92	0.52
1:A:314:ASN:OD1	1:A:317:TRP:N	2.43	0.52
1:A:214:LEU:HD12	1:A:215:GLN:H	1.74	0.52
1:A:81:ASP:OD1	1:A:82:ARG:HG2	2.10	0.52
1:A:260:ILE:HG12	1:A:390:SER:C	2.30	0.52
1:A:183:LYS:CE	1:A:183:LYS:HA	2.34	0.52
1:A:266:GLY:O	1:A:267:VAL:HG23	2.08	0.52
1:A:72:ILE:HD12	1:A:73:THR:N	2.20	0.52

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:29:ILE:CG2	1:A:30:THR:H	2.18	0.52
1:A:140:GLY:O	1:A:142:ASN:N	2.43	0.51
1:A:41:LYS:O	1:A:371:ASP:HA	2.09	0.51
1:A:260:ILE:CG2	1:A:391:ILE:C	2.79	0.51
1:A:321:THR:O	1:A:323:ILE:N	2.41	0.51
1:A:329:LEU:O	1:A:398:PRO:HA	2.09	0.51
1:A:150:VAL:HG21	1:A:167:ASP:HA	1.91	0.51
1:A:46:LEU:HB3	1:A:366:ASN:O	2.10	0.51
1:A:152:PRO:HD2	1:A:168:GLU:CG	2.19	0.51
1:A:150:VAL:O	1:A:209:TYR:O	2.27	0.51
1:A:261:PRO:C	1:A:396:ASN:HD22	2.12	0.51
1:A:130:ASN:C	1:A:131:GLN:HG3	2.31	0.51
1:A:135:ILE:HG23	1:A:235:ILE:CG1	2.41	0.51
1:A:135:ILE:HG23	1:A:235:ILE:HG13	1.93	0.51
1:A:383:LYS:CA	1:A:383:LYS:HE3	2.41	0.51
1:A:150:VAL:HG22	1:A:151:ARG:N	2.25	0.51
1:A:255:LEU:HD11	1:A:257:LYS:O	2.11	0.51
1:A:82:ARG:HH12	1:A:320:ALA:N	2.09	0.51
1:A:413:GLN:O	1:A:414:TYR:HB3	2.11	0.51
1:A:141:LEU:HB2	1:A:145:THR:HG23	1.93	0.51
1:A:27:ARG:NE	1:A:29:ILE:HD12	2.26	0.51
1:A:147:GLY:O	1:A:210:PHE:CE1	2.64	0.50
1:A:99:SER:OG	1:A:378:VAL:HA	2.11	0.50
1:A:308:LYS:HZ1	1:A:331:ALA:CB	2.24	0.50
1:A:53:VAL:HG13	1:A:55:ILE:HD11	1.93	0.50
1:A:146:GLN:N	1:A:146:GLN:CD	2.64	0.50
1:A:150:VAL:CG2	1:A:168:GLU:N	2.58	0.50
1:A:72:ILE:CA	1:A:151:ARG:NH2	2.73	0.50
1:A:232:VAL:HG22	1:A:233:ASN:H	1.76	0.50
1:A:154:GLU:O	1:A:163:VAL:HG22	2.12	0.50
1:A:110:ALA:H	1:A:244:ILE:HD13	1.78	0.49
1:A:179:GLU:HA	1:A:182:VAL:CG2	2.42	0.49
1:A:48:TYR:CE2	1:A:365:ASN:ND2	2.76	0.49
1:A:83:PRO:HG2	1:A:318:THR:CG2	2.30	0.49
1:A:79:PRO:HD2	1:A:85:LEU:HD23	1.94	0.49
1:A:133:GLN:HG2	1:A:364:LEU:CD2	2.42	0.49
1:A:176:ASN:HA	1:A:179:GLU:CB	2.43	0.49
1:A:236:ARG:HB2	1:A:236:ARG:HH11	1.74	0.49
1:A:84:PHE:H	1:A:318:THR:CG2	2.26	0.49
1:A:319:ILE:N	1:A:319:ILE:HD12	2.27	0.49
1:A:253:LEU:HB3	1:A:324:GLU:HG3	1.94	0.49

