



# Full wwPDB NMR Structure Validation Report ⓘ

Mar 6, 2022 – 01:33 PM EST

PDB ID : 2KBF  
Title : solution structure of carboxyl-terminal domain of Dbp5p  
Authors : Fan, J.S.; Zhang, J.; Yang, D.  
Deposited on : 2008-11-28

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 : 2.27  
Ideal geometry (proteins) : Engh & Huber (2001)  
Ideal geometry (DNA, RNA) : Parkinson et al. (1996)  
Validation Pipeline (wwPDB-VP) : 2.27

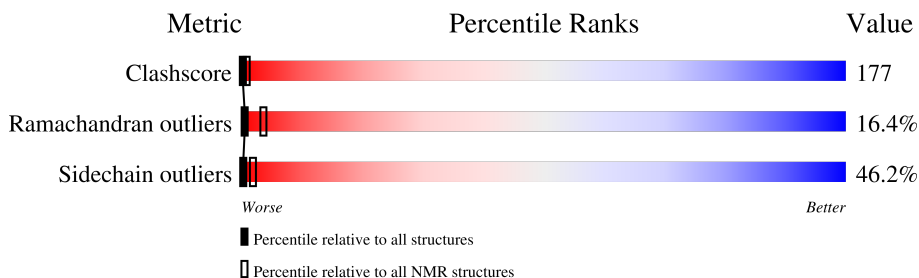
# 1 Overall quality at a glance

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	187	

## 2 Ensemble composition and analysis i

This entry contains 20 models. Model 3 is the overall representative, medoid model (most similar to other models). The authors have identified model 1 as representative, based on the following criterion: *lowest energy*.

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

Well-defined (core) protein residues			
Well-defined core	Residue range (total)	Backbone RMSD (Å)	Medoid model
1	A:298-A:410, A:414-A:482 (182)	0.86	3

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

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

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

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

### 3 Entry composition

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 2982 atoms, of which 1503 are hydrogens and 0 are deuteriums.

- Molecule 1 is a protein called ATP-dependent RNA helicase DBP5.

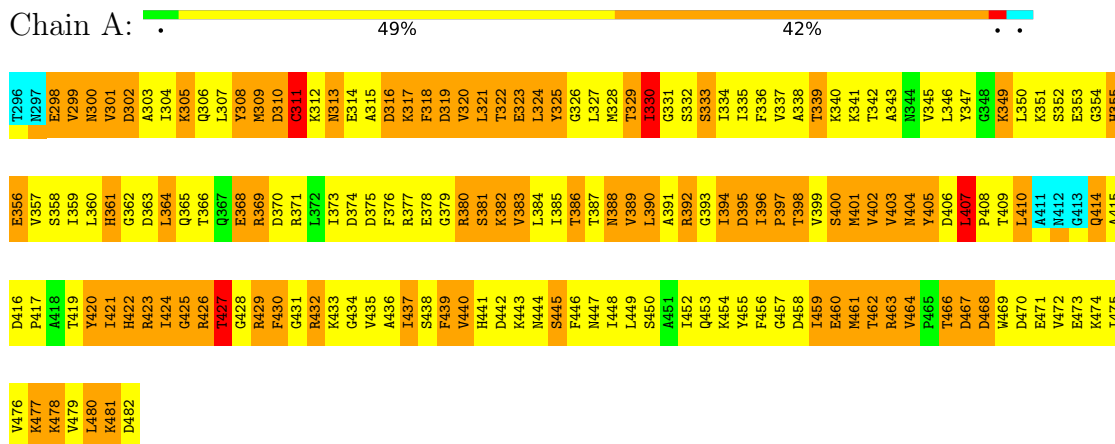
Mol	Chain	Residues	Atoms						Trace
			Total	C	H	N	O	S	
1	A	187	2982	934	1503	255	285	5	0

## 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: ATP-dependent RNA helicase DBP5

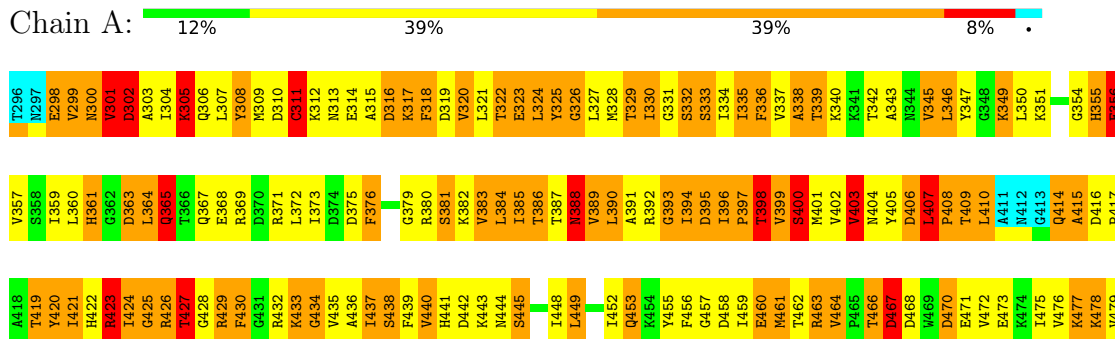


### 4.2 Scores per residue for each member of the ensemble

Colouring as in section 4.1 above.

#### 4.2.1 Score per residue for model 1

- Molecule 1: ATP-dependent RNA helicase DBP5



L480  
K481  
D482

#### 4.2.2 Score per residue for model 2

- Molecule 1: ATP-dependent RNA helicase DBP5

Chain A: 11% 43% 36% 7%

T296 V297 E298 E299 N300 N301 D302 A303 I304 K305 Q306 L307 Y308 M309 D310 C311 K312 D313 N313 E314 A315 V316 R317 F318 S318 D319 V320 L321 T322 E323 L324 N325 G326 L327 M328 T329 G331 S332 S333 I334 T335 F336 V337 S400 M401 A338 T339 K340 K341 A343 L346 Y347 G348 K349 L350 K351 S352 E353 G354 H355 E356

V357 S358 L359 L360 H361 N362 D363 L364 Q365 T366 Q367 E368 R369 D370 R371 D372 L372 I373 D374 N375 F376 R380 S381 K382 V383 L384 T385 E386 T387 N388 Y325 V389 L390 A391 R392 G393 I394 D395 I396 F397 T398 V399 S400 M401 V402 V403 M404 T405 D406 L407 P408 T409 L410 A411 M412 K351 Q413 A414 A415 D416 H355 A418

T419 Y420 I421 H422 N423 I424 G425 R426 T427 G428 F430 G431 R432 K433 G434 V435 A436 I437 S438 F439 V440 H441 D442 K443 M444 S445 F446 M447 I448 L449 S450 A451 T452 Q453 K454 Y455 F456 G457 D458 E459 E460 M461 T462 R463 V464 T465 T466 D467 D468 M469 D470 E471 L472 E473 K474 I475 V476 K477 R478

V479  
L480  
K481  
D482

#### 4.2.3 Score per residue for model 3 (medoid)

- Molecule 1: ATP-dependent RNA helicase DBP5

Chain A: 7% 43% 40% 7%

T296 V297 E298 E299 N300 N301 D302 A303 I304 K305 Q306 L307 Y308 M309 D310 C311 K312 D313 N313 E314 A315 D316 K317 F318 S318 D319 V320 L321 T322 E323 L324 N325 G326 L327 M328 T329 G331 S332 S333 I334 T335 F336 V337 S400 M401 A338 T339 K340 K341 A343 L346 Y347 G348 K349 L410 K349 A411 M412 K351 S352 E353 G354 H355

E356 V357 S358 L359 L360 H361 N362 D363 L364 Q365 T366 Q367 E368 R369 D370 R371 D372 L372 I373 F376 R377 E378 G379 R380 S381 K382 V383 L384 T385 E386 T387 N388 Y325 V389 L390 A391 R392 G393 I394 D395 I396 F397 T398 V399 S400 M401 V402 V403 M404 T405 D406 L407 P408 T409 L410 A411 M412 K413 Q414 D416

P417 H418 T419 V299 N300 N301 D302 A303 I304 K305 Q306 L307 Y308 M309 D310 C311 K312 D313 N313 E314 V435 A436 L437 S438 F439 V440 H441 D442 K443 M444 S445 F446 M447 I448 L449 S450 A451 T452 Q453 K454 Y455 F456 G457 D458 E459 E460 M461 T462 R463 V464 T465 T466 D467 D468 M469 D470 E471 L472 E473 K474 I475 V476

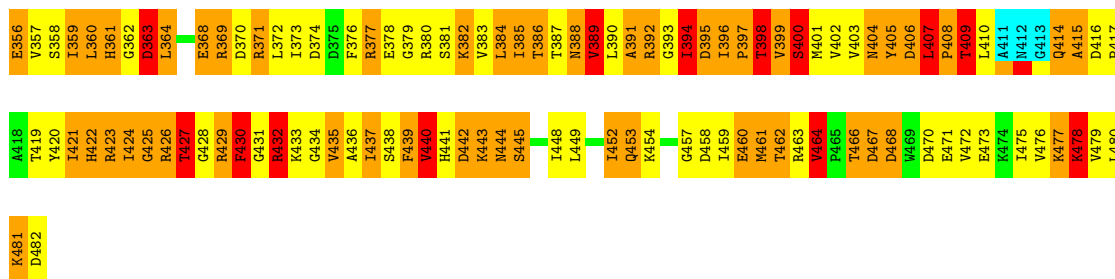
K477  
K478  
V479  
L480  
K481  
D482

#### 4.2.4 Score per residue for model 4

- Molecule 1: ATP-dependent RNA helicase DBP5

Chain A: 10% 38% 42% 7%

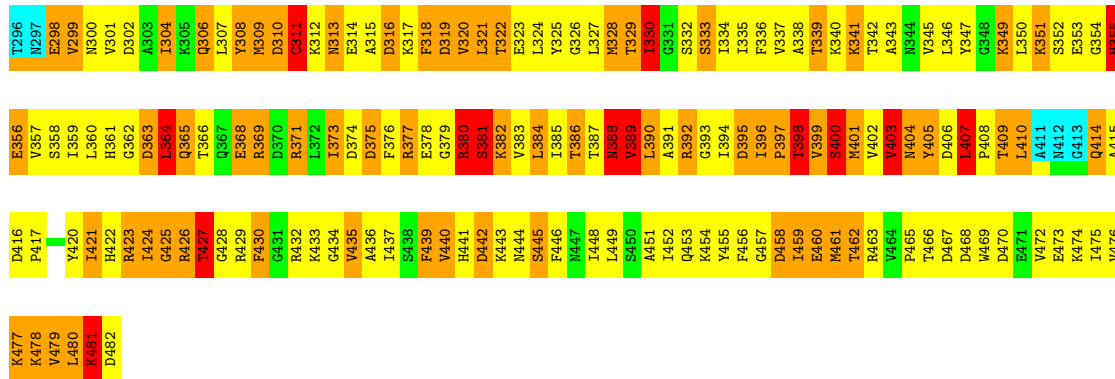
T296 V297 E298 E299 N300 N301 D302 A303 I304 K305 Q306 L307 Y308 M309 D310 C311 K312 D313 N313 E314 A315 V316 R317 F318 S318 D319 V320 L321 T322 E323 L324 N325 G326 L327 M328 T329 G331 S332 S333 I334 T335 F336 V337 S400 M401 A338 T339 K340 K341 A343 A344 V345 L346 Y347 G348 K349 L350 K351 S352 E353 G354 H355



#### 4.2.5 Score per residue for model 5

- Molecule 1: ATP-dependent RNA helicase DBP5

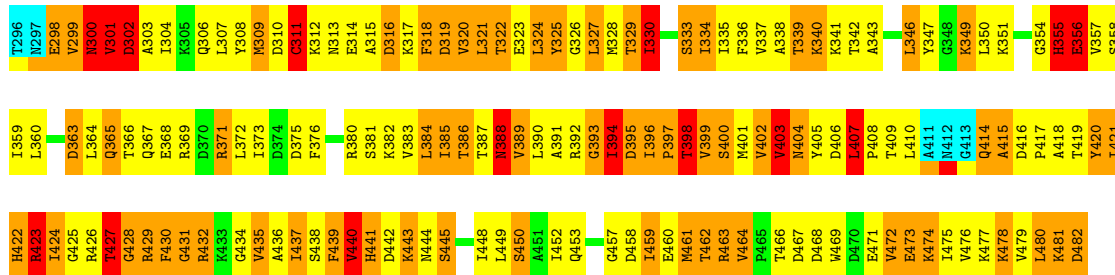
Chain A: 9% 47% 35% 7%



#### 4.2.6 Score per residue for model 6

- Molecule 1: ATP-dependent RNA helicase DBP5

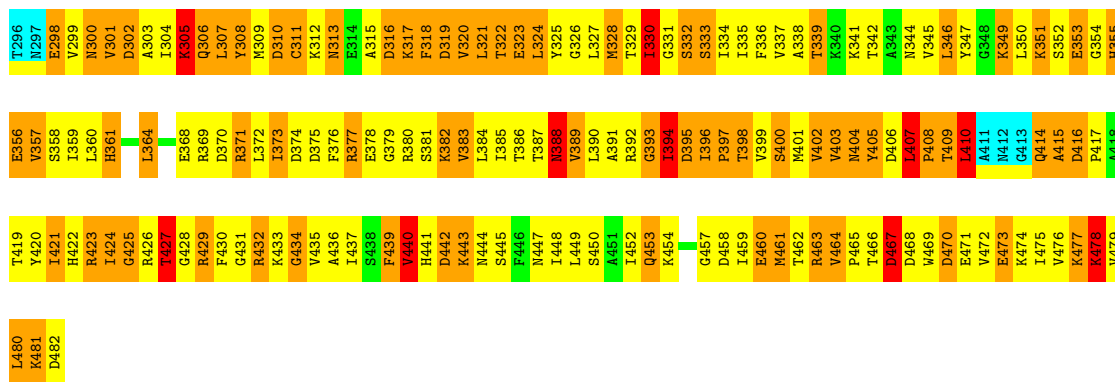
Chain A: 13% 42% 34% 8%



#### 4.2.7 Score per residue for model 7

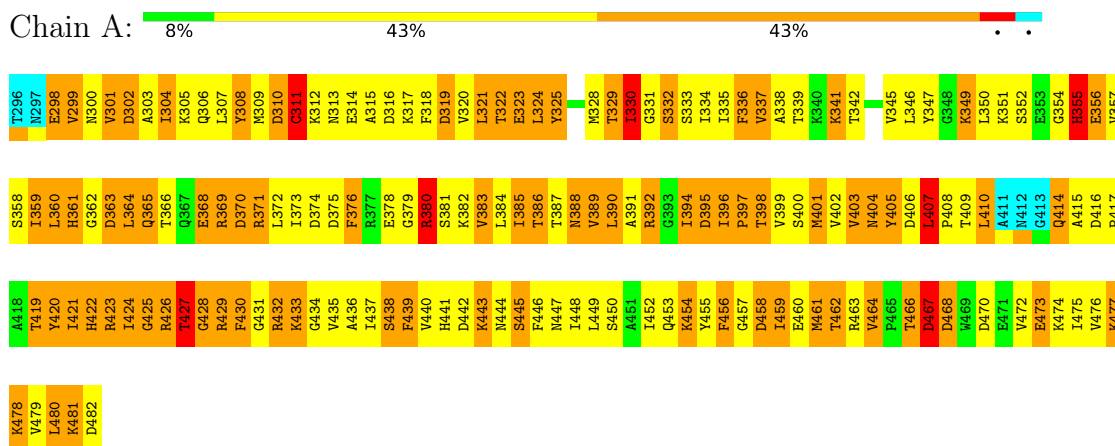
- Molecule 1: ATP-dependent RNA helicase DBP5

Chain A: 8% 45% 39% 5%



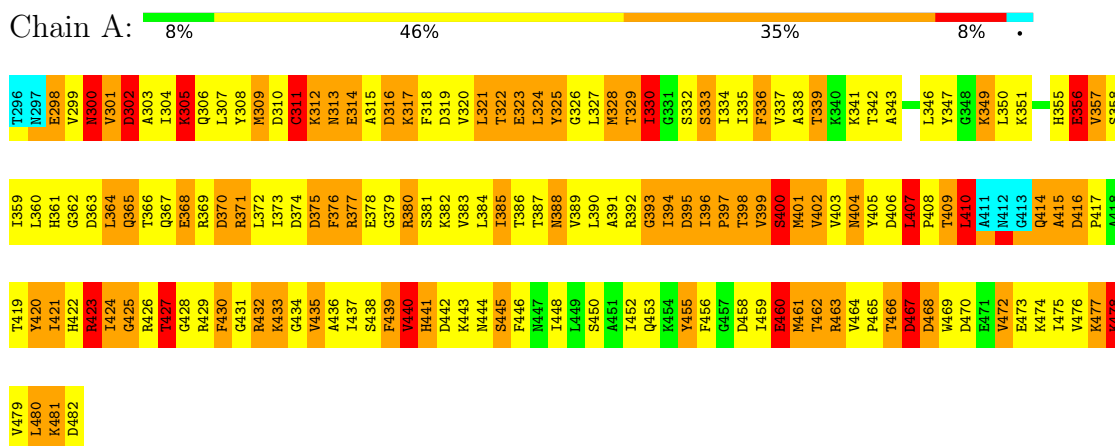
## 4.2.8 Score per residue for model 8

- Molecule 1: ATP-dependent RNA helicase DBP5



## 4.2.9 Score per residue for model 9

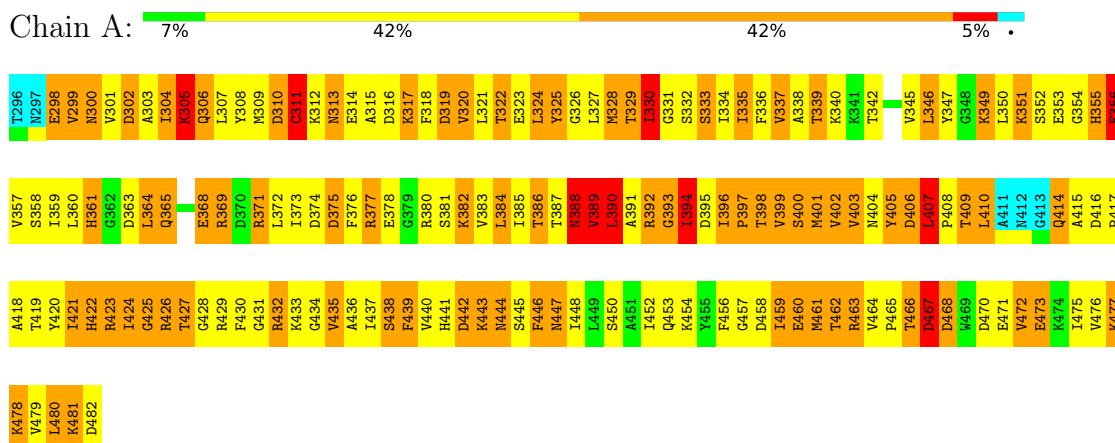
- Molecule 1: ATP-dependent RNA helicase DBP5





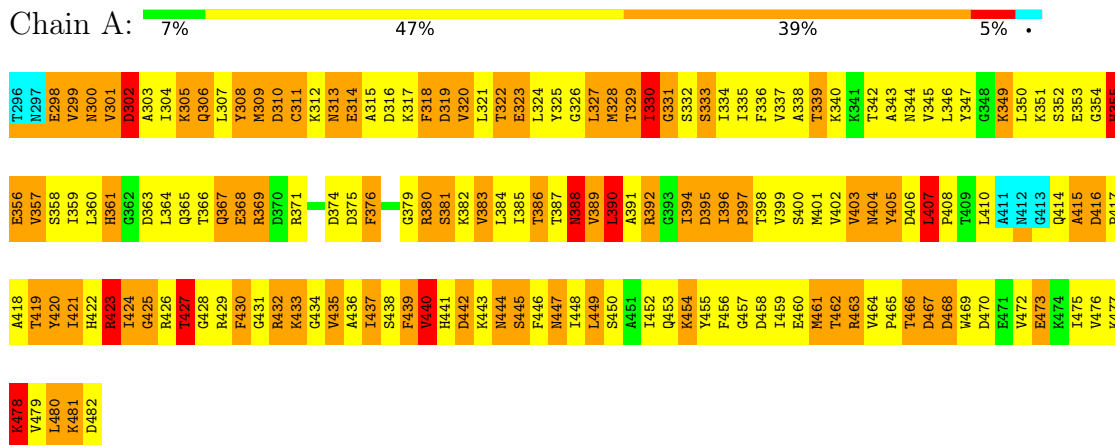
### 4.2.10 Score per residue for model 10

- Molecule 1: ATP-dependent RNA helicase DBP5



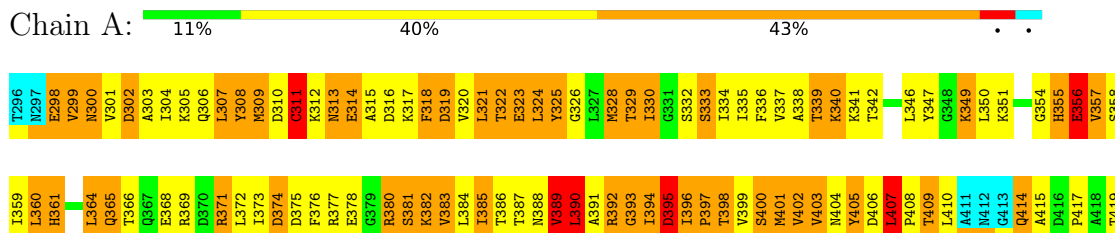
### 4.2.11 Score per residue for model 11

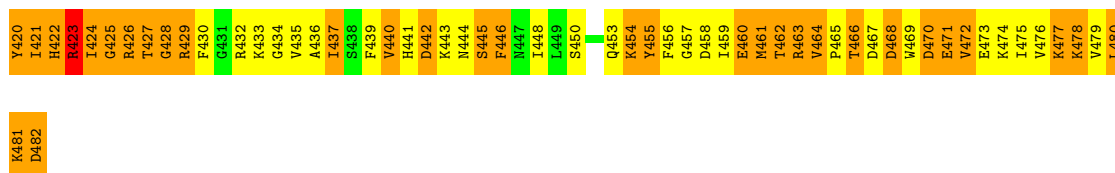
- Molecule 1: ATP-dependent RNA helicase DBP5



### 4.2.12 Score per residue for model 12

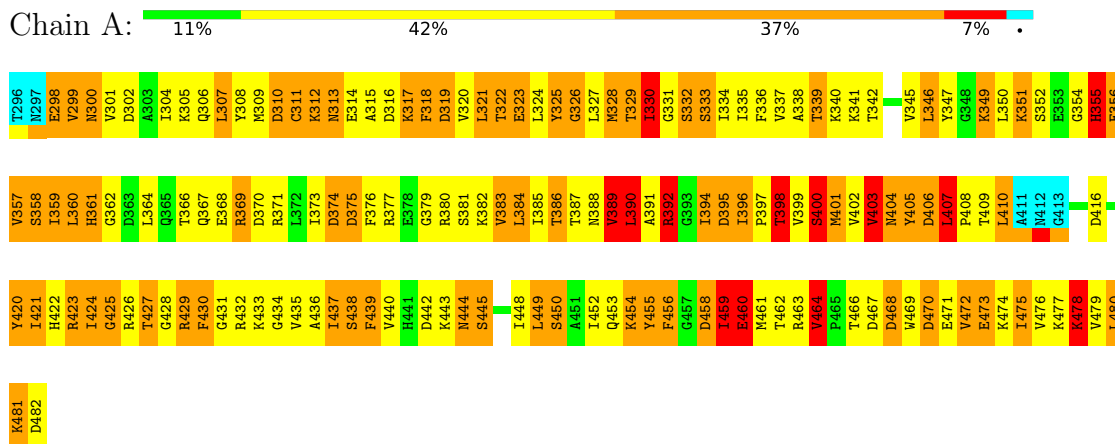
- Molecule 1: ATP-dependent RNA helicase DBP5





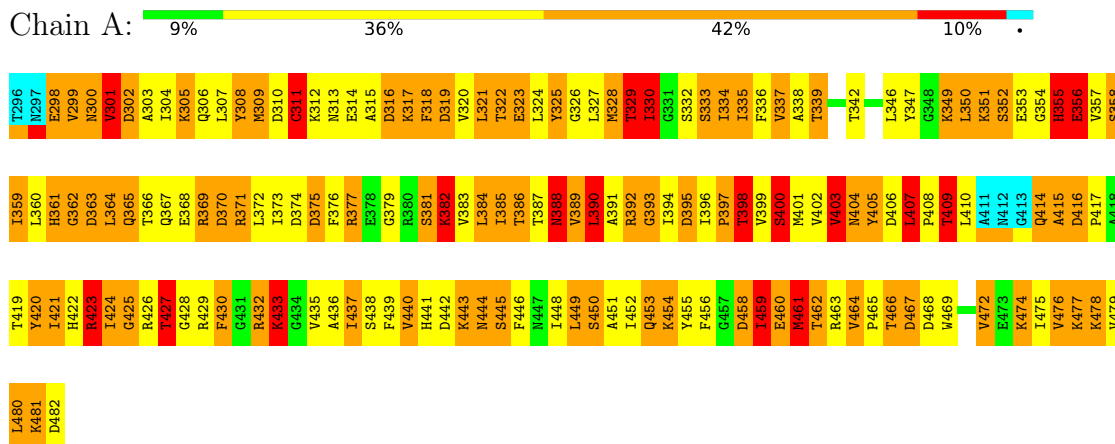
#### 4.2.13 Score per residue for model 13

- Molecule 1: ATP-dependent RNA helicase DBP5



#### 4.2.14 Score per residue for model 14

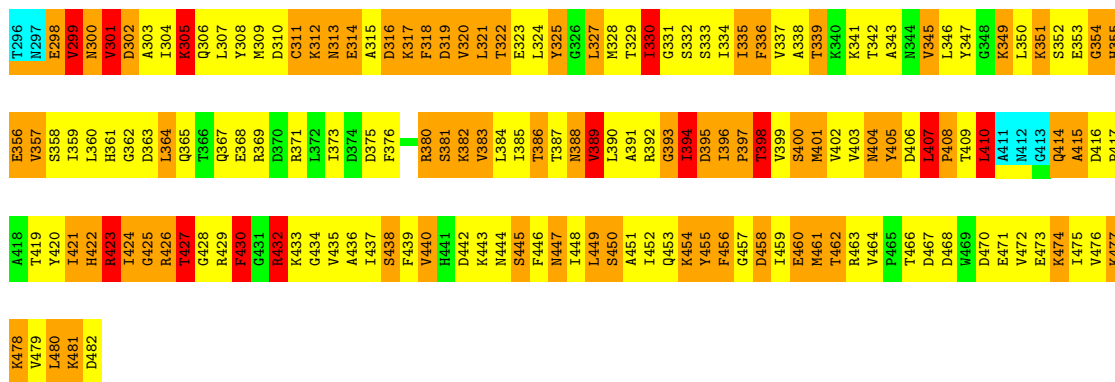
- Molecule 1: ATP-dependent RNA helicase DBP5



#### 4.2.15 Score per residue for model 15

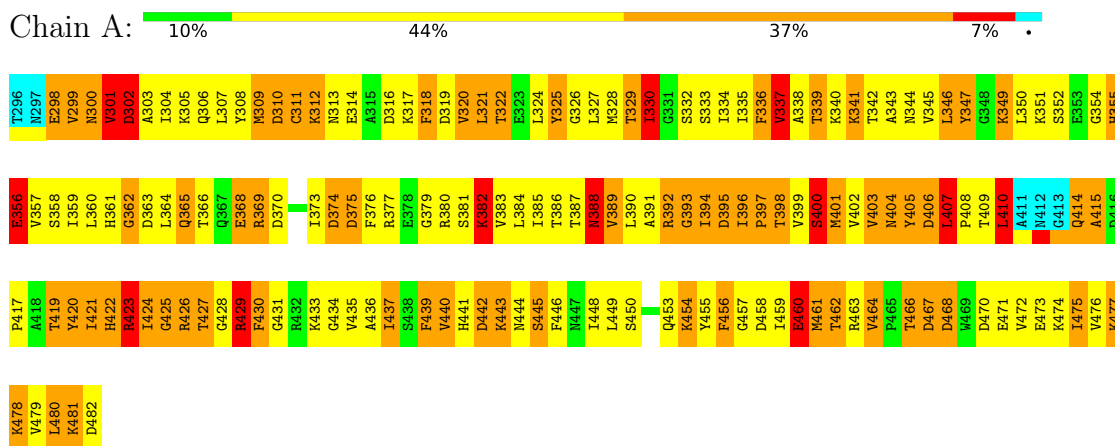
- Molecule 1: ATP-dependent RNA helicase DBP5





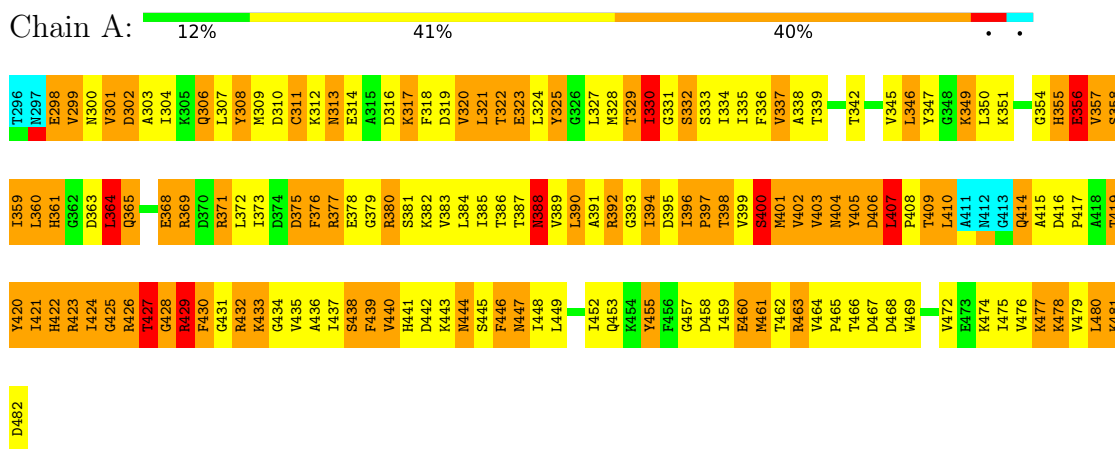
#### 4.2.16 Score per residue for model 16

- Molecule 1: ATP-dependent RNA helicase DBP5



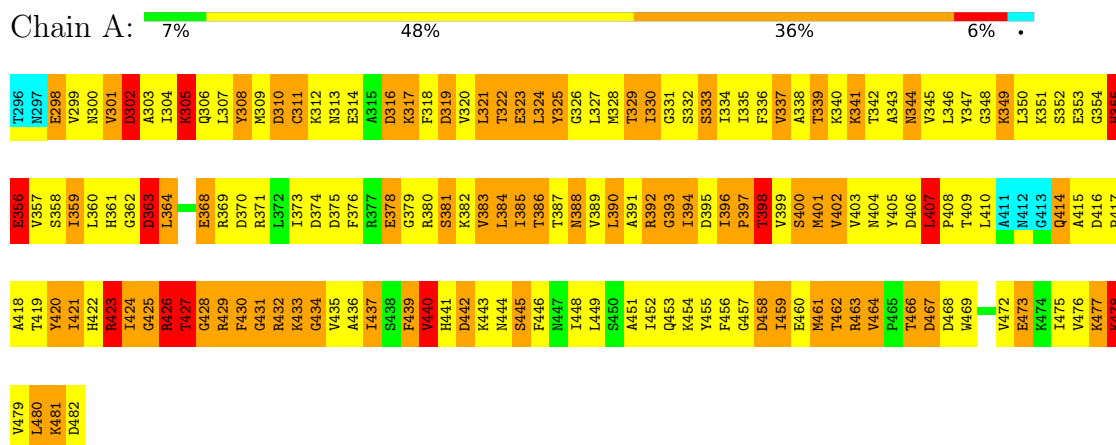
#### 4.2.17 Score per residue for model 17

- Molecule 1: ATP-dependent RNA helicase DBP5



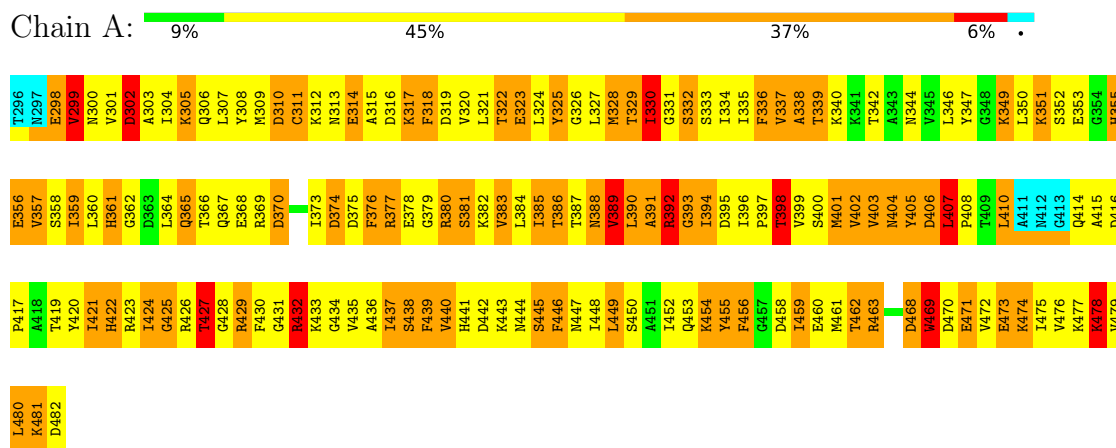
#### 4.2.18 Score per residue for model 18

- Molecule 1: ATP-dependent RNA helicase DBP5



#### 4.2.19 Score per residue for model 19

- Molecule 1: ATP-dependent RNA helicase DBP5



#### 4.2.20 Score per residue for model 20

- Molecule 1: ATP-dependent RNA helicase DBP5



K418	T419	Y420	I421	H422	I424	G425	R426	T427	G428	R429	F430	G431	R432	K433	G434	V435	A436	I437	S438	F439	Y440	H441	D442	K443	N444	S445	F446	N447	I448	L449	S450	A451	I452	Q453	K454	Y455	F456	G457	D458	I459	E460	M461	T462	R463	Y464	P465	T466	D467	D468	W469	D470	E471	V472	E473	K474	I475	V476	K477
------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------

K478	V479	L480	K481	D482
------	------	------	------	------

## 5 Refinement protocol and experimental data overview

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

Of the 100 calculated structures, 20 were deposited, based on the following criterion: *structures with the lowest energy*.

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

Software name	Classification	Version
X-PLOR NIH	structure solution	2.21
X-PLOR NIH	refinement	2.21

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.

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 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	1447	1474	1470	517±25
All	All	28940	29480	29400	10331

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 177.

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

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:403:VAL:HG11	1:A:437:ILE:N	1.27	1.45	6	6
1:A:424:ILE:O	1:A:426:ARG:N	1.26	1.68	19	19
1:A:402:VAL:O	1:A:403:VAL:HG22	1.24	1.29	13	10
1:A:324:LEU:HD12	1:A:325:TYR:N	1.23	1.45	11	14
1:A:325:TYR:CE1	1:A:437:ILE:HD11	1.21	1.68	12	1
1:A:321:LEU:HD23	1:A:322:THR:N	1.19	1.52	8	13
1:A:322:THR:HG22	1:A:325:TYR:CE1	1.18	1.73	10	5
1:A:325:TYR:CD2	1:A:330:ILE:HD12	1.15	1.75	20	1
1:A:324:LEU:HD13	1:A:325:TYR:N	1.15	1.55	6	1
1:A:407:LEU:HD13	1:A:420:TYR:CD1	1.15	1.74	19	2
1:A:431:GLY:O	1:A:433:LYS:N	1.13	1.82	4	1
1:A:329:THR:O	1:A:330:ILE:HG23	1.12	1.41	20	15
1:A:408:PRO:O	1:A:409:THR:HG23	1.11	1.45	9	6
1:A:325:TYR:OH	1:A:435:VAL:HG22	1.10	1.46	12	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:321:LEU:HD13	1:A:322:THR:N	1.10	1.58	15	2
1:A:325:TYR:OH	1:A:437:ILE:HG21	1.10	1.46	7	1
1:A:327:LEU:HD12	1:A:327:LEU:O	1.10	1.46	15	4
1:A:330:ILE:HD13	1:A:401:MET:SD	1.10	1.85	12	3
1:A:391:ALA:HB3	1:A:394:ILE:HD11	1.09	1.19	13	5
1:A:440:VAL:HG12	1:A:445:SER:OG	1.08	1.47	1	1
1:A:328:MET:SD	1:A:476:VAL:HG12	1.08	1.88	7	2
1:A:350:LEU:HD22	1:A:383:VAL:HG11	1.07	1.17	16	6
1:A:330:ILE:HG21	1:A:401:MET:SD	1.07	1.89	12	1
1:A:337:VAL:O	1:A:387:THR:HG22	1.06	1.50	18	13
1:A:325:TYR:CE2	1:A:330:ILE:HD12	1.06	1.85	20	1
1:A:322:THR:HG22	1:A:325:TYR:CZ	1.06	1.83	10	3
1:A:403:VAL:HB	1:A:437:ILE:O	1.06	1.50	2	7
1:A:391:ALA:C	1:A:394:ILE:HD11	1.06	1.71	4	4
1:A:403:VAL:CG1	1:A:437:ILE:N	1.05	2.19	6	8
1:A:322:THR:HG23	1:A:335:ILE:HD13	1.05	1.24	2	8
1:A:407:LEU:N	1:A:407:LEU:HD12	1.05	1.67	2	9
1:A:403:VAL:N	1:A:424:ILE:HG21	1.05	1.65	2	8
1:A:391:ALA:O	1:A:394:ILE:HD11	1.05	1.50	7	5
1:A:472:VAL:O	1:A:476:VAL:HG23	1.04	1.52	6	20
1:A:403:VAL:HG12	1:A:437:ILE:O	1.04	1.50	7	8
1:A:299:VAL:HG13	1:A:300:ASN:H	1.03	1.11	3	1
1:A:306:GLN:O	1:A:307:LEU:HD23	1.03	1.51	7	1
1:A:324:LEU:HD12	1:A:324:LEU:C	1.03	1.74	3	16
1:A:475:ILE:O	1:A:479:VAL:HG23	1.03	1.53	3	2
1:A:318:PHE:CD1	1:A:405:TYR:CD1	1.03	2.47	19	3
1:A:360:LEU:HD22	1:A:390:LEU:O	1.03	1.52	19	1
1:A:403:VAL:CG2	1:A:437:ILE:H	1.02	1.68	1	6
1:A:401:MET:SD	1:A:402:VAL:N	1.02	2.33	19	8
1:A:394:ILE:HD12	1:A:396:ILE:HD11	1.02	1.19	16	5
1:A:322:THR:HG23	1:A:335:ILE:HD11	1.01	1.29	18	5
1:A:334:ILE:O	1:A:402:VAL:HG23	1.01	1.53	14	3
1:A:402:VAL:C	1:A:403:VAL:HG22	1.00	1.76	13	12
1:A:306:GLN:OE1	1:A:436:ALA:HB3	1.00	1.56	2	2
1:A:318:PHE:CD1	1:A:405:TYR:CD2	1.00	2.49	20	14
1:A:307:LEU:HD22	1:A:307:LEU:H	1.00	0.98	13	1
1:A:336:PHE:O	1:A:337:VAL:HG13	1.00	1.55	18	11
1:A:321:LEU:O	1:A:321:LEU:HD12	1.00	1.56	14	1
1:A:325:TYR:O	1:A:330:ILE:HD11	1.00	1.54	20	9
1:A:449:LEU:HD23	1:A:450:SER:N	1.00	1.72	20	8
1:A:318:PHE:CE1	1:A:405:TYR:CD1	1.00	2.50	9	5

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:402:VAL:HG12	1:A:427:THR:HG23	1.00	1.12	15	1
1:A:346:LEU:HD23	1:A:349:LYS:NZ	1.00	1.71	11	1
1:A:402:VAL:HG21	1:A:424:ILE:O	0.99	1.57	7	15
1:A:333:SER:N	1:A:399:VAL:HG11	0.99	1.71	15	11
1:A:301:VAL:HG22	1:A:306:GLN:HE22	0.99	1.10	10	1
1:A:311:CYS:SG	1:A:312:LYS:N	0.99	2.36	5	4
1:A:305:LYS:O	1:A:435:VAL:HG13	0.99	1.58	14	2
1:A:321:LEU:HD12	1:A:321:LEU:C	0.99	1.76	14	1
1:A:403:VAL:CG1	1:A:437:ILE:H	0.99	1.70	5	10
1:A:407:LEU:HD12	1:A:407:LEU:H	0.99	1.16	15	14
1:A:322:THR:HG23	1:A:335:ILE:CG1	0.98	1.86	9	8
1:A:321:LEU:HD11	1:A:403:VAL:HG21	0.98	1.31	18	1
1:A:328:MET:O	1:A:329:THR:O	0.98	1.82	20	16
1:A:346:LEU:N	1:A:346:LEU:HD23	0.98	1.72	10	6
1:A:403:VAL:HG12	1:A:437:ILE:H	0.98	1.17	12	9
1:A:427:THR:HG21	1:A:435:VAL:H	0.98	1.17	12	6
1:A:402:VAL:O	1:A:403:VAL:CG2	0.98	2.10	13	6
1:A:402:VAL:O	1:A:403:VAL:HG13	0.97	1.58	12	15
1:A:459:ILE:HD12	1:A:461:MET:H	0.97	1.16	2	2
1:A:325:TYR:CD1	1:A:326:GLY:N	0.97	2.32	1	12
1:A:403:VAL:C	1:A:424:ILE:HG21	0.97	1.78	9	14
1:A:323:GLU:N	1:A:349:LYS:NZ	0.97	2.11	12	1
1:A:449:LEU:C	1:A:449:LEU:HD12	0.97	1.81	13	1
1:A:407:LEU:HD23	1:A:420:TYR:CD1	0.96	1.95	2	2
1:A:318:PHE:CE1	1:A:405:TYR:CG	0.96	2.52	16	4
1:A:308:TYR:CE1	1:A:461:MET:SD	0.96	2.58	17	6
1:A:335:ILE:HD11	1:A:403:VAL:CG2	0.96	1.90	3	8
1:A:325:TYR:CE2	1:A:437:ILE:HD11	0.96	1.94	5	1
1:A:318:PHE:CD1	1:A:405:TYR:CG	0.96	2.54	16	11
1:A:308:TYR:CD1	1:A:461:MET:SD	0.96	2.58	8	6
1:A:350:LEU:HD13	1:A:383:VAL:CG1	0.96	1.91	5	12
1:A:324:LEU:HD13	1:A:476:VAL:HG21	0.95	1.36	7	2
1:A:410:LEU:HD23	1:A:410:LEU:H	0.95	1.20	9	4
1:A:360:LEU:HD13	1:A:391:ALA:HB2	0.95	1.35	15	2
1:A:478:LYS:CE	1:A:479:VAL:HG22	0.95	1.91	5	15
1:A:336:PHE:CD2	1:A:423:ARG:NH1	0.95	2.33	3	1
1:A:311:CYS:SG	1:A:317:LYS:N	0.95	2.40	15	3
1:A:403:VAL:HG12	1:A:437:ILE:N	0.94	1.77	12	8
1:A:307:LEU:HD22	1:A:307:LEU:N	0.94	1.73	13	1
1:A:401:MET:SD	1:A:401:MET:C	0.94	2.45	5	8
1:A:336:PHE:CD1	1:A:337:VAL:N	0.94	2.35	4	3

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:384:LEU:C	1:A:384:LEU:HD12	0.94	1.77	4	1
1:A:366:THR:HG23	1:A:369:ARG:NH1	0.94	1.78	16	2
1:A:391:ALA:HB3	1:A:394:ILE:CD1	0.94	1.92	13	4
1:A:325:TYR:CZ	1:A:333:SER:OG	0.94	2.20	10	6
1:A:414:GLN:O	1:A:416:ASP:N	0.94	2.01	7	7
1:A:478:LYS:HZ1	1:A:479:VAL:H	0.94	1.01	4	2
1:A:311:CYS:SG	1:A:317:LYS:NZ	0.93	2.41	14	2
1:A:403:VAL:HA	1:A:424:ILE:HG21	0.93	1.37	14	10
1:A:384:LEU:HD12	1:A:385:ILE:N	0.93	1.77	4	1
1:A:402:VAL:O	1:A:424:ILE:HG21	0.93	1.62	13	2
1:A:449:LEU:HD12	1:A:449:LEU:O	0.93	1.64	13	1
1:A:322:THR:HG21	1:A:350:LEU:HD11	0.93	1.40	14	8
1:A:426:ARG:NH1	1:A:430:PHE:CZ	0.93	2.37	4	1
1:A:328:MET:O	1:A:328:MET:CG	0.93	2.15	7	5
1:A:313:ASN:ND2	1:A:314:GLU:N	0.93	2.16	12	2
1:A:343:ALA:HB1	1:A:359:ILE:HD11	0.93	1.41	16	10
1:A:324:LEU:HD13	1:A:325:TYR:H	0.93	1.02	6	1
1:A:402:VAL:CG1	1:A:427:THR:HG23	0.93	1.93	15	1
1:A:402:VAL:CG2	1:A:427:THR:H	0.93	1.77	12	10
1:A:317:LYS:NZ	1:A:439:PHE:CZ	0.93	2.36	10	2
1:A:337:VAL:HG23	1:A:387:THR:HG22	0.93	1.40	9	5
1:A:325:TYR:CE2	1:A:333:SER:OG	0.92	2.22	16	5
1:A:387:THR:O	1:A:389:VAL:HG23	0.92	1.65	14	3
1:A:330:ILE:HD13	1:A:330:ILE:H	0.92	1.21	18	1
1:A:449:LEU:C	1:A:449:LEU:HD23	0.92	1.85	6	1
1:A:373:ILE:HG21	1:A:394:ILE:HG21	0.92	1.41	16	1
1:A:347:TYR:CZ	1:A:357:VAL:HG13	0.92	1.99	1	1
1:A:478:LYS:HZ3	1:A:478:LYS:N	0.92	1.63	7	1
1:A:386:THR:OG1	1:A:390:LEU:HD12	0.92	1.65	15	1
1:A:389:VAL:HG13	1:A:390:LEU:N	0.92	1.79	10	5
1:A:350:LEU:HD13	1:A:383:VAL:HG11	0.92	1.39	20	8
1:A:334:ILE:O	1:A:402:VAL:HG13	0.92	1.64	13	1
1:A:402:VAL:C	1:A:424:ILE:CG2	0.92	2.39	13	4
1:A:394:ILE:O	1:A:396:ILE:N	0.92	2.03	14	6
1:A:342:THR:HG23	1:A:405:TYR:OH	0.92	1.65	9	2
1:A:325:TYR:CE2	1:A:403:VAL:HG22	0.91	2.00	17	3
1:A:402:VAL:HG11	1:A:424:ILE:O	0.91	1.66	8	12
1:A:327:LEU:HD21	1:A:473:GLU:CG	0.91	1.95	6	1
1:A:347:TYR:CE1	1:A:357:VAL:CG1	0.91	2.54	1	1
1:A:386:THR:CB	1:A:390:LEU:HD12	0.91	1.96	15	1
1:A:318:PHE:CG	1:A:405:TYR:CD2	0.91	2.59	16	3

