



Full wwPDB NMR Structure Validation Report ⓘ

Jun 7, 2022 – 12:03 PM EDT

PDB ID : 1EY1
Title : SOLUTION STRUCTURE OF ESCHERICHIA COLI NUSB
Authors : Altieri, A.S.; Mazzulla, M.J.; Horita, D.A.; Coats, R.H.; Wingfield, P.T.; Byrd, R.A.
Deposited on : 2000-05-05

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:

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 : 2.28.1
Ideal geometry (proteins) : Engh & Huber (2001)
Ideal geometry (DNA, RNA) : Parkinson et al. (1996)
Validation Pipeline (wwPDB-VP) : 2.28.1

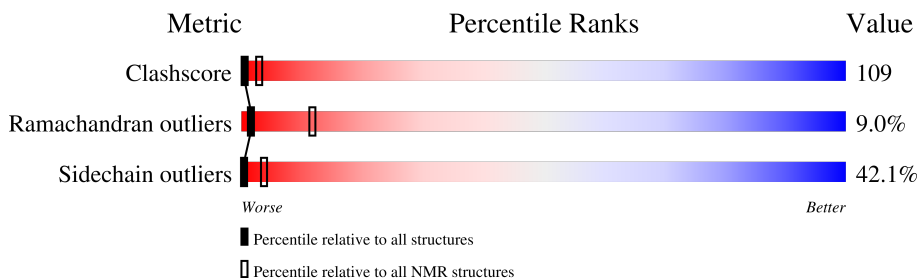
1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:

SOLUTION NMR

The overall completeness of chemical shifts assignment was not calculated.

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



Metric	Whole archive (#Entries)	NMR archive (#Entries)
Clashscore	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	139	

2 Ensemble composition and analysis

This entry contains 15 models. Model 12 is the overall representative, medoid model (most similar to other models).

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:8-A:36, A:45-A:135 (120)	0.48	12

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 1 clusters. No single-model clusters were found.

Cluster number	Models
1	1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15

3 Entry composition

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 2236 atoms, of which 1130 are hydrogens and 0 are deuteriums.

- Molecule 1 is a protein called ANTITERMINATION FACTOR NUSB.

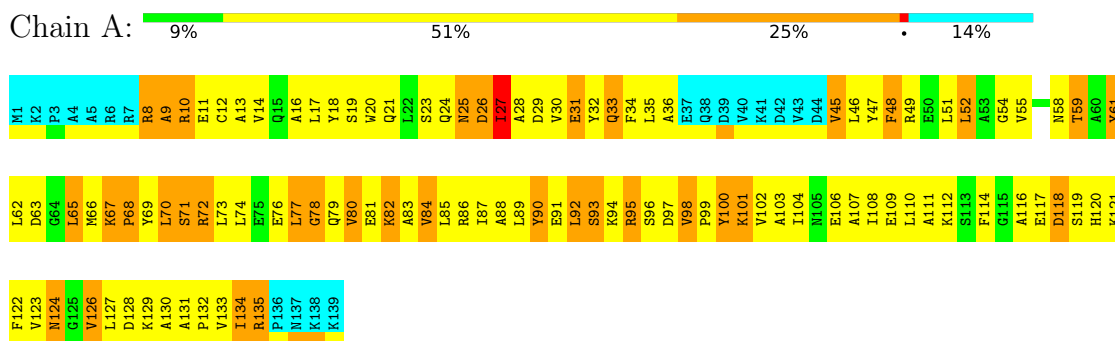
Mol	Chain	Residues	Atoms					Trace	
			Total	C	H	N	O		S
1	A	139	2236	705	1130	191	207	3	0

4 Residue-property plots [i](#)

4.1 Average score per residue in the NMR ensemble

These plots are provided for all protein, RNA, DNA and oligosaccharide 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: ANTITERMINATION FACTOR NUSB

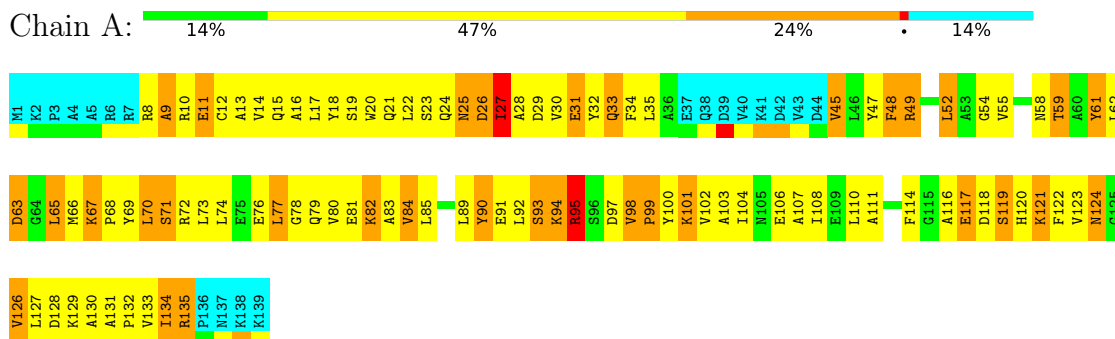


4.2 Scores per residue for each member of the ensemble

Colouring as in section 4.1 above.

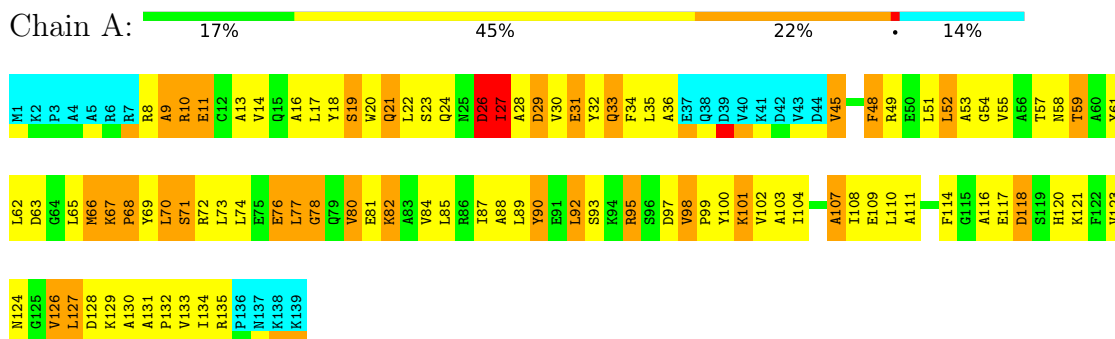
4.2.1 Score per residue for model 1

- Molecule 1: ANTITERMINATION FACTOR NUSB



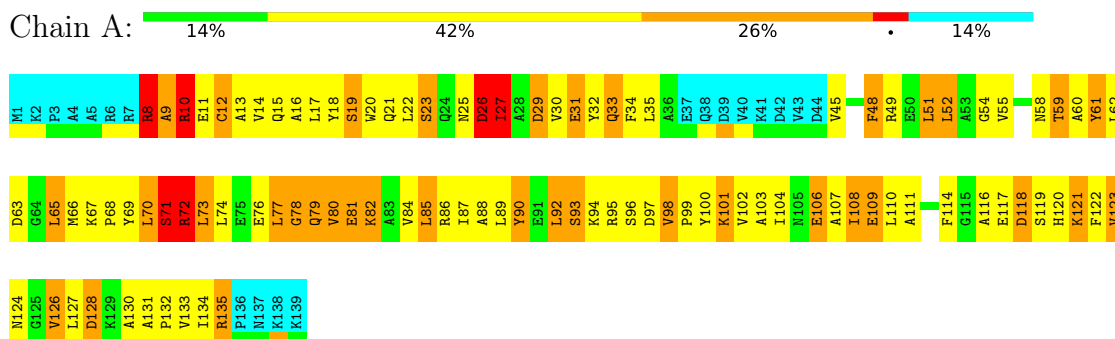
4.2.2 Score per residue for model 2

- Molecule 1: ANTITERMINATION FACTOR NUSB



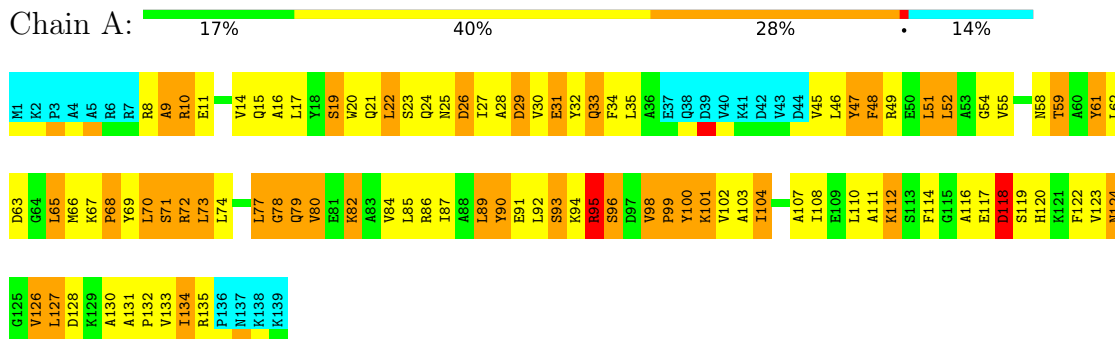
4.2.3 Score per residue for model 3

- Molecule 1: ANTITERMINATION FACTOR NUSB



4.2.4 Score per residue for model 4

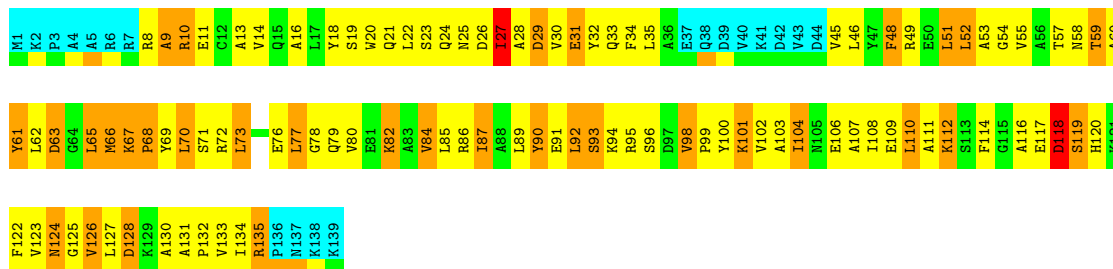
- Molecule 1: ANTITERMINATION FACTOR NUSB



4.2.8 Score per residue for model 8

- Molecule 1: ANTITERMINATION FACTOR NUSB

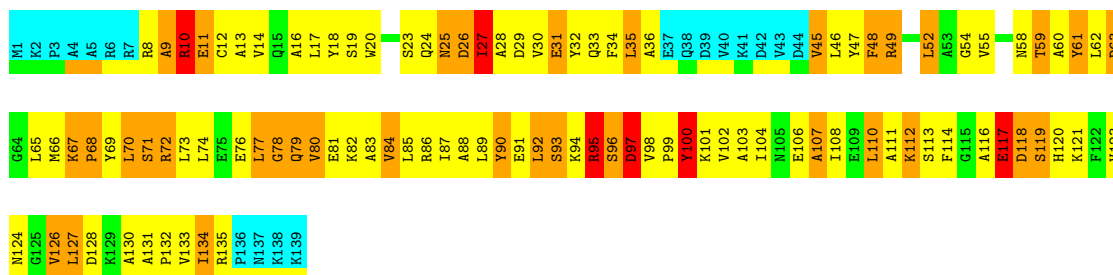
Chain A:  14% 47% 24% 14%



4.2.9 Score per residue for model 9

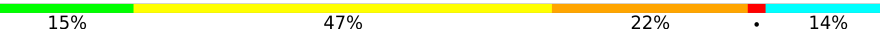
- Molecule 1: ANTITERMINATION FACTOR NUSB

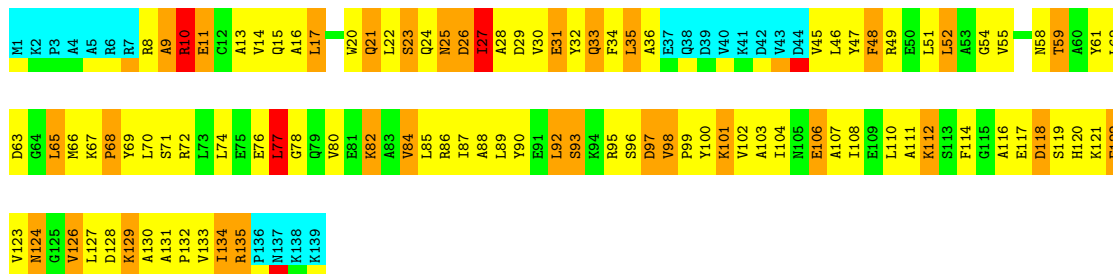
Chain A:  12% 45% 25% 14%



4.2.10 Score per residue for model 10

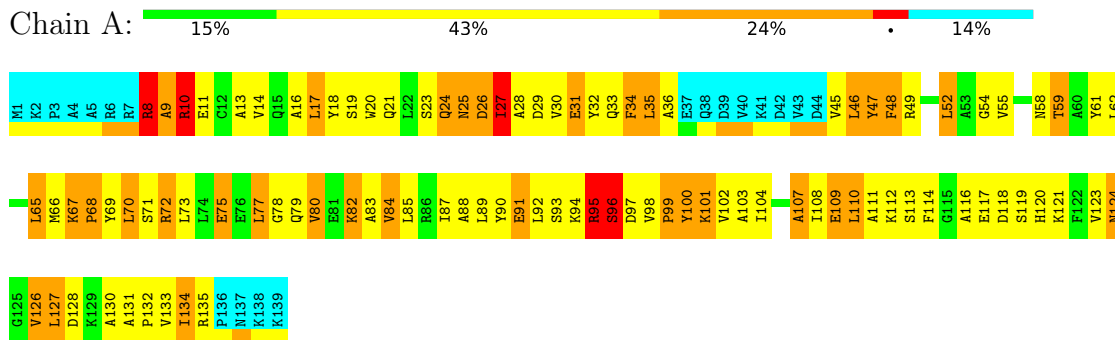
- Molecule 1: ANTITERMINATION FACTOR NUSB