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:339:PRO:O	1:A:340:ARG:HG3	2.13	0.49
1:A:415:THR:C	1:A:416:HIS:CG	2.84	0.49
1:A:265:THR:HG22	1:A:266:GLY:N	2.22	0.49
1:A:383:LYS:NZ	1:A:392:ARG:HA	2.28	0.49
1:A:53:VAL:H	1:A:72:ILE:HG23	1.77	0.49
1:A:340:ARG:HG3	1:A:340:ARG:HH11	1.77	0.49
1:A:415:THR:CG2	1:A:415:THR:O	2.61	0.49
1:A:74:SER:O	1:A:344:SER:OG	2.31	0.49
1:A:128:THR:CG2	1:A:129:LEU:N	2.75	0.49
1:A:309:ASP:N	1:A:309:ASP:OD1	2.45	0.49
1:A:54:VAL:C	1:A:55:ILE:HD12	2.33	0.49
1:A:181:TYR:HE2	1:A:208:ASN:HD21	1.61	0.49
1:A:202:ILE:CG1	1:A:203:PRO:HD2	2.43	0.49
1:A:34:ASN:HD21	1:A:377:ILE:HG23	1.78	0.49
1:A:253:LEU:N	1:A:324:GLU:HG2	2.23	0.48
1:A:152:PRO:CD	1:A:168:GLU:OE2	2.41	0.48
1:A:313:SER:O	1:A:314:ASN:O	2.31	0.48
1:A:383:LYS:HB3	1:A:391:ILE:HB	1.95	0.48
1:A:391:ILE:O	1:A:392:ARG:HG2	2.14	0.48
1:A:330:HIS:NE2	1:A:395:PHE:HA	2.24	0.48
1:A:153:LYS:CA	1:A:165:SER:HA	2.43	0.48
1:A:147:GLY:HA3	1:A:212:LEU:HA	1.94	0.48
1:A:27:ARG:CD	1:A:29:ILE:HD11	2.42	0.48
1:A:320:ALA:HB1	1:A:322:GLN:CD	2.32	0.48
1:A:32:PRO:O	1:A:33:HIS:CG	2.66	0.48
1:A:46:LEU:HD12	1:A:48:TYR:OH	2.13	0.48
1:A:29:ILE:N	1:A:29:ILE:HD12	2.27	0.48
1:A:109:THR:CB	1:A:243:GLU:HA	2.44	0.48
1:A:135:ILE:CG1	1:A:136:LEU:N	2.73	0.48
1:A:95:LEU:O	1:A:97:PRO:HD3	2.14	0.48
2:C:6:DT:O2	2:C:6:DT:H2'	2.13	0.48
1:A:240:PRO:C	1:A:242:GLY:N	2.67	0.48
1:A:42:VAL:O	1:A:42:VAL:CG2	2.56	0.48
1:A:325:LYS:O	1:A:325:LYS:HG2	2.13	0.48
1:A:37:ILE:O	1:A:376:PHE:CD1	2.67	0.48
1:A:263:VAL:HG21	1:A:384:VAL:CG2	2.44	0.47
1:A:95:LEU:N	1:A:96:PRO:HD2	2.29	0.47
1:A:228:LEU:C	1:A:228:LEU:HD13	2.35	0.47
1:A:260:ILE:CD1	1:A:390:SER:HB2	2.44	0.47
1:A:134:PHE:HD1	1:A:236:ARG:NH1	2.10	0.47
1:A:159:GLU:O	1:A:160:PRO:C	2.53	0.47

