



# Full wwPDB NMR Structure Validation Report ⓘ

Jun 29, 2021 – 02:05 PM EDT

PDB ID : 1BSH  
Title : SOLUTION STRUCTURE OF THE EPSILON SUBUNIT OF THE F1-ATPSYNTASE FROM ESCHERICHIA COLI AND ORIENTATION OF THE SUBUNIT RELATIVE TO THE BETA SUBUNITS OF THE COMPLEX  
Authors : Wilkens, S.; Capaldi, R.A.  
Deposited on : 1998-08-27

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

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

A user guide is available at

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

with specific help available everywhere you see the ⓘ symbol.

---

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

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 : 2.22  
Ideal geometry (proteins) : Engh & Huber (2001)  
Ideal geometry (DNA, RNA) : Parkinson et al. (1996)  
Validation Pipeline (wwPDB-VP) : 2.22

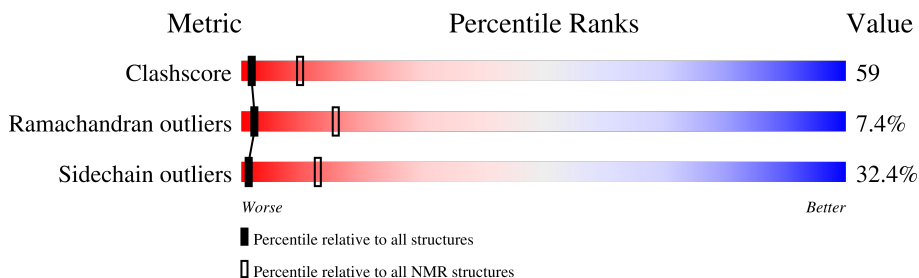
# 1 Overall quality at a glance

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  $\geq 3$ , 2, 1 and 0 types of geometric quality criteria. A cyan segment indicates the fraction of residues that are not part of the well-defined cores, and a grey segment represents the fraction of residues that are not modelled. The numeric value for each fraction is indicated below the corresponding segment, with a dot representing fractions  $\leq 5\%$

Mol	Chain	Length	Quality of chain
1	A	138	

## 2 Ensemble composition and analysis i

This entry contains 30 models. Model 17 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:2-A:138 (137)	1.14	17

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

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

The models can be grouped into 4 clusters and 2 single-model clusters were found.

Cluster number	Models
1	6, 8, 9, 10, 11, 17, 18, 19, 21, 24, 27, 30
2	1, 5, 7, 13, 14, 22, 25, 29
3	2, 20, 23, 26
4	3, 4, 12, 28
Single-model clusters	15; 16

### 3 Entry composition

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 2106 atoms, of which 1058 are hydrogens and 0 are deuteriums.

- Molecule 1 is a protein called PROTEIN (EPSILON SUBUNIT).

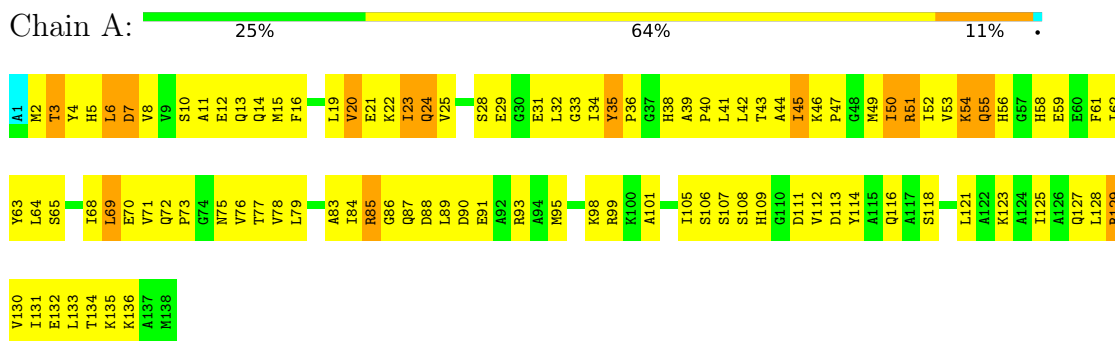
Mol	Chain	Residues	Atoms					Trace	
			Total	C	H	N	O		S
1	A	138	2106	657	1058	182	204	5	0

## 4 Residue-property plots

### 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: PROTEIN (EPSILON SUBUNIT)

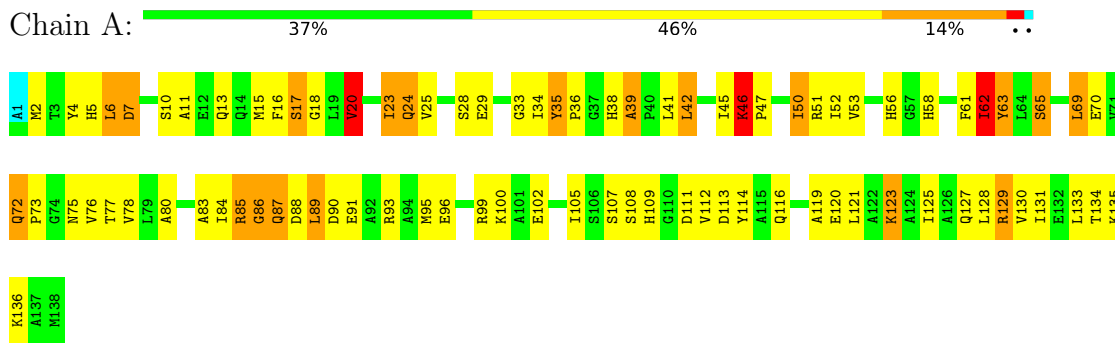


### 4.2 Scores per residue for each member of the ensemble

Colouring as in section 4.1 above.

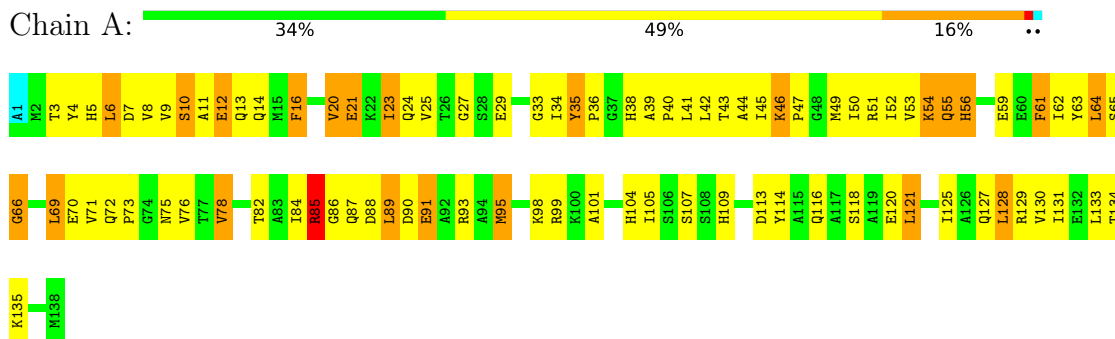
#### 4.2.1 Score per residue for model 1

- Molecule 1: PROTEIN (EPSILON SUBUNIT)



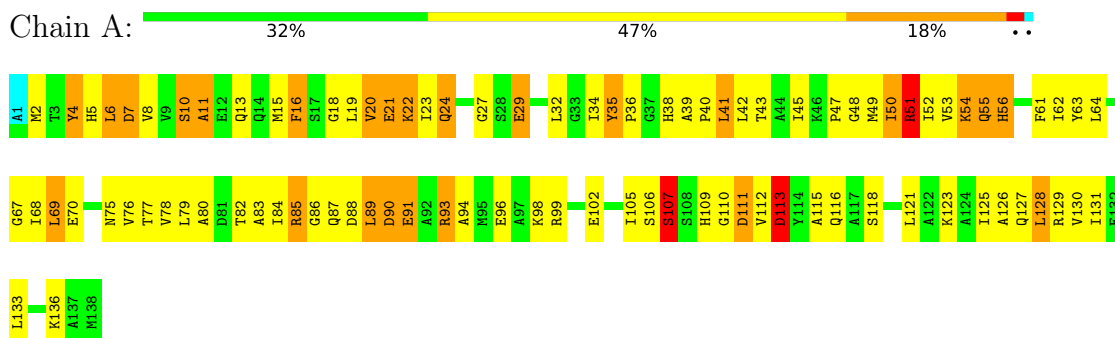
### 4.2.2 Score per residue for model 2

- Molecule 1: PROTEIN (EPSILON SUBUNIT)



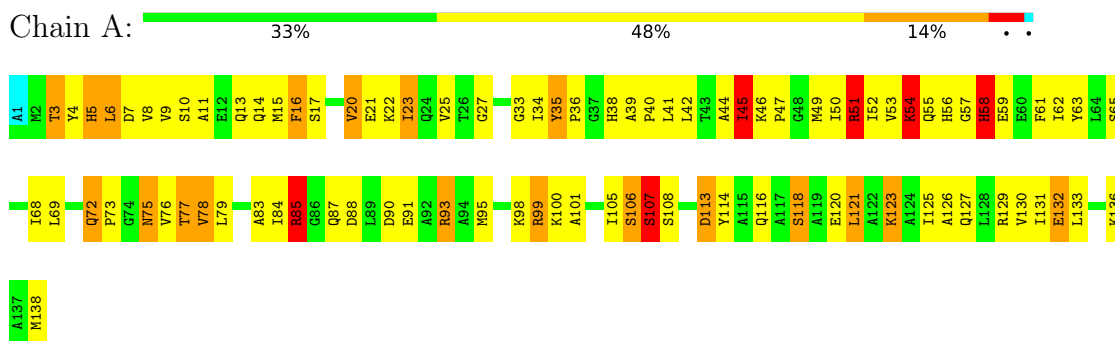
### 4.2.3 Score per residue for model 3

- Molecule 1: PROTEIN (EPSILON SUBUNIT)



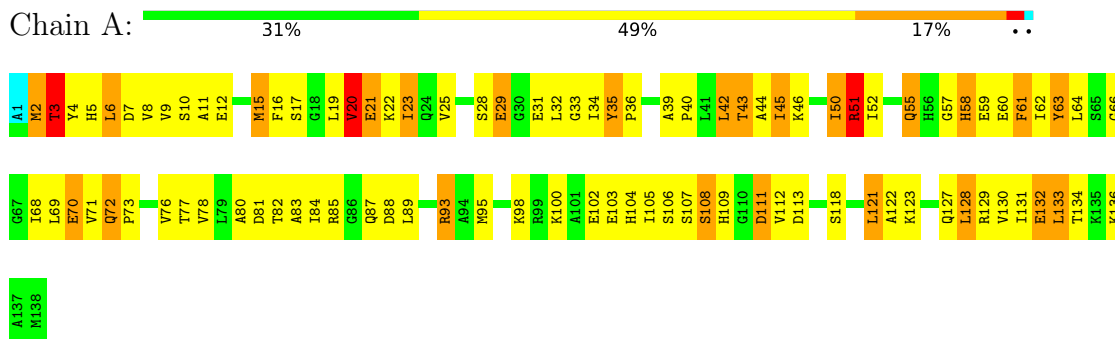
### 4.2.4 Score per residue for model 4

- Molecule 1: PROTEIN (EPSILON SUBUNIT)



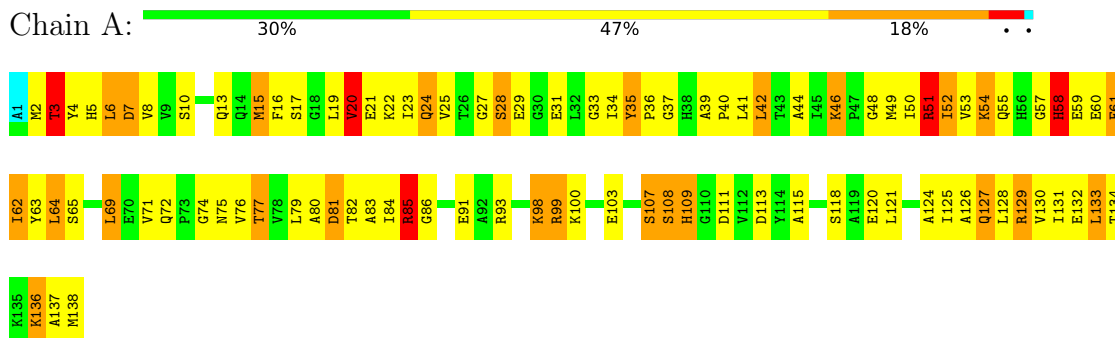
### 4.2.5 Score per residue for model 5

- Molecule 1: PROTEIN (EPSILON SUBUNIT)



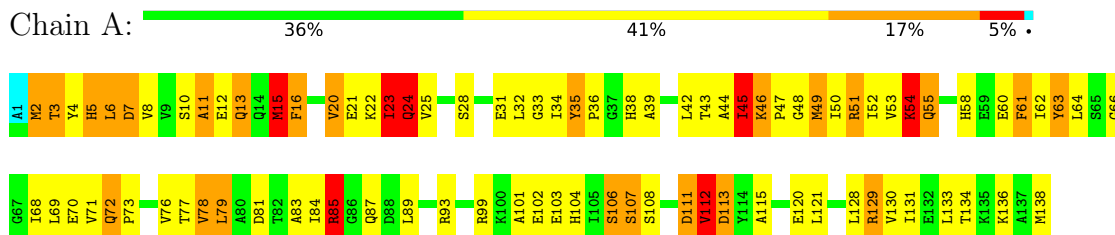
### 4.2.6 Score per residue for model 6

- Molecule 1: PROTEIN (EPSILON SUBUNIT)



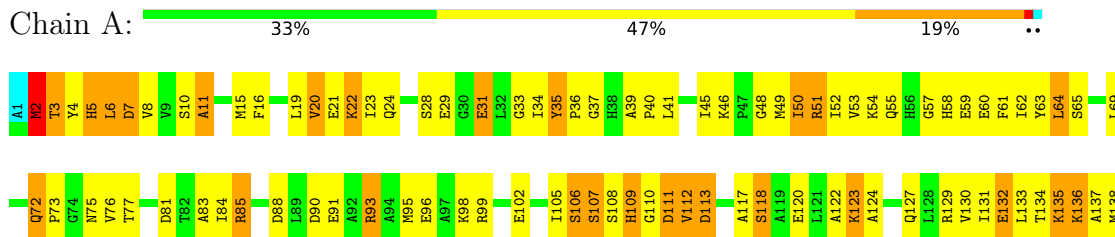
### 4.2.7 Score per residue for model 7

- Molecule 1: PROTEIN (EPSILON SUBUNIT)



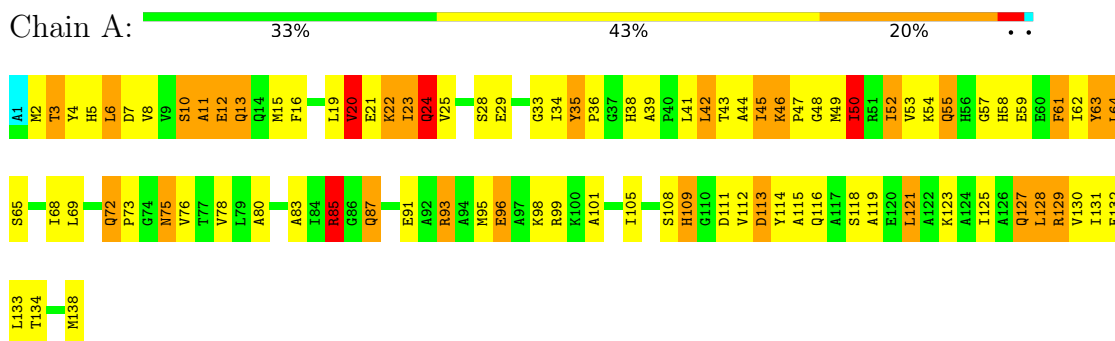
### 4.2.8 Score per residue for model 8

- Molecule 1: PROTEIN (EPSILON SUBUNIT)



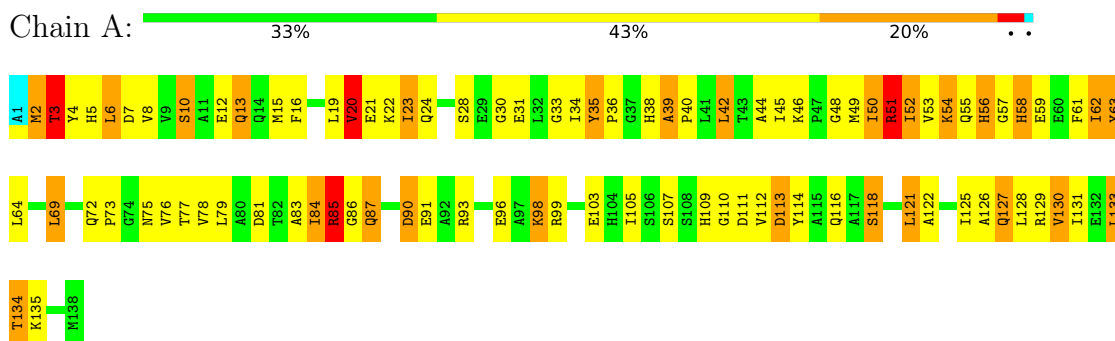
#### 4.2.9 Score per residue for model 9

- Molecule 1: PROTEIN (EPSILON SUBUNIT)



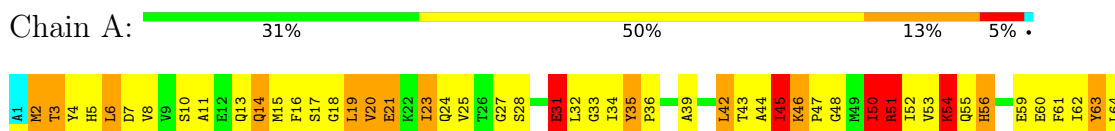
#### 4.2.10 Score per residue for model 10

- Molecule 1: PROTEIN (EPSILON SUBUNIT)

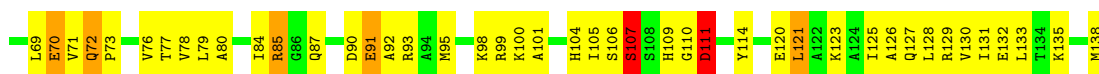


#### 4.2.11 Score per residue for model 11

- Molecule 1: PROTEIN (EPSILON SUBUNIT)







#### 4.2.12 Score per residue for model 12

- Molecule 1: PROTEIN (EPSILON SUBUNIT)

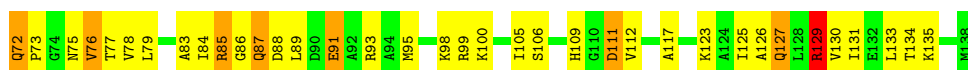
Chain A: 34% 42% 21% ..



#### 4.2.13 Score per residue for model 13

- Molecule 1: PROTEIN (EPSILON SUBUNIT)

Chain A: 38% 44% 15% ..



#### 4.2.14 Score per residue for model 14

- Molecule 1: PROTEIN (EPSILON SUBUNIT)

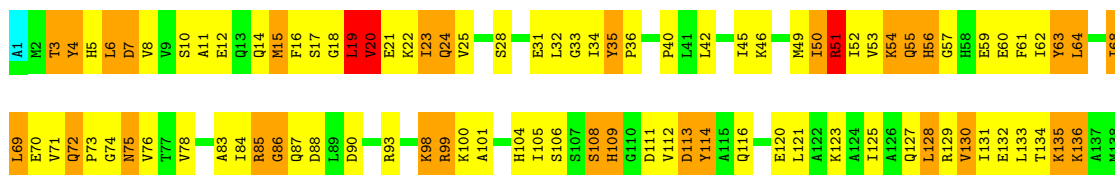
Chain A: 35% 45% 16% ..



#### 4.2.15 Score per residue for model 15

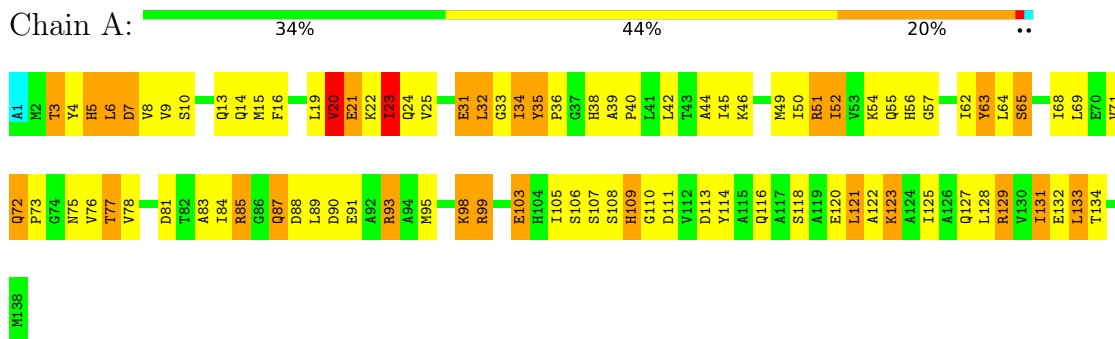
- Molecule 1: PROTEIN (EPSILON SUBUNIT)

Chain A: 32% 43% 22% ..