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:337:VAL:HG11	1:A:342:THR:HG21	0.91	1.43	17	8
1:A:323:GLU:O	1:A:327:LEU:HD12	0.91	1.65	9	6
1:A:316:ASP:O	1:A:320:VAL:HG23	0.91	1.66	2	5
1:A:318:PHE:N	1:A:318:PHE:CD1	0.91	2.39	5	6
1:A:314:GLU:O	1:A:318:PHE:CZ	0.91	2.24	13	13
1:A:478:LYS:HZ1	1:A:479:VAL:N	0.91	1.63	4	1
1:A:318:PHE:CD1	1:A:319:ASP:N	0.90	2.38	8	3
1:A:407:LEU:HD12	1:A:407:LEU:N	0.90	1.81	4	6
1:A:478:LYS:HZ3	1:A:478:LYS:CA	0.90	1.79	7	2
1:A:322:THR:O	1:A:325:TYR:CD2	0.90	2.25	1	6
1:A:399:VAL:HG23	1:A:401:MET:H	0.90	1.25	6	18
1:A:403:VAL:HG13	1:A:424:ILE:HG21	0.90	1.42	13	2
1:A:325:TYR:CD1	1:A:325:TYR:C	0.90	2.45	4	13
1:A:357:VAL:HG12	1:A:383:VAL:O	0.90	1.64	7	3
1:A:475:ILE:O	1:A:478:LYS:NZ	0.90	2.03	4	2
1:A:309:MET:CE	1:A:324:LEU:HD22	0.90	1.96	8	7
1:A:354:GLY:O	1:A:355:HIS:CG	0.90	2.25	3	1
1:A:404:ASN:OD1	1:A:407:LEU:HD23	0.90	1.66	11	4
1:A:403:VAL:CA	1:A:424:ILE:HG21	0.90	1.96	14	19
1:A:330:ILE:HG22	1:A:400:SER:N	0.90	1.82	2	1
1:A:335:ILE:HD11	1:A:403:VAL:HG23	0.90	1.40	11	7
1:A:336:PHE:O	1:A:404:ASN:CB	0.90	2.19	6	20
1:A:307:LEU:O	1:A:437:ILE:HG23	0.90	1.66	10	6
1:A:478:LYS:NZ	1:A:478:LYS:N	0.90	2.19	4	1
1:A:325:TYR:CE1	1:A:437:ILE:CD1	0.90	2.54	8	2
1:A:373:ILE:HD13	1:A:373:ILE:N	0.89	1.81	5	5
1:A:402:VAL:O	1:A:424:ILE:CG2	0.89	2.19	13	2
1:A:318:PHE:CE2	1:A:405:TYR:CE2	0.89	2.60	16	1
1:A:402:VAL:HG21	1:A:427:THR:H	0.89	1.26	3	9
1:A:441:HIS:CG	1:A:441:HIS:O	0.89	2.25	3	12
1:A:425:GLY:HA2	1:A:436:ALA:HB2	0.89	1.44	11	14
1:A:327:LEU:C	1:A:327:LEU:HD12	0.89	1.86	7	1
1:A:406:ASP:O	1:A:407:LEU:O	0.89	1.91	1	20
1:A:325:TYR:CZ	1:A:333:SER:CB	0.89	2.56	9	7
1:A:329:THR:O	1:A:331:GLY:N	0.89	2.06	15	3
1:A:403:VAL:CB	1:A:437:ILE:O	0.89	2.21	6	6
1:A:405:TYR:O	1:A:439:PHE:CE1	0.89	2.26	16	3
1:A:322:THR:HG23	1:A:335:ILE:CD1	0.89	1.98	7	17
1:A:328:MET:SD	1:A:480:LEU:HD11	0.89	2.08	1	3
1:A:308:TYR:CE2	1:A:449:LEU:HD13	0.89	2.01	8	1
1:A:336:PHE:O	1:A:404:ASN:ND2	0.89	2.06	7	4

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:333:SER:OG	1:A:383:VAL:HG13	0.88	1.65	16	4
1:A:402:VAL:HG22	1:A:424:ILE:HG22	0.88	1.45	14	5
1:A:478:LYS:HE3	1:A:479:VAL:HG22	0.88	1.43	5	9
1:A:387:THR:O	1:A:389:VAL:N	0.88	2.06	6	12
1:A:403:VAL:N	1:A:424:ILE:CG2	0.88	2.37	6	10
1:A:339:THR:HG23	1:A:406:ASP:OD2	0.88	1.69	3	2
1:A:322:THR:HG23	1:A:335:ILE:HD12	0.88	1.40	4	1
1:A:314:GLU:O	1:A:318:PHE:CE2	0.88	2.27	16	3
1:A:459:ILE:O	1:A:460:GLU:CG	0.88	2.21	17	10
1:A:318:PHE:CD1	1:A:318:PHE:N	0.88	2.39	19	8
1:A:322:THR:O	1:A:325:TYR:CD1	0.88	2.27	10	3
1:A:386:THR:HG21	1:A:390:LEU:CG	0.88	1.97	10	2
1:A:333:SER:HA	1:A:399:VAL:HG21	0.87	1.42	16	18
1:A:325:TYR:CE1	1:A:333:SER:OG	0.87	2.26	10	3
1:A:402:VAL:N	1:A:427:THR:OG1	0.87	2.07	20	2
1:A:324:LEU:HD11	1:A:325:TYR:CD1	0.87	2.04	7	1
1:A:427:THR:HG21	1:A:435:VAL:N	0.87	1.82	12	5
1:A:351:LYS:O	1:A:355:HIS:N	0.87	2.07	7	19
1:A:392:ARG:O	1:A:394:ILE:N	0.87	2.07	7	16
1:A:389:VAL:HG12	1:A:390:LEU:N	0.87	1.82	2	9
1:A:335:ILE:HD11	1:A:403:VAL:HG22	0.87	1.47	3	2
1:A:318:PHE:CE1	1:A:405:TYR:CE1	0.87	2.62	19	5
1:A:426:ARG:O	1:A:428:GLY:N	0.87	2.08	20	13
1:A:338:ALA:HB2	1:A:408:PRO:HA	0.87	1.46	6	15
1:A:324:LEU:CD1	1:A:325:TYR:N	0.87	2.36	5	15
1:A:325:TYR:OH	1:A:435:VAL:HG12	0.87	1.70	8	1
1:A:426:ARG:NH1	1:A:430:PHE:CE2	0.87	2.43	4	1
1:A:334:ILE:HG22	1:A:336:PHE:CE1	0.87	2.05	12	2
1:A:318:PHE:CZ	1:A:405:TYR:CZ	0.86	2.63	16	1
1:A:325:TYR:OH	1:A:435:VAL:CG1	0.86	2.23	8	1
1:A:403:VAL:HG21	1:A:437:ILE:N	0.86	1.85	1	6
1:A:389:VAL:H	1:A:423:ARG:CZ	0.86	1.84	12	1
1:A:404:ASN:ND2	1:A:407:LEU:HD23	0.86	1.86	5	3
1:A:325:TYR:OH	1:A:333:SER:CA	0.86	2.24	4	2
1:A:299:VAL:HG13	1:A:300:ASN:N	0.86	1.83	3	4
1:A:418:ALA:O	1:A:422:HIS:CD2	0.86	2.28	6	1
1:A:440:VAL:HG21	1:A:449:LEU:HD13	0.85	1.47	1	1
1:A:398:THR:OG1	1:A:429:ARG:N	0.85	2.08	9	3
1:A:317:LYS:NZ	1:A:439:PHE:CE1	0.85	2.44	10	1
1:A:321:LEU:HD23	1:A:321:LEU:C	0.85	1.90	1	11
1:A:325:TYR:CE1	1:A:332:SER:O	0.85	2.29	18	3

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:399:VAL:CG2	1:A:401:MET:O	0.85	2.24	20	17
1:A:333:SER:O	1:A:383:VAL:HG12	0.85	1.71	2	7
1:A:440:VAL:HG22	1:A:445:SER:OG	0.85	1.70	15	3
1:A:317:LYS:O	1:A:439:PHE:CE2	0.85	2.28	13	2
1:A:361:HIS:CG	1:A:362:GLY:N	0.85	2.44	9	3
1:A:407:LEU:N	1:A:407:LEU:CD1	0.85	2.37	13	11
1:A:324:LEU:HD12	1:A:437:ILE:HD13	0.85	1.47	2	1
1:A:449:LEU:HD21	1:A:461:MET:SD	0.85	2.11	5	1
1:A:336:PHE:CE2	1:A:388:ASN:N	0.85	2.45	8	2
1:A:364:LEU:HD23	1:A:364:LEU:N	0.85	1.87	4	1
1:A:334:ILE:O	1:A:335:ILE:HD12	0.85	1.71	14	13
1:A:405:TYR:CD1	1:A:405:TYR:C	0.85	2.49	4	13
1:A:354:GLY:O	1:A:355:HIS:CD2	0.85	2.29	3	1
1:A:405:TYR:CZ	1:A:406:ASP:OD2	0.85	2.29	16	4
1:A:328:MET:O	1:A:329:THR:CB	0.85	2.24	18	2
1:A:469:TRP:CE2	1:A:473:GLU:OE2	0.85	2.29	20	1
1:A:397:PRO:O	1:A:398:THR:O	0.85	1.94	12	17
1:A:402:VAL:CG2	1:A:427:THR:N	0.85	2.39	12	8
1:A:428:GLY:O	1:A:430:PHE:N	0.85	2.09	18	6
1:A:404:ASN:N	1:A:404:ASN:OD1	0.85	2.09	14	4
1:A:361:HIS:ND1	1:A:361:HIS:N	0.85	2.25	1	5
1:A:474:LYS:O	1:A:477:LYS:CD	0.85	2.25	7	7
1:A:336:PHE:N	1:A:404:ASN:OD1	0.85	2.10	10	3
1:A:308:TYR:CD2	1:A:438:SER:O	0.85	2.29	10	1
1:A:320:VAL:O	1:A:324:LEU:HD12	0.85	1.71	6	1
1:A:391:ALA:O	1:A:393:GLY:N	0.85	2.09	14	1
1:A:419:THR:CG2	1:A:423:ARG:NH2	0.85	2.40	19	1
1:A:430:PHE:CG	1:A:430:PHE:O	0.84	2.30	5	5
1:A:354:GLY:C	1:A:355:HIS:CD2	0.84	2.50	8	4
1:A:408:PRO:O	1:A:409:THR:CG2	0.84	2.24	4	5
1:A:405:TYR:CE1	1:A:406:ASP:OD2	0.84	2.30	16	3
1:A:474:LYS:C	1:A:474:LYS:CD	0.84	2.44	15	1
1:A:403:VAL:HG13	1:A:436:ALA:HB1	0.84	1.48	6	5
1:A:308:TYR:CZ	1:A:310:ASP:OD1	0.84	2.30	3	2
1:A:325:TYR:OH	1:A:334:ILE:N	0.84	2.11	6	4
1:A:402:VAL:HG13	1:A:424:ILE:HG22	0.84	1.49	5	1
1:A:453:GLN:OE1	1:A:459:ILE:N	0.84	2.11	5	3
1:A:324:LEU:C	1:A:324:LEU:HD22	0.84	1.92	6	1
1:A:318:PHE:CE1	1:A:345:VAL:CG1	0.84	2.60	15	1
1:A:330:ILE:O	1:A:332:SER:N	0.84	2.09	2	1
1:A:420:TYR:O	1:A:424:ILE:HD11	0.84	1.73	13	14

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:300:ASN:O	1:A:302:ASP:N	0.84	2.10	11	14
1:A:325:TYR:CG	1:A:326:GLY:N	0.84	2.45	2	6
1:A:466:THR:O	1:A:466:THR:HG22	0.84	1.71	13	2
1:A:337:VAL:HG12	1:A:406:ASP:H	0.84	1.33	16	11
1:A:375:ASP:OD1	1:A:376:PHE:N	0.84	2.10	8	3
1:A:389:VAL:CA	1:A:423:ARG:NH2	0.84	2.41	12	1
1:A:430:PHE:O	1:A:432:ARG:N	0.84	2.11	18	1
1:A:325:TYR:CG	1:A:328:MET:SD	0.84	2.71	5	1
1:A:308:TYR:CD1	1:A:308:TYR:C	0.84	2.51	11	8
1:A:419:THR:O	1:A:423:ARG:N	0.84	2.10	3	17
1:A:430:PHE:O	1:A:430:PHE:CG	0.84	2.30	18	6
1:A:386:THR:HG21	1:A:390:LEU:CB	0.84	2.03	19	3
1:A:322:THR:CG2	1:A:325:TYR:CE1	0.84	2.61	10	6
1:A:306:GLN:OE1	1:A:459:ILE:HD13	0.84	1.70	6	1
1:A:319:ASP:OD1	1:A:349:LYS:NZ	0.84	2.11	19	1
1:A:327:LEU:HD21	1:A:473:GLU:CD	0.83	1.93	11	2
1:A:401:MET:SD	1:A:435:VAL:HG21	0.83	2.12	3	1
1:A:309:MET:SD	1:A:439:PHE:CE1	0.83	2.71	15	2
1:A:396:ILE:O	1:A:398:THR:N	0.83	2.11	4	15
1:A:399:VAL:O	1:A:401:MET:N	0.83	2.12	7	14
1:A:442:ASP:O	1:A:445:SER:N	0.83	2.10	16	20
1:A:459:ILE:HD12	1:A:461:MET:N	0.83	1.88	13	2
1:A:407:LEU:HD21	1:A:438:SER:OG	0.83	1.73	17	3
1:A:365:GLN:H	1:A:365:GLN:NE2	0.83	1.71	8	1
1:A:311:CYS:SG	1:A:316:ASP:C	0.83	2.57	20	1
1:A:407:LEU:HD21	1:A:438:SER:HB3	0.83	1.48	15	2
1:A:419:THR:HG22	1:A:423:ARG:HG2	0.83	1.51	1	5
1:A:375:ASP:O	1:A:379:GLY:N	0.83	2.12	14	5
1:A:444:ASN:O	1:A:447:ASN:ND2	0.83	2.11	15	1
1:A:334:ILE:C	1:A:335:ILE:HD12	0.83	1.93	2	7
1:A:404:ASN:OD1	1:A:407:LEU:N	0.83	2.11	13	3
1:A:425:GLY:CA	1:A:436:ALA:HB2	0.83	2.03	4	14
1:A:336:PHE:CD1	1:A:404:ASN:OD1	0.83	2.32	5	1
1:A:322:THR:CG2	1:A:325:TYR:CZ	0.83	2.62	10	3
1:A:403:VAL:HG21	1:A:437:ILE:H	0.83	1.33	1	6
1:A:336:PHE:CE1	1:A:423:ARG:NE	0.83	2.47	15	1
1:A:335:ILE:CD1	1:A:403:VAL:HG23	0.83	2.04	11	11
1:A:309:MET:SD	1:A:439:PHE:CZ	0.83	2.72	15	2
1:A:311:CYS:SG	1:A:317:LYS:CA	0.83	2.66	15	2
1:A:308:TYR:CZ	1:A:461:MET:SD	0.83	2.72	17	2
1:A:329:THR:O	1:A:330:ILE:CG2	0.83	2.27	20	13

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:321:LEU:HD13	1:A:321:LEU:C	0.83	1.94	3	2
1:A:335:ILE:HG23	1:A:403:VAL:O	0.83	1.73	20	4
1:A:308:TYR:CE1	1:A:440:VAL:O	0.83	2.31	3	4
1:A:346:LEU:O	1:A:349:LYS:NZ	0.83	2.12	7	1
1:A:350:LEU:HD12	1:A:385:ILE:CD1	0.82	2.03	17	4
1:A:475:ILE:O	1:A:478:LYS:CG	0.82	2.27	6	8
1:A:341:LYS:HZ2	1:A:341:LYS:CA	0.82	1.87	8	1
1:A:378:GLU:OE2	1:A:380:ARG:N	0.82	2.12	18	1
1:A:400:SER:O	1:A:435:VAL:CG1	0.82	2.27	5	3
1:A:473:GLU:OE1	1:A:474:LYS:N	0.82	2.12	13	1
1:A:444:ASN:H	1:A:444:ASN:ND2	0.82	1.68	2	2
1:A:459:ILE:HD11	1:A:461:MET:HB3	0.82	1.50	15	5
1:A:323:GLU:OE2	1:A:469:TRP:NE1	0.82	2.12	19	5
1:A:398:THR:HG21	1:A:428:GLY:HA3	0.82	1.49	7	1
1:A:325:TYR:CE1	1:A:328:MET:CE	0.82	2.63	8	4
1:A:402:VAL:CG1	1:A:427:THR:H	0.82	1.88	10	8
1:A:317:LYS:O	1:A:439:PHE:CD2	0.82	2.32	13	3
1:A:410:LEU:N	1:A:414:GLN:O	0.82	2.12	11	4
1:A:324:LEU:HD11	1:A:325:TYR:CD2	0.82	2.10	11	1
1:A:404:ASN:OD1	1:A:406:ASP:N	0.82	2.13	1	2
1:A:453:GLN:HE21	1:A:459:ILE:N	0.82	1.72	19	3
1:A:459:ILE:HD11	1:A:461:MET:HB2	0.82	1.51	12	5
1:A:441:HIS:O	1:A:441:HIS:ND1	0.82	2.12	19	4
1:A:346:LEU:HD23	1:A:349:LYS:HZ3	0.82	1.29	11	1
1:A:323:GLU:OE1	1:A:469:TRP:CZ2	0.82	2.33	19	2
1:A:303:ALA:HB1	1:A:432:ARG:O	0.82	1.75	20	1
1:A:430:PHE:O	1:A:430:PHE:CD1	0.82	2.32	2	3
1:A:306:GLN:OE1	1:A:307:LEU:N	0.82	2.13	20	2
1:A:398:THR:OG1	1:A:428:GLY:N	0.82	2.13	1	4
1:A:404:ASN:ND2	1:A:407:LEU:CD2	0.82	2.42	5	3
1:A:429:ARG:C	1:A:430:PHE:CD1	0.82	2.53	20	2
1:A:332:SER:CB	1:A:382:LYS:O	0.82	2.28	12	8
1:A:337:VAL:O	1:A:387:THR:CG2	0.82	2.28	19	11
1:A:328:MET:O	1:A:480:LEU:CD1	0.82	2.27	6	4
1:A:390:LEU:O	1:A:391:ALA:CB	0.82	2.28	19	1
1:A:325:TYR:O	1:A:327:LEU:N	0.81	2.13	1	5
1:A:459:ILE:O	1:A:460:GLU:CB	0.81	2.28	4	12
1:A:358:SER:OG	1:A:376:PHE:CD1	0.81	2.31	13	3
1:A:391:ALA:O	1:A:394:ILE:CD1	0.81	2.27	7	4
1:A:336:PHE:N	1:A:336:PHE:CD1	0.81	2.48	19	4
1:A:334:ILE:HG21	1:A:390:LEU:CD2	0.81	2.05	13	1

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:331:GLY:O	1:A:382:LYS:NZ	0.81	2.13	15	1
1:A:338:ALA:CB	1:A:388:ASN:HD21	0.81	1.88	16	1
1:A:424:ILE:C	1:A:426:ARG:H	0.81	1.79	8	19
1:A:459:ILE:CD1	1:A:460:GLU:H	0.81	1.88	10	9
1:A:325:TYR:CE2	1:A:333:SER:CB	0.81	2.62	16	5
1:A:316:ASP:O	1:A:320:VAL:CG2	0.81	2.28	18	6
1:A:402:VAL:HG21	1:A:427:THR:N	0.81	1.90	3	8
1:A:321:LEU:HD23	1:A:322:THR:H	0.81	1.34	13	3
1:A:380:ARG:O	1:A:382:LYS:N	0.81	2.13	5	1
1:A:459:ILE:HD11	1:A:461:MET:HE1	0.81	1.49	7	1
1:A:401:MET:HE1	1:A:435:VAL:HG13	0.81	1.51	10	1
1:A:328:MET:CE	1:A:401:MET:CE	0.81	2.58	7	9
1:A:468:ASP:O	1:A:472:VAL:HG23	0.81	1.74	17	1
1:A:478:LYS:HZ3	1:A:478:LYS:CB	0.81	1.88	4	2
1:A:350:LEU:HD13	1:A:383:VAL:HG12	0.81	1.52	5	3
1:A:313:ASN:ND2	1:A:314:GLU:H	0.81	1.72	12	2
1:A:355:HIS:N	1:A:355:HIS:CD2	0.81	2.49	13	4
1:A:360:LEU:HD13	1:A:391:ALA:CB	0.81	2.05	15	1
1:A:365:GLN:OE1	1:A:367:GLN:NE2	0.81	2.14	15	1
1:A:459:ILE:HD12	1:A:460:GLU:H	0.81	1.36	5	9
1:A:419:THR:HG22	1:A:423:ARG:HD2	0.81	1.51	11	2
1:A:309:MET:SD	1:A:325:TYR:OH	0.81	2.38	7	1
1:A:458:ASP:CG	1:A:458:ASP:O	0.81	2.19	8	1
1:A:328:MET:O	1:A:328:MET:HG2	0.81	1.73	7	5
1:A:389:VAL:CB	1:A:423:ARG:NH2	0.81	2.43	12	1
1:A:336:PHE:O	1:A:404:ASN:CG	0.81	2.19	5	9
1:A:419:THR:O	1:A:423:ARG:CB	0.81	2.29	12	12
1:A:310:ASP:OD1	1:A:310:ASP:N	0.81	2.12	18	4
1:A:424:ILE:O	1:A:427:THR:N	0.81	2.13	13	4
1:A:357:VAL:HG11	1:A:385:ILE:HD11	0.81	1.52	6	1
1:A:401:MET:CA	1:A:427:THR:OG1	0.81	2.28	8	3
1:A:390:LEU:CD2	1:A:391:ALA:H	0.81	1.88	15	2
1:A:472:VAL:O	1:A:476:VAL:CG2	0.81	2.28	15	14
1:A:336:PHE:CZ	1:A:424:ILE:HG23	0.81	2.11	2	1
1:A:350:LEU:CD1	1:A:385:ILE:HD11	0.81	2.05	2	4
1:A:404:ASN:N	1:A:404:ASN:HD22	0.81	1.74	9	7
1:A:330:ILE:HG21	1:A:401:MET:HB3	0.81	1.50	7	2
1:A:420:TYR:CE1	1:A:452:ILE:HG21	0.81	2.11	7	2
1:A:307:LEU:H	1:A:307:LEU:CD2	0.81	1.86	13	1
1:A:358:SER:OG	1:A:384:LEU:HD11	0.81	1.75	14	1
1:A:325:TYR:CD2	1:A:330:ILE:CD1	0.81	2.64	20	1

Continued on next page...



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:333:SER:OG	1:A:383:VAL:CG1	0.80	2.29	2	4
1:A:306:GLN:H	1:A:306:GLN:NE2	0.80	1.74	7	1
1:A:466:THR:OG1	1:A:472:VAL:CG2	0.80	2.28	8	2
1:A:427:THR:CG2	1:A:435:VAL:O	0.80	2.29	12	2
1:A:322:THR:HG22	1:A:325:TYR:CD2	0.80	2.11	13	4
1:A:402:VAL:C	1:A:403:VAL:CG2	0.80	2.48	13	10
1:A:459:ILE:HD11	1:A:461:MET:CE	0.80	2.05	7	4
1:A:460:GLU:CG	1:A:460:GLU:O	0.80	2.29	2	4
1:A:311:CYS:SG	1:A:439:PHE:CD2	0.80	2.74	11	3
1:A:334:ILE:HG12	1:A:399:VAL:HG13	0.80	1.50	4	11
1:A:362:GLY:O	1:A:369:ARG:NH2	0.80	2.14	15	2
1:A:322:THR:CG2	1:A:335:ILE:HD13	0.80	2.07	11	4
1:A:401:MET:SD	1:A:435:VAL:CG2	0.80	2.70	3	1
1:A:321:LEU:O	1:A:324:LEU:CD1	0.80	2.29	6	2
1:A:427:THR:OG1	1:A:428:GLY:N	0.80	2.13	6	2
1:A:427:THR:CG2	1:A:435:VAL:H	0.80	1.90	19	4
1:A:404:ASN:ND2	1:A:404:ASN:C	0.80	2.34	13	1
1:A:424:ILE:C	1:A:426:ARG:N	0.80	2.35	8	19
1:A:403:VAL:C	1:A:424:ILE:CG2	0.80	2.50	15	10
1:A:402:VAL:CG2	1:A:424:ILE:O	0.80	2.28	12	15
1:A:439:PHE:CD1	1:A:439:PHE:O	0.80	2.34	16	5
1:A:333:SER:C	1:A:399:VAL:HG11	0.80	1.96	10	5
1:A:307:LEU:HD13	1:A:325:TYR:OH	0.80	1.76	5	1
1:A:324:LEU:HD11	1:A:325:TYR:CE1	0.80	2.12	7	1
1:A:328:MET:CG	1:A:330:ILE:HD11	0.80	2.05	8	1
1:A:468:ASP:OD1	1:A:470:ASP:N	0.80	2.14	4	1
1:A:361:HIS:CG	1:A:362:GLY:H	0.80	1.94	9	3
1:A:325:TYR:CD2	1:A:403:VAL:HG22	0.80	2.11	9	4
1:A:415:ALA:O	1:A:417:PRO:N	0.80	2.15	3	6
1:A:309:MET:HE1	1:A:324:LEU:HD22	0.80	1.54	4	2
1:A:328:MET:SD	1:A:476:VAL:HG22	0.80	2.17	14	1
1:A:478:LYS:CD	1:A:479:VAL:N	0.80	2.45	17	1
1:A:360:LEU:O	1:A:386:THR:CB	0.80	2.29	13	10
1:A:407:LEU:H	1:A:407:LEU:CD1	0.80	1.84	15	11
1:A:466:THR:O	1:A:468:ASP:N	0.80	2.14	14	9
1:A:469:TRP:CD2	1:A:473:GLU:OE2	0.80	2.34	20	1
1:A:321:LEU:CD2	1:A:322:THR:N	0.80	2.42	8	12
1:A:407:LEU:HD21	1:A:438:SER:CB	0.80	2.06	15	2
1:A:319:ASP:OD1	1:A:319:ASP:N	0.80	2.14	6	4
1:A:325:TYR:CD1	1:A:328:MET:CE	0.80	2.65	8	3
1:A:410:LEU:HD23	1:A:410:LEU:N	0.80	1.92	9	9

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:309:MET:SD	1:A:324:LEU:CD2	0.80	2.70	8	3
1:A:336:PHE:CE2	1:A:386:THR:CG2	0.80	2.65	9	3
1:A:324:LEU:CD1	1:A:325:TYR:CG	0.80	2.65	11	1
1:A:325:TYR:CD1	1:A:437:ILE:HD11	0.80	2.12	12	1
1:A:325:TYR:CD2	1:A:403:VAL:CG2	0.79	2.66	10	6
1:A:339:THR:CG2	1:A:406:ASP:OD2	0.79	2.30	3	2
1:A:310:ASP:OD1	1:A:441:HIS:CG	0.79	2.35	4	2
1:A:301:VAL:HG21	1:A:421:ILE:CD1	0.79	2.06	19	3
1:A:333:SER:CA	1:A:399:VAL:HG21	0.79	2.08	19	9
1:A:394:ILE:HG21	1:A:396:ILE:HD11	0.79	1.53	7	1
1:A:480:LEU:O	1:A:482:ASP:N	0.79	2.15	3	5
1:A:311:CYS:SG	1:A:439:PHE:CE2	0.79	2.74	11	3
1:A:386:THR:HG21	1:A:390:LEU:HA	0.79	1.53	13	5
1:A:407:LEU:HD22	1:A:420:TYR:CD2	0.79	2.12	7	2
1:A:325:TYR:CZ	1:A:437:ILE:HD12	0.79	2.12	8	1
1:A:336:PHE:CD2	1:A:423:ARG:O	0.79	2.34	15	1
1:A:298:GLU:O	1:A:299:VAL:HG23	0.79	1.78	8	11
1:A:308:TYR:CG	1:A:461:MET:SD	0.79	2.75	17	4
1:A:337:VAL:HG21	1:A:342:THR:CG2	0.79	2.07	2	9
1:A:476:VAL:O	1:A:479:VAL:HG23	0.79	1.77	5	9
1:A:334:ILE:O	1:A:335:ILE:HD13	0.79	1.76	20	3
1:A:361:HIS:CD2	1:A:362:GLY:O	0.79	2.36	15	2
1:A:391:ALA:HB3	1:A:394:ILE:HD13	0.79	1.55	7	1
1:A:311:CYS:SG	1:A:439:PHE:CD1	0.79	2.75	18	1
1:A:388:ASN:O	1:A:389:VAL:HG23	0.79	1.77	16	6
1:A:439:PHE:CD1	1:A:440:VAL:N	0.79	2.50	2	5
1:A:325:TYR:HH	1:A:334:ILE:N	0.79	1.76	4	1
1:A:426:ARG:O	1:A:427:THR:O	0.79	2.00	8	4
1:A:404:ASN:OD1	1:A:407:LEU:CD2	0.79	2.30	11	3
1:A:459:ILE:HD11	1:A:461:MET:CB	0.79	2.08	12	8
1:A:337:VAL:HG21	1:A:342:THR:HG22	0.79	1.54	19	11
1:A:311:CYS:SG	1:A:311:CYS:O	0.79	2.40	16	2
1:A:347:TYR:CZ	1:A:357:VAL:HG23	0.79	2.12	11	1
1:A:456:PHE:CD2	1:A:459:ILE:HG23	0.79	2.13	14	1
1:A:422:HIS:O	1:A:422:HIS:ND1	0.79	2.16	14	1
1:A:390:LEU:O	1:A:391:ALA:HB2	0.79	1.77	19	1
1:A:402:VAL:O	1:A:403:VAL:CG1	0.79	2.31	8	12
1:A:464:VAL:HG11	1:A:475:ILE:HD13	0.79	1.54	1	1
1:A:301:VAL:CG2	1:A:421:ILE:HD11	0.79	2.07	2	3
1:A:299:VAL:CG1	1:A:300:ASN:H	0.79	1.91	3	2
1:A:334:ILE:CG2	1:A:402:VAL:HG12	0.79	2.07	6	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:373:ILE:CD1	1:A:396:ILE:HD11	0.79	2.08	18	2
1:A:328:MET:HG3	1:A:330:ILE:HD11	0.79	1.51	8	1
1:A:402:VAL:HG22	1:A:427:THR:CB	0.79	2.07	16	3
1:A:328:MET:SD	1:A:401:MET:SD	0.79	2.81	6	2
1:A:478:LYS:N	1:A:478:LYS:NZ	0.79	2.31	7	1
1:A:305:LYS:O	1:A:435:VAL:HG12	0.79	1.78	9	1
1:A:330:ILE:HG22	1:A:400:SER:OG	0.78	1.78	16	6
1:A:426:ARG:O	1:A:427:THR:C	0.78	2.19	18	16
1:A:328:MET:O	1:A:329:THR:C	0.78	2.21	14	13
1:A:359:ILE:O	1:A:360:LEU:HD23	0.78	1.78	2	3
1:A:333:SER:CA	1:A:399:VAL:HG11	0.78	2.08	8	9
1:A:405:TYR:CD1	1:A:405:TYR:N	0.78	2.51	10	1
1:A:386:THR:HG21	1:A:390:LEU:CA	0.78	2.07	17	3
1:A:381:SER:O	1:A:382:LYS:CG	0.78	2.30	14	1
1:A:403:VAL:CG2	1:A:437:ILE:N	0.78	2.45	1	6
1:A:350:LEU:HD12	1:A:385:ILE:HD11	0.78	1.54	17	7
1:A:324:LEU:C	1:A:324:LEU:CD1	0.78	2.47	3	6
1:A:328:MET:O	1:A:329:THR:OG1	0.78	2.00	18	5
1:A:334:ILE:HG21	1:A:390:LEU:HD21	0.78	1.54	13	1
1:A:310:ASP:N	1:A:466:THR:CG2	0.78	2.46	1	2
1:A:318:PHE:CD1	1:A:318:PHE:C	0.78	2.56	1	3
1:A:361:HIS:NE2	1:A:362:GLY:O	0.78	2.16	15	2
1:A:388:ASN:O	1:A:389:VAL:O	0.78	2.02	19	6
1:A:432:ARG:NH1	1:A:433:LYS:O	0.78	2.17	11	1
1:A:391:ALA:O	1:A:392:ARG:O	0.78	2.00	13	3
1:A:346:LEU:HD23	1:A:346:LEU:H	0.78	1.37	10	3
1:A:398:THR:HG21	1:A:428:GLY:H	0.78	1.39	18	1
1:A:310:ASP:O	1:A:311:CYS:O	0.78	2.01	11	16
1:A:414:GLN:O	1:A:415:ALA:O	0.78	2.02	1	2
1:A:440:VAL:O	1:A:463:ARG:CZ	0.78	2.32	2	1
1:A:389:VAL:HG23	1:A:423:ARG:HH22	0.78	1.38	12	2
1:A:324:LEU:HD12	1:A:325:TYR:H	0.78	1.39	11	5
1:A:314:GLU:O	1:A:318:PHE:CE1	0.78	2.37	12	8
1:A:373:ILE:CG2	1:A:394:ILE:HG21	0.78	2.08	2	2
1:A:390:LEU:HD23	1:A:391:ALA:H	0.77	1.38	15	3
1:A:417:PRO:HB3	1:A:452:ILE:HG23	0.77	1.53	1	1
1:A:337:VAL:HG12	1:A:406:ASP:N	0.77	1.94	16	8
1:A:402:VAL:CG1	1:A:427:THR:N	0.77	2.46	10	5
1:A:321:LEU:HD21	1:A:403:VAL:CG2	0.77	2.08	15	2
1:A:407:LEU:CB	1:A:408:PRO:CD	0.77	2.63	1	19
1:A:460:GLU:O	1:A:461:MET:C	0.77	2.22	1	7

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:325:TYR:CD2	1:A:403:VAL:HG11	0.77	2.14	7	1
1:A:336:PHE:O	1:A:404:ASN:OD1	0.77	2.02	5	3
1:A:334:ILE:HG22	1:A:402:VAL:HG12	0.77	1.57	6	1
1:A:469:TRP:CE2	1:A:473:GLU:OE1	0.77	2.38	6	1
1:A:308:TYR:CZ	1:A:438:SER:OG	0.77	2.36	10	3
1:A:311:CYS:SG	1:A:317:LYS:CD	0.77	2.73	4	3
1:A:429:ARG:O	1:A:430:PHE:C	0.77	2.23	9	11
1:A:323:GLU:CG	1:A:324:LEU:N	0.77	2.46	6	9
1:A:325:TYR:CD2	1:A:437:ILE:CG1	0.77	2.67	5	1
1:A:401:MET:N	1:A:427:THR:OG1	0.77	2.17	8	2
1:A:336:PHE:CD2	1:A:386:THR:CG2	0.77	2.67	15	2
1:A:330:ILE:HG21	1:A:400:SER:OG	0.77	1.78	11	1
1:A:336:PHE:CE1	1:A:423:ARG:CZ	0.77	2.68	16	2
1:A:342:THR:HG23	1:A:405:TYR:CZ	0.77	2.14	9	2
1:A:457:GLY:O	1:A:458:ASP:OD2	0.77	2.02	8	1
1:A:414:GLN:O	1:A:415:ALA:C	0.77	2.22	15	8
1:A:394:ILE:O	1:A:395:ASP:C	0.77	2.20	14	6
1:A:323:GLU:OE1	1:A:349:LYS:NZ	0.77	2.18	13	2
1:A:311:CYS:SG	1:A:439:PHE:CE1	0.77	2.77	18	1
1:A:343:ALA:HB2	1:A:387:THR:CG2	0.77	2.09	2	6
1:A:398:THR:OG1	1:A:427:THR:O	0.77	2.03	9	4
1:A:318:PHE:CD2	1:A:405:TYR:CE2	0.77	2.72	16	1
1:A:336:PHE:CZ	1:A:388:ASN:N	0.77	2.53	8	2
1:A:377:ARG:O	1:A:377:ARG:NE	0.77	2.17	14	2
1:A:310:ASP:OD1	1:A:463:ARG:NH1	0.77	2.18	20	1
1:A:311:CYS:SG	1:A:320:VAL:CG1	0.77	2.73	20	1
1:A:328:MET:CG	1:A:480:LEU:HD11	0.77	2.10	1	3
1:A:355:HIS:O	1:A:356:GLU:O	0.77	2.03	10	10
1:A:407:LEU:HD23	1:A:420:TYR:CE1	0.77	2.15	1	1
1:A:361:HIS:ND1	1:A:362:GLY:N	0.77	2.33	9	2
1:A:321:LEU:HD11	1:A:403:VAL:CG2	0.77	2.10	18	2
1:A:332:SER:OG	1:A:382:LYS:CB	0.77	2.33	3	1
1:A:335:ILE:HG22	1:A:385:ILE:HG23	0.77	1.56	10	2
1:A:318:PHE:CD1	1:A:405:TYR:CE2	0.77	2.73	12	4
1:A:325:TYR:CE1	1:A:437:ILE:HD13	0.77	2.15	7	1
1:A:427:THR:O	1:A:427:THR:CG2	0.77	2.32	8	1
1:A:307:LEU:CD2	1:A:478:LYS:NZ	0.76	2.48	1	3
1:A:398:THR:OG1	1:A:428:GLY:CA	0.76	2.34	9	2
1:A:459:ILE:CG1	1:A:460:GLU:H	0.76	1.92	5	9
1:A:430:PHE:O	1:A:430:PHE:CD2	0.76	2.37	8	9
1:A:453:GLN:OE1	1:A:459:ILE:CG1	0.76	2.32	5	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:321:LEU:HD21	1:A:403:VAL:HB	0.76	1.57	10	3
1:A:393:GLY:O	1:A:394:ILE:C	0.76	2.23	15	8
1:A:424:ILE:HD12	1:A:425:GLY:H	0.76	1.39	13	15
1:A:444:ASN:ND2	1:A:444:ASN:N	0.76	2.33	2	1
1:A:329:THR:HG22	1:A:330:ILE:H	0.76	1.39	8	2
1:A:429:ARG:O	1:A:430:PHE:CD2	0.76	2.38	15	1
1:A:355:HIS:O	1:A:356:GLU:C	0.76	2.23	17	7
1:A:398:THR:CG2	1:A:398:THR:O	0.76	2.33	2	2
1:A:439:PHE:CD1	1:A:439:PHE:C	0.76	2.58	7	7
1:A:351:LYS:CB	1:A:355:HIS:O	0.76	2.33	3	1
1:A:321:LEU:HD23	1:A:322:THR:OG1	0.76	1.80	13	5
1:A:478:LYS:NZ	1:A:479:VAL:N	0.76	2.33	4	2
1:A:404:ASN:OD1	1:A:405:TYR:N	0.76	2.18	7	2
1:A:316:ASP:OD1	1:A:320:VAL:CG2	0.76	2.33	6	1
1:A:341:LYS:HZ2	1:A:341:LYS:HA	0.76	1.41	8	1
1:A:429:ARG:O	1:A:431:GLY:N	0.76	2.18	13	4
1:A:336:PHE:CB	1:A:386:THR:O	0.76	2.34	2	3
1:A:346:LEU:N	1:A:346:LEU:CD2	0.76	2.44	10	5
1:A:373:ILE:HG21	1:A:394:ILE:CG2	0.76	2.10	16	5
1:A:360:LEU:CD1	1:A:391:ALA:HB2	0.76	2.10	10	4
1:A:314:GLU:N	1:A:314:GLU:CD	0.76	2.37	14	1
1:A:433:LYS:CB	1:A:433:LYS:NZ	0.76	2.46	14	1
1:A:404:ASN:C	1:A:404:ASN:OD1	0.76	2.23	20	1
1:A:324:LEU:HD12	1:A:324:LEU:O	0.76	1.80	3	4
1:A:309:MET:SD	1:A:324:LEU:HD22	0.76	2.20	8	1
1:A:354:GLY:O	1:A:355:HIS:O	0.76	2.04	8	15
1:A:397:PRO:O	1:A:398:THR:C	0.76	2.23	5	14
1:A:442:ASP:OD1	1:A:442:ASP:N	0.76	2.16	3	2
1:A:325:TYR:CZ	1:A:333:SER:HB3	0.76	2.15	9	4
1:A:322:THR:O	1:A:326:GLY:N	0.76	2.18	11	7
1:A:342:THR:HG23	1:A:405:TYR:CE2	0.76	2.15	4	3
1:A:322:THR:CG2	1:A:350:LEU:HD11	0.76	2.10	14	2
1:A:427:THR:HG21	1:A:435:VAL:O	0.76	1.81	13	2
1:A:319:ASP:C	1:A:349:LYS:HZ1	0.76	1.83	14	1
1:A:321:LEU:HD22	1:A:321:LEU:O	0.76	1.81	15	2
1:A:425:GLY:O	1:A:427:THR:OG1	0.76	2.03	17	9
1:A:384:LEU:HD11	1:A:386:THR:CG2	0.76	2.11	4	1
1:A:347:TYR:O	1:A:347:TYR:CD1	0.76	2.39	20	2
1:A:419:THR:HG22	1:A:423:ARG:NE	0.76	1.96	9	1
1:A:325:TYR:OH	1:A:435:VAL:CG2	0.76	2.32	12	1
1:A:298:GLU:O	1:A:298:GLU:CG	0.75	2.33	6	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:402:VAL:CG2	1:A:427:THR:HG22	0.75	2.10	6	1
1:A:328:MET:SD	1:A:476:VAL:HG13	0.75	2.20	14	3
1:A:361:HIS:O	1:A:389:VAL:HG11	0.75	1.80	16	1
1:A:350:LEU:HD12	1:A:385:ILE:CG1	0.75	2.12	10	12
1:A:403:VAL:O	1:A:404:ASN:OD1	0.75	2.03	10	2
1:A:390:LEU:HD12	1:A:391:ALA:N	0.75	1.95	16	3
1:A:310:ASP:O	1:A:311:CYS:C	0.75	2.23	3	16
1:A:390:LEU:HD23	1:A:391:ALA:N	0.75	1.96	15	2
1:A:432:ARG:NH2	1:A:482:ASP:OXT	0.75	2.19	3	1
1:A:389:VAL:O	1:A:389:VAL:CG1	0.75	2.33	4	2
1:A:306:GLN:H	1:A:306:GLN:CD	0.75	1.84	7	1
1:A:356:GLU:CG	1:A:356:GLU:O	0.75	2.33	11	1
1:A:390:LEU:HD22	1:A:396:ILE:HD12	0.75	1.58	12	1
1:A:320:VAL:O	1:A:324:LEU:CD2	0.75	2.34	18	1
1:A:350:LEU:HD12	1:A:385:ILE:HG12	0.75	1.56	6	8
1:A:452:ILE:N	1:A:452:ILE:HD13	0.75	1.96	1	2
1:A:299:VAL:O	1:A:300:ASN:O	0.75	2.04	4	5
1:A:322:THR:OG1	1:A:346:LEU:CD2	0.75	2.34	11	5
1:A:426:ARG:O	1:A:429:ARG:N	0.75	2.19	13	4
1:A:478:LYS:N	1:A:478:LYS:HZ3	0.75	1.80	4	1
1:A:398:THR:CG2	1:A:427:THR:O	0.75	2.35	10	4
1:A:328:MET:CE	1:A:401:MET:SD	0.75	2.75	6	2
1:A:299:VAL:O	1:A:300:ASN:CB	0.75	2.34	10	7
1:A:347:TYR:CE2	1:A:357:VAL:CG1	0.75	2.69	12	2
1:A:360:LEU:HD11	1:A:384:LEU:HD11	0.75	1.57	19	3
1:A:392:ARG:C	1:A:394:ILE:H	0.75	1.85	14	16
1:A:460:GLU:O	1:A:461:MET:O	0.75	2.05	7	7
1:A:319:ASP:O	1:A:323:GLU:CB	0.75	2.34	2	5
1:A:402:VAL:CG1	1:A:424:ILE:O	0.75	2.35	18	11
1:A:422:HIS:O	1:A:426:ARG:CG	0.75	2.35	4	1
1:A:325:TYR:CD2	1:A:437:ILE:HG13	0.75	2.17	5	1
1:A:458:ASP:O	1:A:458:ASP:OD1	0.75	2.03	8	1
1:A:334:ILE:HG12	1:A:399:VAL:HG21	0.75	1.59	11	1
1:A:347:TYR:CD2	1:A:357:VAL:CG1	0.75	2.69	12	1
1:A:316:ASP:O	1:A:320:VAL:N	0.75	2.20	3	15
1:A:404:ASN:OD1	1:A:406:ASP:C	0.75	2.25	13	2
1:A:321:LEU:CD1	1:A:322:THR:N	0.75	2.46	15	3
1:A:429:ARG:O	1:A:430:PHE:CD1	0.75	2.40	20	2
1:A:337:VAL:HG11	1:A:342:THR:CG2	0.75	2.12	17	4
1:A:399:VAL:C	1:A:401:MET:H	0.75	1.85	7	17
1:A:359:ILE:C	1:A:360:LEU:HD23	0.75	2.02	2	3

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:404:ASN:HD22	1:A:407:LEU:CD2	0.75	1.95	5	2
1:A:368:GLU:O	1:A:372:LEU:HD12	0.75	1.82	6	1
1:A:397:PRO:O	1:A:398:THR:HG22	0.75	1.81	16	5
1:A:402:VAL:HG22	1:A:427:THR:OG1	0.75	1.82	16	1
1:A:402:VAL:CG2	1:A:427:THR:OG1	0.75	2.33	18	2
1:A:404:ASN:ND2	1:A:438:SER:OG	0.75	2.19	4	2
1:A:324:LEU:HB2	1:A:476:VAL:HG21	0.75	1.58	11	4
1:A:363:ASP:OD1	1:A:363:ASP:N	0.75	2.18	20	2
1:A:430:PHE:CD1	1:A:430:PHE:C	0.74	2.61	2	2
1:A:318:PHE:CZ	1:A:345:VAL:HG11	0.74	2.16	8	2
1:A:346:LEU:HD13	1:A:405:TYR:CE1	0.74	2.17	10	1
1:A:340:LYS:O	1:A:344:ASN:OD1	0.74	2.05	18	1
1:A:308:TYR:OH	1:A:452:ILE:HD13	0.74	1.82	13	2
1:A:307:LEU:N	1:A:307:LEU:HD13	0.74	1.97	13	1
1:A:319:ASP:O	1:A:323:GLU:CG	0.74	2.35	13	1
1:A:478:LYS:CD	1:A:478:LYS:C	0.74	2.53	17	1
1:A:339:THR:OG1	1:A:342:THR:OG1	0.74	2.05	1	5
1:A:409:THR:O	1:A:410:LEU:C	0.74	2.25	9	6
1:A:400:SER:O	1:A:435:VAL:HG12	0.74	1.81	13	2
1:A:440:VAL:HG22	1:A:445:SER:CB	0.74	2.12	15	3
1:A:334:ILE:CG1	1:A:399:VAL:HG13	0.74	2.13	19	9
1:A:403:VAL:N	1:A:424:ILE:HG22	0.74	1.97	10	9
1:A:427:THR:O	1:A:429:ARG:O	0.74	2.04	8	1
1:A:321:LEU:HD21	1:A:403:VAL:HG21	0.74	1.58	15	1
1:A:403:VAL:CB	1:A:437:ILE:H	0.74	1.96	1	6
1:A:440:VAL:O	1:A:440:VAL:HG12	0.74	1.81	3	3
1:A:475:ILE:O	1:A:478:LYS:CE	0.74	2.36	4	3
1:A:404:ASN:ND2	1:A:407:LEU:CG	0.74	2.50	14	2
1:A:372:LEU:N	1:A:372:LEU:HD23	0.74	1.97	7	3
1:A:376:PHE:CD1	1:A:376:PHE:C	0.74	2.61	9	8
1:A:325:TYR:OH	1:A:437:ILE:CG2	0.74	2.33	7	1
1:A:404:ASN:OD1	1:A:404:ASN:C	0.74	2.24	7	1
1:A:400:SER:O	1:A:427:THR:HG22	0.74	1.83	10	1
1:A:380:ARG:O	1:A:381:SER:O	0.74	2.05	11	3
1:A:387:THR:O	1:A:388:ASN:C	0.74	2.26	6	14
1:A:330:ILE:HG22	1:A:400:SER:H	0.74	1.38	2	1
1:A:351:LYS:CA	1:A:355:HIS:O	0.74	2.34	3	1
1:A:422:HIS:C	1:A:422:HIS:CD2	0.74	2.60	12	4
1:A:420:TYR:CE2	1:A:452:ILE:HD13	0.74	2.16	19	3
1:A:407:LEU:CD1	1:A:407:LEU:H	0.74	1.95	10	4
1:A:322:THR:OG1	1:A:346:LEU:HD22	0.74	1.81	12	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:330:ILE:HG22	1:A:400:SER:CB	0.74	2.12	1	9
1:A:386:THR:OG1	1:A:389:VAL:O	0.74	2.06	1	4
1:A:366:THR:O	1:A:370:ASP:OD1	0.74	2.06	19	3
1:A:339:THR:OG1	1:A:406:ASP:OD2	0.74	2.05	7	3
1:A:399:VAL:CG1	1:A:400:SER:N	0.74	2.50	11	1
1:A:464:VAL:HG12	1:A:464:VAL:O	0.74	1.82	11	1
1:A:427:THR:O	1:A:429:ARG:N	0.74	2.21	17	1
1:A:379:GLY:O	1:A:381:SER:N	0.74	2.21	19	4
1:A:373:ILE:CG2	1:A:394:ILE:HD13	0.74	2.13	2	1
1:A:402:VAL:CB	1:A:424:ILE:O	0.74	2.36	18	8
1:A:391:ALA:O	1:A:392:ARG:C	0.74	2.26	14	4
1:A:325:TYR:CE2	1:A:403:VAL:CG2	0.74	2.71	17	1
1:A:356:GLU:O	1:A:381:SER:OG	0.73	2.04	3	2
1:A:410:LEU:O	1:A:414:GLN:O	0.73	2.06	3	1
1:A:428:GLY:O	1:A:429:ARG:NH1	0.73	2.21	14	1
1:A:321:LEU:HD22	1:A:321:LEU:C	0.73	2.03	15	1
1:A:406:ASP:O	1:A:406:ASP:OD2	0.73	2.04	7	4
1:A:401:MET:SD	1:A:435:VAL:CG1	0.73	2.76	4	1
1:A:449:LEU:CD2	1:A:461:MET:SD	0.73	2.76	5	1
1:A:376:PHE:CD2	1:A:381:SER:O	0.73	2.41	6	1
1:A:401:MET:C	1:A:427:THR:OG1	0.73	2.27	16	3
1:A:390:LEU:CG	1:A:391:ALA:H	0.73	1.96	15	3
1:A:373:ILE:HG21	1:A:394:ILE:HD13	0.73	1.59	2	3
1:A:299:VAL:HG21	1:A:421:ILE:HG23	0.73	1.60	3	2
1:A:336:PHE:CE2	1:A:423:ARG:NH1	0.73	2.55	8	1
1:A:387:THR:O	1:A:388:ASN:O	0.73	2.05	19	3
1:A:332:SER:OG	1:A:381:SER:O	0.73	2.07	1	2
1:A:463:ARG:O	1:A:464:VAL:C	0.73	2.27	4	6
1:A:381:SER:OG	1:A:383:VAL:O	0.73	2.06	5	1
1:A:402:VAL:HB	1:A:424:ILE:HG22	0.73	1.60	13	1
1:A:431:GLY:O	1:A:432:ARG:C	0.73	2.27	4	1
1:A:398:THR:OG1	1:A:427:THR:C	0.73	2.26	9	2
1:A:308:TYR:OH	1:A:420:TYR:OH	0.73	2.05	9	2
1:A:308:TYR:CD1	1:A:309:MET:N	0.73	2.56	5	8
1:A:376:PHE:O	1:A:381:SER:N	0.73	2.21	20	3
1:A:441:HIS:O	1:A:441:HIS:CD2	0.73	2.41	6	7
1:A:325:TYR:CZ	1:A:333:SER:HB2	0.73	2.18	9	3
1:A:416:ASP:OD2	1:A:419:THR:OG1	0.73	2.07	3	5
1:A:325:TYR:CD1	1:A:328:MET:SD	0.73	2.81	5	1
1:A:380:ARG:O	1:A:381:SER:C	0.73	2.24	11	4
1:A:365:GLN:H	1:A:365:GLN:HE21	0.73	1.23	8	1

Continued on next page...