Chain A:  15% 47% 22% 14%



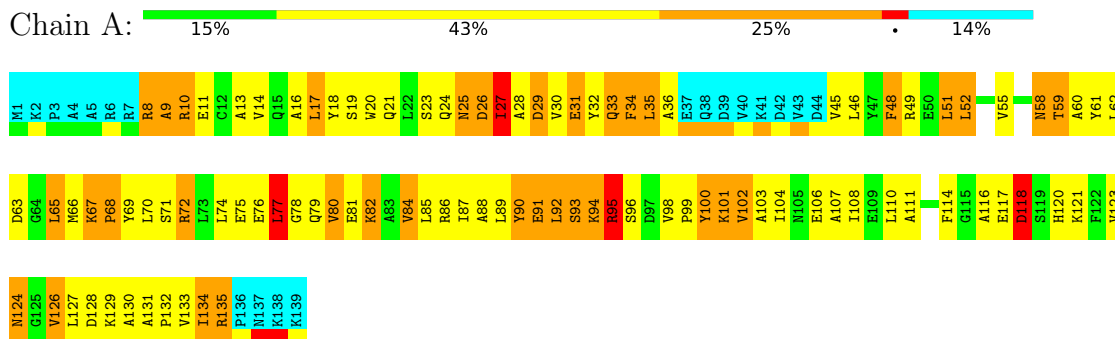
4.2.11 Score per residue for model 11

- Molecule 1: ANTITERMINATION FACTOR NUSB



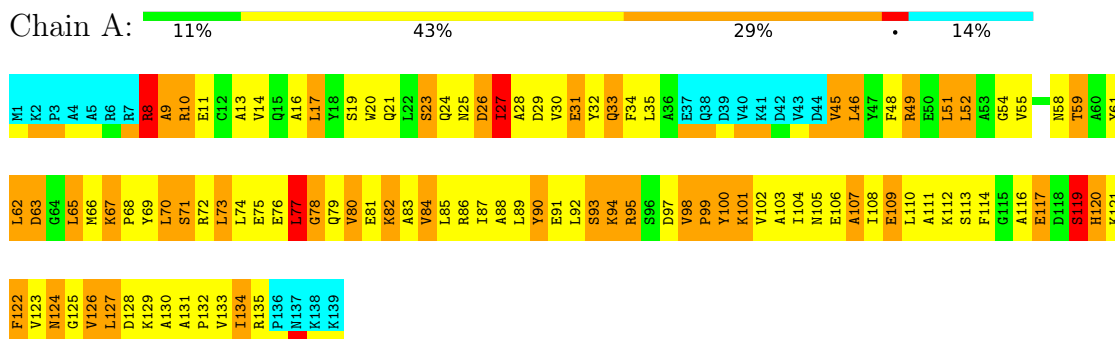
4.2.12 Score per residue for model 12 (medoid)

- Molecule 1: ANTITERMINATION FACTOR NUSB



4.2.13 Score per residue for model 13

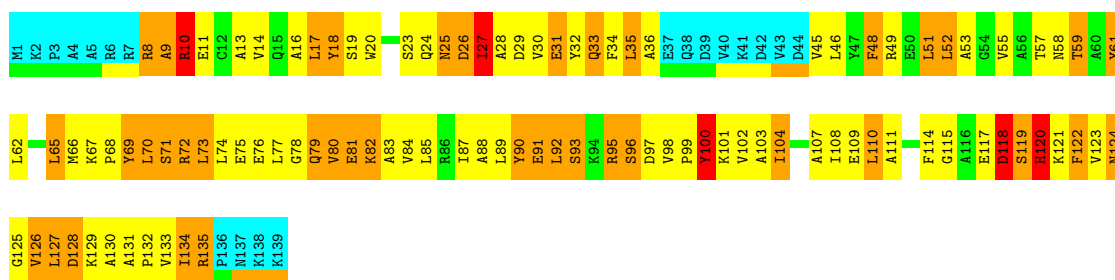
- Molecule 1: ANTITERMINATION FACTOR NUSB



4.2.14 Score per residue for model 14

- Molecule 1: ANTITERMINATION FACTOR NUSB

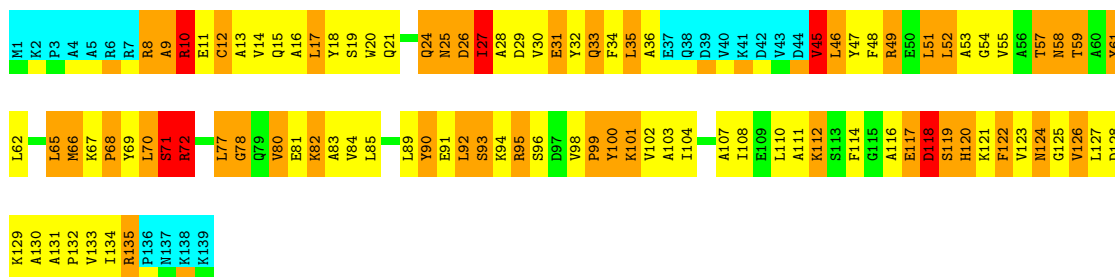




4.2.15 Score per residue for model 15

- Molecule 1: ANTITERMINATION FACTOR NUSB

Chain A: 15% 37% 29% 14%



5 Refinement protocol and experimental data overview

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

Of the 40 calculated structures, 15 were deposited, based on the following criterion: *structures with the lowest energy*.

The authors did not provide any information on software used for structure solution, optimization or refinement.

No chemical shift data was provided.

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	951	967	966	210±12
All	All	14265	14505	14490	3143

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 109.

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

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:98:VAL:HG22	1:A:102:VAL:HG11	1.05	1.28	4	10
1:A:65:LEU:HD21	1:A:134:ILE:HD12	1.02	1.31	1	7
1:A:65:LEU:CD1	1:A:89:LEU:HD22	1.01	1.85	2	3
1:A:120:HIS:O	1:A:123:VAL:HG12	0.99	1.58	10	7
1:A:77:LEU:HD22	1:A:78:GLY:N	0.99	1.72	9	1
1:A:65:LEU:HD11	1:A:134:ILE:HD12	0.99	1.31	11	3
1:A:111:ALA:HB3	1:A:123:VAL:HG11	0.98	1.34	5	6
1:A:11:GLU:O	1:A:14:VAL:HG22	0.97	1.60	11	11
1:A:111:ALA:CB	1:A:123:VAL:HG11	0.96	1.89	7	14
1:A:85:LEU:HD21	1:A:123:VAL:HG22	0.96	1.38	2	6
1:A:65:LEU:HD13	1:A:130:ALA:O	0.95	1.61	12	8
1:A:62:LEU:HD21	1:A:90:TYR:CD1	0.95	1.96	2	2
1:A:16:ALA:HB3	1:A:31:GLU:OE1	0.94	1.62	1	5
1:A:16:ALA:HB1	1:A:31:GLU:HA	0.94	1.38	3	10

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:32:TYR:OH	1:A:52:LEU:HD23	0.93	1.61	2	5
1:A:65:LEU:HD11	1:A:89:LEU:HD22	0.93	1.36	2	1
1:A:17:LEU:HD13	1:A:83:ALA:HB1	0.92	1.39	11	5
1:A:17:LEU:HD12	1:A:31:GLU:OE2	0.92	1.64	15	1
1:A:11:GLU:O	1:A:14:VAL:HG12	0.92	1.63	4	4
1:A:85:LEU:HD22	1:A:126:VAL:CG2	0.91	1.95	2	11
1:A:85:LEU:HD11	1:A:123:VAL:HG23	0.91	1.41	9	7
1:A:77:LEU:HD13	1:A:77:LEU:O	0.91	1.64	9	1
1:A:89:LEU:O	1:A:134:ILE:HD13	0.89	1.65	11	3
1:A:65:LEU:HD13	1:A:134:ILE:CD1	0.89	1.96	8	5
1:A:111:ALA:HB1	1:A:123:VAL:HG11	0.89	1.45	7	7
1:A:14:VAL:HG21	1:A:84:VAL:HG23	0.89	1.43	15	12
1:A:65:LEU:HD12	1:A:130:ALA:HB1	0.88	1.44	15	3
1:A:74:LEU:HD23	1:A:82:LYS:NZ	0.88	1.82	3	3
1:A:120:HIS:O	1:A:123:VAL:HG22	0.88	1.67	15	7
1:A:65:LEU:HB3	1:A:89:LEU:HD22	0.87	1.42	7	5
1:A:65:LEU:CD1	1:A:134:ILE:HD12	0.87	1.99	11	3
1:A:85:LEU:HD21	1:A:123:VAL:CG2	0.87	2.00	12	3
1:A:65:LEU:HD22	1:A:134:ILE:CD1	0.86	2.01	9	5
1:A:98:VAL:CG2	1:A:102:VAL:HG11	0.85	2.01	4	5
1:A:65:LEU:CB	1:A:89:LEU:HD22	0.85	2.00	5	4
1:A:67:LYS:O	1:A:70:LEU:HD21	0.85	1.71	14	5
1:A:55:VAL:HG12	1:A:59:THR:HG23	0.85	1.46	11	10
1:A:65:LEU:CG	1:A:134:ILE:HD12	0.84	2.02	13	6
1:A:53:ALA:O	1:A:57:THR:HG23	0.84	1.71	14	5
1:A:65:LEU:CD2	1:A:134:ILE:HD12	0.84	2.02	1	8
1:A:65:LEU:HD11	1:A:134:ILE:HB	0.83	1.50	12	5
1:A:20:TRP:CE2	1:A:27:ILE:HD13	0.83	2.09	15	8
1:A:9:ALA:HB1	1:A:48:PHE:CD2	0.83	2.07	13	15
1:A:65:LEU:HB2	1:A:89:LEU:HD13	0.82	1.51	3	8
1:A:66:MET:HB2	1:A:89:LEU:HD11	0.82	1.49	6	5
1:A:27:ILE:HG23	1:A:52:LEU:HD12	0.81	1.50	2	2
1:A:65:LEU:HD11	1:A:134:ILE:CD1	0.81	2.05	11	2
1:A:85:LEU:HD11	1:A:123:VAL:CG2	0.81	2.04	5	5
1:A:51:LEU:HD21	1:A:94:LYS:HG3	0.81	1.52	4	2
1:A:65:LEU:HB3	1:A:130:ALA:HB1	0.80	1.54	3	5
1:A:65:LEU:HG	1:A:89:LEU:HD13	0.80	1.53	6	4
1:A:108:ILE:HG22	1:A:112:LYS:HE2	0.80	1.51	10	2
1:A:110:LEU:HD22	1:A:114:PHE:CE2	0.80	2.12	8	2
1:A:73:LEU:HD23	1:A:76:GLU:HB2	0.79	1.55	13	5
1:A:104:ILE:HD11	1:A:131:ALA:HB2	0.79	1.55	11	9