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:79:PRO:O	1:A:85:LEU:CD2	2.62	0.47
1:A:130:ASN:ND2	1:A:131:GLN:N	2.59	0.47
1:A:329:LEU:HD23	1:A:398:PRO:HB3	1.96	0.47
1:A:379:GLU:OE2	1:A:381:ALA:HB2	2.15	0.47
2:C:7:DT:O4'	2:C:7:DT:O2	2.31	0.47
1:A:152:PRO:C	1:A:153:LYS:HG2	2.35	0.47
1:A:203:PRO:O	1:A:204:TYR:HB2	2.15	0.47
1:A:150:VAL:CG2	1:A:151:ARG:H	2.24	0.47
1:A:230:SER:HB3	1:A:231:HIS:HD2	1.80	0.47
1:A:105:ASN:HB3	1:A:248:ASN:OD1	2.15	0.47
1:A:137:HIS:CD2	1:A:233:ASN:HD21	2.31	0.47
1:A:114:ARG:CB	1:A:365:ASN:O	2.63	0.47
1:A:42:VAL:HG12	1:A:371:ASP:CB	2.44	0.47
1:A:110:ALA:H	1:A:244:ILE:CD1	2.28	0.47
1:A:158:ASN:C	1:A:159:GLU:HG2	2.35	0.47
1:A:169:LEU:O	1:A:170:GLY:C	2.52	0.47
1:A:197:ARG:HA	1:A:202:ILE:CG2	2.45	0.47
1:A:232:VAL:HG22	1:A:233:ASN:N	2.31	0.46
1:A:150:VAL:HA	1:A:168:GLU:HB2	1.96	0.46
1:A:78:LEU:HD22	1:A:343:PRO:HD3	1.97	0.46
1:A:309:ASP:N	1:A:399:ASN:HB3	2.30	0.46
1:A:38:ILE:HA	1:A:374:ALA:O	2.16	0.46
1:A:42:VAL:HA	1:A:371:ASP:HA	1.98	0.46
1:A:27:ARG:HD2	1:A:29:ILE:HD13	1.98	0.46
1:A:38:ILE:HD13	1:A:38:ILE:N	2.31	0.46
1:A:55:ILE:N	1:A:55:ILE:HD12	2.31	0.46
1:A:143:ILE:HG12	1:A:144:LYS:HG2	1.98	0.46
1:A:153:LYS:CA	1:A:164:SER:O	2.61	0.46
1:A:263:VAL:HG23	1:A:263:VAL:O	2.16	0.46
1:A:148:VAL:CG1	1:A:412:LEU:N	2.64	0.46
1:A:181:TYR:C	1:A:183:LYS:N	2.68	0.46
1:A:325:LYS:HE2	1:A:416:HIS:HB2	1.94	0.46
1:A:77:ARG:HG3	1:A:77:ARG:O	2.13	0.46
1:A:150:VAL:O	1:A:151:ARG:HB2	2.15	0.45
1:A:108:VAL:O	1:A:109:THR:CG2	2.64	0.45
1:A:255:LEU:HD13	1:A:256:ILE:N	2.32	0.45
1:A:101:ILE:HG23	1:A:101:ILE:O	2.16	0.45
1:A:340:ARG:HH21	1:A:409:SER:CB	2.29	0.45
1:A:109:THR:HA	1:A:244:ILE:HD12	1.98	0.45
1:A:108:VAL:CG2	1:A:109:THR:N	2.80	0.45
1:A:243:GLU:OE1	1:A:244:ILE:O	2.35	0.45