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:423:ARG:HH22	1:A:426:ARG:HH22	0.73	1.27	12	1
1:A:403:VAL:CG1	1:A:437:ILE:O	0.73	2.37	6	11
1:A:424:ILE:O	1:A:425:GLY:C	0.73	2.27	16	19
1:A:318:PHE:CE1	1:A:405:TYR:CD2	0.73	2.76	2	6
1:A:325:TYR:O	1:A:328:MET:CG	0.73	2.35	5	1
1:A:403:VAL:C	1:A:404:ASN:OD1	0.73	2.27	14	2
1:A:318:PHE:CZ	1:A:405:TYR:CE1	0.73	2.77	16	2
1:A:328:MET:HB2	1:A:480:LEU:HD11	0.73	1.60	14	2
1:A:375:ASP:O	1:A:379:GLY:CA	0.73	2.36	14	2
1:A:449:LEU:HD11	1:A:453:GLN:OE1	0.73	1.82	13	1
1:A:418:ALA:O	1:A:422:HIS:ND1	0.73	2.20	18	1
1:A:389:VAL:CG1	1:A:390:LEU:N	0.73	2.52	5	10
1:A:343:ALA:HB2	1:A:387:THR:HG21	0.73	1.59	16	3
1:A:336:PHE:O	1:A:337:VAL:CG1	0.73	2.37	12	9
1:A:371:ARG:O	1:A:375:ASP:OD2	0.73	2.06	9	1
1:A:349:LYS:HZ3	1:A:349:LYS:HB3	0.73	1.43	15	1
1:A:335:ILE:HA	1:A:403:VAL:O	0.73	1.84	1	18
1:A:389:VAL:O	1:A:390:LEU:O	0.73	2.06	17	4
1:A:372:LEU:HD12	1:A:372:LEU:C	0.73	2.03	4	1
1:A:440:VAL:HG12	1:A:440:VAL:O	0.73	1.81	14	12
1:A:339:THR:N	1:A:406:ASP:OD2	0.73	2.22	12	1
1:A:426:ARG:C	1:A:428:GLY:H	0.73	1.87	9	4
1:A:310:ASP:OD1	1:A:441:HIS:CD2	0.73	2.42	16	2
1:A:342:THR:CG2	1:A:405:TYR:OH	0.73	2.37	6	2
1:A:327:LEU:HD21	1:A:473:GLU:OE2	0.73	1.84	11	1
1:A:435:VAL:HG13	1:A:435:VAL:O	0.73	1.83	16	1
1:A:347:TYR:CE2	1:A:357:VAL:HG13	0.72	2.19	18	3
1:A:363:ASP:O	1:A:364:LEU:O	0.72	2.07	17	5
1:A:329:THR:OG1	1:A:480:LEU:HD13	0.72	1.83	3	4
1:A:330:ILE:HG21	1:A:401:MET:CB	0.72	2.13	7	4
1:A:389:VAL:CG2	1:A:423:ARG:HH22	0.72	1.96	12	1
1:A:334:ILE:O	1:A:402:VAL:CG2	0.72	2.35	14	1
1:A:310:ASP:O	1:A:466:THR:HG23	0.72	1.84	1	2
1:A:317:LYS:O	1:A:321:LEU:CB	0.72	2.37	6	13
1:A:319:ASP:O	1:A:323:GLU:HB3	0.72	1.84	2	9
1:A:356:GLU:O	1:A:381:SER:CB	0.72	2.37	3	2
1:A:327:LEU:O	1:A:327:LEU:CD1	0.72	2.32	15	4
1:A:470:ASP:O	1:A:473:GLU:OE2	0.72	2.07	13	2
1:A:470:ASP:O	1:A:473:GLU:CD	0.72	2.28	13	2
1:A:316:ASP:C	1:A:316:ASP:OD1	0.72	2.28	1	1
1:A:361:HIS:O	1:A:389:VAL:HG21	0.72	1.84	2	3

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:324:LEU:O	1:A:476:VAL:HG22	0.72	1.84	3	1
1:A:335:ILE:HD12	1:A:403:VAL:HG23	0.72	1.60	9	1
1:A:427:THR:HG21	1:A:435:VAL:C	0.72	2.05	12	2
1:A:328:MET:SD	1:A:480:LEU:HD21	0.72	2.25	8	3
1:A:481:LYS:CD	1:A:481:LYS:C	0.72	2.58	4	20
1:A:348:GLY:O	1:A:352:SER:OG	0.72	2.07	2	1
1:A:429:ARG:O	1:A:430:PHE:O	0.72	2.07	16	3
1:A:325:TYR:OH	1:A:333:SER:C	0.72	2.28	3	3
1:A:402:VAL:HG11	1:A:425:GLY:C	0.72	2.04	8	5
1:A:372:LEU:O	1:A:375:ASP:OD1	0.72	2.07	9	2
1:A:332:SER:OG	1:A:382:LYS:O	0.72	2.07	12	4
1:A:358:SER:OG	1:A:384:LEU:HD23	0.72	1.83	17	1
1:A:350:LEU:CG	1:A:385:ILE:HD11	0.72	2.14	2	1
1:A:325:TYR:CZ	1:A:335:ILE:CD1	0.72	2.72	4	2
1:A:325:TYR:CZ	1:A:335:ILE:HD11	0.72	2.19	4	3
1:A:312:LYS:NZ	1:A:320:VAL:HG21	0.72	1.99	20	1
1:A:360:LEU:O	1:A:386:THR:OG1	0.72	2.07	6	10
1:A:363:ASP:O	1:A:364:LEU:C	0.72	2.27	14	8
1:A:433:LYS:O	1:A:434:GLY:O	0.72	2.06	7	3
1:A:306:GLN:NE2	1:A:436:ALA:O	0.72	2.23	4	2
1:A:403:VAL:HG11	1:A:437:ILE:HD12	0.72	1.60	12	2
1:A:334:ILE:HG22	1:A:336:PHE:CZ	0.72	2.20	19	1
1:A:459:ILE:HG13	1:A:460:GLU:N	0.72	1.99	17	17
1:A:443:LYS:CG	1:A:444:ASN:N	0.72	2.52	8	3
1:A:341:LYS:C	1:A:344:ASN:OD1	0.72	2.27	18	1
1:A:323:GLU:CD	1:A:469:TRP:CZ2	0.72	2.63	19	1
1:A:301:VAL:CG2	1:A:421:ILE:CD1	0.72	2.68	17	12
1:A:376:PHE:O	1:A:376:PHE:CD1	0.72	2.42	2	2
1:A:459:ILE:O	1:A:460:GLU:OE1	0.72	2.08	10	3
1:A:347:TYR:CE1	1:A:359:ILE:HG22	0.72	2.20	8	1
1:A:433:LYS:CB	1:A:433:LYS:HZ2	0.72	1.96	14	1
1:A:321:LEU:HD12	1:A:322:THR:N	0.72	1.98	19	1
1:A:325:TYR:OH	1:A:332:SER:C	0.72	2.28	20	1
1:A:354:GLY:O	1:A:355:HIS:C	0.72	2.29	5	12
1:A:386:THR:HG21	1:A:390:LEU:HG	0.72	1.61	10	2
1:A:416:ASP:OD1	1:A:416:ASP:O	0.72	2.08	1	4
1:A:475:ILE:O	1:A:478:LYS:HG3	0.72	1.85	12	9
1:A:335:ILE:O	1:A:336:PHE:CD1	0.72	2.42	10	2
1:A:401:MET:HA	1:A:427:THR:HG22	0.72	1.58	12	1
1:A:299:VAL:HG11	1:A:421:ILE:HD12	0.72	1.61	17	1
1:A:440:VAL:CG1	1:A:445:SER:OG	0.72	2.36	1	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:391:ALA:CB	1:A:394:ILE:HD11	0.72	2.07	13	4
1:A:325:TYR:CE1	1:A:437:ILE:HD12	0.72	2.18	8	2
1:A:447:ASN:ND2	1:A:448:ILE:N	0.72	2.37	10	1
1:A:318:PHE:O	1:A:322:THR:OG1	0.71	2.06	2	1
1:A:321:LEU:C	1:A:321:LEU:CD1	0.71	2.49	14	4
1:A:402:VAL:HG11	1:A:427:THR:HA	0.71	1.62	6	3
1:A:322:THR:O	1:A:325:TYR:CE1	0.71	2.43	10	3
1:A:470:ASP:OD1	1:A:471:GLU:N	0.71	2.23	19	1
1:A:335:ILE:CG2	1:A:346:LEU:HD13	0.71	2.15	5	2
1:A:399:VAL:HG12	1:A:400:SER:N	0.71	1.99	11	1
1:A:420:TYR:CD1	1:A:420:TYR:C	0.71	2.62	9	9
1:A:365:GLN:N	1:A:368:GLU:OE2	0.71	2.22	8	1
1:A:376:PHE:CD1	1:A:377:ARG:N	0.71	2.59	17	3
1:A:467:ASP:O	1:A:468:ASP:OD1	0.71	2.09	1	3
1:A:299:VAL:CG1	1:A:300:ASN:N	0.71	2.54	7	7
1:A:322:THR:HG23	1:A:335:ILE:HG12	0.71	1.63	8	7
1:A:319:ASP:OD1	1:A:320:VAL:N	0.71	2.23	9	5
1:A:342:THR:HG22	1:A:346:LEU:HD11	0.71	1.62	10	1
1:A:311:CYS:SG	1:A:320:VAL:HG11	0.71	2.24	20	1
1:A:301:VAL:HG21	1:A:306:GLN:NE2	0.71	2.00	1	2
1:A:419:THR:HG22	1:A:423:ARG:CG	0.71	2.15	6	4
1:A:368:GLU:CG	1:A:369:ARG:N	0.71	2.54	18	12
1:A:384:LEU:C	1:A:384:LEU:CD1	0.71	2.49	4	1
1:A:440:VAL:HG22	1:A:445:SER:HB3	0.71	1.59	13	2
1:A:342:THR:HG21	1:A:405:TYR:CE1	0.71	2.21	5	1
1:A:325:TYR:CD2	1:A:401:MET:CE	0.71	2.73	8	2
1:A:358:SER:OG	1:A:384:LEU:CG	0.71	2.39	14	2
1:A:334:ILE:C	1:A:402:VAL:HG23	0.71	2.05	14	1
1:A:323:GLU:C	1:A:323:GLU:CD	0.71	2.49	20	1
1:A:301:VAL:HG23	1:A:421:ILE:HD13	0.71	1.63	3	10
1:A:468:ASP:OD1	1:A:468:ASP:C	0.71	2.29	6	1
1:A:426:ARG:O	1:A:427:THR:HG23	0.71	1.84	9	1
1:A:319:ASP:CG	1:A:349:LYS:NZ	0.71	2.43	14	1
1:A:300:ASN:CG	1:A:300:ASN:O	0.71	2.28	19	1
1:A:345:VAL:HG12	1:A:346:LEU:N	0.71	2.00	1	4
1:A:459:ILE:O	1:A:460:GLU:CD	0.71	2.29	3	3
1:A:389:VAL:N	1:A:423:ARG:CZ	0.71	2.52	12	1
1:A:336:PHE:CD1	1:A:423:ARG:NE	0.71	2.58	16	2
1:A:338:ALA:HB1	1:A:388:ASN:HD21	0.71	1.44	16	1
1:A:481:LYS:O	1:A:482:ASP:OD1	0.71	2.09	1	1
1:A:325:TYR:CE2	1:A:403:VAL:CG1	0.71	2.74	8	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:300:ASN:OD1	1:A:300:ASN:O	0.71	2.08	10	1
1:A:322:THR:OG1	1:A:346:LEU:HD21	0.71	1.85	19	2
1:A:389:VAL:N	1:A:423:ARG:NH2	0.71	2.39	12	1
1:A:349:LYS:NZ	1:A:349:LYS:CB	0.71	2.53	15	1
1:A:435:VAL:O	1:A:435:VAL:CG1	0.71	2.39	16	2
1:A:326:GLY:O	1:A:327:LEU:HD23	0.71	1.86	19	1
1:A:336:PHE:CD1	1:A:336:PHE:C	0.71	2.64	1	4
1:A:328:MET:O	1:A:330:ILE:HD13	0.71	1.86	2	8
1:A:395:ASP:OD1	1:A:395:ASP:O	0.71	2.09	10	2
1:A:325:TYR:OH	1:A:333:SER:CB	0.71	2.39	4	3
1:A:373:ILE:HD12	1:A:394:ILE:HG12	0.71	1.59	5	2
1:A:398:THR:O	1:A:398:THR:CG2	0.71	2.38	14	3
1:A:319:ASP:C	1:A:323:GLU:OE1	0.71	2.28	10	2
1:A:401:MET:SD	1:A:403:VAL:HG22	0.71	2.26	7	4
1:A:460:GLU:CD	1:A:460:GLU:O	0.71	2.29	16	3
1:A:334:ILE:HD11	1:A:384:LEU:HB3	0.71	1.63	10	1
1:A:358:SER:OG	1:A:384:LEU:CD1	0.71	2.39	14	1
1:A:389:VAL:HG12	1:A:389:VAL:O	0.71	1.86	16	1
1:A:367:GLN:O	1:A:370:ASP:OD2	0.71	2.07	19	1
1:A:318:PHE:CG	1:A:319:ASP:N	0.71	2.59	1	3
1:A:421:ILE:HG22	1:A:422:HIS:N	0.71	2.01	15	20
1:A:406:ASP:O	1:A:406:ASP:CG	0.71	2.28	2	7
1:A:336:PHE:CE1	1:A:423:ARG:CG	0.71	2.73	3	1
1:A:325:TYR:CE2	1:A:403:VAL:HG11	0.71	2.20	7	1
1:A:427:THR:O	1:A:428:GLY:C	0.71	2.29	8	3
1:A:318:PHE:O	1:A:346:LEU:HD21	0.71	1.86	12	1
1:A:423:ARG:NH2	1:A:426:ARG:HH22	0.71	1.82	12	1
1:A:325:TYR:OH	1:A:332:SER:O	0.71	2.07	20	1
1:A:409:THR:O	1:A:416:ASP:CG	0.70	2.30	1	1
1:A:373:ILE:HD12	1:A:394:ILE:CD1	0.70	2.15	5	2
1:A:414:GLN:CG	1:A:415:ALA:N	0.70	2.54	9	5
1:A:388:ASN:OD1	1:A:388:ASN:N	0.70	2.24	6	2
1:A:321:LEU:HD21	1:A:403:VAL:HG23	0.70	1.63	8	1
1:A:328:MET:O	1:A:330:ILE:CD1	0.70	2.39	2	7
1:A:406:ASP:O	1:A:406:ASP:OD1	0.70	2.08	3	3
1:A:321:LEU:CD2	1:A:322:THR:OG1	0.70	2.40	13	5
1:A:407:LEU:HD13	1:A:420:TYR:CE1	0.70	2.20	6	1
1:A:468:ASP:OD2	1:A:471:GLU:OE1	0.70	2.10	6	1
1:A:376:PHE:O	1:A:381:SER:OG	0.70	2.09	11	1
1:A:310:ASP:CG	1:A:310:ASP:O	0.70	2.29	13	1
1:A:386:THR:HG21	1:A:390:LEU:HB3	0.70	1.61	19	2

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:328:MET:CG	1:A:476:VAL:HG13	0.70	2.15	3	4
1:A:308:TYR:CZ	1:A:440:VAL:O	0.70	2.44	7	2
1:A:449:LEU:HD23	1:A:449:LEU:O	0.70	1.86	17	2
1:A:390:LEU:HD21	1:A:396:ILE:CD1	0.70	2.16	14	1
1:A:360:LEU:CD1	1:A:384:LEU:HD11	0.70	2.16	19	2
1:A:386:THR:OG1	1:A:390:LEU:CD1	0.70	2.39	15	1
1:A:301:VAL:C	1:A:303:ALA:H	0.70	1.90	6	18
1:A:347:TYR:CZ	1:A:357:VAL:CG1	0.70	2.72	1	1
1:A:399:VAL:HG23	1:A:401:MET:N	0.70	2.01	10	17
1:A:395:ASP:O	1:A:395:ASP:CG	0.70	2.30	10	2
1:A:335:ILE:HG21	1:A:346:LEU:HD22	0.70	1.64	18	2
1:A:478:LYS:HZ3	1:A:478:LYS:HB3	0.70	1.46	4	1
1:A:335:ILE:HG22	1:A:346:LEU:HD13	0.70	1.63	5	1
1:A:373:ILE:N	1:A:373:ILE:CD1	0.70	2.54	5	3
1:A:419:THR:CG2	1:A:423:ARG:CZ	0.70	2.69	9	1
1:A:325:TYR:CE2	1:A:335:ILE:HD13	0.70	2.21	10	1
1:A:321:LEU:C	1:A:321:LEU:HD12	0.70	2.05	18	1
1:A:304:ILE:O	1:A:306:GLN:N	0.70	2.24	7	15
1:A:346:LEU:HB2	1:A:385:ILE:HG21	0.70	1.63	7	6
1:A:379:GLY:O	1:A:380:ARG:CG	0.70	2.38	19	4
1:A:323:GLU:OE2	1:A:349:LYS:NZ	0.70	2.24	9	1
1:A:398:THR:CB	1:A:429:ARG:N	0.70	2.54	9	1
1:A:347:TYR:CD2	1:A:359:ILE:CG2	0.70	2.75	17	2
1:A:426:ARG:O	1:A:426:ARG:NH1	0.70	2.25	18	1
1:A:342:THR:CG2	1:A:405:TYR:CE2	0.70	2.75	4	4
1:A:404:ASN:N	1:A:404:ASN:ND2	0.70	2.37	19	5
1:A:323:GLU:O	1:A:327:LEU:CD1	0.70	2.38	9	2
1:A:358:SER:HB3	1:A:384:LEU:HD12	0.70	1.63	19	3
1:A:299:VAL:HG11	1:A:421:ILE:HG23	0.70	1.63	20	4
1:A:381:SER:O	1:A:382:LYS:CB	0.70	2.39	14	1
1:A:328:MET:SD	1:A:476:VAL:CG1	0.70	2.78	7	3
1:A:364:LEU:O	1:A:365:GLN:C	0.70	2.29	17	3
1:A:350:LEU:HB2	1:A:357:VAL:HG21	0.70	1.61	15	1
1:A:378:GLU:OE2	1:A:378:GLU:C	0.70	2.30	18	1
1:A:316:ASP:O	1:A:320:VAL:CB	0.70	2.39	2	15
1:A:478:LYS:HE2	1:A:479:VAL:HG22	0.70	1.63	2	10
1:A:325:TYR:CD2	1:A:333:SER:CB	0.70	2.74	2	4
1:A:360:LEU:HD11	1:A:373:ILE:HD11	0.70	1.64	2	2
1:A:459:ILE:CG1	1:A:460:GLU:N	0.70	2.53	8	14
1:A:355:HIS:O	1:A:356:GLU:CB	0.70	2.36	19	8
1:A:325:TYR:CE2	1:A:437:ILE:CD1	0.70	2.74	5	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:339:THR:OG1	1:A:406:ASP:CG	0.70	2.31	7	1
1:A:420:TYR:CZ	1:A:452:ILE:HD13	0.70	2.22	7	1
1:A:337:VAL:CG1	1:A:342:THR:HG21	0.70	2.15	17	5
1:A:300:ASN:OD1	1:A:300:ASN:C	0.70	2.29	10	1
1:A:389:VAL:HG23	1:A:426:ARG:NH2	0.70	2.00	12	1
1:A:313:ASN:O	1:A:317:LYS:CG	0.70	2.40	19	8
1:A:368:GLU:CD	1:A:368:GLU:C	0.70	2.51	9	4
1:A:410:LEU:O	1:A:416:ASP:N	0.70	2.25	3	1
1:A:322:THR:CG2	1:A:335:ILE:CD1	0.70	2.70	4	1
1:A:328:MET:CB	1:A:480:LEU:HD11	0.70	2.17	14	2
1:A:463:ARG:O	1:A:464:VAL:HG23	0.70	1.87	11	1
1:A:428:GLY:O	1:A:429:ARG:C	0.70	2.30	16	4
1:A:402:VAL:CG2	1:A:424:ILE:HG22	0.70	2.17	14	3
1:A:442:ASP:H	1:A:445:SER:CB	0.70	2.00	13	20
1:A:304:ILE:HG23	1:A:434:GLY:C	0.70	2.07	16	7
1:A:324:LEU:HD23	1:A:476:VAL:HG21	0.70	1.62	6	1
1:A:333:SER:OG	1:A:383:VAL:HG12	0.70	1.86	19	2
1:A:467:ASP:C	1:A:468:ASP:OD1	0.70	2.30	10	2
1:A:306:GLN:C	1:A:307:LEU:HD13	0.70	2.06	13	1
1:A:341:LYS:O	1:A:344:ASN:OD1	0.70	2.10	18	1
1:A:391:ALA:O	1:A:394:ILE:CG1	0.69	2.40	13	8
1:A:393:GLY:O	1:A:395:ASP:N	0.69	2.25	1	9
1:A:409:THR:O	1:A:416:ASP:OD2	0.69	2.09	1	1
1:A:357:VAL:CG2	1:A:358:SER:N	0.69	2.55	19	4
1:A:315:ALA:O	1:A:319:ASP:OD1	0.69	2.10	7	3
1:A:322:THR:HG23	1:A:335:ILE:HG13	0.69	1.64	9	2
1:A:314:GLU:N	1:A:314:GLU:OE1	0.69	2.24	15	1
1:A:375:ASP:CG	1:A:380:ARG:NH1	0.69	2.45	2	1
1:A:420:TYR:O	1:A:424:ILE:CD1	0.69	2.40	13	14
1:A:403:VAL:CA	1:A:424:ILE:CG2	0.69	2.69	10	11
1:A:370:ASP:O	1:A:374:ASP:CG	0.69	2.29	4	2
1:A:350:LEU:HD22	1:A:383:VAL:CG1	0.69	2.07	16	3
1:A:481:LYS:O	1:A:482:ASP:C	0.69	2.29	5	8
1:A:317:LYS:NZ	1:A:439:PHE:CE2	0.69	2.59	10	1
1:A:357:VAL:HG22	1:A:383:VAL:O	0.69	1.87	12	1
1:A:317:LYS:NZ	1:A:317:LYS:CB	0.69	2.54	15	1
1:A:325:TYR:CZ	1:A:403:VAL:CG1	0.69	2.75	15	1
1:A:335:ILE:HB	1:A:385:ILE:HG23	0.69	1.62	18	5
1:A:325:TYR:CG	1:A:401:MET:CE	0.69	2.75	17	3
1:A:373:ILE:HG23	1:A:396:ILE:HG23	0.69	1.64	15	1
1:A:306:GLN:CD	1:A:306:GLN:O	0.69	2.30	17	1

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:400:SER:OG	1:A:429:ARG:O	0.69	2.06	18	1
1:A:310:ASP:OD2	1:A:441:HIS:CE1	0.69	2.45	14	2
1:A:334:ILE:CD1	1:A:399:VAL:HG13	0.69	2.18	3	6
1:A:410:LEU:O	1:A:416:ASP:CA	0.69	2.40	3	1
1:A:415:ALA:O	1:A:416:ASP:C	0.69	2.29	3	6
1:A:424:ILE:HD13	1:A:436:ALA:HB1	0.69	1.63	9	9
1:A:405:TYR:OH	1:A:406:ASP:OD2	0.69	2.09	20	4
1:A:324:LEU:O	1:A:476:VAL:HG11	0.69	1.87	5	1
1:A:464:VAL:HG12	1:A:475:ILE:HD13	0.69	1.63	8	1
1:A:301:VAL:HG22	1:A:306:GLN:NE2	0.69	1.95	10	1
1:A:470:ASP:CG	1:A:471:GLU:N	0.69	2.44	19	2
1:A:319:ASP:OD1	1:A:319:ASP:C	0.69	2.30	3	5
1:A:321:LEU:HD23	1:A:322:THR:CA	0.69	2.18	7	12
1:A:453:GLN:HE21	1:A:459:ILE:CG1	0.69	1.98	3	5
1:A:301:VAL:HG23	1:A:421:ILE:CD1	0.69	2.17	20	6
1:A:363:ASP:OD1	1:A:363:ASP:O	0.69	2.10	16	2
1:A:402:VAL:O	1:A:436:ALA:HA	0.69	1.88	1	15
1:A:424:ILE:CD1	1:A:425:GLY:H	0.69	2.00	17	14
1:A:334:ILE:HG12	1:A:399:VAL:HG22	0.69	1.63	3	4
1:A:426:ARG:CG	1:A:428:GLY:H	0.69	2.00	5	1
1:A:325:TYR:CD2	1:A:403:VAL:HG23	0.69	2.23	10	2
1:A:299:VAL:HG12	1:A:300:ASN:N	0.69	2.03	10	2
1:A:319:ASP:O	1:A:323:GLU:OE1	0.69	2.10	13	2
1:A:395:ASP:OD1	1:A:395:ASP:N	0.69	2.26	20	2
1:A:325:TYR:C	1:A:327:LEU:H	0.69	1.91	1	5
1:A:402:VAL:HG22	1:A:424:ILE:CG2	0.69	2.17	14	5
1:A:430:PHE:CD1	1:A:430:PHE:N	0.69	2.61	1	1
1:A:440:VAL:CG2	1:A:449:LEU:HD13	0.69	2.18	1	1
1:A:310:ASP:OD1	1:A:310:ASP:C	0.69	2.31	2	4
1:A:313:ASN:ND2	1:A:314:GLU:OE1	0.69	2.25	3	1
1:A:328:MET:HE3	1:A:401:MET:SD	0.69	2.28	12	2
1:A:373:ILE:HD12	1:A:394:ILE:CG1	0.69	2.17	5	2
1:A:387:THR:O	1:A:388:ASN:CG	0.69	2.31	19	2
1:A:325:TYR:CE2	1:A:403:VAL:HG13	0.69	2.22	8	2
1:A:330:ILE:CD1	1:A:401:MET:SD	0.69	2.81	8	4
1:A:346:LEU:H	1:A:346:LEU:CD2	0.69	1.94	10	1
1:A:376:PHE:CZ	1:A:382:LYS:N	0.69	2.59	11	1
1:A:360:LEU:HD22	1:A:391:ALA:HB2	0.69	1.65	16	1
1:A:400:SER:C	1:A:427:THR:HG23	0.69	2.08	16	1
1:A:328:MET:CG	1:A:476:VAL:CG1	0.69	2.70	16	5
1:A:322:THR:O	1:A:325:TYR:HD1	0.69	1.71	10	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:321:LEU:HD22	1:A:405:TYR:CE2	0.69	2.23	10	1
1:A:355:HIS:O	1:A:382:LYS:CE	0.69	2.40	12	1
1:A:470:ASP:OD2	1:A:471:GLU:OE1	0.69	2.11	12	1
1:A:305:LYS:HB2	1:A:435:VAL:HG22	0.69	1.64	14	2
1:A:362:GLY:CA	1:A:369:ARG:HH21	0.69	1.99	15	1
1:A:453:GLN:NE2	1:A:460:GLU:H	0.69	1.86	1	4
1:A:453:GLN:O	1:A:458:ASP:N	0.69	2.26	14	19
1:A:462:THR:CG2	1:A:463:ARG:N	0.69	2.56	9	10
1:A:407:LEU:HD23	1:A:407:LEU:H	0.69	1.48	19	3
1:A:356:GLU:OE2	1:A:380:ARG:NH1	0.69	2.25	8	1
1:A:334:ILE:HD11	1:A:384:LEU:CB	0.69	2.18	10	1
1:A:447:ASN:ND2	1:A:447:ASN:C	0.69	2.45	10	1
1:A:350:LEU:CB	1:A:357:VAL:HG21	0.69	2.18	15	1
1:A:367:GLN:O	1:A:370:ASP:CG	0.69	2.31	19	1
1:A:337:VAL:HG21	1:A:342:THR:HG21	0.68	1.65	11	2
1:A:402:VAL:HG21	1:A:427:THR:HG22	0.68	1.63	6	1
1:A:315:ALA:HB1	1:A:318:PHE:CE2	0.68	2.24	8	3
1:A:351:LYS:O	1:A:355:HIS:CA	0.68	2.41	5	19
1:A:402:VAL:HG22	1:A:427:THR:HG23	0.68	1.65	3	4
1:A:474:LYS:CG	1:A:475:ILE:N	0.68	2.56	6	3
1:A:327:LEU:HD13	1:A:473:GLU:HB3	0.68	1.65	13	1
1:A:318:PHE:CE2	1:A:405:TYR:CZ	0.68	2.81	16	1
1:A:299:VAL:O	1:A:300:ASN:C	0.68	2.29	4	6
1:A:390:LEU:CD2	1:A:394:ILE:HD11	0.68	2.19	9	3
1:A:463:ARG:HH11	1:A:463:ARG:CG	0.68	2.01	6	1
1:A:416:ASP:O	1:A:416:ASP:CG	0.68	2.30	8	2
1:A:400:SER:O	1:A:400:SER:OG	0.68	2.12	9	3
1:A:402:VAL:O	1:A:403:VAL:HG12	0.68	1.87	8	2
1:A:404:ASN:CG	1:A:424:ILE:HG23	0.68	2.08	10	3
1:A:398:THR:OG1	1:A:426:ARG:O	0.68	2.11	5	1
1:A:346:LEU:HD23	1:A:349:LYS:HE2	0.68	1.64	8	3
1:A:444:ASN:O	1:A:448:ILE:CG1	0.68	2.42	10	19
1:A:332:SER:OG	1:A:399:VAL:HG11	0.68	1.88	13	1
1:A:356:GLU:CD	1:A:379:GLY:O	0.68	2.32	13	1
1:A:304:ILE:HD13	1:A:425:GLY:O	0.68	1.88	16	8
1:A:318:PHE:CB	1:A:346:LEU:HD22	0.68	2.19	2	1
1:A:392:ARG:O	1:A:393:GLY:C	0.68	2.30	7	9
1:A:361:HIS:O	1:A:389:VAL:CB	0.68	2.42	16	2
1:A:321:LEU:HD13	1:A:322:THR:CA	0.68	2.18	15	2
1:A:360:LEU:HD13	1:A:391:ALA:H	0.68	1.49	16	2
1:A:310:ASP:OD2	1:A:441:HIS:ND1	0.68	2.25	2	2

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:299:VAL:HG13	1:A:304:ILE:HD11	0.68	1.65	12	1
1:A:444:ASN:HD22	1:A:444:ASN:H	0.68	1.29	13	1
1:A:310:ASP:OD1	1:A:441:HIS:CB	0.68	2.42	4	1
1:A:405:TYR:CG	1:A:406:ASP:N	0.68	2.61	20	7
1:A:478:LYS:NZ	1:A:478:LYS:CA	0.68	2.56	4	1
1:A:360:LEU:HD11	1:A:391:ALA:HB2	0.68	1.66	10	2
1:A:423:ARG:HH12	1:A:426:ARG:NH2	0.68	1.85	12	1
1:A:300:ASN:C	1:A:302:ASP:H	0.67	1.91	9	14
1:A:354:GLY:O	1:A:356:GLU:N	0.67	2.27	2	2
1:A:342:THR:HG23	1:A:405:TYR:CD2	0.67	2.23	4	1
1:A:384:LEU:HD13	1:A:396:ILE:HD13	0.67	1.65	10	1
1:A:332:SER:OG	1:A:333:SER:N	0.67	2.27	15	2
1:A:300:ASN:O	1:A:300:ASN:OD1	0.67	2.12	17	2
1:A:392:ARG:C	1:A:394:ILE:N	0.67	2.47	18	16
1:A:424:ILE:HD12	1:A:424:ILE:N	0.67	2.04	13	17
1:A:468:ASP:O	1:A:472:VAL:HG21	0.67	1.90	1	1
1:A:308:TYR:CE2	1:A:461:MET:SD	0.67	2.87	17	3
1:A:440:VAL:O	1:A:440:VAL:CG1	0.67	2.42	14	13
1:A:342:THR:O	1:A:346:LEU:HD12	0.67	1.88	18	4
1:A:357:VAL:CG1	1:A:385:ILE:HD11	0.67	2.19	6	1
1:A:324:LEU:HD13	1:A:476:VAL:HG11	0.67	1.66	13	1
1:A:361:HIS:O	1:A:389:VAL:CG1	0.67	2.43	16	1
1:A:380:ARG:CD	1:A:380:ARG:O	0.67	2.42	17	1
1:A:376:PHE:CE2	1:A:381:SER:OG	0.67	2.47	5	1
1:A:469:TRP:O	1:A:473:GLU:CG	0.67	2.42	20	3
1:A:325:TYR:CD1	1:A:328:MET:HE2	0.67	2.23	8	3
1:A:403:VAL:HG11	1:A:437:ILE:CD1	0.67	2.19	12	1
1:A:308:TYR:CD2	1:A:449:LEU:HD12	0.67	2.24	20	2
1:A:380:ARG:O	1:A:381:SER:OG	0.67	2.12	1	1
1:A:462:THR:HG23	1:A:463:ARG:N	0.67	2.05	9	9
1:A:335:ILE:CG2	1:A:403:VAL:O	0.67	2.42	4	2
1:A:403:VAL:CG1	1:A:436:ALA:HB1	0.67	2.19	14	5
1:A:424:ILE:HB	1:A:436:ALA:HB2	0.67	1.66	13	2
1:A:298:GLU:OE2	1:A:422:HIS:NE2	0.67	2.28	13	1
1:A:481:LYS:HD2	1:A:482:ASP:N	0.67	2.05	5	19
1:A:394:ILE:O	1:A:396:ILE:HG23	0.67	1.89	14	2
1:A:318:PHE:CD1	1:A:405:TYR:CZ	0.67	2.82	6	1
1:A:375:ASP:OD1	1:A:375:ASP:O	0.67	2.11	7	2
1:A:403:VAL:HG12	1:A:437:ILE:C	0.67	2.09	20	6
1:A:318:PHE:O	1:A:321:LEU:CD2	0.67	2.43	2	1
1:A:398:THR:CG2	1:A:429:ARG:H	0.67	2.03	3	4

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:442:ASP:CB	1:A:445:SER:OG	0.67	2.43	5	2
1:A:390:LEU:HG	1:A:394:ILE:HD11	0.67	1.67	18	2
1:A:389:VAL:CB	1:A:423:ARG:HH22	0.67	2.01	12	1
1:A:318:PHE:CE1	1:A:345:VAL:HG13	0.67	2.24	15	1
1:A:419:THR:CG2	1:A:423:ARG:HH21	0.67	2.03	19	1
1:A:409:THR:HG22	1:A:415:ALA:C	0.67	2.10	20	1
1:A:449:LEU:HD11	1:A:461:MET:SD	0.67	2.29	3	5
1:A:321:LEU:HG	1:A:322:THR:N	0.67	2.04	18	2
1:A:350:LEU:HB3	1:A:383:VAL:HG11	0.67	1.64	6	5
1:A:325:TYR:CD1	1:A:476:VAL:HG13	0.67	2.25	5	1
1:A:336:PHE:CD2	1:A:386:THR:HG23	0.67	2.25	7	3
1:A:325:TYR:OH	1:A:435:VAL:O	0.67	2.12	17	3
1:A:365:GLN:NE2	1:A:365:GLN:N	0.67	2.42	8	1
1:A:449:LEU:C	1:A:449:LEU:CD1	0.67	2.51	13	1
1:A:444:ASN:C	1:A:447:ASN:HD22	0.67	1.94	15	1
1:A:325:TYR:CE2	1:A:330:ILE:CD1	0.67	2.71	20	1
1:A:318:PHE:CZ	1:A:345:VAL:HG13	0.67	2.25	1	2
1:A:310:ASP:OD1	1:A:310:ASP:O	0.67	2.12	2	1
1:A:308:TYR:OH	1:A:310:ASP:OD1	0.67	2.12	3	2
1:A:394:ILE:O	1:A:396:ILE:CG1	0.67	2.43	8	1
1:A:321:LEU:HD12	1:A:321:LEU:O	0.67	1.90	18	1
1:A:308:TYR:OH	1:A:310:ASP:OD2	0.67	2.13	1	1
1:A:316:ASP:O	1:A:320:VAL:HG12	0.67	1.90	11	6
1:A:432:ARG:NE	1:A:433:LYS:H	0.67	1.88	9	1
1:A:325:TYR:CB	1:A:401:MET:HE1	0.67	2.20	11	1
1:A:361:HIS:CD2	1:A:362:GLY:N	0.67	2.63	15	1
1:A:356:GLU:OE2	1:A:375:ASP:OD2	0.67	2.13	16	1
1:A:403:VAL:HG13	1:A:437:ILE:HG12	0.67	1.65	20	1
1:A:456:PHE:CD1	1:A:456:PHE:C	0.66	2.69	16	5
1:A:398:THR:HG21	1:A:428:GLY:CA	0.66	2.20	7	2
1:A:325:TYR:CD2	1:A:401:MET:HG3	0.66	2.26	10	2
1:A:402:VAL:HG11	1:A:427:THR:N	0.66	2.04	10	5
1:A:338:ALA:N	1:A:406:ASP:O	0.66	2.29	4	13
1:A:350:LEU:HB2	1:A:385:ILE:HD11	0.66	1.66	10	1
1:A:313:ASN:OD1	1:A:316:ASP:N	0.66	2.28	12	1
1:A:310:ASP:OD1	1:A:463:ARG:NH2	0.66	2.28	20	1
1:A:324:LEU:HG	1:A:325:TYR:N	0.66	2.06	8	7
1:A:453:GLN:O	1:A:457:GLY:N	0.66	2.26	18	9
1:A:401:MET:SD	1:A:435:VAL:HG11	0.66	2.30	4	1
1:A:402:VAL:HG11	1:A:424:ILE:C	0.66	2.09	20	4
1:A:364:LEU:HD12	1:A:364:LEU:H	0.66	1.50	7	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:478:LYS:HZ1	1:A:479:VAL:HG23	0.66	1.51	7	1
1:A:317:LYS:CG	1:A:318:PHE:N	0.66	2.59	8	2
1:A:325:TYR:CE1	1:A:333:SER:HB3	0.66	2.24	9	3
1:A:309:MET:SD	1:A:464:VAL:CG2	0.66	2.84	20	2
1:A:473:GLU:N	1:A:473:GLU:OE2	0.66	2.28	18	1
1:A:308:TYR:CD2	1:A:461:MET:SD	0.66	2.89	17	3
1:A:405:TYR:CD1	1:A:405:TYR:O	0.66	2.48	2	7
1:A:473:GLU:O	1:A:477:LYS:CD	0.66	2.44	3	6
1:A:448:ILE:O	1:A:452:ILE:HD12	0.66	1.90	10	3
1:A:324:LEU:CD1	1:A:325:TYR:H	0.66	2.02	5	1
1:A:395:ASP:CG	1:A:395:ASP:O	0.66	2.33	7	2
1:A:338:ALA:CB	1:A:388:ASN:ND2	0.66	2.58	16	1
1:A:310:ASP:CG	1:A:463:ARG:HH22	0.66	1.94	20	1
1:A:310:ASP:CG	1:A:463:ARG:NH2	0.66	2.49	20	1
1:A:402:VAL:HB	1:A:427:THR:HG22	0.66	1.68	4	1
1:A:319:ASP:HA	1:A:349:LYS:HZ2	0.66	1.51	18	3
1:A:419:THR:HG22	1:A:423:ARG:CZ	0.66	2.21	9	1
1:A:465:PRO:O	1:A:471:GLU:OE2	0.66	2.12	10	1
1:A:353:GLU:CD	1:A:353:GLU:N	0.66	2.46	14	1
1:A:319:ASP:O	1:A:349:LYS:NZ	0.66	2.29	16	5
1:A:470:ASP:OD1	1:A:470:ASP:N	0.66	2.29	12	3
1:A:371:ARG:O	1:A:374:ASP:OD2	0.66	2.14	12	1
1:A:334:ILE:HG13	1:A:398:THR:HG23	0.66	1.66	17	1
1:A:453:GLN:HE21	1:A:458:ASP:C	0.66	1.93	19	1
1:A:334:ILE:O	1:A:335:ILE:CD1	0.66	2.44	14	2
1:A:318:PHE:CZ	1:A:405:TYR:CE2	0.66	2.83	16	1
1:A:466:THR:O	1:A:466:THR:OG1	0.66	2.12	20	9
1:A:395:ASP:C	1:A:395:ASP:OD1	0.66	2.34	2	1
1:A:394:ILE:O	1:A:395:ASP:OD1	0.66	2.14	12	2
1:A:416:ASP:OD1	1:A:416:ASP:C	0.66	2.32	7	4
1:A:322:THR:HA	1:A:325:TYR:CD1	0.66	2.26	14	4
1:A:435:VAL:HG12	1:A:437:ILE:HD11	0.66	1.67	7	1
1:A:426:ARG:C	1:A:427:THR:HG23	0.66	2.11	9	1
1:A:374:ASP:OD1	1:A:375:ASP:N	0.66	2.28	16	3
1:A:469:TRP:O	1:A:473:GLU:CD	0.66	2.33	18	1
1:A:401:MET:HA	1:A:401:MET:CE	0.66	2.20	2	3
1:A:307:LEU:O	1:A:437:ILE:CG2	0.66	2.44	17	4
1:A:459:ILE:HD12	1:A:461:MET:CE	0.66	2.20	14	1
1:A:440:VAL:HG13	1:A:440:VAL:O	0.66	1.91	16	3
1:A:398:THR:O	1:A:398:THR:HG22	0.65	1.91	2	5
1:A:405:TYR:O	1:A:439:PHE:CD1	0.65	2.49	17	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:402:VAL:HB	1:A:427:THR:CA	0.65	2.21	4	3
1:A:329:THR:O	1:A:480:LEU:CD1	0.65	2.45	5	2
1:A:336:PHE:CD2	1:A:424:ILE:HG23	0.65	2.27	6	1
1:A:329:THR:C	1:A:331:GLY:H	0.65	1.94	7	1
1:A:311:CYS:CB	1:A:316:ASP:OD1	0.65	2.44	1	1
1:A:447:ASN:CG	1:A:448:ILE:N	0.65	2.49	17	5
1:A:321:LEU:HD11	1:A:403:VAL:HG23	0.65	1.69	3	2
1:A:408:PRO:O	1:A:409:THR:CB	0.65	2.44	4	1
1:A:410:LEU:H	1:A:410:LEU:CD2	0.65	2.01	15	2
1:A:307:LEU:HD11	1:A:479:VAL:HG13	0.65	1.68	10	1
1:A:309:MET:SD	1:A:472:VAL:HG22	0.65	2.31	10	1
1:A:321:LEU:HD13	1:A:405:TYR:CD2	0.65	2.25	10	1
1:A:367:GLN:H	1:A:367:GLN:CD	0.65	1.92	11	1
1:A:388:ASN:CG	1:A:388:ASN:O	0.65	2.35	11	1
1:A:420:TYR:CE2	1:A:452:ILE:CG1	0.65	2.80	11	1
1:A:430:PHE:C	1:A:432:ARG:H	0.65	1.94	18	1
1:A:422:HIS:ND1	1:A:422:HIS:C	0.65	2.49	4	3
1:A:441:HIS:C	1:A:442:ASP:OD1	0.65	2.34	3	2
1:A:337:VAL:HG23	1:A:339:THR:H	0.65	1.50	10	3
1:A:307:LEU:C	1:A:437:ILE:HG23	0.65	2.11	10	4
1:A:314:GLU:OE1	1:A:314:GLU:CA	0.65	2.44	15	2
1:A:336:PHE:CD1	1:A:423:ARG:NH2	0.65	2.65	14	2
1:A:325:TYR:CE1	1:A:401:MET:HE3	0.65	2.27	15	2
1:A:380:ARG:CB	1:A:380:ARG:HH11	0.65	2.05	17	1
1:A:373:ILE:HG23	1:A:396:ILE:HG12	0.65	1.66	18	2
1:A:336:PHE:CD1	1:A:386:THR:HG23	0.65	2.26	10	1
1:A:361:HIS:CD2	1:A:362:GLY:H	0.65	2.10	13	1
1:A:319:ASP:CA	1:A:349:LYS:HZ3	0.65	2.04	2	1
1:A:361:HIS:O	1:A:389:VAL:CG2	0.65	2.44	2	2
1:A:467:ASP:N	1:A:467:ASP:OD1	0.65	2.28	9	4
1:A:398:THR:HG23	1:A:399:VAL:N	0.65	2.07	18	4
1:A:419:THR:HG22	1:A:423:ARG:CD	0.65	2.20	11	2
1:A:335:ILE:CG1	1:A:403:VAL:HG23	0.65	2.22	11	3
1:A:337:VAL:CG2	1:A:339:THR:OG1	0.65	2.43	11	1
1:A:325:TYR:O	1:A:401:MET:HE1	0.65	1.91	12	1
1:A:323:GLU:OE2	1:A:469:TRP:CE2	0.65	2.50	19	1
1:A:394:ILE:HG22	1:A:394:ILE:O	0.65	1.91	1	8
1:A:402:VAL:HG11	1:A:427:THR:CA	0.65	2.22	5	2
1:A:306:GLN:OE1	1:A:306:GLN:C	0.65	2.35	20	2
1:A:310:ASP:OD2	1:A:441:HIS:CD2	0.65	2.50	14	1
1:A:336:PHE:CE1	1:A:423:ARG:NH2	0.65	2.64	16	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:442:ASP:OD2	1:A:444:ASN:ND2	0.65	2.30	17	1
1:A:356:GLU:O	1:A:356:GLU:CG	0.65	2.43	19	1
1:A:300:ASN:C	1:A:302:ASP:N	0.65	2.49	6	14
1:A:347:TYR:CD2	1:A:359:ILE:HG22	0.65	2.26	17	3
1:A:364:LEU:HD23	1:A:364:LEU:H	0.65	1.51	19	2
1:A:364:LEU:CB	1:A:368:GLU:OE2	0.65	2.44	8	2
1:A:402:VAL:HG11	1:A:425:GLY:CA	0.65	2.22	4	5
1:A:405:TYR:CE1	1:A:406:ASP:CB	0.65	2.79	5	2
1:A:341:LYS:HZ2	1:A:341:LYS:N	0.65	1.90	8	1
1:A:394:ILE:CD1	1:A:396:ILE:HD11	0.65	2.22	12	3
1:A:332:SER:OG	1:A:399:VAL:HG12	0.65	1.91	14	2
1:A:402:VAL:HG11	1:A:427:THR:H	0.65	1.52	10	7
1:A:336:PHE:CE2	1:A:387:THR:C	0.65	2.70	4	1
1:A:327:LEU:C	1:A:327:LEU:CD1	0.65	2.60	7	1
1:A:394:ILE:O	1:A:395:ASP:CB	0.65	2.45	7	2
1:A:427:THR:O	1:A:427:THR:HG23	0.65	1.92	8	1
1:A:336:PHE:CE2	1:A:386:THR:HG21	0.65	2.25	9	1
1:A:323:GLU:N	1:A:349:LYS:HZ3	0.65	1.86	12	1
1:A:471:GLU:OE1	1:A:471:GLU:N	0.65	2.30	12	1
1:A:430:PHE:O	1:A:434:GLY:CA	0.65	2.44	15	1
1:A:403:VAL:H	1:A:424:ILE:CG2	0.65	2.03	18	1
1:A:420:TYR:OH	1:A:438:SER:OG	0.65	2.07	19	1
1:A:329:THR:OG1	1:A:480:LEU:CD1	0.65	2.45	3	5
1:A:336:PHE:CG	1:A:404:ASN:OD1	0.65	2.49	5	1
1:A:336:PHE:CD2	1:A:423:ARG:CZ	0.65	2.79	8	1
1:A:300:ASN:O	1:A:300:ASN:CG	0.65	2.33	17	1
1:A:325:TYR:CE2	1:A:333:SER:HB3	0.65	2.27	16	5
1:A:336:PHE:O	1:A:404:ASN:HB3	0.65	1.90	14	16
1:A:402:VAL:C	1:A:403:VAL:HG13	0.65	2.12	8	6
1:A:416:ASP:OD1	1:A:419:THR:OG1	0.65	2.15	3	1
1:A:449:LEU:CG	1:A:461:MET:SD	0.65	2.85	5	2
1:A:449:LEU:HD23	1:A:449:LEU:C	0.65	2.13	17	6
1:A:366:THR:CG2	1:A:369:ARG:NH1	0.65	2.59	16	2
1:A:318:PHE:HB3	1:A:405:TYR:CD1	0.64	2.26	1	1
1:A:459:ILE:CD1	1:A:461:MET:H	0.64	2.02	13	9
1:A:477:LYS:CD	1:A:477:LYS:N	0.64	2.57	19	4
1:A:308:TYR:CE1	1:A:310:ASP:OD1	0.64	2.50	18	2
1:A:402:VAL:CG1	1:A:424:ILE:HG22	0.64	2.21	5	1
1:A:380:ARG:HH11	1:A:380:ARG:CG	0.64	2.02	17	1
1:A:320:VAL:O	1:A:324:LEU:HD21	0.64	1.92	18	1
1:A:371:ARG:O	1:A:374:ASP:OD1	0.64	2.14	20	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:335:ILE:CD1	1:A:403:VAL:CG2	0.64	2.76	9	3
1:A:441:HIS:CD2	1:A:441:HIS:C	0.64	2.70	6	1
1:A:401:MET:SD	1:A:403:VAL:CG2	0.64	2.85	7	3
1:A:402:VAL:HB	1:A:424:ILE:C	0.64	2.11	18	6
1:A:314:GLU:CD	1:A:314:GLU:H	0.64	1.96	14	2
1:A:341:LYS:NZ	1:A:405:TYR:OH	0.64	2.21	16	1
1:A:317:LYS:NZ	1:A:318:PHE:CE1	0.64	2.60	17	1
1:A:453:GLN:NE2	1:A:461:MET:CB	0.64	2.60	17	1
1:A:325:TYR:CD2	1:A:333:SER:HB3	0.64	2.27	19	5
1:A:481:LYS:CD	1:A:482:ASP:N	0.64	2.60	5	19
1:A:415:ALA:O	1:A:417:PRO:CD	0.64	2.45	3	11
1:A:308:TYR:O	1:A:464:VAL:N	0.64	2.30	15	2
1:A:399:VAL:N	1:A:427:THR:O	0.64	2.30	9	1
1:A:404:ASN:ND2	1:A:407:LEU:CB	0.64	2.60	14	1
1:A:478:LYS:HD3	1:A:479:VAL:N	0.64	2.07	17	1
1:A:337:VAL:HG12	1:A:404:ASN:HB2	0.64	1.69	2	2
1:A:339:THR:HG1	1:A:342:THR:CB	0.64	2.05	4	3
1:A:330:ILE:HD13	1:A:401:MET:HB2	0.64	1.67	7	1
1:A:299:VAL:HG11	1:A:421:ILE:CG2	0.64	2.23	6	4
1:A:336:PHE:C	1:A:404:ASN:ND2	0.64	2.50	20	2
1:A:377:ARG:HH11	1:A:377:ARG:CG	0.64	2.06	14	1
1:A:388:ASN:N	1:A:423:ARG:NH2	0.64	2.46	16	1
1:A:356:GLU:C	1:A:356:GLU:CD	0.64	2.56	17	1
1:A:350:LEU:HG	1:A:385:ILE:HD11	0.64	1.70	2	1
1:A:477:LYS:O	1:A:479:VAL:N	0.64	2.31	4	12
1:A:311:CYS:SG	1:A:313:ASN:N	0.64	2.71	5	1
1:A:467:ASP:O	1:A:467:ASP:OD1	0.64	2.15	18	3
1:A:396:ILE:C	1:A:398:THR:H	0.64	1.96	12	5
1:A:432:ARG:CZ	1:A:433:LYS:O	0.64	2.46	11	1
1:A:378:GLU:CD	1:A:378:GLU:O	0.64	2.36	12	1
1:A:404:ASN:O	1:A:407:LEU:CD2	0.64	2.45	16	1
1:A:324:LEU:HD13	1:A:476:VAL:HG22	0.64	1.70	1	3
1:A:328:MET:HG3	1:A:480:LEU:HD11	0.64	1.69	11	3
1:A:325:TYR:CG	1:A:333:SER:HB2	0.64	2.28	2	2
1:A:369:ARG:O	1:A:373:ILE:CG1	0.64	2.45	15	3
1:A:325:TYR:OH	1:A:435:VAL:CB	0.64	2.46	8	1
1:A:386:THR:OG1	1:A:390:LEU:N	0.64	2.31	8	1
1:A:337:VAL:HG23	1:A:339:THR:OG1	0.64	1.92	11	1
1:A:401:MET:C	1:A:401:MET:SD	0.64	2.75	16	1
1:A:380:ARG:CG	1:A:380:ARG:NH1	0.64	2.61	17	1
1:A:337:VAL:O	1:A:387:THR:CB	0.64	2.46	10	8