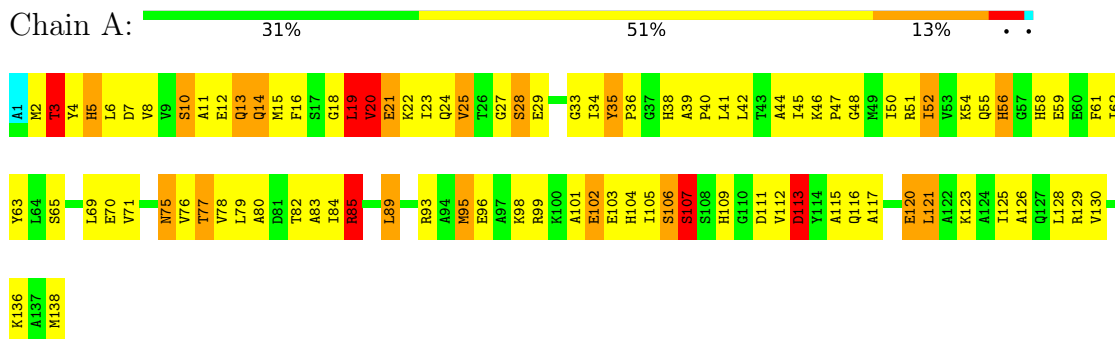
#### 4.2.16 Score per residue for model 16

- Molecule 1: PROTEIN (EPSILON SUBUNIT)



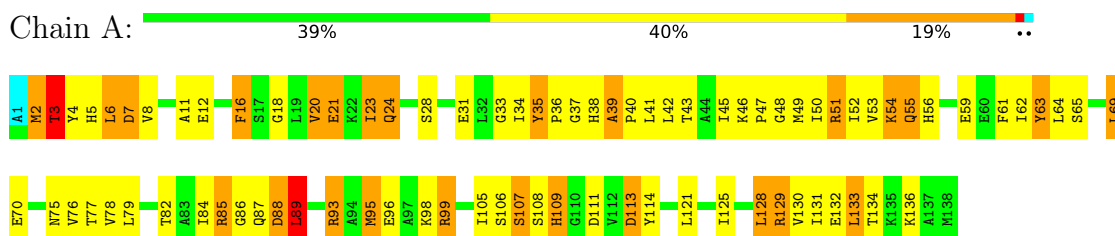
#### 4.2.17 Score per residue for model 17 (medoid)

- Molecule 1: PROTEIN (EPSILON SUBUNIT)



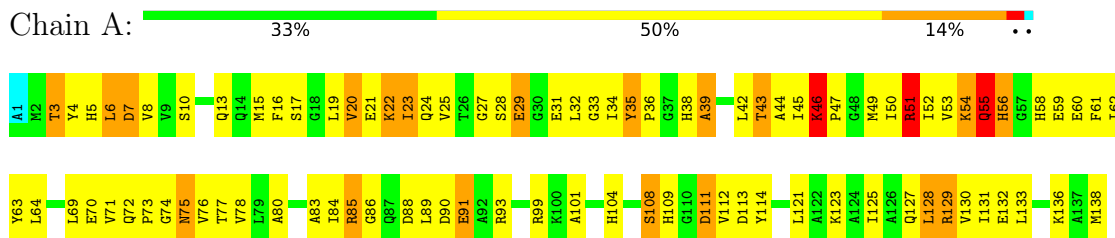
#### 4.2.18 Score per residue for model 18

- Molecule 1: PROTEIN (EPSILON SUBUNIT)



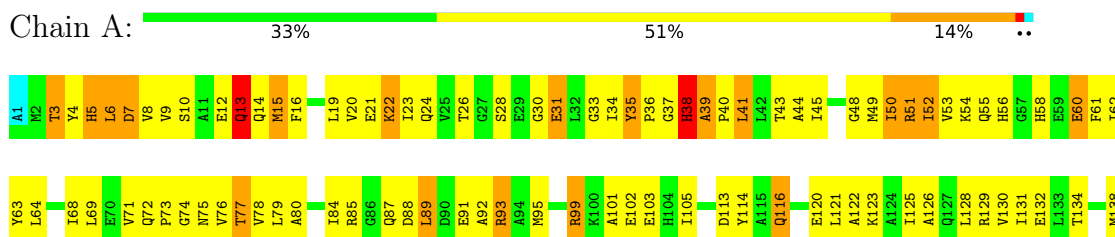
#### 4.2.19 Score per residue for model 19

- Molecule 1: PROTEIN (EPSILON SUBUNIT)



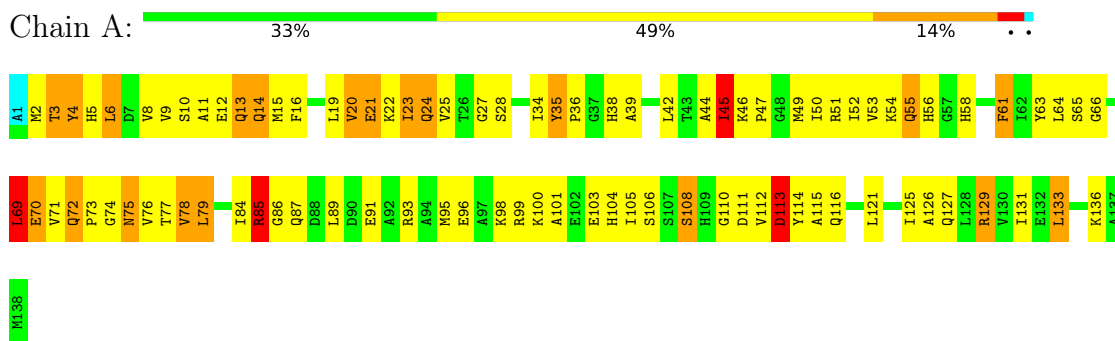
#### 4.2.20 Score per residue for model 20

- Molecule 1: PROTEIN (EPSILON SUBUNIT)



#### 4.2.21 Score per residue for model 21

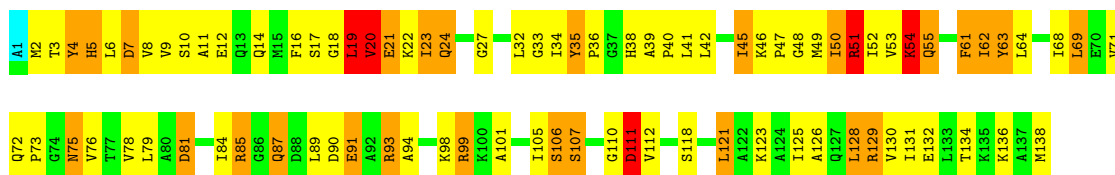
- Molecule 1: PROTEIN (EPSILON SUBUNIT)



#### 4.2.22 Score per residue for model 22

- Molecule 1: PROTEIN (EPSILON SUBUNIT)

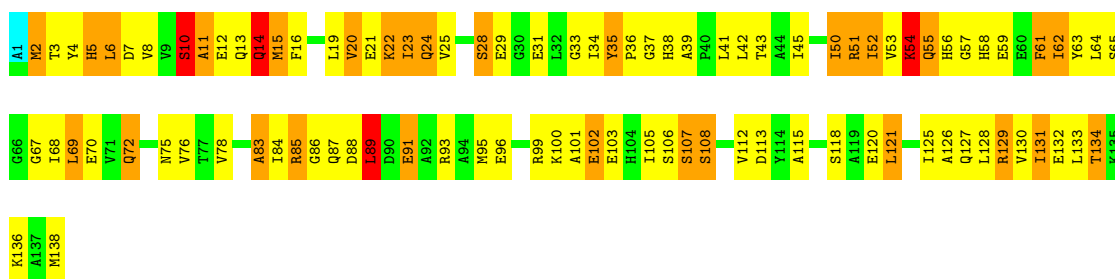




#### 4.2.23 Score per residue for model 23

- Molecule 1: PROTEIN (EPSILON SUBUNIT)

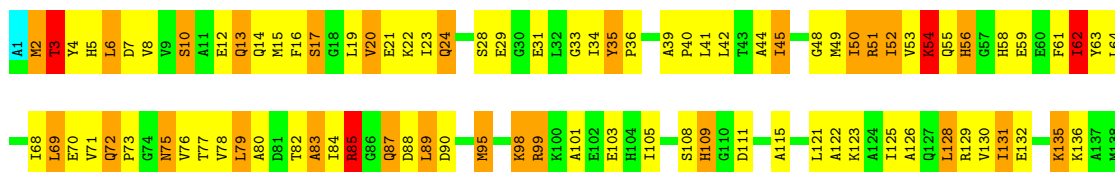
Chain A: 30% 46% 21% ..



#### 4.2.24 Score per residue for model 24

- Molecule 1: PROTEIN (EPSILON SUBUNIT)

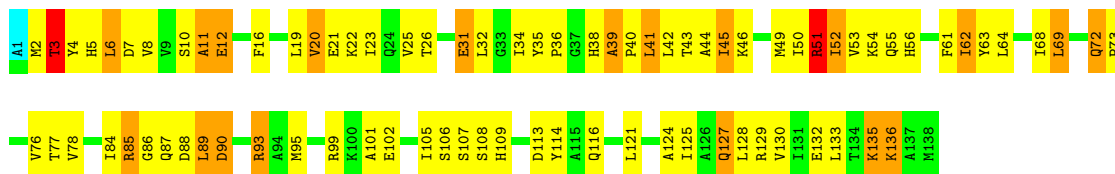
Chain A: 34% 43% 20% ..



#### 4.2.25 Score per residue for model 25

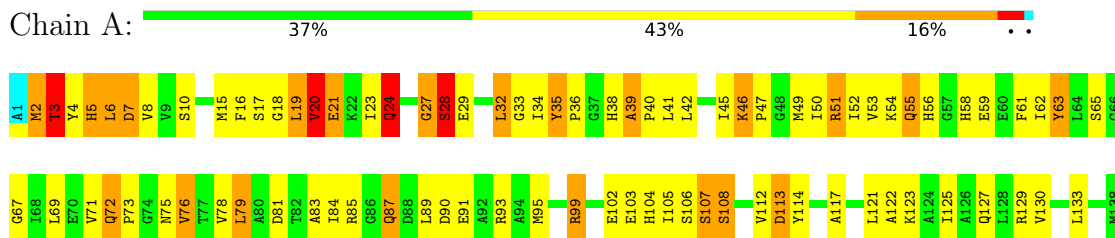
- Molecule 1: PROTEIN (EPSILON SUBUNIT)

Chain A: 40% 44% 14% ..



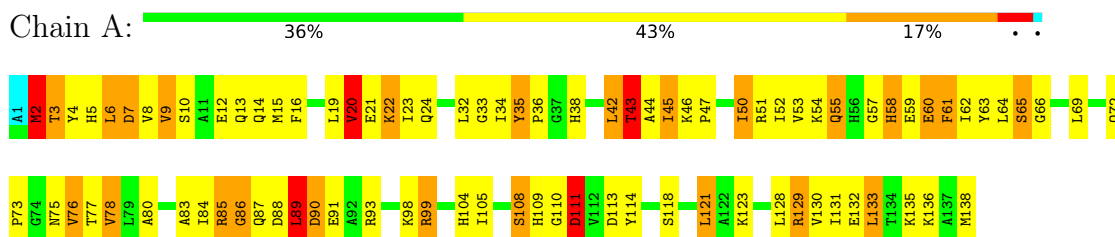
#### 4.2.26 Score per residue for model 26

- Molecule 1: PROTEIN (EPSILON SUBUNIT)



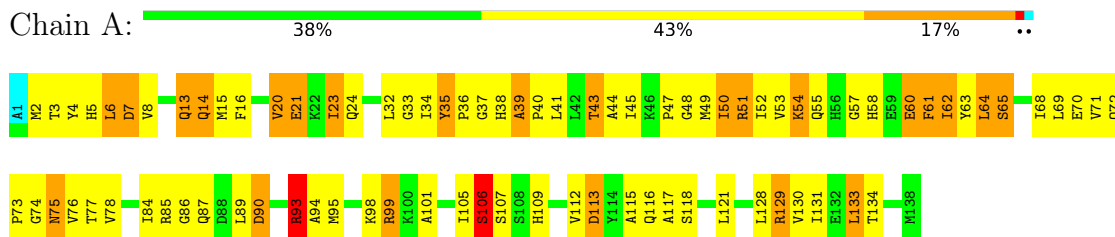
#### 4.2.27 Score per residue for model 27

- Molecule 1: PROTEIN (EPSILON SUBUNIT)



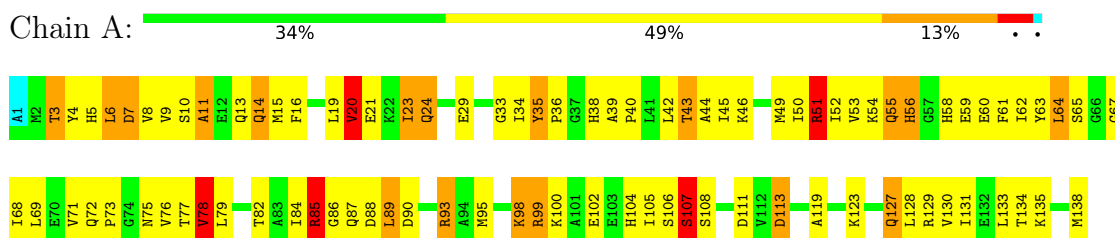
#### 4.2.28 Score per residue for model 28

- Molecule 1: PROTEIN (EPSILON SUBUNIT)



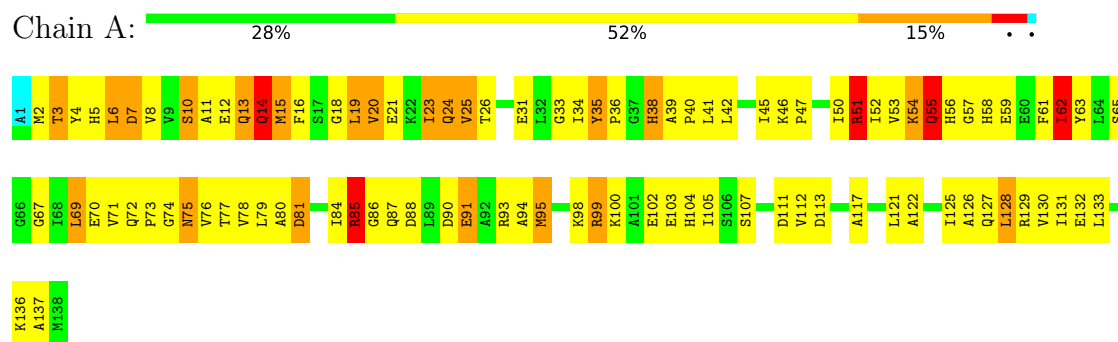
#### 4.2.29 Score per residue for model 29

- Molecule 1: PROTEIN (EPSILON SUBUNIT)



## 4.2.30 Score per residue for model 30

## ● Molecule 1: PROTEIN (EPSILON SUBUNIT)



## 5 Refinement protocol and experimental data overview

The models were refined using the following method: *distance geometry*.

Of the 30 calculated structures, 30 were deposited, based on the following criterion: *all calculated structures submitted*.

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

Software name	Classification	Version
X-PLOR	refinement	3.1
X-PLOR	structure calculation	3.1

No chemical shift data was provided.

## 6 Model quality [i](#)

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

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

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	Planarity
1	A	0.0±0.0	4.7±0.5
All	All	0	141

There are no bond-length outliers.

There are no bond-angle outliers.

There are no chirality outliers.

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

Mol	Chain	Res	Type	Group	Models (Total)
1	A	129	ARG	Sidechain	30
1	A	85	ARG	Sidechain	29
1	A	99	ARG	Sidechain	28
1	A	51	ARG	Sidechain	28
1	A	93	ARG	Sidechain	26

### 6.2 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 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	1043	1051	1051	124±13
All	All	31290	31530	31530	3708

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 59.

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



Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:4:TYR:CG	1:A:20:VAL:HG22	1.11	1.80	15	3
1:A:101:ALA:HB1	1:A:121:LEU:HD12	1.09	1.18	28	3
1:A:4:TYR:HB3	1:A:20:VAL:HG13	1.06	1.22	19	3
1:A:23:ILE:HG23	1:A:52:ILE:HG22	1.05	1.27	20	1
1:A:6:LEU:HD23	1:A:20:VAL:HG21	1.04	1.28	22	25
1:A:71:VAL:HG22	1:A:76:VAL:HG22	1.00	1.33	12	1
1:A:4:TYR:OH	1:A:34:ILE:HG22	0.97	1.59	19	21
1:A:69:LEU:HD22	1:A:70:GLU:N	0.96	1.75	2	2
1:A:6:LEU:HD21	1:A:52:ILE:HD11	0.96	1.36	17	9
1:A:6:LEU:HD12	1:A:7:ASP:N	0.96	1.76	5	19
1:A:4:TYR:CE2	1:A:34:ILE:HG22	0.95	1.96	13	24
1:A:61:PHE:CE2	1:A:133:LEU:HD11	0.95	1.95	1	2
1:A:23:ILE:HG22	1:A:52:ILE:CG1	0.93	1.94	6	13
1:A:34:ILE:CG2	1:A:76:VAL:HG21	0.93	1.94	7	4
1:A:39:ALA:HB1	1:A:40:PRO:HD2	0.92	1.41	12	20
1:A:20:VAL:CG2	1:A:23:ILE:HD11	0.92	1.95	20	1
1:A:61:PHE:CD2	1:A:130:VAL:HG22	0.91	1.99	15	3
1:A:101:ALA:HB1	1:A:121:LEU:HD11	0.90	1.44	20	6
1:A:24:GLN:O	1:A:50:ILE:HG23	0.89	1.67	21	5
1:A:38:HIS:NE2	1:A:41:LEU:HD23	0.89	1.83	3	1
1:A:69:LEU:O	1:A:69:LEU:HD23	0.89	1.68	24	5
1:A:4:TYR:CB	1:A:20:VAL:HG13	0.89	1.98	19	1
1:A:3:THR:HG22	1:A:20:VAL:O	0.89	1.66	21	6
1:A:131:ILE:O	1:A:131:ILE:HD13	0.89	1.68	23	3
1:A:45:ILE:HD11	1:A:69:LEU:CB	0.88	1.98	16	4
1:A:34:ILE:HG21	1:A:76:VAL:HG21	0.88	1.46	7	6
1:A:105:ILE:HD13	1:A:117:ALA:HB1	0.88	1.44	8	1
1:A:50:ILE:HD13	1:A:51:ARG:N	0.88	1.84	20	3
1:A:3:THR:HG22	1:A:21:GLU:HB2	0.87	1.46	23	1
1:A:61:PHE:C	1:A:62:ILE:HD12	0.87	1.89	18	1
1:A:6:LEU:CD2	1:A:52:ILE:HD11	0.86	2.00	5	8
1:A:6:LEU:HD13	1:A:8:VAL:HG13	0.86	1.48	27	3
1:A:6:LEU:HD22	1:A:23:ILE:CG2	0.86	2.01	10	7
1:A:69:LEU:HD13	1:A:69:LEU:O	0.86	1.70	30	2
1:A:101:ALA:HB1	1:A:121:LEU:HD21	0.85	1.47	23	3
1:A:111:ASP:OD1	1:A:112:VAL:HG13	0.85	1.71	1	1
1:A:84:ILE:HG23	1:A:88:ASP:OD1	0.85	1.70	4	1
1:A:133:LEU:HD22	1:A:133:LEU:O	0.85	1.72	6	1
1:A:61:PHE:CZ	1:A:133:LEU:HD21	0.84	2.06	6	2
1:A:6:LEU:HD21	1:A:23:ILE:HG21	0.84	1.47	2	7
1:A:6:LEU:HB2	1:A:20:VAL:HG11	0.84	1.47	19	10
1:A:23:ILE:HG22	1:A:52:ILE:HG12	0.84	1.47	24	7