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:70:LEU:N	1:A:70:LEU:HD22	0.79	1.93	14	4
1:A:46:LEU:HD23	1:A:49:ARG:NH2	0.78	1.94	14	1
1:A:77:LEU:O	1:A:77:LEU:HD23	0.78	1.77	14	1
1:A:65:LEU:HD22	1:A:133:VAL:HG12	0.78	1.54	11	1
1:A:65:LEU:CB	1:A:89:LEU:HD13	0.78	2.08	13	1
1:A:55:VAL:HG13	1:A:62:LEU:HD12	0.78	1.52	14	7
1:A:85:LEU:HD13	1:A:126:VAL:HG21	0.78	1.56	1	2
1:A:98:VAL:HG13	1:A:102:VAL:CG1	0.77	2.08	15	8
1:A:62:LEU:HD13	1:A:62:LEU:O	0.77	1.78	13	1
1:A:16:ALA:HB1	1:A:31:GLU:CA	0.77	2.09	3	5
1:A:111:ALA:HB3	1:A:123:VAL:HG21	0.76	1.57	1	3
1:A:111:ALA:HB2	1:A:123:VAL:HG11	0.76	1.55	9	5
1:A:9:ALA:HB1	1:A:48:PHE:CE2	0.76	2.14	13	8
1:A:14:VAL:HG13	1:A:87:ILE:HD13	0.76	1.56	6	7
1:A:110:LEU:N	1:A:110:LEU:HD23	0.76	1.96	8	8
1:A:98:VAL:HG13	1:A:102:VAL:HG12	0.76	1.56	15	2
1:A:55:VAL:HG13	1:A:62:LEU:CD1	0.76	2.10	14	2
1:A:85:LEU:HD22	1:A:126:VAL:HG21	0.75	1.57	15	12
1:A:98:VAL:HG13	1:A:102:VAL:CG2	0.75	2.11	6	2
1:A:65:LEU:HD21	1:A:134:ILE:HD13	0.75	1.57	3	1
1:A:14:VAL:CG1	1:A:87:ILE:HD13	0.74	2.12	6	9
1:A:73:LEU:H	1:A:73:LEU:HD22	0.74	1.42	6	5
1:A:70:LEU:HD13	1:A:74:LEU:CD2	0.74	2.12	2	1
1:A:55:VAL:O	1:A:59:THR:HG23	0.74	1.82	2	7
1:A:92:LEU:CD2	1:A:131:ALA:HB1	0.74	2.12	5	6
1:A:32:TYR:CE2	1:A:52:LEU:HD23	0.74	2.18	5	10
1:A:65:LEU:HD12	1:A:89:LEU:HA	0.73	1.58	3	2
1:A:66:MET:HG2	1:A:89:LEU:HD11	0.73	1.58	13	3
1:A:70:LEU:HD22	1:A:70:LEU:N	0.73	1.98	1	1
1:A:32:TYR:CE1	1:A:48:PHE:CD2	0.72	2.77	15	2
1:A:109:GLU:HG3	1:A:110:LEU:HD23	0.72	1.61	3	1
1:A:45:VAL:HG12	1:A:48:PHE:CB	0.72	2.14	15	5
1:A:65:LEU:HD21	1:A:89:LEU:HB3	0.72	1.60	8	2
1:A:104:ILE:HA	1:A:127:LEU:HD13	0.71	1.59	2	8
1:A:73:LEU:HD22	1:A:73:LEU:N	0.71	2.00	6	5
1:A:67:LYS:HA	1:A:70:LEU:HD21	0.71	1.62	5	7
1:A:20:TRP:CD2	1:A:27:ILE:HD13	0.71	2.19	15	11
1:A:65:LEU:HD11	1:A:89:LEU:HB3	0.71	1.62	15	4
1:A:108:ILE:HG22	1:A:112:LYS:HE3	0.71	1.63	6	1
1:A:16:ALA:HB2	1:A:31:GLU:HA	0.71	1.63	4	5
1:A:65:LEU:HD12	1:A:89:LEU:CA	0.70	2.16	3	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:27:ILE:CA	1:A:30:VAL:HG12	0.70	2.17	5	15
1:A:131:ALA:HB3	1:A:132:PRO:CD	0.70	2.16	11	11
1:A:85:LEU:HD21	1:A:123:VAL:HB	0.70	1.60	13	3
1:A:131:ALA:HB3	1:A:132:PRO:HD3	0.70	1.62	11	11
1:A:66:MET:HE1	1:A:69:TYR:CE2	0.70	2.21	9	1
1:A:65:LEU:HG	1:A:134:ILE:HD12	0.70	1.64	13	4
1:A:35:LEU:HD13	1:A:45:VAL:HG11	0.70	1.61	1	2
1:A:66:MET:CB	1:A:89:LEU:HD11	0.70	2.17	6	3
1:A:65:LEU:HD13	1:A:134:ILE:HD13	0.69	1.63	6	4
1:A:65:LEU:O	1:A:130:ALA:HB2	0.69	1.87	6	5
1:A:21:GLN:OE1	1:A:22:LEU:HD23	0.69	1.86	2	2
1:A:32:TYR:CZ	1:A:52:LEU:HD23	0.69	2.23	8	5
1:A:104:ILE:HD11	1:A:131:ALA:CB	0.69	2.18	10	10
1:A:26:ASP:O	1:A:27:ILE:HG22	0.68	1.88	13	13
1:A:22:LEU:HD23	1:A:22:LEU:N	0.68	2.03	4	1
1:A:26:ASP:C	1:A:27:ILE:HG22	0.68	2.09	5	9
1:A:70:LEU:HD13	1:A:74:LEU:CG	0.68	2.19	2	1
1:A:98:VAL:HG22	1:A:102:VAL:HG21	0.68	1.65	6	2
1:A:77:LEU:HD23	1:A:77:LEU:C	0.68	2.10	14	1
1:A:45:VAL:HG12	1:A:48:PHE:HB2	0.67	1.66	5	4
1:A:70:LEU:HD13	1:A:74:LEU:HG	0.67	1.66	2	1
1:A:48:PHE:CE1	1:A:51:LEU:HD12	0.67	2.25	5	2
1:A:65:LEU:HD11	1:A:89:LEU:CB	0.67	2.20	9	5
1:A:14:VAL:HG11	1:A:84:VAL:HA	0.67	1.64	8	5
1:A:20:TRP:CZ2	1:A:27:ILE:HD13	0.67	2.25	5	7
1:A:111:ALA:HB2	1:A:123:VAL:HG21	0.67	1.67	5	3
1:A:46:LEU:HD12	1:A:46:LEU:O	0.67	1.90	13	1
1:A:14:VAL:HG13	1:A:87:ILE:HD12	0.66	1.66	8	1
1:A:77:LEU:HD21	1:A:122:PHE:CZ	0.66	2.25	4	1
1:A:65:LEU:HD22	1:A:134:ILE:HD11	0.66	1.65	15	5
1:A:98:VAL:HG12	1:A:102:VAL:HG11	0.66	1.68	7	1
1:A:98:VAL:HG22	1:A:102:VAL:CG2	0.66	2.21	6	1
1:A:99:PRO:HG2	1:A:102:VAL:HG13	0.66	1.67	5	1
1:A:77:LEU:HD13	1:A:77:LEU:C	0.66	2.10	9	1
1:A:11:GLU:HG2	1:A:110:LEU:HD11	0.65	1.66	7	1
1:A:14:VAL:HG21	1:A:84:VAL:CG2	0.65	2.22	14	7
1:A:98:VAL:CG1	1:A:102:VAL:HG11	0.65	2.21	7	3
1:A:65:LEU:HD23	1:A:65:LEU:N	0.65	2.05	5	7
1:A:77:LEU:HD22	1:A:77:LEU:C	0.65	2.11	9	1
1:A:98:VAL:HG22	1:A:102:VAL:CG1	0.64	2.16	4	2
1:A:65:LEU:HD22	1:A:134:ILE:HD12	0.64	1.70	9	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:72:ARG:C	1:A:73:LEU:HD12	0.64	2.13	1	1
1:A:48:PHE:CD1	1:A:51:LEU:CD1	0.64	2.80	2	2
1:A:32:TYR:CD2	1:A:49:ARG:HA	0.64	2.27	1	10
1:A:90:TYR:CE1	1:A:94:LYS:CE	0.64	2.81	3	7
1:A:100:TYR:CD1	1:A:101:LYS:N	0.64	2.65	5	7
1:A:111:ALA:O	1:A:116:ALA:HB3	0.64	1.91	13	1
1:A:11:GLU:CB	1:A:114:PHE:CE2	0.64	2.81	6	8
1:A:11:GLU:CB	1:A:114:PHE:CZ	0.64	2.81	11	10
1:A:31:GLU:OE2	1:A:52:LEU:HD21	0.64	1.92	10	3
1:A:91:GLU:OE2	1:A:103:ALA:HB2	0.64	1.92	11	1
1:A:48:PHE:CD1	1:A:51:LEU:HD12	0.64	2.27	2	4
1:A:48:PHE:CE1	1:A:51:LEU:CD1	0.64	2.80	3	4
1:A:16:ALA:HB3	1:A:31:GLU:CD	0.64	2.14	5	3
1:A:120:HIS:CD2	1:A:121:LYS:N	0.63	2.66	15	5
1:A:73:LEU:HD13	1:A:76:GLU:CB	0.63	2.24	5	1
1:A:20:TRP:CZ2	1:A:27:ILE:CG1	0.63	2.81	5	8
1:A:129:LYS:O	1:A:133:VAL:HG23	0.63	1.93	12	3
1:A:67:LYS:N	1:A:68:PRO:CD	0.63	2.61	5	1
1:A:74:LEU:HD13	1:A:82:LYS:HZ2	0.63	1.53	2	1
1:A:111:ALA:CB	1:A:123:VAL:HG21	0.63	2.23	15	4
1:A:99:PRO:O	1:A:102:VAL:HG12	0.63	1.94	4	1
1:A:65:LEU:HD11	1:A:89:LEU:CD2	0.62	2.18	2	1
1:A:100:TYR:CG	1:A:101:LYS:N	0.62	2.67	12	8
1:A:98:VAL:CG1	1:A:102:VAL:HG12	0.62	2.23	12	1
1:A:66:MET:CE	1:A:69:TYR:CE2	0.62	2.81	9	3
1:A:13:ALA:HB3	1:A:87:ILE:HD11	0.62	1.71	8	1
1:A:72:ARG:HG3	1:A:73:LEU:HD12	0.62	1.71	5	1
1:A:32:TYR:O	1:A:35:LEU:CD2	0.62	2.48	12	5
1:A:70:LEU:N	1:A:70:LEU:CD2	0.62	2.62	13	5
1:A:108:ILE:HG22	1:A:112:LYS:CE	0.62	2.25	6	2
1:A:92:LEU:HD11	1:A:127:LEU:CD2	0.62	2.24	13	1
1:A:69:TYR:HE2	1:A:130:ALA:HB2	0.61	1.53	5	1
1:A:73:LEU:HD23	1:A:76:GLU:CB	0.61	2.25	8	4
1:A:65:LEU:HD12	1:A:89:LEU:CB	0.61	2.25	3	1
1:A:120:HIS:CG	1:A:121:LYS:N	0.61	2.67	15	4
1:A:72:ARG:C	1:A:73:LEU:HD13	0.61	2.14	14	4
1:A:32:TYR:CE2	1:A:48:PHE:O	0.61	2.54	13	8
1:A:93:SER:N	1:A:134:ILE:HG21	0.61	2.10	4	15
1:A:100:TYR:CD1	1:A:100:TYR:C	0.61	2.74	14	9
1:A:65:LEU:CD1	1:A:130:ALA:HB1	0.61	2.25	6	3
1:A:18:TYR:CD1	1:A:79:GLN:NE2	0.61	2.69	9	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:16:ALA:HB2	1:A:34:PHE:HB3	0.61	1.72	11	3
1:A:30:VAL:HG13	1:A:31:GLU:N	0.61	2.11	3	15
1:A:65:LEU:HD12	1:A:130:ALA:O	0.61	1.96	8	3
1:A:74:LEU:HD13	1:A:82:LYS:NZ	0.61	2.11	2	2
1:A:98:VAL:CG2	1:A:102:VAL:HG21	0.61	2.25	5	3
1:A:14:VAL:HG12	1:A:87:ILE:HG12	0.61	1.73	10	1
1:A:32:TYR:CZ	1:A:48:PHE:O	0.61	2.54	12	11
1:A:62:LEU:O	1:A:89:LEU:HD13	0.61	1.96	11	6
1:A:27:ILE:HD11	1:A:52:LEU:CD1	0.61	2.26	3	2
1:A:32:TYR:O	1:A:35:LEU:HD22	0.60	1.96	14	5
1:A:14:VAL:HG12	1:A:87:ILE:CG2	0.60	2.27	6	1
1:A:74:LEU:HD23	1:A:82:LYS:HE3	0.60	1.73	7	1
1:A:32:TYR:CD2	1:A:48:PHE:O	0.60	2.55	15	1
1:A:69:TYR:O	1:A:69:TYR:CD1	0.60	2.55	13	5
1:A:31:GLU:CB	1:A:52:LEU:CD1	0.60	2.80	11	5
1:A:127:LEU:O	1:A:131:ALA:HB2	0.60	1.97	6	10
1:A:16:ALA:HB3	1:A:31:GLU:HB2	0.60	1.72	2	5
1:A:55:VAL:HG12	1:A:59:THR:CG2	0.60	2.25	11	2
1:A:46:LEU:HD12	1:A:46:LEU:C	0.60	2.17	15	3