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:463:ARG:O	1:A:464:VAL:O	0.64	2.15	13	2
1:A:328:MET:HG2	1:A:476:VAL:HG13	0.64	1.69	3	1
1:A:402:VAL:C	1:A:403:VAL:CG1	0.64	2.66	8	3
1:A:447:ASN:O	1:A:450:SER:OG	0.64	2.14	3	1
1:A:325:TYR:HD1	1:A:326:GLY:N	0.64	1.91	9	5
1:A:401:MET:CE	1:A:435:VAL:HG13	0.64	2.23	10	1
1:A:475:ILE:HG23	1:A:478:LYS:CE	0.64	2.23	14	1
1:A:325:TYR:CZ	1:A:403:VAL:HG13	0.64	2.28	15	1
1:A:360:LEU:HD21	1:A:373:ILE:HD11	0.64	1.69	16	1
1:A:349:LYS:HD2	1:A:350:LEU:N	0.64	2.08	1	7
1:A:468:ASP:OD1	1:A:471:GLU:N	0.64	2.31	4	1
1:A:342:THR:HG21	1:A:405:TYR:CD1	0.64	2.28	5	1
1:A:404:ASN:ND2	1:A:407:LEU:HA	0.64	2.07	7	3
1:A:301:VAL:HG12	1:A:306:GLN:HE21	0.64	1.53	7	1
1:A:407:LEU:HD12	1:A:408:PRO:HD2	0.64	1.69	8	1
1:A:336:PHE:CD1	1:A:423:ARG:HG3	0.64	2.28	3	3
1:A:357:VAL:HG12	1:A:358:SER:N	0.64	2.08	16	3
1:A:311:CYS:SG	1:A:316:ASP:CB	0.64	2.86	5	1
1:A:418:ALA:O	1:A:422:HIS:NE2	0.64	2.31	6	1
1:A:426:ARG:C	1:A:427:THR:CG2	0.64	2.66	9	1
1:A:461:MET:O	1:A:461:MET:SD	0.64	2.56	11	2
1:A:387:THR:O	1:A:388:ASN:ND2	0.63	2.32	17	6
1:A:304:ILE:HG23	1:A:435:VAL:N	0.63	2.08	16	5
1:A:468:ASP:OD1	1:A:469:TRP:N	0.63	2.32	18	3
1:A:404:ASN:C	1:A:404:ASN:HD22	0.63	1.94	13	2
1:A:324:LEU:HA	1:A:327:LEU:HD12	0.63	1.70	13	1
1:A:336:PHE:CZ	1:A:423:ARG:CB	0.63	2.80	13	1
1:A:444:ASN:HD22	1:A:444:ASN:N	0.63	1.90	13	1
1:A:317:LYS:CD	1:A:439:PHE:CE1	0.63	2.81	20	1
1:A:307:LEU:CD2	1:A:478:LYS:HZ1	0.63	2.06	1	2
1:A:321:LEU:HA	1:A:324:LEU:HD23	0.63	1.69	1	1
1:A:370:ASP:O	1:A:374:ASP:OD1	0.63	2.16	4	2
1:A:324:LEU:CD1	1:A:325:TYR:CD1	0.63	2.82	5	3
1:A:322:THR:CG2	1:A:335:ILE:CG1	0.63	2.71	9	2
1:A:325:TYR:CE1	1:A:328:MET:HE3	0.63	2.27	15	3
1:A:325:TYR:CD2	1:A:401:MET:HE1	0.63	2.28	8	1
1:A:333:SER:N	1:A:383:VAL:HG13	0.63	2.08	19	3
1:A:325:TYR:CZ	1:A:335:ILE:HD13	0.63	2.29	3	2
1:A:335:ILE:HG22	1:A:403:VAL:O	0.63	1.93	4	1
1:A:373:ILE:HG23	1:A:394:ILE:HA	0.63	1.69	14	2
1:A:477:LYS:HD3	1:A:477:LYS:N	0.63	2.08	11	2

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:309:MET:SD	1:A:437:ILE:HG21	0.63	2.33	9	1
1:A:328:MET:SD	1:A:401:MET:HE2	0.63	2.33	9	3
1:A:347:TYR:CD2	1:A:357:VAL:HG13	0.63	2.29	12	1
1:A:480:LEU:O	1:A:482:ASP:OD1	0.63	2.16	16	1
1:A:305:LYS:HG2	1:A:479:VAL:HG13	0.63	1.69	18	1
1:A:307:LEU:O	1:A:437:ILE:CG1	0.63	2.46	19	1
1:A:398:THR:HG23	1:A:427:THR:O	0.63	1.92	20	1
1:A:399:VAL:HG22	1:A:401:MET:O	0.63	1.93	4	4
1:A:403:VAL:HG12	1:A:437:ILE:CA	0.63	2.22	12	5
1:A:335:ILE:HD11	1:A:403:VAL:CB	0.63	2.22	10	1
1:A:330:ILE:C	1:A:332:SER:N	0.63	2.50	2	1
1:A:347:TYR:HA	1:A:385:ILE:HD12	0.63	1.70	3	1
1:A:470:ASP:O	1:A:473:GLU:CG	0.63	2.47	16	4
1:A:346:LEU:HD22	1:A:349:LYS:HZ1	0.63	1.53	5	1
1:A:402:VAL:HG13	1:A:424:ILE:CG2	0.63	2.24	5	1
1:A:403:VAL:O	1:A:424:ILE:CG2	0.63	2.46	9	3
1:A:376:PHE:C	1:A:381:SER:OG	0.63	2.36	11	1
1:A:318:PHE:O	1:A:346:LEU:CD2	0.63	2.47	12	1
1:A:318:PHE:CD1	1:A:345:VAL:CG1	0.63	2.81	15	1
1:A:339:THR:CG2	1:A:406:ASP:OD1	0.63	2.47	16	1
1:A:453:GLN:HA	1:A:459:ILE:HG23	0.63	1.70	4	4
1:A:358:SER:OG	1:A:376:PHE:CE1	0.63	2.45	3	1
1:A:478:LYS:HZ1	1:A:478:LYS:N	0.63	1.91	4	1
1:A:469:TRP:O	1:A:473:GLU:OE1	0.63	2.17	6	1
1:A:350:LEU:CD2	1:A:383:VAL:HG11	0.63	2.11	16	2
1:A:338:ALA:CA	1:A:388:ASN:HD21	0.63	2.06	16	1
1:A:325:TYR:C	1:A:327:LEU:N	0.63	2.51	1	7
1:A:426:ARG:C	1:A:428:GLY:N	0.63	2.52	9	5
1:A:333:SER:N	1:A:399:VAL:CG1	0.63	2.62	9	6
1:A:334:ILE:HG12	1:A:399:VAL:CG2	0.63	2.23	11	2
1:A:335:ILE:HG23	1:A:403:VAL:HG23	0.63	1.71	4	1
1:A:376:PHE:CD1	1:A:396:ILE:HG22	0.63	2.28	6	2
1:A:325:TYR:CE2	1:A:401:MET:HB2	0.63	2.28	17	3
1:A:325:TYR:HH	1:A:435:VAL:C	0.63	1.97	12	2
1:A:336:PHE:CE2	1:A:423:ARG:CZ	0.63	2.82	8	1
1:A:350:LEU:HD13	1:A:383:VAL:HG13	0.63	1.69	10	1
1:A:410:LEU:HD21	1:A:448:ILE:HD11	0.63	1.70	12	3
1:A:478:LYS:HD2	1:A:479:VAL:N	0.63	2.08	17	1
1:A:350:LEU:N	1:A:350:LEU:HD23	0.63	2.08	2	8
1:A:339:THR:OG1	1:A:342:THR:CB	0.63	2.47	4	6
1:A:357:VAL:HG23	1:A:383:VAL:O	0.63	1.93	18	5

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:311:CYS:HA	1:A:439:PHE:CD1	0.63	2.28	8	3
1:A:321:LEU:HD21	1:A:335:ILE:HD12	0.63	1.70	9	2
1:A:399:VAL:O	1:A:427:THR:CB	0.63	2.47	9	1
1:A:335:ILE:HD11	1:A:403:VAL:HB	0.63	1.68	10	1
1:A:427:THR:CB	1:A:435:VAL:H	0.63	2.06	19	2
1:A:421:ILE:CG2	1:A:422:HIS:N	0.63	2.62	15	6
1:A:299:VAL:HG21	1:A:422:HIS:HB2	0.63	1.69	8	1
1:A:323:GLU:OE1	1:A:323:GLU:N	0.63	2.32	8	1
1:A:328:MET:HB3	1:A:476:VAL:HG13	0.63	1.71	8	1
1:A:373:ILE:HD11	1:A:391:ALA:HB1	0.63	1.69	19	1
1:A:469:TRP:CZ2	1:A:473:GLU:OE2	0.63	2.51	20	1
1:A:328:MET:HE1	1:A:401:MET:CE	0.62	2.24	13	3
1:A:379:GLY:C	1:A:381:SER:H	0.62	1.94	19	3
1:A:325:TYR:CE2	1:A:435:VAL:HG21	0.62	2.29	5	1
1:A:374:ASP:OD1	1:A:374:ASP:C	0.62	2.37	12	3
1:A:449:LEU:C	1:A:449:LEU:CD2	0.62	2.60	6	3
1:A:322:THR:HA	1:A:325:TYR:CE1	0.62	2.28	9	2
1:A:386:THR:HG21	1:A:390:LEU:CD1	0.62	2.24	10	1
1:A:309:MET:HB2	1:A:439:PHE:CE1	0.62	2.29	13	1
1:A:415:ALA:CB	1:A:448:ILE:HG23	0.62	2.24	17	1
1:A:344:ASN:OD1	1:A:344:ASN:N	0.62	2.27	18	1
1:A:319:ASP:HA	1:A:349:LYS:NZ	0.62	2.09	18	13
1:A:330:ILE:C	1:A:332:SER:H	0.62	1.98	2	1
1:A:442:ASP:OD1	1:A:444:ASN:ND2	0.62	2.31	2	1
1:A:470:ASP:OD1	1:A:474:LYS:NZ	0.62	2.31	2	1
1:A:468:ASP:CG	1:A:470:ASP:H	0.62	1.97	4	1
1:A:466:THR:O	1:A:466:THR:CG2	0.62	2.42	13	1
1:A:409:THR:HG22	1:A:416:ASP:H	0.62	1.53	17	1
1:A:422:HIS:CD2	1:A:423:ARG:N	0.62	2.66	20	2
1:A:346:LEU:CB	1:A:385:ILE:HG21	0.62	2.24	7	6
1:A:403:VAL:HG13	1:A:436:ALA:CB	0.62	2.24	14	5
1:A:323:GLU:HG3	1:A:324:LEU:N	0.62	2.09	6	3
1:A:308:TYR:CE1	1:A:309:MET:O	0.62	2.52	7	1
1:A:318:PHE:HB3	1:A:405:TYR:CD2	0.62	2.30	8	2
1:A:419:THR:HG23	1:A:423:ARG:NH2	0.62	2.08	10	2
1:A:323:GLU:O	1:A:327:LEU:N	0.62	2.31	11	1
1:A:313:ASN:CG	1:A:314:GLU:N	0.62	2.53	12	2
1:A:377:ARG:O	1:A:377:ARG:CZ	0.62	2.46	17	1
1:A:311:CYS:SG	1:A:317:LYS:HD3	0.62	2.34	11	3
1:A:333:SER:O	1:A:383:VAL:CG1	0.62	2.48	5	4
1:A:336:PHE:CE1	1:A:423:ARG:HG2	0.62	2.29	3	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:481:LYS:O	1:A:482:ASP:OXT	0.62	2.17	17	4
1:A:376:PHE:CD1	1:A:382:LYS:NZ	0.62	2.67	20	1
1:A:354:GLY:C	1:A:355:HIS:CG	0.62	2.70	3	4
1:A:330:ILE:HD13	1:A:401:MET:CB	0.62	2.24	7	1
1:A:474:LYS:O	1:A:477:LYS:HD2	0.62	1.94	7	6
1:A:449:LEU:CD1	1:A:461:MET:SD	0.62	2.87	18	3
1:A:307:LEU:C	1:A:437:ILE:CG2	0.62	2.68	12	1
1:A:402:VAL:HG22	1:A:427:THR:HB	0.62	1.70	16	1
1:A:384:LEU:HD23	1:A:385:ILE:N	0.62	2.08	1	5
1:A:403:VAL:HG11	1:A:437:ILE:CA	0.62	2.23	2	6
1:A:407:LEU:CB	1:A:408:PRO:HD2	0.62	2.23	1	13
1:A:416:ASP:OD1	1:A:419:THR:CB	0.62	2.47	3	1
1:A:407:LEU:HB2	1:A:408:PRO:CD	0.62	2.25	8	3
1:A:400:SER:C	1:A:427:THR:HG22	0.62	2.15	10	3
1:A:313:ASN:HD22	1:A:314:GLU:H	0.62	1.37	12	2
1:A:425:GLY:O	1:A:427:THR:N	0.62	2.33	20	5
1:A:429:ARG:O	1:A:430:PHE:CG	0.62	2.52	15	3
1:A:430:PHE:C	1:A:432:ARG:N	0.62	2.50	18	1
1:A:477:LYS:N	1:A:477:LYS:HD3	0.62	2.10	19	2
1:A:466:THR:C	1:A:468:ASP:H	0.62	1.98	4	15
1:A:322:THR:HG22	1:A:333:SER:OG	0.62	1.95	7	2
1:A:328:MET:HB3	1:A:480:LEU:HD11	0.62	1.72	2	2
1:A:478:LYS:CE	1:A:479:VAL:N	0.62	2.63	4	2
1:A:342:THR:CG2	1:A:405:TYR:CE1	0.62	2.81	5	2
1:A:306:GLN:CD	1:A:306:GLN:N	0.62	2.47	7	1
1:A:361:HIS:N	1:A:361:HIS:CD2	0.62	2.67	12	1
1:A:389:VAL:CA	1:A:423:ARG:HH22	0.62	2.04	12	1
1:A:325:TYR:CG	1:A:401:MET:HG2	0.62	2.30	13	1
1:A:309:MET:HE3	1:A:324:LEU:HD22	0.62	1.72	14	1
1:A:323:GLU:CD	1:A:469:TRP:CE2	0.62	2.73	19	1
1:A:309:MET:O	1:A:440:VAL:N	0.62	2.31	20	1
1:A:362:GLY:C	1:A:363:ASP:OD1	0.62	2.38	20	1
1:A:399:VAL:C	1:A:401:MET:N	0.62	2.52	14	15
1:A:325:TYR:CE1	1:A:333:SER:CB	0.62	2.83	9	3
1:A:416:ASP:CG	1:A:419:THR:OG1	0.62	2.38	3	1
1:A:464:VAL:O	1:A:464:VAL:HG22	0.62	1.93	12	3
1:A:469:TRP:CD2	1:A:473:GLU:OE1	0.62	2.53	6	1
1:A:321:LEU:HD21	1:A:335:ILE:CG1	0.62	2.24	12	2
1:A:325:TYR:HB3	1:A:401:MET:HE1	0.62	1.71	11	1
1:A:347:TYR:CE2	1:A:357:VAL:HG12	0.62	2.30	12	1
1:A:440:VAL:CG2	1:A:445:SER:OG	0.62	2.48	12	2

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:311:CYS:SG	1:A:317:LYS:CB	0.62	2.87	15	1
1:A:335:ILE:O	1:A:386:THR:OG1	0.62	2.18	16	1
1:A:345:VAL:CG1	1:A:346:LEU:N	0.62	2.63	1	3
1:A:424:ILE:H	1:A:424:ILE:HD12	0.62	1.55	4	10
1:A:442:ASP:H	1:A:445:SER:HB2	0.62	1.53	9	12
1:A:319:ASP:O	1:A:323:GLU:N	0.62	2.32	2	4
1:A:424:ILE:HD12	1:A:425:GLY:N	0.62	2.09	13	7
1:A:337:VAL:CG1	1:A:406:ASP:H	0.62	2.06	16	6
1:A:449:LEU:HA	1:A:452:ILE:HD12	0.62	1.70	7	4
1:A:317:LYS:HB2	1:A:317:LYS:HZ2	0.62	1.55	15	1
1:A:403:VAL:CG1	1:A:437:ILE:CB	0.62	2.78	20	4
1:A:459:ILE:O	1:A:460:GLU:HB3	0.62	1.95	1	10
1:A:336:PHE:CZ	1:A:423:ARG:HG2	0.62	2.29	3	2
1:A:356:GLU:O	1:A:357:VAL:HG23	0.62	1.95	3	2
1:A:410:LEU:N	1:A:410:LEU:CD2	0.62	2.62	13	3
1:A:310:ASP:N	1:A:466:THR:HG23	0.62	2.10	7	1
1:A:325:TYR:CA	1:A:401:MET:HE1	0.62	2.25	11	1
1:A:330:ILE:HD12	1:A:400:SER:CB	0.62	2.23	11	1
1:A:328:MET:HB2	1:A:401:MET:SD	0.62	2.34	17	1
1:A:337:VAL:HG21	1:A:342:THR:HB	0.61	1.72	5	2
1:A:477:LYS:O	1:A:481:LYS:N	0.61	2.32	6	8
1:A:478:LYS:O	1:A:478:LYS:HG2	0.61	1.95	2	7
1:A:336:PHE:CE2	1:A:424:ILE:HG23	0.61	2.29	2	2
1:A:323:GLU:HG2	1:A:324:LEU:N	0.61	2.10	19	8
1:A:402:VAL:HB	1:A:424:ILE:O	0.61	1.94	3	4
1:A:414:GLN:HG3	1:A:415:ALA:N	0.61	2.09	9	6
1:A:364:LEU:N	1:A:364:LEU:CD2	0.61	2.56	4	1
1:A:311:CYS:N	1:A:439:PHE:CD1	0.61	2.68	8	3
1:A:310:ASP:O	1:A:310:ASP:OD1	0.61	2.18	13	1
1:A:409:THR:O	1:A:416:ASP:CB	0.61	2.48	15	1
1:A:468:ASP:O	1:A:472:VAL:CG2	0.61	2.49	1	1
1:A:310:ASP:OD1	1:A:311:CYS:O	0.61	2.17	2	1
1:A:322:THR:OG1	1:A:346:LEU:HD23	0.61	1.95	3	2
1:A:336:PHE:O	1:A:404:ASN:HB2	0.61	1.94	8	13
1:A:307:LEU:HD21	1:A:478:LYS:NZ	0.61	2.10	12	4
1:A:322:THR:O	1:A:326:GLY:CA	0.61	2.48	5	2
1:A:395:ASP:O	1:A:395:ASP:OD2	0.61	2.17	7	1
1:A:325:TYR:CD1	1:A:333:SER:OG	0.61	2.52	10	1
1:A:420:TYR:CE2	1:A:452:ILE:HG13	0.61	2.30	11	1
1:A:419:THR:O	1:A:423:ARG:HB2	0.61	1.95	11	18
1:A:333:SER:O	1:A:334:ILE:HD13	0.61	1.96	13	5

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:378:GLU:CD	1:A:378:GLU:C	0.61	2.58	5	2
1:A:463:ARG:CG	1:A:463:ARG:NH1	0.61	2.60	6	1
1:A:404:ASN:ND2	1:A:424:ILE:HG23	0.61	2.10	10	1
1:A:405:TYR:CE2	1:A:406:ASP:HB3	0.61	2.30	11	1
1:A:357:VAL:CG2	1:A:383:VAL:O	0.61	2.48	12	2
1:A:301:VAL:N	1:A:421:ILE:HD11	0.61	2.09	15	1
1:A:336:PHE:CG	1:A:423:ARG:O	0.61	2.54	15	1
1:A:321:LEU:C	1:A:321:LEU:CD2	0.61	2.68	10	3
1:A:379:GLY:O	1:A:380:ARG:CB	0.61	2.48	17	7
1:A:317:LYS:HD2	1:A:439:PHE:CD1	0.61	2.30	5	1
1:A:403:VAL:C	1:A:404:ASN:CG	0.61	2.58	5	2
1:A:347:TYR:HB2	1:A:359:ILE:HD12	0.61	1.72	10	2
1:A:306:GLN:OE1	1:A:306:GLN:CA	0.61	2.47	9	2
1:A:336:PHE:O	1:A:337:VAL:HG12	0.61	1.95	10	2
1:A:378:GLU:OE2	1:A:378:GLU:O	0.61	2.17	18	1
1:A:403:VAL:HG21	1:A:437:ILE:CG1	0.61	2.25	1	3
1:A:357:VAL:CG1	1:A:358:SER:N	0.61	2.63	15	4
1:A:364:LEU:HD22	1:A:368:GLU:CD	0.61	2.16	3	1
1:A:311:CYS:SG	1:A:316:ASP:HB3	0.61	2.35	5	2
1:A:328:MET:SD	1:A:401:MET:CG	0.61	2.88	6	1
1:A:407:LEU:H	1:A:407:LEU:CD2	0.61	2.04	19	3
1:A:313:ASN:CB	1:A:316:ASP:HB3	0.61	2.25	13	3
1:A:398:THR:HG22	1:A:427:THR:O	0.61	1.95	10	1
1:A:360:LEU:HD12	1:A:384:LEU:HD21	0.61	1.72	16	1
1:A:331:GLY:O	1:A:332:SER:OG	0.61	2.17	11	3
1:A:328:MET:HG2	1:A:330:ILE:HD11	0.61	1.70	7	1
1:A:427:THR:HG21	1:A:434:GLY:CA	0.61	2.25	10	2
1:A:403:VAL:HG21	1:A:437:ILE:HG12	0.61	1.70	13	2
1:A:310:ASP:OD1	1:A:441:HIS:ND1	0.61	2.33	14	1
1:A:398:THR:HG1	1:A:428:GLY:H	0.61	1.37	14	1
1:A:321:LEU:HD11	1:A:403:VAL:HB	0.61	1.73	16	1
1:A:328:MET:CB	1:A:401:MET:SD	0.61	2.89	17	1
1:A:301:VAL:O	1:A:303:ALA:N	0.61	2.34	6	10
1:A:311:CYS:SG	1:A:317:LYS:CG	0.61	2.89	1	3
1:A:316:ASP:O	1:A:320:VAL:CG1	0.61	2.48	11	6
1:A:319:ASP:CG	1:A:320:VAL:N	0.61	2.53	8	5
1:A:336:PHE:CE1	1:A:423:ARG:HG3	0.61	2.30	3	1
1:A:405:TYR:CZ	1:A:406:ASP:HB2	0.61	2.31	19	7
1:A:337:VAL:HG13	1:A:346:LEU:HD11	0.61	1.72	5	1
1:A:403:VAL:CG1	1:A:424:ILE:HG21	0.61	2.26	5	1
1:A:446:PHE:O	1:A:450:SER:OG	0.61	2.18	14	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:321:LEU:HD21	1:A:404:ASN:CA	0.61	2.26	14	1
1:A:305:LYS:HB3	1:A:435:VAL:HG13	0.61	1.71	15	1
1:A:349:LYS:HB3	1:A:349:LYS:NZ	0.61	2.09	15	1
1:A:339:THR:CB	1:A:342:THR:OG1	0.61	2.49	1	1
1:A:375:ASP:OD2	1:A:380:ARG:NH1	0.61	2.33	2	1
1:A:361:HIS:CD2	1:A:361:HIS:C	0.61	2.73	4	2
1:A:301:VAL:HG21	1:A:421:ILE:HD11	0.61	1.72	17	3
1:A:404:ASN:N	1:A:424:ILE:HG21	0.61	2.11	15	4
1:A:336:PHE:CG	1:A:423:ARG:HG3	0.61	2.31	9	1
1:A:402:VAL:HG21	1:A:425:GLY:C	0.61	2.16	10	6
1:A:325:TYR:CG	1:A:333:SER:HB3	0.61	2.31	19	2
1:A:374:ASP:C	1:A:374:ASP:OD1	0.61	2.38	18	1
1:A:403:VAL:H	1:A:424:ILE:HG21	0.61	1.53	18	1
1:A:433:LYS:CG	1:A:433:LYS:O	0.61	2.48	20	1
1:A:322:THR:HG21	1:A:350:LEU:HD21	0.61	1.71	1	1
1:A:478:LYS:CE	1:A:479:VAL:CG2	0.61	2.79	7	4
1:A:424:ILE:CD1	1:A:424:ILE:H	0.61	2.09	2	13
1:A:459:ILE:O	1:A:460:GLU:HB2	0.61	1.96	17	2
1:A:467:ASP:C	1:A:467:ASP:OD1	0.61	2.39	16	2
1:A:359:ILE:CG1	1:A:385:ILE:O	0.61	2.48	4	1
1:A:472:VAL:HG12	1:A:473:GLU:N	0.61	2.11	16	8
1:A:325:TYR:CD2	1:A:333:SER:OG	0.61	2.49	13	2
1:A:325:TYR:CE1	1:A:333:SER:HB2	0.61	2.31	3	1
1:A:384:LEU:CD1	1:A:386:THR:CG2	0.61	2.79	4	1
1:A:325:TYR:HA	1:A:328:MET:SD	0.61	2.36	13	5
1:A:325:TYR:HA	1:A:328:MET:CE	0.61	2.26	9	2
1:A:453:GLN:NE2	1:A:461:MET:HB2	0.61	2.11	17	2
1:A:306:GLN:OE1	1:A:459:ILE:HD12	0.61	1.95	15	1
1:A:376:PHE:CZ	1:A:384:LEU:HD11	0.61	2.31	17	1
1:A:417:PRO:CG	1:A:455:TYR:CG	0.61	2.84	17	1
1:A:319:ASP:HA	1:A:349:LYS:HZ3	0.60	1.56	2	3
1:A:360:LEU:CD1	1:A:373:ILE:HD11	0.60	2.26	2	1
1:A:477:LYS:N	1:A:477:LYS:CD	0.60	2.62	11	2
1:A:390:LEU:HD11	1:A:423:ARG:NH1	0.60	2.10	13	1
1:A:346:LEU:HB2	1:A:385:ILE:HD13	0.60	1.71	17	2
1:A:478:LYS:HA	1:A:481:LYS:CG	0.60	2.26	12	6
1:A:405:TYR:CE1	1:A:406:ASP:HB3	0.60	2.31	19	2
1:A:339:THR:OG1	1:A:406:ASP:CB	0.60	2.50	18	4
1:A:402:VAL:HG23	1:A:427:THR:HG23	0.60	1.71	12	1
1:A:347:TYR:O	1:A:357:VAL:HG11	0.60	1.95	14	1
1:A:466:THR:C	1:A:468:ASP:N	0.60	2.53	14	12

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:394:ILE:HD12	1:A:396:ILE:CD1	0.60	2.12	16	2
1:A:401:MET:SD	1:A:435:VAL:HB	0.60	2.37	3	2
1:A:332:SER:CA	1:A:382:LYS:O	0.60	2.49	20	3
1:A:327:LEU:HD11	1:A:469:TRP:CZ2	0.60	2.31	13	2
1:A:330:ILE:HD13	1:A:330:ILE:N	0.60	2.05	18	1
1:A:335:ILE:HG21	1:A:346:LEU:CD2	0.60	2.26	18	1
1:A:318:PHE:CZ	1:A:345:VAL:CG1	0.60	2.85	8	3
1:A:482:ASP:OD1	1:A:482:ASP:O	0.60	2.19	1	1
1:A:440:VAL:HG12	1:A:463:ARG:CZ	0.60	2.26	2	1
1:A:405:TYR:CD1	1:A:406:ASP:N	0.60	2.69	20	6
1:A:478:LYS:NZ	1:A:478:LYS:CB	0.60	2.64	4	2
1:A:402:VAL:HG12	1:A:427:THR:HB	0.60	1.73	8	1
1:A:468:ASP:OD1	1:A:468:ASP:N	0.60	2.34	10	2
1:A:334:ILE:CG1	1:A:399:VAL:HG21	0.60	2.25	11	1
1:A:336:PHE:CZ	1:A:423:ARG:HG3	0.60	2.31	11	1
1:A:359:ILE:HA	1:A:385:ILE:O	0.60	1.97	4	19
1:A:405:TYR:CE1	1:A:406:ASP:HB2	0.60	2.32	5	3
1:A:401:MET:SD	1:A:435:VAL:CB	0.60	2.89	3	1
1:A:324:LEU:CD1	1:A:476:VAL:HG11	0.60	2.26	7	3
1:A:443:LYS:HD3	1:A:443:LYS:N	0.60	2.12	4	1
1:A:347:TYR:CE2	1:A:357:VAL:O	0.60	2.55	5	2
1:A:442:ASP:OD2	1:A:445:SER:OG	0.60	2.19	5	1
1:A:311:CYS:SG	1:A:317:LYS:HD2	0.60	2.35	11	2
1:A:323:GLU:HB3	1:A:349:LYS:NZ	0.60	2.12	14	1
1:A:456:PHE:CB	1:A:459:ILE:CG2	0.60	2.79	19	2
1:A:357:VAL:HG13	1:A:383:VAL:HG23	0.60	1.72	8	3
1:A:462:THR:CG2	1:A:464:VAL:H	0.60	2.09	2	2
1:A:345:VAL:O	1:A:349:LYS:CG	0.60	2.50	3	2
1:A:373:ILE:HG23	1:A:394:ILE:HG23	0.60	1.73	5	1
1:A:298:GLU:O	1:A:298:GLU:HG3	0.60	1.97	13	2
1:A:453:GLN:HE21	1:A:461:MET:CB	0.60	2.09	17	2
1:A:316:ASP:OD1	1:A:320:VAL:HG23	0.60	1.95	6	2
1:A:365:GLN:H	1:A:365:GLN:CD	0.60	1.99	6	1
1:A:315:ALA:O	1:A:319:ASP:CG	0.60	2.39	7	3
1:A:334:ILE:N	1:A:399:VAL:HG21	0.60	2.11	9	5
1:A:392:ARG:N	1:A:394:ILE:HD11	0.60	2.12	11	2
1:A:349:LYS:NZ	1:A:349:LYS:HB2	0.60	2.11	18	2
1:A:318:PHE:CE1	1:A:405:TYR:CZ	0.60	2.89	19	2
1:A:399:VAL:HG23	1:A:401:MET:O	0.60	1.96	12	10
1:A:477:LYS:O	1:A:481:LYS:HG3	0.60	1.96	13	8
1:A:416:ASP:OD2	1:A:419:THR:CB	0.60	2.50	15	5

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:337:VAL:HG21	1:A:342:THR:CB	0.60	2.27	5	2
1:A:301:VAL:CG2	1:A:421:ILE:HD13	0.60	2.27	6	5
1:A:398:THR:CG2	1:A:427:THR:OG1	0.60	2.49	6	1
1:A:464:VAL:HG11	1:A:475:ILE:HG21	0.60	1.74	8	3
1:A:307:LEU:HD22	1:A:478:LYS:NZ	0.60	2.12	1	1
1:A:324:LEU:CD1	1:A:476:VAL:HG22	0.60	2.27	8	2
1:A:325:TYR:CB	1:A:401:MET:HG2	0.60	2.27	2	2
1:A:440:VAL:HG12	1:A:445:SER:CB	0.60	2.26	1	1
1:A:356:GLU:O	1:A:381:SER:O	0.60	2.18	5	1
1:A:328:MET:O	1:A:480:LEU:HD11	0.60	1.97	8	1
1:A:390:LEU:CG	1:A:394:ILE:HD11	0.60	2.27	18	2
1:A:423:ARG:O	1:A:426:ARG:CG	0.60	2.50	11	1
1:A:474:LYS:HG3	1:A:475:ILE:N	0.60	2.12	15	1
1:A:336:PHE:CD2	1:A:423:ARG:HD2	0.60	2.32	19	1
1:A:377:ARG:C	1:A:377:ARG:CD	0.60	2.70	14	1
1:A:341:LYS:CA	1:A:344:ASN:OD1	0.60	2.49	18	1
1:A:404:ASN:ND2	1:A:407:LEU:HG	0.59	2.12	14	3
1:A:419:THR:O	1:A:423:ARG:CG	0.59	2.49	8	4
1:A:316:ASP:OD2	1:A:320:VAL:CG2	0.59	2.50	13	2
1:A:426:ARG:HG3	1:A:428:GLY:H	0.59	1.57	5	1
1:A:373:ILE:CD1	1:A:396:ILE:CD1	0.59	2.79	18	2
1:A:322:THR:CG2	1:A:325:TYR:OH	0.59	2.49	9	1
1:A:298:GLU:OE2	1:A:418:ALA:HB1	0.59	1.97	10	1
1:A:301:VAL:CG2	1:A:306:GLN:HE22	0.59	1.98	10	1
1:A:337:VAL:CG2	1:A:342:THR:HG21	0.59	2.27	11	1
1:A:444:ASN:HA	1:A:447:ASN:ND2	0.59	2.12	15	1
1:A:360:LEU:N	1:A:360:LEU:HD12	0.59	2.12	19	1
1:A:379:GLY:C	1:A:381:SER:N	0.59	2.55	19	4
1:A:398:THR:HG21	1:A:427:THR:O	0.59	1.96	15	3
1:A:336:PHE:CE1	1:A:423:ARG:HD2	0.59	2.32	5	1
1:A:321:LEU:HD21	1:A:404:ASN:HA	0.59	1.72	14	1
1:A:433:LYS:NZ	1:A:433:LYS:HB3	0.59	2.11	14	1
1:A:461:MET:SD	1:A:461:MET:N	0.59	2.75	14	1
1:A:477:LYS:NZ	1:A:481:LYS:HB3	0.59	2.12	16	1
1:A:407:LEU:HB3	1:A:408:PRO:CD	0.59	2.28	15	7
1:A:333:SER:OG	1:A:383:VAL:HG11	0.59	1.96	2	1
1:A:350:LEU:CB	1:A:357:VAL:HG11	0.59	2.27	2	2
1:A:424:ILE:CD1	1:A:425:GLY:N	0.59	2.65	13	5
1:A:325:TYR:O	1:A:328:MET:HG2	0.59	1.96	5	1
1:A:353:GLU:OE1	1:A:353:GLU:N	0.59	2.35	7	1
1:A:309:MET:CB	1:A:439:PHE:CE1	0.59	2.85	13	2

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:306:GLN:N	1:A:306:GLN:OE1	0.59	2.36	17	1
1:A:403:VAL:HA	1:A:424:ILE:CG2	0.59	2.26	1	8
1:A:479:VAL:C	1:A:480:LEU:HD23	0.59	2.17	14	9
1:A:426:ARG:O	1:A:427:THR:OG1	0.59	2.18	2	1
1:A:311:CYS:HG	1:A:317:LYS:HG2	0.59	1.56	5	1
1:A:381:SER:C	1:A:383:VAL:H	0.59	2.01	5	3
1:A:328:MET:SD	1:A:476:VAL:O	0.59	2.60	7	1
1:A:474:LYS:O	1:A:477:LYS:CG	0.59	2.51	7	4
1:A:470:ASP:CG	1:A:471:GLU:H	0.59	1.99	19	2
1:A:322:THR:HG22	1:A:325:TYR:HD2	0.59	1.57	16	4
1:A:427:THR:O	1:A:434:GLY:CA	0.59	2.50	13	1
1:A:328:MET:HB2	1:A:330:ILE:CD1	0.59	2.28	18	1
1:A:473:GLU:OE2	1:A:477:LYS:CE	0.59	2.50	19	1
1:A:424:ILE:H	1:A:424:ILE:CD1	0.59	2.10	15	7
1:A:347:TYR:OH	1:A:357:VAL:O	0.59	2.09	2	2
1:A:406:ASP:OD1	1:A:406:ASP:C	0.59	2.40	3	3
1:A:474:LYS:HG2	1:A:475:ILE:N	0.59	2.12	6	2
1:A:311:CYS:SG	1:A:317:LYS:HB3	0.59	2.37	15	2
1:A:330:ILE:HG21	1:A:401:MET:HB2	0.59	1.73	4	3
1:A:475:ILE:O	1:A:478:LYS:HG2	0.59	1.98	5	7
1:A:327:LEU:HD21	1:A:473:GLU:HG2	0.59	1.74	6	1
1:A:394:ILE:HD13	1:A:396:ILE:HD11	0.59	1.75	12	1
1:A:477:LYS:HG2	1:A:478:LYS:N	0.59	2.13	17	6
1:A:325:TYR:CG	1:A:333:SER:CB	0.59	2.85	2	2
1:A:423:ARG:NE	1:A:423:ARG:HA	0.59	2.12	8	7
1:A:398:THR:HG21	1:A:429:ARG:H	0.59	1.57	3	2
1:A:324:LEU:HD12	1:A:325:TYR:CA	0.59	2.28	5	9
1:A:453:GLN:OE1	1:A:459:ILE:HG12	0.59	1.97	5	2
1:A:336:PHE:CZ	1:A:423:ARG:HB3	0.59	2.33	13	1
1:A:375:ASP:CG	1:A:376:PHE:N	0.59	2.56	17	1
1:A:466:THR:HA	1:A:472:VAL:HG22	0.59	1.75	17	1
1:A:328:MET:O	1:A:330:ILE:CG1	0.59	2.51	2	6
1:A:325:TYR:OH	1:A:333:SER:HB2	0.59	1.97	9	3
1:A:449:LEU:HG	1:A:461:MET:SD	0.59	2.38	5	3
1:A:404:ASN:OD1	1:A:407:LEU:CG	0.59	2.50	11	2
1:A:439:PHE:O	1:A:439:PHE:CG	0.59	2.55	17	2
1:A:435:VAL:O	1:A:435:VAL:HG13	0.59	1.97	17	2
1:A:392:ARG:O	1:A:392:ARG:CD	0.59	2.51	13	1
1:A:356:GLU:OE2	1:A:357:VAL:N	0.59	2.35	17	1
1:A:364:LEU:HD23	1:A:368:GLU:OE2	0.59	1.98	18	1
1:A:364:LEU:O	1:A:365:GLN:O	0.59	2.21	14	2

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:399:VAL:HG21	1:A:401:MET:O	0.59	1.95	6	5
1:A:311:CYS:SG	1:A:317:LYS:CE	0.59	2.91	19	3
1:A:313:ASN:H	1:A:316:ASP:HB2	0.59	1.58	16	10
1:A:318:PHE:C	1:A:346:LEU:HD21	0.59	2.17	12	1
1:A:319:ASP:CG	1:A:349:LYS:HZ3	0.59	1.99	14	1
1:A:336:PHE:CD2	1:A:386:THR:HG21	0.59	2.31	15	1
1:A:328:MET:O	1:A:328:MET:HG3	0.59	1.97	7	8
1:A:376:PHE:O	1:A:377:ARG:C	0.59	2.41	4	4
1:A:404:ASN:HD22	1:A:404:ASN:H	0.59	1.37	9	3
1:A:444:ASN:O	1:A:448:ILE:HG13	0.58	1.98	17	20
1:A:389:VAL:HG12	1:A:390:LEU:H	0.58	1.56	2	3
1:A:390:LEU:CG	1:A:391:ALA:N	0.58	2.64	15	4
1:A:339:THR:CB	1:A:406:ASP:OD2	0.58	2.51	3	1
1:A:329:THR:C	1:A:330:ILE:HG13	0.58	2.18	15	3
1:A:328:MET:O	1:A:329:THR:HB	0.58	1.98	18	2
1:A:405:TYR:CE2	1:A:406:ASP:CB	0.58	2.86	11	1
1:A:323:GLU:OE1	1:A:469:TRP:NE1	0.58	2.35	12	1
1:A:389:VAL:HG23	1:A:423:ARG:NH2	0.58	2.12	12	1
1:A:310:ASP:OD2	1:A:441:HIS:CG	0.58	2.55	14	1
1:A:388:ASN:O	1:A:388:ASN:ND2	0.58	2.36	19	1
1:A:307:LEU:HB2	1:A:437:ILE:HG23	0.58	1.75	11	4
1:A:351:LYS:O	1:A:355:HIS:O	0.58	2.20	3	1
1:A:420:TYR:CD1	1:A:421:ILE:N	0.58	2.71	18	4
1:A:341:LYS:CG	1:A:342:THR:N	0.58	2.66	15	3
1:A:311:CYS:SG	1:A:316:ASP:OD1	0.58	2.52	15	1
1:A:429:ARG:O	1:A:430:PHE:CB	0.58	2.48	15	1
1:A:325:TYR:HD1	1:A:330:ILE:HD11	0.58	1.58	18	2
1:A:329:THR:C	1:A:330:ILE:HD13	0.58	2.19	1	1
1:A:322:THR:HG22	1:A:325:TYR:HE1	0.58	1.55	9	2
1:A:325:TYR:CE2	1:A:401:MET:CB	0.58	2.85	17	3
1:A:322:THR:C	1:A:349:LYS:NZ	0.58	2.56	12	1
1:A:387:THR:O	1:A:389:VAL:CG2	0.58	2.48	14	1
1:A:386:THR:CG2	1:A:390:LEU:HB3	0.58	2.28	19	2
1:A:317:LYS:HD2	1:A:439:PHE:CZ	0.58	2.33	20	1
1:A:318:PHE:CB	1:A:405:TYR:CD1	0.58	2.85	1	1
1:A:400:SER:O	1:A:435:VAL:HG11	0.58	1.97	1	1
1:A:402:VAL:O	1:A:403:VAL:CB	0.58	2.49	13	6
1:A:368:GLU:HG2	1:A:369:ARG:N	0.58	2.14	11	6
1:A:425:GLY:O	1:A:426:ARG:C	0.58	2.41	18	11
1:A:422:HIS:CD2	1:A:426:ARG:HE	0.58	2.16	4	1
1:A:443:LYS:HG2	1:A:444:ASN:N	0.58	2.12	20	3