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:40:PRO:HA	1:A:71:VAL:HG11	0.84	1.46	17	4
1:A:6:LEU:CD2	1:A:23:ILE:HG21	0.84	2.02	26	8
1:A:45:ILE:HD12	1:A:69:LEU:HD21	0.83	1.49	11	1
1:A:49:MET:HE2	1:A:130:VAL:HG23	0.83	1.50	10	1
1:A:4:TYR:CB	1:A:20:VAL:HG22	0.82	2.04	15	3
1:A:4:TYR:CD2	1:A:6:LEU:HD22	0.82	2.09	21	2
1:A:61:PHE:C	1:A:62:ILE:HD13	0.82	1.95	30	3
1:A:8:VAL:HA	1:A:78:VAL:HG22	0.81	1.51	11	1
1:A:45:ILE:CD1	1:A:69:LEU:HD13	0.81	2.05	15	1
1:A:10:SER:HB3	1:A:83:ALA:HB2	0.81	1.53	19	3
1:A:64:LEU:HD13	1:A:64:LEU:N	0.81	1.90	28	1
1:A:4:TYR:CZ	1:A:34:ILE:HG22	0.80	2.11	20	27
1:A:45:ILE:HD11	1:A:68:ILE:C	0.80	1.96	24	3
1:A:23:ILE:N	1:A:23:ILE:HD13	0.80	1.90	16	1
1:A:61:PHE:CE1	1:A:133:LEU:HD11	0.79	2.12	21	2
1:A:83:ALA:C	1:A:84:ILE:HD12	0.79	1.97	14	2
1:A:71:VAL:HA	1:A:76:VAL:HG12	0.79	1.54	26	3
1:A:23:ILE:HD12	1:A:52:ILE:HG22	0.79	1.54	20	1
1:A:8:VAL:HG12	1:A:78:VAL:CG1	0.79	2.07	16	3
1:A:23:ILE:HG23	1:A:52:ILE:CG2	0.79	2.06	20	2
1:A:25:VAL:HG21	1:A:46:LYS:HG2	0.79	1.52	4	1
1:A:25:VAL:HG23	1:A:49:MET:O	0.79	1.78	16	1
1:A:23:ILE:HB	1:A:50:ILE:HD11	0.79	1.53	9	2
1:A:68:ILE:O	1:A:78:VAL:HG23	0.78	1.78	29	5
1:A:127:GLN:O	1:A:130:VAL:HG22	0.78	1.78	11	4
1:A:20:VAL:HG23	1:A:21:GLU:N	0.78	1.94	15	7
1:A:50:ILE:HG23	1:A:62:ILE:H	0.78	1.39	3	9
1:A:64:LEU:HD22	1:A:80:ALA:HB3	0.78	1.56	11	1
1:A:63:TYR:CE1	1:A:84:ILE:HD12	0.77	2.14	30	11
1:A:131:ILE:O	1:A:134:THR:HG22	0.77	1.79	1	2
1:A:110:GLY:O	1:A:115:ALA:HB2	0.77	1.79	21	1
1:A:6:LEU:HD22	1:A:23:ILE:HG21	0.77	1.57	6	10
1:A:7:ASP:HB3	1:A:77:THR:HG22	0.77	1.53	3	8
1:A:101:ALA:HB1	1:A:121:LEU:CD1	0.77	2.06	28	2
1:A:39:ALA:HB1	1:A:40:PRO:CD	0.77	2.08	12	15
1:A:20:VAL:CB	1:A:23:ILE:HD11	0.77	2.10	20	1
1:A:45:ILE:HD11	1:A:68:ILE:O	0.77	1.80	20	1
1:A:6:LEU:HD23	1:A:20:VAL:CG2	0.77	2.08	11	18
1:A:105:ILE:HD11	1:A:121:LEU:HB2	0.76	1.55	10	1
1:A:23:ILE:HG13	1:A:50:ILE:HD11	0.76	1.57	11	1
1:A:95:MET:HA	1:A:128:LEU:HD11	0.76	1.57	24	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:15:MET:SD	1:A:83:ALA:HB1	0.76	2.20	5	2
1:A:6:LEU:CD1	1:A:8:VAL:HG13	0.76	2.10	27	5
1:A:102:GLU:OE1	1:A:105:ILE:HD12	0.76	1.81	5	1
1:A:45:ILE:HG22	1:A:67:GLY:O	0.76	1.81	3	2
1:A:75:ASN:O	1:A:76:VAL:HG23	0.76	1.80	8	3
1:A:23:ILE:HG22	1:A:52:ILE:CG2	0.76	2.11	26	4
1:A:6:LEU:HD23	1:A:20:VAL:HG11	0.76	1.58	15	2
1:A:39:ALA:HB3	1:A:40:PRO:HD3	0.76	1.58	20	1
1:A:23:ILE:HG22	1:A:52:ILE:HG13	0.76	1.55	16	8
1:A:45:ILE:HD12	1:A:69:LEU:HB2	0.75	1.57	24	3
1:A:8:VAL:HG23	1:A:78:VAL:CG2	0.75	2.12	30	7
1:A:50:ILE:HD12	1:A:62:ILE:HB	0.75	1.58	15	1
1:A:87:GLN:OE1	1:A:134:THR:HG21	0.75	1.82	13	1
1:A:50:ILE:HG23	1:A:62:ILE:HB	0.74	1.59	11	1
1:A:45:ILE:HD11	1:A:69:LEU:N	0.74	1.97	2	3
1:A:8:VAL:HG21	1:A:64:LEU:HD21	0.74	1.58	15	1
1:A:2:MET:O	1:A:3:THR:HG22	0.74	1.81	8	1
1:A:128:LEU:O	1:A:128:LEU:HD23	0.74	1.82	28	1
1:A:5:HIS:O	1:A:76:VAL:HG12	0.74	1.82	3	2
1:A:69:LEU:HD13	1:A:78:VAL:HB	0.74	1.57	4	1
1:A:15:MET:HG2	1:A:62:ILE:HG21	0.74	1.59	20	2
1:A:45:ILE:HD12	1:A:45:ILE:N	0.74	1.96	2	2
1:A:6:LEU:HD21	1:A:23:ILE:HD12	0.74	1.60	4	1
1:A:45:ILE:HD11	1:A:69:LEU:HD13	0.73	1.59	15	2
1:A:19:LEU:C	1:A:20:VAL:HG12	0.73	2.03	17	21
1:A:45:ILE:HD13	1:A:78:VAL:HG21	0.73	1.59	27	2
1:A:3:THR:HG23	1:A:21:GLU:HG2	0.73	1.60	17	3
1:A:10:SER:OG	1:A:83:ALA:HB2	0.73	1.83	15	1
1:A:64:LEU:C	1:A:64:LEU:HD22	0.73	2.04	29	2
1:A:61:PHE:CZ	1:A:133:LEU:HD11	0.73	2.19	21	7
1:A:5:HIS:O	1:A:76:VAL:HG22	0.73	1.83	30	2
1:A:15:MET:HB3	1:A:62:ILE:HG21	0.72	1.59	28	3
1:A:6:LEU:HD12	1:A:6:LEU:C	0.72	2.04	17	19
1:A:105:ILE:HG22	1:A:105:ILE:O	0.72	1.84	27	15
1:A:23:ILE:CG2	1:A:52:ILE:HG22	0.72	2.12	20	1
1:A:41:LEU:HD11	1:A:69:LEU:HD11	0.72	1.59	8	1
1:A:20:VAL:HB	1:A:23:ILE:HD11	0.72	1.61	20	1
1:A:62:ILE:HD13	1:A:62:ILE:N	0.72	1.99	30	1
1:A:23:ILE:HA	1:A:52:ILE:HG23	0.72	1.60	3	14
1:A:45:ILE:N	1:A:45:ILE:HD13	0.72	2.00	25	2
1:A:112:VAL:HA	1:A:115:ALA:HB3	0.72	1.61	7	5

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:101:ALA:CB	1:A:121:LEU:HD12	0.72	2.08	28	3
1:A:87:GLN:CD	1:A:134:THR:HG21	0.72	2.05	28	1
1:A:43:THR:HG23	1:A:44:ALA:N	0.71	1.99	20	4
1:A:53:VAL:HG12	1:A:53:VAL:O	0.71	1.83	20	1
1:A:62:ILE:HG23	1:A:85:ARG:HG3	0.71	1.61	1	1
1:A:61:PHE:O	1:A:62:ILE:HD13	0.71	1.86	15	2
1:A:127:GLN:O	1:A:131:ILE:HG23	0.71	1.86	2	3
1:A:61:PHE:HD2	1:A:130:VAL:HG22	0.71	1.46	15	3
1:A:133:LEU:HD12	1:A:133:LEU:O	0.71	1.86	15	5
1:A:5:HIS:HA	1:A:20:VAL:HG12	0.70	1.63	26	5
1:A:79:LEU:HD12	1:A:79:LEU:N	0.70	2.02	10	3
1:A:64:LEU:HD22	1:A:80:ALA:CB	0.70	2.15	11	1
1:A:8:VAL:HG23	1:A:78:VAL:HG23	0.70	1.61	26	3
1:A:45:ILE:CD1	1:A:78:VAL:HG21	0.70	2.16	28	3
1:A:133:LEU:HD22	1:A:133:LEU:C	0.70	2.05	6	1
1:A:63:TYR:C	1:A:64:LEU:HD13	0.70	2.05	28	1
1:A:6:LEU:CB	1:A:16:PHE:CD2	0.70	2.74	26	11
1:A:38:HIS:CE1	1:A:71:VAL:HG21	0.70	2.21	12	1
1:A:44:ALA:C	1:A:45:ILE:HD13	0.70	2.07	21	2
1:A:23:ILE:HD11	1:A:34:ILE:HG12	0.70	1.62	29	2
1:A:15:MET:CE	1:A:83:ALA:HB1	0.70	2.16	17	10
1:A:130:VAL:O	1:A:134:THR:HG23	0.70	1.86	6	5
1:A:6:LEU:HD11	1:A:16:PHE:HB3	0.70	1.62	22	1
1:A:91:GLU:HB2	1:A:131:ILE:HG21	0.69	1.63	22	1
1:A:91:GLU:HA	1:A:131:ILE:HD11	0.69	1.61	3	5
1:A:16:PHE:CZ	1:A:20:VAL:HB	0.69	2.23	22	24
1:A:6:LEU:HD21	1:A:52:ILE:CD1	0.69	2.17	17	8
1:A:69:LEU:HD12	1:A:70:GLU:N	0.69	2.02	5	5
1:A:101:ALA:HB1	1:A:121:LEU:HD13	0.69	1.64	19	3
1:A:16:PHE:CE2	1:A:20:VAL:CG1	0.69	2.76	20	3
1:A:84:ILE:O	1:A:84:ILE:HG22	0.69	1.85	13	10
1:A:71:VAL:HG23	1:A:76:VAL:HG22	0.69	1.65	21	4
1:A:8:VAL:HG13	1:A:8:VAL:O	0.69	1.85	14	11
1:A:25:VAL:HG23	1:A:33:GLY:HA2	0.69	1.64	2	2
1:A:44:ALA:O	1:A:45:ILE:HG23	0.69	1.87	9	3
1:A:69:LEU:HA	1:A:78:VAL:HG12	0.69	1.65	26	4
1:A:86:GLY:CA	1:A:130:VAL:HG23	0.68	2.18	25	2
1:A:61:PHE:HZ	1:A:133:LEU:HD11	0.68	1.48	10	3
1:A:69:LEU:C	1:A:69:LEU:HD23	0.68	2.08	12	8
1:A:69:LEU:HD13	1:A:69:LEU:C	0.68	2.08	2	2
1:A:118:SER:O	1:A:122:ALA:HB3	0.68	1.88	10	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:19:LEU:N	1:A:19:LEU:CD2	0.68	2.56	15	2
1:A:127:GLN:O	1:A:131:ILE:HG22	0.68	1.89	15	4
1:A:50:ILE:HD13	1:A:50:ILE:O	0.68	1.88	15	2
1:A:19:LEU:N	1:A:19:LEU:HD23	0.68	2.03	15	2
1:A:84:ILE:HG23	1:A:88:ASP:CG	0.68	2.09	29	1
1:A:32:LEU:HD13	1:A:35:TYR:OH	0.68	1.88	14	3
1:A:15:MET:HE3	1:A:83:ALA:HB1	0.68	1.66	17	5
1:A:4:TYR:CZ	1:A:34:ILE:CG2	0.68	2.77	20	7
1:A:50:ILE:HG22	1:A:62:ILE:O	0.68	1.89	14	2
1:A:46:LYS:HD2	1:A:69:LEU:HD11	0.67	1.66	4	2
1:A:69:LEU:CG	1:A:78:VAL:HA	0.67	2.19	21	1
1:A:94:ALA:HB1	1:A:127:GLN:OE1	0.67	1.89	30	1
1:A:125:ILE:N	1:A:125:ILE:HD12	0.67	2.05	21	10
1:A:64:LEU:N	1:A:64:LEU:HD23	0.67	2.05	21	3
1:A:71:VAL:HG23	1:A:76:VAL:HG12	0.67	1.65	20	2
1:A:3:THR:HG23	1:A:21:GLU:CG	0.67	2.20	18	4
1:A:8:VAL:O	1:A:9:VAL:HG13	0.67	1.90	27	1
1:A:45:ILE:HD12	1:A:78:VAL:HB	0.67	1.67	3	1
1:A:6:LEU:HD21	1:A:23:ILE:CD1	0.67	2.20	4	2
1:A:25:VAL:HG22	1:A:50:ILE:CG1	0.66	2.20	5	2
1:A:4:TYR:CD1	1:A:20:VAL:HG22	0.66	2.25	19	3
1:A:6:LEU:CG	1:A:16:PHE:CD1	0.66	2.78	1	8
1:A:50:ILE:HD11	1:A:52:ILE:HD11	0.66	1.67	3	1
1:A:3:THR:HG21	1:A:55:GLN:CG	0.66	2.21	8	4
1:A:101:ALA:CB	1:A:121:LEU:HD11	0.66	2.20	23	3
1:A:98:LYS:HG3	1:A:125:ILE:HD11	0.66	1.67	2	1
1:A:7:ASP:CB	1:A:77:THR:HG22	0.66	2.21	3	3
1:A:3:THR:HG23	1:A:21:GLU:HG3	0.66	1.67	5	4
1:A:49:MET:HB2	1:A:130:VAL:HG13	0.66	1.67	29	1
1:A:25:VAL:HG21	1:A:46:LYS:HG3	0.66	1.66	11	1
1:A:50:ILE:C	1:A:50:ILE:HD13	0.66	2.11	11	2
1:A:45:ILE:CD1	1:A:69:LEU:HD21	0.66	2.20	11	1
1:A:6:LEU:HD22	1:A:76:VAL:HG22	0.66	1.67	19	1
1:A:102:GLU:O	1:A:105:ILE:HG22	0.66	1.91	30	1
1:A:16:PHE:CZ	1:A:20:VAL:HG12	0.66	2.26	15	3
1:A:69:LEU:HD12	1:A:69:LEU:C	0.65	2.11	5	1
1:A:6:LEU:HD21	1:A:52:ILE:HD13	0.65	1.68	11	2
1:A:6:LEU:HG	1:A:16:PHE:CD1	0.65	2.27	1	8
1:A:69:LEU:C	1:A:69:LEU:HD12	0.65	2.11	19	3
1:A:8:VAL:HG12	1:A:16:PHE:HB3	0.65	1.68	14	5
1:A:69:LEU:CB	1:A:78:VAL:HA	0.65	2.21	21	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:34:ILE:HD12	1:A:38:HIS:ND1	0.65	2.07	12	1
1:A:38:HIS:O	1:A:39:ALA:HB3	0.65	1.92	25	4
1:A:46:LYS:N	1:A:47:PRO:HD3	0.65	2.07	7	4
1:A:23:ILE:CD1	1:A:25:VAL:HG23	0.65	2.22	7	1
1:A:40:PRO:CA	1:A:71:VAL:HG11	0.65	2.21	17	1
1:A:16:PHE:CE2	1:A:20:VAL:HG11	0.65	2.26	20	3
1:A:45:ILE:HD12	1:A:69:LEU:HD12	0.65	1.69	27	1
1:A:23:ILE:HD12	1:A:52:ILE:CD1	0.65	2.22	12	1
1:A:25:VAL:HG22	1:A:50:ILE:HG12	0.64	1.67	4	3
1:A:86:GLY:HA2	1:A:130:VAL:HG23	0.64	1.68	25	5
1:A:105:ILE:HD11	1:A:121:LEU:HG	0.64	1.69	23	4
1:A:38:HIS:O	1:A:39:ALA:HB2	0.64	1.91	20	2
1:A:35:TYR:CD1	1:A:35:TYR:N	0.64	2.63	13	28
1:A:23:ILE:HG22	1:A:52:ILE:HG23	0.64	1.68	26	3
1:A:8:VAL:HG13	1:A:15:MET:HB3	0.64	1.69	7	2
1:A:6:LEU:HD21	1:A:23:ILE:HD13	0.64	1.68	19	2
1:A:4:TYR:CE2	1:A:34:ILE:CG2	0.64	2.81	26	22
1:A:69:LEU:HD22	1:A:69:LEU:C	0.64	2.12	30	2
1:A:8:VAL:HG13	1:A:15:MET:HB2	0.64	1.68	3	1
1:A:101:ALA:HB2	1:A:121:LEU:HD22	0.64	1.69	4	1
1:A:10:SER:O	1:A:11:ALA:HB3	0.64	1.92	11	6
1:A:69:LEU:HB2	1:A:78:VAL:HA	0.64	1.69	21	1
1:A:23:ILE:CA	1:A:52:ILE:HG23	0.64	2.23	22	12
1:A:53:VAL:O	1:A:54:LYS:CB	0.64	2.45	23	9
1:A:34:ILE:HG13	1:A:76:VAL:HG21	0.64	1.70	22	1
1:A:15:MET:HB3	1:A:62:ILE:HD13	0.63	1.70	3	3
1:A:50:ILE:HG23	1:A:50:ILE:O	0.63	1.93	9	7
1:A:45:ILE:HD13	1:A:69:LEU:CB	0.63	2.23	12	1
1:A:2:MET:O	1:A:3:THR:HG23	0.63	1.93	30	3
1:A:52:ILE:HD13	1:A:52:ILE:N	0.63	2.09	20	1
1:A:5:HIS:CD2	1:A:5:HIS:C	0.62	2.72	17	17
1:A:70:GLU:O	1:A:76:VAL:HG23	0.62	1.93	23	5
1:A:45:ILE:HD12	1:A:69:LEU:CB	0.62	2.23	24	1
1:A:19:LEU:C	1:A:19:LEU:CD2	0.62	2.66	14	3
1:A:52:ILE:HD13	1:A:52:ILE:H	0.62	1.53	20	1
1:A:87:GLN:H	1:A:131:ILE:HG22	0.62	1.55	21	1
1:A:63:TYR:HE1	1:A:84:ILE:HD13	0.62	1.54	14	1
1:A:50:ILE:HG23	1:A:62:ILE:N	0.62	2.09	23	4
1:A:10:SER:CB	1:A:83:ALA:HB2	0.62	2.24	19	5
1:A:4:TYR:CE1	1:A:20:VAL:CG2	0.62	2.82	20	1
1:A:64:LEU:N	1:A:64:LEU:CD1	0.62	2.63	29	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:91:GLU:CB	1:A:131:ILE:HD11	0.62	2.24	30	2
1:A:69:LEU:HB3	1:A:77:THR:O	0.62	1.93	21	1
1:A:53:VAL:HG22	1:A:59:GLU:HB3	0.61	1.70	8	2
1:A:8:VAL:HG23	1:A:78:VAL:HG13	0.61	1.71	15	2
1:A:133:LEU:C	1:A:133:LEU:HD12	0.61	2.14	7	2
1:A:131:ILE:HD13	1:A:131:ILE:C	0.61	2.15	12	3
1:A:62:ILE:O	1:A:130:VAL:HG11	0.61	1.95	22	1
1:A:20:VAL:CG2	1:A:21:GLU:N	0.61	2.62	15	14
1:A:50:ILE:HD13	1:A:50:ILE:C	0.61	2.15	15	4
1:A:10:SER:HB3	1:A:80:ALA:HB3	0.61	1.70	17	3
1:A:35:TYR:CB	1:A:36:PRO:CD	0.61	2.79	4	20
1:A:42:LEU:HD12	1:A:42:LEU:O	0.61	1.95	5	1
1:A:4:TYR:O	1:A:20:VAL:HG13	0.61	1.95	1	2
1:A:91:GLU:HB3	1:A:131:ILE:HG21	0.61	1.71	2	1
1:A:19:LEU:H	1:A:19:LEU:HD13	0.61	1.53	17	3
1:A:26:THR:HA	1:A:31:GLU:CB	0.61	2.26	25	2
1:A:6:LEU:HD11	1:A:16:PHE:CB	0.61	2.25	22	1
1:A:20:VAL:CG2	1:A:23:ILE:CG1	0.61	2.79	3	1
1:A:38:HIS:CG	1:A:38:HIS:O	0.61	2.54	19	3
1:A:72:GLN:CB	1:A:73:PRO:CD	0.61	2.78	12	25
1:A:6:LEU:HD11	1:A:16:PHE:CG	0.61	2.31	22	1
1:A:61:PHE:CD2	1:A:133:LEU:HD22	0.60	2.30	4	1
1:A:6:LEU:N	1:A:20:VAL:HG11	0.60	2.10	14	18
1:A:4:TYR:CD1	1:A:20:VAL:O	0.60	2.54	14	3
1:A:24:GLN:O	1:A:50:ILE:HD12	0.60	1.96	1	2
1:A:6:LEU:HB3	1:A:16:PHE:CD2	0.60	2.30	18	11
1:A:25:VAL:HG13	1:A:50:ILE:HG12	0.60	1.73	4	1
1:A:105:ILE:HG13	1:A:121:LEU:HD13	0.60	1.72	20	1
1:A:15:MET:HE2	1:A:83:ALA:HB1	0.60	1.73	4	2
1:A:45:ILE:HD11	1:A:69:LEU:HB2	0.60	1.71	16	1
1:A:8:VAL:HG23	1:A:78:VAL:HG21	0.60	1.71	11	1
1:A:46:LYS:CD	1:A:69:LEU:HD11	0.60	2.26	7	1
1:A:52:ILE:HG22	1:A:60:GLU:O	0.60	1.96	8	2
1:A:7:ASP:HB3	1:A:77:THR:HG23	0.60	1.72	14	2
1:A:4:TYR:HH	1:A:34:ILE:HG22	0.60	1.55	19	1
1:A:78:VAL:O	1:A:78:VAL:HG23	0.60	1.96	14	1
1:A:131:ILE:C	1:A:131:ILE:HD13	0.60	2.17	16	1
1:A:45:ILE:CD1	1:A:69:LEU:CB	0.60	2.79	12	3
1:A:121:LEU:HD23	1:A:125:ILE:CG1	0.60	2.27	20	1
1:A:6:LEU:HG	1:A:16:PHE:CD2	0.59	2.32	27	18
1:A:45:ILE:HD13	1:A:69:LEU:HB2	0.59	1.72	12	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:66:GLY:O	1:A:80:ALA:HB1	0.59	1.97	27	1
1:A:128:LEU:C	1:A:128:LEU:HD23	0.59	2.17	12	3
1:A:69:LEU:HD23	1:A:69:LEU:C	0.59	2.16	22	5
1:A:34:ILE:C	1:A:35:TYR:CD1	0.59	2.76	16	15
1:A:121:LEU:O	1:A:125:ILE:HD13	0.59	1.98	18	3
1:A:84:ILE:HG23	1:A:88:ASP:HB2	0.59	1.75	18	1
1:A:6:LEU:CG	1:A:16:PHE:CD2	0.59	2.86	27	13
1:A:49:MET:SD	1:A:130:VAL:HG13	0.59	2.38	8	2
1:A:16:PHE:CE1	1:A:20:VAL:HB	0.59	2.33	11	7
1:A:46:LYS:N	1:A:47:PRO:CD	0.59	2.66	4	4
1:A:64:LEU:H	1:A:64:LEU:HD23	0.59	1.58	20	1
1:A:32:LEU:HD23	1:A:35:TYR:OH	0.59	1.96	28	2
1:A:6:LEU:HD21	1:A:16:PHE:CD1	0.59	2.33	1	4
1:A:45:ILE:HD12	1:A:78:VAL:CB	0.59	2.27	3	1
1:A:125:ILE:HG22	1:A:125:ILE:O	0.59	1.96	4	10
1:A:45:ILE:HG23	1:A:45:ILE:O	0.59	1.98	29	1
1:A:122:ALA:HA	1:A:125:ILE:HD13	0.59	1.74	30	1
1:A:68:ILE:O	1:A:68:ILE:HG23	0.59	1.97	15	3
1:A:111:ASP:O	1:A:112:VAL:HG22	0.59	1.98	15	8
1:A:10:SER:CB	1:A:80:ALA:HB3	0.59	2.28	9	3
1:A:91:GLU:HB3	1:A:131:ILE:HD11	0.58	1.75	8	1
1:A:4:TYR:OH	1:A:34:ILE:CG2	0.58	2.52	3	11
1:A:101:ALA:HB3	1:A:121:LEU:HD12	0.58	1.73	14	1
1:A:4:TYR:CD2	1:A:6:LEU:CD2	0.58	2.85	15	3
1:A:50:ILE:HD12	1:A:62:ILE:CB	0.58	2.27	15	1
1:A:125:ILE:N	1:A:125:ILE:CD1	0.58	2.66	9	8
1:A:111:ASP:O	1:A:115:ALA:HB3	0.58	1.98	17	4
1:A:69:LEU:HD23	1:A:70:GLU:N	0.58	2.12	12	2
1:A:101:ALA:HB3	1:A:121:LEU:HD11	0.58	1.73	23	1
1:A:38:HIS:CD2	1:A:39:ALA:O	0.58	2.57	3	3
1:A:112:VAL:CA	1:A:115:ALA:HB3	0.58	2.28	7	1
1:A:63:TYR:HE1	1:A:84:ILE:HD12	0.58	1.58	1	2
1:A:48:GLY:O	1:A:63:TYR:CD2	0.58	2.57	28	9
1:A:79:LEU:C	1:A:79:LEU:HD23	0.58	2.18	21	3
1:A:20:VAL:CG2	1:A:23:ILE:CG2	0.58	2.82	8	5
1:A:49:MET:CE	1:A:130:VAL:HG23	0.58	2.29	13	3
1:A:101:ALA:HB1	1:A:121:LEU:CD2	0.58	2.27	23	1
1:A:19:LEU:HD22	1:A:19:LEU:N	0.58	2.14	14	3
1:A:3:THR:HG22	1:A:21:GLU:HA	0.58	1.76	7	1
1:A:49:MET:HE1	1:A:130:VAL:HG23	0.58	1.74	13	1
1:A:64:LEU:N	1:A:64:LEU:CD2	0.58	2.66	21	2