1:A:98:VAL:CG1	1:A:102:VAL:CG1	0.59	2.80	11	4
1:A:35:LEU:HD23	1:A:36:ALA:N	0.59	2.12	14	5
1:A:14:VAL:CG1	1:A:87:ILE:CD1	0.59	2.80	3	10
1:A:32:TYR:CE1	1:A:49:ARG:HA	0.59	2.31	4	5
1:A:69:TYR:C	1:A:70:LEU:HD22	0.59	2.17	3	5
1:A:84:VAL:CG1	1:A:110:LEU:CB	0.59	2.80	14	12
1:A:69:TYR:O	1:A:69:TYR:CG	0.59	2.55	7	7
1:A:27:ILE:CG1	1:A:52:LEU:CD1	0.59	2.81	4	1
1:A:35:LEU:CD2	1:A:36:ALA:N	0.59	2.66	10	5
1:A:65:LEU:CD1	1:A:134:ILE:CD1	0.59	2.80	2	3
1:A:81:GLU:OE2	1:A:111:ALA:HB1	0.59	1.96	9	2
1:A:27:ILE:CD1	1:A:52:LEU:CD1	0.59	2.81	3	2
1:A:98:VAL:HG13	1:A:102:VAL:HG22	0.59	1.72	6	2
1:A:16:ALA:CB	1:A:31:GLU:O	0.59	2.50	15	9
1:A:65:LEU:CD1	1:A:92:LEU:CD1	0.59	2.81	7	5
1:A:92:LEU:CD2	1:A:131:ALA:CB	0.59	2.81	5	4
1:A:65:LEU:HD11	1:A:89:LEU:CA	0.59	2.28	9	3
1:A:69:TYR:CG	1:A:69:TYR:O	0.59	2.56	1	1
1:A:62:LEU:HD13	1:A:86:ARG:HG3	0.59	1.75	12	2
1:A:14:VAL:CG2	1:A:84:VAL:HG23	0.58	2.24	15	7
1:A:32:TYR:CE2	1:A:48:PHE:C	0.58	2.77	8	5
1:A:108:ILE:HG23	1:A:120:HIS:CD2	0.58	2.33	15	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:62:LEU:O	1:A:65:LEU:HD23	0.58	1.98	8	1
1:A:9:ALA:CB	1:A:48:PHE:CD2	0.58	2.86	15	3
1:A:65:LEU:CD2	1:A:134:ILE:CD1	0.58	2.80	9	4
1:A:69:TYR:CD2	1:A:69:TYR:O	0.58	2.57	8	6
1:A:99:PRO:O	1:A:100:TYR:CD2	0.58	2.55	14	1
1:A:26:ASP:O	1:A:27:ILE:CG2	0.58	2.51	13	12
1:A:34:PHE:CD1	1:A:34:PHE:C	0.58	2.76	12	8
1:A:34:PHE:C	1:A:34:PHE:CD1	0.58	2.77	10	3
1:A:110:LEU:HD23	1:A:110:LEU:N	0.58	2.13	1	3
1:A:128:ASP:O	1:A:132:PRO:CD	0.58	2.52	3	15
1:A:71:SER:CB	1:A:77:LEU:CD1	0.58	2.81	3	1
1:A:110:LEU:HD22	1:A:114:PHE:CD2	0.58	2.33	9	2
1:A:107:ALA:HB3	1:A:124:ASN:HA	0.58	1.75	8	11
1:A:70:LEU:HD13	1:A:74:LEU:HD21	0.58	1.76	2	1
1:A:84:VAL:CG2	1:A:110:LEU:CB	0.58	2.81	11	3
1:A:104:ILE:HD11	1:A:127:LEU:O	0.58	1.99	15	4
1:A:11:GLU:HB3	1:A:110:LEU:HD11	0.58	1.74	2	1
1:A:65:LEU:HD13	1:A:134:ILE:HD12	0.58	1.76	2	3
1:A:89:LEU:N	1:A:89:LEU:HD13	0.58	2.14	4	1
1:A:73:LEU:HD13	1:A:76:GLU:HB2	0.58	1.75	5	1
1:A:58:ASN:ND2	1:A:61:TYR:CD2	0.58	2.72	12	1
1:A:65:LEU:HB3	1:A:133:VAL:HG11	0.58	1.76	2	4
1:A:98:VAL:CG2	1:A:102:VAL:CG2	0.58	2.81	14	1
1:A:92:LEU:HD21	1:A:131:ALA:HB1	0.58	1.75	8	4
1:A:65:LEU:HD22	1:A:133:VAL:CG1	0.57	2.27	11	8
1:A:66:MET:SD	1:A:69:TYR:CE2	0.57	2.97	15	7
1:A:26:ASP:O	1:A:27:ILE:CB	0.57	2.52	8	13
1:A:28:ALA:O	1:A:32:TYR:CD1	0.57	2.57	4	3
1:A:86:ARG:HA	1:A:89:LEU:HD22	0.57	1.75	4	1
1:A:110:LEU:N	1:A:110:LEU:CD2	0.57	2.67	9	5
1:A:108:ILE:HG23	1:A:120:HIS:HD2	0.57	1.59	15	1
1:A:11:GLU:OE1	1:A:114:PHE:CE1	0.57	2.57	3	4
1:A:104:ILE:CD1	1:A:104:ILE:N	0.57	2.68	7	5
1:A:13:ALA:O	1:A:31:GLU:OE1	0.57	2.23	5	5
1:A:16:ALA:CB	1:A:31:GLU:HA	0.57	2.29	15	10
1:A:65:LEU:HD21	1:A:134:ILE:CD1	0.57	2.21	1	4
1:A:70:LEU:HD22	1:A:74:LEU:HD21	0.57	1.75	2	1
1:A:65:LEU:HD12	1:A:89:LEU:HB3	0.57	1.77	3	1
1:A:77:LEU:HD21	1:A:122:PHE:HZ	0.57	1.58	4	1
1:A:17:LEU:CD1	1:A:83:ALA:HB1	0.57	2.29	1	3
1:A:18:TYR:CE1	1:A:79:GLN:OE1	0.57	2.58	3	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:104:ILE:CG2	1:A:124:ASN:ND2	0.57	2.67	9	4
1:A:72:ARG:HB2	1:A:73:LEU:HD13	0.57	1.77	6	1
1:A:65:LEU:CD2	1:A:134:ILE:HD11	0.57	2.30	2	3
1:A:104:ILE:CD1	1:A:131:ALA:CB	0.57	2.82	2	1
1:A:20:TRP:CZ2	1:A:27:ILE:CD1	0.57	2.88	5	3
1:A:10:ARG:N	1:A:48:PHE:CE2	0.56	2.73	4	4
1:A:84:VAL:HG13	1:A:110:LEU:CB	0.56	2.30	6	9
1:A:11:GLU:HB3	1:A:114:PHE:CE2	0.56	2.36	13	11
1:A:73:LEU:HD13	1:A:76:GLU:HG3	0.56	1.75	2	2
1:A:90:TYR:CE1	1:A:94:LYS:HE2	0.56	2.35	4	6
1:A:27:ILE:CG2	1:A:28:ALA:N	0.56	2.68	2	3
1:A:89:LEU:O	1:A:92:LEU:HD12	0.56	2.01	5	8
1:A:11:GLU:HB2	1:A:114:PHE:CZ	0.56	2.36	11	8
1:A:15:GLN:NE2	1:A:34:PHE:CE1	0.56	2.73	3	1
1:A:71:SER:CB	1:A:77:LEU:HD11	0.56	2.30	3	1
1:A:90:TYR:CE1	1:A:94:LYS:HE3	0.56	2.36	6	9
1:A:69:TYR:O	1:A:69:TYR:CD2	0.56	2.58	4	1
1:A:47:TYR:CZ	1:A:48:PHE:CD1	0.56	2.93	7	1
1:A:103:ALA:O	1:A:127:LEU:CD1	0.56	2.54	13	14
1:A:66:MET:SD	1:A:69:TYR:CZ	0.56	2.98	8	6
1:A:66:MET:O	1:A:70:LEU:HD23	0.56	2.01	4	1
1:A:123:VAL:O	1:A:126:VAL:HG13	0.56	2.00	13	5
1:A:18:TYR:CE2	1:A:79:GLN:OE1	0.56	2.58	14	1
1:A:72:ARG:CB	1:A:73:LEU:HD12	0.56	2.30	7	2
1:A:27:ILE:HD11	1:A:52:LEU:HD13	0.56	1.78	7	1
1:A:11:GLU:OE1	1:A:114:PHE:CZ	0.56	2.58	3	4
1:A:89:LEU:HD22	1:A:130:ALA:HB1	0.56	1.76	7	2
1:A:110:LEU:HD22	1:A:114:PHE:CD1	0.56	2.36	7	3
1:A:104:ILE:CD1	1:A:131:ALA:HB2	0.56	2.29	13	5
1:A:11:GLU:HB2	1:A:114:PHE:CE2	0.55	2.35	6	8
1:A:8:ARG:O	1:A:10:ARG:N	0.55	2.39	13	9
1:A:120:HIS:CD2	1:A:123:VAL:CG1	0.55	2.89	13	1
1:A:73:LEU:N	1:A:73:LEU:HD13	0.55	2.17	13	4
1:A:74:LEU:HD23	1:A:82:LYS:HZ1	0.55	1.56	3	1
1:A:92:LEU:HD21	1:A:131:ALA:CB	0.55	2.31	5	3
1:A:84:VAL:CG1	1:A:85:LEU:N	0.55	2.69	5	6
1:A:27:ILE:HA	1:A:30:VAL:CG1	0.55	2.31	3	15
1:A:31:GLU:HG2	1:A:52:LEU:CG	0.55	2.31	7	6
1:A:65:LEU:CD2	1:A:65:LEU:N	0.55	2.70	1	4
1:A:11:GLU:HB3	1:A:114:PHE:CZ	0.55	2.37	10	11
1:A:65:LEU:CD2	1:A:89:LEU:HD13	0.55	2.31	2	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:100:TYR:CD1	1:A:131:ALA:CB	0.55	2.90	14	1
1:A:31:GLU:HB3	1:A:52:LEU:CD1	0.55	2.32	15	9
1:A:32:TYR:CE2	1:A:52:LEU:HG	0.55	2.37	9	5
1:A:127:LEU:O	1:A:131:ALA:N	0.55	2.40	13	9
1:A:34:PHE:O	1:A:34:PHE:CD1	0.55	2.60	2	2
1:A:95:ARG:O	1:A:96:SER:CB	0.55	2.55	6	2
1:A:20:TRP:CE2	1:A:27:ILE:HB	0.55	2.37	3	15
1:A:66:MET:CG	1:A:89:LEU:HD11	0.55	2.32	7	5
1:A:127:LEU:O	1:A:131:ALA:CB	0.55	2.55	12	15
1:A:131:ALA:N	1:A:132:PRO:CD	0.55	2.70	7	4
1:A:62:LEU:HD22	1:A:89:LEU:HB2	0.55	1.77	12	3
1:A:12:CYS:HB3	1:A:35:LEU:HD21	0.55	1.78	5	2
1:A:95:ARG:NH2	1:A:135:ARG:NH1	0.55	2.55	11	2
1:A:74:LEU:HD22	1:A:82:LYS:HE3	0.55	1.78	5	1
1:A:87:ILE:HD11	1:A:110:LEU:CD1	0.55	2.32	13	2
1:A:120:HIS:ND1	1:A:121:LYS:N	0.55	2.55	11	1
1:A:17:LEU:HB3	1:A:83:ALA:HB1	0.54	1.78	1	2
1:A:72:ARG:HB2	1:A:73:LEU:HD12	0.54	1.76	11	2
1:A:11:GLU:OE1	1:A:110:LEU:HD22	0.54	2.02	11	1
1:A:65:LEU:HD12	1:A:89:LEU:HD22	0.54	1.80	11	2
1:A:17:LEU:HD22	1:A:83:ALA:HB1	0.54	1.79	15	1
1:A:8:ARG:O	1:A:9:ALA:C	0.54	2.46	9	15
1:A:13:ALA:HA	1:A:31:GLU:OE1	0.54	2.01	7	5
1:A:20:TRP:CZ2	1:A:27:ILE:HG21	0.54	2.37	3	1
1:A:95:ARG:NH2	1:A:135:ARG:CZ	0.54	2.71	3	1
1:A:31:GLU:CB	1:A:52:LEU:HD11	0.54	2.32	10	6
1:A:9:ALA:CB	1:A:48:PHE:CE2	0.54	2.89	13	9
1:A:20:TRP:CZ2	1:A:27:ILE:HG12	0.54	2.37	5	7
1:A:32:TYR:CE2	1:A:52:LEU:CD2	0.54	2.91	5	8
1:A:84:VAL:HG11	1:A:110:LEU:CB	0.54	2.31	10	9
1:A:107:ALA:HB1	1:A:123:VAL:HG23	0.54	1.79	3	4
1:A:117:GLU:O	1:A:120:HIS:CD2	0.54	2.61	4	1
1:A:65:LEU:O	1:A:130:ALA:CB	0.54	2.56	9	6
1:A:21:GLN:NE2	1:A:79:GLN:NE2	0.54	2.56	7	1
1:A:84:VAL:HG12	1:A:85:LEU:N	0.53	2.18	1	11
1:A:31:GLU:HG3	1:A:32:TYR:CD1	0.53	2.38	4	5
1:A:108:ILE:CG1	1:A:124:ASN:CB	0.53	2.86	10	5
1:A:17:LEU:CB	1:A:31:GLU:OE1	0.53	2.57	12	3
1:A:73:LEU:O	1:A:77:LEU:N	0.53	2.41	14	1
1:A:11:GLU:OE1	1:A:11:GLU:CA	0.53	2.57	1	1
1:A:131:ALA:CB	1:A:132:PRO:CD	0.53	2.85	11	9