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:255:LEU:HD13	1:A:255:LEU:C	2.36	0.45
1:A:330:HIS:CE1	1:A:395:PHE:CE1	3.05	0.45
1:A:37:ILE:HG13	1:A:38:ILE:N	2.31	0.45
1:A:271:VAL:CG1	1:A:271:VAL:O	2.56	0.45
1:A:414:TYR:CE2	1:A:415:THR:CB	3.00	0.45
1:A:84:PHE:HE2	1:A:181:TYR:HB3	1.82	0.45
2:C:8:DT:H2'	2:C:8:DT:O2	2.17	0.45
1:A:260:ILE:HG22	1:A:391:ILE:CA	2.28	0.45
1:A:146:GLN:OE1	1:A:146:GLN:N	2.49	0.45
1:A:153:LYS:CB	1:A:165:SER:HA	2.46	0.45
1:A:253:LEU:CD1	1:A:327:GLN:HB3	2.46	0.45
1:A:169:LEU:HD12	1:A:169:LEU:O	2.17	0.45
1:A:261:PRO:O	1:A:391:ILE:CG2	2.65	0.45
1:A:413:GLN:OE1	1:A:417:ALA:N	2.50	0.45
1:A:53:VAL:O	1:A:72:ILE:HG22	2.17	0.45
1:A:37:ILE:CD1	1:A:38:ILE:H	2.26	0.44
1:A:28:PRO:C	1:A:29:ILE:CD1	2.86	0.44
1:A:72:ILE:CD1	1:A:73:THR:N	2.79	0.44
1:A:327:GLN:NE2	1:A:327:GLN:HA	2.31	0.44
1:A:330:HIS:NE2	1:A:395:PHE:CD1	2.85	0.44
1:A:90:ASN:O	1:A:94:GLN:HB2	2.17	0.44
1:A:111:PHE:CB	1:A:240:PRO:HA	2.48	0.44
1:A:375:TYR:O	1:A:376:PHE:CB	2.54	0.44
1:A:392:ARG:HB3	1:A:396:ASN:OD1	2.18	0.44
1:A:148:VAL:HG12	1:A:412:LEU:H	1.76	0.44
1:A:413:GLN:OE1	1:A:416:HIS:C	2.56	0.44
1:A:140:GLY:O	1:A:142:ASN:OD1	2.36	0.44
1:A:289:ARG:CB	1:A:302:GLY:CA	2.95	0.44
1:A:290:THR:HG22	1:A:291:ALA:N	2.32	0.44
1:A:320:ALA:O	1:A:323:ILE:HG12	2.17	0.44
1:A:158:ASN:ND2	1:A:360:LEU:HD21	2.32	0.44
1:A:181:TYR:C	1:A:183:LYS:H	2.21	0.44
1:A:202:ILE:CD1	1:A:203:PRO:HD2	2.47	0.44
1:A:27:ARG:CG	1:A:29:ILE:HD11	2.48	0.44
1:A:117:PHE:O	1:A:117:PHE:CG	2.70	0.44
1:A:213:VAL:HG22	1:A:214:LEU:H	1.82	0.44
1:A:51:ALA:HB2	1:A:161:MET:SD	2.58	0.44
1:A:72:ILE:CG2	1:A:151:ARG:HH22	2.24	0.44
1:A:179:GLU:C	1:A:182:VAL:HG23	2.38	0.44
1:A:261:PRO:O	1:A:391:ILE:HG23	2.17	0.44
1:A:280:PRO:HB2	1:A:282:GLY:N	2.33	0.44