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:16:PHE:CZ	1:A:20:VAL:CG1	0.58	2.86	20	3
1:A:50:ILE:CD1	1:A:51:ARG:N	0.58	2.65	20	1
1:A:38:HIS:CE1	1:A:41:LEU:HD23	0.57	2.33	3	1
1:A:6:LEU:CD2	1:A:52:ILE:CD1	0.57	2.82	5	1
1:A:23:ILE:HG22	1:A:52:ILE:CD1	0.57	2.29	16	3
1:A:19:LEU:O	1:A:20:VAL:HG12	0.57	1.99	14	9
1:A:55:GLN:OE1	1:A:56:HIS:CG	0.57	2.57	14	1
1:A:4:TYR:CG	1:A:20:VAL:CG2	0.57	2.79	19	2
1:A:50:ILE:HG22	1:A:62:ILE:C	0.57	2.19	1	2
1:A:38:HIS:O	1:A:38:HIS:CG	0.57	2.57	25	2
1:A:6:LEU:CD2	1:A:23:ILE:CG2	0.57	2.81	10	8
1:A:133:LEU:N	1:A:133:LEU:CD1	0.57	2.67	11	3
1:A:33:GLY:O	1:A:35:TYR:CE1	0.57	2.56	15	4
1:A:45:ILE:HD11	1:A:69:LEU:CD1	0.57	2.29	15	1
1:A:35:TYR:CB	1:A:36:PRO:HD2	0.57	2.29	19	22
1:A:63:TYR:CE1	1:A:84:ILE:CD1	0.57	2.86	30	1
1:A:108:SER:O	1:A:109:HIS:CG	0.57	2.57	9	2
1:A:8:VAL:HG21	1:A:62:ILE:HG21	0.57	1.76	11	1
1:A:84:ILE:HG21	1:A:127:GLN:HG3	0.57	1.75	12	1
1:A:20:VAL:HG21	1:A:23:ILE:HD11	0.57	1.75	20	1
1:A:23:ILE:HD12	1:A:52:ILE:CG2	0.57	2.28	20	1
1:A:39:ALA:O	1:A:71:VAL:HG11	0.57	1.99	2	6
1:A:25:VAL:HG13	1:A:50:ILE:CG1	0.57	2.30	4	1
1:A:23:ILE:CG1	1:A:34:ILE:N	0.57	2.68	7	5
1:A:7:ASP:O	1:A:77:THR:HG23	0.57	2.00	13	3
1:A:34:ILE:CG2	1:A:76:VAL:HG11	0.57	2.30	19	1
1:A:45:ILE:CD1	1:A:69:LEU:N	0.56	2.68	24	3
1:A:105:ILE:CD1	1:A:117:ALA:HB1	0.56	2.24	8	2
1:A:105:ILE:HG23	1:A:117:ALA:HB1	0.56	1.77	13	1
1:A:84:ILE:HD12	1:A:84:ILE:N	0.56	2.15	8	5
1:A:49:MET:C	1:A:50:ILE:HG22	0.56	2.20	15	1
1:A:6:LEU:N	1:A:20:VAL:CG1	0.56	2.69	28	19
1:A:5:HIS:CG	1:A:18:GLY:O	0.56	2.58	26	1
1:A:63:TYR:CD1	1:A:63:TYR:O	0.56	2.58	22	4
1:A:84:ILE:N	1:A:84:ILE:CD1	0.56	2.69	12	1
1:A:21:GLU:O	1:A:23:ILE:HD12	0.56	2.01	3	1
1:A:8:VAL:CG2	1:A:78:VAL:HG13	0.56	2.29	15	1
1:A:45:ILE:HD11	1:A:78:VAL:HG21	0.56	1.77	3	1
1:A:63:TYR:CE1	1:A:84:ILE:HD13	0.56	2.35	12	3
1:A:5:HIS:CA	1:A:20:VAL:CG1	0.56	2.84	14	4
1:A:63:TYR:CD1	1:A:63:TYR:C	0.56	2.79	7	21

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:6:LEU:HA	1:A:76:VAL:HG22	0.56	1.77	10	3
1:A:10:SER:O	1:A:83:ALA:HB3	0.56	1.99	9	1
1:A:62:ILE:HG22	1:A:63:TYR:N	0.56	2.16	9	7
1:A:23:ILE:CG2	1:A:52:ILE:CG1	0.56	2.82	24	7
1:A:15:MET:SD	1:A:62:ILE:HG23	0.56	2.40	27	4
1:A:4:TYR:HB2	1:A:20:VAL:C	0.56	2.22	15	3
1:A:63:TYR:C	1:A:63:TYR:CD1	0.56	2.80	28	1
1:A:3:THR:HG22	1:A:21:GLU:CG	0.55	2.31	28	4
1:A:19:LEU:C	1:A:20:VAL:CG1	0.55	2.74	16	14
1:A:4:TYR:CD1	1:A:4:TYR:N	0.55	2.74	7	17
1:A:6:LEU:HG	1:A:16:PHE:CE1	0.55	2.37	1	8
1:A:4:TYR:OH	1:A:23:ILE:CG2	0.55	2.55	12	7
1:A:106:SER:O	1:A:107:SER:CB	0.55	2.54	26	7
1:A:105:ILE:HD11	1:A:121:LEU:CG	0.55	2.32	17	3
1:A:22:LYS:C	1:A:23:ILE:HD13	0.55	2.21	16	1
1:A:95:MET:HG2	1:A:128:LEU:HD21	0.55	1.78	30	2
1:A:25:VAL:HG12	1:A:33:GLY:HA2	0.55	1.77	19	2
1:A:8:VAL:CG2	1:A:78:VAL:CG2	0.55	2.83	26	4
1:A:128:LEU:HD23	1:A:128:LEU:O	0.55	2.01	12	3
1:A:76:VAL:HG22	1:A:77:THR:N	0.55	2.16	1	3
1:A:6:LEU:HB2	1:A:16:PHE:CE2	0.55	2.37	26	7
1:A:61:PHE:CE2	1:A:130:VAL:O	0.55	2.59	15	2
1:A:61:PHE:O	1:A:61:PHE:CD1	0.55	2.59	30	2
1:A:63:TYR:CG	1:A:127:GLN:CG	0.55	2.90	1	1
1:A:35:TYR:HB3	1:A:36:PRO:HD2	0.55	1.78	15	10
1:A:71:VAL:HA	1:A:76:VAL:HG23	0.55	1.79	5	2
1:A:63:TYR:HE2	1:A:126:ALA:HB3	0.55	1.61	13	5
1:A:39:ALA:N	1:A:40:PRO:CD	0.55	2.69	20	1
1:A:34:ILE:HG21	1:A:76:VAL:HG11	0.55	1.79	6	3
1:A:61:PHE:CZ	1:A:133:LEU:HB3	0.55	2.37	14	2
1:A:63:TYR:CD2	1:A:84:ILE:HB	0.55	2.37	20	2
1:A:16:PHE:CZ	1:A:55:GLN:HB2	0.55	2.37	11	1
1:A:23:ILE:N	1:A:23:ILE:CD1	0.55	2.63	16	1
1:A:15:MET:HE3	1:A:62:ILE:HG22	0.55	1.78	28	1
1:A:2:MET:O	1:A:3:THR:O	0.55	2.25	8	9
1:A:53:VAL:HG22	1:A:59:GLU:CB	0.55	2.31	8	1
1:A:9:VAL:HG13	1:A:14:GLN:HA	0.55	1.76	29	1
1:A:61:PHE:CD1	1:A:61:PHE:N	0.55	2.75	12	3
1:A:43:THR:O	1:A:68:ILE:HG23	0.55	2.02	9	3
1:A:2:MET:O	1:A:3:THR:CG2	0.55	2.53	8	1
1:A:46:LYS:CB	1:A:47:PRO:CD	0.55	2.85	19	4

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:3:THR:HG23	1:A:3:THR:O	0.55	2.01	16	3
1:A:4:TYR:CB	1:A:20:VAL:CG1	0.55	2.83	19	1
1:A:63:TYR:CG	1:A:127:GLN:HG2	0.54	2.36	1	1
1:A:72:GLN:CB	1:A:73:PRO:HD2	0.54	2.32	12	20
1:A:35:TYR:HB3	1:A:36:PRO:CD	0.54	2.32	6	10
1:A:50:ILE:O	1:A:61:PHE:CB	0.54	2.54	23	7
1:A:55:GLN:O	1:A:56:HIS:CB	0.54	2.54	4	3
1:A:23:ILE:CB	1:A:52:ILE:HG13	0.54	2.32	24	9
1:A:6:LEU:CB	1:A:76:VAL:CG2	0.54	2.85	17	1
1:A:61:PHE:CD2	1:A:130:VAL:HB	0.54	2.38	5	7
1:A:39:ALA:CB	1:A:40:PRO:CD	0.54	2.79	12	11
1:A:44:ALA:O	1:A:69:LEU:HD23	0.54	2.01	5	2
1:A:57:GLY:C	1:A:58:HIS:CD2	0.54	2.81	28	2
1:A:3:THR:HG21	1:A:55:GLN:CB	0.54	2.31	17	1
1:A:49:MET:HB2	1:A:130:VAL:HG11	0.54	1.79	28	2
1:A:23:ILE:HG12	1:A:34:ILE:N	0.54	2.18	29	7
1:A:20:VAL:HG21	1:A:23:ILE:HG21	0.54	1.78	5	2
1:A:24:GLN:CG	1:A:51:ARG:CB	0.54	2.86	6	1
1:A:76:VAL:CG1	1:A:77:THR:N	0.54	2.71	16	1
1:A:57:GLY:O	1:A:58:HIS:CD2	0.54	2.60	28	1
1:A:91:GLU:CG	1:A:131:ILE:HD11	0.54	2.33	30	1
1:A:8:VAL:HG23	1:A:15:MET:HB2	0.54	1.77	10	1
1:A:4:TYR:OH	1:A:23:ILE:CD1	0.54	2.56	16	1
1:A:16:PHE:CE2	1:A:20:VAL:HB	0.54	2.38	5	15
1:A:25:VAL:HG23	1:A:50:ILE:HB	0.54	1.80	11	1
1:A:87:GLN:O	1:A:88:ASP:CB	0.54	2.55	18	1
1:A:71:VAL:HG23	1:A:76:VAL:CG1	0.54	2.32	19	2
1:A:23:ILE:HG22	1:A:52:ILE:HG21	0.54	1.80	26	2
1:A:54:LYS:CG	1:A:55:GLN:N	0.54	2.70	7	5
1:A:66:GLY:O	1:A:80:ALA:CB	0.54	2.56	27	2
1:A:91:GLU:HG3	1:A:131:ILE:HD11	0.54	1.79	12	1
1:A:50:ILE:CG2	1:A:51:ARG:N	0.54	2.70	29	1
1:A:50:ILE:O	1:A:50:ILE:CG2	0.54	2.55	9	4
1:A:16:PHE:CD1	1:A:52:ILE:HD13	0.54	2.38	10	1
1:A:45:ILE:HD11	1:A:78:VAL:HB	0.54	1.78	13	1
1:A:15:MET:HE1	1:A:84:ILE:O	0.54	2.02	15	1
1:A:63:TYR:CD1	1:A:84:ILE:HB	0.54	2.38	30	17
1:A:34:ILE:C	1:A:35:TYR:CG	0.54	2.81	10	7
1:A:117:ALA:O	1:A:121:LEU:HD23	0.54	2.02	28	1
1:A:24:GLN:O	1:A:50:ILE:CD1	0.54	2.56	1	1
1:A:54:LYS:O	1:A:56:HIS:N	0.54	2.41	18	9

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:62:ILE:CG2	1:A:63:TYR:N	0.54	2.71	11	5
1:A:43:THR:O	1:A:68:ILE:HG22	0.54	2.03	3	1
1:A:44:ALA:C	1:A:45:ILE:HD12	0.54	2.22	16	1
1:A:5:HIS:CB	1:A:18:GLY:O	0.53	2.56	26	1
1:A:6:LEU:C	1:A:6:LEU:CD1	0.53	2.75	8	15
1:A:47:PRO:CA	1:A:65:SER:O	0.53	2.57	30	4
1:A:45:ILE:N	1:A:45:ILE:CD1	0.53	2.67	25	4
1:A:86:GLY:CA	1:A:130:VAL:CG2	0.53	2.86	25	2
1:A:57:GLY:O	1:A:58:HIS:CB	0.53	2.56	10	4
1:A:111:ASP:O	1:A:112:VAL:CG2	0.53	2.56	13	8
1:A:39:ALA:O	1:A:71:VAL:CG1	0.53	2.56	19	2
1:A:52:ILE:HG22	1:A:53:VAL:N	0.53	2.19	12	12
1:A:38:HIS:O	1:A:39:ALA:CB	0.53	2.56	20	5
1:A:82:THR:HG22	1:A:83:ALA:N	0.53	2.17	24	4
1:A:130:VAL:O	1:A:133:LEU:CD1	0.53	2.56	6	1
1:A:23:ILE:HD11	1:A:33:GLY:HA2	0.53	1.79	7	1
1:A:105:ILE:HG21	1:A:114:TYR:CD1	0.53	2.37	11	1
1:A:16:PHE:CE1	1:A:19:LEU:O	0.53	2.62	22	2
1:A:56:HIS:O	1:A:56:HIS:CG	0.53	2.58	29	2
1:A:5:HIS:O	1:A:76:VAL:CG1	0.53	2.57	3	1
1:A:5:HIS:HA	1:A:20:VAL:CG1	0.53	2.32	14	4
1:A:45:ILE:HD11	1:A:69:LEU:HB3	0.53	1.78	16	3
1:A:105:ILE:CD1	1:A:121:LEU:HD13	0.53	2.32	15	1
1:A:6:LEU:CD2	1:A:52:ILE:HD13	0.53	2.33	4	2
1:A:113:ASP:OD1	1:A:114:TYR:N	0.53	2.42	15	4
1:A:118:SER:O	1:A:122:ALA:CB	0.53	2.57	8	2
1:A:61:PHE:CZ	1:A:133:LEU:CB	0.53	2.92	14	2
1:A:5:HIS:ND1	1:A:18:GLY:O	0.53	2.42	26	1
1:A:88:ASP:O	1:A:90:ASP:N	0.53	2.42	1	3
1:A:72:GLN:CB	1:A:75:ASN:O	0.53	2.57	24	5
1:A:45:ILE:CD1	1:A:69:LEU:HB3	0.53	2.33	12	2
1:A:11:ALA:HB2	1:A:81:ASP:O	0.53	2.03	30	2
1:A:45:ILE:O	1:A:45:ILE:HG22	0.53	2.03	1	1
1:A:23:ILE:HD13	1:A:34:ILE:O	0.53	2.03	3	1
1:A:111:ASP:O	1:A:115:ALA:CB	0.53	2.57	17	5
1:A:53:VAL:O	1:A:54:LYS:HB2	0.53	2.04	22	6
1:A:25:VAL:CG1	1:A:32:LEU:O	0.53	2.57	11	1
1:A:114:TYR:C	1:A:114:TYR:CD1	0.53	2.82	26	3
1:A:114:TYR:CD1	1:A:114:TYR:O	0.53	2.62	4	3
1:A:20:VAL:HG23	1:A:21:GLU:H	0.53	1.60	15	3
1:A:5:HIS:CA	1:A:20:VAL:HG12	0.53	2.33	22	2

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:128:LEU:HA	1:A:131:ILE:HD12	0.53	1.80	22	1
1:A:42:LEU:HD21	1:A:70:GLU:OE1	0.53	2.04	30	1
1:A:24:GLN:N	1:A:51:ARG:O	0.53	2.41	3	5
1:A:34:ILE:CG2	1:A:35:TYR:N	0.53	2.71	12	5
1:A:16:PHE:CZ	1:A:19:LEU:O	0.53	2.62	26	4
1:A:133:LEU:N	1:A:133:LEU:HD12	0.53	2.19	9	2
1:A:24:GLN:O	1:A:50:ILE:CB	0.53	2.57	15	1
1:A:46:LYS:CG	1:A:47:PRO:HD2	0.53	2.34	19	1
1:A:55:GLN:OE1	1:A:56:HIS:CB	0.53	2.57	19	1
1:A:4:TYR:CE1	1:A:20:VAL:HG22	0.53	2.38	29	5
1:A:76:VAL:CG2	1:A:77:THR:N	0.53	2.71	11	4
1:A:105:ILE:O	1:A:105:ILE:CG2	0.53	2.57	22	11
1:A:44:ALA:O	1:A:45:ILE:CG2	0.53	2.57	4	3
1:A:3:THR:HG21	1:A:55:GLN:HG3	0.53	1.79	10	2
1:A:34:ILE:CD1	1:A:38:HIS:ND1	0.53	2.72	12	4
1:A:74:GLY:O	1:A:75:ASN:CB	0.53	2.54	15	7
1:A:84:ILE:HG22	1:A:88:ASP:HB2	0.53	1.81	25	1
1:A:64:LEU:N	1:A:64:LEU:HD13	0.53	2.18	29	1
1:A:98:LYS:O	1:A:102:GLU:CB	0.53	2.57	29	1
1:A:6:LEU:CD2	1:A:16:PHE:CD1	0.52	2.92	1	3
1:A:125:ILE:O	1:A:125:ILE:CG2	0.52	2.57	4	12
1:A:42:LEU:O	1:A:70:GLU:CA	0.52	2.57	3	1
1:A:3:THR:HG22	1:A:55:GLN:HA	0.52	1.80	5	1
1:A:25:VAL:CG2	1:A:46:LYS:O	0.52	2.57	21	1
1:A:10:SER:OG	1:A:80:ALA:HB3	0.52	2.03	1	2
1:A:86:GLY:O	1:A:87:GLN:CB	0.52	2.56	1	2
1:A:53:VAL:HG22	1:A:59:GLU:HG3	0.52	1.81	2	1
1:A:107:SER:O	1:A:108:SER:CB	0.52	2.56	26	4
1:A:4:TYR:HE2	1:A:34:ILE:HG22	0.52	1.59	8	2
1:A:64:LEU:HD22	1:A:65:SER:N	0.52	2.19	29	1
1:A:8:VAL:HB	1:A:78:VAL:HG13	0.52	1.82	4	1
1:A:78:VAL:O	1:A:78:VAL:CG2	0.52	2.57	14	1
1:A:23:ILE:CD1	1:A:34:ILE:O	0.52	2.57	3	2
1:A:45:ILE:HD13	1:A:78:VAL:HG11	0.52	1.81	5	1
1:A:87:GLN:HB3	1:A:131:ILE:HG22	0.52	1.80	9	1
1:A:69:LEU:CB	1:A:77:THR:O	0.52	2.57	21	1
1:A:91:GLU:CB	1:A:131:ILE:HD12	0.52	2.35	21	1
1:A:8:VAL:O	1:A:8:VAL:CG1	0.52	2.57	14	3
1:A:23:ILE:O	1:A:33:GLY:HA3	0.52	2.04	16	2
1:A:20:VAL:HG21	1:A:23:ILE:CG1	0.52	2.35	3	1
1:A:101:ALA:CB	1:A:121:LEU:HD13	0.52	2.34	21	2