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:104:ILE:N	1:A:104:ILE:CD1	0.53	2.71	4	2
1:A:79:GLN:O	1:A:83:ALA:CB	0.53	2.56	7	1
1:A:10:ARG:O	1:A:87:ILE:CD1	0.53	2.57	8	1
1:A:62:LEU:HD13	1:A:86:ARG:O	0.53	2.03	8	1
1:A:108:ILE:O	1:A:112:LYS:CG	0.53	2.57	9	3
1:A:116:ALA:CB	1:A:120:HIS:CD2	0.53	2.92	13	1
1:A:126:VAL:CG2	1:A:127:LEU:N	0.53	2.71	4	15
1:A:20:TRP:CD2	1:A:27:ILE:HG12	0.53	2.39	2	4
1:A:61:TYR:C	1:A:61:TYR:CD1	0.53	2.81	4	1
1:A:29:ASP:O	1:A:33:GLN:CG	0.53	2.57	11	2
1:A:14:VAL:HG11	1:A:84:VAL:CG2	0.53	2.33	15	1
1:A:61:TYR:OH	1:A:134:ILE:CG1	0.53	2.57	4	10
1:A:71:SER:O	1:A:72:ARG:CB	0.53	2.57	7	4
1:A:25:ASN:O	1:A:27:ILE:N	0.53	2.42	3	2
1:A:92:LEU:HD22	1:A:131:ALA:HB1	0.53	1.80	5	2
1:A:9:ALA:HB2	1:A:45:VAL:HG11	0.53	1.80	15	1
1:A:65:LEU:CG	1:A:89:LEU:HD13	0.53	2.34	2	1
1:A:78:GLY:O	1:A:82:LYS:CB	0.53	2.57	5	6
1:A:95:ARG:O	1:A:95:ARG:CD	0.53	2.57	13	4
1:A:94:LYS:O	1:A:95:ARG:CD	0.53	2.57	12	1
1:A:119:SER:O	1:A:120:HIS:CG	0.53	2.61	14	2
1:A:67:LYS:O	1:A:70:LEU:CD2	0.53	2.57	5	3
1:A:62:LEU:O	1:A:89:LEU:CD1	0.53	2.57	11	4
1:A:128:ASP:O	1:A:132:PRO:CG	0.53	2.56	5	5
1:A:27:ILE:HG13	1:A:52:LEU:CD1	0.53	2.32	4	4
1:A:32:TYR:OH	1:A:52:LEU:CD2	0.53	2.55	4	4
1:A:71:SER:O	1:A:72:ARG:CD	0.53	2.57	6	2
1:A:20:TRP:NE1	1:A:26:ASP:O	0.53	2.42	13	3
1:A:91:GLU:O	1:A:95:ARG:CB	0.53	2.57	11	3
1:A:17:LEU:CA	1:A:31:GLU:OE1	0.53	2.57	15	5
1:A:21:GLN:OE1	1:A:22:LEU:CD2	0.53	2.57	1	1
1:A:66:MET:CE	1:A:69:TYR:OH	0.53	2.57	7	3
1:A:54:GLY:O	1:A:58:ASN:N	0.53	2.42	8	11
1:A:66:MET:O	1:A:69:TYR:N	0.53	2.42	13	5
1:A:54:GLY:O	1:A:58:ASN:CB	0.53	2.57	3	5
1:A:82:LYS:O	1:A:82:LYS:CE	0.53	2.57	8	1
1:A:93:SER:OG	1:A:94:LYS:CE	0.53	2.57	9	2
1:A:85:LEU:O	1:A:89:LEU:CD2	0.53	2.57	12	2
1:A:12:CYS:HB3	1:A:35:LEU:HD12	0.53	1.81	15	1
1:A:13:ALA:CA	1:A:31:GLU:OE1	0.52	2.57	7	5
1:A:65:LEU:CD1	1:A:130:ALA:O	0.52	2.57	2	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:99:PRO:O	1:A:135:ARG:CZ	0.52	2.57	5	1
1:A:122:PHE:CD1	1:A:122:PHE:C	0.52	2.82	7	4
1:A:79:GLN:NE2	1:A:79:GLN:HA	0.52	2.18	7	1
1:A:20:TRP:O	1:A:24:GLN:N	0.52	2.42	2	14
1:A:18:TYR:CZ	1:A:22:LEU:HD11	0.52	2.39	3	2
1:A:69:TYR:C	1:A:70:LEU:HD23	0.52	2.25	6	4
1:A:81:GLU:CG	1:A:115:GLY:O	0.52	2.57	14	1
1:A:31:GLU:HG3	1:A:32:TYR:N	0.52	2.19	5	10
1:A:90:TYR:CZ	1:A:94:LYS:HE3	0.52	2.39	3	5
1:A:92:LEU:O	1:A:95:ARG:CG	0.52	2.57	3	2
1:A:98:VAL:CG1	1:A:102:VAL:CG2	0.52	2.87	5	2
1:A:58:ASN:OD1	1:A:61:TYR:CB	0.52	2.58	3	1
1:A:35:LEU:CD2	1:A:35:LEU:C	0.52	2.78	10	5
1:A:19:SER:O	1:A:23:SER:CB	0.52	2.58	6	11
1:A:27:ILE:HG23	1:A:28:ALA:H	0.52	1.65	15	9
1:A:30:VAL:CG1	1:A:31:GLU:N	0.52	2.72	12	15
1:A:18:TYR:HB2	1:A:80:VAL:HG13	0.52	1.82	14	2
1:A:119:SER:O	1:A:120:HIS:CB	0.52	2.58	14	1
1:A:16:ALA:CB	1:A:31:GLU:HB2	0.52	2.35	4	5
1:A:67:LYS:O	1:A:69:TYR:N	0.52	2.43	2	7
1:A:91:GLU:O	1:A:95:ARG:CG	0.52	2.58	12	2
1:A:81:GLU:OE1	1:A:116:ALA:N	0.52	2.43	13	1
1:A:27:ILE:HA	1:A:30:VAL:HG12	0.52	1.81	3	12
1:A:94:LYS:O	1:A:96:SER:N	0.52	2.42	11	2
1:A:99:PRO:O	1:A:100:TYR:CB	0.52	2.58	14	1
1:A:32:TYR:CE1	1:A:48:PHE:CE2	0.52	2.98	15	1
1:A:9:ALA:O	1:A:13:ALA:N	0.52	2.42	9	9
1:A:20:TRP:CG	1:A:27:ILE:HB	0.52	2.40	4	3
1:A:84:VAL:CG2	1:A:110:LEU:HB3	0.52	2.35	11	15
1:A:67:LYS:N	1:A:68:PRO:HD3	0.52	2.20	5	1
1:A:69:TYR:O	1:A:71:SER:N	0.52	2.43	5	1
1:A:117:GLU:O	1:A:119:SER:N	0.51	2.43	9	3
1:A:131:ALA:N	1:A:132:PRO:HD2	0.51	2.20	13	10
1:A:32:TYR:CZ	1:A:49:ARG:HA	0.51	2.40	2	3
1:A:11:GLU:OE1	1:A:11:GLU:N	0.51	2.43	1	1
1:A:20:TRP:CD2	1:A:27:ILE:HB	0.51	2.41	4	4
1:A:62:LEU:HB3	1:A:89:LEU:HD12	0.51	1.82	2	1
1:A:84:VAL:CG1	1:A:110:LEU:HB3	0.51	2.36	12	10
1:A:83:ALA:O	1:A:87:ILE:CD1	0.51	2.58	5	1
1:A:21:GLN:NE2	1:A:79:GLN:OE1	0.51	2.43	7	1
1:A:35:LEU:HD23	1:A:35:LEU:C	0.51	2.25	14	5