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:96:PRO:HD2	1:A:257:LYS:HE2	2.00	0.44
1:A:141:LEU:C	1:A:141:LEU:HD12	2.39	0.44
1:A:88:ASN:HB3	1:A:91:GLU:OE2	2.17	0.44
1:A:72:ILE:CA	1:A:151:ARG:HH12	2.30	0.43
1:A:140:GLY:CA	1:A:340:ARG:O	2.65	0.43
1:A:78:LEU:HD22	1:A:343:PRO:CD	2.48	0.43
1:A:108:VAL:O	1:A:109:THR:HG23	2.18	0.43
1:A:287:GLN:HA	1:A:304:SER:O	2.17	0.43
1:A:339:PRO:C	1:A:340:ARG:HG3	2.38	0.43
1:A:40:ASN:N	1:A:40:ASN:OD1	2.51	0.43
1:A:202:ILE:HD12	1:A:203:PRO:HD2	2.00	0.43
1:A:339:PRO:O	1:A:339:PRO:HD2	2.17	0.43
1:A:102:GLU:O	1:A:251:PRO:HD2	2.18	0.43
1:A:253:LEU:HD23	1:A:253:LEU:C	2.39	0.43
1:A:338:THR:HG23	1:A:340:ARG:HH12	1.80	0.43
1:A:88:ASN:HB2	1:A:91:GLU:CG	2.45	0.43
1:A:311:VAL:CG2	1:A:327:GLN:NE2	2.82	0.43
1:A:378:VAL:O	1:A:379:GLU:HG2	2.19	0.43
1:A:46:LEU:N	1:A:204:TYR:O	2.52	0.43
1:A:40:ASN:O	1:A:41:LYS:HD3	2.18	0.43
1:A:48:TYR:HE2	1:A:365:ASN:CG	2.21	0.43
1:A:72:ILE:HA	1:A:211:ALA:HB2	2.01	0.43
1:A:85:LEU:HB3	1:A:86:TYR:HD1	1.84	0.43
1:A:135:ILE:HG22	1:A:235:ILE:HB	2.00	0.43
1:A:311:VAL:HG12	1:A:312:VAL:N	2.34	0.43
1:A:73:THR:HG22	1:A:210:PHE:C	2.40	0.43
1:A:158:ASN:O	1:A:159:GLU:CG	2.65	0.42
1:A:38:ILE:CD1	1:A:38:ILE:N	2.81	0.42
1:A:54:VAL:HA	1:A:70:PHE:O	2.19	0.42
1:A:77:ARG:HG2	1:A:208:ASN:HD22	1.83	0.42
1:A:79:PRO:HB2	1:A:85:LEU:HB2	2.01	0.42
1:A:76:GLY:O	1:A:342:GLN:CB	2.67	0.42
1:A:140:GLY:CA	1:A:142:ASN:OD1	2.67	0.42
1:A:210:PHE:CG	1:A:211:ALA:N	2.88	0.42
1:A:51:ALA:CB	1:A:161:MET:SD	3.08	0.42
1:A:156:GLN:HG2	1:A:157:ALA:N	2.22	0.42
1:A:182:VAL:HG12	1:A:182:VAL:O	2.19	0.42
1:A:388:TYR:HB3	1:A:389:PRO:HA	2.01	0.42
1:A:39:PHE:HB3	1:A:41:LYS:HZ3	1.84	0.42
1:A:85:LEU:HB3	1:A:86:TYR:CD1	2.55	0.42
1:A:147:GLY:O	1:A:210:PHE:HE1	2.03	0.42