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:23:ILE:CG2	1:A:52:ILE:HG13	0.52	2.33	6	6
1:A:34:ILE:HG22	1:A:35:TYR:N	0.52	2.20	3	2
1:A:85:ARG:N	1:A:88:ASP:OD2	0.52	2.43	4	1
1:A:131:ILE:HG23	1:A:132:GLU:N	0.52	2.20	8	7
1:A:4:TYR:O	1:A:20:VAL:N	0.52	2.43	22	4
1:A:6:LEU:HD23	1:A:20:VAL:CG1	0.52	2.33	15	1
1:A:35:TYR:HB2	1:A:36:PRO:HD2	0.52	1.82	21	20
1:A:85:ARG:O	1:A:87:GLN:N	0.52	2.43	1	2
1:A:27:GLY:CA	1:A:47:PRO:O	0.52	2.58	17	4
1:A:105:ILE:O	1:A:107:SER:N	0.52	2.42	4	5
1:A:25:VAL:HG13	1:A:30:GLY:O	0.52	2.05	12	1
1:A:5:HIS:CD2	1:A:18:GLY:CA	0.52	2.93	14	1
1:A:75:ASN:N	1:A:75:ASN:OD1	0.52	2.43	28	4
1:A:112:VAL:O	1:A:116:GLN:CG	0.52	2.58	17	1
1:A:53:VAL:O	1:A:53:VAL:CG1	0.52	2.56	20	1
1:A:45:ILE:CD1	1:A:78:VAL:CG2	0.52	2.87	3	1
1:A:120:GLU:O	1:A:123:LYS:CG	0.52	2.58	4	1
1:A:64:LEU:C	1:A:64:LEU:CD2	0.52	2.78	29	1
1:A:3:THR:HG22	1:A:21:GLU:HG3	0.52	1.81	22	4
1:A:20:VAL:HG21	1:A:23:ILE:HG12	0.52	1.80	3	1
1:A:128:LEU:O	1:A:132:GLU:CG	0.52	2.57	9	4
1:A:58:HIS:CE1	1:A:59:GLU:OE1	0.52	2.63	19	1
1:A:4:TYR:CE1	1:A:20:VAL:O	0.51	2.63	14	3
1:A:5:HIS:O	1:A:75:ASN:HA	0.51	2.05	13	6
1:A:64:LEU:CB	1:A:82:THR:O	0.51	2.58	2	1
1:A:105:ILE:HD13	1:A:118:SER:OG	0.51	2.04	4	1
1:A:81:ASP:N	1:A:81:ASP:OD1	0.51	2.43	6	1
1:A:4:TYR:OH	1:A:23:ILE:HG23	0.51	2.05	30	3
1:A:71:VAL:HG22	1:A:76:VAL:CG2	0.51	2.23	12	1
1:A:15:MET:CE	1:A:62:ILE:CG2	0.51	2.88	17	2
1:A:69:LEU:HB2	1:A:78:VAL:CA	0.51	2.34	21	1
1:A:5:HIS:NE2	1:A:7:ASP:OD2	0.51	2.43	12	1
1:A:82:THR:HG23	1:A:84:ILE:CD1	0.51	2.35	17	2
1:A:38:HIS:HB3	1:A:71:VAL:HG21	0.51	1.82	20	1
1:A:136:LYS:CG	1:A:136:LYS:O	0.51	2.57	25	1
1:A:89:LEU:O	1:A:90:ASP:CB	0.51	2.58	27	1
1:A:24:GLN:O	1:A:50:ILE:CG1	0.51	2.58	15	4
1:A:6:LEU:HG	1:A:16:PHE:CE2	0.51	2.41	27	11
1:A:10:SER:O	1:A:11:ALA:HB2	0.51	2.05	7	1
1:A:8:VAL:HG23	1:A:15:MET:CB	0.51	2.36	10	1
1:A:23:ILE:HG23	1:A:34:ILE:O	0.51	2.05	15	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:110:GLY:O	1:A:111:ASP:CB	0.51	2.57	27	1
1:A:69:LEU:HD22	1:A:70:GLU:H	0.51	1.60	2	1
1:A:84:ILE:O	1:A:85:ARG:CB	0.51	2.57	12	6
1:A:66:GLY:O	1:A:80:ALA:HB2	0.51	2.06	5	1
1:A:21:GLU:CB	1:A:54:LYS:HB2	0.51	2.36	6	2
1:A:90:ASP:O	1:A:131:ILE:CD1	0.51	2.59	15	1
1:A:71:VAL:HG23	1:A:76:VAL:CG2	0.51	2.35	21	2
1:A:28:SER:O	1:A:29:GLU:CB	0.51	2.58	17	2
1:A:10:SER:HB2	1:A:83:ALA:HB2	0.51	1.82	27	1
1:A:64:LEU:CD2	1:A:64:LEU:C	0.51	2.78	28	1
1:A:6:LEU:HD23	1:A:16:PHE:CD2	0.51	2.40	4	1
1:A:45:ILE:HA	1:A:69:LEU:HD23	0.51	1.82	8	1
1:A:45:ILE:CD1	1:A:69:LEU:CD1	0.51	2.86	15	1
1:A:11:ALA:O	1:A:12:GLU:CB	0.51	2.57	30	1
1:A:61:PHE:CD1	1:A:130:VAL:HB	0.51	2.40	27	11
1:A:86:GLY:HA2	1:A:130:VAL:CG2	0.51	2.35	25	2
1:A:111:ASP:O	1:A:113:ASP:N	0.51	2.43	7	5
1:A:45:ILE:HD12	1:A:69:LEU:CD2	0.51	2.32	11	1
1:A:72:GLN:CB	1:A:75:ASN:OD1	0.51	2.58	13	1
1:A:6:LEU:HD21	1:A:52:ILE:HG21	0.51	1.81	20	1
1:A:6:LEU:HD21	1:A:52:ILE:CG2	0.51	2.34	20	1
1:A:72:GLN:CG	1:A:73:PRO:HD2	0.51	2.35	1	6
1:A:6:LEU:HB3	1:A:16:PHE:CG	0.51	2.40	12	6
1:A:25:VAL:HG22	1:A:50:ILE:HG13	0.51	1.82	5	2
1:A:58:HIS:CD2	1:A:58:HIS:N	0.51	2.78	7	2
1:A:18:GLY:O	1:A:19:LEU:O	0.51	2.29	17	6
1:A:69:LEU:C	1:A:69:LEU:CD2	0.51	2.79	12	6
1:A:16:PHE:CE1	1:A:55:GLN:HG3	0.51	2.40	6	1
1:A:63:TYR:CD2	1:A:127:GLN:HB3	0.51	2.41	19	3
1:A:103:GLU:HG3	1:A:104:HIS:CD2	0.51	2.41	26	1
1:A:15:MET:SD	1:A:62:ILE:HG21	0.51	2.46	17	3
1:A:34:ILE:HG23	1:A:76:VAL:HG21	0.51	1.83	6	1
1:A:79:LEU:O	1:A:79:LEU:HD23	0.51	2.06	7	1
1:A:46:LYS:CB	1:A:47:PRO:HD2	0.51	2.35	19	4
1:A:45:ILE:HD13	1:A:45:ILE:N	0.51	2.19	21	1
1:A:8:VAL:CG2	1:A:64:LEU:HD21	0.51	2.36	22	1
1:A:23:ILE:HD12	1:A:24:GLN:N	0.51	2.21	10	1
1:A:5:HIS:CD2	1:A:18:GLY:HA2	0.51	2.40	14	1
1:A:62:ILE:HD12	1:A:62:ILE:N	0.51	2.21	18	1
1:A:72:GLN:OE1	1:A:75:ASN:ND2	0.51	2.44	28	1
1:A:23:ILE:HG23	1:A:52:ILE:HG23	0.50	1.82	3	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:25:VAL:HG21	1:A:46:LYS:O	0.50	2.06	21	2
1:A:72:GLN:HB3	1:A:73:PRO:HD2	0.50	1.81	12	12
1:A:5:HIS:O	1:A:76:VAL:N	0.50	2.43	16	3
1:A:45:ILE:CG1	1:A:69:LEU:HD21	0.50	2.36	11	1
1:A:120:GLU:CG	1:A:121:LEU:N	0.50	2.74	11	1
1:A:5:HIS:ND1	1:A:75:ASN:OD1	0.50	2.44	21	2
1:A:90:ASP:OD1	1:A:93:ARG:CB	0.50	2.59	28	1
1:A:6:LEU:CB	1:A:16:PHE:CE2	0.50	2.94	30	6
1:A:6:LEU:HA	1:A:76:VAL:HG13	0.50	1.84	11	4
1:A:95:MET:CG	1:A:128:LEU:HD11	0.50	2.36	18	1
1:A:6:LEU:HB3	1:A:20:VAL:HG11	0.50	1.83	1	2
1:A:6:LEU:CB	1:A:20:VAL:HG11	0.50	2.37	28	3
1:A:42:LEU:O	1:A:70:GLU:CB	0.50	2.59	3	1
1:A:82:THR:CG2	1:A:83:ALA:N	0.50	2.74	24	4
1:A:6:LEU:HD22	1:A:23:ILE:HD13	0.50	1.82	5	1
1:A:131:ILE:CG1	1:A:132:GLU:N	0.50	2.73	9	1
1:A:61:PHE:CE2	1:A:130:VAL:HG22	0.50	2.41	13	2
1:A:6:LEU:HD23	1:A:23:ILE:HG21	0.50	1.81	26	3
1:A:44:ALA:C	1:A:69:LEU:HD23	0.50	2.27	6	3
1:A:72:GLN:HB3	1:A:73:PRO:CD	0.50	2.34	12	3
1:A:3:THR:CB	1:A:55:GLN:NE2	0.50	2.74	17	1
1:A:4:TYR:CE1	1:A:35:TYR:HA	0.50	2.41	10	4
1:A:53:VAL:O	1:A:54:LYS:HB3	0.50	2.06	6	1
1:A:71:VAL:O	1:A:71:VAL:HG13	0.50	2.07	16	2
1:A:13:GLN:O	1:A:14:GLN:CB	0.50	2.59	21	4
1:A:20:VAL:CG2	1:A:23:ILE:CD1	0.50	2.83	20	1
1:A:45:ILE:O	1:A:46:LYS:O	0.50	2.30	19	2
1:A:130:VAL:HA	1:A:133:LEU:HD23	0.50	1.83	1	1
1:A:8:VAL:C	1:A:9:VAL:CG2	0.50	2.80	16	2
1:A:68:ILE:O	1:A:68:ILE:CG2	0.50	2.59	15	1
1:A:24:GLN:C	1:A:50:ILE:HD12	0.50	2.26	26	1
1:A:50:ILE:CG2	1:A:62:ILE:C	0.50	2.80	26	3
1:A:130:VAL:HG23	1:A:131:ILE:N	0.50	2.21	7	3
1:A:50:ILE:HD11	1:A:52:ILE:HG13	0.50	1.84	15	1
1:A:39:ALA:N	1:A:40:PRO:HD2	0.50	2.21	20	1
1:A:2:MET:HB3	1:A:36:PRO:CB	0.50	2.37	23	1
1:A:6:LEU:CD1	1:A:6:LEU:C	0.50	2.77	27	1
1:A:50:ILE:CD1	1:A:52:ILE:HD11	0.50	2.37	3	1
1:A:25:VAL:HG11	1:A:46:LYS:O	0.50	2.07	5	1
1:A:21:GLU:CB	1:A:53:VAL:O	0.50	2.60	25	2
1:A:62:ILE:O	1:A:130:VAL:CG1	0.50	2.59	22	1

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:27:GLY:O	1:A:28:SER:CB	0.50	2.59	26	1
1:A:4:TYR:OH	1:A:23:ILE:HG12	0.50	2.06	20	2
1:A:79:LEU:HD23	1:A:79:LEU:O	0.50	2.06	3	1
1:A:6:LEU:HD23	1:A:16:PHE:HD2	0.49	1.66	4	1
1:A:4:TYR:CD2	1:A:20:VAL:HG22	0.49	2.36	15	2
1:A:101:ALA:CB	1:A:121:LEU:HD21	0.49	2.30	23	1
1:A:61:PHE:CZ	1:A:134:THR:HB	0.49	2.42	29	1
1:A:7:ASP:OD1	1:A:17:SER:CB	0.49	2.59	13	5
1:A:35:TYR:CE2	1:A:38:HIS:HA	0.49	2.42	21	4
1:A:49:MET:SD	1:A:130:VAL:CG1	0.49	3.00	7	1
1:A:4:TYR:CZ	1:A:20:VAL:HG22	0.49	2.42	14	2
1:A:72:GLN:CG	1:A:75:ASN:O	0.49	2.59	28	2
1:A:94:ALA:HB1	1:A:128:LEU:HB3	0.49	1.84	22	1
1:A:5:HIS:CD2	1:A:6:LEU:N	0.49	2.80	28	5
1:A:43:THR:CG2	1:A:44:ALA:N	0.49	2.72	11	3
1:A:52:ILE:O	1:A:53:VAL:HG23	0.49	2.06	3	1
1:A:6:LEU:HB2	1:A:16:PHE:CD2	0.49	2.42	26	2
1:A:62:ILE:HG22	1:A:63:TYR:H	0.49	1.66	13	8
1:A:45:ILE:HG13	1:A:69:LEU:HD23	0.49	1.85	19	1
1:A:26:THR:HA	1:A:31:GLU:N	0.49	2.22	25	1
1:A:21:GLU:O	1:A:23:ILE:CD1	0.49	2.60	3	2
1:A:61:PHE:CZ	1:A:133:LEU:HB2	0.49	2.43	3	2
1:A:68:ILE:HD12	1:A:68:ILE:N	0.49	2.23	16	1
1:A:49:MET:HB3	1:A:126:ALA:HB1	0.49	1.83	6	1
1:A:8:VAL:HG22	1:A:15:MET:SD	0.49	2.47	7	1
1:A:23:ILE:HG13	1:A:34:ILE:N	0.49	2.23	10	3
1:A:5:HIS:NE2	1:A:7:ASP:CB	0.49	2.76	26	2
1:A:76:VAL:HG12	1:A:77:THR:N	0.49	2.23	16	1
1:A:38:HIS:CD2	1:A:39:ALA:N	0.49	2.80	21	1
1:A:6:LEU:HD11	1:A:16:PHE:CD1	0.49	2.43	11	5
1:A:54:LYS:O	1:A:55:GLN:C	0.49	2.51	10	17
1:A:4:TYR:CE2	1:A:6:LEU:CD2	0.49	2.96	19	2
1:A:45:ILE:HG22	1:A:46:LYS:N	0.49	2.23	18	1
1:A:6:LEU:O	1:A:16:PHE:O	0.49	2.31	21	1
1:A:49:MET:SD	1:A:50:ILE:N	0.49	2.86	29	1
1:A:49:MET:N	1:A:126:ALA:HB1	0.49	2.22	24	2
1:A:23:ILE:HB	1:A:52:ILE:CG2	0.49	2.38	15	5
1:A:6:LEU:HD21	1:A:16:PHE:CD2	0.49	2.43	13	4
1:A:16:PHE:HB2	1:A:62:ILE:HD11	0.49	1.84	24	4
1:A:105:ILE:CG1	1:A:121:LEU:HD13	0.49	2.37	20	1
1:A:23:ILE:HG13	1:A:23:ILE:O	0.49	2.08	24	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:38:HIS:CE1	1:A:41:LEU:HD12	0.49	2.43	1	2
1:A:14:GLN:CG	1:A:14:GLN:O	0.49	2.60	2	1
1:A:45:ILE:HG22	1:A:46:LYS:H	0.49	1.67	2	1
1:A:5:HIS:C	1:A:20:VAL:CG1	0.49	2.81	14	3
1:A:63:TYR:CD1	1:A:84:ILE:HD13	0.49	2.42	10	2
1:A:63:TYR:CE2	1:A:127:GLN:HG3	0.49	2.43	14	1
1:A:86:GLY:CA	1:A:130:VAL:HG21	0.48	2.39	2	1
1:A:3:THR:CG2	1:A:21:GLU:HG3	0.48	2.38	28	3
1:A:86:GLY:C	1:A:87:GLN:CG	0.48	2.81	13	2
1:A:6:LEU:HA	1:A:76:VAL:CG2	0.48	2.38	14	1
1:A:69:LEU:HD12	1:A:70:GLU:H	0.48	1.68	21	1
1:A:23:ILE:HD11	1:A:34:ILE:CG1	0.48	2.33	29	1
1:A:105:ILE:HD12	1:A:117:ALA:HB1	0.48	1.84	30	1
1:A:61:PHE:CD2	1:A:134:THR:HG23	0.48	2.43	2	2
1:A:4:TYR:O	1:A:20:VAL:CG1	0.48	2.61	1	1
1:A:23:ILE:HG13	1:A:33:GLY:CA	0.48	2.38	7	4
1:A:69:LEU:HB2	1:A:78:VAL:CB	0.48	2.38	21	1
1:A:23:ILE:O	1:A:23:ILE:CG1	0.48	2.61	24	2
1:A:132:GLU:O	1:A:135:LYS:CG	0.48	2.61	25	2
1:A:68:ILE:O	1:A:78:VAL:CG2	0.48	2.59	29	1
1:A:133:LEU:HD13	1:A:134:THR:N	0.48	2.24	6	1
1:A:102:GLU:O	1:A:106:SER:N	0.48	2.46	8	1
1:A:34:ILE:HD12	1:A:38:HIS:CE1	0.48	2.43	12	1
1:A:63:TYR:HE1	1:A:126:ALA:HB3	0.48	1.67	24	2
1:A:9:VAL:HG22	1:A:14:GLN:HG3	0.48	1.85	22	1
1:A:6:LEU:HD21	1:A:23:ILE:CG2	0.48	2.32	30	1
1:A:15:MET:SD	1:A:62:ILE:CG2	0.48	3.01	3	4
1:A:69:LEU:HB2	1:A:78:VAL:HG12	0.48	1.86	1	2
1:A:75:ASN:O	1:A:76:VAL:CG2	0.48	2.57	8	1
1:A:61:PHE:CD2	1:A:130:VAL:HA	0.48	2.44	14	1
1:A:82:THR:CG2	1:A:84:ILE:CD1	0.48	2.92	18	3
1:A:131:ILE:O	1:A:131:ILE:CD1	0.48	2.59	12	1
1:A:21:GLU:CB	1:A:55:GLN:O	0.48	2.61	15	2
1:A:3:THR:HG22	1:A:21:GLU:CB	0.48	2.31	23	2
1:A:6:LEU:HD23	1:A:23:ILE:CG2	0.48	2.39	26	1
1:A:67:GLY:CA	1:A:79:LEU:O	0.48	2.61	30	1
1:A:95:MET:CG	1:A:128:LEU:HD21	0.48	2.37	30	1
1:A:6:LEU:CD2	1:A:16:PHE:CE1	0.48	2.97	1	1
1:A:50:ILE:CG2	1:A:62:ILE:HB	0.48	2.39	28	11
1:A:69:LEU:C	1:A:69:LEU:CD1	0.48	2.80	5	4
1:A:6:LEU:HD12	1:A:7:ASP:CA	0.48	2.39	29	7

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:133:LEU:C	1:A:133:LEU:CD2	0.48	2.78	6	1
1:A:16:PHE:CZ	1:A:55:GLN:CB	0.48	2.96	11	1
1:A:63:TYR:CD2	1:A:127:GLN:HB2	0.48	2.44	12	1
1:A:25:VAL:HG21	1:A:45:ILE:HD11	0.48	1.85	17	1
1:A:42:LEU:O	1:A:70:GLU:HA	0.48	2.09	3	1
1:A:112:VAL:O	1:A:113:ASP:O	0.48	2.32	3	7
1:A:23:ILE:HB	1:A:52:ILE:HG23	0.48	1.85	11	5
1:A:19:LEU:C	1:A:19:LEU:HD23	0.48	2.29	22	4
1:A:63:TYR:CE1	1:A:127:GLN:HB3	0.48	2.44	21	1
1:A:108:SER:HA	1:A:114:TYR:CE2	0.48	2.44	25	1
1:A:16:PHE:C	1:A:16:PHE:CD1	0.48	2.85	3	10
1:A:22:LYS:O	1:A:52:ILE:HA	0.48	2.09	21	13
1:A:109:HIS:O	1:A:109:HIS:ND1	0.48	2.47	3	1
1:A:30:GLY:O	1:A:31:GLU:CB	0.48	2.62	10	2
1:A:120:GLU:HG3	1:A:121:LEU:N	0.48	2.23	11	1
1:A:38:HIS:NE2	1:A:71:VAL:HG21	0.48	2.23	12	1
1:A:38:HIS:NE2	1:A:41:LEU:HG	0.48	2.24	20	2
1:A:51:ARG:O	1:A:52:ILE:CG1	0.48	2.62	1	3
1:A:5:HIS:ND1	1:A:6:LEU:N	0.48	2.62	5	4
1:A:3:THR:OG1	1:A:20:VAL:O	0.48	2.31	8	4
1:A:60:GLU:CB	1:A:85:ARG:NH2	0.48	2.76	8	1
1:A:60:GLU:HB3	1:A:85:ARG:NH2	0.48	2.23	8	1
1:A:135:LYS:CG	1:A:136:LYS:N	0.48	2.77	8	2
1:A:16:PHE:CG	1:A:52:ILE:HD13	0.48	2.44	10	1
1:A:44:ALA:C	1:A:45:ILE:CG1	0.48	2.81	11	1
1:A:4:TYR:OH	1:A:23:ILE:HG13	0.48	2.09	16	1
1:A:40:PRO:HA	1:A:71:VAL:HG13	0.48	1.86	16	1
1:A:56:HIS:CD2	1:A:56:HIS:O	0.48	2.67	18	1
1:A:88:ASP:O	1:A:89:LEU:CB	0.48	2.60	18	3
1:A:69:LEU:CD1	1:A:70:GLU:HG3	0.48	2.39	21	1
1:A:2:MET:N	1:A:36:PRO:CB	0.48	2.77	23	1
1:A:25:VAL:O	1:A:31:GLU:O	0.48	2.32	25	1
1:A:38:HIS:CG	1:A:39:ALA:N	0.47	2.81	30	3
1:A:71:VAL:HG23	1:A:76:VAL:HB	0.47	1.86	5	2
1:A:5:HIS:HA	1:A:18:GLY:O	0.47	2.08	17	4
1:A:24:GLN:O	1:A:50:ILE:CG2	0.47	2.56	18	1
1:A:20:VAL:HB	1:A:23:ILE:CD1	0.47	2.36	20	1
1:A:48:GLY:O	1:A:63:TYR:CD1	0.47	2.67	20	1
1:A:62:ILE:HG23	1:A:85:ARG:HD2	0.47	1.85	6	1
1:A:135:LYS:HE2	1:A:136:LYS:CG	0.47	2.40	12	1
1:A:31:GLU:O	1:A:32:LEU:O	0.47	2.32	16	2