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:80:VAL:O	1:A:84:VAL:N	0.51	2.41	7	6
1:A:77:LEU:HD23	1:A:78:GLY:N	0.51	2.21	8	1
1:A:27:ILE:HD12	1:A:27:ILE:C	0.51	2.26	12	8
1:A:32:TYR:CE2	1:A:52:LEU:CG	0.51	2.93	7	9
1:A:32:TYR:CD1	1:A:49:ARG:HA	0.51	2.40	4	5
1:A:65:LEU:N	1:A:65:LEU:CD2	0.51	2.74	5	1
1:A:59:THR:O	1:A:63:ASP:N	0.51	2.44	13	1
1:A:67:LYS:N	1:A:68:PRO:HD2	0.51	2.21	6	14
1:A:32:TYR:HB2	1:A:49:ARG:CD	0.51	2.36	3	11
1:A:23:SER:OG	1:A:25:ASN:ND2	0.51	2.44	3	1
1:A:65:LEU:CB	1:A:133:VAL:HG11	0.51	2.35	8	1
1:A:14:VAL:CB	1:A:84:VAL:HG23	0.51	2.36	1	2
1:A:98:VAL:HG11	1:A:102:VAL:CG1	0.51	2.35	11	1
1:A:70:LEU:O	1:A:72:ARG:N	0.51	2.44	9	4
1:A:104:ILE:CG2	1:A:124:ASN:OD1	0.51	2.58	6	1
1:A:29:ASP:OD1	1:A:30:VAL:N	0.51	2.43	14	1
1:A:66:MET:SD	1:A:70:LEU:CD2	0.51	2.98	8	3
1:A:69:TYR:CE2	1:A:126:VAL:HB	0.51	2.41	9	8
1:A:20:TRP:CE3	1:A:27:ILE:HD13	0.51	2.40	4	2
1:A:91:GLU:O	1:A:95:ARG:N	0.51	2.43	11	2
1:A:16:ALA:HB2	1:A:34:PHE:CB	0.51	2.35	10	5
1:A:108:ILE:CG1	1:A:124:ASN:HB2	0.51	2.35	4	7
1:A:63:ASP:O	1:A:67:LYS:N	0.51	2.42	10	3
1:A:100:TYR:O	1:A:104:ILE:HD13	0.51	2.06	11	2
1:A:119:SER:O	1:A:120:HIS:ND1	0.51	2.43	15	1
1:A:32:TYR:CG	1:A:49:ARG:HA	0.51	2.41	7	6
1:A:20:TRP:CG	1:A:27:ILE:HG12	0.51	2.41	2	1
1:A:120:HIS:CD2	1:A:120:HIS:C	0.51	2.84	15	1
1:A:30:VAL:O	1:A:33:GLN:CG	0.50	2.59	1	4
1:A:84:VAL:CG1	1:A:110:LEU:HB2	0.50	2.36	6	15
1:A:18:TYR:CE1	1:A:22:LEU:HD11	0.50	2.41	8	2
1:A:69:TYR:CZ	1:A:126:VAL:HB	0.50	2.42	9	10
1:A:66:MET:CB	1:A:89:LEU:CD1	0.50	2.88	6	2
1:A:69:TYR:CD2	1:A:126:VAL:HB	0.50	2.42	4	7
1:A:28:ALA:O	1:A:32:TYR:CE1	0.50	2.64	6	3
1:A:17:LEU:CD1	1:A:87:ILE:CG1	0.50	2.89	5	1
1:A:61:TYR:CE1	1:A:134:ILE:HG13	0.50	2.41	14	2
1:A:65:LEU:HB2	1:A:89:LEU:HD22	0.50	1.81	5	1
1:A:11:GLU:CG	1:A:110:LEU:HD21	0.50	2.37	7	1
1:A:66:MET:HA	1:A:69:TYR:CE2	0.50	2.41	13	4
1:A:74:LEU:CD2	1:A:82:LYS:NZ	0.50	2.67	3	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:72:ARG:CB	1:A:73:LEU:HD13	0.50	2.37	13	3
1:A:31:GLU:CG	1:A:52:LEU:HG	0.50	2.37	5	4
1:A:95:ARG:NE	1:A:98:VAL:O	0.50	2.43	9	1
1:A:96:SER:O	1:A:97:ASP:CB	0.50	2.58	11	1
1:A:17:LEU:HD22	1:A:83:ALA:CB	0.50	2.37	15	1
1:A:32:TYR:CD1	1:A:48:PHE:HB3	0.50	2.41	1	7
1:A:111:ALA:CB	1:A:123:VAL:CG1	0.50	2.81	9	2
1:A:97:ASP:OD1	1:A:97:ASP:N	0.50	2.44	9	1
1:A:117:GLU:OE1	1:A:118:ASP:N	0.50	2.44	9	1
1:A:71:SER:HB2	1:A:77:LEU:HD12	0.50	1.83	14	1
1:A:119:SER:C	1:A:120:HIS:CG	0.50	2.81	14	1
1:A:20:TRP:CE3	1:A:27:ILE:HG12	0.50	2.42	3	4
1:A:55:VAL:O	1:A:59:THR:CG2	0.50	2.57	2	2
1:A:104:ILE:CA	1:A:127:LEU:HD13	0.50	2.35	2	1
1:A:82:LYS:C	1:A:82:LYS:CD	0.50	2.80	5	1
1:A:65:LEU:HD11	1:A:89:LEU:HA	0.50	1.82	9	2
1:A:10:ARG:O	1:A:87:ILE:HD13	0.50	2.06	8	1
1:A:111:ALA:HB1	1:A:120:HIS:HB3	0.50	1.84	13	1
1:A:31:GLU:HG3	1:A:32:TYR:CD2	0.50	2.41	9	4
1:A:27:ILE:CG1	1:A:52:LEU:HD12	0.50	2.37	4	1
1:A:13:ALA:HB3	1:A:87:ILE:CD1	0.50	2.37	8	1
1:A:65:LEU:HB3	1:A:89:LEU:HD13	0.50	1.82	13	1
1:A:20:TRP:CZ2	1:A:27:ILE:HB	0.50	2.41	15	6
1:A:65:LEU:HD12	1:A:130:ALA:C	0.50	2.27	2	1
1:A:66:MET:HA	1:A:69:TYR:CE1	0.50	2.41	10	8
1:A:66:MET:HA	1:A:69:TYR:CZ	0.50	2.41	5	1
1:A:29:ASP:O	1:A:33:GLN:CB	0.50	2.60	11	2
1:A:65:LEU:CD2	1:A:133:VAL:HG12	0.50	2.36	7	1
1:A:112:LYS:HE2	1:A:120:HIS:CE1	0.49	2.42	4	1
1:A:17:LEU:HD13	1:A:83:ALA:CB	0.49	2.25	11	1
1:A:69:TYR:CE1	1:A:126:VAL:HB	0.49	2.42	10	10
1:A:70:LEU:HD23	1:A:70:LEU:N	0.49	2.22	6	1
1:A:79:GLN:CD	1:A:79:GLN:N	0.49	2.65	7	1
1:A:19:SER:O	1:A:23:SER:N	0.49	2.42	6	12
1:A:108:ILE:HG12	1:A:124:ASN:CB	0.49	2.37	4	4
1:A:123:VAL:O	1:A:126:VAL:HG22	0.49	2.07	6	14
1:A:104:ILE:N	1:A:104:ILE:HD13	0.49	2.22	2	2
1:A:67:LYS:O	1:A:70:LEU:HD23	0.49	2.07	4	1
1:A:65:LEU:HG	1:A:134:ILE:CD1	0.49	2.37	10	4
1:A:98:VAL:HG21	1:A:102:VAL:HG11	0.49	1.85	11	1
1:A:124:ASN:ND2	1:A:125:GLY:N	0.49	2.60	13	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:16:ALA:HB1	1:A:30:VAL:HG13	0.49	1.84	2	2
1:A:108:ILE:HD13	1:A:121:LYS:HA	0.49	1.84	14	1
1:A:48:PHE:HA	1:A:51:LEU:HD12	0.49	1.82	2	2
1:A:20:TRP:CD1	1:A:27:ILE:HB	0.49	2.42	13	5
1:A:73:LEU:HD13	1:A:76:GLU:CD	0.49	2.27	7	1
1:A:32:TYR:HA	1:A:35:LEU:HD12	0.49	1.83	9	1
1:A:61:TYR:CZ	1:A:134:ILE:CG1	0.49	2.96	11	2
1:A:11:GLU:HG2	1:A:110:LEU:HD21	0.49	1.84	6	2
1:A:123:VAL:CG2	1:A:124:ASN:N	0.49	2.76	13	6
1:A:98:VAL:CG1	1:A:98:VAL:O	0.49	2.61	4	1
1:A:108:ILE:HA	1:A:123:VAL:CG1	0.49	2.38	14	5
1:A:61:TYR:CD1	1:A:61:TYR:C	0.49	2.85	14	5
1:A:16:ALA:CB	1:A:31:GLU:CD	0.49	2.81	5	1
1:A:73:LEU:HD13	1:A:76:GLU:CG	0.49	2.36	5	1
1:A:110:LEU:HA	1:A:114:PHE:CD2	0.49	2.43	8	2
1:A:32:TYR:CB	1:A:49:ARG:HA	0.49	2.37	15	1
1:A:65:LEU:HB3	1:A:133:VAL:CG1	0.49	2.38	8	7
1:A:67:LYS:HA	1:A:70:LEU:CD2	0.49	2.36	5	8
1:A:48:PHE:CE1	1:A:51:LEU:HD13	0.49	2.42	3	1
1:A:80:VAL:HG23	1:A:81:GLU:OE1	0.49	2.07	3	1
1:A:20:TRP:HB2	1:A:27:ILE:HD13	0.49	1.85	6	2
1:A:32:TYR:CD2	1:A:48:PHE:HB3	0.49	2.43	6	2
1:A:73:LEU:HD13	1:A:76:GLU:OE1	0.49	2.08	7	1
1:A:27:ILE:N	1:A:30:VAL:HG12	0.48	2.22	5	3
1:A:65:LEU:HD22	1:A:133:VAL:HB	0.48	1.85	3	3
1:A:32:TYR:CD1	1:A:49:ARG:HG3	0.48	2.43	13	4
1:A:18:TYR:CE2	1:A:22:LEU:HD11	0.48	2.43	3	1
1:A:131:ALA:O	1:A:133:VAL:N	0.48	2.42	3	5
1:A:92:LEU:HD12	1:A:134:ILE:HD13	0.48	1.86	4	1
1:A:84:VAL:O	1:A:87:ILE:CG1	0.48	2.60	9	5
1:A:108:ILE:CG1	1:A:124:ASN:HB3	0.48	2.38	12	3
1:A:124:ASN:OD1	1:A:125:GLY:N	0.48	2.45	5	5
1:A:32:TYR:CE1	1:A:48:PHE:HB3	0.48	2.43	12	5
1:A:11:GLU:OE1	1:A:110:LEU:CD2	0.48	2.60	11	1
1:A:27:ILE:HD12	1:A:52:LEU:HD12	0.48	1.84	1	4
1:A:128:ASP:O	1:A:132:PRO:HD3	0.48	2.09	7	4
1:A:69:TYR:CD1	1:A:126:VAL:HB	0.48	2.43	6	10
1:A:65:LEU:HD23	1:A:65:LEU:H	0.48	1.66	11	3
1:A:26:ASP:C	1:A:27:ILE:CG2	0.48	2.79	5	7
1:A:65:LEU:O	1:A:68:PRO:CD	0.48	2.61	5	1
1:A:10:ARG:CZ	1:A:10:ARG:CB	0.48	2.91	7	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:31:GLU:CG	1:A:32:TYR:N	0.48	2.77	7	10
1:A:65:LEU:CB	1:A:133:VAL:HB	0.48	2.39	6	1
1:A:124:ASN:C	1:A:124:ASN:ND2	0.48	2.67	12	1
1:A:25:ASN:O	1:A:26:ASP:O	0.48	2.32	11	8
1:A:104:ILE:HA	1:A:127:LEU:CD1	0.48	2.38	13	11
1:A:104:ILE:HG22	1:A:124:ASN:OD1	0.48	2.09	6	1
1:A:27:ILE:HD12	1:A:27:ILE:O	0.48	2.09	14	11
1:A:103:ALA:O	1:A:127:LEU:HD13	0.48	2.09	12	6
1:A:69:TYR:CG	1:A:126:VAL:HB	0.48	2.44	4	7
1:A:71:SER:O	1:A:73:LEU:N	0.48	2.43	13	3
1:A:17:LEU:N	1:A:31:GLU:OE1	0.48	2.46	14	1
1:A:11:GLU:HB3	1:A:110:LEU:CD1	0.48	2.39	2	1
1:A:12:CYS:SG	1:A:35:LEU:HD23	0.48	2.48	9	4
1:A:11:GLU:HG3	1:A:114:PHE:CZ	0.48	2.44	2	1
1:A:85:LEU:HD22	1:A:126:VAL:HG22	0.48	1.82	2	1
1:A:87:ILE:HG13	1:A:88:ALA:N	0.48	2.24	3	9
1:A:77:LEU:HD23	1:A:78:GLY:H	0.48	1.68	5	1
1:A:92:LEU:O	1:A:95:ARG:NE	0.47	2.46	1	2
1:A:32:TYR:CB	1:A:49:ARG:HD3	0.47	2.39	11	5
1:A:21:GLN:CD	1:A:79:GLN:NE2	0.47	2.67	1	1
1:A:84:VAL:HG21	1:A:110:LEU:CB	0.47	2.39	11	2
1:A:45:VAL:CG2	1:A:48:PHE:HB2	0.47	2.39	6	1
1:A:89:LEU:CD2	1:A:130:ALA:HB1	0.47	2.38	7	1
1:A:84:VAL:CG2	1:A:110:LEU:HB2	0.47	2.39	11	1
1:A:98:VAL:O	1:A:135:ARG:NH2	0.47	2.44	13	1
1:A:17:LEU:CB	1:A:83:ALA:HB1	0.47	2.39	1	1
1:A:65:LEU:HD12	1:A:92:LEU:CD1	0.47	2.39	10	3
1:A:104:ILE:HD12	1:A:127:LEU:HB3	0.47	1.86	7	4
1:A:111:ALA:HB2	1:A:123:VAL:CG1	0.47	2.35	9	1
1:A:100:TYR:OH	1:A:128:ASP:O	0.47	2.33	6	3
1:A:16:ALA:HB3	1:A:31:GLU:O	0.47	2.10	12	1
1:A:94:LYS:O	1:A:95:ARG:O	0.47	2.32	12	1
1:A:13:ALA:HB2	1:A:32:TYR:CE1	0.47	2.43	15	1
1:A:14:VAL:HG11	1:A:84:VAL:HG23	0.47	1.87	15	2
1:A:32:TYR:HA	1:A:35:LEU:CD1	0.47	2.40	4	6
1:A:55:VAL:HG13	1:A:62:LEU:HD11	0.47	1.85	2	1
1:A:128:ASP:O	1:A:132:PRO:HD2	0.47	2.09	11	5
1:A:116:ALA:O	1:A:117:GLU:O	0.47	2.33	13	1
1:A:108:ILE:HA	1:A:123:VAL:CG2	0.47	2.39	1	2
1:A:95:ARG:HG3	1:A:96:SER:N	0.47	2.24	4	1
1:A:66:MET:HE3	1:A:86:ARG:HA	0.47	1.84	5	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:32:TYR:CE2	1:A:48:PHE:HB3	0.47	2.44	8	2
1:A:65:LEU:HA	1:A:133:VAL:HG21	0.47	1.86	6	1
1:A:85:LEU:CD2	1:A:126:VAL:CG2	0.47	2.92	9	3
1:A:74:LEU:HD23	1:A:82:LYS:HZ3	0.47	1.70	14	1
1:A:77:LEU:C	1:A:77:LEU:CD2	0.47	2.82	14	1
1:A:17:LEU:HA	1:A:27:ILE:HD11	0.47	1.87	2	1
1:A:69:TYR:CZ	1:A:126:VAL:CG2	0.47	2.98	12	2
1:A:32:TYR:CD2	1:A:52:LEU:HG	0.47	2.45	5	1
1:A:66:MET:C	1:A:68:PRO:CD	0.47	2.83	5	1
1:A:73:LEU:CD1	1:A:76:GLU:HB2	0.47	2.39	5	1
1:A:21:GLN:NE2	1:A:79:GLN:CD	0.47	2.67	7	1
1:A:118:ASP:CG	1:A:119:SER:N	0.47	2.67	8	2
1:A:78:GLY:CA	1:A:82:LYS:CB	0.47	2.93	9	1
1:A:33:GLN:HG2	1:A:49:ARG:CZ	0.47	2.39	15	1
1:A:24:GLN:O	1:A:25:ASN:O	0.47	2.33	15	8
1:A:110:LEU:HA	1:A:114:PHE:CD1	0.47	2.45	5	5
1:A:111:ALA:O	1:A:116:ALA:O	0.47	2.32	8	11
1:A:95:ARG:HD2	1:A:135:ARG:NH2	0.47	2.24	1	1
1:A:124:ASN:ND2	1:A:124:ASN:C	0.47	2.68	1	2
1:A:84:VAL:HG13	1:A:110:LEU:HB2	0.47	1.85	6	4
1:A:100:TYR:HB2	1:A:131:ALA:HB1	0.47	1.87	11	1
1:A:89:LEU:N	1:A:89:LEU:CD1	0.47	2.78	4	1
1:A:85:LEU:CD2	1:A:126:VAL:HG21	0.46	2.40	8	4
1:A:10:ARG:CZ	1:A:91:GLU:OE2	0.46	2.62	4	1
1:A:46:LEU:HG	1:A:47:TYR:N	0.46	2.25	4	4
1:A:46:LEU:HD23	1:A:47:TYR:H	0.46	1.69	5	1
1:A:95:ARG:CZ	1:A:135:ARG:NH1	0.46	2.78	11	1
1:A:100:TYR:CE1	1:A:132:PRO:HD3	0.46	2.45	14	1
1:A:66:MET:O	1:A:69:TYR:O	0.46	2.33	7	4
1:A:32:TYR:CB	1:A:49:ARG:CD	0.46	2.94	3	2
1:A:27:ILE:HG12	1:A:52:LEU:CD1	0.46	2.40	4	1
1:A:46:LEU:HD23	1:A:49:ARG:HH21	0.46	1.66	14	1
1:A:61:TYR:OH	1:A:134:ILE:HG12	0.46	2.11	11	8
1:A:66:MET:SD	1:A:66:MET:O	0.46	2.73	15	8
1:A:92:LEU:CD2	1:A:131:ALA:HA	0.46	2.40	15	6
1:A:66:MET:CE	1:A:86:ARG:HA	0.46	2.41	5	1
1:A:54:GLY:O	1:A:58:ASN:ND2	0.46	2.48	11	2
1:A:73:LEU:N	1:A:73:LEU:CD2	0.46	2.72	6	3
1:A:104:ILE:HG13	1:A:128:ASP:N	0.46	2.25	15	5
1:A:98:VAL:O	1:A:98:VAL:CG1	0.46	2.62	13	2
1:A:112:LYS:HG3	1:A:119:SER:CA	0.46	2.41	13	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:51:LEU:HD21	1:A:94:LYS:CD	0.46	2.40	15	1
1:A:20:TRP:NE1	1:A:27:ILE:HB	0.46	2.25	9	11
1:A:65:LEU:HD21	1:A:89:LEU:HD13	0.46	1.88	2	1
1:A:65:LEU:CD2	1:A:133:VAL:HB	0.46	2.39	3	1
1:A:65:LEU:CD2	1:A:133:VAL:CG1	0.46	2.93	7	2
1:A:8:ARG:N	1:A:8:ARG:HD3	0.46	2.25	4	1
1:A:13:ALA:O	1:A:31:GLU:OE2	0.46	2.33	15	2
1:A:98:VAL:HG21	1:A:102:VAL:CG2	0.46	2.39	14	1
1:A:14:VAL:CG1	1:A:84:VAL:HA	0.46	2.41	7	6
1:A:104:ILE:HG23	1:A:127:LEU:HB3	0.46	1.85	2	1
1:A:86:ARG:HA	1:A:89:LEU:CD2	0.46	2.40	4	1
1:A:76:GLU:O	1:A:77:LEU:O	0.46	2.34	13	6
1:A:35:LEU:HD22	1:A:35:LEU:N	0.46	2.26	15	5
1:A:65:LEU:HB2	1:A:130:ALA:HB1	0.46	1.87	11	1
1:A:66:MET:O	1:A:66:MET:SD	0.46	2.74	12	1
1:A:26:ASP:O	1:A:27:ILE:HB	0.46	2.11	8	6
1:A:72:ARG:HB3	1:A:73:LEU:HD13	0.46	1.87	3	1
1:A:99:PRO:O	1:A:135:ARG:NH1	0.46	2.49	5	1
1:A:18:TYR:HB2	1:A:80:VAL:CG1	0.46	2.40	14	4
1:A:20:TRP:O	1:A:24:GLN:CA	0.46	2.64	7	4
1:A:71:SER:HB2	1:A:77:LEU:CD1	0.46	2.41	6	2
1:A:78:GLY:O	1:A:82:LYS:N	0.46	2.43	3	4
1:A:61:TYR:CZ	1:A:134:ILE:HG13	0.46	2.45	11	1
1:A:71:SER:CB	1:A:77:LEU:HG	0.46	2.41	14	1
1:A:106:GLU:OE1	1:A:110:LEU:HD21	0.46	2.10	3	1
1:A:79:GLN:NE2	1:A:79:GLN:CA	0.46	2.78	7	1
1:A:66:MET:HE1	1:A:69:TYR:CZ	0.46	2.46	9	1
1:A:91:GLU:O	1:A:95:ARG:CA	0.46	2.63	11	1
1:A:98:VAL:CG2	1:A:102:VAL:HG22	0.46	2.40	14	1
1:A:28:ALA:HA	1:A:52:LEU:CB	0.46	2.41	7	4
1:A:66:MET:SD	1:A:69:TYR:OH	0.46	2.74	14	5
1:A:62:LEU:CD2	1:A:90:TYR:CD1	0.46	2.87	2	1
1:A:20:TRP:CZ3	1:A:27:ILE:HG12	0.46	2.46	3	1
1:A:60:ALA:O	1:A:63:ASP:OD2	0.46	2.34	8	1
1:A:60:ALA:O	1:A:63:ASP:OD1	0.46	2.33	9	1
1:A:99:PRO:O	1:A:135:ARG:NH2	0.46	2.48	13	1
1:A:31:GLU:CD	1:A:31:GLU:C	0.46	2.74	7	7
1:A:107:ALA:CB	1:A:124:ASN:HA	0.46	2.41	14	12
1:A:65:LEU:O	1:A:68:PRO:HD2	0.46	2.11	5	1
1:A:18:TYR:CD1	1:A:79:GLN:OE1	0.46	2.69	6	1
1:A:29:ASP:O	1:A:33:GLN:HB2	0.46	2.11	7	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:66:MET:SD	1:A:69:TYR:O	0.46	2.74	12	2
1:A:92:LEU:CD1	1:A:131:ALA:HA	0.45	2.41	9	14
1:A:92:LEU:O	1:A:95:ARG:HG2	0.45	2.10	9	2
1:A:69:TYR:O	1:A:70:LEU:C	0.45	2.55	5	1
1:A:104:ILE:CG2	1:A:124:ASN:CG	0.45	2.84	6	1
1:A:57:THR:O	1:A:58:ASN:OD1	0.45	2.34	8	1
1:A:8:ARG:O	1:A:11:GLU:OE1	0.45	2.34	9	1
1:A:66:MET:O	1:A:67:LYS:C	0.45	2.55	13	9
1:A:32:TYR:CE2	1:A:49:ARG:HA	0.45	2.45	3	1
1:A:54:GLY:O	1:A:58:ASN:HB2	0.45	2.11	4	3
1:A:108:ILE:CG1	1:A:124:ASN:OD1	0.45	2.65	3	1
1:A:66:MET:O	1:A:70:LEU:CD2	0.45	2.64	4	1
1:A:101:LYS:C	1:A:101:LYS:CD	0.45	2.84	6	1
1:A:17:LEU:HA	1:A:31:GLU:OE1	0.45	2.11	15	2
1:A:70:LEU:CD2	1:A:74:LEU:HD21	0.45	2.40	2	1
1:A:93:SER:CA	1:A:134:ILE:HG21	0.45	2.42	8	4
1:A:77:LEU:O	1:A:78:GLY:O	0.45	2.34	4	2
1:A:20:TRP:CH2	1:A:27:ILE:HD13	0.45	2.46	5	3
1:A:98:VAL:HB	1:A:102:VAL:CG1	0.45	2.41	7	1
1:A:65:LEU:HB2	1:A:130:ALA:CA	0.45	2.41	11	1
1:A:18:TYR:CD1	1:A:18:TYR:C	0.45	2.89	14	1
1:A:70:LEU:CD1	1:A:74:LEU:HD21	0.45	2.41	2	1
1:A:65:LEU:HD12	1:A:130:ALA:CB	0.45	2.30	15	2
1:A:92:LEU:HD22	1:A:131:ALA:HA	0.45	1.89	11	2
1:A:89:LEU:HD22	1:A:130:ALA:CB	0.45	2.41	13	1
1:A:69:TYR:CE2	1:A:130:ALA:HB2	0.45	2.47	14	2
1:A:95:ARG:N	1:A:95:ARG:HD2	0.45	2.26	5	1
1:A:25:ASN:O	1:A:26:ASP:C	0.45	2.55	7	2
1:A:66:MET:HG3	1:A:70:LEU:CD2	0.45	2.41	12	1
1:A:99:PRO:HD2	1:A:102:VAL:HG11	0.45	1.89	13	1
1:A:27:ILE:CA	1:A:30:VAL:CG1	0.45	2.91	5	3
1:A:128:ASP:O	1:A:132:PRO:HG3	0.45	2.11	2	3
1:A:109:GLU:OE1	1:A:109:GLU:O	0.45	2.34	3	1
1:A:78:GLY:O	1:A:82:LYS:HB3	0.45	2.12	6	2
1:A:100:TYR:CZ	1:A:131:ALA:HB3	0.45	2.46	6	2
1:A:76:GLU:CG	1:A:77:LEU:N	0.45	2.80	7	1
1:A:23:SER:O	1:A:25:ASN:OD1	0.45	2.34	13	1
1:A:112:LYS:HG3	1:A:119:SER:N	0.45	2.25	13	1
1:A:116:ALA:HB1	1:A:120:HIS:CD2	0.45	2.46	13	1
1:A:29:ASP:O	1:A:33:GLN:HB3	0.45	2.11	10	12
1:A:30:VAL:O	1:A:33:GLN:HG3	0.45	2.11	1	9