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:256:ILE:O	1:A:257:LYS:CD	2.68	0.42
1:A:61:VAL:C	1:A:63:ASP:N	2.71	0.42
1:A:328:ILE:O	1:A:398:PRO:CA	2.68	0.42
1:A:328:ILE:CD1	1:A:399:ASN:HD22	2.32	0.42
1:A:318:THR:C	1:A:319:ILE:HG13	2.40	0.42
1:A:37:ILE:CG1	1:A:38:ILE:N	2.82	0.42
1:A:128:THR:HG22	1:A:129:LEU:H	1.83	0.42
1:A:175:GLU:OE2	1:A:319:ILE:HG12	2.20	0.42
1:A:77:ARG:O	1:A:206:LEU:HD13	2.19	0.42
1:A:77:ARG:HD2	1:A:178:PHE:CE1	2.55	0.42
1:A:79:PRO:O	1:A:85:LEU:HD23	2.19	0.42
1:A:197:ARG:HA	1:A:197:ARG:HD2	1.75	0.41
1:A:77:ARG:CG	1:A:208:ASN:HD22	2.33	0.41
1:A:345:LEU:N	1:A:345:LEU:CD2	2.64	0.41
1:A:352:VAL:O	1:A:353:HIS:C	2.56	0.41
1:A:334:PHE:CZ	2:C:7:DT:C2'	2.90	0.41
1:A:117:PHE:CD2	1:A:117:PHE:O	2.73	0.41
1:A:106:VAL:CG2	1:A:247:TYR:HB3	2.49	0.41
1:A:142:ASN:ND2	1:A:143:ILE:CG2	2.76	0.41
1:A:154:GLU:C	1:A:163:VAL:HG22	2.41	0.41
1:A:153:LYS:HA	1:A:165:SER:HA	2.01	0.41
1:A:47:THR:O	1:A:48:TYR:CG	2.73	0.41
1:A:53:VAL:CG1	1:A:162:VAL:HG13	2.50	0.41
1:A:95:LEU:O	1:A:97:PRO:HD2	2.21	0.41
1:A:45:PHE:CB	1:A:206:LEU:HD21	2.48	0.41
1:A:244:ILE:CG2	1:A:245:VAL:H	2.27	0.41
1:A:50:LEU:HD22	1:A:153:LYS:HZ1	1.85	0.41
1:A:82:ARG:HH11	1:A:82:ARG:CB	2.32	0.41
1:A:88:ASN:HA	1:A:89:PRO:HD2	1.65	0.41
1:A:167:ASP:HB3	1:A:169:LEU:HG	2.03	0.41
1:A:147:GLY:CA	1:A:212:LEU:HD23	2.50	0.41
1:A:345:LEU:HD23	1:A:345:LEU:C	2.40	0.41
1:A:330:HIS:CE1	1:A:395:PHE:CZ	3.08	0.41
1:A:143:ILE:CD1	1:A:144:LYS:N	2.84	0.41
1:A:197:ARG:HA	1:A:202:ILE:HG22	2.03	0.41
1:A:291:ALA:CB	1:A:300:LEU:HB2	2.45	0.41
1:A:73:THR:CG2	1:A:75:LEU:HB2	2.51	0.41
1:A:168:GLU:OE2	1:A:208:ASN:HA	2.21	0.40
1:A:26:PRO:O	1:A:28:PRO:CD	2.62	0.40
1:A:114:ARG:CA	1:A:365:ASN:O	2.66	0.40
1:A:329:LEU:O	1:A:397:GLY:O	2.39	0.40

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:308:LYS:NZ	1:A:331:ALA:HB2	2.33	0.40
1:A:53:VAL:O	1:A:71:VAL:HA	2.20	0.40
1:A:96:PRO:HG2	1:A:257:LYS:HD3	2.03	0.40
1:A:330:HIS:O	1:A:331:ALA:C	2.58	0.40
1:A:247:TYR:HH	1:A:339:PRO:HG2	1.80	0.40
1:A:396:ASN:CG	1:A:397:GLY:H	2.24	0.40
1:A:104:CYS:HA	1:A:373:GLN:O	2.22	0.40
1:A:184:GLU:HA	1:A:197:ARG:HB2	2.02	0.40
1:A:198:HIS:CG	1:A:199:GLN:H	2.40	0.40
1:A:226:GLU:OE1	1:A:226:GLU:N	2.55	0.40
1:A:415:THR:C	1:A:416:HIS:ND1	2.75	0.40
1:A:46:LEU:N	1:A:46:LEU:HD23	2.37	0.40

There are no symmetry-related clashes.

5.3 Torsion angles [i](#)

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

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

Mol	Chain	Analysed	Favoured	Allowed	Outliers	Percentiles	
1	A	369/428 (86%)	254 (69%)	89 (24%)	26 (7%)	1	12

All (26) Ramachandran outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	26	PRO
1	A	95	LEU
1	A	159	GLU
1	A	28	PRO
1	A	182	VAL
1	A	232	VAL
1	A	339	PRO
1	A	343	PRO
1	A	240	PRO

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	351	PRO
1	A	37	ILE
1	A	256	ILE
1	A	298	ASN
1	A	89	PRO
1	A	205	PRO
1	A	261	PRO
1	A	141	LEU
1	A	96	PRO
1	A	268	PRO
1	A	279	CYS
1	A	335	PRO
1	A	32	PRO
1	A	323	ILE
1	A	196	PRO
1	A	347	ILE
1	A	61	VAL

5.3.2 Protein sidechains ⓘ

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

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

Mol	Chain	Analysed	Rotameric	Outliers	Percentiles
1	A	327/364 (90%)	258 (79%)	69 (21%)	1 5