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:319:ASP:O	1:A:323:GLU:HB2	0.58	1.97	10	6
1:A:346:LEU:HB3	1:A:349:LYS:NZ	0.58	2.14	5	2
1:A:330:ILE:HD12	1:A:400:SER:HB2	0.58	1.75	11	1
1:A:377:ARG:CG	1:A:377:ARG:NH1	0.58	2.64	14	1
1:A:311:CYS:SG	1:A:317:LYS:HA	0.58	2.38	20	2
1:A:325:TYR:O	1:A:333:SER:OG	0.58	2.21	15	1
1:A:386:THR:HG21	1:A:390:LEU:N	0.58	2.12	17	1
1:A:311:CYS:SG	1:A:316:ASP:O	0.58	2.61	20	1
1:A:368:GLU:O	1:A:371:ARG:N	0.58	2.37	6	17
1:A:475:ILE:O	1:A:479:VAL:CG2	0.58	2.43	3	1
1:A:325:TYR:OH	1:A:335:ILE:HD11	0.58	1.97	4	1
1:A:309:MET:SD	1:A:464:VAL:HG11	0.58	2.38	6	1
1:A:311:CYS:CA	1:A:439:PHE:CD1	0.58	2.86	8	3
1:A:329:THR:O	1:A:330:ILE:HD12	0.58	1.97	8	1
1:A:305:LYS:CB	1:A:435:VAL:CG1	0.58	2.81	9	1
1:A:361:HIS:O	1:A:361:HIS:ND1	0.58	2.37	10	1
1:A:317:LYS:HE2	1:A:405:TYR:CD1	0.58	2.33	12	1
1:A:316:ASP:CG	1:A:320:VAL:CG2	0.58	2.72	13	1
1:A:335:ILE:HG21	1:A:346:LEU:CD1	0.58	2.28	14	2
1:A:305:LYS:CD	1:A:307:LEU:HD21	0.58	2.29	15	1
1:A:358:SER:CB	1:A:384:LEU:HD12	0.58	2.27	19	1
1:A:336:PHE:C	1:A:404:ASN:HD22	0.58	2.00	20	1
1:A:301:VAL:O	1:A:301:VAL:CG1	0.58	2.52	18	14
1:A:362:GLY:HA3	1:A:389:VAL:HG21	0.58	1.74	2	1
1:A:317:LYS:O	1:A:321:LEU:HB3	0.58	1.98	6	11
1:A:356:GLU:O	1:A:357:VAL:CG2	0.58	2.51	16	2
1:A:327:LEU:HD12	1:A:327:LEU:C	0.58	2.16	6	3
1:A:442:ASP:OD1	1:A:443:LYS:N	0.58	2.36	6	1
1:A:308:TYR:CD1	1:A:461:MET:HG3	0.58	2.32	9	1
1:A:368:GLU:CD	1:A:369:ARG:N	0.58	2.57	9	2
1:A:403:VAL:HG13	1:A:437:ILE:HD12	0.58	1.73	11	1
1:A:389:VAL:HB	1:A:423:ARG:NH2	0.58	2.12	12	1
1:A:328:MET:HG3	1:A:476:VAL:CG1	0.58	2.28	16	4
1:A:317:LYS:O	1:A:321:LEU:HB2	0.58	1.98	6	7
1:A:420:TYR:CD1	1:A:420:TYR:O	0.58	2.57	1	3
1:A:360:LEU:HD11	1:A:384:LEU:HD21	0.58	1.75	2	1
1:A:344:ASN:OD1	1:A:345:VAL:N	0.58	2.36	4	1
1:A:459:ILE:HD11	1:A:461:MET:CG	0.58	2.28	12	2
1:A:299:VAL:HG21	1:A:421:ILE:CG2	0.58	2.27	5	1
1:A:314:GLU:HA	1:A:317:LYS:HZ3	0.58	1.59	5	1
1:A:346:LEU:HA	1:A:349:LYS:NZ	0.58	2.14	5	3

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:472:VAL:O	1:A:476:VAL:CB	0.58	2.50	5	2
1:A:398:THR:HG21	1:A:427:THR:OG1	0.58	1.98	6	1
1:A:336:PHE:C	1:A:337:VAL:CG1	0.58	2.71	10	2
1:A:306:GLN:NE2	1:A:459:ILE:CD1	0.58	2.66	11	2
1:A:444:ASN:CA	1:A:447:ASN:HD22	0.58	2.12	15	1
1:A:308:TYR:CD2	1:A:440:VAL:HB	0.58	2.34	17	1
1:A:444:ASN:O	1:A:447:ASN:OD1	0.58	2.20	17	1
1:A:378:GLU:C	1:A:378:GLU:CD	0.58	2.62	18	1
1:A:304:ILE:HD13	1:A:425:GLY:CA	0.58	2.29	2	7
1:A:308:TYR:OH	1:A:310:ASP:CG	0.58	2.41	3	2
1:A:335:ILE:HG13	1:A:403:VAL:O	0.58	1.99	5	14
1:A:480:LEU:C	1:A:482:ASP:N	0.58	2.56	3	3
1:A:328:MET:HE3	1:A:401:MET:CE	0.58	2.29	2	4
1:A:381:SER:OG	1:A:382:LYS:N	0.58	2.37	8	2
1:A:390:LEU:CD2	1:A:391:ALA:N	0.58	2.64	15	2
1:A:424:ILE:HD12	1:A:424:ILE:H	0.58	1.56	2	10
1:A:447:ASN:ND2	1:A:448:ILE:HG12	0.58	2.14	15	2
1:A:304:ILE:HG22	1:A:436:ALA:N	0.58	2.13	3	7
1:A:380:ARG:O	1:A:380:ARG:CG	0.58	2.52	3	2
1:A:478:LYS:HE2	1:A:479:VAL:N	0.58	2.13	4	2
1:A:334:ILE:CG2	1:A:336:PHE:CZ	0.58	2.87	6	5
1:A:380:ARG:CG	1:A:380:ARG:O	0.58	2.50	8	1
1:A:325:TYR:HB2	1:A:401:MET:SD	0.58	2.39	9	3
1:A:401:MET:HG2	1:A:402:VAL:N	0.58	2.12	11	1
1:A:404:ASN:OD1	1:A:407:LEU:CA	0.58	2.51	13	1
1:A:306:GLN:NE2	1:A:459:ILE:HD13	0.58	2.13	15	1
1:A:380:ARG:O	1:A:381:SER:CB	0.58	2.52	15	1
1:A:311:CYS:SG	1:A:441:HIS:HB3	0.58	2.38	14	3
1:A:348:GLY:O	1:A:352:SER:CB	0.58	2.52	3	1
1:A:442:ASP:N	1:A:445:SER:OG	0.58	2.37	17	6
1:A:361:HIS:CE1	1:A:363:ASP:HB3	0.58	2.34	4	1
1:A:403:VAL:CG1	1:A:437:ILE:HB	0.58	2.28	19	10
1:A:328:MET:HE2	1:A:401:MET:CE	0.58	2.29	11	1
1:A:403:VAL:HG11	1:A:437:ILE:CG1	0.58	2.28	12	1
1:A:449:LEU:CD1	1:A:453:GLN:OE1	0.58	2.51	13	1
1:A:319:ASP:C	1:A:319:ASP:OD1	0.58	2.42	14	1
1:A:330:ILE:HD11	1:A:401:MET:SD	0.58	2.39	15	1
1:A:336:PHE:CG	1:A:386:THR:OG1	0.58	2.51	16	1
1:A:432:ARG:CD	1:A:433:LYS:H	0.58	2.12	9	3
1:A:477:LYS:N	1:A:477:LYS:HD2	0.58	2.14	10	2
1:A:328:MET:SD	1:A:479:VAL:HG11	0.58	2.38	3	1

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:375:ASP:OD1	1:A:375:ASP:C	0.58	2.42	5	5
1:A:455:TYR:CD2	1:A:456:PHE:N	0.58	2.72	9	1
1:A:398:THR:CG2	1:A:428:GLY:HA2	0.58	2.29	10	1
1:A:388:ASN:O	1:A:388:ASN:OD1	0.58	2.21	11	1
1:A:310:ASP:OD1	1:A:463:ARG:CZ	0.58	2.51	20	1
1:A:328:MET:CE	1:A:401:MET:HE3	0.57	2.29	12	7
1:A:453:GLN:NE2	1:A:459:ILE:HG13	0.57	2.14	1	4
1:A:309:MET:CE	1:A:324:LEU:CD2	0.57	2.82	7	4
1:A:473:GLU:O	1:A:477:LYS:HG3	0.57	1.99	16	5
1:A:306:GLN:O	1:A:307:LEU:CD2	0.57	2.42	7	1
1:A:474:LYS:O	1:A:477:LYS:HG3	0.57	1.99	7	3
1:A:316:ASP:OD1	1:A:320:VAL:HG21	0.57	1.99	13	1
1:A:309:MET:SD	1:A:464:VAL:HG21	0.57	2.37	20	1
1:A:347:TYR:CD1	1:A:357:VAL:CG1	0.57	2.86	1	1
1:A:390:LEU:HG	1:A:391:ALA:H	0.57	1.58	17	4
1:A:372:LEU:HD12	1:A:373:ILE:N	0.57	2.14	4	1
1:A:350:LEU:CD2	1:A:353:GLU:OE2	0.57	2.52	5	1
1:A:442:ASP:OD1	1:A:445:SER:N	0.57	2.37	7	1
1:A:453:GLN:HE21	1:A:460:GLU:H	0.57	1.40	11	1
1:A:428:GLY:O	1:A:429:ARG:O	0.57	2.22	19	3
1:A:323:GLU:C	1:A:323:GLU:OE1	0.57	2.42	20	1
1:A:309:MET:HE2	1:A:324:LEU:HD22	0.57	1.76	3	3
1:A:370:ASP:OD1	1:A:374:ASP:OD1	0.57	2.22	4	1
1:A:463:ARG:NH1	1:A:463:ARG:HG3	0.57	2.14	6	2
1:A:361:HIS:CE1	1:A:363:ASP:OD1	0.57	2.57	8	1
1:A:336:PHE:CE2	1:A:386:THR:HG23	0.57	2.34	9	3
1:A:389:VAL:HG23	1:A:426:ARG:HH22	0.57	1.59	12	1
1:A:305:LYS:O	1:A:435:VAL:CG1	0.57	2.45	14	1
1:A:458:ASP:O	1:A:459:ILE:C	0.57	2.40	14	1
1:A:317:LYS:HD2	1:A:318:PHE:CE1	0.57	2.35	17	1
1:A:403:VAL:HG13	1:A:437:ILE:CG1	0.57	2.29	20	1
1:A:324:LEU:CG	1:A:325:TYR:N	0.57	2.67	3	9
1:A:402:VAL:CB	1:A:424:ILE:HG22	0.57	2.30	13	2
1:A:336:PHE:CD1	1:A:423:ARG:HD2	0.57	2.34	4	1
1:A:390:LEU:O	1:A:391:ALA:O	0.57	2.22	4	1
1:A:402:VAL:CG2	1:A:424:ILE:C	0.57	2.73	8	3
1:A:449:LEU:HG	1:A:450:SER:N	0.57	2.14	13	1
1:A:405:TYR:O	1:A:405:TYR:CD1	0.57	2.58	15	2
1:A:336:PHE:CZ	1:A:423:ARG:CG	0.57	2.87	11	2
1:A:333:SER:OG	1:A:383:VAL:HG22	0.57	2.00	4	1
1:A:322:THR:CG2	1:A:333:SER:OG	0.57	2.53	18	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:417:PRO:HG2	1:A:455:TYR:CG	0.57	2.35	17	2
1:A:423:ARG:NH1	1:A:426:ARG:NH2	0.57	2.52	12	1
1:A:417:PRO:HB2	1:A:455:TYR:CG	0.57	2.34	14	1
1:A:301:VAL:C	1:A:303:ALA:N	0.57	2.57	11	15
1:A:301:VAL:HG22	1:A:421:ILE:CD1	0.57	2.29	2	1
1:A:407:LEU:HD23	1:A:420:TYR:CG	0.57	2.34	2	1
1:A:442:ASP:H	1:A:445:SER:HB3	0.57	1.58	11	6
1:A:467:ASP:O	1:A:468:ASP:CG	0.57	2.43	3	3
1:A:299:VAL:CG2	1:A:422:HIS:NE2	0.57	2.67	5	1
1:A:304:ILE:HD13	1:A:425:GLY:C	0.57	2.19	6	1
1:A:328:MET:SD	1:A:401:MET:HG3	0.57	2.39	6	1
1:A:373:ILE:HD11	1:A:391:ALA:CB	0.57	2.29	15	4
1:A:420:TYR:CD1	1:A:424:ILE:HD11	0.57	2.35	15	3
1:A:330:ILE:HG21	1:A:401:MET:N	0.57	2.15	7	1
1:A:309:MET:HB2	1:A:439:PHE:CD1	0.57	2.35	13	1
1:A:459:ILE:C	1:A:460:GLU:CG	0.57	2.71	13	2
1:A:433:LYS:HZ2	1:A:433:LYS:HB3	0.57	1.58	14	1
1:A:312:LYS:N	1:A:316:ASP:OD2	0.57	2.37	19	1
1:A:341:LYS:HD3	1:A:341:LYS:N	0.57	2.15	2	1
1:A:446:PHE:CD1	1:A:463:ARG:NH2	0.57	2.71	2	1
1:A:390:LEU:HB3	1:A:423:ARG:NH2	0.57	2.14	3	2
1:A:402:VAL:CG1	1:A:424:ILE:C	0.57	2.73	4	5
1:A:459:ILE:CD1	1:A:461:MET:N	0.57	2.68	8	6
1:A:325:TYR:HB3	1:A:401:MET:SD	0.57	2.39	11	2
1:A:460:GLU:O	1:A:460:GLU:CG	0.57	2.53	18	3
1:A:346:LEU:HD13	1:A:385:ILE:HG23	0.57	1.75	11	1
1:A:355:HIS:O	1:A:382:LYS:NZ	0.57	2.38	12	1
1:A:388:ASN:CA	1:A:423:ARG:HH22	0.57	2.13	16	1
1:A:469:TRP:CE3	1:A:473:GLU:OE2	0.57	2.57	20	1
1:A:453:GLN:HE22	1:A:460:GLU:H	0.57	1.42	1	1
1:A:318:PHE:O	1:A:321:LEU:HD23	0.57	2.00	2	1
1:A:404:ASN:HD22	1:A:407:LEU:CG	0.57	2.11	5	1
1:A:325:TYR:CD2	1:A:401:MET:CG	0.57	2.87	10	2
1:A:386:THR:HG21	1:A:390:LEU:CD2	0.57	2.28	10	1
1:A:448:ILE:HG22	1:A:452:ILE:CD1	0.57	2.30	10	1
1:A:334:ILE:CG2	1:A:390:LEU:CD2	0.57	2.82	13	1
1:A:325:TYR:CZ	1:A:401:MET:HB3	0.57	2.35	17	1
1:A:321:LEU:O	1:A:324:LEU:HG	0.57	2.00	5	11
1:A:389:VAL:HG13	1:A:390:LEU:H	0.57	1.55	10	5
1:A:464:VAL:CG1	1:A:475:ILE:HD13	0.57	2.29	1	2
1:A:315:ALA:HA	1:A:318:PHE:CE2	0.57	2.35	19	12

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:444:ASN:N	1:A:444:ASN:HD22	0.57	1.98	2	2
1:A:347:TYR:CE1	1:A:357:VAL:HG13	0.57	2.34	9	3
1:A:325:TYR:CD2	1:A:328:MET:HE1	0.57	2.35	5	1
1:A:456:PHE:CG	1:A:459:ILE:HG22	0.57	2.35	5	2
1:A:420:TYR:CE1	1:A:452:ILE:CG2	0.57	2.88	7	3
1:A:403:VAL:O	1:A:424:ILE:HG21	0.57	2.00	9	2
1:A:325:TYR:CD2	1:A:403:VAL:HG21	0.57	2.34	10	2
1:A:420:TYR:CD2	1:A:452:ILE:HG13	0.57	2.35	11	1
1:A:455:TYR:CD1	1:A:455:TYR:C	0.57	2.75	19	1
1:A:325:TYR:HH	1:A:332:SER:C	0.57	2.00	20	1
1:A:403:VAL:HG21	1:A:437:ILE:CB	0.57	2.29	1	4
1:A:410:LEU:HB3	1:A:415:ALA:N	0.57	2.15	1	1
1:A:336:PHE:CA	1:A:386:THR:O	0.57	2.53	2	3
1:A:388:ASN:HA	1:A:423:ARG:NH1	0.57	2.14	20	4
1:A:381:SER:O	1:A:383:VAL:N	0.57	2.38	5	2
1:A:404:ASN:HD21	1:A:407:LEU:HD23	0.57	1.56	5	3
1:A:439:PHE:O	1:A:440:VAL:HG23	0.57	2.00	5	2
1:A:387:THR:C	1:A:388:ASN:ND2	0.57	2.58	7	1
1:A:463:ARG:NE	1:A:463:ARG:O	0.57	2.35	7	1
1:A:402:VAL:HG22	1:A:427:THR:CA	0.57	2.30	9	4
1:A:364:LEU:HD13	1:A:368:GLU:OE2	0.57	2.00	11	1
1:A:322:THR:HB	1:A:349:LYS:NZ	0.57	2.15	12	1
1:A:316:ASP:N	1:A:316:ASP:OD1	0.57	2.38	18	1
1:A:398:THR:CG2	1:A:428:GLY:H	0.57	2.10	18	1
1:A:310:ASP:N	1:A:466:THR:HG21	0.56	2.15	1	2
1:A:325:TYR:HB2	1:A:401:MET:CG	0.56	2.30	2	1
1:A:440:VAL:O	1:A:463:ARG:NH1	0.56	2.38	2	1
1:A:376:PHE:O	1:A:379:GLY:N	0.56	2.33	16	3
1:A:317:LYS:CD	1:A:439:PHE:CD1	0.56	2.88	5	2
1:A:453:GLN:CG	1:A:458:ASP:HA	0.56	2.30	19	2
1:A:453:GLN:NE2	1:A:461:MET:CE	0.56	2.68	14	2
1:A:324:LEU:HD11	1:A:325:TYR:CG	0.56	2.33	11	1
1:A:325:TYR:CG	1:A:401:MET:HE3	0.56	2.35	12	2
1:A:316:ASP:CG	1:A:320:VAL:HG21	0.56	2.20	13	1
1:A:325:TYR:CE1	1:A:326:GLY:HA2	0.56	2.35	1	1
1:A:387:THR:C	1:A:389:VAL:N	0.56	2.56	16	8
1:A:299:VAL:CG1	1:A:304:ILE:HD11	0.56	2.30	4	4
1:A:362:GLY:N	1:A:369:ARG:HH21	0.56	1.97	15	1
1:A:316:ASP:O	1:A:320:VAL:HB	0.56	2.00	20	17
1:A:331:GLY:O	1:A:332:SER:CB	0.56	2.52	1	1
1:A:376:PHE:CD2	1:A:381:SER:HA	0.56	2.35	11	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:368:GLU:HG3	1:A:369:ARG:N	0.56	2.16	2	7
1:A:448:ILE:O	1:A:452:ILE:HD13	0.56	2.01	2	2
1:A:384:LEU:CD2	1:A:386:THR:HG22	0.56	2.30	8	2
1:A:325:TYR:HA	1:A:328:MET:HE2	0.56	1.77	4	1
1:A:401:MET:SD	1:A:435:VAL:HG13	0.56	2.40	4	1
1:A:315:ALA:CB	1:A:318:PHE:CE2	0.56	2.87	8	2
1:A:342:THR:OG1	1:A:406:ASP:OD2	0.56	2.20	9	1
1:A:306:GLN:NE2	1:A:420:TYR:OH	0.56	2.39	20	2
1:A:364:LEU:O	1:A:366:THR:N	0.56	2.38	19	2
1:A:390:LEU:CD1	1:A:423:ARG:NH1	0.56	2.68	13	1
1:A:323:GLU:CB	1:A:349:LYS:NZ	0.56	2.68	14	1
1:A:397:PRO:O	1:A:398:THR:CG2	0.56	2.53	16	2
1:A:325:TYR:CD1	1:A:401:MET:HE3	0.56	2.34	17	1
1:A:373:ILE:HD12	1:A:396:ILE:CG1	0.56	2.30	18	1
1:A:308:TYR:HB3	1:A:440:VAL:HG11	0.56	1.77	20	1
1:A:360:LEU:O	1:A:386:THR:CA	0.56	2.53	13	6
1:A:347:TYR:O	1:A:351:LYS:CB	0.56	2.53	2	3
1:A:325:TYR:HB3	1:A:401:MET:CE	0.56	2.30	11	3
1:A:337:VAL:HA	1:A:404:ASN:ND2	0.56	2.14	20	2
1:A:403:VAL:HG13	1:A:437:ILE:H	0.56	1.60	20	5
1:A:409:THR:C	1:A:416:ASP:OD1	0.56	2.44	9	1
1:A:389:VAL:CG2	1:A:423:ARG:NH2	0.56	2.68	12	1
1:A:427:THR:HG21	1:A:435:VAL:HG12	0.56	1.77	18	2
1:A:310:ASP:C	1:A:466:THR:HG23	0.56	2.20	1	1
1:A:311:CYS:SG	1:A:317:LYS:HG2	0.56	2.39	1	4
1:A:478:LYS:HE3	1:A:479:VAL:N	0.56	2.16	1	4
1:A:333:SER:O	1:A:383:VAL:HG13	0.56	2.01	5	2
1:A:317:LYS:CE	1:A:439:PHE:CE2	0.56	2.88	10	1
1:A:361:HIS:CD2	1:A:361:HIS:H	0.56	2.17	12	1
1:A:394:ILE:C	1:A:395:ASP:OD1	0.56	2.43	13	1
1:A:385:ILE:N	1:A:385:ILE:HD12	0.56	2.16	14	1
1:A:327:LEU:O	1:A:477:LYS:CE	0.56	2.54	18	1
1:A:351:LYS:O	1:A:355:HIS:HA	0.56	2.00	8	19
1:A:359:ILE:HG13	1:A:385:ILE:O	0.56	2.01	4	12
1:A:321:LEU:HD11	1:A:404:ASN:N	0.56	2.16	9	4
1:A:322:THR:CG2	1:A:335:ILE:HG13	0.56	2.31	6	2
1:A:332:SER:HB3	1:A:382:LYS:CB	0.56	2.30	7	1
1:A:329:THR:HG22	1:A:330:ILE:N	0.56	2.14	8	2
1:A:308:TYR:HH	1:A:420:TYR:HH	0.56	1.31	9	1
1:A:323:GLU:CB	1:A:349:LYS:HZ2	0.56	2.14	14	1
1:A:417:PRO:HG2	1:A:455:TYR:CD2	0.56	2.36	17	1

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:299:VAL:CG1	1:A:301:VAL:HG23	0.56	2.31	19	1
1:A:442:ASP:O	1:A:445:SER:CB	0.56	2.54	16	20
1:A:336:PHE:CG	1:A:337:VAL:N	0.56	2.74	4	3
1:A:305:LYS:HB3	1:A:435:VAL:CG1	0.56	2.31	9	1
1:A:325:TYR:CE2	1:A:437:ILE:HD13	0.56	2.36	11	1
1:A:330:ILE:HG12	1:A:401:MET:SD	0.56	2.40	15	1
1:A:444:ASN:C	1:A:447:ASN:ND2	0.56	2.58	15	1
1:A:336:PHE:CE1	1:A:386:THR:HB	0.56	2.36	16	1
1:A:317:LYS:NZ	1:A:318:PHE:CZ	0.56	2.72	17	1
1:A:339:THR:CB	1:A:342:THR:HG1	0.56	2.12	1	1
1:A:407:LEU:CD2	1:A:420:TYR:CE1	0.56	2.88	1	1
1:A:299:VAL:HG11	1:A:304:ILE:HD11	0.56	1.78	11	2
1:A:415:ALA:C	1:A:417:PRO:HD3	0.56	2.21	8	3
1:A:389:VAL:O	1:A:390:LEU:C	0.56	2.45	17	2
1:A:336:PHE:CG	1:A:423:ARG:HD2	0.56	2.36	4	1
1:A:404:ASN:ND2	1:A:404:ASN:N	0.56	2.49	4	3
1:A:474:LYS:O	1:A:477:LYS:HD3	0.56	2.00	14	6
1:A:328:MET:SD	1:A:401:MET:HG2	0.56	2.41	9	2
1:A:364:LEU:CB	1:A:368:GLU:OE1	0.56	2.54	10	1
1:A:391:ALA:O	1:A:394:ILE:N	0.56	2.39	19	2
1:A:317:LYS:HD3	1:A:439:PHE:CG	0.56	2.35	17	1
1:A:405:TYR:CD1	1:A:439:PHE:HB3	0.56	2.35	18	1
1:A:317:LYS:HB2	1:A:405:TYR:CD2	0.56	2.36	1	1
1:A:364:LEU:HD22	1:A:368:GLU:OE1	0.56	2.01	1	1
1:A:453:GLN:NE2	1:A:459:ILE:CG1	0.56	2.69	4	3
1:A:356:GLU:C	1:A:357:VAL:CG2	0.56	2.74	7	2
1:A:311:CYS:HA	1:A:439:PHE:CE1	0.56	2.36	8	2
1:A:325:TYR:CD2	1:A:401:MET:HB2	0.56	2.36	12	1
1:A:410:LEU:N	1:A:410:LEU:HD23	0.56	2.16	14	2
1:A:336:PHE:CD1	1:A:423:ARG:CZ	0.56	2.89	16	1
1:A:318:PHE:CE1	1:A:405:TYR:CE2	0.56	2.93	13	7
1:A:320:VAL:HG12	1:A:321:LEU:N	0.56	2.16	2	1
1:A:402:VAL:HB	1:A:424:ILE:CB	0.56	2.31	2	4
1:A:474:LYS:HA	1:A:477:LYS:CD	0.56	2.31	15	6
1:A:364:LEU:CA	1:A:368:GLU:OE2	0.56	2.54	8	1
1:A:388:ASN:HD22	1:A:423:ARG:NH1	0.56	1.98	9	1
1:A:376:PHE:CE2	1:A:382:LYS:N	0.56	2.74	11	1
1:A:313:ASN:ND2	1:A:314:GLU:HG3	0.56	2.16	12	1
1:A:417:PRO:HG3	1:A:455:TYR:CD1	0.56	2.35	17	2
1:A:401:MET:HE1	1:A:437:ILE:HD11	0.56	1.78	14	1
1:A:317:LYS:HE3	1:A:405:TYR:CD1	0.56	2.36	15	1

Continued on next page...



Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:376:PHE:CE1	1:A:381:SER:HB2	0.55	2.36	4	1
1:A:299:VAL:CG2	1:A:422:HIS:CD2	0.55	2.89	5	1
1:A:311:CYS:SG	1:A:313:ASN:O	0.55	2.64	6	2
1:A:359:ILE:HG23	1:A:359:ILE:O	0.55	2.00	5	4
1:A:309:MET:HE2	1:A:324:LEU:HD21	0.55	1.78	7	1
1:A:376:PHE:CE2	1:A:382:LYS:HA	0.55	2.36	7	2
1:A:325:TYR:CE2	1:A:335:ILE:CD1	0.55	2.90	9	2
1:A:307:LEU:N	1:A:307:LEU:CD2	0.55	2.46	13	1
1:A:454:LYS:CD	1:A:455:TYR:N	0.55	2.69	13	1
1:A:423:ARG:HG2	1:A:423:ARG:NH1	0.55	2.15	17	1
1:A:325:TYR:CD1	1:A:332:SER:O	0.55	2.59	18	1
1:A:313:ASN:H	1:A:316:ASP:HB3	0.55	1.60	13	8
1:A:318:PHE:CD2	1:A:346:LEU:CD2	0.55	2.89	2	1
1:A:392:ARG:HD3	1:A:392:ARG:N	0.55	2.15	9	3
1:A:313:ASN:CB	1:A:316:ASP:HB2	0.55	2.31	16	8
1:A:328:MET:CG	1:A:476:VAL:HG12	0.55	2.31	20	3
1:A:317:LYS:HD2	1:A:439:PHE:CG	0.55	2.36	5	1
1:A:373:ILE:O	1:A:377:ARG:N	0.55	2.33	5	2
1:A:317:LYS:CG	1:A:318:PHE:H	0.55	2.12	8	1
1:A:325:TYR:CE1	1:A:328:MET:HE1	0.55	2.36	12	2
1:A:400:SER:C	1:A:427:THR:OG1	0.55	2.45	8	1
1:A:419:THR:HG23	1:A:423:ARG:HH21	0.55	1.59	10	1
1:A:468:ASP:CB	1:A:470:ASP:OD1	0.55	2.54	10	1
1:A:454:LYS:HD2	1:A:455:TYR:N	0.55	2.16	13	1
1:A:318:PHE:CD1	1:A:405:TYR:CB	0.55	2.88	16	1
1:A:357:VAL:CA	1:A:381:SER:OG	0.55	2.53	16	1
1:A:311:CYS:SG	1:A:317:LYS:HE2	0.55	2.41	19	2
1:A:328:MET:SD	1:A:479:VAL:HB	0.55	2.42	3	1
1:A:304:ILE:CD1	1:A:425:GLY:C	0.55	2.74	6	1
1:A:376:PHE:CZ	1:A:382:LYS:HA	0.55	2.36	6	2
1:A:325:TYR:O	1:A:401:MET:CE	0.55	2.55	12	1
1:A:427:THR:HG21	1:A:435:VAL:CG1	0.55	2.31	18	1
1:A:369:ARG:HD2	1:A:392:ARG:N	0.55	2.16	20	1
1:A:347:TYR:CE1	1:A:357:VAL:HG12	0.55	2.36	15	2
1:A:360:LEU:HD21	1:A:372:LEU:HD12	0.55	1.78	14	2
1:A:342:THR:O	1:A:346:LEU:HG	0.55	2.01	10	6
1:A:313:ASN:N	1:A:316:ASP:HB2	0.55	2.17	3	6
1:A:388:ASN:OD1	1:A:388:ASN:O	0.55	2.24	3	1
1:A:380:ARG:C	1:A:382:LYS:N	0.55	2.58	5	1
1:A:318:PHE:CD2	1:A:405:TYR:CD2	0.55	2.94	16	1
1:A:386:THR:OG1	1:A:387:THR:N	0.55	2.40	6	9

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:373:ILE:O	1:A:377:ARG:CB	0.55	2.55	5	2
1:A:386:THR:HG21	1:A:390:LEU:HD13	0.55	1.77	5	2
1:A:329:THR:C	1:A:331:GLY:N	0.55	2.60	7	3
1:A:325:TYR:OH	1:A:435:VAL:HB	0.55	2.02	8	1
1:A:454:LYS:HD3	1:A:455:TYR:N	0.55	2.16	8	5
1:A:305:LYS:CB	1:A:435:VAL:HG13	0.55	2.31	9	1
1:A:475:ILE:O	1:A:478:LYS:HE2	0.55	2.01	9	6
1:A:370:ASP:HA	1:A:373:ILE:HD12	0.55	1.77	13	1
1:A:407:LEU:H	1:A:407:LEU:HD12	0.55	1.61	14	1
1:A:432:ARG:CD	1:A:432:ARG:N	0.55	2.69	14	1
1:A:432:ARG:N	1:A:432:ARG:HD2	0.55	2.16	14	1
1:A:456:PHE:HB3	1:A:459:ILE:HG22	0.55	1.78	19	3
1:A:481:LYS:C	1:A:481:LYS:HD3	0.55	2.21	1	19
1:A:460:GLU:O	1:A:460:GLU:HG2	0.55	2.00	2	1
1:A:330:ILE:HG21	1:A:401:MET:CG	0.55	2.32	3	4
1:A:343:ALA:O	1:A:359:ILE:HD12	0.55	2.02	3	1
1:A:325:TYR:CD2	1:A:401:MET:HE2	0.55	2.37	4	3
1:A:325:TYR:O	1:A:328:MET:HG3	0.55	2.01	13	3
1:A:305:LYS:CE	1:A:307:LEU:HD21	0.55	2.32	15	1
1:A:300:ASN:ND2	1:A:302:ASP:HB2	0.55	2.16	17	2
1:A:317:LYS:HD2	1:A:318:PHE:CD1	0.55	2.37	17	1
1:A:321:LEU:CD2	1:A:405:TYR:CE1	0.55	2.90	18	1
1:A:475:ILE:HG23	1:A:478:LYS:HD3	0.55	1.79	1	2
1:A:350:LEU:HB3	1:A:357:VAL:HG11	0.55	1.78	7	2
1:A:317:LYS:HD2	1:A:439:PHE:CE1	0.55	2.37	4	2
1:A:304:ILE:CG2	1:A:434:GLY:O	0.55	2.54	5	2
1:A:464:VAL:CG1	1:A:475:ILE:HG21	0.55	2.30	8	1
1:A:390:LEU:HD12	1:A:390:LEU:C	0.55	2.22	16	1
1:A:333:SER:N	1:A:383:VAL:HG22	0.55	2.16	3	1
1:A:347:TYR:CD1	1:A:359:ILE:CG2	0.55	2.89	4	2
1:A:372:LEU:HD12	1:A:372:LEU:H	0.55	1.61	6	1
1:A:357:VAL:CG1	1:A:383:VAL:O	0.55	2.54	8	2
1:A:403:VAL:CG1	1:A:437:ILE:HG13	0.55	2.31	12	3
1:A:373:ILE:HD13	1:A:394:ILE:HG23	0.55	1.77	13	1
1:A:384:LEU:C	1:A:384:LEU:HD23	0.55	2.22	19	3
1:A:390:LEU:CD1	1:A:391:ALA:H	0.55	2.15	17	2
1:A:402:VAL:HG21	1:A:427:THR:OG1	0.55	2.01	18	1
1:A:404:ASN:HD21	1:A:407:LEU:CA	0.55	2.15	1	2
1:A:304:ILE:HG22	1:A:434:GLY:O	0.55	2.02	5	2
1:A:323:GLU:OE1	1:A:469:TRP:CE2	0.55	2.60	12	1
1:A:454:LYS:NZ	1:A:455:TYR:CD1	0.55	2.75	12	1

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:405:TYR:CG	1:A:439:PHE:HB3	0.55	2.37	18	1
1:A:349:LYS:HB2	1:A:349:LYS:NZ	0.55	2.17	20	1
1:A:310:ASP:OD1	1:A:440:VAL:O	0.55	2.24	1	1
1:A:391:ALA:O	1:A:394:ILE:HG13	0.55	2.01	13	6
1:A:452:ILE:N	1:A:452:ILE:CD1	0.55	2.67	1	1
1:A:325:TYR:OH	1:A:335:ILE:HD13	0.55	2.02	3	1
1:A:330:ILE:HG21	1:A:401:MET:HG2	0.55	1.79	6	3
1:A:372:LEU:CG	1:A:373:ILE:N	0.55	2.70	4	1
1:A:310:ASP:HB3	1:A:441:HIS:CG	0.55	2.37	5	2
1:A:330:ILE:HG22	1:A:400:SER:HB3	0.55	1.78	5	1
1:A:402:VAL:C	1:A:424:ILE:HG22	0.55	2.21	5	2
1:A:335:ILE:HG21	1:A:405:TYR:OH	0.55	2.02	10	1
1:A:404:ASN:ND2	1:A:423:ARG:HG3	0.55	2.17	10	1
1:A:299:VAL:HG21	1:A:422:HIS:HA	0.55	1.79	12	1
1:A:335:ILE:C	1:A:336:PHE:CD1	0.55	2.79	19	3
1:A:452:ILE:HG22	1:A:459:ILE:HD11	0.55	1.78	14	1
1:A:308:TYR:CE2	1:A:440:VAL:HG21	0.55	2.37	17	1
1:A:324:LEU:O	1:A:327:LEU:N	0.54	2.39	19	7
1:A:389:VAL:O	1:A:423:ARG:NH1	0.54	2.40	2	1
1:A:322:THR:CG2	1:A:335:ILE:HD11	0.54	2.18	18	2
1:A:384:LEU:CD1	1:A:386:THR:HG22	0.54	2.30	4	1
1:A:402:VAL:HB	1:A:427:THR:H	0.54	1.61	11	2
1:A:301:VAL:HG12	1:A:301:VAL:O	0.54	2.02	19	3
1:A:322:THR:CA	1:A:325:TYR:CE1	0.54	2.90	9	2
1:A:375:ASP:OD1	1:A:375:ASP:N	0.54	2.40	10	2
1:A:330:ILE:HG21	1:A:400:SER:CB	0.54	2.32	11	1
1:A:328:MET:HG2	1:A:476:VAL:HG12	0.54	1.78	17	3
1:A:317:LYS:O	1:A:405:TYR:CE2	0.54	2.59	18	1
1:A:329:THR:HG22	1:A:329:THR:O	0.54	2.02	18	1
1:A:357:VAL:CG1	1:A:383:VAL:HB	0.54	2.33	2	1
1:A:460:GLU:O	1:A:460:GLU:HG3	0.54	2.00	2	3
1:A:360:LEU:O	1:A:386:THR:HB	0.54	2.02	4	5
1:A:325:TYR:CE2	1:A:435:VAL:CG2	0.54	2.90	5	1
1:A:453:GLN:CG	1:A:461:MET:CE	0.54	2.85	6	2
1:A:309:MET:CE	1:A:324:LEU:HD21	0.54	2.33	7	2
1:A:346:LEU:HA	1:A:349:LYS:CD	0.54	2.33	11	3
1:A:435:VAL:CG2	1:A:479:VAL:HG11	0.54	2.31	7	1
1:A:317:LYS:HG3	1:A:318:PHE:N	0.54	2.17	8	1
1:A:368:GLU:C	1:A:368:GLU:OE1	0.54	2.46	20	2
1:A:418:ALA:HB2	1:A:455:TYR:CZ	0.54	2.37	11	1
1:A:427:THR:HG21	1:A:435:VAL:CA	0.54	2.31	12	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:453:GLN:HE21	1:A:461:MET:HB2	0.54	1.62	17	3
1:A:324:LEU:HB3	1:A:476:VAL:HG21	0.54	1.78	18	1
1:A:325:TYR:CD1	1:A:333:SER:HB3	0.54	2.37	19	1
1:A:305:LYS:O	1:A:435:VAL:HG23	0.54	2.02	1	2
1:A:330:ILE:CG2	1:A:400:SER:HB3	0.54	2.32	2	2
1:A:311:CYS:HB3	1:A:439:PHE:CD1	0.54	2.36	7	3
1:A:351:LYS:HG2	1:A:352:SER:N	0.54	2.17	3	2
1:A:402:VAL:HG21	1:A:424:ILE:C	0.54	2.23	8	3
1:A:422:HIS:NE2	1:A:426:ARG:CD	0.54	2.70	11	1
1:A:464:VAL:HB	1:A:475:ILE:HG21	0.54	1.79	20	2
1:A:420:TYR:CE1	1:A:452:ILE:HG12	0.54	2.37	14	1
1:A:314:GLU:O	1:A:317:LYS:HD3	0.54	2.03	15	2
1:A:336:PHE:CD1	1:A:386:THR:OG1	0.54	2.59	16	1
1:A:357:VAL:C	1:A:381:SER:OG	0.54	2.45	16	1
1:A:313:ASN:O	1:A:317:LYS:HG2	0.54	2.03	19	9
1:A:332:SER:OG	1:A:382:LYS:HB2	0.54	2.03	3	2
1:A:342:THR:CG2	1:A:405:TYR:CD2	0.54	2.89	4	1
1:A:362:GLY:O	1:A:363:ASP:CB	0.54	2.53	4	3
1:A:309:MET:HE2	1:A:324:LEU:CD2	0.54	2.32	7	3
1:A:421:ILE:HG13	1:A:455:TYR:CE2	0.54	2.38	9	1
1:A:338:ALA:HA	1:A:388:ASN:ND2	0.54	2.17	16	1
1:A:380:ARG:NH1	1:A:380:ARG:HG2	0.54	2.16	17	1
1:A:478:LYS:O	1:A:481:LYS:HG3	0.54	2.03	20	11
1:A:392:ARG:N	1:A:392:ARG:CD	0.54	2.69	9	3
1:A:310:ASP:CB	1:A:441:HIS:CG	0.54	2.91	5	1
1:A:327:LEU:CD2	1:A:469:TRP:CZ2	0.54	2.90	7	1
1:A:364:LEU:HD12	1:A:364:LEU:N	0.54	2.17	20	2
1:A:336:PHE:CE1	1:A:423:ARG:HD3	0.54	2.37	13	2
1:A:322:THR:HG22	1:A:325:TYR:OH	0.54	2.03	9	2
1:A:391:ALA:HB3	1:A:394:ILE:HG12	0.54	1.80	12	1
1:A:362:GLY:C	1:A:364:LEU:H	0.54	2.05	15	2
1:A:357:VAL:HG13	1:A:358:SER:N	0.54	2.18	15	1
1:A:328:MET:HG2	1:A:330:ILE:CD1	0.54	2.33	1	1
1:A:399:VAL:CG2	1:A:399:VAL:O	0.54	2.55	2	2
1:A:477:LYS:C	1:A:479:VAL:N	0.54	2.61	4	13
1:A:335:ILE:CD1	1:A:403:VAL:HG22	0.54	2.33	8	2
1:A:426:ARG:HA	1:A:426:ARG:NE	0.54	2.18	3	1
1:A:444:ASN:ND2	1:A:448:ILE:HG13	0.54	2.18	4	2
1:A:334:ILE:HG23	1:A:336:PHE:CZ	0.54	2.37	6	1
1:A:340:LYS:HD2	1:A:341:LYS:N	0.54	2.18	6	1
1:A:477:LYS:HD3	1:A:478:LYS:N	0.54	2.18	16	4

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:391:ALA:O	1:A:394:ILE:HG12	0.54	2.02	20	6
1:A:402:VAL:HG12	1:A:427:THR:CG2	0.54	2.07	15	1
1:A:443:LYS:N	1:A:443:LYS:HD2	0.54	2.17	20	1
1:A:323:GLU:HG2	1:A:324:LEU:H	0.54	1.62	6	2
1:A:422:HIS:CD2	1:A:426:ARG:HG3	0.54	2.38	4	1
1:A:444:ASN:ND2	1:A:448:ILE:CG1	0.54	2.71	4	1
1:A:421:ILE:HG22	1:A:422:HIS:ND1	0.54	2.18	6	2
1:A:308:TYR:CE1	1:A:438:SER:HB2	0.54	2.38	14	3
1:A:325:TYR:OH	1:A:333:SER:HB3	0.54	2.03	10	2
1:A:332:SER:HB3	1:A:399:VAL:HG22	0.54	1.79	11	1
1:A:321:LEU:HD21	1:A:335:ILE:HG13	0.54	1.80	12	1
1:A:351:LYS:HG3	1:A:356:GLU:N	0.54	2.16	12	1
1:A:373:ILE:HD13	1:A:396:ILE:HD11	0.54	1.79	18	1
1:A:388:ASN:O	1:A:389:VAL:CG2	0.54	2.56	6	4
1:A:349:LYS:HZ1	1:A:350:LEU:CD2	0.54	2.16	6	1
1:A:306:GLN:C	1:A:307:LEU:HD23	0.54	2.21	7	1
1:A:356:GLU:O	1:A:357:VAL:HG22	0.54	2.03	7	2
1:A:408:PRO:CG	1:A:423:ARG:HG3	0.54	2.33	17	2
1:A:328:MET:HG2	1:A:330:ILE:HD13	0.54	1.78	10	1
1:A:356:GLU:O	1:A:356:GLU:HG3	0.54	2.02	11	2
1:A:392:ARG:C	1:A:392:ARG:CD	0.54	2.76	16	2
1:A:325:TYR:OH	1:A:402:VAL:N	0.54	2.41	17	1
1:A:384:LEU:HD22	1:A:396:ILE:HD13	0.54	1.78	17	1
1:A:350:LEU:HD13	1:A:383:VAL:HB	0.54	1.80	18	1
1:A:298:GLU:O	1:A:300:ASN:N	0.54	2.41	19	1
1:A:333:SER:CB	1:A:383:VAL:HG13	0.54	2.33	20	4
1:A:321:LEU:HD11	1:A:404:ASN:HA	0.54	1.78	2	1
1:A:473:GLU:O	1:A:477:LYS:HD3	0.54	2.02	3	7
1:A:420:TYR:O	1:A:424:ILE:HD12	0.54	2.02	10	2
1:A:315:ALA:HA	1:A:318:PHE:CZ	0.54	2.38	5	1
1:A:312:LYS:CG	1:A:313:ASN:N	0.54	2.68	8	1
1:A:339:THR:O	1:A:387:THR:HG21	0.54	2.02	8	1
1:A:361:HIS:O	1:A:361:HIS:CG	0.54	2.60	10	1
1:A:347:TYR:O	1:A:351:LYS:CG	0.54	2.56	11	1
1:A:336:PHE:CZ	1:A:390:LEU:CD2	0.54	2.91	17	1
1:A:351:LYS:C	1:A:355:HIS:O	0.54	2.46	3	1
1:A:328:MET:O	1:A:330:ILE:HG23	0.54	2.03	5	4
1:A:404:ASN:HD22	1:A:407:LEU:CA	0.54	2.15	6	2
1:A:449:LEU:O	1:A:453:GLN:CG	0.54	2.56	7	1
1:A:416:ASP:N	1:A:417:PRO:CD	0.54	2.71	8	1
1:A:399:VAL:CG1	1:A:400:SER:H	0.54	2.11	11	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:299:VAL:CG1	1:A:421:ILE:HD12	0.54	2.33	15	1
1:A:298:GLU:O	1:A:299:VAL:CG2	0.53	2.55	8	9
1:A:328:MET:O	1:A:480:LEU:HD12	0.53	2.01	6	4
1:A:347:TYR:CD1	1:A:357:VAL:HG11	0.53	2.39	1	1
1:A:328:MET:O	1:A:330:ILE:HG12	0.53	2.03	2	10
1:A:330:ILE:CG2	1:A:401:MET:HG2	0.53	2.33	6	3
1:A:364:LEU:CD2	1:A:364:LEU:H	0.53	2.13	4	1
1:A:454:LYS:O	1:A:455:TYR:C	0.53	2.46	18	4
1:A:453:GLN:CG	1:A:461:MET:HE3	0.53	2.33	6	1
1:A:473:GLU:HB3	1:A:477:LYS:NZ	0.53	2.19	6	1
1:A:423:ARG:CA	1:A:423:ARG:HE	0.53	2.16	8	3
1:A:314:GLU:O	1:A:317:LYS:HG2	0.53	2.03	15	3
1:A:336:PHE:CD2	1:A:423:ARG:HG3	0.53	2.38	13	1
1:A:346:LEU:CD2	1:A:346:LEU:H	0.53	2.16	17	2
1:A:336:PHE:CG	1:A:423:ARG:HD3	0.53	2.37	20	1
1:A:346:LEU:CB	1:A:385:ILE:HD13	0.53	2.33	2	3
1:A:477:LYS:C	1:A:481:LYS:CG	0.53	2.76	4	6
1:A:310:ASP:HB2	1:A:441:HIS:ND1	0.53	2.18	5	1
1:A:334:ILE:HG12	1:A:399:VAL:H	0.53	1.63	17	2
1:A:336:PHE:CE2	1:A:390:LEU:CD2	0.53	2.91	17	1
1:A:322:THR:HG1	1:A:346:LEU:HD21	0.53	1.63	19	1
1:A:325:TYR:CA	1:A:330:ILE:HD11	0.53	2.34	2	1
1:A:336:PHE:HB2	1:A:386:THR:O	0.53	2.02	2	2
1:A:304:ILE:HG22	1:A:436:ALA:H	0.53	1.63	9	4
1:A:332:SER:CB	1:A:382:LYS:HB3	0.53	2.33	7	1
1:A:372:LEU:N	1:A:372:LEU:CD2	0.53	2.67	7	1
1:A:433:LYS:O	1:A:434:GLY:C	0.53	2.47	18	2
1:A:478:LYS:NZ	1:A:479:VAL:H	0.53	1.98	7	1
1:A:307:LEU:N	1:A:307:LEU:CD1	0.53	2.63	13	1
1:A:314:GLU:O	1:A:317:LYS:CG	0.53	2.56	15	1
1:A:309:MET:HG2	1:A:466:THR:CG2	0.53	2.33	16	1
1:A:319:ASP:CB	1:A:349:LYS:HZ3	0.53	2.16	2	1
1:A:470:ASP:O	1:A:473:GLU:HG3	0.53	2.03	16	4
1:A:329:THR:O	1:A:480:LEU:HD13	0.53	2.03	5	2
1:A:404:ASN:HD22	1:A:407:LEU:HG	0.53	1.63	5	1
1:A:298:GLU:O	1:A:299:VAL:C	0.53	2.47	19	5
1:A:310:ASP:N	1:A:310:ASP:OD1	0.53	2.41	7	1
1:A:305:LYS:HB2	1:A:435:VAL:HG13	0.53	1.81	11	2
1:A:324:LEU:HD12	1:A:325:TYR:CG	0.53	2.36	11	1
1:A:422:HIS:NE2	1:A:426:ARG:HD3	0.53	2.18	11	2
1:A:473:GLU:OE1	1:A:473:GLU:C	0.53	2.47	13	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:426:ARG:HH12	1:A:428:GLY:N	0.53	2.01	18	1
1:A:394:ILE:O	1:A:396:ILE:HG12	0.53	2.03	8	5
1:A:325:TYR:CD2	1:A:401:MET:HB3	0.53	2.38	3	3
1:A:334:ILE:HD11	1:A:399:VAL:HG13	0.53	1.79	3	3
1:A:325:TYR:OH	1:A:333:SER:HA	0.53	2.02	4	1
1:A:321:LEU:O	1:A:325:TYR:CD2	0.53	2.62	7	1
1:A:404:ASN:HD21	1:A:407:LEU:H	0.53	1.46	13	1
1:A:451:ALA:HA	1:A:454:LYS:CG	0.53	2.33	14	1
1:A:415:ALA:HB2	1:A:448:ILE:HG23	0.53	1.78	17	1
1:A:308:TYR:CE2	1:A:449:LEU:HB2	0.53	2.39	20	1
1:A:403:VAL:HG21	1:A:437:ILE:CA	0.53	2.33	1	3
1:A:399:VAL:CG2	1:A:401:MET:H	0.53	2.15	4	1
1:A:443:LYS:N	1:A:443:LYS:CD	0.53	2.72	4	2
1:A:470:ASP:OD1	1:A:470:ASP:C	0.53	2.46	5	3
1:A:402:VAL:HB	1:A:424:ILE:CA	0.53	2.34	16	4
1:A:308:TYR:CD2	1:A:449:LEU:HD13	0.53	2.37	8	1
1:A:325:TYR:C	1:A:333:SER:OG	0.53	2.47	15	1
1:A:410:LEU:HB2	1:A:414:GLN:N	0.53	2.19	1	1
1:A:389:VAL:O	1:A:389:VAL:HG12	0.53	2.02	4	2
1:A:392:ARG:CZ	1:A:426:ARG:HH21	0.53	2.16	4	1
1:A:403:VAL:HG12	1:A:437:ILE:CB	0.53	2.34	9	4
1:A:318:PHE:HA	1:A:405:TYR:CD2	0.53	2.39	10	1
1:A:351:LYS:HG3	1:A:352:SER:N	0.53	2.18	18	2
1:A:380:ARG:HA	1:A:380:ARG:NE	0.53	2.19	12	1
1:A:358:SER:OG	1:A:384:LEU:HD21	0.53	2.03	14	1
1:A:452:ILE:CG2	1:A:461:MET:HE1	0.53	2.33	18	2
1:A:308:TYR:CD1	1:A:461:MET:HG2	0.53	2.39	19	1
1:A:317:LYS:HB3	1:A:439:PHE:CG	0.53	2.39	20	1
1:A:300:ASN:O	1:A:301:VAL:C	0.53	2.48	15	8
1:A:325:TYR:CD1	1:A:330:ILE:HG13	0.53	2.38	1	1
1:A:401:MET:O	1:A:401:MET:HG3	0.53	2.02	16	3
1:A:379:GLY:O	1:A:380:ARG:HG2	0.53	2.04	19	3
1:A:310:ASP:O	1:A:466:THR:OG1	0.53	2.24	7	1
1:A:342:THR:HG23	1:A:405:TYR:HE2	0.53	1.63	7	1
1:A:325:TYR:CD1	1:A:330:ILE:CD1	0.53	2.92	13	1
1:A:325:TYR:CD1	1:A:401:MET:HG2	0.53	2.39	13	2
1:A:390:LEU:HD21	1:A:396:ILE:HD12	0.53	1.81	14	1
1:A:338:ALA:HB1	1:A:388:ASN:ND2	0.53	2.16	16	1
1:A:335:ILE:HD13	1:A:403:VAL:HG23	0.53	1.80	18	1
1:A:456:PHE:HB2	1:A:459:ILE:CG2	0.53	2.34	19	2
1:A:330:ILE:HG22	1:A:400:SER:HB2	0.53	1.80	14	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:349:LYS:O	1:A:351:LYS:N	0.53	2.42	20	11
1:A:402:VAL:CG1	1:A:427:THR:HA	0.53	2.33	5	2
1:A:439:PHE:O	1:A:440:VAL:CG2	0.53	2.57	5	1
1:A:442:ASP:CG	1:A:445:SER:OG	0.53	2.48	5	1
1:A:305:LYS:N	1:A:434:GLY:O	0.53	2.41	13	3
1:A:392:ARG:HB3	1:A:426:ARG:NE	0.53	2.18	8	1
1:A:308:TYR:CZ	1:A:420:TYR:OH	0.53	2.61	9	2
1:A:325:TYR:CE2	1:A:335:ILE:HD11	0.53	2.39	9	1
1:A:432:ARG:HD3	1:A:433:LYS:N	0.53	2.19	11	2
1:A:317:LYS:HE3	1:A:405:TYR:CE1	0.53	2.39	15	1
1:A:325:TYR:CZ	1:A:403:VAL:HG11	0.53	2.39	15	1
1:A:390:LEU:O	1:A:391:ALA:C	0.53	2.46	18	1
1:A:333:SER:CB	1:A:383:VAL:CG1	0.53	2.88	2	4
1:A:403:VAL:HA	1:A:424:ILE:HG12	0.53	1.81	6	3
1:A:471:GLU:HG2	1:A:472:VAL:N	0.53	2.18	1	2
1:A:370:ASP:N	1:A:370:ASP:OD1	0.53	2.42	2	1
1:A:406:ASP:O	1:A:407:LEU:C	0.53	2.48	20	13
1:A:442:ASP:N	1:A:445:SER:HB2	0.53	2.19	18	6
1:A:299:VAL:O	1:A:299:VAL:HG12	0.53	2.03	4	1
1:A:372:LEU:HG	1:A:373:ILE:N	0.53	2.19	4	1
1:A:301:VAL:CG2	1:A:421:ILE:HD12	0.53	2.33	19	2
1:A:377:ARG:HH22	1:A:397:PRO:CD	0.53	2.17	7	1
1:A:315:ALA:HB1	1:A:318:PHE:CZ	0.53	2.39	8	1
1:A:314:GLU:O	1:A:318:PHE:CD2	0.53	2.62	16	3
1:A:317:LYS:HG3	1:A:318:PHE:CD1	0.53	2.38	10	1
1:A:428:GLY:C	1:A:430:PHE:N	0.53	2.61	20	2
1:A:351:LYS:HB2	1:A:357:VAL:HG12	0.53	1.80	19	2
1:A:459:ILE:CD1	1:A:461:MET:HE3	0.53	2.34	14	1
1:A:420:TYR:HE2	1:A:452:ILE:HD13	0.53	1.61	20	1
1:A:323:GLU:O	1:A:323:GLU:OE1	0.52	2.27	2	1
1:A:376:PHE:CE1	1:A:383:VAL:O	0.52	2.62	3	1
1:A:336:PHE:HB2	1:A:390:LEU:HD23	0.52	1.79	4	1
1:A:356:GLU:O	1:A:356:GLU:HG2	0.52	2.03	11	2
1:A:308:TYR:CD2	1:A:463:ARG:HB3	0.52	2.39	12	1
1:A:334:ILE:CG2	1:A:336:PHE:CE1	0.52	2.90	12	2
1:A:453:GLN:NE2	1:A:461:MET:HE3	0.52	2.19	16	2
1:A:475:ILE:HG23	1:A:478:LYS:NZ	0.52	2.19	14	1
1:A:342:THR:OG1	1:A:405:TYR:CE2	0.52	2.58	16	1
1:A:308:TYR:CE1	1:A:463:ARG:HG3	0.52	2.39	18	1
1:A:369:ARG:O	1:A:373:ILE:HG12	0.52	2.03	15	15
1:A:325:TYR:CD1	1:A:325:TYR:O	0.52	2.62	19	3