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:74:LEU:HB3	1:A:82:LYS:NZ	0.45	2.26	1	3
1:A:101:LYS:NZ	1:A:128:ASP:OD1	0.45	2.44	1	1
1:A:32:TYR:OH	1:A:52:LEU:CB	0.45	2.64	4	1
1:A:73:LEU:HD12	1:A:73:LEU:N	0.45	2.26	7	1
1:A:71:SER:O	1:A:73:LEU:HD22	0.45	2.11	8	1
1:A:82:LYS:O	1:A:82:LYS:HE3	0.45	2.12	8	1
1:A:108:ILE:O	1:A:112:LYS:HG2	0.45	2.11	9	3
1:A:9:ALA:HB1	1:A:48:PHE:HD2	0.45	1.68	3	1
1:A:31:GLU:O	1:A:31:GLU:OE1	0.45	2.34	4	1
1:A:31:GLU:HG2	1:A:52:LEU:HD11	0.45	1.88	5	1
1:A:73:LEU:CD2	1:A:76:GLU:HB2	0.45	2.39	6	1
1:A:92:LEU:HD23	1:A:100:TYR:HA	0.45	1.87	8	1
1:A:62:LEU:HD13	1:A:62:LEU:C	0.45	2.31	13	1
1:A:19:SER:O	1:A:23:SER:HB2	0.45	2.12	3	2
1:A:82:LYS:O	1:A:82:LYS:HD3	0.45	2.12	5	2
1:A:31:GLU:C	1:A:31:GLU:CD	0.45	2.74	9	3
1:A:67:LYS:HA	1:A:70:LEU:CG	0.45	2.42	6	3
1:A:13:ALA:HB1	1:A:31:GLU:CG	0.45	2.42	12	1
1:A:65:LEU:CD1	1:A:92:LEU:HD13	0.45	2.41	1	4
1:A:9:ALA:O	1:A:10:ARG:C	0.44	2.56	1	15
1:A:78:GLY:HA3	1:A:81:GLU:CG	0.44	2.43	3	1
1:A:71:SER:O	1:A:72:ARG:HD2	0.44	2.12	6	1
1:A:66:MET:HG2	1:A:89:LEU:CD1	0.44	2.38	13	1
1:A:20:TRP:CE2	1:A:27:ILE:CB	0.44	3.00	3	1
1:A:92:LEU:HB2	1:A:134:ILE:CG2	0.44	2.43	1	3
1:A:99:PRO:HA	1:A:135:ARG:NH2	0.44	2.27	1	1
1:A:121:LYS:HG3	1:A:122:PHE:N	0.44	2.27	15	2
1:A:92:LEU:HD13	1:A:131:ALA:HA	0.44	1.88	14	6
1:A:27:ILE:HG13	1:A:52:LEU:HD12	0.44	1.88	4	1
1:A:65:LEU:CD1	1:A:92:LEU:HD12	0.44	2.41	7	1
1:A:95:ARG:O	1:A:95:ARG:HD2	0.44	2.12	13	2
1:A:81:GLU:HG2	1:A:115:GLY:O	0.44	2.12	14	1
1:A:66:MET:C	1:A:68:PRO:HD2	0.44	2.33	5	1
1:A:65:LEU:CG	1:A:134:ILE:CD1	0.44	2.95	7	1
1:A:79:GLN:O	1:A:83:ALA:N	0.44	2.51	7	1
1:A:101:LYS:O	1:A:105:ASN:OD1	0.44	2.35	13	1
1:A:95:ARG:O	1:A:95:ARG:HD3	0.44	2.12	15	1
1:A:120:HIS:O	1:A:123:VAL:HG13	0.44	2.12	6	4
1:A:14:VAL:CG1	1:A:87:ILE:HG12	0.44	2.41	10	1
1:A:91:GLU:O	1:A:95:ARG:HG3	0.44	2.12	11	2
1:A:92:LEU:HD22	1:A:131:ALA:CA	0.44	2.43	12	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:9:ALA:CB	1:A:45:VAL:HG11	0.44	2.43	15	1
1:A:67:LYS:HB3	1:A:68:PRO:CD	0.44	2.43	4	5
1:A:65:LEU:CG	1:A:89:LEU:HB3	0.44	2.43	3	5
1:A:71:SER:C	1:A:72:ARG:CG	0.44	2.86	6	2
1:A:84:VAL:O	1:A:87:ILE:HG13	0.44	2.13	13	4
1:A:13:ALA:O	1:A:31:GLU:CD	0.44	2.56	14	4
1:A:29:ASP:OD1	1:A:49:ARG:NH1	0.44	2.51	13	1
1:A:98:VAL:O	1:A:98:VAL:HG12	0.44	2.11	13	1
1:A:17:LEU:HD12	1:A:31:GLU:CD	0.44	2.29	15	1
1:A:130:ALA:O	1:A:133:VAL:HG23	0.44	2.12	15	1
1:A:61:TYR:OH	1:A:134:ILE:HG13	0.44	2.13	3	5
1:A:95:ARG:CG	1:A:96:SER:N	0.44	2.80	4	1
1:A:31:GLU:HG2	1:A:52:LEU:HG	0.44	1.90	9	3
1:A:92:LEU:HB2	1:A:134:ILE:HG21	0.44	1.89	1	2
1:A:17:LEU:CG	1:A:31:GLU:OE1	0.44	2.66	15	2
1:A:31:GLU:OE1	1:A:31:GLU:O	0.44	2.36	13	1
1:A:62:LEU:O	1:A:62:LEU:CD1	0.44	2.59	13	1
1:A:71:SER:O	1:A:72:ARG:HB2	0.44	2.13	7	2
1:A:11:GLU:CD	1:A:110:LEU:HD21	0.44	2.33	7	1
1:A:8:ARG:CG	1:A:11:GLU:OE2	0.44	2.66	10	1
1:A:65:LEU:HB2	1:A:130:ALA:CB	0.44	2.43	11	1
1:A:84:VAL:HG22	1:A:110:LEU:CB	0.44	2.42	11	1
1:A:99:PRO:O	1:A:100:TYR:CG	0.44	2.70	14	1
1:A:11:GLU:CG	1:A:114:PHE:CZ	0.44	3.01	15	1
1:A:32:TYR:CD2	1:A:52:LEU:HB2	0.44	2.48	15	1
1:A:32:TYR:HB2	1:A:49:ARG:HD3	0.43	1.90	8	7
1:A:82:LYS:CD	1:A:82:LYS:O	0.43	2.66	5	1
1:A:10:ARG:NH1	1:A:10:ARG:HB3	0.43	2.28	7	1
1:A:12:CYS:SG	1:A:35:LEU:CD2	0.43	3.06	7	1
1:A:32:TYR:OH	1:A:51:LEU:HB3	0.43	2.13	7	1
1:A:17:LEU:HG	1:A:31:GLU:OE1	0.43	2.12	15	4
1:A:26:ASP:CB	1:A:29:ASP:OD1	0.43	2.66	15	1
1:A:33:GLN:HG2	1:A:49:ARG:NE	0.43	2.27	15	1
1:A:93:SER:OG	1:A:94:LYS:HE3	0.43	2.13	15	1
1:A:117:GLU:O	1:A:118:ASP:C	0.43	2.56	4	11
1:A:101:LYS:HG3	1:A:102:VAL:N	0.43	2.28	6	2
1:A:78:GLY:CA	1:A:82:LYS:HB3	0.43	2.43	9	1
1:A:26:ASP:HB2	1:A:29:ASP:OD1	0.43	2.13	14	2
1:A:67:LYS:O	1:A:68:PRO:C	0.43	2.57	15	8
1:A:99:PRO:O	1:A:100:TYR:HB2	0.43	2.14	6	1
1:A:96:SER:O	1:A:97:ASP:OD1	0.43	2.35	10	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:74:LEU:HB3	1:A:82:LYS:HZ2	0.43	1.73	13	1
1:A:77:LEU:O	1:A:78:GLY:C	0.43	2.57	6	10
1:A:10:ARG:HD3	1:A:48:PHE:CZ	0.43	2.48	3	1
1:A:65:LEU:CD1	1:A:89:LEU:HB3	0.43	2.41	3	3
1:A:79:GLN:O	1:A:83:ALA:HB2	0.43	2.12	7	1
1:A:65:LEU:HB3	1:A:133:VAL:CB	0.43	2.42	15	1
1:A:26:ASP:O	1:A:27:ILE:C	0.43	2.57	3	2
1:A:32:TYR:OH	1:A:51:LEU:HB2	0.43	2.13	12	3
1:A:100:TYR:CZ	1:A:101:LYS:HG3	0.43	2.49	8	1
1:A:14:VAL:HG12	1:A:87:ILE:CG1	0.43	2.43	10	1
1:A:74:LEU:HD22	1:A:82:LYS:HZ1	0.43	1.74	13	1
1:A:104:ILE:HG22	1:A:124:ASN:ND2	0.43	2.28	14	1
1:A:98:VAL:HG22	1:A:99:PRO:HD2	0.43	1.90	14	2
1:A:93:SER:OG	1:A:94:LYS:HE2	0.43	2.13	9	2
1:A:96:SER:O	1:A:97:ASP:C	0.43	2.57	9	2
1:A:46:LEU:C	1:A:46:LEU:CD1	0.43	2.84	15	3
1:A:62:LEU:C	1:A:62:LEU:CD1	0.43	2.87	13	1
1:A:120:HIS:CD2	1:A:123:VAL:HG11	0.43	2.47	13	1
1:A:16:ALA:O	1:A:20:TRP:N	0.43	2.47	6	2
1:A:32:TYR:OH	1:A:51:LEU:CB	0.43	2.67	12	2
1:A:112:LYS:HE2	1:A:120:HIS:CD2	0.43	2.49	15	1
1:A:81:GLU:OE2	1:A:116:ALA:N	0.43	2.52	1	1
1:A:20:TRP:O	1:A:24:GLN:HA	0.43	2.14	8	6
1:A:54:GLY:O	1:A:58:ASN:CG	0.43	2.57	8	1
1:A:97:ASP:O	1:A:97:ASP:CG	0.43	2.57	10	1
1:A:70:LEU:O	1:A:71:SER:HB2	0.43	2.13	1	2
1:A:70:LEU:HD22	1:A:74:LEU:CD2	0.43	2.44	2	1
1:A:16:ALA:O	1:A:19:SER:OG	0.43	2.33	3	1
1:A:20:TRP:CD2	1:A:27:ILE:CG1	0.43	3.02	3	1
1:A:108:ILE:HG13	1:A:124:ASN:OD1	0.43	2.13	3	1
1:A:20:TRP:HB2	1:A:27:ILE:CD1	0.43	2.44	4	1
1:A:94:LYS:C	1:A:95:ARG:CG	0.43	2.86	6	1
1:A:10:ARG:CZ	1:A:10:ARG:HB2	0.43	2.43	7	1
1:A:11:GLU:C	1:A:114:PHE:CE2	0.43	2.92	7	1
1:A:78:GLY:HA2	1:A:82:LYS:CB	0.43	2.44	9	1
1:A:66:MET:CE	1:A:69:TYR:HH	0.43	2.27	1	1
1:A:84:VAL:HG11	1:A:110:LEU:HB2	0.43	1.91	10	2
1:A:95:ARG:O	1:A:96:SER:C	0.43	2.57	5	1
1:A:100:TYR:OH	1:A:132:PRO:HD3	0.43	2.14	13	3
1:A:65:LEU:CB	1:A:133:VAL:CG1	0.43	2.97	8	1
1:A:18:TYR:CG	1:A:80:VAL:HG13	0.43	2.49	11	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:21:GLN:OE1	1:A:21:GLN:C	0.43	2.57	10	1
1:A:67:LYS:CB	1:A:68:PRO:CD	0.43	2.97	12	2
1:A:94:LYS:HD3	1:A:94:LYS:N	0.43	2.28	13	2
1:A:120:HIS:ND1	1:A:120:HIS:N	0.43	2.67	14	1
1:A:124:ASN:OD1	1:A:124:ASN:C	0.43	2.57	14	1
1:A:65:LEU:CD1	1:A:134:ILE:HD13	0.42	2.40	6	2
1:A:31:GLU:OE1	1:A:31:GLU:C	0.42	2.58	4	2
1:A:106:GLU:O	1:A:107:ALA:C	0.42	2.56	9	4
1:A:32:TYR:HE2	1:A:52:LEU:HD23	0.42	1.72	14	1
1:A:72:ARG:CZ	1:A:72:ARG:CB	0.42	2.97	15	1
1:A:63:ASP:OD1	1:A:63:ASP:C	0.42	2.57	9	2
1:A:95:ARG:HB2	1:A:98:VAL:HG12	0.42	1.90	3	1
1:A:99:PRO:HA	1:A:135:ARG:NH1	0.42	2.29	15	1
1:A:27:ILE:HG23	1:A:28:ALA:N	0.42	2.29	4	2
1:A:79:GLN:HG3	1:A:80:VAL:N	0.42	2.30	4	1
1:A:103:ALA:C	1:A:127:LEU:HD13	0.42	2.34	14	4
1:A:70:LEU:O	1:A:71:SER:C	0.42	2.57	6	2
1:A:109:GLU:HB3	1:A:110:LEU:HD23	0.42	1.92	11	1
1:A:48:PHE:O	1:A:51:LEU:HB2	0.42	2.14	6	4
1:A:32:TYR:CD1	1:A:32:TYR:N	0.42	2.87	6	1
1:A:93:SER:CB	1:A:134:ILE:HG12	0.42	2.44	13	1
1:A:104:ILE:CD1	1:A:127:LEU:HB3	0.42	2.44	4	3
1:A:12:CYS:HB3	1:A:35:LEU:CD2	0.42	2.43	9	1
1:A:16:ALA:CB	1:A:31:GLU:CA	0.42	2.97	4	5
1:A:28:ALA:HA	1:A:52:LEU:HB3	0.42	1.92	2	2
1:A:20:TRP:CE3	1:A:27:ILE:CD1	0.42	3.02	3	1
1:A:77:LEU:O	1:A:79:GLN:N	0.42	2.52	3	1
1:A:18:TYR:CD2	1:A:80:VAL:HG13	0.42	2.49	11	1
1:A:27:ILE:HD12	1:A:52:LEU:CD1	0.42	2.45	2	1
1:A:14:VAL:HG12	1:A:87:ILE:HG21	0.42	1.89	6	1
1:A:78:GLY:HA2	1:A:82:LYS:CD	0.42	2.45	7	1
1:A:18:TYR:CD1	1:A:80:VAL:HG13	0.42	2.50	9	1
1:A:21:GLN:HG3	1:A:22:LEU:N	0.42	2.30	10	1
1:A:76:GLU:O	1:A:77:LEU:C	0.42	2.58	10	2
1:A:27:ILE:HG22	1:A:28:ALA:N	0.42	2.29	2	1
1:A:62:LEU:HB3	1:A:89:LEU:HD23	0.42	1.92	4	1
1:A:95:ARG:O	1:A:96:SER:O	0.42	2.38	5	1
1:A:23:SER:O	1:A:24:GLN:CB	0.42	2.67	10	1
1:A:70:LEU:HD12	1:A:74:LEU:HD11	0.42	1.90	14	1
1:A:65:LEU:CB	1:A:89:LEU:HB3	0.42	2.45	10	1
1:A:129:LYS:HE3	1:A:129:LYS:CA	0.42	2.45	10	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:75:GLU:O	1:A:79:GLN:OE1	0.42	2.38	11	1
1:A:71:SER:HB3	1:A:77:LEU:CD1	0.42	2.43	3	1
1:A:20:TRP:CH2	1:A:27:ILE:CD1	0.42	3.02	5	1
1:A:95:ARG:O	1:A:96:SER:HB2	0.42	2.14	6	1
1:A:11:GLU:HG2	1:A:110:LEU:CD1	0.42	2.43	7	1
1:A:66:MET:HA	1:A:69:TYR:CD2	0.42	2.50	14	1
1:A:71:SER:HB2	1:A:77:LEU:CG	0.42	2.44	14	1
1:A:51:LEU:CD2	1:A:94:LYS:HG3	0.41	2.45	3	1
1:A:119:SER:HB3	1:A:122:PHE:CD2	0.41	2.49	4	2
1:A:82:LYS:C	1:A:82:LYS:HD2	0.41	2.36	5	1
1:A:65:LEU:HB3	1:A:133:VAL:HB	0.41	1.92	6	2
1:A:16:ALA:CB	1:A:31:GLU:CB	0.41	2.97	13	3
1:A:32:TYR:OH	1:A:52:LEU:HB2	0.41	2.14	4	1
1:A:31:GLU:HG2	1:A:52:LEU:CD1	0.41	2.45	5	1
1:A:10:ARG:HG2	1:A:48:PHE:CE2	0.41	2.50	12	1
1:A:17:LEU:CD1	1:A:87:ILE:HG13	0.41	2.46	5	1
1:A:31:GLU:CG	1:A:52:LEU:CG	0.41	2.97	5	1
1:A:32:TYR:CE1	1:A:52:LEU:HG	0.41	2.51	6	1
1:A:13:ALA:HA	1:A:31:GLU:CD	0.41	2.36	8	1
1:A:108:ILE:HG23	1:A:120:HIS:HB2	0.41	1.92	8	1
1:A:94:LYS:O	1:A:95:ARG:C	0.41	2.56	11	1
1:A:99:PRO:O	1:A:135:ARG:HD2	0.41	2.15	11	1
1:A:65:LEU:HG	1:A:89:LEU:HB3	0.41	1.91	13	1
1:A:100:TYR:CD1	1:A:131:ALA:HB1	0.41	2.49	14	1
1:A:82:LYS:HE3	1:A:82:LYS:O	0.41	2.15	15	1
1:A:84:VAL:HG21	1:A:114:PHE:CB	0.41	2.45	15	1
1:A:60:ALA:O	1:A:63:ASP:HB3	0.41	2.15	3	2
1:A:110:LEU:O	1:A:114:PHE:HB2	0.41	2.15	13	2
1:A:95:ARG:HD3	1:A:98:VAL:O	0.41	2.15	9	1
1:A:34:PHE:CD1	1:A:35:LEU:N	0.41	2.87	11	1
1:A:55:VAL:O	1:A:59:THR:OG1	0.41	2.33	13	1
1:A:119:SER:CB	1:A:122:PHE:HB3	0.41	2.44	14	1
1:A:18:TYR:CE1	1:A:79:GLN:CD	0.41	2.94	9	2
1:A:66:MET:SD	1:A:66:MET:C	0.41	2.99	6	2
1:A:81:GLU:CG	1:A:115:GLY:HA3	0.41	2.45	6	1
1:A:94:LYS:O	1:A:95:ARG:HG3	0.41	2.15	6	1
1:A:95:ARG:HB2	1:A:98:VAL:CG2	0.41	2.45	7	1
1:A:62:LEU:O	1:A:65:LEU:CD2	0.41	2.67	8	1
1:A:104:ILE:HG23	1:A:124:ASN:O	0.41	2.15	8	2
1:A:95:ARG:CD	1:A:98:VAL:O	0.41	2.69	9	1
1:A:29:ASP:HA	1:A:49:ARG:CG	0.41	2.45	11	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:109:GLU:HA	1:A:112:LYS:NZ	0.41	2.31	11	1
1:A:94:LYS:O	1:A:95:ARG:HD3	0.41	2.15	12	1
1:A:118:ASP:OD1	1:A:118:ASP:N	0.41	2.53	14	1
1:A:27:ILE:C	1:A:30:VAL:HG12	0.41	2.34	5	2
1:A:70:LEU:O	1:A:71:SER:CB	0.41	2.69	1	1
1:A:95:ARG:O	1:A:95:ARG:HG3	0.41	2.16	1	1
1:A:15:GLN:HA	1:A:15:GLN:OE1	0.41	2.16	5	1
1:A:67:LYS:O	1:A:70:LEU:HG	0.41	2.14	6	2
1:A:91:GLU:O	1:A:95:ARG:HG2	0.41	2.16	6	1
1:A:104:ILE:HA	1:A:127:LEU:HB3	0.41	1.93	12	1
1:A:84:VAL:O	1:A:87:ILE:HG12	0.41	2.16	2	2
1:A:86:ARG:CA	1:A:89:LEU:HD22	0.41	2.45	4	1
1:A:19:SER:O	1:A:23:SER:HB3	0.41	2.16	8	1
1:A:29:ASP:O	1:A:33:GLN:HG3	0.41	2.16	15	1
1:A:65:LEU:CB	1:A:133:VAL:HG21	0.41	2.46	15	1
1:A:92:LEU:C	1:A:134:ILE:HG21	0.41	2.35	15	1
1:A:94:LYS:N	1:A:94:LYS:HD3	0.41	2.30	1	1
1:A:90:TYR:CZ	1:A:94:LYS:CE	0.41	3.03	3	1
1:A:70:LEU:C	1:A:72:ARG:N	0.41	2.74	15	1
1:A:63:ASP:O	1:A:67:LYS:HB2	0.41	2.15	4	2
1:A:31:GLU:HG3	1:A:32:TYR:CG	0.41	2.50	4	1
1:A:69:TYR:C	1:A:69:TYR:CD1	0.41	2.95	5	1
1:A:91:GLU:O	1:A:95:ARG:HB3	0.41	2.15	6	2
1:A:85:LEU:O	1:A:89:LEU:HG	0.41	2.15	12	2
1:A:134:ILE:HG22	1:A:135:ARG:N	0.41	2.30	10	1
1:A:106:GLU:O	1:A:109:GLU:HB2	0.41	2.15	13	1
1:A:98:VAL:CG2	1:A:99:PRO:HD2	0.41	2.46	14	1
1:A:118:ASP:O	1:A:119:SER:OG	0.41	2.34	14	1
1:A:61:TYR:CD1	1:A:61:TYR:O	0.41	2.74	4	1
1:A:84:VAL:HG21	1:A:110:LEU:HB3	0.41	1.93	5	1
1:A:45:VAL:HB	1:A:48:PHE:HB2	0.41	1.93	6	1
1:A:81:GLU:OE1	1:A:81:GLU:HA	0.41	2.15	7	1
1:A:15:GLN:CG	1:A:16:ALA:N	0.40	2.84	4	1
1:A:65:LEU:HB2	1:A:130:ALA:O	0.40	2.16	4	1
1:A:31:GLU:C	1:A:31:GLU:OE2	0.40	2.59	5	1
1:A:101:LYS:O	1:A:104:ILE:HB	0.40	2.16	12	1
1:A:108:ILE:HG12	1:A:124:ASN:HB3	0.40	1.93	1	1
1:A:13:ALA:HB1	1:A:52:LEU:HD21	0.40	1.93	6	1
1:A:104:ILE:HG21	1:A:124:ASN:ND2	0.40	2.30	6	1
1:A:77:LEU:C	1:A:77:LEU:CD1	0.40	2.79	9	1
1:A:81:GLU:OE2	1:A:111:ALA:CB	0.40	2.69	9	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:111:ALA:HB1	1:A:120:HIS:CB	0.40	2.46	13	1
1:A:78:GLY:CA	1:A:82:LYS:NZ	0.40	2.84	7	1
1:A:55:VAL:O	1:A:59:THR:CB	0.40	2.69	11	1
1:A:33:GLN:HG3	1:A:34:PHE:N	0.40	2.32	1	2
1:A:58:ASN:OD1	1:A:61:TYR:HB3	0.40	2.16	3	1
1:A:78:GLY:HA3	1:A:81:GLU:HG2	0.40	1.92	3	1
1:A:70:LEU:HD22	1:A:70:LEU:H	0.40	1.76	5	1
1:A:71:SER:O	1:A:72:ARG:HG3	0.40	2.16	7	1
1:A:62:LEU:HA	1:A:65:LEU:CD2	0.40	2.46	8	1
1:A:13:ALA:HB1	1:A:31:GLU:OE2	0.40	2.16	12	1
1:A:65:LEU:CB	1:A:133:VAL:CB	0.40	2.99	15	1
1:A:65:LEU:CD2	1:A:89:LEU:HB3	0.40	2.43	6	1
1:A:61:TYR:OH	1:A:93:SER:HB2	0.40	2.17	7	1
1:A:78:GLY:HA2	1:A:82:LYS:HB2	0.40	1.93	9	1
1:A:99:PRO:HG2	1:A:102:VAL:CG1	0.40	2.46	13	1