All (69) residues with a non-rotameric sidechain are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	23	ILE
1	A	27	ARG
1	A	34	ASN
1	A	35	ASN
1	A	38	ILE
1	A	46	LEU
1	A	54	VAL
1	A	57	ILE
1	A	58	THR

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	59	ARG
1	A	65	THR
1	A	77	ARG
1	A	78	LEU
1	A	80	VAL
1	A	82	ARG
1	A	85	LEU
1	A	86	TYR
1	A	88	ASN
1	A	94	GLN
1	A	111	PHE
1	A	112	THR
1	A	115	ILE
1	A	130	ASN
1	A	136	LEU
1	A	141	LEU
1	A	143	ILE
1	A	149	ASP
1	A	164	SER
1	A	183	LYS
1	A	197	ARG
1	A	208	ASN
1	A	226	GLU
1	A	231	HIS
1	A	235	ILE
1	A	236	ARG
1	A	243	GLU
1	A	256	ILE
1	A	276	THR
1	A	279	CYS
1	A	289	ARG
1	A	308	LYS
1	A	312	VAL
1	A	314	ASN
1	A	317	TRP
1	A	319	ILE
1	A	329	LEU
1	A	336	SER
1	A	342	GLN
1	A	344	SER
1	A	345	LEU
1	A	350	LYS

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	355	LEU
1	A	357	THR
1	A	359	ASN
1	A	360	LEU
1	A	362	ASP
1	A	366	ASN
1	A	369	PHE
1	A	383	LYS
1	A	385	ARG
1	A	387	GLN
1	A	388	TYR
1	A	391	ILE
1	A	392	ARG
1	A	393	PRO
1	A	394	LEU
1	A	403	ASP
1	A	407	TYR
1	A	416	HIS

Some sidechains can be flipped to improve hydrogen bonding and reduce clashes. All (14) such sidechains are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	34	ASN
1	A	35	ASN
1	A	94	GLN
1	A	130	ASN
1	A	137	HIS
1	A	198	HIS
1	A	208	ASN
1	A	231	HIS
1	A	233	ASN
1	A	252	GLN
1	A	274	ASN
1	A	314	ASN
1	A	327	GLN
1	A	399	ASN

5.3.3 RNA ⓘ

There are no RNA molecules in this entry.

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

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

5.5 Carbohydrates [i](#)

There are no carbohydrates in this entry.

5.6 Ligand geometry [i](#)

There are no ligands in this entry.

5.7 Other polymers [i](#)

There are no such residues in this entry.

5.8 Polymer linkage issues [i](#)

There are no chain breaks in this entry.

6 Fit of model and data [i](#)

6.1 Protein, DNA and RNA chains [i](#)

In the following table, the column labelled ‘#RSRZ> 2’ contains the number (and percentage) of RSRZ outliers, followed by percent RSRZ outliers for the chain as percentile scores relative to all X-ray entries and entries of similar resolution. The OWAB column contains the minimum, median, 95th percentile and maximum values of the occupancy-weighted average B-factor per residue. The column labelled ‘Q< 0.9’ lists the number of (and percentage) of residues with an average occupancy less than 0.9.

Mol	Chain	Analysed	<RSRZ>	#RSRZ>2	OWAB(Å ²)	Q<0.9
1	A	379/428 (88%)	-0.49	2 (0%) 91 88	20, 55, 86, 97	0
2	C	3/3 (100%)	0.02	0 100 100	65, 65, 82, 91	0
All	All	382/431 (88%)	-0.49	2 (0%) 91 88	20, 55, 86, 97	0

All (2) RSRZ outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	RSRZ
1	A	220	ALA	2.3
1	A	221	ASP	2.0

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

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

6.3 Carbohydrates [i](#)

There are no carbohydrates in this entry.

6.4 Ligands [i](#)

There are no ligands in this entry.

6.5 Other polymers [i](#)

There are no such residues in this entry.