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:403:VAL:HG11	1:A:436:ALA:C	0.52	2.18	6	3
1:A:432:ARG:NH1	1:A:432:ARG:HG2	0.52	2.18	6	1
1:A:473:GLU:O	1:A:477:LYS:HG2	0.52	2.03	6	5
1:A:350:LEU:CD1	1:A:385:ILE:CG1	0.52	2.87	15	2
1:A:328:MET:CB	1:A:476:VAL:HG13	0.52	2.34	8	1
1:A:374:ASP:CG	1:A:375:ASP:N	0.52	2.63	12	3
1:A:444:ASN:CA	1:A:447:ASN:ND2	0.52	2.72	15	1
1:A:422:HIS:ND1	1:A:422:HIS:N	0.52	2.57	18	1
1:A:374:ASP:N	1:A:374:ASP:OD1	0.52	2.40	19	1
1:A:469:TRP:O	1:A:473:GLU:HG3	0.52	2.04	20	1
1:A:325:TYR:CD1	1:A:326:GLY:CA	0.52	2.92	1	1
1:A:347:TYR:HA	1:A:385:ILE:HD11	0.52	1.82	1	1
1:A:376:PHE:CD1	1:A:381:SER:HB3	0.52	2.39	2	1
1:A:459:ILE:CD1	1:A:461:MET:HB3	0.52	2.34	13	3
1:A:311:CYS:HB3	1:A:439:PHE:CD2	0.52	2.39	3	1
1:A:346:LEU:HB3	1:A:385:ILE:HD13	0.52	1.81	3	1
1:A:336:PHE:C	1:A:337:VAL:HG13	0.52	2.25	12	4
1:A:408:PRO:O	1:A:409:THR:OG1	0.52	2.27	4	1
1:A:422:HIS:O	1:A:426:ARG:HG3	0.52	2.05	4	1
1:A:422:HIS:ND1	1:A:423:ARG:N	0.52	2.58	4	1
1:A:481:LYS:O	1:A:482:ASP:O	0.52	2.27	4	3
1:A:386:THR:CG2	1:A:390:LEU:HG	0.52	2.32	10	1
1:A:402:VAL:HB	1:A:427:THR:N	0.52	2.19	11	2
1:A:356:GLU:OE2	1:A:357:VAL:O	0.52	2.25	17	1
1:A:379:GLY:O	1:A:380:ARG:HG3	0.52	2.04	19	2
1:A:330:ILE:CG2	1:A:400:SER:CB	0.52	2.86	2	2
1:A:398:THR:HA	1:A:427:THR:O	0.52	2.04	4	2
1:A:398:THR:CA	1:A:427:THR:OG1	0.52	2.57	14	2
1:A:472:VAL:O	1:A:476:VAL:HB	0.52	2.03	5	1
1:A:332:SER:HB2	1:A:382:LYS:O	0.52	2.03	20	3
1:A:394:ILE:CD1	1:A:394:ILE:H	0.52	2.17	11	2
1:A:443:LYS:O	1:A:447:ASN:ND2	0.52	2.43	8	1
1:A:360:LEU:HD22	1:A:369:ARG:HG3	0.52	1.80	9	1
1:A:410:LEU:CA	1:A:414:GLN:O	0.52	2.58	11	3
1:A:307:LEU:O	1:A:437:ILE:HG22	0.52	2.04	12	1
1:A:358:SER:OG	1:A:376:PHE:CG	0.52	2.62	13	1
1:A:399:VAL:CG2	1:A:402:VAL:HB	0.52	2.34	14	1
1:A:372:LEU:O	1:A:375:ASP:OD2	0.52	2.26	17	1
1:A:404:ASN:CG	1:A:424:ILE:HG12	0.52	2.25	18	1
1:A:318:PHE:CE1	1:A:319:ASP:HB2	0.52	2.39	1	1
1:A:323:GLU:CD	1:A:327:LEU:CD1	0.52	2.78	2	1

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:304:ILE:CG2	1:A:436:ALA:N	0.52	2.73	9	3
1:A:328:MET:SD	1:A:479:VAL:CB	0.52	2.97	3	1
1:A:345:VAL:O	1:A:349:LYS:HG3	0.52	2.04	3	4
1:A:471:GLU:N	1:A:471:GLU:CD	0.52	2.63	12	2
1:A:372:LEU:CD1	1:A:373:ILE:N	0.52	2.73	4	1
1:A:470:ASP:N	1:A:470:ASP:OD1	0.52	2.42	4	1
1:A:332:SER:CB	1:A:382:LYS:CB	0.52	2.87	7	1
1:A:394:ILE:O	1:A:396:ILE:HG13	0.52	2.03	8	1
1:A:426:ARG:NH1	1:A:426:ARG:HG3	0.52	2.18	12	1
1:A:474:LYS:C	1:A:474:LYS:HD3	0.52	2.24	15	1
1:A:334:ILE:CG1	1:A:399:VAL:H	0.52	2.17	17	2
1:A:433:LYS:N	1:A:433:LYS:HD2	0.52	2.19	2	1
1:A:453:GLN:OE1	1:A:459:ILE:HG13	0.52	2.04	5	3
1:A:324:LEU:C	1:A:324:LEU:CD2	0.52	2.66	6	1
1:A:460:GLU:O	1:A:462:THR:N	0.52	2.42	18	2
1:A:308:TYR:CE2	1:A:440:VAL:HG23	0.52	2.39	10	1
1:A:336:PHE:HB2	1:A:404:ASN:ND2	0.52	2.20	10	1
1:A:398:THR:HG22	1:A:428:GLY:CA	0.52	2.34	10	1
1:A:427:THR:HG21	1:A:434:GLY:HA2	0.52	1.82	10	1
1:A:369:ARG:CG	1:A:370:ASP:N	0.52	2.72	14	2
1:A:317:LYS:NZ	1:A:317:LYS:HB2	0.52	2.18	15	1
1:A:474:LYS:C	1:A:474:LYS:HD2	0.52	2.22	15	1
1:A:311:CYS:HB3	1:A:316:ASP:OD1	0.52	2.04	1	1
1:A:373:ILE:HD11	1:A:391:ALA:HB2	0.52	1.81	12	2
1:A:332:SER:OG	1:A:382:LYS:HB3	0.52	2.04	3	2
1:A:348:GLY:O	1:A:352:SER:HB2	0.52	2.05	3	1
1:A:422:HIS:O	1:A:426:ARG:CB	0.52	2.58	4	1
1:A:319:ASP:HA	1:A:349:LYS:CE	0.52	2.35	13	4
1:A:350:LEU:HD12	1:A:385:ILE:HG13	0.52	1.79	13	3
1:A:376:PHE:CD2	1:A:381:SER:CB	0.52	2.92	11	2
1:A:325:TYR:HA	1:A:328:MET:CG	0.52	2.35	14	3
1:A:444:ASN:O	1:A:448:ILE:HG12	0.52	2.05	10	1
1:A:376:PHE:CG	1:A:381:SER:HA	0.52	2.40	11	1
1:A:304:ILE:HG22	1:A:305:LYS:H	0.52	1.65	13	1
1:A:447:ASN:HD21	1:A:448:ILE:HG12	0.52	1.63	15	1
1:A:408:PRO:HG3	1:A:423:ARG:NE	0.52	2.19	16	1
1:A:402:VAL:O	1:A:402:VAL:HG13	0.52	2.03	1	1
1:A:480:LEU:O	1:A:481:LYS:C	0.52	2.45	3	4
1:A:330:ILE:CG2	1:A:400:SER:N	0.52	2.66	2	1
1:A:341:LYS:N	1:A:341:LYS:CD	0.52	2.72	2	1
1:A:313:ASN:OD1	1:A:316:ASP:CG	0.52	2.47	4	1

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:299:VAL:HG21	1:A:422:HIS:HB3	0.52	1.82	6	1
1:A:402:VAL:CG2	1:A:424:ILE:CA	0.52	2.88	8	1
1:A:398:THR:HG1	1:A:427:THR:C	0.52	2.05	9	1
1:A:349:LYS:CD	1:A:350:LEU:N	0.52	2.73	10	1
1:A:482:ASP:CG	1:A:482:ASP:O	0.52	2.48	10	1
1:A:410:LEU:CD2	1:A:448:ILE:HD11	0.52	2.35	12	1
1:A:336:PHE:CE2	1:A:423:ARG:HG3	0.52	2.40	13	1
1:A:404:ASN:ND2	1:A:424:ILE:CG1	0.52	2.73	16	2
1:A:405:TYR:O	1:A:439:PHE:CZ	0.52	2.62	16	1
1:A:452:ILE:CG2	1:A:461:MET:CE	0.52	2.87	18	2
1:A:472:VAL:HG12	1:A:473:GLU:OE2	0.52	2.04	18	1
1:A:334:ILE:C	1:A:335:ILE:CD1	0.52	2.79	17	3
1:A:404:ASN:HD21	1:A:407:LEU:HA	0.52	1.65	7	3
1:A:321:LEU:HD23	1:A:321:LEU:N	0.52	2.20	2	1
1:A:351:LYS:HB2	1:A:356:GLU:C	0.52	2.25	3	1
1:A:477:LYS:HE2	1:A:481:LYS:NZ	0.52	2.20	7	1
1:A:349:LYS:O	1:A:352:SER:N	0.52	2.40	15	8
1:A:388:ASN:O	1:A:389:VAL:C	0.52	2.44	10	2
1:A:390:LEU:HD22	1:A:396:ILE:CD1	0.52	2.34	12	1
1:A:309:MET:CE	1:A:464:VAL:HG21	0.52	2.35	13	1
1:A:459:ILE:HD11	1:A:461:MET:HE2	0.52	1.81	13	1
1:A:459:ILE:HD12	1:A:461:MET:HE3	0.52	1.81	14	1
1:A:316:ASP:OD1	1:A:316:ASP:C	0.52	2.48	15	1
1:A:364:LEU:HD23	1:A:368:GLU:CD	0.52	2.26	18	1
1:A:376:PHE:CD2	1:A:382:LYS:HA	0.52	2.40	19	1
1:A:415:ALA:CB	1:A:448:ILE:HD13	0.52	2.35	19	1
1:A:323:GLU:OE1	1:A:323:GLU:O	0.52	2.28	20	1
1:A:366:THR:HG23	1:A:369:ARG:HH12	0.52	1.60	20	1
1:A:343:ALA:HB1	1:A:359:ILE:CD1	0.52	2.35	6	2
1:A:415:ALA:O	1:A:417:PRO:HD3	0.52	2.05	1	17
1:A:304:ILE:CD1	1:A:425:GLY:CA	0.52	2.88	14	5
1:A:384:LEU:CD1	1:A:396:ILE:HD13	0.52	2.35	10	2
1:A:416:ASP:CG	1:A:419:THR:CB	0.52	2.79	3	1
1:A:475:ILE:O	1:A:478:LYS:HE3	0.52	2.04	6	2
1:A:474:LYS:HD2	1:A:474:LYS:N	0.52	2.20	5	1
1:A:310:ASP:O	1:A:310:ASP:CG	0.52	2.48	20	3
1:A:299:VAL:O	1:A:300:ASN:HB2	0.52	2.04	10	2
1:A:423:ARG:O	1:A:426:ARG:HG3	0.52	2.05	11	1
1:A:464:VAL:O	1:A:464:VAL:CG2	0.52	2.55	12	1
1:A:407:LEU:CD2	1:A:407:LEU:H	0.52	2.18	16	1
1:A:313:ASN:O	1:A:317:LYS:N	0.52	2.39	18	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:453:GLN:NE2	1:A:459:ILE:N	0.52	2.53	19	1
1:A:337:VAL:C	1:A:339:THR:H	0.51	2.08	1	3
1:A:346:LEU:HA	1:A:349:LYS:CE	0.51	2.35	2	6
1:A:402:VAL:CG2	1:A:427:THR:HA	0.51	2.35	2	2
1:A:403:VAL:CA	1:A:424:ILE:HG22	0.51	2.35	7	6
1:A:462:THR:CG2	1:A:464:VAL:HG22	0.51	2.34	3	1
1:A:356:GLU:OE1	1:A:380:ARG:O	0.51	2.28	8	1
1:A:416:ASP:N	1:A:417:PRO:HD3	0.51	2.19	8	1
1:A:315:ALA:HA	1:A:318:PHE:CD2	0.51	2.40	9	1
1:A:398:THR:HB	1:A:429:ARG:N	0.51	2.20	9	1
1:A:311:CYS:CB	1:A:317:LYS:HB2	0.51	2.35	18	1
1:A:443:LYS:HD2	1:A:443:LYS:H	0.51	1.65	20	1
1:A:311:CYS:SG	1:A:439:PHE:HB3	0.51	2.46	1	2
1:A:442:ASP:O	1:A:445:SER:CA	0.51	2.59	19	19
1:A:385:ILE:C	1:A:386:THR:HG22	0.51	2.24	4	2
1:A:361:HIS:CD2	1:A:361:HIS:O	0.51	2.62	4	1
1:A:404:ASN:ND2	1:A:407:LEU:CA	0.51	2.72	7	1
1:A:312:LYS:HG2	1:A:313:ASN:N	0.51	2.21	8	2
1:A:386:THR:HG21	1:A:390:LEU:HD11	0.51	1.81	10	1
1:A:376:PHE:CB	1:A:381:SER:HG	0.51	2.18	11	1
1:A:407:LEU:H	1:A:407:LEU:HD23	0.51	1.65	16	1
1:A:308:TYR:CE1	1:A:461:MET:CG	0.51	2.93	19	1
1:A:328:MET:HB3	1:A:476:VAL:CG1	0.51	2.36	1	1
1:A:325:TYR:HA	1:A:330:ILE:CD1	0.51	2.36	2	1
1:A:473:GLU:O	1:A:477:LYS:HD2	0.51	2.05	3	3
1:A:389:VAL:O	1:A:389:VAL:HG13	0.51	2.03	4	1
1:A:470:ASP:O	1:A:473:GLU:HG2	0.51	2.05	4	2
1:A:313:ASN:O	1:A:314:GLU:C	0.51	2.49	18	6
1:A:334:ILE:CD1	1:A:384:LEU:HB3	0.51	2.34	10	1
1:A:306:GLN:HE22	1:A:459:ILE:HD13	0.51	1.65	15	1
1:A:356:GLU:OE2	1:A:357:VAL:C	0.51	2.48	17	1
1:A:336:PHE:CD1	1:A:424:ILE:HG23	0.51	2.41	19	1
1:A:328:MET:CG	1:A:330:ILE:CD1	0.51	2.88	1	1
1:A:313:ASN:O	1:A:317:LYS:HG3	0.51	2.04	13	6
1:A:373:ILE:CG2	1:A:394:ILE:CG2	0.51	2.89	4	2
1:A:453:GLN:HE21	1:A:459:ILE:HG13	0.51	1.65	16	4
1:A:328:MET:SD	1:A:479:VAL:CG1	0.51	2.99	3	1
1:A:384:LEU:HD21	1:A:390:LEU:CD1	0.51	2.36	5	1
1:A:312:LYS:HG3	1:A:313:ASN:N	0.51	2.21	6	1
1:A:358:SER:HB3	1:A:384:LEU:CD1	0.51	2.35	19	3
1:A:346:LEU:HA	1:A:349:LYS:CG	0.51	2.36	13	1

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:323:GLU:N	1:A:349:LYS:HE3	0.51	2.20	14	1
1:A:420:TYR:CE1	1:A:424:ILE:HD11	0.51	2.40	15	1
1:A:313:ASN:CB	1:A:316:ASP:CG	0.51	2.79	16	1
1:A:312:LYS:HZ2	1:A:320:VAL:HG21	0.51	1.63	20	1
1:A:317:LYS:HD3	1:A:439:PHE:CD1	0.51	2.40	20	1
1:A:402:VAL:HB	1:A:427:THR:HA	0.51	1.80	4	1
1:A:402:VAL:CB	1:A:427:THR:HA	0.51	2.36	5	2
1:A:324:LEU:HD12	1:A:325:TYR:CD1	0.51	2.40	5	1
1:A:426:ARG:HG3	1:A:428:GLY:N	0.51	2.21	5	1
1:A:401:MET:C	1:A:427:THR:HG1	0.51	2.09	8	2
1:A:340:LYS:O	1:A:344:ASN:ND2	0.51	2.43	11	1
1:A:444:ASN:N	1:A:444:ASN:ND2	0.51	2.57	13	2
1:A:308:TYR:CZ	1:A:438:SER:HB2	0.51	2.40	14	1
1:A:453:GLN:OE1	1:A:461:MET:HE1	0.51	2.06	14	1
1:A:417:PRO:CG	1:A:455:TYR:CD1	0.51	2.94	17	1
1:A:472:VAL:CG1	1:A:473:GLU:OE2	0.51	2.59	18	1
1:A:459:ILE:HG13	1:A:461:MET:H	0.51	1.66	4	10
1:A:318:PHE:O	1:A:321:LEU:HD21	0.51	2.06	2	1
1:A:321:LEU:CG	1:A:322:THR:N	0.51	2.74	18	2
1:A:388:ASN:CA	1:A:423:ARG:NH1	0.51	2.73	20	2
1:A:307:LEU:HD12	1:A:437:ILE:CD1	0.51	2.35	4	1
1:A:477:LYS:O	1:A:480:LEU:N	0.51	2.42	6	4
1:A:410:LEU:HA	1:A:414:GLN:CA	0.51	2.35	9	3
1:A:299:VAL:O	1:A:300:ASN:HB3	0.51	2.05	19	3
1:A:334:ILE:N	1:A:399:VAL:HG11	0.51	2.20	11	1
1:A:403:VAL:CG1	1:A:437:ILE:CG1	0.51	2.88	12	3
1:A:324:LEU:HD13	1:A:476:VAL:CG1	0.51	2.34	13	1
1:A:306:GLN:OE1	1:A:420:TYR:OH	0.51	2.29	14	1
1:A:309:MET:SD	1:A:324:LEU:HD21	0.51	2.45	14	2
1:A:317:LYS:HA	1:A:439:PHE:CD2	0.51	2.41	14	1
1:A:351:LYS:O	1:A:355:HIS:CD2	0.51	2.64	15	1
1:A:398:THR:HB	1:A:427:THR:O	0.51	2.06	17	1
1:A:307:LEU:HB2	1:A:437:ILE:CG1	0.51	2.35	19	1
1:A:307:LEU:CD2	1:A:478:LYS:HZ3	0.51	2.19	1	1
1:A:341:LYS:CD	1:A:341:LYS:H	0.51	2.17	2	1
1:A:328:MET:HG3	1:A:476:VAL:HG12	0.51	1.82	4	1
1:A:444:ASN:O	1:A:444:ASN:OD1	0.51	2.28	5	1
1:A:324:LEU:HD22	1:A:325:TYR:N	0.51	2.21	6	1
1:A:329:THR:C	1:A:330:ILE:CG1	0.51	2.79	8	3
1:A:390:LEU:C	1:A:390:LEU:HD12	0.51	2.25	8	1
1:A:311:CYS:CB	1:A:439:PHE:CD1	0.51	2.94	10	1

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:347:TYR:CD2	1:A:359:ILE:HG21	0.51	2.40	18	2
1:A:317:LYS:HE2	1:A:318:PHE:CZ	0.51	2.41	18	1
1:A:308:TYR:OH	1:A:420:TYR:CZ	0.51	2.57	19	1
1:A:369:ARG:HD2	1:A:392:ARG:H	0.51	1.64	20	1
1:A:406:ASP:C	1:A:407:LEU:O	0.51	2.49	1	20
1:A:477:LYS:O	1:A:481:LYS:CG	0.51	2.59	12	8
1:A:309:MET:HG3	1:A:324:LEU:CD2	0.51	2.36	3	1
1:A:351:LYS:HB2	1:A:355:HIS:O	0.51	2.03	3	1
1:A:387:THR:O	1:A:389:VAL:HB	0.51	2.06	6	2
1:A:358:SER:CB	1:A:384:LEU:HG	0.51	2.36	14	3
1:A:326:GLY:O	1:A:353:GLU:OE1	0.51	2.29	11	1
1:A:364:LEU:HD23	1:A:364:LEU:O	0.51	2.06	12	1
1:A:389:VAL:CG2	1:A:426:ARG:NH2	0.51	2.74	12	1
1:A:402:VAL:HG23	1:A:427:THR:H	0.51	1.60	12	1
1:A:376:PHE:CE1	1:A:381:SER:HA	0.51	2.40	13	1
1:A:358:SER:OG	1:A:384:LEU:CD2	0.51	2.59	14	1
1:A:318:PHE:CD1	1:A:345:VAL:HG11	0.51	2.41	15	1
1:A:409:THR:O	1:A:416:ASP:HB3	0.51	2.06	15	1
1:A:388:ASN:CA	1:A:423:ARG:NH2	0.51	2.74	16	1
1:A:317:LYS:HD3	1:A:439:PHE:CB	0.51	2.36	17	1
1:A:422:HIS:HD1	1:A:422:HIS:H	0.51	1.48	18	1
1:A:317:LYS:HE2	1:A:439:PHE:CE2	0.51	2.41	19	1
1:A:401:MET:HA	1:A:427:THR:HG1	0.51	1.65	20	1
1:A:332:SER:HA	1:A:382:LYS:O	0.51	2.05	20	5
1:A:343:ALA:CB	1:A:359:ILE:HD11	0.51	2.35	6	4
1:A:403:VAL:HA	1:A:424:ILE:CB	0.51	2.36	1	1
1:A:459:ILE:O	1:A:460:GLU:HG2	0.51	2.04	13	7
1:A:325:TYR:HA	1:A:330:ILE:HD11	0.51	1.83	2	1
1:A:402:VAL:HG21	1:A:427:THR:HA	0.51	1.83	5	2
1:A:339:THR:OG1	1:A:342:THR:HB	0.51	2.05	4	14
1:A:343:ALA:HB2	1:A:387:THR:HG22	0.51	1.82	3	1
1:A:381:SER:C	1:A:383:VAL:N	0.51	2.63	5	4
1:A:320:VAL:O	1:A:324:LEU:HD23	0.51	2.05	14	2
1:A:309:MET:HB3	1:A:466:THR:HG22	0.51	1.83	7	1
1:A:399:VAL:O	1:A:399:VAL:CG2	0.51	2.59	7	1
1:A:315:ALA:CA	1:A:318:PHE:CE2	0.51	2.94	8	2
1:A:408:PRO:HG3	1:A:423:ARG:CD	0.51	2.36	16	2
1:A:309:MET:HG2	1:A:466:THR:HG21	0.51	1.83	10	1
1:A:321:LEU:CD2	1:A:404:ASN:C	0.51	2.80	14	1
1:A:330:ILE:HG12	1:A:331:GLY:N	0.51	2.20	18	1
1:A:401:MET:HA	1:A:427:THR:OG1	0.51	2.06	20	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:403:VAL:HG11	1:A:437:ILE:C	0.51	2.26	14	5
1:A:402:VAL:HB	1:A:427:THR:CG2	0.51	2.35	4	2
1:A:373:ILE:HD13	1:A:396:ILE:CD1	0.51	2.36	6	2
1:A:397:PRO:C	1:A:398:THR:O	0.51	2.50	12	7
1:A:333:SER:HA	1:A:399:VAL:CG2	0.51	2.34	8	1
1:A:392:ARG:CB	1:A:426:ARG:NE	0.51	2.74	8	1
1:A:325:TYR:CE2	1:A:334:ILE:N	0.51	2.79	10	2
1:A:402:VAL:HG12	1:A:424:ILE:HG23	0.51	1.83	13	1
1:A:456:PHE:CB	1:A:459:ILE:HG22	0.51	2.35	19	3
1:A:307:LEU:O	1:A:437:ILE:HG12	0.51	2.06	19	1
1:A:346:LEU:HD23	1:A:349:LYS:CE	0.51	2.36	19	1
1:A:303:ALA:CB	1:A:432:ARG:O	0.51	2.57	20	1
1:A:311:CYS:HG	1:A:317:LYS:HA	0.51	1.65	20	1
1:A:304:ILE:CD1	1:A:425:GLY:HA3	0.50	2.35	1	4
1:A:310:ASP:H	1:A:466:THR:CG2	0.50	2.19	20	2
1:A:321:LEU:CD1	1:A:404:ASN:N	0.50	2.74	2	1
1:A:328:MET:CA	1:A:480:LEU:HD11	0.50	2.35	16	2
1:A:332:SER:OG	1:A:382:LYS:C	0.50	2.50	3	2
1:A:431:GLY:O	1:A:434:GLY:N	0.50	2.44	4	1
1:A:299:VAL:HG22	1:A:422:HIS:CE1	0.50	2.42	5	1
1:A:374:ASP:OD1	1:A:374:ASP:O	0.50	2.29	5	2
1:A:336:PHE:CZ	1:A:386:THR:HG23	0.50	2.41	9	1
1:A:337:VAL:HG22	1:A:387:THR:HG22	0.50	1.82	10	1
1:A:306:GLN:NE2	1:A:459:ILE:HD12	0.50	2.21	11	1
1:A:427:THR:O	1:A:434:GLY:HA3	0.50	2.06	13	1
1:A:442:ASP:O	1:A:443:LYS:C	0.50	2.50	10	20
1:A:478:LYS:HA	1:A:481:LYS:HG3	0.50	1.83	12	7
1:A:402:VAL:CB	1:A:427:THR:HG22	0.50	2.35	4	1
1:A:477:LYS:C	1:A:481:LYS:HG3	0.50	2.26	13	2
1:A:379:GLY:O	1:A:380:ARG:C	0.50	2.49	5	1
1:A:404:ASN:ND2	1:A:407:LEU:HB3	0.50	2.21	12	4
1:A:334:ILE:HD13	1:A:334:ILE:N	0.50	2.20	8	1
1:A:449:LEU:CD2	1:A:450:SER:N	0.50	2.64	19	3
1:A:321:LEU:HD13	1:A:403:VAL:HB	0.50	1.84	19	1
1:A:333:SER:N	1:A:383:VAL:CG1	0.50	2.74	19	1
1:A:376:PHE:HD2	1:A:381:SER:HG	0.50	1.44	20	1
1:A:311:CYS:HB2	1:A:316:ASP:OD1	0.50	2.06	1	1
1:A:398:THR:HG21	1:A:429:ARG:N	0.50	2.21	7	2
1:A:356:GLU:OE2	1:A:379:GLY:O	0.50	2.28	13	2
1:A:322:THR:O	1:A:326:GLY:HA3	0.50	2.05	5	1
1:A:327:LEU:CD1	1:A:327:LEU:C	0.50	2.80	11	3

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:399:VAL:O	1:A:399:VAL:HG23	0.50	2.05	14	2
1:A:423:ARG:NE	1:A:423:ARG:CA	0.50	2.73	8	4
1:A:401:MET:SD	1:A:403:VAL:HG13	0.50	2.46	9	1
1:A:404:ASN:ND2	1:A:437:ILE:O	0.50	2.45	9	1
1:A:459:ILE:O	1:A:460:GLU:HG3	0.50	2.05	9	4
1:A:325:TYR:CB	1:A:403:VAL:HG21	0.50	2.36	10	1
1:A:394:ILE:H	1:A:394:ILE:HD12	0.50	1.65	11	1
1:A:336:PHE:CG	1:A:423:ARG:NH2	0.50	2.79	14	1
1:A:341:LYS:HD2	1:A:342:THR:N	0.50	2.21	16	1
1:A:404:ASN:ND2	1:A:424:ILE:HG13	0.50	2.21	16	2
1:A:351:LYS:CG	1:A:352:SER:N	0.50	2.73	18	1
1:A:440:VAL:HG21	1:A:449:LEU:HB2	0.50	1.83	18	1
1:A:362:GLY:O	1:A:364:LEU:N	0.50	2.44	3	3
1:A:376:PHE:CZ	1:A:383:VAL:O	0.50	2.65	3	1
1:A:390:LEU:CB	1:A:423:ARG:NH2	0.50	2.75	3	1
1:A:410:LEU:O	1:A:416:ASP:HA	0.50	2.07	3	1
1:A:325:TYR:HB3	1:A:401:MET:HE2	0.50	1.84	5	1
1:A:328:MET:CG	1:A:401:MET:HG3	0.50	2.36	6	1
1:A:453:GLN:HG2	1:A:461:MET:CE	0.50	2.36	6	1
1:A:402:VAL:CB	1:A:427:THR:H	0.50	2.19	8	4
1:A:337:VAL:HG12	1:A:406:ASP:CA	0.50	2.36	16	2
1:A:325:TYR:HD2	1:A:401:MET:SD	0.50	2.29	9	2
1:A:404:ASN:HD22	1:A:423:ARG:HG3	0.50	1.67	10	1
1:A:440:VAL:HG22	1:A:445:SER:CA	0.50	2.36	12	1
1:A:422:HIS:CE1	1:A:426:ARG:HD3	0.50	2.41	14	1
1:A:350:LEU:CD1	1:A:385:ILE:CD1	0.50	2.86	2	1
1:A:442:ASP:O	1:A:445:SER:HB2	0.50	2.06	8	7
1:A:380:ARG:O	1:A:380:ARG:HG3	0.50	2.07	3	3
1:A:474:LYS:HA	1:A:477:LYS:CE	0.50	2.36	3	1
1:A:341:LYS:HG3	1:A:342:THR:N	0.50	2.22	13	3
1:A:388:ASN:C	1:A:388:ASN:HD22	0.50	2.10	7	1
1:A:347:TYR:CE1	1:A:357:VAL:HB	0.50	2.41	8	1
1:A:332:SER:CB	1:A:399:VAL:HG22	0.50	2.36	11	1
1:A:335:ILE:HG21	1:A:346:LEU:HD13	0.50	1.83	19	3
1:A:391:ALA:HB3	1:A:394:ILE:CG1	0.50	2.36	12	1
1:A:335:ILE:CD1	1:A:335:ILE:N	0.50	2.74	17	2
1:A:351:LYS:HB2	1:A:357:VAL:CG2	0.50	2.37	17	1
1:A:356:GLU:C	1:A:356:GLU:OE2	0.50	2.50	17	1
1:A:341:LYS:HA	1:A:344:ASN:OD1	0.50	2.07	18	1
1:A:410:LEU:HA	1:A:414:GLN:C	0.50	2.26	9	5
1:A:347:TYR:O	1:A:351:LYS:HB3	0.50	2.06	9	8

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:442:ASP:O	1:A:446:PHE:N	0.50	2.42	18	12
1:A:453:GLN:HE21	1:A:459:ILE:HG12	0.50	1.67	3	3
1:A:478:LYS:NZ	1:A:479:VAL:HG23	0.50	2.21	7	2
1:A:364:LEU:HD12	1:A:364:LEU:O	0.50	2.04	6	1
1:A:332:SER:C	1:A:333:SER:OG	0.50	2.50	9	1
1:A:391:ALA:CA	1:A:394:ILE:HD11	0.50	2.37	12	1
1:A:424:ILE:HG22	1:A:427:THR:CG2	0.50	2.37	13	1
1:A:301:VAL:HB	1:A:456:PHE:CD1	0.50	2.42	14	1
1:A:334:ILE:O	1:A:402:VAL:HA	0.50	2.07	8	5
1:A:336:PHE:CZ	1:A:423:ARG:HD2	0.50	2.42	1	1
1:A:478:LYS:CA	1:A:481:LYS:HG3	0.50	2.37	2	7
1:A:308:TYR:CE2	1:A:440:VAL:CG2	0.50	2.95	10	2
1:A:419:THR:HG22	1:A:423:ARG:HB2	0.50	1.83	12	1
1:A:336:PHE:CD1	1:A:423:ARG:HD3	0.50	2.42	13	1
1:A:454:LYS:CD	1:A:454:LYS:C	0.50	2.80	13	1
1:A:323:GLU:HB2	1:A:349:LYS:HZ2	0.50	1.66	14	1
1:A:349:LYS:HZ3	1:A:349:LYS:CB	0.50	2.10	15	1
1:A:325:TYR:CZ	1:A:401:MET:CB	0.50	2.95	17	1
1:A:325:TYR:CE1	1:A:332:SER:C	0.50	2.85	18	1
1:A:332:SER:HB3	1:A:399:VAL:HG11	0.50	1.83	19	1
1:A:390:LEU:HD23	1:A:394:ILE:CD1	0.50	2.37	20	1
1:A:316:ASP:OD2	1:A:320:VAL:HG21	0.50	2.07	13	2
1:A:336:PHE:HA	1:A:386:THR:O	0.50	2.06	5	13
1:A:299:VAL:HG11	1:A:421:ILE:HG21	0.50	1.83	3	1
1:A:351:LYS:CG	1:A:355:HIS:O	0.50	2.59	3	1
1:A:350:LEU:HD23	1:A:353:GLU:OE2	0.50	2.07	5	1
1:A:404:ASN:HD21	1:A:407:LEU:N	0.50	2.05	13	2
1:A:307:LEU:HD23	1:A:462:THR:HG22	0.50	1.83	8	1
1:A:322:THR:CG2	1:A:335:ILE:HG12	0.50	2.36	9	3
1:A:309:MET:SD	1:A:437:ILE:CG2	0.50	2.99	9	1
1:A:460:GLU:O	1:A:460:GLU:OE2	0.50	2.29	16	3
1:A:334:ILE:HG12	1:A:399:VAL:CB	0.50	2.36	11	1
1:A:466:THR:O	1:A:467:ASP:C	0.50	2.50	14	1
1:A:317:LYS:HB3	1:A:317:LYS:HZ2	0.50	1.66	17	1
1:A:417:PRO:O	1:A:421:ILE:HB	0.50	2.07	6	10
1:A:476:VAL:O	1:A:479:VAL:CG2	0.50	2.58	13	4
1:A:311:CYS:HG	1:A:439:PHE:HE2	0.50	1.47	3	1
1:A:342:THR:HG22	1:A:346:LEU:CD1	0.50	2.37	3	1
1:A:457:GLY:O	1:A:458:ASP:CB	0.50	2.59	7	5
1:A:457:GLY:O	1:A:458:ASP:HB3	0.50	2.07	10	6
1:A:369:ARG:O	1:A:373:ILE:HG13	0.50	2.06	15	3

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:422:HIS:O	1:A:426:ARG:HB2	0.50	2.07	6	2
1:A:303:ALA:O	1:A:433:LYS:CB	0.50	2.60	8	1
1:A:375:ASP:O	1:A:379:GLY:HA3	0.50	2.06	14	2
1:A:318:PHE:CE1	1:A:345:VAL:HG11	0.50	2.41	15	1
1:A:380:ARG:O	1:A:380:ARG:HD2	0.50	2.05	17	1
1:A:478:LYS:HE3	1:A:479:VAL:CG2	0.49	2.29	5	6
1:A:321:LEU:HD23	1:A:321:LEU:H	0.49	1.67	2	1
1:A:323:GLU:OE2	1:A:327:LEU:HD11	0.49	2.07	2	1
1:A:440:VAL:CG1	1:A:463:ARG:NH2	0.49	2.75	2	1
1:A:355:HIS:O	1:A:356:GLU:HB2	0.49	2.06	7	6
1:A:378:GLU:C	1:A:380:ARG:H	0.49	2.11	19	2
1:A:337:VAL:CG1	1:A:346:LEU:HD11	0.49	2.36	5	1
1:A:321:LEU:O	1:A:325:TYR:HB3	0.49	2.08	6	1
1:A:407:LEU:HD23	1:A:407:LEU:N	0.49	2.21	6	2
1:A:407:LEU:CD1	1:A:420:TYR:CD1	0.49	2.77	6	1
1:A:442:ASP:O	1:A:445:SER:OG	0.49	2.26	10	2
1:A:365:GLN:NE2	1:A:368:GLU:OE2	0.49	2.45	8	1
1:A:367:GLN:CD	1:A:367:GLN:N	0.49	2.63	11	1
1:A:376:PHE:HB3	1:A:381:SER:HG	0.49	1.65	11	1
1:A:391:ALA:N	1:A:394:ILE:HD11	0.49	2.22	12	1
1:A:336:PHE:CZ	1:A:390:LEU:CB	0.49	2.95	14	1
1:A:306:GLN:CG	1:A:306:GLN:O	0.49	2.59	15	1
1:A:334:ILE:CG1	1:A:398:THR:HG23	0.49	2.37	17	1
1:A:427:THR:HG21	1:A:434:GLY:HA3	0.49	1.84	17	1
1:A:308:TYR:CG	1:A:309:MET:N	0.49	2.77	18	1
1:A:318:PHE:HB3	1:A:405:TYR:CE1	0.49	2.42	1	2
1:A:407:LEU:HB2	1:A:408:PRO:HD2	0.49	1.83	1	5
1:A:304:ILE:CD1	1:A:425:GLY:O	0.49	2.60	13	3
1:A:321:LEU:C	1:A:321:LEU:HD22	0.49	2.26	3	1
1:A:423:ARG:HA	1:A:423:ARG:HE	0.49	1.67	3	4
1:A:429:ARG:HB3	1:A:429:ARG:CZ	0.49	2.37	3	1
1:A:432:ARG:C	1:A:433:LYS:CG	0.49	2.80	3	2
1:A:346:LEU:CB	1:A:349:LYS:NZ	0.49	2.75	5	1
1:A:396:ILE:C	1:A:398:THR:N	0.49	2.63	12	4
1:A:313:ASN:CB	1:A:316:ASP:CB	0.49	2.90	13	3
1:A:312:LYS:HB3	1:A:316:ASP:OD1	0.49	2.08	13	1
1:A:400:SER:C	1:A:401:MET:CG	0.49	2.80	15	2
1:A:376:PHE:CD1	1:A:376:PHE:O	0.49	2.64	16	1
1:A:325:TYR:CD1	1:A:401:MET:CE	0.49	2.94	17	1
1:A:330:ILE:H	1:A:330:ILE:CD1	0.49	2.01	18	1
1:A:309:MET:HB3	1:A:466:THR:HG21	0.49	1.84	1	2

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:325:TYR:O	1:A:328:MET:N	0.49	2.43	1	2
1:A:338:ALA:N	1:A:406:ASP:OD2	0.49	2.44	7	3
1:A:325:TYR:CE2	1:A:437:ILE:CG1	0.49	2.95	5	1
1:A:341:LYS:NZ	1:A:341:LYS:HB3	0.49	2.22	5	1
1:A:365:GLN:HG3	1:A:367:GLN:CG	0.49	2.37	6	1
1:A:384:LEU:CD2	1:A:386:THR:CG2	0.49	2.90	8	1
1:A:468:ASP:HB2	1:A:470:ASP:OD1	0.49	2.07	10	1
1:A:426:ARG:HG3	1:A:426:ARG:HH11	0.49	1.67	12	1
1:A:460:GLU:OE1	1:A:460:GLU:O	0.49	2.30	13	1
1:A:338:ALA:CA	1:A:388:ASN:ND2	0.49	2.75	16	1
1:A:347:TYR:CE2	1:A:359:ILE:HG22	0.49	2.41	17	1
1:A:399:VAL:O	1:A:428:GLY:N	0.49	2.41	19	2
1:A:306:GLN:HA	1:A:436:ALA:O	0.49	2.07	15	7
1:A:336:PHE:H	1:A:404:ASN:HB3	0.49	1.67	16	4
1:A:325:TYR:C	1:A:330:ILE:HD11	0.49	2.26	20	2
1:A:327:LEU:HD13	1:A:469:TRP:CZ2	0.49	2.42	5	1
1:A:399:VAL:O	1:A:427:THR:HB	0.49	2.07	9	1
1:A:398:THR:O	1:A:398:THR:HG23	0.49	2.06	14	1
1:A:422:HIS:C	1:A:422:HIS:HD1	0.49	2.11	14	1
1:A:304:ILE:HA	1:A:434:GLY:O	0.49	2.07	19	15
1:A:318:PHE:HB3	1:A:346:LEU:HD22	0.49	1.83	2	1
1:A:449:LEU:O	1:A:453:GLN:HG3	0.49	2.07	7	4
1:A:340:LYS:HA	1:A:387:THR:HG21	0.49	1.84	3	1
1:A:351:LYS:HG3	1:A:355:HIS:O	0.49	2.07	3	1
1:A:440:VAL:HG22	1:A:445:SER:HB2	0.49	1.83	3	1
1:A:364:LEU:N	1:A:364:LEU:CD1	0.49	2.76	7	2
1:A:386:THR:HG21	1:A:390:LEU:HB2	0.49	1.84	11	2
1:A:425:GLY:C	1:A:427:THR:N	0.49	2.66	20	2
1:A:333:SER:OG	1:A:401:MET:HG3	0.49	2.07	13	1
1:A:330:ILE:HD11	1:A:401:MET:CE	0.49	2.37	15	1
1:A:321:LEU:CB	1:A:405:TYR:OH	0.49	2.61	18	1
1:A:452:ILE:HG21	1:A:461:MET:HE1	0.49	1.82	20	2
1:A:325:TYR:CB	1:A:401:MET:CG	0.49	2.90	2	1
1:A:398:THR:HG21	1:A:427:THR:C	0.49	2.27	3	1
1:A:321:LEU:CD2	1:A:321:LEU:C	0.49	2.77	17	5
1:A:342:THR:CG2	1:A:405:TYR:CD1	0.49	2.95	5	1
1:A:346:LEU:CD2	1:A:349:LYS:HZ1	0.49	2.20	5	1
1:A:362:GLY:C	1:A:363:ASP:CG	0.49	2.71	20	2
1:A:402:VAL:HB	1:A:427:THR:HG23	0.49	1.85	7	1
1:A:373:ILE:CG2	1:A:396:ILE:HG12	0.49	2.38	9	1
1:A:325:TYR:HE2	1:A:334:ILE:N	0.49	2.05	10	1