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:5:HIS:CE1	1:A:7:ASP:OD1	0.47	2.66	28	1
1:A:55:GLN:HG2	1:A:56:HIS:CD2	0.47	2.44	29	1
1:A:5:HIS:HB3	1:A:75:ASN:CB	0.47	2.39	19	6
1:A:42:LEU:O	1:A:69:LEU:O	0.47	2.32	3	1
1:A:61:PHE:CD2	1:A:130:VAL:O	0.47	2.67	15	2
1:A:27:GLY:HA2	1:A:123:LYS:NZ	0.47	2.25	19	1
1:A:51:ARG:CG	1:A:61:PHE:CE1	0.47	2.97	22	1
1:A:45:ILE:HD12	1:A:78:VAL:HG21	0.47	1.85	28	1
1:A:20:VAL:HG23	1:A:23:ILE:CG2	0.47	2.39	8	3
1:A:4:TYR:HD2	1:A:6:LEU:HD22	0.47	1.62	21	2
1:A:71:VAL:O	1:A:71:VAL:CG1	0.47	2.62	16	1
1:A:69:LEU:HD23	1:A:69:LEU:O	0.47	2.09	26	1
1:A:18:GLY:O	1:A:20:VAL:HG12	0.47	2.09	1	3
1:A:10:SER:O	1:A:12:GLU:N	0.47	2.47	2	1
1:A:23:ILE:CB	1:A:52:ILE:HG12	0.47	2.39	15	10
1:A:63:TYR:CE2	1:A:127:GLN:OE1	0.47	2.67	4	1
1:A:87:GLN:O	1:A:88:ASP:OD2	0.47	2.33	18	1
1:A:121:LEU:HD23	1:A:125:ILE:HG12	0.47	1.86	20	1
1:A:13:GLN:O	1:A:14:GLN:HB2	0.47	2.10	21	1
1:A:54:LYS:HG3	1:A:55:GLN:N	0.47	2.24	23	1
1:A:5:HIS:NE2	1:A:7:ASP:CG	0.47	2.67	26	1
1:A:105:ILE:HG13	1:A:117:ALA:HB3	0.47	1.87	26	1
1:A:109:HIS:O	1:A:109:HIS:CG	0.47	2.67	3	1
1:A:3:THR:OG1	1:A:4:TYR:N	0.47	2.48	29	2
1:A:5:HIS:C	1:A:5:HIS:ND1	0.47	2.67	14	1
1:A:84:ILE:CD1	1:A:127:GLN:HB3	0.47	2.40	15	1
1:A:75:ASN:O	1:A:76:VAL:CG1	0.47	2.63	17	1
1:A:46:LYS:CG	1:A:47:PRO:CD	0.47	2.92	19	1
1:A:22:LYS:O	1:A:53:VAL:HB	0.47	2.10	20	1
1:A:23:ILE:CG2	1:A:52:ILE:HG23	0.47	2.38	26	2
1:A:32:LEU:HD22	1:A:35:TYR:OH	0.47	2.09	27	1
1:A:63:TYR:CD1	1:A:84:ILE:CG1	0.47	2.97	27	1
1:A:125:ILE:O	1:A:125:ILE:HG22	0.47	2.09	1	4
1:A:22:LYS:O	1:A:53:VAL:N	0.47	2.47	3	2
1:A:23:ILE:HD12	1:A:23:ILE:N	0.47	2.25	3	1
1:A:6:LEU:HA	1:A:76:VAL:CG1	0.47	2.40	5	2
1:A:10:SER:OG	1:A:11:ALA:N	0.47	2.47	22	2
1:A:32:LEU:HD22	1:A:35:TYR:CE1	0.47	2.44	12	2
1:A:133:LEU:O	1:A:133:LEU:CD2	0.47	2.56	6	1
1:A:21:GLU:OE2	1:A:53:VAL:O	0.47	2.32	8	1
1:A:45:ILE:O	1:A:45:ILE:CG2	0.47	2.62	29	2

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:110:GLY:O	1:A:113:ASP:OD2	0.47	2.33	8	1
1:A:2:MET:O	1:A:21:GLU:CG	0.47	2.63	27	2
1:A:4:TYR:O	1:A:19:LEU:HA	0.47	2.09	15	4
1:A:61:PHE:O	1:A:62:ILE:HD12	0.47	2.10	18	1
1:A:64:LEU:HD23	1:A:64:LEU:N	0.47	2.24	20	1
1:A:61:PHE:CE2	1:A:133:LEU:HD21	0.47	2.45	23	1
1:A:56:HIS:ND1	1:A:56:HIS:O	0.47	2.48	26	1
1:A:63:TYR:CD1	1:A:84:ILE:HG13	0.47	2.45	27	1
1:A:9:VAL:CG2	1:A:79:LEU:HD23	0.47	2.40	4	1
1:A:38:HIS:CE1	1:A:41:LEU:HB2	0.47	2.44	20	1
1:A:4:TYR:O	1:A:20:VAL:O	0.47	2.33	23	2
1:A:47:PRO:CB	1:A:65:SER:OG	0.47	2.63	27	1
1:A:45:ILE:CG1	1:A:69:LEU:HB2	0.47	2.40	28	2
1:A:50:ILE:HG12	1:A:51:ARG:N	0.47	2.23	7	3
1:A:6:LEU:CD2	1:A:23:ILE:HG22	0.47	2.40	10	1
1:A:19:LEU:O	1:A:55:GLN:O	0.47	2.33	19	1
1:A:73:PRO:O	1:A:75:ASN:OD1	0.47	2.33	20	3
1:A:87:GLN:NE2	1:A:134:THR:HB	0.47	2.25	28	1
1:A:38:HIS:O	1:A:39:ALA:O	0.47	2.32	19	6
1:A:51:ARG:HG2	1:A:52:ILE:N	0.47	2.25	1	1
1:A:5:HIS:NE2	1:A:7:ASP:HB2	0.47	2.24	26	4
1:A:128:LEU:HD12	1:A:131:ILE:HG21	0.47	1.86	6	1
1:A:123:LYS:HD2	1:A:124:ALA:N	0.47	2.25	8	1
1:A:48:GLY:HA2	1:A:126:ALA:CB	0.47	2.40	17	4
1:A:91:GLU:HG3	1:A:92:ALA:N	0.47	2.25	20	2
1:A:63:TYR:CE2	1:A:84:ILE:HD12	0.47	2.45	20	1
1:A:6:LEU:CD1	1:A:7:ASP:N	0.46	2.65	16	6
1:A:79:LEU:N	1:A:79:LEU:CD1	0.46	2.73	10	1
1:A:8:VAL:HG22	1:A:16:PHE:HB3	0.46	1.87	16	2
1:A:39:ALA:HB3	1:A:40:PRO:CD	0.46	2.37	20	1
1:A:95:MET:HG2	1:A:128:LEU:HD11	0.46	1.87	2	1
1:A:8:VAL:HB	1:A:78:VAL:CG1	0.46	2.40	7	2
1:A:49:MET:HB2	1:A:130:VAL:CG1	0.46	2.41	4	3
1:A:2:MET:O	1:A:3:THR:OG1	0.46	2.32	9	4
1:A:4:TYR:OH	1:A:34:ILE:HB	0.46	2.10	13	5
1:A:21:GLU:HB3	1:A:53:VAL:O	0.46	2.09	25	3
1:A:84:ILE:O	1:A:84:ILE:CG2	0.46	2.58	13	1
1:A:105:ILE:CG2	1:A:117:ALA:HB1	0.46	2.40	13	1
1:A:6:LEU:HB2	1:A:20:VAL:CG1	0.46	2.41	7	3
1:A:125:ILE:O	1:A:125:ILE:HG23	0.46	2.10	2	1
1:A:7:ASP:HB3	1:A:77:THR:CG2	0.46	2.41	20	3

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:54:LYS:O	1:A:56:HIS:O	0.46	2.33	10	1
1:A:84:ILE:HD13	1:A:127:GLN:CD	0.46	2.31	16	1
1:A:105:ILE:HD11	1:A:121:LEU:HD13	0.46	1.87	16	1
1:A:3:THR:HG23	1:A:21:GLU:CB	0.46	2.40	17	1
1:A:38:HIS:CE1	1:A:41:LEU:CB	0.46	2.98	20	1
1:A:110:GLY:O	1:A:111:ASP:O	0.46	2.33	22	1
1:A:12:GLU:O	1:A:14:GLN:N	0.46	2.48	30	1
1:A:71:VAL:HG22	1:A:72:GLN:N	0.46	2.25	2	1
1:A:91:GLU:HB2	1:A:131:ILE:HD13	0.46	1.86	11	1
1:A:5:HIS:ND1	1:A:5:HIS:C	0.46	2.67	13	2
1:A:86:GLY:O	1:A:87:GLN:HG3	0.46	2.10	21	1
1:A:87:GLN:CG	1:A:134:THR:HG21	0.46	2.39	28	1
1:A:85:ARG:O	1:A:86:GLY:C	0.46	2.53	27	11
1:A:4:TYR:OH	1:A:23:ILE:HG22	0.46	2.10	2	4
1:A:4:TYR:OH	1:A:34:ILE:O	0.46	2.33	18	6
1:A:45:ILE:CD1	1:A:69:LEU:HB2	0.46	2.40	14	5
1:A:103:GLU:O	1:A:103:GLU:OE1	0.46	2.34	5	1
1:A:111:ASP:O	1:A:112:VAL:C	0.46	2.52	7	9
1:A:63:TYR:CE2	1:A:127:GLN:HB3	0.46	2.46	6	2
1:A:85:ARG:CG	1:A:85:ARG:O	0.46	2.64	9	1
1:A:89:LEU:O	1:A:90:ASP:O	0.46	2.33	25	2
1:A:98:LYS:HG2	1:A:125:ILE:CG1	0.46	2.40	15	1
1:A:4:TYR:HB2	1:A:20:VAL:CA	0.46	2.40	19	2
1:A:50:ILE:HG21	1:A:62:ILE:HB	0.46	1.87	1	1
1:A:12:GLU:O	1:A:12:GLU:CG	0.46	2.60	2	1
1:A:50:ILE:O	1:A:61:PHE:HA	0.46	2.10	3	9
1:A:50:ILE:O	1:A:61:PHE:CA	0.46	2.64	6	6
1:A:90:ASP:N	1:A:90:ASP:OD1	0.46	2.46	4	1
1:A:112:VAL:O	1:A:113:ASP:C	0.46	2.54	7	2
1:A:50:ILE:O	1:A:50:ILE:HG23	0.46	2.09	10	1
1:A:105:ILE:HG21	1:A:114:TYR:CE1	0.46	2.45	11	1
1:A:5:HIS:NE2	1:A:6:LEU:O	0.46	2.49	12	1
1:A:3:THR:O	1:A:3:THR:CG2	0.46	2.63	16	1
1:A:8:VAL:HG12	1:A:78:VAL:HG13	0.46	1.87	16	1
1:A:25:VAL:HG21	1:A:45:ILE:CG2	0.46	2.40	19	1
1:A:71:VAL:O	1:A:72:GLN:OE1	0.46	2.33	22	1
1:A:14:GLN:OE1	1:A:14:GLN:O	0.46	2.34	23	1
1:A:84:ILE:O	1:A:85:ARG:O	0.46	2.33	2	5
1:A:43:THR:OG1	1:A:44:ALA:N	0.46	2.48	27	5
1:A:74:GLY:O	1:A:75:ASN:OD1	0.46	2.34	6	1
1:A:106:SER:O	1:A:107:SER:HB2	0.46	2.11	26	3

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:61:PHE:CE2	1:A:133:LEU:HB2	0.46	2.45	14	1
1:A:15:MET:HE1	1:A:62:ILE:HG22	0.46	1.88	19	1
1:A:32:LEU:HB3	1:A:38:HIS:NE2	0.46	2.26	19	1
1:A:20:VAL:HG21	1:A:23:ILE:CD1	0.46	2.39	20	1
1:A:23:ILE:HG13	1:A:24:GLN:N	0.46	2.25	1	3
1:A:72:GLN:CG	1:A:73:PRO:CD	0.46	2.94	1	1
1:A:10:SER:O	1:A:11:ALA:CB	0.46	2.57	11	5
1:A:96:GLU:O	1:A:96:GLU:OE1	0.46	2.34	9	1
1:A:42:LEU:HD21	1:A:70:GLU:HG3	0.46	1.88	13	1
1:A:15:MET:CE	1:A:83:ALA:O	0.46	2.64	1	1
1:A:52:ILE:HG22	1:A:53:VAL:H	0.46	1.70	3	4
1:A:8:VAL:CB	1:A:78:VAL:HG13	0.46	2.41	4	2
1:A:28:SER:O	1:A:29:GLU:O	0.46	2.34	5	1
1:A:42:LEU:HD23	1:A:42:LEU:N	0.46	2.26	6	1
1:A:98:LYS:HG2	1:A:125:ILE:HD11	0.46	1.88	6	1
1:A:34:ILE:HG21	1:A:76:VAL:CG2	0.46	2.32	7	1
1:A:12:GLU:O	1:A:13:GLN:O	0.46	2.33	10	3
1:A:6:LEU:HD13	1:A:7:ASP:N	0.46	2.26	12	1
1:A:41:LEU:HB2	1:A:71:VAL:O	0.46	2.11	12	1
1:A:69:LEU:CD2	1:A:70:GLU:N	0.46	2.79	12	1
1:A:87:GLN:CG	1:A:87:GLN:O	0.46	2.64	12	1
1:A:4:TYR:OH	1:A:34:ILE:CB	0.46	2.64	20	1
1:A:105:ILE:CD1	1:A:121:LEU:HB2	0.46	2.40	21	2
1:A:51:ARG:C	1:A:52:ILE:CG1	0.46	2.84	26	4
1:A:25:VAL:CG2	1:A:50:ILE:HG12	0.46	2.41	9	2
1:A:71:VAL:CG1	1:A:72:GLN:N	0.46	2.79	12	1
1:A:4:TYR:OH	1:A:34:ILE:C	0.46	2.55	28	4
1:A:24:GLN:C	1:A:25:VAL:CG2	0.46	2.84	23	1
1:A:128:LEU:HA	1:A:131:ILE:HG22	0.45	1.88	6	2
1:A:45:ILE:CD1	1:A:78:VAL:CB	0.45	2.94	3	1
1:A:4:TYR:C	1:A:4:TYR:CD1	0.45	2.89	8	2
1:A:23:ILE:HG12	1:A:34:ILE:O	0.45	2.11	16	1
1:A:121:LEU:C	1:A:121:LEU:HD23	0.45	2.31	26	1
1:A:33:GLY:O	1:A:34:ILE:HG12	0.45	2.12	8	20
1:A:27:GLY:HA3	1:A:47:PRO:O	0.45	2.11	22	3
1:A:2:MET:C	1:A:3:THR:OG1	0.45	2.54	6	4
1:A:23:ILE:HD12	1:A:52:ILE:HD11	0.45	1.89	12	1
1:A:3:THR:CB	1:A:21:GLU:HB2	0.45	2.41	16	3
1:A:21:GLU:HB2	1:A:55:GLN:O	0.45	2.11	29	3
1:A:84:ILE:HD13	1:A:127:GLN:CB	0.45	2.41	15	1
1:A:98:LYS:HG3	1:A:125:ILE:HG23	0.45	1.87	16	1

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:3:THR:HB	1:A:55:GLN:NE2	0.45	2.25	17	1
1:A:4:TYR:CD1	1:A:5:HIS:N	0.45	2.85	20	1
1:A:69:LEU:CD1	1:A:70:GLU:N	0.45	2.79	21	1
1:A:16:PHE:CD1	1:A:16:PHE:C	0.45	2.89	22	1
1:A:87:GLN:O	1:A:91:GLU:OE2	0.45	2.35	26	1
1:A:63:TYR:CE1	1:A:84:ILE:HG13	0.45	2.46	27	1
1:A:6:LEU:CD2	1:A:20:VAL:HG21	0.45	2.25	1	1
1:A:88:ASP:O	1:A:90:ASP:OD1	0.45	2.35	1	1
1:A:9:VAL:HG12	1:A:14:GLN:HA	0.45	1.87	2	1
1:A:5:HIS:CE1	1:A:18:GLY:N	0.45	2.84	18	2
1:A:35:TYR:N	1:A:35:TYR:CD1	0.45	2.82	3	1
1:A:63:TYR:CE1	1:A:126:ALA:HB3	0.45	2.46	4	2
1:A:127:GLN:O	1:A:131:ILE:CG2	0.45	2.64	10	2
1:A:50:ILE:C	1:A:50:ILE:CD1	0.45	2.84	5	2
1:A:131:ILE:O	1:A:134:THR:OG1	0.45	2.33	7	4
1:A:63:TYR:C	1:A:64:LEU:HD22	0.45	2.32	7	1
1:A:15:MET:HE2	1:A:85:ARG:HB3	0.45	1.89	13	1
1:A:5:HIS:HA	1:A:19:LEU:HA	0.45	1.87	15	1
1:A:122:ALA:HA	1:A:125:ILE:CG1	0.45	2.41	26	1
1:A:67:GLY:C	1:A:68:ILE:HD13	0.45	2.31	29	1
1:A:49:MET:O	1:A:50:ILE:CG1	0.45	2.65	2	2
1:A:10:SER:O	1:A:11:ALA:C	0.45	2.55	8	5
1:A:64:LEU:CD2	1:A:80:ALA:CB	0.45	2.95	6	3
1:A:6:LEU:CD2	1:A:23:ILE:HD12	0.45	2.35	4	1
1:A:23:ILE:HA	1:A:51:ARG:O	0.45	2.12	23	2
1:A:74:GLY:O	1:A:75:ASN:HB3	0.45	2.11	12	1
1:A:19:LEU:O	1:A:20:VAL:CB	0.45	2.63	17	6
1:A:24:GLN:O	1:A:50:ILE:HG12	0.45	2.11	15	1
1:A:69:LEU:CB	1:A:78:VAL:CA	0.45	2.94	21	1
1:A:2:MET:N	1:A:36:PRO:HB3	0.45	2.27	23	1
1:A:88:ASP:O	1:A:89:LEU:O	0.45	2.34	23	2
1:A:57:GLY:O	1:A:58:HIS:O	0.45	2.34	27	2
1:A:44:ALA:O	1:A:69:LEU:CD2	0.45	2.64	6	2
1:A:107:SER:O	1:A:108:SER:O	0.45	2.34	6	1
1:A:77:THR:HG22	1:A:78:VAL:N	0.45	2.26	10	2
1:A:6:LEU:CD2	1:A:76:VAL:HG22	0.45	2.41	19	1
1:A:120:GLU:HG3	1:A:121:LEU:HD22	0.45	1.88	7	1
1:A:10:SER:HB2	1:A:80:ALA:HB3	0.45	1.89	11	2
1:A:4:TYR:CB	1:A:20:VAL:H	0.45	2.25	15	1
1:A:135:LYS:HG3	1:A:136:LYS:N	0.45	2.27	15	1
1:A:3:THR:HG21	1:A:55:GLN:HB2	0.45	1.87	17	2