6.3 Torsion angles [i](#)

6.3.1 Protein backbone [i](#)

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

Mol	Chain	Analysed	Favoured	Allowed	Outliers	Percentiles	
1	A	120/139 (86%)	96±2 (80±2%)	13±2 (11±2%)	11±2 (9±2%)	1	12
All	All	1800/2085 (86%)	1445 (80%)	193 (11%)	162 (9%)	1	12

All 25 unique Ramachandran outliers are listed below. They are sorted by the frequency of occurrence in the ensemble.

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	9	ALA	15
1	A	27	ILE	14
1	A	99	PRO	13
1	A	26	ASP	12
1	A	118	ASP	12
1	A	25	ASN	10
1	A	10	ARG	9

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	68	PRO	9
1	A	78	GLY	8
1	A	100	TYR	8
1	A	95	ARG	7
1	A	107	ALA	6
1	A	71	SER	6
1	A	72	ARG	6
1	A	77	LEU	6
1	A	96	SER	4
1	A	8	ARG	3
1	A	45	VAL	2
1	A	58	ASN	2
1	A	97	ASP	2
1	A	113	SER	2
1	A	117	GLU	2
1	A	119	SER	2
1	A	70	LEU	1
1	A	120	HIS	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	99/116 (85%)	57±4 (58±4%)	42±4 (42±4%)	0 4
All	All	1485/1740 (85%)	860 (58%)	625 (42%)	0 4

All 88 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	31	GLU	15
1	A	45	VAL	15
1	A	52	LEU	15
1	A	59	THR	15
1	A	80	VAL	15
1	A	90	TYR	15
1	A	126	VAL	15

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	82	LYS	14
1	A	101	LYS	14
1	A	27	ILE	13
1	A	48	PHE	13
1	A	77	LEU	13
1	A	93	SER	13
1	A	95	ARG	13
1	A	33	GLN	12
1	A	61	TYR	12
1	A	65	LEU	12
1	A	70	LEU	12
1	A	21	GLN	12
1	A	71	SER	11
1	A	124	ASN	11
1	A	84	VAL	10
1	A	134	ILE	10
1	A	135	ARG	10
1	A	17	LEU	10
1	A	51	LEU	10
1	A	79	GLN	10
1	A	91	GLU	9
1	A	97	ASP	9
1	A	98	VAL	9
1	A	119	SER	9
1	A	92	LEU	9
1	A	118	ASP	9
1	A	10	ARG	9
1	A	72	ARG	9
1	A	73	LEU	9
1	A	67	LYS	8
1	A	109	GLU	8
1	A	117	GLU	7
1	A	29	ASP	7
1	A	127	LEU	7
1	A	8	ARG	7
1	A	96	SER	7
1	A	121	LYS	6
1	A	100	TYR	6
1	A	104	ILE	6
1	A	112	LYS	6
1	A	46	LEU	6
1	A	35	LEU	6

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	63	ASP	5
1	A	129	LYS	5
1	A	19	SER	5
1	A	86	ARG	5
1	A	110	LEU	5
1	A	122	PHE	5
1	A	11	GLU	4
1	A	15	GLN	4
1	A	47	TYR	4
1	A	49	ARG	4
1	A	106	GLU	4
1	A	26	ASP	4
1	A	66	MET	4
1	A	81	GLU	4
1	A	23	SER	4
1	A	128	ASP	4
1	A	75	GLU	4
1	A	94	LYS	3
1	A	76	GLU	3
1	A	123	VAL	3
1	A	87	ILE	3
1	A	58	ASN	3
1	A	34	PHE	3
1	A	120	HIS	3
1	A	18	TYR	2
1	A	12	CYS	2
1	A	108	ILE	2
1	A	50	GLU	2
1	A	113	SER	2
1	A	74	LEU	2
1	A	24	GLN	2
1	A	85	LEU	1
1	A	22	LEU	1
1	A	89	LEU	1
1	A	25	ASN	1
1	A	102	VAL	1
1	A	62	LEU	1
1	A	69	TYR	1
1	A	57	THR	1

6.3.3 RNA [i](#)

There are no RNA molecules in this entry.

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

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

6.5 Carbohydrates [i](#)

There are no monosaccharides in this entry.

6.6 Ligand geometry [i](#)

There are no ligands in this entry.

6.7 Other polymers [i](#)

There are no such molecules in this entry.

6.8 Polymer linkage issues [i](#)

There are no chain breaks in this entry.

7 Chemical shift validation

No chemical shift data were provided