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:328:MET:HB2	1:A:476:VAL:CG1	0.49	2.38	15	3
1:A:340:LYS:HG3	1:A:361:HIS:CE1	0.49	2.42	10	1
1:A:404:ASN:OD1	1:A:407:LEU:HA	0.49	2.08	13	1
1:A:388:ASN:OD1	1:A:408:PRO:HG3	0.49	2.08	14	1
1:A:375:ASP:O	1:A:380:ARG:CB	0.49	2.61	15	1
1:A:449:LEU:HD23	1:A:450:SER:CA	0.49	2.38	20	3
1:A:402:VAL:HG22	1:A:427:THR:CG2	0.49	2.37	18	2
1:A:319:ASP:CA	1:A:349:LYS:HZ2	0.49	2.19	18	1
1:A:337:VAL:O	1:A:339:THR:N	0.49	2.46	1	2
1:A:398:THR:OG1	1:A:428:GLY:HA3	0.49	2.07	9	2
1:A:415:ALA:C	1:A:417:PRO:CD	0.49	2.81	8	1
1:A:369:ARG:NE	1:A:391:ALA:CB	0.49	2.76	9	1
1:A:314:GLU:O	1:A:317:LYS:CD	0.49	2.61	15	1
1:A:341:LYS:HB2	1:A:341:LYS:NZ	0.49	2.21	15	1
1:A:328:MET:HA	1:A:480:LEU:HD11	0.49	1.84	16	1
1:A:298:GLU:HG3	1:A:422:HIS:CD2	0.49	2.42	18	1
1:A:400:SER:OG	1:A:429:ARG:HB2	0.49	2.07	18	1
1:A:316:ASP:CG	1:A:320:VAL:HB	0.49	2.27	1	2
1:A:417:PRO:CB	1:A:452:ILE:HG23	0.49	2.31	1	1
1:A:311:CYS:HB3	1:A:439:PHE:CG	0.49	2.43	2	1
1:A:365:GLN:O	1:A:366:THR:C	0.49	2.51	12	8
1:A:389:VAL:O	1:A:390:LEU:CB	0.49	2.61	5	3
1:A:405:TYR:CD2	1:A:439:PHE:CD2	0.49	3.01	5	1
1:A:430:PHE:C	1:A:430:PHE:CD1	0.49	2.85	10	3
1:A:313:ASN:O	1:A:317:LYS:NZ	0.49	2.39	7	1
1:A:346:LEU:HD12	1:A:385:ILE:CG2	0.49	2.38	7	2
1:A:322:THR:HG23	1:A:325:TYR:CZ	0.49	2.42	9	1
1:A:333:SER:H	1:A:399:VAL:HG11	0.49	1.67	9	1
1:A:401:MET:CA	1:A:427:THR:HG22	0.49	2.34	12	1
1:A:306:GLN:HB3	1:A:436:ALA:HB3	0.49	1.85	13	1
1:A:356:GLU:O	1:A:381:SER:HB3	0.49	2.07	19	3
1:A:390:LEU:HD22	1:A:394:ILE:CD1	0.49	2.37	15	1
1:A:408:PRO:CD	1:A:423:ARG:HG3	0.49	2.38	17	1
1:A:420:TYR:CZ	1:A:452:ILE:HG21	0.49	2.42	17	1
1:A:469:TRP:O	1:A:473:GLU:OE2	0.49	2.30	18	1
1:A:375:ASP:CG	1:A:380:ARG:HH11	0.49	2.11	2	1
1:A:389:VAL:O	1:A:390:LEU:HB3	0.49	2.06	6	3
1:A:420:TYR:CD2	1:A:452:ILE:HG12	0.49	2.43	3	1
1:A:325:TYR:OH	1:A:335:ILE:CD1	0.49	2.61	4	1
1:A:339:THR:OG1	1:A:406:ASP:HB3	0.49	2.07	18	5
1:A:373:ILE:O	1:A:377:ARG:HB2	0.49	2.08	5	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:325:TYR:CE2	1:A:401:MET:C	0.49	2.86	6	2
1:A:334:ILE:HD13	1:A:399:VAL:CG1	0.49	2.37	6	1
1:A:325:TYR:CG	1:A:403:VAL:HG21	0.49	2.43	10	1
1:A:373:ILE:CD1	1:A:396:ILE:CG1	0.49	2.91	18	1
1:A:378:GLU:OE2	1:A:379:GLY:C	0.49	2.51	18	1
1:A:307:LEU:HD22	1:A:478:LYS:HZ1	0.49	1.68	19	1
1:A:442:ASP:CA	1:A:445:SER:OG	0.49	2.61	5	1
1:A:309:MET:SD	1:A:464:VAL:CG1	0.49	3.01	7	3
1:A:337:VAL:HA	1:A:404:ASN:HD21	0.49	1.66	20	2
1:A:319:ASP:O	1:A:323:GLU:CD	0.49	2.52	13	2
1:A:364:LEU:HB2	1:A:368:GLU:OE1	0.49	2.08	10	1
1:A:376:PHE:CD2	1:A:381:SER:CA	0.49	2.96	11	1
1:A:386:THR:CG2	1:A:390:LEU:HB2	0.49	2.38	11	2
1:A:356:GLU:OE2	1:A:357:VAL:CA	0.49	2.60	17	1
1:A:422:HIS:O	1:A:426:ARG:HD2	0.49	2.08	17	1
1:A:308:TYR:CD2	1:A:449:LEU:HB2	0.49	2.42	20	1
1:A:426:ARG:NH1	1:A:429:ARG:HA	0.49	2.22	20	1
1:A:310:ASP:C	1:A:466:THR:CG2	0.48	2.82	1	1
1:A:337:VAL:O	1:A:387:THR:HB	0.48	2.08	10	5
1:A:428:GLY:C	1:A:429:ARG:CG	0.48	2.81	4	1
1:A:365:GLN:O	1:A:368:GLU:HG3	0.48	2.08	10	4
1:A:345:VAL:HG12	1:A:346:LEU:HD23	0.48	1.85	10	1
1:A:386:THR:CG2	1:A:390:LEU:HD11	0.48	2.37	10	1
1:A:319:ASP:O	1:A:323:GLU:HG2	0.48	2.07	13	1
1:A:392:ARG:HG3	1:A:393:GLY:N	0.48	2.23	16	1
1:A:448:ILE:O	1:A:452:ILE:HG12	0.48	2.08	17	2
1:A:475:ILE:HA	1:A:478:LYS:CG	0.48	2.38	3	1
1:A:317:LYS:HB2	1:A:318:PHE:CD1	0.48	2.44	6	5
1:A:404:ASN:OD1	1:A:424:ILE:HG13	0.48	2.08	4	1
1:A:318:PHE:CD2	1:A:345:VAL:HG11	0.48	2.43	5	1
1:A:453:GLN:OE1	1:A:453:GLN:HA	0.48	2.08	5	1
1:A:419:THR:O	1:A:423:ARG:HG2	0.48	2.08	8	2
1:A:403:VAL:C	1:A:424:ILE:HG22	0.48	2.29	7	2
1:A:324:LEU:CD1	1:A:324:LEU:C	0.48	2.81	17	5
1:A:317:LYS:NZ	1:A:317:LYS:HB3	0.48	2.23	17	1
1:A:349:LYS:C	1:A:351:LYS:N	0.48	2.66	14	12
1:A:395:ASP:OD1	1:A:429:ARG:CZ	0.48	2.60	1	1
1:A:324:LEU:N	1:A:324:LEU:HD23	0.48	2.24	2	1
1:A:334:ILE:CD1	1:A:384:LEU:CB	0.48	2.92	10	2
1:A:341:LYS:NZ	1:A:342:THR:N	0.48	2.61	2	1
1:A:426:ARG:O	1:A:426:ARG:HG3	0.48	2.09	5	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:324:LEU:HD23	1:A:476:VAL:CG2	0.48	2.37	6	1
1:A:319:ASP:HB3	1:A:323:GLU:OE2	0.48	2.07	10	1
1:A:314:GLU:HA	1:A:317:LYS:NZ	0.48	2.24	13	1
1:A:325:TYR:CE2	1:A:401:MET:O	0.48	2.66	14	1
1:A:377:ARG:NE	1:A:377:ARG:C	0.48	2.66	14	1
1:A:393:GLY:O	1:A:395:ASP:OD1	0.48	2.30	15	1
1:A:355:HIS:O	1:A:356:GLU:HB3	0.48	2.06	19	1
1:A:339:THR:HB	1:A:342:THR:OG1	0.48	2.08	1	1
1:A:359:ILE:CB	1:A:385:ILE:O	0.48	2.61	3	1
1:A:319:ASP:OD2	1:A:323:GLU:OE1	0.48	2.31	5	1
1:A:324:LEU:HD22	1:A:324:LEU:O	0.48	2.08	6	1
1:A:466:THR:HA	1:A:472:VAL:CG2	0.48	2.38	13	2
1:A:328:MET:O	1:A:330:ILE:HG13	0.48	2.08	7	1
1:A:337:VAL:HG11	1:A:346:LEU:HD11	0.48	1.85	7	2
1:A:336:PHE:CE1	1:A:390:LEU:HD11	0.48	2.44	10	1
1:A:345:VAL:O	1:A:349:LYS:CD	0.48	2.61	11	1
1:A:362:GLY:C	1:A:369:ARG:HH21	0.48	2.10	15	1
1:A:336:PHE:C	1:A:337:VAL:HG22	0.48	2.28	17	1
1:A:321:LEU:HD11	1:A:404:ASN:CA	0.48	2.38	9	3
1:A:440:VAL:HG12	1:A:463:ARG:NE	0.48	2.24	2	1
1:A:422:HIS:CD2	1:A:422:HIS:O	0.48	2.66	12	2
1:A:360:LEU:H	1:A:386:THR:HB	0.48	1.67	14	3
1:A:314:GLU:O	1:A:317:LYS:HD2	0.48	2.09	8	1
1:A:340:LYS:HG3	1:A:361:HIS:NE2	0.48	2.23	10	1
1:A:349:LYS:HD2	1:A:350:LEU:H	0.48	1.66	10	1
1:A:365:GLN:O	1:A:368:GLU:CG	0.48	2.62	10	1
1:A:337:VAL:CG2	1:A:342:THR:CG2	0.48	2.91	11	1
1:A:451:ALA:O	1:A:454:LYS:HD2	0.48	2.08	14	1
1:A:330:ILE:CG1	1:A:401:MET:SD	0.48	3.01	15	1
1:A:444:ASN:HA	1:A:447:ASN:HD22	0.48	1.67	15	1
1:A:398:THR:HG21	1:A:428:GLY:N	0.48	2.18	18	1
1:A:368:GLU:O	1:A:369:ARG:C	0.48	2.52	7	16
1:A:372:LEU:C	1:A:372:LEU:CD1	0.48	2.73	4	1
1:A:384:LEU:CD2	1:A:390:LEU:CD1	0.48	2.90	5	1
1:A:325:TYR:O	1:A:330:ILE:CD1	0.48	2.62	7	5
1:A:341:LYS:N	1:A:341:LYS:NZ	0.48	2.61	8	1
1:A:392:ARG:HB2	1:A:426:ARG:CZ	0.48	2.38	8	1
1:A:342:THR:CG2	1:A:346:LEU:HD11	0.48	2.36	10	1
1:A:342:THR:O	1:A:346:LEU:CD2	0.48	2.62	13	1
1:A:310:ASP:OD2	1:A:441:HIS:NE2	0.48	2.46	14	1
1:A:321:LEU:CD2	1:A:404:ASN:CA	0.48	2.92	14	1

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:332:SER:OG	1:A:399:VAL:CG1	0.48	2.62	15	1
1:A:336:PHE:CE2	1:A:390:LEU:HD23	0.48	2.43	17	1
1:A:321:LEU:HD22	1:A:405:TYR:CE1	0.48	2.43	18	1
1:A:307:LEU:HB2	1:A:437:ILE:CD1	0.48	2.39	6	1
1:A:329:THR:OG1	1:A:480:LEU:HD12	0.48	2.09	6	2
1:A:332:SER:C	1:A:399:VAL:HG11	0.48	2.28	8	3
1:A:324:LEU:HD11	1:A:325:TYR:CE2	0.48	2.44	11	1
1:A:335:ILE:HG13	1:A:403:VAL:N	0.48	2.23	11	1
1:A:328:MET:HG2	1:A:401:MET:SD	0.48	2.49	12	1
1:A:419:THR:O	1:A:423:ARG:HB3	0.48	2.04	12	1
1:A:427:THR:O	1:A:434:GLY:HA2	0.48	2.09	13	1
1:A:459:ILE:C	1:A:460:GLU:HG3	0.48	2.28	13	1
1:A:398:THR:O	1:A:428:GLY:HA2	0.48	2.08	17	1
1:A:405:TYR:CZ	1:A:406:ASP:CB	0.48	2.97	19	1
1:A:325:TYR:CE2	1:A:332:SER:O	0.48	2.67	20	1
1:A:335:ILE:CA	1:A:403:VAL:O	0.48	2.57	1	2
1:A:410:LEU:CB	1:A:414:GLN:C	0.48	2.82	1	1
1:A:309:MET:HG3	1:A:466:THR:OG1	0.48	2.09	2	1
1:A:301:VAL:N	1:A:421:ILE:HD13	0.48	2.24	4	1
1:A:325:TYR:HB3	1:A:328:MET:CE	0.48	2.38	5	1
1:A:336:PHE:CE1	1:A:423:ARG:CD	0.48	2.96	5	1
1:A:321:LEU:O	1:A:324:LEU:HD11	0.48	2.08	6	1
1:A:443:LYS:HG2	1:A:444:ASN:H	0.48	1.67	8	2
1:A:423:ARG:O	1:A:426:ARG:HG2	0.48	2.09	11	1
1:A:377:ARG:NH1	1:A:377:ARG:HG3	0.48	2.22	14	1
1:A:356:GLU:C	1:A:357:VAL:HG23	0.48	2.29	16	1
1:A:466:THR:HB	1:A:472:VAL:CG2	0.48	2.39	20	1
1:A:337:VAL:CG2	1:A:342:THR:HB	0.48	2.38	1	1
1:A:360:LEU:O	1:A:386:THR:HA	0.48	2.09	20	6
1:A:301:VAL:H	1:A:421:ILE:HD13	0.48	1.68	4	1
1:A:404:ASN:CG	1:A:424:ILE:CG2	0.48	2.82	4	3
1:A:404:ASN:HD22	1:A:407:LEU:CB	0.48	2.22	6	1
1:A:305:LYS:HZ3	1:A:307:LEU:HD11	0.48	1.68	10	1
1:A:442:ASP:N	1:A:445:SER:HB3	0.48	2.24	14	2
1:A:311:CYS:SG	1:A:317:LYS:HB2	0.48	2.49	12	1
1:A:381:SER:O	1:A:382:LYS:HG3	0.48	2.08	14	1
1:A:330:ILE:CD1	1:A:401:MET:CE	0.48	2.92	15	1
1:A:409:THR:O	1:A:416:ASP:HB2	0.48	2.07	15	1
1:A:321:LEU:CD1	1:A:404:ASN:CA	0.48	2.92	2	1
1:A:433:LYS:N	1:A:433:LYS:CD	0.48	2.74	11	2
1:A:384:LEU:HG	1:A:384:LEU:O	0.48	2.09	4	1

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:359:ILE:O	1:A:359:ILE:CG2	0.48	2.62	19	5
1:A:330:ILE:HA	1:A:400:SER:OG	0.48	2.09	14	3
1:A:350:LEU:CD1	1:A:383:VAL:HG11	0.48	2.39	6	3
1:A:349:LYS:HZ3	1:A:350:LEU:HD23	0.48	1.69	7	1
1:A:407:LEU:CD1	1:A:420:TYR:HB2	0.48	2.38	8	1
1:A:392:ARG:HD3	1:A:392:ARG:H	0.48	1.67	14	2
1:A:400:SER:C	1:A:401:MET:HG2	0.48	2.28	12	3
1:A:459:ILE:HD11	1:A:461:MET:HG3	0.48	1.85	12	1
1:A:336:PHE:CE2	1:A:423:ARG:HG2	0.48	2.43	16	1
1:A:336:PHE:N	1:A:336:PHE:HD1	0.48	2.03	19	1
1:A:478:LYS:HE2	1:A:479:VAL:CG2	0.47	2.39	7	3
1:A:341:LYS:HZ3	1:A:342:THR:N	0.47	2.07	2	1
1:A:362:GLY:C	1:A:364:LEU:N	0.47	2.67	13	3
1:A:404:ASN:ND2	1:A:438:SER:HB2	0.47	2.24	3	1
1:A:402:VAL:CG1	1:A:427:THR:HG22	0.47	2.39	4	1
1:A:311:CYS:SG	1:A:317:LYS:HG3	0.47	2.48	6	1
1:A:443:LYS:HG3	1:A:444:ASN:N	0.47	2.23	8	1
1:A:408:PRO:HG2	1:A:419:THR:HG21	0.47	1.85	10	1
1:A:309:MET:CE	1:A:464:VAL:HG11	0.47	2.39	14	1
1:A:441:HIS:O	1:A:442:ASP:OD1	0.47	2.31	14	1
1:A:325:TYR:CZ	1:A:401:MET:HE3	0.47	2.44	15	1
1:A:311:CYS:CB	1:A:317:LYS:HG3	0.47	2.39	17	1
1:A:367:GLN:HG3	1:A:368:GLU:N	0.47	2.24	1	1
1:A:459:ILE:HD12	1:A:460:GLU:N	0.47	2.16	5	3
1:A:312:LYS:HZ1	1:A:468:ASP:C	0.47	2.12	3	1
1:A:369:ARG:NH1	1:A:391:ALA:HB1	0.47	2.24	5	1
1:A:299:VAL:CG1	1:A:421:ILE:CG2	0.47	2.92	6	1
1:A:386:THR:OG1	1:A:390:LEU:HB2	0.47	2.09	11	2
1:A:432:ARG:HH11	1:A:432:ARG:HG2	0.47	1.69	9	1
1:A:333:SER:CA	1:A:399:VAL:CG1	0.47	2.92	11	1
1:A:347:TYR:CD1	1:A:347:TYR:C	0.47	2.84	20	2
1:A:355:HIS:O	1:A:382:LYS:HE3	0.47	2.08	12	1
1:A:321:LEU:CD1	1:A:437:ILE:HB	0.47	2.39	13	1
1:A:404:ASN:ND2	1:A:407:LEU:N	0.47	2.62	13	1
1:A:308:TYR:HB2	1:A:462:THR:O	0.47	2.09	15	1
1:A:407:LEU:HD21	1:A:438:SER:HG	0.47	1.69	17	1
1:A:405:TYR:CE1	1:A:439:PHE:HB3	0.47	2.44	18	1
1:A:334:ILE:HD13	1:A:384:LEU:CB	0.47	2.38	2	1
1:A:324:LEU:O	1:A:476:VAL:CG2	0.47	2.62	3	1
1:A:398:THR:CB	1:A:427:THR:HG1	0.47	2.19	14	2
1:A:306:GLN:O	1:A:306:GLN:OE1	0.47	2.32	17	2

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:398:THR:CG2	1:A:429:ARG:N	0.47	2.77	7	1
1:A:416:ASP:OD1	1:A:419:THR:N	0.47	2.45	7	1
1:A:432:ARG:HG2	1:A:432:ARG:NH1	0.47	2.24	9	1
1:A:325:TYR:OH	1:A:435:VAL:C	0.47	2.51	12	1
1:A:423:ARG:HA	1:A:423:ARG:CZ	0.47	2.38	13	1
1:A:358:SER:HB3	1:A:376:PHE:CD1	0.47	2.44	14	1
1:A:388:ASN:ND2	1:A:423:ARG:HD2	0.47	2.25	14	1
1:A:408:PRO:HG2	1:A:419:THR:CG2	0.47	2.40	17	1
1:A:400:SER:OG	1:A:429:ARG:CB	0.47	2.62	18	1
1:A:354:GLY:C	1:A:355:HIS:O	0.47	2.53	8	7
1:A:325:TYR:CD2	1:A:333:SER:HB2	0.47	2.43	18	2
1:A:361:HIS:ND1	1:A:361:HIS:C	0.47	2.68	2	1
1:A:359:ILE:CA	1:A:385:ILE:O	0.47	2.63	4	2
1:A:324:LEU:HD13	1:A:476:VAL:CG2	0.47	2.25	7	2
1:A:325:TYR:CA	1:A:328:MET:SD	0.47	3.03	5	1
1:A:327:LEU:HD22	1:A:469:TRP:CZ2	0.47	2.45	7	1
1:A:459:ILE:CD1	1:A:461:MET:CE	0.47	2.87	7	2
1:A:309:MET:CG	1:A:464:VAL:HG23	0.47	2.39	8	1
1:A:338:ALA:HB2	1:A:408:PRO:CA	0.47	2.39	8	2
1:A:457:GLY:O	1:A:458:ASP:CG	0.47	2.53	8	1
1:A:390:LEU:HD23	1:A:394:ILE:HD11	0.47	1.87	20	2
1:A:391:ALA:C	1:A:392:ARG:O	0.47	2.53	10	3
1:A:402:VAL:HB	1:A:424:ILE:CG2	0.47	2.37	13	1
1:A:313:ASN:HD22	1:A:314:GLU:N	0.47	2.08	15	2
1:A:361:HIS:CD2	1:A:362:GLY:C	0.47	2.88	15	1
1:A:349:LYS:HB2	1:A:349:LYS:HZ1	0.47	1.69	18	1
1:A:327:LEU:HD13	1:A:473:GLU:HG3	0.47	1.85	19	1
1:A:360:LEU:HD22	1:A:390:LEU:C	0.47	2.25	19	1
1:A:404:ASN:ND2	1:A:407:LEU:HD22	0.47	2.23	19	1
1:A:329:THR:O	1:A:480:LEU:HD12	0.47	2.10	5	1
1:A:398:THR:HA	1:A:427:THR:OG1	0.47	2.10	14	2
1:A:298:GLU:O	1:A:298:GLU:HG2	0.47	2.08	13	2
1:A:321:LEU:HB2	1:A:439:PHE:CD2	0.47	2.44	8	1
1:A:336:PHE:CB	1:A:423:ARG:O	0.47	2.62	15	1
1:A:402:VAL:HG11	1:A:426:ARG:HB2	0.47	1.86	18	1
1:A:407:LEU:HB3	1:A:420:TYR:CD1	0.47	2.45	20	1
1:A:473:GLU:C	1:A:473:GLU:OE1	0.47	2.52	5	1
1:A:398:THR:OG1	1:A:428:GLY:C	0.47	2.51	9	1
1:A:429:ARG:CZ	1:A:429:ARG:HA	0.47	2.40	9	1
1:A:323:GLU:CD	1:A:469:TRP:NE1	0.47	2.68	12	2
1:A:390:LEU:N	1:A:390:LEU:HD12	0.47	2.24	12	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:313:ASN:HB2	1:A:316:ASP:CG	0.47	2.30	16	2
1:A:317:LYS:HD3	1:A:439:PHE:CD2	0.47	2.45	17	1
1:A:407:LEU:CD2	1:A:420:TYR:CD1	0.47	2.95	1	1
1:A:410:LEU:HB3	1:A:414:GLN:C	0.47	2.29	1	1
1:A:361:HIS:O	1:A:389:VAL:HB	0.47	2.09	16	3
1:A:375:ASP:O	1:A:380:ARG:HB2	0.47	2.10	15	4
1:A:459:ILE:HD11	1:A:461:MET:HE3	0.47	1.86	2	1
1:A:388:ASN:HA	1:A:423:ARG:HH11	0.47	1.70	3	1
1:A:416:ASP:CG	1:A:419:THR:HB	0.47	2.30	3	3
1:A:364:LEU:HB2	1:A:368:GLU:OE2	0.47	2.08	4	2
1:A:378:GLU:OE1	1:A:378:GLU:O	0.47	2.33	5	1
1:A:409:THR:O	1:A:410:LEU:O	0.47	2.31	5	2
1:A:328:MET:HE1	1:A:401:MET:SD	0.47	2.47	6	1
1:A:410:LEU:HD23	1:A:415:ALA:N	0.47	2.24	8	1
1:A:313:ASN:N	1:A:316:ASP:HB3	0.47	2.24	15	3
1:A:403:VAL:HG12	1:A:437:ILE:HB	0.47	1.85	9	2
1:A:306:GLN:NE2	1:A:461:MET:CB	0.47	2.78	11	1
1:A:325:TYR:OH	1:A:435:VAL:HG13	0.47	2.09	12	1
1:A:423:ARG:HH12	1:A:426:ARG:HH21	0.47	1.49	12	1
1:A:304:ILE:CD1	1:A:425:GLY:HA2	0.47	2.40	13	1
1:A:440:VAL:CG2	1:A:445:SER:HB3	0.47	2.37	13	1
1:A:385:ILE:N	1:A:385:ILE:CD1	0.47	2.77	14	1
1:A:474:LYS:NZ	1:A:474:LYS:CB	0.47	2.77	14	1
1:A:339:THR:HG21	1:A:406:ASP:OD1	0.47	2.07	16	1
1:A:354:GLY:O	1:A:381:SER:HB3	0.47	2.09	17	1
1:A:378:GLU:OE2	1:A:379:GLY:CA	0.47	2.63	18	1
1:A:398:THR:HG21	1:A:426:ARG:NH1	0.47	2.24	18	1
1:A:360:LEU:HB3	1:A:369:ARG:NH2	0.47	2.25	19	1
1:A:477:LYS:HZ2	1:A:477:LYS:HB2	0.47	1.69	20	1
1:A:304:ILE:O	1:A:305:LYS:C	0.47	2.53	7	5
1:A:308:TYR:HB2	1:A:461:MET:SD	0.47	2.50	1	1
1:A:306:GLN:OE1	1:A:436:ALA:CB	0.47	2.62	5	1
1:A:382:LYS:C	1:A:383:VAL:CG2	0.47	2.83	5	2
1:A:325:TYR:CZ	1:A:437:ILE:HD13	0.47	2.45	11	1
1:A:404:ASN:ND2	1:A:404:ASN:O	0.47	2.48	11	2
1:A:333:SER:H	1:A:383:VAL:HG13	0.47	1.69	12	1
1:A:387:THR:O	1:A:388:ASN:HB3	0.47	2.10	12	2
1:A:309:MET:HE3	1:A:324:LEU:CD2	0.47	2.39	14	1
1:A:377:ARG:O	1:A:377:ARG:CD	0.47	2.63	14	1
1:A:336:PHE:CD2	1:A:423:ARG:HB3	0.47	2.44	16	1
1:A:332:SER:HB3	1:A:382:LYS:O	0.47	2.07	3	4

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:410:LEU:N	1:A:416:ASP:OD2	0.47	2.46	5	1
1:A:349:LYS:HZ1	1:A:350:LEU:HD23	0.47	1.70	6	1
1:A:433:LYS:C	1:A:434:GLY:O	0.47	2.54	7	2
1:A:399:VAL:O	1:A:427:THR:OG1	0.47	2.33	9	1
1:A:322:THR:HB	1:A:349:LYS:HZ1	0.47	1.69	12	1
1:A:356:GLU:HG2	1:A:379:GLY:O	0.47	2.10	14	1
1:A:318:PHE:CB	1:A:405:TYR:CD2	0.47	2.98	15	1
1:A:388:ASN:HA	1:A:423:ARG:HH22	0.47	1.68	16	1
1:A:328:MET:CB	1:A:330:ILE:CD1	0.47	2.93	18	1
1:A:404:ASN:CG	1:A:407:LEU:HG	0.47	2.30	11	6
1:A:410:LEU:HD11	1:A:448:ILE:HD11	0.47	1.87	5	1
1:A:329:THR:C	1:A:330:ILE:HG12	0.47	2.30	17	4
1:A:335:ILE:CD1	1:A:403:VAL:O	0.47	2.63	6	1
1:A:461:MET:O	1:A:461:MET:HG2	0.47	2.09	6	3
1:A:334:ILE:HB	1:A:402:VAL:HG13	0.47	1.86	9	2
1:A:334:ILE:H	1:A:399:VAL:HG21	0.47	1.69	14	2
1:A:299:VAL:HG11	1:A:304:ILE:CD1	0.47	2.40	11	1
1:A:347:TYR:CE1	1:A:357:VAL:HG23	0.47	2.45	11	1
1:A:472:VAL:HB	1:A:473:GLU:OE2	0.47	2.10	18	1
1:A:312:LYS:HZ3	1:A:320:VAL:HG21	0.47	1.68	20	1
1:A:358:SER:CB	1:A:376:PHE:CD1	0.46	2.98	3	1
1:A:459:ILE:CD1	1:A:461:MET:HB2	0.46	2.34	12	3
1:A:301:VAL:H	1:A:421:ILE:CD1	0.46	2.23	4	1
1:A:370:ASP:OD1	1:A:374:ASP:OD2	0.46	2.32	4	1
1:A:401:MET:CE	1:A:401:MET:CA	0.46	2.93	5	1
1:A:333:SER:HA	1:A:399:VAL:CG1	0.46	2.40	11	1
1:A:423:ARG:HH22	1:A:426:ARG:NH2	0.46	2.01	12	2
1:A:319:ASP:CB	1:A:349:LYS:HD2	0.46	2.40	17	2
1:A:310:ASP:CG	1:A:441:HIS:CG	0.46	2.88	14	1
1:A:321:LEU:HD23	1:A:439:PHE:CE1	0.46	2.45	15	1
1:A:362:GLY:H	1:A:369:ARG:HH21	0.46	1.54	15	1
1:A:423:ARG:HH11	1:A:423:ARG:CG	0.46	2.23	17	1
1:A:320:VAL:O	1:A:324:LEU:CG	0.46	2.63	5	2
1:A:417:PRO:O	1:A:421:ILE:HG13	0.46	2.09	6	1
1:A:368:GLU:HG2	1:A:369:ARG:H	0.46	1.69	18	3
1:A:328:MET:CE	1:A:401:MET:HE2	0.46	2.39	13	2
1:A:423:ARG:NE	1:A:423:ARG:C	0.46	2.69	13	1
1:A:324:LEU:O	1:A:328:MET:N	0.46	2.48	15	1
1:A:328:MET:HA	1:A:480:LEU:CD1	0.46	2.40	16	1
1:A:310:ASP:C	1:A:311:CYS:O	0.46	2.53	4	10
1:A:417:PRO:O	1:A:421:ILE:CB	0.46	2.63	6	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:468:ASP:OD2	1:A:471:GLU:HB3	0.46	2.11	6	1
1:A:332:SER:HB3	1:A:382:LYS:C	0.46	2.31	7	2
1:A:409:THR:O	1:A:410:LEU:HB2	0.46	2.10	10	5
1:A:317:LYS:O	1:A:317:LYS:HD3	0.46	2.10	16	2
1:A:317:LYS:NZ	1:A:317:LYS:HA	0.46	2.24	9	1
1:A:325:TYR:CD2	1:A:401:MET:SD	0.46	3.08	9	1
1:A:369:ARG:NH2	1:A:370:ASP:OD2	0.46	2.48	9	1
1:A:432:ARG:CD	1:A:433:LYS:N	0.46	2.78	9	1
1:A:386:THR:HG21	1:A:390:LEU:HD21	0.46	1.86	10	1
1:A:306:GLN:NE2	1:A:420:TYR:CE2	0.46	2.83	12	1
1:A:319:ASP:HA	1:A:323:GLU:OE1	0.46	2.11	13	1
1:A:392:ARG:O	1:A:392:ARG:HD2	0.46	2.09	13	1
1:A:475:ILE:HG23	1:A:478:LYS:HZ3	0.46	1.70	14	1
1:A:392:ARG:NH1	1:A:392:ARG:HG3	0.46	2.26	17	1
1:A:324:LEU:CB	1:A:476:VAL:HG21	0.46	2.40	18	1
1:A:319:ASP:HB2	1:A:349:LYS:CD	0.46	2.40	19	1
1:A:361:HIS:N	1:A:369:ARG:NH2	0.46	2.63	19	1
1:A:333:SER:HB2	1:A:383:VAL:CG1	0.46	2.41	20	1
1:A:336:PHE:CD2	1:A:423:ARG:HD3	0.46	2.45	20	1
1:A:325:TYR:CE1	1:A:326:GLY:CA	0.46	2.98	1	1
1:A:346:LEU:O	1:A:350:LEU:HG	0.46	2.11	9	13
1:A:357:VAL:HA	1:A:381:SER:OG	0.46	2.10	2	3
1:A:360:LEU:CD1	1:A:384:LEU:HD21	0.46	2.41	2	2
1:A:329:THR:HG1	1:A:480:LEU:CD1	0.46	2.23	6	1
1:A:388:ASN:HA	1:A:423:ARG:CZ	0.46	2.41	7	1
1:A:324:LEU:O	1:A:328:MET:HB3	0.46	2.10	15	2
1:A:322:THR:CB	1:A:349:LYS:HZ1	0.46	2.24	12	1
1:A:318:PHE:CG	1:A:345:VAL:HG11	0.46	2.45	15	1
1:A:360:LEU:CD2	1:A:391:ALA:HB2	0.46	2.39	16	1
1:A:478:LYS:CD	1:A:479:VAL:CG2	0.46	2.94	17	1
1:A:453:GLN:OE1	1:A:461:MET:O	0.46	2.34	20	1
1:A:334:ILE:HG23	1:A:384:LEU:HB3	0.46	1.87	2	1
1:A:442:ASP:CG	1:A:444:ASN:HD21	0.46	2.14	2	1
1:A:424:ILE:CD1	1:A:424:ILE:N	0.46	2.79	4	4
1:A:389:VAL:HA	1:A:423:ARG:HH22	0.46	1.70	12	2
1:A:416:ASP:OD2	1:A:419:THR:HB	0.46	2.09	15	2
1:A:325:TYR:CB	1:A:328:MET:SD	0.46	3.04	5	1
1:A:365:GLN:O	1:A:368:GLU:N	0.46	2.49	5	1
1:A:373:ILE:CD1	1:A:394:ILE:CD1	0.46	2.92	5	1
1:A:430:PHE:CD1	1:A:431:GLY:N	0.46	2.82	6	1
1:A:453:GLN:CD	1:A:459:ILE:HG13	0.46	2.31	6	1

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:394:ILE:O	1:A:395:ASP:HB2	0.46	2.10	7	1
1:A:358:SER:OG	1:A:376:PHE:CD2	0.46	2.54	9	1
1:A:398:THR:CG2	1:A:428:GLY:N	0.46	2.79	19	1
1:A:325:TYR:HB2	1:A:401:MET:CB	0.46	2.41	2	1
1:A:426:ARG:C	1:A:427:THR:HG1	0.46	2.13	2	1
1:A:432:ARG:HD3	1:A:433:LYS:H	0.46	1.71	2	1
1:A:357:VAL:HG22	1:A:358:SER:N	0.46	2.23	19	6
1:A:346:LEU:CA	1:A:349:LYS:NZ	0.46	2.78	7	2
1:A:317:LYS:HG2	1:A:318:PHE:H	0.46	1.70	18	2
1:A:323:GLU:OE1	1:A:323:GLU:CA	0.46	2.61	20	3
1:A:357:VAL:HG12	1:A:358:SER:H	0.46	1.71	8	2
1:A:389:VAL:O	1:A:390:LEU:HB2	0.46	2.11	10	1
1:A:410:LEU:HD12	1:A:410:LEU:H	0.46	1.70	19	1
1:A:335:ILE:CG1	1:A:403:VAL:O	0.46	2.64	1	4
1:A:477:LYS:O	1:A:478:LYS:C	0.46	2.54	4	9
1:A:480:LEU:C	1:A:482:ASP:H	0.46	2.13	3	1
1:A:440:VAL:HG13	1:A:445:SER:CB	0.46	2.40	13	2
1:A:437:ILE:CG2	1:A:438:SER:N	0.46	2.79	8	2
1:A:394:ILE:O	1:A:394:ILE:CG2	0.46	2.63	9	1
1:A:325:TYR:HD2	1:A:403:VAL:CG2	0.46	2.20	10	1
1:A:318:PHE:HB3	1:A:342:THR:HG23	0.46	1.87	11	1
1:A:422:HIS:O	1:A:426:ARG:HG2	0.46	2.10	11	1
1:A:311:CYS:N	1:A:439:PHE:HD1	0.46	2.09	13	1
1:A:319:ASP:CA	1:A:349:LYS:NZ	0.46	2.78	14	1
1:A:371:ARG:N	1:A:371:ARG:HD3	0.46	2.25	15	1
1:A:433:LYS:O	1:A:433:LYS:HG3	0.46	2.11	20	1
1:A:335:ILE:HG23	1:A:404:ASN:CB	0.46	2.41	1	1
1:A:364:LEU:CD2	1:A:368:GLU:OE1	0.46	2.64	1	1
1:A:310:ASP:CG	1:A:441:HIS:CD2	0.46	2.89	4	1
1:A:464:VAL:HG23	1:A:475:ILE:HD12	0.46	1.87	4	1
1:A:403:VAL:HG21	1:A:437:ILE:HB	0.46	1.87	5	2
1:A:341:LYS:CA	1:A:341:LYS:NZ	0.46	2.71	8	1
1:A:358:SER:OG	1:A:384:LEU:HG	0.46	2.10	14	2
1:A:311:CYS:HB2	1:A:439:PHE:CD1	0.46	2.46	10	1
1:A:325:TYR:CG	1:A:333:SER:OG	0.46	2.69	10	1
1:A:318:PHE:CB	1:A:342:THR:HG23	0.46	2.40	11	1
1:A:363:ASP:O	1:A:364:LEU:CB	0.46	2.63	11	1
1:A:356:GLU:HG3	1:A:380:ARG:NH1	0.46	2.25	16	1
1:A:398:THR:OG1	1:A:426:ARG:HB3	0.46	2.10	16	1
1:A:347:TYR:CE2	1:A:357:VAL:HG23	0.46	2.46	17	1
1:A:472:VAL:CB	1:A:473:GLU:OE2	0.46	2.63	18	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:384:LEU:HD12	1:A:396:ILE:HD12	0.46	1.88	1	1
1:A:323:GLU:CD	1:A:327:LEU:HD11	0.46	2.31	2	1
1:A:392:ARG:CD	1:A:392:ARG:H	0.46	2.24	2	1
1:A:401:MET:CE	1:A:437:ILE:HD12	0.46	2.40	2	1
1:A:308:TYR:O	1:A:463:ARG:HA	0.46	2.11	3	9
1:A:344:ASN:OD1	1:A:344:ASN:C	0.46	2.54	4	1
1:A:386:THR:OG1	1:A:390:LEU:HA	0.46	2.11	4	1
1:A:443:LYS:HD3	1:A:444:ASN:H	0.46	1.70	20	2
1:A:299:VAL:HG21	1:A:422:HIS:ND1	0.46	2.26	6	1
1:A:322:THR:HG23	1:A:325:TYR:CE1	0.46	2.46	6	1
1:A:356:GLU:C	1:A:357:VAL:HG22	0.46	2.30	7	1
1:A:432:ARG:HE	1:A:433:LYS:H	0.46	1.53	9	1
1:A:444:ASN:HA	1:A:447:ASN:OD1	0.46	2.11	17	2
1:A:409:THR:C	1:A:410:LEU:HD23	0.46	2.30	13	1
1:A:366:THR:HG23	1:A:369:ARG:HD2	0.46	1.86	14	1
1:A:366:THR:CG2	1:A:369:ARG:HH12	0.46	2.24	16	2
1:A:368:GLU:HG3	1:A:369:ARG:H	0.46	1.70	16	1
1:A:402:VAL:CB	1:A:424:ILE:C	0.46	2.85	16	2
1:A:327:LEU:HD11	1:A:469:TRP:HZ2	0.46	1.70	17	1
1:A:363:ASP:O	1:A:369:ARG:NH1	0.46	2.48	18	1
1:A:430:PHE:O	1:A:431:GLY:C	0.46	2.53	18	1
1:A:317:LYS:HD2	1:A:439:PHE:CE2	0.46	2.45	20	1
1:A:398:THR:CB	1:A:428:GLY:HA3	0.46	2.40	1	1
1:A:322:THR:O	1:A:325:TYR:HB3	0.46	2.10	18	3
1:A:462:THR:HG22	1:A:464:VAL:H	0.46	1.69	2	4
1:A:328:MET:C	1:A:480:LEU:HD11	0.46	2.30	3	1
1:A:440:VAL:HG13	1:A:445:SER:OG	0.46	2.11	14	3
1:A:400:SER:O	1:A:401:MET:HG2	0.46	2.11	15	4
1:A:318:PHE:O	1:A:349:LYS:HE2	0.46	2.11	5	1
1:A:456:PHE:HB3	1:A:459:ILE:CG2	0.46	2.41	5	2
1:A:307:LEU:HD11	1:A:478:LYS:HZ1	0.46	1.71	6	1
1:A:376:PHE:CD1	1:A:396:ILE:CG2	0.46	2.97	6	1
1:A:402:VAL:HG13	1:A:427:THR:N	0.46	2.23	10	1
1:A:334:ILE:CD1	1:A:399:VAL:HG21	0.46	2.41	11	1
1:A:330:ILE:CG2	1:A:401:MET:SD	0.46	2.83	12	1
1:A:465:PRO:HB3	1:A:467:ASP:OD2	0.46	2.10	12	1
1:A:318:PHE:N	1:A:318:PHE:HD1	0.46	2.02	19	1
1:A:340:LYS:CG	1:A:341:LYS:N	0.45	2.79	12	3
1:A:313:ASN:O	1:A:316:ASP:N	0.45	2.49	5	1
1:A:403:VAL:HG11	1:A:437:ILE:O	0.45	2.10	14	2
1:A:404:ASN:HD22	1:A:407:LEU:HA	0.45	1.71	14	2

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:391:ALA:C	1:A:394:ILE:CD1	0.45	2.84	7	1
1:A:370:ASP:OD1	1:A:370:ASP:N	0.45	2.44	19	1
1:A:314:GLU:O	1:A:317:LYS:HG3	0.45	2.10	11	8
1:A:390:LEU:CB	1:A:423:ARG:HH22	0.45	2.24	3	1
1:A:311:CYS:HA	1:A:466:THR:HG21	0.45	1.87	5	1
1:A:356:GLU:O	1:A:381:SER:HA	0.45	2.11	5	2
1:A:468:ASP:CG	1:A:469:TRP:H	0.45	2.12	18	2
1:A:334:ILE:HD12	1:A:384:LEU:HB2	0.45	1.86	13	1
1:A:352:SER:CB	1:A:353:GLU:OE2	0.45	2.64	14	1
1:A:414:GLN:NE2	1:A:455:TYR:CE2	0.45	2.84	15	1
1:A:332:SER:CB	1:A:382:LYS:C	0.45	2.84	17	1
1:A:354:GLY:O	1:A:381:SER:CB	0.45	2.65	17	1
1:A:336:PHE:CD2	1:A:423:ARG:CD	0.45	2.99	19	1
1:A:473:GLU:O	1:A:476:VAL:HB	0.45	2.11	1	2
1:A:356:GLU:O	1:A:381:SER:HB2	0.45	2.07	3	1
1:A:432:ARG:C	1:A:433:LYS:HG3	0.45	2.29	3	2
1:A:333:SER:C	1:A:334:ILE:HD13	0.45	2.32	4	2
1:A:428:GLY:O	1:A:429:ARG:HG2	0.45	2.10	4	4
1:A:337:VAL:HG11	1:A:342:THR:HG22	0.45	1.88	5	1
1:A:451:ALA:O	1:A:452:ILE:C	0.45	2.54	14	4
1:A:350:LEU:HD23	1:A:350:LEU:N	0.45	2.26	6	1
1:A:468:ASP:O	1:A:472:VAL:HB	0.45	2.12	6	2
1:A:358:SER:O	1:A:384:LEU:HA	0.45	2.11	17	4
1:A:431:GLY:C	1:A:432:ARG:CG	0.45	2.85	10	2
1:A:453:GLN:HG2	1:A:459:ILE:H	0.45	1.71	9	2
1:A:420:TYR:CZ	1:A:452:ILE:HG12	0.45	2.47	14	2
1:A:430:PHE:N	1:A:430:PHE:CD1	0.45	2.84	12	3
1:A:318:PHE:CE1	1:A:349:LYS:NZ	0.45	2.84	15	1
1:A:361:HIS:O	1:A:362:GLY:C	0.45	2.54	19	1
1:A:401:MET:HE3	1:A:435:VAL:HG12	0.45	1.87	19	1
1:A:394:ILE:C	1:A:396:ILE:H	0.45	2.15	20	1
1:A:402:VAL:N	1:A:427:THR:HG1	0.45	2.08	20	1
1:A:307:LEU:HD23	1:A:462:THR:CG2	0.45	2.42	8	2
1:A:310:ASP:OD1	1:A:441:HIS:HB2	0.45	2.11	4	1
1:A:334:ILE:HG12	1:A:399:VAL:CG1	0.45	2.39	18	6
1:A:391:ALA:C	1:A:394:ILE:HG12	0.45	2.30	7	1
1:A:422:HIS:O	1:A:423:ARG:C	0.45	2.53	7	1
1:A:474:LYS:HA	1:A:477:LYS:CG	0.45	2.42	7	1
1:A:332:SER:CB	1:A:383:VAL:HG13	0.45	2.41	8	1
1:A:347:TYR:CE1	1:A:359:ILE:CG2	0.45	2.98	8	1
1:A:306:GLN:OE1	1:A:306:GLN:HA	0.45	2.10	9	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:453:GLN:HG2	1:A:459:ILE:N	0.45	2.26	9	1
1:A:335:ILE:HG13	1:A:403:VAL:CA	0.45	2.41	11	1
1:A:323:GLU:O	1:A:326:GLY:N	0.45	2.48	12	1
1:A:421:ILE:O	1:A:425:GLY:N	0.45	2.50	13	1
1:A:426:ARG:C	1:A:427:THR:O	0.45	2.55	17	1
1:A:378:GLU:OE2	1:A:379:GLY:N	0.45	2.49	18	1
1:A:347:TYR:N	1:A:385:ILE:HD13	0.45	2.26	19	1
1:A:397:PRO:C	1:A:398:THR:HG22	0.45	2.31	20	1
1:A:307:LEU:HD21	1:A:478:LYS:HZ1	0.45	1.70	12	3
1:A:373:ILE:HG13	1:A:391:ALA:HB1	0.45	1.87	1	1
1:A:459:ILE:CG1	1:A:461:MET:H	0.45	2.24	10	6
1:A:335:ILE:HG23	1:A:404:ASN:HA	0.45	1.87	17	2
1:A:354:GLY:C	1:A:356:GLU:N	0.45	2.69	2	1
1:A:417:PRO:O	1:A:421:ILE:N	0.45	2.49	17	3
1:A:386:THR:HG23	1:A:390:LEU:CB	0.45	2.42	4	1
1:A:317:LYS:HB2	1:A:318:PHE:CE1	0.45	2.46	6	1
1:A:328:MET:C	1:A:329:THR:HG1	0.45	2.10	6	1
1:A:309:MET:SD	1:A:464:VAL:HG13	0.45	2.52	7	1
1:A:403:VAL:HG13	1:A:437:ILE:N	0.45	2.27	20	2
1:A:392:ARG:O	1:A:392:ARG:HD3	0.45	2.11	13	1
1:A:309:MET:HE2	1:A:464:VAL:HG11	0.45	1.86	14	1
1:A:390:LEU:HG	1:A:391:ALA:N	0.45	2.24	17	2
1:A:420:TYR:CD2	1:A:452:ILE:CD1	0.45	3.00	19	1
1:A:373:ILE:HD12	1:A:394:ILE:HD13	0.45	1.89	2	1
1:A:376:PHE:CD2	1:A:381:SER:HB3	0.45	2.47	5	1
1:A:388:ASN:OD1	1:A:408:PRO:HB3	0.45	2.12	6	1
1:A:453:GLN:OE1	1:A:458:ASP:HA	0.45	2.12	6	2
1:A:364:LEU:HB2	1:A:368:GLU:CD	0.45	2.31	8	1
1:A:398:THR:CG2	1:A:428:GLY:CA	0.45	2.95	10	1
1:A:312:LYS:CB	1:A:316:ASP:OD1	0.45	2.64	13	1
1:A:321:LEU:O	1:A:324:LEU:CG	0.45	2.65	16	4
1:A:334:ILE:O	1:A:402:VAL:CG1	0.45	2.53	13	1
1:A:306:GLN:NE2	1:A:436:ALA:HB3	0.45	2.27	16	1
1:A:402:VAL:CG2	1:A:427:THR:CB	0.45	2.95	18	1
1:A:473:GLU:CD	1:A:477:LYS:HE3	0.45	2.32	19	1
1:A:446:PHE:O	1:A:450:SER:CB	0.45	2.64	3	1
1:A:388:ASN:O	1:A:389:VAL:HG12	0.45	2.12	12	5
1:A:369:ARG:O	1:A:373:ILE:CD1	0.45	2.65	5	1
1:A:395:ASP:O	1:A:397:PRO:HD3	0.45	2.11	5	3
1:A:358:SER:O	1:A:385:ILE:HD12	0.45	2.10	6	1
1:A:422:HIS:O	1:A:426:ARG:HB3	0.45	2.11	9	1

Continued on next page...