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:84:ILE:CG2	1:A:88:ASP:HB2	0.45	2.41	25	1
1:A:69:LEU:CB	1:A:78:VAL:HG12	0.45	2.42	1	2
1:A:40:PRO:HA	1:A:71:VAL:CG1	0.45	2.42	15	4
1:A:24:GLN:O	1:A:50:ILE:HG13	0.45	2.12	13	9
1:A:17:SER:O	1:A:17:SER:OG	0.45	2.32	12	4
1:A:24:GLN:CG	1:A:51:ARG:HB2	0.45	2.42	6	1
1:A:30:GLY:O	1:A:31:GLU:HB3	0.45	2.12	10	1
1:A:2:MET:O	1:A:21:GLU:OE1	0.45	2.34	13	1
1:A:23:ILE:CG1	1:A:24:GLN:N	0.45	2.80	19	1
1:A:15:MET:HE1	1:A:63:TYR:C	0.45	2.32	20	1
1:A:84:ILE:HG21	1:A:127:GLN:NE2	0.45	2.27	21	1
1:A:14:GLN:O	1:A:14:GLN:CG	0.45	2.62	23	1
1:A:58:HIS:CD2	1:A:59:GLU:O	0.45	2.70	26	1
1:A:23:ILE:HA	1:A:52:ILE:HG13	0.45	1.88	14	5
1:A:51:ARG:HG2	1:A:61:PHE:CE1	0.45	2.47	15	1
1:A:105:ILE:HD12	1:A:121:LEU:HD13	0.45	1.89	15	1
1:A:24:GLN:HA	1:A:33:GLY:HA3	0.45	1.88	16	2
1:A:5:HIS:O	1:A:75:ASN:CA	0.45	2.65	1	1
1:A:63:TYR:CD1	1:A:127:GLN:HG3	0.45	2.47	1	1
1:A:86:GLY:HA2	1:A:130:VAL:HG21	0.45	1.88	18	2
1:A:48:GLY:O	1:A:64:LEU:O	0.45	2.34	9	2
1:A:3:THR:N	1:A:36:PRO:HG3	0.45	2.26	11	3
1:A:128:LEU:O	1:A:132:GLU:HG3	0.45	2.11	14	3
1:A:3:THR:CB	1:A:55:GLN:HG3	0.45	2.41	14	1
1:A:51:ARG:HG3	1:A:61:PHE:CZ	0.45	2.46	22	1
1:A:22:LYS:HE3	1:A:35:TYR:CD1	0.45	2.46	23	1
1:A:21:GLU:OE1	1:A:55:GLN:O	0.45	2.35	26	1
1:A:42:LEU:C	1:A:43:THR:HG22	0.45	2.33	27	1
1:A:55:GLN:OE1	1:A:60:GLU:HG2	0.45	2.12	28	1
1:A:11:ALA:C	1:A:12:GLU:CG	0.45	2.82	30	1
1:A:62:ILE:N	1:A:62:ILE:CD1	0.45	2.67	30	1
1:A:87:GLN:O	1:A:88:ASP:C	0.45	2.55	3	6
1:A:128:LEU:HA	1:A:131:ILE:CG2	0.45	2.42	1	3
1:A:21:GLU:HB2	1:A:54:LYS:HB2	0.45	1.89	6	2
1:A:61:PHE:HZ	1:A:133:LEU:HD21	0.45	1.59	6	1
1:A:23:ILE:CD1	1:A:33:GLY:HA2	0.45	2.42	7	1
1:A:106:SER:O	1:A:107:SER:O	0.45	2.35	18	2
1:A:15:MET:CE	1:A:62:ILE:HG22	0.45	2.42	17	1
1:A:70:GLU:CG	1:A:77:THR:O	0.45	2.65	19	1
1:A:3:THR:CG2	1:A:55:GLN:HB2	0.45	2.42	21	1
1:A:4:TYR:CE2	1:A:34:ILE:HG21	0.45	2.44	26	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:128:LEU:HD23	1:A:128:LEU:C	0.45	2.32	28	1
1:A:24:GLN:HB2	1:A:51:ARG:O	0.44	2.12	3	1
1:A:123:LYS:CD	1:A:124:ALA:N	0.44	2.80	8	1
1:A:61:PHE:CE2	1:A:130:VAL:HA	0.44	2.46	14	2
1:A:33:GLY:C	1:A:35:TYR:CE1	0.44	2.90	15	1
1:A:3:THR:HG1	1:A:20:VAL:C	0.44	2.14	16	1
1:A:22:LYS:O	1:A:52:ILE:HG12	0.44	2.12	16	1
1:A:21:GLU:OE1	1:A:53:VAL:CG1	0.44	2.65	25	1
1:A:61:PHE:CE1	1:A:134:THR:HB	0.44	2.47	29	1
1:A:87:GLN:O	1:A:88:ASP:CG	0.44	2.56	18	3
1:A:41:LEU:HB3	1:A:69:LEU:CD2	0.44	2.42	3	1
1:A:22:LYS:CB	1:A:53:VAL:HB	0.44	2.42	27	3
1:A:72:GLN:HG2	1:A:73:PRO:CD	0.44	2.41	24	2
1:A:6:LEU:CD2	1:A:16:PHE:CD2	0.44	3.00	27	2
1:A:98:LYS:CG	1:A:125:ILE:CG1	0.44	2.95	15	1
1:A:86:GLY:O	1:A:87:GLN:CG	0.44	2.64	21	1
1:A:101:ALA:O	1:A:105:ILE:HD12	0.44	2.13	24	1
1:A:128:LEU:O	1:A:131:ILE:CG2	0.44	2.66	28	1
1:A:128:LEU:O	1:A:131:ILE:HG22	0.44	2.12	28	1
1:A:110:GLY:O	1:A:111:ASP:C	0.44	2.56	11	2
1:A:91:GLU:HB2	1:A:131:ILE:HD11	0.44	1.87	30	2
1:A:111:ASP:C	1:A:112:VAL:HG22	0.44	2.32	22	7
1:A:46:LYS:CG	1:A:69:LEU:HD11	0.44	2.42	7	1
1:A:137:ALA:O	1:A:138:MET:OXT	0.44	2.35	8	1
1:A:105:ILE:CD1	1:A:121:LEU:HG	0.44	2.42	9	2
1:A:12:GLU:HB2	1:A:83:ALA:HB3	0.44	1.88	17	1
1:A:23:ILE:HA	1:A:52:ILE:HA	0.44	1.89	20	2
1:A:88:ASP:OD1	1:A:90:ASP:O	0.44	2.36	1	1
1:A:49:MET:O	1:A:50:ILE:HG13	0.44	2.13	18	3
1:A:72:GLN:HB2	1:A:75:ASN:O	0.44	2.12	24	9
1:A:23:ILE:CB	1:A:52:ILE:HG23	0.44	2.41	4	6
1:A:38:HIS:NE2	1:A:41:LEU:CD2	0.44	2.71	3	1
1:A:5:HIS:CE1	1:A:6:LEU:O	0.44	2.71	4	2
1:A:8:VAL:O	1:A:9:VAL:HG22	0.44	2.11	16	2
1:A:21:GLU:CD	1:A:22:LYS:N	0.44	2.70	8	1
1:A:54:LYS:O	1:A:57:GLY:O	0.44	2.35	27	2
1:A:23:ILE:HG23	1:A:34:ILE:HB	0.44	1.89	19	1
1:A:12:GLU:O	1:A:13:GLN:C	0.44	2.56	20	4
1:A:41:LEU:HD22	1:A:41:LEU:N	0.44	2.28	22	1
1:A:51:ARG:HG3	1:A:61:PHE:CE1	0.44	2.48	22	1
1:A:20:VAL:N	1:A:54:LYS:HD3	0.44	2.28	24	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:6:LEU:CD1	1:A:16:PHE:CD1	0.44	3.00	11	3
1:A:91:GLU:HA	1:A:131:ILE:CD1	0.44	2.43	19	2
1:A:63:TYR:CE2	1:A:126:ALA:HB3	0.44	2.46	13	2
1:A:72:GLN:HB3	1:A:75:ASN:OD1	0.44	2.13	13	1
1:A:98:LYS:CG	1:A:125:ILE:HG13	0.44	2.42	15	1
1:A:15:MET:HE2	1:A:62:ILE:CG2	0.44	2.42	17	1
1:A:24:GLN:O	1:A:50:ILE:HA	0.44	2.12	1	9
1:A:8:VAL:HB	1:A:78:VAL:HG22	0.44	1.88	26	3
1:A:42:LEU:O	1:A:70:GLU:HB3	0.44	2.12	3	1
1:A:23:ILE:C	1:A:51:ARG:O	0.44	2.56	7	2
1:A:43:THR:O	1:A:69:LEU:CD2	0.44	2.66	18	1
1:A:42:LEU:CD2	1:A:70:GLU:HG2	0.44	2.43	23	1
1:A:23:ILE:CG1	1:A:34:ILE:HB	0.44	2.41	24	1
1:A:98:LYS:O	1:A:102:GLU:HB2	0.44	2.12	29	1
1:A:88:ASP:O	1:A:89:LEU:C	0.44	2.56	24	2
1:A:38:HIS:O	1:A:39:ALA:C	0.44	2.55	21	3
1:A:3:THR:CG2	1:A:21:GLU:CG	0.44	2.96	11	1
1:A:20:VAL:HA	1:A:54:LYS:CG	0.44	2.41	11	1
1:A:63:TYR:CE2	1:A:127:GLN:HB2	0.44	2.48	12	1
1:A:87:GLN:OE1	1:A:131:ILE:HG12	0.44	2.13	16	1
1:A:5:HIS:CD2	1:A:75:ASN:CB	0.44	3.00	17	1
1:A:25:VAL:CB	1:A:50:ILE:HG12	0.44	2.43	21	1
1:A:61:PHE:CZ	1:A:134:THR:N	0.44	2.86	29	1
1:A:113:ASP:OD1	1:A:113:ASP:C	0.44	2.55	18	4
1:A:61:PHE:CE2	1:A:130:VAL:HB	0.44	2.48	5	2
1:A:82:THR:CG2	1:A:84:ILE:HD12	0.44	2.42	24	2
1:A:133:LEU:CD1	1:A:133:LEU:N	0.44	2.80	6	1
1:A:69:LEU:HD12	1:A:69:LEU:N	0.44	2.27	7	1
1:A:131:ILE:HG13	1:A:132:GLU:N	0.44	2.28	9	1
1:A:3:THR:CG2	1:A:21:GLU:HG2	0.44	2.43	11	1
1:A:7:ASP:OD1	1:A:17:SER:HB2	0.44	2.13	11	1
1:A:23:ILE:HG23	1:A:34:ILE:H	0.44	1.73	12	2
1:A:61:PHE:C	1:A:62:ILE:CG1	0.44	2.86	28	2
1:A:90:ASP:OD1	1:A:93:ARG:HB2	0.44	2.13	28	1
1:A:45:ILE:HD12	1:A:45:ILE:H	0.44	1.71	2	1
1:A:61:PHE:CE2	1:A:133:LEU:HD22	0.44	2.48	4	1
1:A:63:TYR:CE1	1:A:84:ILE:HB	0.44	2.48	6	1
1:A:50:ILE:CG2	1:A:62:ILE:O	0.44	2.64	14	1
1:A:37:GLY:O	1:A:38:HIS:O	0.44	2.36	20	1
1:A:62:ILE:HD12	1:A:85:ARG:HH21	0.44	1.73	25	1
1:A:45:ILE:CD1	1:A:78:VAL:HB	0.43	2.39	3	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:90:ASP:O	1:A:91:GLU:CG	0.43	2.66	3	1
1:A:3:THR:CG2	1:A:55:GLN:HA	0.43	2.43	5	1
1:A:20:VAL:HG21	1:A:23:ILE:CG2	0.43	2.42	5	1
1:A:2:MET:O	1:A:3:THR:C	0.43	2.56	23	3
1:A:105:ILE:CG2	1:A:118:SER:HB2	0.43	2.42	14	1
1:A:3:THR:OG1	1:A:20:VAL:C	0.43	2.56	16	1
1:A:34:ILE:HD11	1:A:38:HIS:ND1	0.43	2.27	16	1
1:A:8:VAL:CB	1:A:78:VAL:HG22	0.43	2.43	26	3
1:A:88:ASP:OD1	1:A:88:ASP:C	0.43	2.56	18	1
1:A:91:GLU:CG	1:A:92:ALA:N	0.43	2.81	20	1
1:A:101:ALA:HB3	1:A:121:LEU:HD13	0.43	1.90	21	1
1:A:23:ILE:HD13	1:A:34:ILE:C	0.43	2.33	3	1
1:A:84:ILE:O	1:A:85:ARG:C	0.43	2.57	8	12
1:A:25:VAL:HG11	1:A:46:LYS:C	0.43	2.33	9	1
1:A:63:TYR:CG	1:A:127:GLN:HB3	0.43	2.48	13	1
1:A:12:GLU:CD	1:A:83:ALA:HB3	0.43	2.34	24	1
1:A:4:TYR:HE1	1:A:23:ILE:HD11	0.43	1.72	3	1
1:A:45:ILE:HD11	1:A:69:LEU:CG	0.43	2.43	15	1
1:A:6:LEU:HB2	1:A:76:VAL:CG2	0.43	2.43	17	1
1:A:38:HIS:NE2	1:A:41:LEU:CG	0.43	2.81	20	1
1:A:61:PHE:CE1	1:A:130:VAL:O	0.43	2.71	23	2
1:A:84:ILE:CD1	1:A:127:GLN:OE1	0.43	2.67	26	1
1:A:2:MET:O	1:A:21:GLU:CD	0.43	2.56	27	1
1:A:105:ILE:HD13	1:A:121:LEU:HD22	0.43	1.89	30	1
1:A:23:ILE:HA	1:A:52:ILE:HG12	0.43	1.90	19	5
1:A:64:LEU:HB2	1:A:82:THR:O	0.43	2.13	2	2
1:A:133:LEU:C	1:A:133:LEU:CD1	0.43	2.82	7	1
1:A:84:ILE:CD1	1:A:127:GLN:CB	0.43	2.96	15	1
1:A:53:VAL:O	1:A:54:LYS:C	0.43	2.56	20	1
1:A:39:ALA:HB3	1:A:41:LEU:CD2	0.43	2.44	22	1
1:A:21:GLU:HB2	1:A:55:GLN:CA	0.43	2.44	26	1
1:A:120:GLU:O	1:A:123:LYS:HG2	0.43	2.14	4	1
1:A:131:ILE:O	1:A:132:GLU:C	0.43	2.57	20	4
1:A:123:LYS:CD	1:A:123:LYS:C	0.43	2.87	8	1
1:A:87:GLN:OE1	1:A:134:THR:CG2	0.43	2.62	13	1
1:A:24:GLN:O	1:A:50:ILE:HB	0.43	2.14	15	1
1:A:109:HIS:N	1:A:109:HIS:CD2	0.43	2.87	15	1
1:A:69:LEU:CD1	1:A:77:THR:HG23	0.43	2.42	21	1
1:A:121:LEU:HD23	1:A:122:ALA:N	0.43	2.29	26	1
1:A:23:ILE:HG22	1:A:52:ILE:HD13	0.43	1.90	29	1
1:A:51:ARG:C	1:A:52:ILE:HG13	0.43	2.32	11	5

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:63:TYR:CZ	1:A:127:GLN:HB3	0.43	2.48	6	2
1:A:46:LYS:HD2	1:A:69:LEU:HD21	0.43	1.90	7	1
1:A:11:ALA:O	1:A:12:GLU:C	0.43	2.57	9	1
1:A:129:ARG:O	1:A:133:LEU:HD13	0.43	2.12	9	1
1:A:42:LEU:CD1	1:A:42:LEU:O	0.43	2.66	11	1
1:A:23:ILE:HG22	1:A:52:ILE:HD11	0.43	1.89	16	1
1:A:9:VAL:HB	1:A:14:GLN:N	0.43	2.28	21	1
1:A:86:GLY:O	1:A:87:GLN:C	0.43	2.54	21	1
1:A:45:ILE:O	1:A:46:LYS:HB2	0.43	2.12	9	2
1:A:6:LEU:HA	1:A:76:VAL:HG12	0.43	1.89	5	1
1:A:52:ILE:O	1:A:59:GLU:HB2	0.43	2.14	29	2
1:A:34:ILE:HD13	1:A:34:ILE:HA	0.43	1.69	12	2
1:A:72:GLN:HG3	1:A:75:ASN:O	0.43	2.12	12	3
1:A:4:TYR:CE2	1:A:23:ILE:CG2	0.43	3.01	19	1
1:A:75:ASN:OD1	1:A:75:ASN:N	0.43	2.51	20	1
1:A:4:TYR:CE2	1:A:6:LEU:HD22	0.43	2.46	21	1
1:A:5:HIS:CA	1:A:18:GLY:O	0.43	2.66	26	1
1:A:45:ILE:CB	1:A:69:LEU:HB2	0.43	2.44	3	1
1:A:24:GLN:HA	1:A:33:GLY:N	0.43	2.29	8	3
1:A:4:TYR:CB	1:A:20:VAL:N	0.43	2.81	15	1
1:A:25:VAL:HG23	1:A:50:ILE:CG1	0.43	2.44	21	1
1:A:88:ASP:CG	1:A:88:ASP:O	0.43	2.57	30	1
1:A:24:GLN:CB	1:A:51:ARG:O	0.43	2.67	3	1
1:A:121:LEU:O	1:A:122:ALA:C	0.43	2.57	24	4
1:A:24:GLN:O	1:A:24:GLN:HG3	0.43	2.13	8	2
1:A:126:ALA:O	1:A:130:VAL:HG22	0.43	2.14	6	1
1:A:3:THR:HA	1:A:21:GLU:HB3	0.43	1.91	8	1
1:A:19:LEU:O	1:A:20:VAL:CG1	0.43	2.67	17	2
1:A:6:LEU:CD2	1:A:20:VAL:HG11	0.43	2.38	15	1
1:A:69:LEU:HA	1:A:78:VAL:CB	0.43	2.44	15	1
1:A:15:MET:HE1	1:A:62:ILE:CG2	0.43	2.44	19	1
1:A:4:TYR:CZ	1:A:20:VAL:HG23	0.43	2.49	20	1
1:A:10:SER:HA	1:A:80:ALA:HB3	0.43	1.89	20	1
1:A:4:TYR:CD1	1:A:4:TYR:C	0.43	2.92	23	1
1:A:61:PHE:CE2	1:A:133:LEU:HB3	0.43	2.49	28	1
1:A:27:GLY:HA2	1:A:47:PRO:O	0.43	2.13	2	1
1:A:6:LEU:HD23	1:A:52:ILE:HD13	0.43	1.91	4	1
1:A:4:TYR:CG	1:A:5:HIS:N	0.43	2.85	11	1
1:A:24:GLN:CG	1:A:25:VAL:N	0.43	2.81	12	1
1:A:55:GLN:HG2	1:A:56:HIS:N	0.43	2.28	29	2
1:A:6:LEU:CD1	1:A:76:VAL:CG2	0.43	2.97	19	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:108:SER:CB	1:A:114:TYR:HB2	0.43	2.44	27	1
1:A:23:ILE:CG2	1:A:34:ILE:HB	0.42	2.43	2	1
1:A:52:ILE:O	1:A:59:GLU:HA	0.42	2.13	14	2
1:A:81:ASP:O	1:A:81:ASP:CG	0.42	2.57	10	1
1:A:110:GLY:N	1:A:113:ASP:HB2	0.42	2.29	10	1
1:A:112:VAL:O	1:A:116:GLN:CB	0.42	2.67	10	2
1:A:37:GLY:O	1:A:38:HIS:C	0.42	2.56	18	2
1:A:65:SER:O	1:A:66:GLY:C	0.42	2.56	21	1
1:A:105:ILE:O	1:A:106:SER:C	0.42	2.57	21	1
1:A:12:GLU:O	1:A:12:GLU:CD	0.42	2.58	25	1
1:A:55:GLN:O	1:A:56:HIS:C	0.42	2.57	24	3
1:A:13:GLN:OE1	1:A:15:MET:SD	0.42	2.77	4	1
1:A:68:ILE:O	1:A:78:VAL:HA	0.42	2.13	29	2
1:A:11:ALA:O	1:A:13:GLN:N	0.42	2.52	9	1
1:A:112:VAL:O	1:A:116:GLN:HB2	0.42	2.14	10	3
1:A:47:PRO:CB	1:A:65:SER:O	0.42	2.67	13	1
1:A:19:LEU:CD2	1:A:19:LEU:O	0.42	2.67	17	2
1:A:74:GLY:O	1:A:75:ASN:HB2	0.42	2.14	15	2
1:A:108:SER:HB2	1:A:114:TYR:CB	0.42	2.44	15	1
1:A:22:LYS:O	1:A:52:ILE:CG1	0.42	2.67	16	1
1:A:88:ASP:O	1:A:89:LEU:HB2	0.42	2.13	29	2
1:A:69:LEU:HD12	1:A:69:LEU:O	0.42	2.14	20	1
1:A:4:TYR:HB2	1:A:20:VAL:HG22	0.42	1.89	21	1
1:A:90:ASP:OD1	1:A:94:ALA:N	0.42	2.51	28	1
1:A:45:ILE:HD11	1:A:69:LEU:CA	0.42	2.44	16	2
1:A:94:ALA:O	1:A:128:LEU:CD1	0.42	2.67	3	1
1:A:5:HIS:CG	1:A:6:LEU:N	0.42	2.87	7	1
1:A:3:THR:HG21	1:A:55:GLN:HG2	0.42	1.91	10	2
1:A:44:ALA:C	1:A:69:LEU:CD2	0.42	2.88	10	1
1:A:98:LYS:HD2	1:A:125:ILE:HD12	0.42	1.90	10	1
1:A:98:LYS:CD	1:A:125:ILE:HG12	0.42	2.44	11	1
1:A:2:MET:O	1:A:3:THR:HB	0.42	2.13	27	2
1:A:75:ASN:C	1:A:76:VAL:HG13	0.42	2.35	17	1
1:A:6:LEU:HD13	1:A:76:VAL:CG2	0.42	2.44	19	1
1:A:69:LEU:HD23	1:A:78:VAL:HG12	0.42	1.89	30	1
1:A:20:VAL:CG2	1:A:23:ILE:HG13	0.42	2.44	3	1
1:A:80:ALA:C	1:A:81:ASP:OD1	0.42	2.58	5	1
1:A:128:LEU:HA	1:A:131:ILE:CD1	0.42	2.44	9	1
1:A:3:THR:OG1	1:A:55:GLN:HB2	0.42	2.14	12	1
1:A:14:GLN:O	1:A:15:MET:SD	0.42	2.77	14	1
1:A:30:GLY:O	1:A:31:GLU:CD	0.42	2.58	14	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:23:ILE:HD13	1:A:34:ILE:HG21	0.42	1.91	15	1
1:A:55:GLN:CG	1:A:56:HIS:N	0.42	2.79	15	1
1:A:8:VAL:O	1:A:15:MET:HB2	0.42	2.14	30	2
1:A:23:ILE:HG22	1:A:24:GLN:H	0.42	1.73	20	1
1:A:8:VAL:CG2	1:A:64:LEU:HD11	0.42	2.44	22	1
1:A:11:ALA:CB	1:A:81:ASP:O	0.42	2.68	22	1
1:A:69:LEU:HG	1:A:78:VAL:CG1	0.42	2.44	24	1
1:A:102:GLU:HA	1:A:102:GLU:OE1	0.42	2.14	25	1
1:A:67:GLY:HA3	1:A:79:LEU:O	0.42	2.14	26	2
1:A:45:ILE:O	1:A:46:LYS:CB	0.42	2.68	9	2
1:A:136:LYS:O	1:A:137:ALA:C	0.42	2.58	8	4
1:A:64:LEU:C	1:A:64:LEU:HD12	0.42	2.35	8	2
1:A:52:ILE:HG23	1:A:53:VAL:N	0.42	2.29	9	1
1:A:23:ILE:HG23	1:A:34:ILE:N	0.42	2.30	12	1
1:A:65:SER:CB	1:A:123:LYS:HD3	0.42	2.44	16	1
1:A:21:GLU:CG	1:A:55:GLN:O	0.42	2.67	18	1
1:A:50:ILE:N	1:A:62:ILE:O	0.42	2.52	19	1
1:A:101:ALA:O	1:A:105:ILE:HG12	0.42	2.15	20	1
1:A:75:ASN:OD1	1:A:75:ASN:C	0.42	2.57	23	1
1:A:119:ALA:O	1:A:123:LYS:HD3	0.42	2.14	29	1
1:A:52:ILE:O	1:A:59:GLU:CB	0.42	2.67	23	2
1:A:49:MET:HE1	1:A:130:VAL:HG12	0.42	1.91	3	1
1:A:121:LEU:O	1:A:123:LYS:N	0.42	2.53	20	2
1:A:133:LEU:O	1:A:134:THR:C	0.42	2.57	16	3
1:A:133:LEU:CD1	1:A:133:LEU:H	0.42	2.28	6	1
1:A:72:GLN:HG2	1:A:73:PRO:HD2	0.42	1.91	24	2
1:A:121:LEU:O	1:A:125:ILE:CD1	0.42	2.67	25	1
1:A:119:ALA:O	1:A:123:LYS:HG2	0.42	2.14	1	1
1:A:23:ILE:HB	1:A:52:ILE:HD13	0.42	1.92	2	1
1:A:128:LEU:O	1:A:131:ILE:HG12	0.42	2.14	2	1
1:A:130:VAL:CG2	1:A:131:ILE:N	0.42	2.83	4	1
1:A:50:ILE:CG2	1:A:62:ILE:CG1	0.42	2.98	10	1
1:A:135:LYS:CE	1:A:136:LYS:HG2	0.42	2.45	12	1
1:A:6:LEU:O	1:A:17:SER:HA	0.42	2.15	19	2
1:A:6:LEU:HB2	1:A:76:VAL:HG23	0.42	1.89	17	1
1:A:4:TYR:HB2	1:A:20:VAL:N	0.42	2.30	21	1
1:A:120:GLU:O	1:A:123:LYS:HG3	0.42	2.15	8	1
1:A:10:SER:OG	1:A:80:ALA:C	0.42	2.57	9	1
1:A:83:ALA:O	1:A:84:ILE:HD12	0.42	2.14	12	1
1:A:70:GLU:O	1:A:70:GLU:HG3	0.42	2.15	19	1
1:A:16:PHE:CD1	1:A:17:SER:N	0.42	2.87	22	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:63:TYR:CD1	1:A:84:ILE:CB	0.42	3.03	27	1
1:A:89:LEU:O	1:A:90:ASP:C	0.42	2.57	3	1
1:A:22:LYS:CE	1:A:53:VAL:HG21	0.42	2.45	9	1
1:A:7:ASP:O	1:A:77:THR:HA	0.42	2.15	11	2
1:A:128:LEU:O	1:A:131:ILE:HG13	0.42	2.15	14	1
1:A:102:GLU:O	1:A:102:GLU:HG3	0.42	2.15	23	2
1:A:63:TYR:CZ	1:A:127:GLN:OE1	0.42	2.73	19	1
1:A:49:MET:SD	1:A:49:MET:C	0.42	2.98	20	2
1:A:13:GLN:O	1:A:14:GLN:C	0.42	2.58	28	1
1:A:55:GLN:OE1	1:A:60:GLU:CG	0.42	2.68	28	1
1:A:87:GLN:O	1:A:89:LEU:N	0.42	2.53	3	1
1:A:88:ASP:OD1	1:A:88:ASP:N	0.42	2.53	13	1
1:A:69:LEU:HG	1:A:70:GLU:N	0.42	2.30	15	1
1:A:111:ASP:OD1	1:A:111:ASP:C	0.42	2.58	16	1
1:A:86:GLY:O	1:A:87:GLN:HB2	0.41	2.15	1	1
1:A:45:ILE:CG1	1:A:69:LEU:CB	0.41	2.98	2	1
1:A:52:ILE:HG22	1:A:60:GLU:H	0.41	1.75	5	1
1:A:134:THR:O	1:A:135:LYS:C	0.41	2.59	8	1
1:A:61:PHE:O	1:A:62:ILE:HG13	0.41	2.15	9	1
1:A:87:GLN:CA	1:A:131:ILE:HG13	0.41	2.45	10	1
1:A:69:LEU:HG	1:A:77:THR:C	0.41	2.36	21	1
1:A:86:GLY:C	1:A:87:GLN:HG2	0.41	2.36	21	1
1:A:86:GLY:HA3	1:A:130:VAL:HG23	0.41	1.92	23	1
1:A:51:ARG:O	1:A:52:ILE:HG12	0.41	2.15	26	1
1:A:26:THR:O	1:A:26:THR:HG23	0.41	2.15	30	1
1:A:114:TYR:CD1	1:A:114:TYR:C	0.41	2.93	1	1
1:A:24:GLN:CD	1:A:51:ARG:HB3	0.41	2.36	6	1
1:A:23:ILE:HG13	1:A:33:GLY:HA3	0.41	1.93	7	1
1:A:128:LEU:O	1:A:128:LEU:CD2	0.41	2.67	11	2
1:A:41:LEU:CB	1:A:71:VAL:O	0.41	2.68	12	1
1:A:69:LEU:O	1:A:69:LEU:CG	0.41	2.68	13	1
1:A:6:LEU:HD13	1:A:6:LEU:HA	0.41	1.64	21	1
1:A:23:ILE:HD11	1:A:34:ILE:HB	0.41	1.93	8	1
1:A:131:ILE:CG2	1:A:132:GLU:N	0.41	2.83	30	3
1:A:103:GLU:OE1	1:A:103:GLU:CA	0.41	2.68	16	1
1:A:4:TYR:CE1	1:A:20:VAL:HG23	0.41	2.51	20	1
1:A:8:VAL:HA	1:A:78:VAL:O	0.41	2.16	21	1
1:A:69:LEU:CD2	1:A:78:VAL:HA	0.41	2.44	21	1
1:A:22:LYS:HA	1:A:34:ILE:O	0.41	2.16	23	1
1:A:102:GLU:HG2	1:A:106:SER:OG	0.41	2.14	26	1
1:A:110:GLY:O	1:A:111:ASP:HB2	0.41	2.13	27	1

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:84:ILE:O	1:A:85:ARG:HB2	0.41	2.15	7	1
1:A:130:VAL:HG23	1:A:131:ILE:H	0.41	1.74	7	1
1:A:117:ALA:HA	1:A:120:GLU:CG	0.41	2.46	17	1
1:A:6:LEU:CD2	1:A:76:VAL:CG2	0.41	2.98	19	1
1:A:87:GLN:OE1	1:A:134:THR:HB	0.41	2.15	20	1
1:A:4:TYR:CZ	1:A:34:ILE:HG21	0.41	2.51	23	1
1:A:23:ILE:O	1:A:23:ILE:HG13	0.41	2.13	25	1
1:A:67:GLY:O	1:A:68:ILE:HD13	0.41	2.16	29	1
1:A:5:HIS:HB3	1:A:75:ASN:HB3	0.41	1.93	30	1
1:A:84:ILE:HA	1:A:88:ASP:OD2	0.41	2.16	4	1
1:A:102:GLU:O	1:A:103:GLU:C	0.41	2.59	12	1
1:A:50:ILE:HD13	1:A:51:ARG:CA	0.41	2.45	20	1
1:A:2:MET:CB	1:A:36:PRO:CB	0.41	2.99	23	1
1:A:79:LEU:HG	1:A:80:ALA:N	0.41	2.30	24	1
1:A:41:LEU:HB3	1:A:69:LEU:CD1	0.41	2.45	30	1
1:A:25:VAL:CB	1:A:46:LYS:HG3	0.41	2.45	9	1
1:A:69:LEU:HB2	1:A:78:VAL:CG2	0.41	2.45	9	1
1:A:87:GLN:NE2	1:A:91:GLU:OE1	0.41	2.53	9	1
1:A:98:LYS:HD2	1:A:125:ILE:CD1	0.41	2.45	11	1
1:A:55:GLN:OE1	1:A:56:HIS:HB2	0.41	2.15	19	1
1:A:16:PHE:CE1	1:A:52:ILE:HG13	0.41	2.49	20	1
1:A:105:ILE:HG23	1:A:118:SER:OG	0.41	2.16	22	1
1:A:42:LEU:HD22	1:A:70:GLU:CG	0.41	2.46	23	1
1:A:86:GLY:O	1:A:131:ILE:HB	0.41	2.16	23	1
1:A:132:GLU:O	1:A:135:LYS:HG3	0.41	2.15	25	1
1:A:72:GLN:OE1	1:A:75:ASN:HB2	0.41	2.15	29	1
1:A:7:ASP:HB3	1:A:77:THR:OG1	0.41	2.15	30	1
1:A:5:HIS:O	1:A:75:ASN:HB2	0.41	2.15	1	1
1:A:25:VAL:HG21	1:A:46:LYS:CG	0.41	2.37	4	2
1:A:12:GLU:O	1:A:13:GLN:CB	0.41	2.65	7	1
1:A:121:LEU:C	1:A:121:LEU:CD1	0.41	2.89	11	1
1:A:34:ILE:HD12	1:A:38:HIS:CG	0.41	2.50	12	1
1:A:52:ILE:HD12	1:A:62:ILE:HD11	0.41	1.92	12	1
1:A:16:PHE:CD2	1:A:52:ILE:CD1	0.41	3.03	19	1
1:A:42:LEU:CD1	1:A:70:GLU:HB3	0.41	2.46	19	1
1:A:49:MET:CE	1:A:50:ILE:N	0.41	2.84	26	1
1:A:69:LEU:O	1:A:70:GLU:HG2	0.41	2.16	28	1
1:A:26:THR:O	1:A:26:THR:CG2	0.41	2.69	30	1
1:A:102:GLU:O	1:A:105:ILE:CG2	0.41	2.65	30	1
1:A:79:LEU:C	1:A:79:LEU:CD2	0.41	2.87	3	1
1:A:69:LEU:HD22	1:A:78:VAL:CG2	0.41	2.45	4	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:87:GLN:CD	1:A:91:GLU:OE1	0.41	2.60	4	1
1:A:16:PHE:CE1	1:A:55:GLN:CG	0.41	3.03	6	1
1:A:45:ILE:HG13	1:A:69:LEU:HD13	0.41	1.93	7	1
1:A:16:PHE:CE1	1:A:54:LYS:HG2	0.41	2.50	8	1
1:A:53:VAL:HA	1:A:59:GLU:CB	0.41	2.46	8	1
1:A:22:LYS:HE2	1:A:53:VAL:HG21	0.41	1.93	9	1
1:A:121:LEU:C	1:A:121:LEU:HD13	0.41	2.36	11	1
1:A:74:GLY:C	1:A:75:ASN:OD1	0.41	2.59	12	3
1:A:7:ASP:HB2	1:A:77:THR:OG1	0.41	2.16	13	1
1:A:128:LEU:O	1:A:128:LEU:HG	0.41	2.16	16	1
1:A:42:LEU:HD12	1:A:69:LEU:O	0.41	2.15	19	1
1:A:51:ARG:HG3	1:A:60:GLU:O	0.41	2.16	20	1
1:A:47:PRO:HB3	1:A:65:SER:HA	0.41	1.93	21	1
1:A:104:HIS:O	1:A:114:TYR:OH	0.41	2.39	21	1
1:A:4:TYR:O	1:A:19:LEU:CA	0.41	2.69	22	1
1:A:6:LEU:CD2	1:A:23:ILE:HB	0.41	2.46	22	1
1:A:124:ALA:O	1:A:127:GLN:HG3	0.41	2.15	25	1
1:A:5:HIS:CE1	1:A:7:ASP:CG	0.41	2.94	26	1
1:A:102:GLU:O	1:A:106:SER:OG	0.41	2.33	26	1
1:A:64:LEU:HD13	1:A:64:LEU:O	0.41	2.16	29	1
1:A:15:MET:HE1	1:A:83:ALA:HB1	0.41	1.91	4	1
1:A:51:ARG:NH1	1:A:51:ARG:HG2	0.41	2.31	4	1
1:A:64:LEU:HD13	1:A:64:LEU:HA	0.41	1.75	7	1
1:A:131:ILE:HA	1:A:134:THR:OG1	0.41	2.16	7	1
1:A:133:LEU:HD12	1:A:133:LEU:C	0.41	2.37	13	1
1:A:28:SER:HB3	1:A:46:LYS:CB	0.41	2.46	14	1
1:A:50:ILE:CD1	1:A:62:ILE:HG12	0.41	2.46	15	1
1:A:49:MET:C	1:A:49:MET:SD	0.41	3.00	16	1
1:A:4:TYR:CE2	1:A:23:ILE:HG21	0.41	2.51	19	1
1:A:108:SER:O	1:A:114:TYR:CE2	0.41	2.74	19	1
1:A:39:ALA:O	1:A:71:VAL:HG13	0.41	2.16	20	1
1:A:87:GLN:O	1:A:88:ASP:HB3	0.41	2.16	30	1
1:A:91:GLU:CG	1:A:131:ILE:CD1	0.41	2.99	30	1
1:A:3:THR:HB	1:A:20:VAL:O	0.40	2.16	2	1
1:A:124:ALA:O	1:A:127:GLN:CG	0.40	2.69	6	1
1:A:39:ALA:CB	1:A:40:PRO:HD2	0.40	2.27	12	1
1:A:135:LYS:HE2	1:A:136:LYS:HG2	0.40	1.93	12	1
1:A:48:GLY:HA2	1:A:126:ALA:HB2	0.40	1.93	17	1
1:A:49:MET:CE	1:A:130:VAL:CG1	0.40	2.99	19	1
1:A:24:GLN:OE1	1:A:35:TYR:OH	0.40	2.38	22	1
1:A:68:ILE:HG22	1:A:79:LEU:HB2	0.40	1.92	22	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:112:VAL:HA	1:A:115:ALA:CB	0.40	2.40	7	1
1:A:119:ALA:O	1:A:123:LYS:HE3	0.40	2.16	9	1
1:A:50:ILE:HG21	1:A:62:ILE:HD12	0.40	1.93	10	1
1:A:15:MET:HE1	1:A:84:ILE:C	0.40	2.37	15	1
1:A:4:TYR:OH	1:A:23:ILE:CG1	0.40	2.69	16	1
1:A:45:ILE:CG2	1:A:46:LYS:N	0.40	2.85	18	1
1:A:116:GLN:O	1:A:120:GLU:HG3	0.40	2.16	20	1
1:A:6:LEU:HB2	1:A:76:VAL:HG13	0.40	1.93	23	1
1:A:24:GLN:HG2	1:A:25:VAL:N	0.40	2.31	2	1
1:A:21:GLU:HB2	1:A:54:LYS:CB	0.40	2.47	6	1
1:A:22:LYS:HG3	1:A:35:TYR:CE2	0.40	2.51	6	1
1:A:3:THR:HG21	1:A:55:GLN:CD	0.40	2.36	8	1
1:A:20:VAL:HA	1:A:54:LYS:CB	0.40	2.46	11	1
1:A:15:MET:CG	1:A:62:ILE:HG21	0.40	2.40	20	1
1:A:63:TYR:CE2	1:A:84:ILE:CD1	0.40	3.04	20	1
1:A:84:ILE:O	1:A:88:ASP:HB2	0.40	2.16	20	1
1:A:91:GLU:O	1:A:131:ILE:CD1	0.40	2.69	20	1
1:A:9:VAL:O	1:A:79:LEU:HA	0.40	2.16	21	1
1:A:69:LEU:HD23	1:A:78:VAL:HA	0.40	1.93	21	1
1:A:8:VAL:HG21	1:A:64:LEU:HD11	0.40	1.93	22	1
1:A:61:PHE:CD1	1:A:61:PHE:O	0.40	2.74	24	1
1:A:12:GLU:C	1:A:12:GLU:OE1	0.40	2.60	25	1
1:A:38:HIS:CD2	1:A:41:LEU:HB2	0.40	2.52	25	1
1:A:106:SER:O	1:A:107:SER:C	0.40	2.59	28	1
1:A:25:VAL:HG12	1:A:50:ILE:HB	0.40	1.92	30	1
1:A:23:ILE:HD12	1:A:50:ILE:HD11	0.40	1.93	1	1
1:A:65:SER:O	1:A:66:GLY:O	0.40	2.39	2	1
1:A:4:TYR:HE2	1:A:76:VAL:HG11	0.40	1.75	3	1
1:A:31:GLU:CD	1:A:31:GLU:O	0.40	2.60	11	1
1:A:2:MET:O	1:A:21:GLU:HG3	0.40	2.17	13	1
1:A:111:ASP:C	1:A:113:ASP:N	0.40	2.74	7	1
1:A:3:THR:CG2	1:A:55:GLN:HG2	0.40	2.47	10	1
1:A:52:ILE:CG2	1:A:53:VAL:N	0.40	2.85	12	1
1:A:129:ARG:O	1:A:133:LEU:HD23	0.40	2.15	13	1
1:A:7:ASP:HA	1:A:16:PHE:O	0.40	2.16	15	1
1:A:87:GLN:OE1	1:A:131:ILE:CG1	0.40	2.70	16	1
1:A:51:ARG:HA	1:A:60:GLU:O	0.40	2.16	20	1
1:A:105:ILE:CG1	1:A:121:LEU:CD1	0.40	2.99	20	1
1:A:45:ILE:HD11	1:A:68:ILE:CA	0.40	2.46	24	1
1:A:98:LYS:HB2	1:A:125:ILE:HD11	0.40	1.93	24	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	136/138 (99%)	97±5 (71±3%)	29±4 (22±3%)	10±2 (7±2%)	2	15
All	All	4080/4140 (99%)	2898 (71%)	882 (22%)	300 (7%)	2	15

All 54 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	113	ASP	22
1	A	20	VAL	16
1	A	55	GLN	16
1	A	3	THR	14
1	A	11	ALA	11
1	A	39	ALA	10
1	A	89	LEU	10
1	A	107	SER	9
1	A	85	ARG	8
1	A	109	HIS	8
1	A	90	ASP	8
1	A	14	GLN	8
1	A	54	LYS	8
1	A	13	GLN	8
1	A	23	ILE	7
1	A	111	ASP	7
1	A	31	GLU	7
1	A	75	ASN	7
1	A	62	ILE	6
1	A	106	SER	6
1	A	45	ILE	6
1	A	58	HIS	6
1	A	24	GLN	6
1	A	19	LEU	6
1	A	29	GLU	5
1	A	78	VAL	5
1	A	91	GLU	5

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	42	LEU	4
1	A	87	GLN	4
1	A	27	GLY	4
1	A	28	SER	4
1	A	37	GLY	4
1	A	2	MET	4
1	A	57	GLY	4
1	A	86	GLY	3
1	A	108	SER	3
1	A	56	HIS	3
1	A	46	LYS	2
1	A	66	GLY	2
1	A	15	MET	2
1	A	112	VAL	2
1	A	10	SER	2
1	A	50	ILE	2
1	A	12	GLU	2
1	A	32	LEU	2
1	A	38	HIS	2
1	A	83	ALA	2
1	A	43	THR	2
1	A	21	GLU	1
1	A	74	GLY	1
1	A	110	GLY	1
1	A	30	GLY	1
1	A	69	LEU	1
1	A	17	SER	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	109/109 (100%)	74±5 (68±5%)	35±5 (32±5%)	1	12
All	All	3270/3270 (100%)	2210 (68%)	1060 (32%)	1	12

All 99 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	35	TYR	29
1	A	20	VAL	28
1	A	6	LEU	27
1	A	95	MET	21
1	A	42	LEU	20
1	A	46	LYS	20
1	A	98	LYS	20
1	A	7	ASP	19
1	A	72	GLN	18
1	A	136	LYS	18
1	A	89	LEU	18
1	A	51	ARG	18
1	A	64	LEU	17
1	A	3	THR	17
1	A	54	LYS	16
1	A	128	LEU	16
1	A	99	ARG	16
1	A	50	ILE	15
1	A	107	SER	15
1	A	108	SER	15
1	A	121	LEU	15
1	A	123	LYS	15
1	A	23	ILE	15
1	A	41	LEU	15
1	A	93	ARG	15
1	A	2	MET	14
1	A	24	GLN	14
1	A	28	SER	14
1	A	69	LEU	14
1	A	109	HIS	14
1	A	133	LEU	14
1	A	22	LYS	14
1	A	13	GLN	13
1	A	63	TYR	13
1	A	129	ARG	13
1	A	135	LYS	13
1	A	21	GLU	13
1	A	118	SER	13
1	A	138	MET	13
1	A	100	LYS	12
1	A	116	GLN	12
1	A	61	PHE	12
1	A	87	GLN	12

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	31	GLU	12
1	A	65	SER	11
1	A	96	GLU	11
1	A	10	SER	11
1	A	104	HIS	11
1	A	45	ILE	11
1	A	59	GLU	11
1	A	52	ILE	11
1	A	79	LEU	11
1	A	56	HIS	10
1	A	58	HIS	10
1	A	85	ARG	10
1	A	106	SER	10
1	A	111	ASP	10
1	A	60	GLU	10
1	A	103	GLU	10
1	A	127	GLN	9
1	A	5	HIS	9
1	A	15	MET	9
1	A	90	ASP	9
1	A	14	GLN	9
1	A	29	GLU	8
1	A	62	ILE	8
1	A	12	GLU	8
1	A	132	GLU	8
1	A	70	GLU	7
1	A	120	GLU	7
1	A	77	THR	7
1	A	81	ASP	7
1	A	102	GLU	6
1	A	16	PHE	6
1	A	91	GLU	6
1	A	32	LEU	6
1	A	75	ASN	5
1	A	88	ASP	5
1	A	19	LEU	5
1	A	78	VAL	4
1	A	4	TYR	4
1	A	55	GLN	4
1	A	113	ASP	4
1	A	43	THR	4
1	A	114	TYR	4

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	131	ILE	4
1	A	25	VAL	4
1	A	49	MET	3
1	A	76	VAL	3
1	A	130	VAL	2
1	A	134	THR	2
1	A	9	VAL	2
1	A	17	SER	1
1	A	112	VAL	1
1	A	84	ILE	1
1	A	26	THR	1
1	A	68	ILE	1
1	A	34	ILE	1
1	A	38	HIS	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