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:387:THR:C	1:A:388:ASN:O	0.45	2.54	10	1
1:A:321:LEU:HD21	1:A:335:ILE:HG12	0.45	1.88	11	2
1:A:422:HIS:CD2	1:A:426:ARG:HD2	0.45	2.47	11	1
1:A:427:THR:OG1	1:A:434:GLY:HA3	0.45	2.12	13	2
1:A:357:VAL:HA	1:A:381:SER:CB	0.45	2.41	16	1
1:A:388:ASN:HA	1:A:423:ARG:NH2	0.45	2.26	16	1
1:A:427:THR:HG22	1:A:428:GLY:N	0.45	2.27	20	1
1:A:308:TYR:CE2	1:A:463:ARG:HB2	0.45	2.47	1	1
1:A:330:ILE:O	1:A:331:GLY:C	0.45	2.49	2	1
1:A:323:GLU:OE2	1:A:469:TRP:CD1	0.45	2.70	6	1
1:A:356:GLU:OE1	1:A:380:ARG:HB3	0.45	2.12	6	1
1:A:332:SER:O	1:A:333:SER:OG	0.45	2.34	9	1
1:A:300:ASN:OD1	1:A:302:ASP:N	0.45	2.50	10	1
1:A:389:VAL:HG23	1:A:426:ARG:CZ	0.45	2.41	12	1
1:A:390:LEU:CD1	1:A:390:LEU:H	0.45	2.20	12	1
1:A:463:ARG:O	1:A:465:PRO:N	0.45	2.50	14	1
1:A:364:LEU:HB2	1:A:369:ARG:NH2	0.45	2.26	15	1
1:A:447:ASN:ND2	1:A:448:ILE:H	0.45	2.09	15	1
1:A:336:PHE:HA	1:A:386:THR:OG1	0.45	2.12	16	1
1:A:399:VAL:O	1:A:427:THR:HA	0.45	2.11	16	1
1:A:419:THR:HG22	1:A:423:ARG:HH11	0.45	1.72	16	1
1:A:423:ARG:NH1	1:A:423:ARG:HA	0.45	2.26	1	1
1:A:320:VAL:O	1:A:323:GLU:HB3	0.45	2.12	2	1
1:A:333:SER:OG	1:A:350:LEU:HD22	0.45	2.12	4	1
1:A:475:ILE:C	1:A:478:LYS:HZ2	0.45	2.12	4	1
1:A:318:PHE:HA	1:A:405:TYR:CD1	0.45	2.47	6	1
1:A:328:MET:C	1:A:329:THR:OG1	0.45	2.56	8	2
1:A:334:ILE:HD11	1:A:398:THR:OG1	0.45	2.11	8	1
1:A:360:LEU:HD13	1:A:391:ALA:N	0.45	2.26	10	1
1:A:424:ILE:HB	1:A:436:ALA:HB1	0.45	1.89	10	1
1:A:376:PHE:O	1:A:381:SER:CA	0.45	2.65	11	1
1:A:429:ARG:C	1:A:430:PHE:CG	0.45	2.90	12	3
1:A:402:VAL:CB	1:A:424:ILE:CG2	0.45	2.95	13	1
1:A:473:GLU:OE1	1:A:477:LYS:HD2	0.45	2.12	13	1
1:A:322:THR:OG1	1:A:346:LEU:HD13	0.45	2.11	14	1
1:A:460:GLU:C	1:A:461:MET:O	0.45	2.55	14	1
1:A:432:ARG:C	1:A:434:GLY:H	0.45	2.15	15	1
1:A:404:ASN:HD21	1:A:424:ILE:HG12	0.45	1.72	17	1
1:A:361:HIS:HB2	1:A:387:THR:OG1	0.45	2.12	18	1
1:A:310:ASP:O	1:A:466:THR:CG2	0.45	2.63	1	2
1:A:402:VAL:O	1:A:402:VAL:CG1	0.45	2.64	1	1

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:432:ARG:HG3	1:A:433:LYS:N	0.45	2.27	1	1
1:A:468:ASP:OD1	1:A:468:ASP:O	0.45	2.35	6	1
1:A:431:GLY:C	1:A:432:ARG:HG3	0.45	2.31	10	2
1:A:450:SER:O	1:A:454:LYS:HG2	0.45	2.11	7	1
1:A:429:ARG:O	1:A:430:PHE:HB3	0.45	2.12	8	1
1:A:320:VAL:O	1:A:324:LEU:HB3	0.45	2.12	9	2
1:A:363:ASP:O	1:A:364:LEU:HB2	0.45	2.12	11	2
1:A:309:MET:SD	1:A:464:VAL:HG22	0.45	2.52	13	2
1:A:473:GLU:CD	1:A:474:LYS:N	0.45	2.71	13	1
1:A:311:CYS:SG	1:A:441:HIS:CB	0.45	3.04	14	1
1:A:356:GLU:N	1:A:356:GLU:OE1	0.45	2.50	14	1
1:A:388:ASN:OD1	1:A:408:PRO:CG	0.45	2.65	14	1
1:A:404:ASN:HD21	1:A:424:ILE:CG1	0.45	2.25	16	1
1:A:369:ARG:HD2	1:A:391:ALA:CB	0.45	2.42	17	1
1:A:346:LEU:HB3	1:A:385:ILE:HG21	0.44	1.88	1	1
1:A:404:ASN:HD21	1:A:407:LEU:HG	0.44	1.71	1	1
1:A:323:GLU:OE1	1:A:323:GLU:C	0.44	2.55	2	1
1:A:376:PHE:CZ	1:A:382:LYS:C	0.44	2.91	7	1
1:A:435:VAL:HG22	1:A:479:VAL:HG11	0.44	1.88	7	1
1:A:320:VAL:CG1	1:A:321:LEU:N	0.44	2.79	11	1
1:A:309:MET:HG2	1:A:437:ILE:HG22	0.44	1.89	13	1
1:A:426:ARG:O	1:A:426:ARG:CZ	0.44	2.66	18	1
1:A:473:GLU:OE2	1:A:477:LYS:NZ	0.44	2.50	19	1
1:A:360:LEU:CD2	1:A:372:LEU:HD12	0.44	2.42	1	2
1:A:384:LEU:CD2	1:A:396:ILE:HG21	0.44	2.43	4	1
1:A:392:ARG:CZ	1:A:426:ARG:NH2	0.44	2.80	4	1
1:A:324:LEU:CD1	1:A:324:LEU:N	0.44	2.80	6	1
1:A:474:LYS:HG2	1:A:475:ILE:H	0.44	1.73	6	1
1:A:311:CYS:HB2	1:A:317:LYS:CD	0.44	2.42	7	1
1:A:377:ARG:HH22	1:A:397:PRO:HD2	0.44	1.72	7	1
1:A:341:LYS:HA	1:A:341:LYS:NZ	0.44	2.21	8	1
1:A:402:VAL:HG22	1:A:424:ILE:CB	0.44	2.43	8	1
1:A:462:THR:HG23	1:A:463:ARG:H	0.44	1.70	9	1
1:A:402:VAL:HG13	1:A:427:THR:CA	0.44	2.42	10	1
1:A:453:GLN:HG2	1:A:459:ILE:CG1	0.44	2.42	10	1
1:A:325:TYR:CD1	1:A:437:ILE:CD1	0.44	2.95	12	1
1:A:308:TYR:CE2	1:A:449:LEU:HG	0.44	2.47	17	1
1:A:378:GLU:HG3	1:A:380:ARG:H	0.44	1.73	18	1
1:A:443:LYS:O	1:A:447:ASN:OD1	0.44	2.35	20	1
1:A:332:SER:O	1:A:399:VAL:HB	0.44	2.11	12	3
1:A:410:LEU:HA	1:A:414:GLN:O	0.44	2.12	10	7

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:357:VAL:HG13	1:A:383:VAL:CG2	0.44	2.43	2	2
1:A:477:LYS:C	1:A:479:VAL:H	0.44	2.16	13	5
1:A:336:PHE:CD2	1:A:337:VAL:N	0.44	2.85	3	1
1:A:392:ARG:HH11	1:A:392:ARG:HG2	0.44	1.72	20	2
1:A:322:THR:CA	1:A:325:TYR:CD1	0.44	3.00	10	3
1:A:309:MET:HE1	1:A:325:TYR:CE2	0.44	2.48	11	1
1:A:330:ILE:CD1	1:A:400:SER:CB	0.44	2.93	11	1
1:A:369:ARG:CZ	1:A:369:ARG:CB	0.44	2.95	11	2
1:A:376:PHE:O	1:A:381:SER:CB	0.44	2.65	11	1
1:A:309:MET:HG3	1:A:466:THR:HG22	0.44	1.88	12	1
1:A:325:TYR:CZ	1:A:437:ILE:HD11	0.44	2.37	12	1
1:A:387:THR:O	1:A:388:ASN:CB	0.44	2.64	13	1
1:A:327:LEU:HD12	1:A:473:GLU:HB3	0.44	1.88	16	1
1:A:373:ILE:HG21	1:A:395:ASP:HB3	0.44	1.90	18	1
1:A:392:ARG:HH11	1:A:392:ARG:CG	0.44	2.25	20	1
1:A:402:VAL:HB	1:A:424:ILE:HB	0.44	1.89	2	2
1:A:432:ARG:CG	1:A:433:LYS:H	0.44	2.26	17	2
1:A:311:CYS:CB	1:A:439:PHE:CD2	0.44	3.00	3	1
1:A:336:PHE:CE2	1:A:389:VAL:N	0.44	2.85	4	1
1:A:404:ASN:OD1	1:A:424:ILE:CG1	0.44	2.65	4	1
1:A:426:ARG:CG	1:A:428:GLY:N	0.44	2.78	5	1
1:A:342:THR:CG2	1:A:405:TYR:CZ	0.44	2.96	9	2
1:A:349:LYS:HD3	1:A:349:LYS:H	0.44	1.71	11	1
1:A:423:ARG:HH11	1:A:423:ARG:HG3	0.44	1.72	12	1
1:A:360:LEU:HD22	1:A:391:ALA:CB	0.44	2.41	16	1
1:A:325:TYR:CZ	1:A:403:VAL:HG22	0.44	2.47	17	1
1:A:390:LEU:CD1	1:A:391:ALA:N	0.44	2.80	17	1
1:A:390:LEU:HD13	1:A:394:ILE:CD1	0.44	2.43	1	1
1:A:426:ARG:HG2	1:A:428:GLY:H	0.44	1.69	5	1
1:A:349:LYS:HZ3	1:A:350:LEU:CD2	0.44	2.26	7	1
1:A:373:ILE:CD1	1:A:394:ILE:HG22	0.44	2.42	7	1
1:A:307:LEU:C	1:A:308:TYR:CD1	0.44	2.91	9	1
1:A:317:LYS:HA	1:A:317:LYS:HZ3	0.44	1.72	9	1
1:A:350:LEU:CB	1:A:383:VAL:HG11	0.44	2.41	10	3
1:A:409:THR:HG21	1:A:448:ILE:HD12	0.44	1.88	14	1
1:A:301:VAL:HG11	1:A:306:GLN:NE2	0.44	2.28	15	1
1:A:409:THR:CG2	1:A:448:ILE:HD12	0.44	2.42	16	1
1:A:341:LYS:HG2	1:A:342:THR:N	0.44	2.27	18	1
1:A:312:LYS:HB3	1:A:316:ASP:OD2	0.44	2.13	2	1
1:A:323:GLU:O	1:A:324:LEU:C	0.44	2.55	2	2
1:A:394:ILE:HG21	1:A:396:ILE:CD1	0.44	2.35	7	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:400:SER:HB2	1:A:432:ARG:CZ	0.44	2.43	9	1
1:A:405:TYR:CD2	1:A:406:ASP:N	0.44	2.85	11	1
1:A:402:VAL:HG12	1:A:403:VAL:N	0.44	2.28	13	1
1:A:337:VAL:HG13	1:A:404:ASN:CB	0.44	2.43	14	1
1:A:377:ARG:O	1:A:377:ARG:NH2	0.44	2.51	17	1
1:A:316:ASP:CG	1:A:320:VAL:HG23	0.44	2.33	19	1
1:A:351:LYS:CB	1:A:357:VAL:HG12	0.44	2.43	19	1
1:A:420:TYR:CD2	1:A:452:ILE:HD13	0.44	2.47	19	1
1:A:424:ILE:O	1:A:426:ARG:CA	0.44	2.59	19	1
1:A:335:ILE:CG2	1:A:336:PHE:N	0.44	2.80	14	8
1:A:337:VAL:C	1:A:339:THR:N	0.44	2.71	1	2
1:A:440:VAL:HA	1:A:445:SER:OG	0.44	2.12	12	6
1:A:349:LYS:O	1:A:350:LEU:C	0.44	2.56	3	4
1:A:408:PRO:C	1:A:409:THR:OG1	0.44	2.54	4	1
1:A:386:THR:CB	1:A:389:VAL:O	0.44	2.65	5	1
1:A:310:ASP:O	1:A:310:ASP:OD2	0.44	2.35	20	2
1:A:322:THR:C	1:A:325:TYR:CD1	0.44	2.89	10	2
1:A:478:LYS:HD2	1:A:478:LYS:C	0.44	2.33	10	1
1:A:306:GLN:CD	1:A:420:TYR:OH	0.44	2.56	11	1
1:A:417:PRO:CG	1:A:455:TYR:HB2	0.44	2.42	11	1
1:A:323:GLU:H	1:A:349:LYS:NZ	0.44	2.04	12	1
1:A:404:ASN:CG	1:A:407:LEU:N	0.44	2.71	13	1
1:A:403:VAL:HG13	1:A:436:ALA:CA	0.44	2.43	14	1
1:A:311:CYS:HG	1:A:439:PHE:HE1	0.44	1.44	18	1
1:A:299:VAL:HG11	1:A:301:VAL:HG23	0.44	1.90	19	1
1:A:392:ARG:CG	1:A:392:ARG:NH1	0.44	2.78	20	1
1:A:384:LEU:CD2	1:A:385:ILE:N	0.44	2.80	1	1
1:A:357:VAL:HG13	1:A:383:VAL:O	0.44	2.13	3	1
1:A:364:LEU:HD22	1:A:368:GLU:OE2	0.44	2.13	3	1
1:A:318:PHE:HD1	1:A:405:TYR:CG	0.44	2.30	11	2
1:A:325:TYR:C	1:A:328:MET:HG2	0.44	2.33	5	1
1:A:373:ILE:HD13	1:A:373:ILE:H	0.44	1.69	5	1
1:A:299:VAL:HG11	1:A:421:ILE:HG22	0.44	1.90	6	1
1:A:478:LYS:NZ	1:A:479:VAL:HG22	0.44	2.28	6	1
1:A:373:ILE:HG21	1:A:395:ASP:OD2	0.44	2.12	10	1
1:A:347:TYR:O	1:A:351:LYS:HG2	0.44	2.11	11	1
1:A:417:PRO:HG2	1:A:455:TYR:CD1	0.44	2.48	11	1
1:A:307:LEU:CB	1:A:437:ILE:HG23	0.44	2.43	12	1
1:A:389:VAL:HA	1:A:426:ARG:NH2	0.44	2.28	12	1
1:A:391:ALA:CB	1:A:394:ILE:HG12	0.44	2.43	12	1
1:A:325:TYR:CE1	1:A:330:ILE:CD1	0.44	3.01	13	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:473:GLU:O	1:A:477:LYS:CG	0.44	2.66	13	2
1:A:451:ALA:O	1:A:454:LYS:HG3	0.44	2.13	14	1
1:A:395:ASP:N	1:A:395:ASP:OD1	0.44	2.50	15	1
1:A:404:ASN:OD1	1:A:424:ILE:HG12	0.44	2.12	18	2
1:A:459:ILE:C	1:A:460:GLU:HG2	0.44	2.34	17	1
1:A:405:TYR:CD2	1:A:439:PHE:HB3	0.44	2.48	18	1
1:A:426:ARG:HH12	1:A:428:GLY:CA	0.44	2.25	18	1
1:A:469:TRP:O	1:A:473:GLU:HG2	0.44	2.12	18	2
1:A:389:VAL:HA	1:A:423:ARG:HH12	0.44	1.72	4	1
1:A:473:GLU:C	1:A:477:LYS:HD2	0.44	2.33	13	2
1:A:481:LYS:HD2	1:A:482:ASP:C	0.44	2.33	4	1
1:A:453:GLN:CD	1:A:458:ASP:HA	0.44	2.33	5	1
1:A:453:GLN:CD	1:A:461:MET:CE	0.44	2.87	7	1
1:A:362:GLY:O	1:A:363:ASP:HB3	0.44	2.13	8	1
1:A:466:THR:OG1	1:A:472:VAL:HG21	0.44	2.10	8	1
1:A:408:PRO:CD	1:A:423:ARG:HD2	0.44	2.42	12	1
1:A:359:ILE:O	1:A:359:ILE:HG22	0.44	2.12	13	1
1:A:465:PRO:HD2	1:A:475:ILE:CD1	0.44	2.42	14	1
1:A:347:TYR:N	1:A:385:ILE:HD11	0.44	2.28	16	1
1:A:481:LYS:C	1:A:482:ASP:OXT	0.44	2.56	17	1
1:A:381:SER:O	1:A:382:LYS:HD3	0.44	2.12	18	1
1:A:432:ARG:HG3	1:A:433:LYS:H	0.43	1.73	1	2
1:A:326:GLY:C	1:A:353:GLU:OE1	0.43	2.56	11	1
1:A:432:ARG:CD	1:A:432:ARG:H	0.43	2.25	11	1
1:A:334:ILE:CG2	1:A:390:LEU:HD23	0.43	2.43	13	1
1:A:373:ILE:HD13	1:A:394:ILE:CG2	0.43	2.43	13	1
1:A:314:GLU:OE1	1:A:314:GLU:HA	0.43	2.12	15	1
1:A:318:PHE:O	1:A:321:LEU:HG	0.43	2.12	19	1
1:A:481:LYS:HD2	1:A:482:ASP:OXT	0.43	2.13	4	1
1:A:325:TYR:CG	1:A:328:MET:CE	0.43	3.01	5	1
1:A:349:LYS:HD2	1:A:350:LEU:CD2	0.43	2.43	5	1
1:A:364:LEU:CB	1:A:368:GLU:CD	0.43	2.86	8	1
1:A:351:LYS:C	1:A:351:LYS:HD2	0.43	2.33	10	1
1:A:373:ILE:CG2	1:A:395:ASP:OD2	0.43	2.65	10	1
1:A:427:THR:HB	1:A:435:VAL:H	0.43	1.73	13	1
1:A:333:SER:O	1:A:334:ILE:HG12	0.43	2.14	14	1
1:A:325:TYR:HB3	1:A:333:SER:OG	0.43	2.14	15	1
1:A:401:MET:O	1:A:401:MET:CG	0.43	2.64	16	1
1:A:368:GLU:C	1:A:368:GLU:OE2	0.43	2.57	17	1
1:A:373:ILE:HD12	1:A:396:ILE:HG12	0.43	1.90	18	1
1:A:336:PHE:CE2	1:A:423:ARG:CD	0.43	3.01	1	1

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:390:LEU:O	1:A:390:LEU:HD12	0.43	2.13	4	1
1:A:358:SER:HB2	1:A:376:PHE:CE1	0.43	2.47	7	1
1:A:478:LYS:CA	1:A:478:LYS:NZ	0.43	2.66	7	1
1:A:451:ALA:O	1:A:454:LYS:N	0.43	2.51	14	1
1:A:306:GLN:CD	1:A:459:ILE:CD1	0.43	2.86	15	1
1:A:313:ASN:HB3	1:A:316:ASP:CG	0.43	2.33	18	1
1:A:321:LEU:HB3	1:A:405:TYR:CZ	0.43	2.48	18	1
1:A:328:MET:SD	1:A:401:MET:CE	0.43	3.06	18	1
1:A:381:SER:OG	1:A:381:SER:O	0.43	2.34	19	1
1:A:478:LYS:NZ	1:A:478:LYS:C	0.43	2.71	4	1
1:A:346:LEU:CB	1:A:349:LYS:HZ1	0.43	2.25	5	1
1:A:338:ALA:CB	1:A:408:PRO:HA	0.43	2.44	9	2
1:A:357:VAL:HG23	1:A:358:SER:N	0.43	2.26	19	2
1:A:367:GLN:HA	1:A:370:ASP:OD1	0.43	2.13	9	1
1:A:401:MET:HE1	1:A:435:VAL:O	0.43	2.13	10	2
1:A:301:VAL:O	1:A:301:VAL:HG13	0.43	2.14	11	2
1:A:336:PHE:CE2	1:A:390:LEU:CB	0.43	3.01	14	1
1:A:336:PHE:CE2	1:A:390:LEU:HB2	0.43	2.48	14	1
1:A:480:LEU:HD23	1:A:480:LEU:N	0.43	2.28	14	1
1:A:439:PHE:CD1	1:A:439:PHE:N	0.43	2.86	15	1
1:A:392:ARG:CD	1:A:392:ARG:N	0.43	2.81	17	1
1:A:440:VAL:HG23	1:A:445:SER:C	0.43	2.32	19	1
1:A:402:VAL:HG21	1:A:427:THR:CA	0.43	2.43	2	1
1:A:327:LEU:HD21	1:A:473:GLU:HG3	0.43	1.85	6	2
1:A:336:PHE:H	1:A:404:ASN:CG	0.43	2.15	6	1
1:A:334:ILE:HD12	1:A:384:LEU:CB	0.43	2.43	8	1
1:A:394:ILE:HD12	1:A:394:ILE:H	0.43	1.73	8	1
1:A:332:SER:CB	1:A:399:VAL:HG12	0.43	2.44	9	2
1:A:369:ARG:HD2	1:A:391:ALA:C	0.43	2.33	10	1
1:A:342:THR:HG21	1:A:405:TYR:CE2	0.43	2.49	13	1
1:A:306:GLN:O	1:A:461:MET:HB3	0.43	2.12	14	1
1:A:332:SER:OG	1:A:399:VAL:HA	0.43	2.12	14	1
1:A:337:VAL:HA	1:A:406:ASP:O	0.43	2.13	20	1
1:A:347:TYR:CZ	1:A:357:VAL:O	0.43	2.72	5	2
1:A:335:ILE:HG13	1:A:350:LEU:HD11	0.43	1.90	4	1
1:A:370:ASP:OD1	1:A:374:ASP:CG	0.43	2.56	4	1
1:A:378:GLU:C	1:A:380:ARG:N	0.43	2.72	4	2
1:A:442:ASP:HB2	1:A:445:SER:OG	0.43	2.13	5	1
1:A:352:SER:C	1:A:353:GLU:OE1	0.43	2.57	7	1
1:A:423:ARG:CZ	1:A:426:ARG:HH22	0.43	2.26	12	1
1:A:324:LEU:O	1:A:325:TYR:C	0.43	2.57	19	5

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:335:ILE:O	1:A:385:ILE:HA	0.43	2.14	6	4
1:A:404:ASN:OD1	1:A:407:LEU:HG	0.43	2.13	2	2
1:A:311:CYS:CB	1:A:317:LYS:HE3	0.43	2.44	3	1
1:A:347:TYR:CG	1:A:359:ILE:HG21	0.43	2.48	3	1
1:A:420:TYR:CE2	1:A:452:ILE:HG12	0.43	2.48	11	2
1:A:336:PHE:HE2	1:A:389:VAL:N	0.43	2.11	4	1
1:A:394:ILE:C	1:A:396:ILE:N	0.43	2.68	4	1
1:A:369:ARG:HG3	1:A:391:ALA:HB2	0.43	1.90	5	1
1:A:328:MET:HE2	1:A:476:VAL:CG1	0.43	2.43	6	1
1:A:402:VAL:HG21	1:A:427:THR:CG2	0.43	2.41	6	1
1:A:350:LEU:C	1:A:357:VAL:HG21	0.43	2.33	7	1
1:A:333:SER:H	1:A:383:VAL:CG1	0.43	2.27	8	1
1:A:426:ARG:O	1:A:426:ARG:HD3	0.43	2.14	8	1
1:A:341:LYS:HD3	1:A:341:LYS:C	0.43	2.34	9	1
1:A:369:ARG:NE	1:A:391:ALA:HB1	0.43	2.29	9	1
1:A:456:PHE:CD1	1:A:456:PHE:O	0.43	2.72	9	1
1:A:426:ARG:C	1:A:427:THR:OG1	0.43	2.57	10	1
1:A:366:THR:O	1:A:367:GLN:C	0.43	2.56	11	4
1:A:311:CYS:CB	1:A:317:LYS:HD3	0.43	2.44	12	1
1:A:321:LEU:CD2	1:A:404:ASN:HA	0.43	2.42	14	1
1:A:336:PHE:C	1:A:404:ASN:HB3	0.43	2.34	14	1
1:A:390:LEU:O	1:A:392:ARG:NH1	0.43	2.52	14	1
1:A:319:ASP:OD2	1:A:320:VAL:N	0.43	2.52	15	1
1:A:380:ARG:HH11	1:A:380:ARG:HB2	0.43	1.71	17	1
1:A:422:HIS:O	1:A:426:ARG:CD	0.43	2.67	17	1
1:A:327:LEU:O	1:A:477:LYS:HE2	0.43	2.14	19	1
1:A:308:TYR:CD1	1:A:440:VAL:HB	0.43	2.49	20	1
1:A:313:ASN:OD1	1:A:315:ALA:N	0.43	2.52	20	1
1:A:422:HIS:NE2	1:A:426:ARG:HG3	0.43	2.29	1	1
1:A:443:LYS:C	1:A:445:SER:N	0.43	2.70	5	14
1:A:333:SER:H	1:A:383:VAL:HG22	0.43	1.73	3	1
1:A:459:ILE:HG13	1:A:461:MET:N	0.43	2.28	3	3
1:A:301:VAL:HB	1:A:421:ILE:CD1	0.43	2.44	4	2
1:A:408:PRO:HG3	1:A:419:THR:CG2	0.43	2.43	7	1
1:A:473:GLU:OE2	1:A:474:LYS:HG2	0.43	2.14	7	1
1:A:478:LYS:NZ	1:A:478:LYS:HB3	0.43	2.28	7	1
1:A:398:THR:CG2	1:A:428:GLY:HA3	0.43	2.43	8	1
1:A:466:THR:CB	1:A:472:VAL:CG2	0.43	2.96	14	2
1:A:363:ASP:C	1:A:364:LEU:O	0.43	2.57	20	2
1:A:345:VAL:O	1:A:349:LYS:HD3	0.43	2.14	11	1
1:A:401:MET:CG	1:A:402:VAL:N	0.43	2.82	11	1

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:402:VAL:HG23	1:A:427:THR:CG2	0.43	2.43	12	1
1:A:407:LEU:CD1	1:A:407:LEU:N	0.43	2.80	14	1
1:A:426:ARG:NH1	1:A:426:ARG:C	0.43	2.71	18	1
1:A:422:HIS:CE1	1:A:426:ARG:HD2	0.43	2.49	1	1
1:A:376:PHE:CD1	1:A:381:SER:HB2	0.43	2.47	4	1
1:A:402:VAL:CG1	1:A:425:GLY:CA	0.43	2.96	4	2
1:A:311:CYS:CB	1:A:317:LYS:HA	0.43	2.44	5	2
1:A:407:LEU:HD22	1:A:420:TYR:CD1	0.43	2.49	5	1
1:A:304:ILE:HG22	1:A:435:VAL:CA	0.43	2.44	8	1
1:A:381:SER:O	1:A:382:LYS:HD2	0.43	2.14	8	1
1:A:477:LYS:O	1:A:481:LYS:HB3	0.43	2.14	8	1
1:A:390:LEU:N	1:A:390:LEU:CD1	0.43	2.81	12	1
1:A:322:THR:O	1:A:325:TYR:HD2	0.43	1.87	16	2
1:A:408:PRO:O	1:A:409:THR:O	0.43	2.37	14	1
1:A:453:GLN:HE22	1:A:461:MET:CE	0.43	2.25	14	1
1:A:350:LEU:HD22	1:A:383:VAL:CB	0.43	2.44	15	1
1:A:369:ARG:HD3	1:A:369:ARG:N	0.43	2.29	15	1
1:A:455:TYR:CD1	1:A:455:TYR:O	0.43	2.72	19	1
1:A:463:ARG:NH1	1:A:464:VAL:O	0.43	2.51	20	1
1:A:336:PHE:CE2	1:A:423:ARG:HB3	0.43	2.49	1	1
1:A:337:VAL:HG12	1:A:406:ASP:CB	0.43	2.44	1	1
1:A:419:THR:O	1:A:420:TYR:C	0.43	2.56	3	1
1:A:422:HIS:CD2	1:A:426:ARG:NE	0.43	2.87	4	1
1:A:310:ASP:H	1:A:466:THR:HG23	0.43	1.71	7	1
1:A:325:TYR:CZ	1:A:437:ILE:CB	0.43	3.02	7	1
1:A:477:LYS:HG3	1:A:477:LYS:H	0.43	1.43	7	1
1:A:477:LYS:HE2	1:A:481:LYS:CE	0.43	2.44	7	1
1:A:466:THR:OG1	1:A:472:VAL:HG23	0.43	2.11	8	1
1:A:401:MET:HE1	1:A:435:VAL:HG23	0.43	1.90	9	1
1:A:300:ASN:OD1	1:A:302:ASP:HB2	0.43	2.14	11	1
1:A:360:LEU:CD1	1:A:394:ILE:HD11	0.43	2.43	14	1
1:A:384:LEU:CD1	1:A:394:ILE:HG21	0.43	2.44	14	1
1:A:408:PRO:O	1:A:409:THR:C	0.43	2.56	14	1
1:A:386:THR:HB	1:A:390:LEU:HD12	0.43	1.82	15	1
1:A:463:ARG:O	1:A:463:ARG:HG2	0.43	2.13	16	1
1:A:423:ARG:NH1	1:A:423:ARG:CG	0.43	2.77	17	1
1:A:478:LYS:HD3	1:A:479:VAL:CA	0.43	2.44	17	1
1:A:473:GLU:OE2	1:A:477:LYS:HE3	0.43	2.14	19	1
1:A:355:HIS:O	1:A:356:GLU:HG3	0.42	2.14	2	1
1:A:308:TYR:HB3	1:A:462:THR:O	0.42	2.14	4	2
1:A:299:VAL:HG23	1:A:422:HIS:NE2	0.42	2.27	5	1

Continued on next page...



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:403:VAL:O	1:A:404:ASN:CG	0.42	2.58	5	1
1:A:404:ASN:ND2	1:A:424:ILE:HG12	0.42	2.29	9	1
1:A:317:LYS:NZ	1:A:439:PHE:CD1	0.42	2.73	10	1
1:A:306:GLN:HE21	1:A:459:ILE:HD12	0.42	1.73	11	1
1:A:410:LEU:CG	1:A:448:ILE:HD11	0.42	2.44	12	1
1:A:449:LEU:CD2	1:A:449:LEU:C	0.42	2.88	19	2
1:A:403:VAL:HA	1:A:424:ILE:CG1	0.42	2.45	1	2
1:A:436:ALA:C	1:A:437:ILE:HG12	0.42	2.34	4	2
1:A:416:ASP:C	1:A:416:ASP:OD1	0.42	2.56	3	1
1:A:324:LEU:HA	1:A:327:LEU:CD1	0.42	2.44	4	1
1:A:299:VAL:HG21	1:A:422:HIS:CB	0.42	2.44	6	1
1:A:442:ASP:OD1	1:A:443:LYS:HG2	0.42	2.14	6	1
1:A:377:ARG:NH2	1:A:397:PRO:HD2	0.42	2.29	7	1
1:A:316:ASP:O	1:A:317:LYS:C	0.42	2.57	16	3
1:A:317:LYS:NZ	1:A:439:PHE:CD2	0.42	2.87	10	1
1:A:325:TYR:HA	1:A:401:MET:HE1	0.42	1.91	11	1
1:A:307:LEU:CA	1:A:437:ILE:HG23	0.42	2.44	12	1
1:A:339:THR:H	1:A:339:THR:HG1	0.42	1.45	12	1
1:A:336:PHE:CE2	1:A:408:PRO:HD3	0.42	2.49	13	1
1:A:330:ILE:CA	1:A:400:SER:OG	0.42	2.68	14	1
1:A:362:GLY:O	1:A:363:ASP:HB2	0.42	2.14	14	1
1:A:311:CYS:CB	1:A:317:LYS:HB3	0.42	2.44	15	1
1:A:380:ARG:CD	1:A:380:ARG:C	0.42	2.87	17	1
1:A:407:LEU:CD2	1:A:438:SER:OG	0.42	2.59	17	1
1:A:432:ARG:CZ	1:A:480:LEU:HA	0.42	2.45	18	1
1:A:463:ARG:O	1:A:463:ARG:HD3	0.42	2.14	20	2
1:A:319:ASP:OD2	1:A:349:LYS:HB3	0.42	2.15	5	1
1:A:398:THR:HB	1:A:429:ARG:O	0.42	2.13	5	1
1:A:372:LEU:HA	1:A:375:ASP:OD2	0.42	2.14	9	2
1:A:466:THR:OG1	1:A:466:THR:O	0.42	2.33	8	1
1:A:341:LYS:C	1:A:341:LYS:CD	0.42	2.88	9	1
1:A:358:SER:OG	1:A:384:LEU:HD12	0.42	2.13	12	2
1:A:404:ASN:CG	1:A:407:LEU:CD2	0.42	2.87	9	1
1:A:337:VAL:HG23	1:A:339:THR:N	0.42	2.25	11	1
1:A:307:LEU:CB	1:A:437:ILE:CG2	0.42	2.97	12	1
1:A:397:PRO:CB	1:A:429:ARG:NH1	0.42	2.82	16	1
1:A:336:PHE:CZ	1:A:390:LEU:HD23	0.42	2.50	17	1
1:A:308:TYR:CD1	1:A:308:TYR:O	0.42	2.71	18	1
1:A:449:LEU:HD12	1:A:461:MET:SD	0.42	2.52	18	1
1:A:427:THR:HB	1:A:434:GLY:CA	0.42	2.44	19	1
1:A:409:THR:HG22	1:A:415:ALA:CA	0.42	2.44	20	1

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:381:SER:OG	1:A:397:PRO:HG2	0.42	2.14	1	1
1:A:351:LYS:HB2	1:A:356:GLU:CA	0.42	2.44	3	1
1:A:428:GLY:O	1:A:429:ARG:CG	0.42	2.68	4	1
1:A:320:VAL:O	1:A:324:LEU:HG	0.42	2.13	5	2
1:A:324:LEU:CG	1:A:325:TYR:H	0.42	2.28	5	1
1:A:334:ILE:HD12	1:A:384:LEU:H	0.42	1.74	6	1
1:A:307:LEU:O	1:A:437:ILE:HA	0.42	2.14	9	3
1:A:414:GLN:HG3	1:A:415:ALA:H	0.42	1.74	9	1
1:A:461:MET:HE3	1:A:461:MET:H	0.42	1.74	9	1
1:A:369:ARG:CG	1:A:369:ARG:NH1	0.42	2.81	10	1
1:A:317:LYS:HE2	1:A:405:TYR:CE1	0.42	2.50	12	1
1:A:396:ILE:O	1:A:397:PRO:C	0.42	2.58	17	1
1:A:376:PHE:CG	1:A:381:SER:HB3	0.42	2.49	2	1
1:A:481:LYS:CD	1:A:482:ASP:OXT	0.42	2.67	7	1
1:A:361:HIS:ND1	1:A:363:ASP:OD1	0.42	2.52	8	1
1:A:402:VAL:HG11	1:A:426:ARG:N	0.42	2.29	8	1
1:A:459:ILE:HD11	1:A:461:MET:N	0.42	2.29	10	2
1:A:345:VAL:O	1:A:349:LYS:HG2	0.42	2.15	13	1
1:A:376:PHE:CE2	1:A:381:SER:HB2	0.42	2.50	13	1
1:A:311:CYS:HB2	1:A:317:LYS:CG	0.42	2.44	14	1
1:A:336:PHE:CB	1:A:423:ARG:CD	0.42	2.98	20	1
1:A:463:ARG:HH12	1:A:465:PRO:HA	0.42	1.74	20	1
1:A:361:HIS:H	1:A:364:LEU:HD12	0.42	1.73	3	1
1:A:477:LYS:H	1:A:477:LYS:HG3	0.42	1.47	8	1
1:A:330:ILE:HG13	1:A:331:GLY:H	0.42	1.75	19	4
1:A:335:ILE:HG13	1:A:403:VAL:C	0.42	2.34	11	1
1:A:399:VAL:HG12	1:A:401:MET:H	0.42	1.74	11	1
1:A:337:VAL:HA	1:A:404:ASN:OD1	0.42	2.14	13	1
1:A:376:PHE:CE2	1:A:381:SER:CB	0.42	3.02	13	1
1:A:390:LEU:CD1	1:A:423:ARG:HH12	0.42	2.26	13	1
1:A:325:TYR:O	1:A:328:MET:HB2	0.42	2.14	18	1
1:A:348:GLY:O	1:A:351:LYS:HG2	0.42	2.15	18	1
1:A:308:TYR:OH	1:A:420:TYR:CE2	0.42	2.73	19	1
1:A:325:TYR:CD1	1:A:330:ILE:CG1	0.42	3.02	1	1
1:A:325:TYR:CB	1:A:333:SER:HB2	0.42	2.44	2	1
1:A:462:THR:HG23	1:A:464:VAL:HG22	0.42	1.91	3	1
1:A:325:TYR:CD2	1:A:435:VAL:HG21	0.42	2.50	5	1
1:A:321:LEU:HD13	1:A:405:TYR:N	0.42	2.29	6	1
1:A:306:GLN:C	1:A:307:LEU:CD2	0.42	2.87	7	1
1:A:325:TYR:CD2	1:A:403:VAL:HG13	0.42	2.49	8	1
1:A:386:THR:OG1	1:A:390:LEU:CA	0.42	2.68	8	1

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:448:ILE:HG22	1:A:452:ILE:HD11	0.42	1.90	10	1
1:A:350:LEU:CD1	1:A:383:VAL:CG1	0.42	2.83	14	1
1:A:357:VAL:CA	1:A:381:SER:HB2	0.42	2.44	15	1
1:A:309:MET:CG	1:A:466:THR:HG22	0.42	2.45	16	1
1:A:392:ARG:CG	1:A:393:GLY:N	0.42	2.82	16	1
1:A:368:GLU:OE2	1:A:369:ARG:HA	0.42	2.13	17	1
1:A:325:TYR:CZ	1:A:332:SER:O	0.42	2.73	20	1
1:A:463:ARG:HG2	1:A:463:ARG:HH11	0.42	1.75	20	1
1:A:325:TYR:OH	1:A:333:SER:OG	0.42	2.32	1	1
1:A:347:TYR:CA	1:A:385:ILE:HD11	0.42	2.44	1	1
1:A:390:LEU:HD13	1:A:394:ILE:HD11	0.42	1.91	1	1
1:A:362:GLY:CA	1:A:389:VAL:HG21	0.42	2.43	2	1
1:A:385:ILE:C	1:A:386:THR:CG2	0.42	2.84	4	2
1:A:402:VAL:C	1:A:424:ILE:HB	0.42	2.35	6	1
1:A:369:ARG:HG2	1:A:370:ASP:N	0.42	2.29	8	2
1:A:372:LEU:O	1:A:375:ASP:CG	0.42	2.58	8	1
1:A:394:ILE:HG21	1:A:396:ILE:HG12	0.42	1.90	12	1
1:A:305:LYS:O	1:A:435:VAL:HA	0.42	2.15	13	1
1:A:319:ASP:OD2	1:A:349:LYS:NZ	0.42	2.53	14	1
1:A:356:GLU:CG	1:A:379:GLY:O	0.42	2.68	14	1
1:A:390:LEU:HD11	1:A:396:ILE:HD13	0.42	1.92	14	1
1:A:429:ARG:NH1	1:A:429:ARG:HG2	0.42	2.30	14	1
1:A:453:GLN:OE1	1:A:461:MET:CE	0.42	2.67	14	1
1:A:298:GLU:C	1:A:300:ASN:N	0.42	2.73	19	1
1:A:356:GLU:CD	1:A:379:GLY:HA3	0.42	2.35	19	1
1:A:368:GLU:OE1	1:A:368:GLU:O	0.42	2.38	20	1
1:A:337:VAL:O	1:A:387:THR:HA	0.42	2.15	2	1
1:A:440:VAL:HG12	1:A:463:ARG:NH2	0.42	2.30	2	1
1:A:320:VAL:CG2	1:A:323:GLU:OE2	0.42	2.68	3	1
1:A:362:GLY:O	1:A:363:ASP:C	0.42	2.57	3	1
1:A:464:VAL:HB	1:A:475:ILE:HD13	0.42	1.90	3	1
1:A:376:PHE:CE2	1:A:382:LYS:C	0.42	2.94	6	1
1:A:372:LEU:O	1:A:376:PHE:HB2	0.42	2.15	7	1
1:A:478:LYS:HE3	1:A:479:VAL:CA	0.42	2.45	8	1
1:A:346:LEU:HB3	1:A:349:LYS:HZ1	0.42	1.75	10	1
1:A:299:VAL:CG1	1:A:304:ILE:CD1	0.42	2.98	12	1
1:A:328:MET:HE3	1:A:401:MET:HE3	0.42	1.87	12	1
1:A:365:GLN:O	1:A:368:GLU:HG2	0.42	2.15	12	1
1:A:309:MET:CB	1:A:439:PHE:CZ	0.42	3.03	13	1
1:A:391:ALA:C	1:A:393:GLY:N	0.42	2.66	14	1
1:A:360:LEU:HD12	1:A:391:ALA:HB2	0.42	1.92	18	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:453:GLN:NE2	1:A:458:ASP:HA	0.42	2.30	19	1
1:A:315:ALA:HB1	1:A:318:PHE:HE2	0.42	1.75	1	1
1:A:356:GLU:HG2	1:A:380:ARG:O	0.42	2.15	2	1
1:A:401:MET:HE3	1:A:437:ILE:CD1	0.42	2.44	2	1
1:A:299:VAL:O	1:A:299:VAL:CG1	0.42	2.68	4	1
1:A:384:LEU:HG	1:A:385:ILE:N	0.42	2.30	5	1
1:A:321:LEU:CD2	1:A:403:VAL:HG23	0.42	2.41	8	1
1:A:371:ARG:CG	1:A:371:ARG:HH11	0.42	2.27	8	1
1:A:319:ASP:CB	1:A:323:GLU:OE2	0.42	2.67	10	1
1:A:386:THR:CG2	1:A:390:LEU:CD1	0.42	2.96	10	1
1:A:466:THR:HA	1:A:472:VAL:HG23	0.42	1.91	11	1
1:A:336:PHE:CZ	1:A:390:LEU:HB2	0.42	2.49	14	1
1:A:306:GLN:CD	1:A:459:ILE:HD12	0.42	2.35	15	1
1:A:336:PHE:CD2	1:A:423:ARG:CB	0.42	3.03	16	1
1:A:408:PRO:CG	1:A:423:ARG:CD	0.42	2.98	16	1
1:A:328:MET:HB3	1:A:401:MET:SD	0.42	2.55	17	1
1:A:318:PHE:HA	1:A:321:LEU:HD21	0.42	1.92	19	1
1:A:330:ILE:HG22	1:A:400:SER:CA	0.41	2.45	2	2
1:A:441:HIS:HA	1:A:463:ARG:HH12	0.41	1.75	2	1
1:A:458:ASP:O	1:A:459:ILE:O	0.41	2.37	13	2
1:A:478:LYS:CA	1:A:481:LYS:CG	0.41	2.98	2	3
1:A:460:GLU:HG2	1:A:461:MET:N	0.41	2.30	3	1
1:A:468:ASP:OD1	1:A:470:ASP:CA	0.41	2.68	4	1
1:A:328:MET:HA	1:A:477:LYS:CE	0.41	2.45	6	1
1:A:346:LEU:C	1:A:349:LYS:HZ2	0.41	2.17	7	1
1:A:333:SER:HA	1:A:399:VAL:HG11	0.41	1.85	8	1
1:A:333:SER:OG	1:A:335:ILE:CD1	0.41	2.67	8	1
1:A:398:THR:OG1	1:A:399:VAL:N	0.41	2.52	8	1
1:A:332:SER:C	1:A:399:VAL:HG13	0.41	2.36	11	1
1:A:334:ILE:CG1	1:A:399:VAL:CG2	0.41	2.94	11	1
1:A:432:ARG:O	1:A:433:LYS:HD3	0.41	2.14	13	1
1:A:381:SER:O	1:A:382:LYS:HB2	0.41	2.12	14	1
1:A:301:VAL:CA	1:A:421:ILE:HD11	0.41	2.44	15	1
1:A:305:LYS:HD2	1:A:307:LEU:HD11	0.41	1.91	15	1
1:A:309:MET:CG	1:A:466:THR:OG1	0.41	2.68	2	1
1:A:474:LYS:O	1:A:478:LYS:HG2	0.41	2.15	3	1
1:A:402:VAL:HB	1:A:427:THR:CB	0.41	2.45	4	1
1:A:318:PHE:CD1	1:A:405:TYR:CE1	0.41	3.08	6	1
1:A:337:VAL:HG23	1:A:387:THR:CG2	0.41	2.28	9	1
1:A:390:LEU:O	1:A:390:LEU:HD23	0.41	2.16	11	1
1:A:328:MET:C	1:A:480:LEU:CD1	0.41	2.88	14	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:357:VAL:C	1:A:381:SER:HB2	0.41	2.35	15	1
1:A:405:TYR:CZ	1:A:406:ASP:CG	0.41	2.94	15	1
1:A:402:VAL:HG21	1:A:425:GLY:CA	0.41	2.45	16	1
1:A:423:ARG:HG2	1:A:423:ARG:HH11	0.41	1.74	17	1
1:A:347:TYR:CD1	1:A:347:TYR:O	0.41	2.73	12	2
1:A:477:LYS:C	1:A:478:LYS:HZ1	0.41	2.19	4	1
1:A:398:THR:OG1	1:A:427:THR:OG1	0.41	2.38	6	1
1:A:447:ASN:OD1	1:A:447:ASN:C	0.41	2.55	11	1
1:A:423:ARG:NH1	1:A:423:ARG:HG3	0.41	2.30	12	1
1:A:449:LEU:CG	1:A:450:SER:N	0.41	2.75	13	1
1:A:328:MET:SD	1:A:476:VAL:CG2	0.41	3.02	14	1
1:A:403:VAL:CG1	1:A:436:ALA:C	0.41	2.86	14	1
1:A:459:ILE:HD12	1:A:461:MET:HE2	0.41	1.91	14	1
1:A:357:VAL:CA	1:A:381:SER:CB	0.41	2.98	15	1
1:A:386:THR:OG1	1:A:390:LEU:CG	0.41	2.68	15	1
1:A:474:LYS:CD	1:A:474:LYS:O	0.41	2.68	15	1
1:A:356:GLU:HB3	1:A:380:ARG:O	0.41	2.16	18	1
1:A:357:VAL:HG23	1:A:358:SER:H	0.41	1.75	19	1
1:A:316:ASP:OD1	1:A:317:LYS:N	0.41	2.53	1	1
1:A:392:ARG:HE	1:A:426:ARG:HG3	0.41	1.76	3	1
1:A:463:ARG:O	1:A:463:ARG:CG	0.41	2.68	3	1
1:A:409:THR:C	1:A:410:LEU:HG	0.41	2.35	4	1
1:A:443:LYS:CD	1:A:444:ASN:H	0.41	2.28	4	1
1:A:432:ARG:NH1	1:A:432:ARG:CG	0.41	2.80	6	1
1:A:478:LYS:CE	1:A:479:VAL:HG23	0.41	2.45	7	1
1:A:360:LEU:CD1	1:A:391:ALA:N	0.41	2.84	9	1
1:A:398:THR:CG2	1:A:429:ARG:HB2	0.41	2.45	9	1
1:A:401:MET:HE1	1:A:435:VAL:CB	0.41	2.45	9	1
1:A:402:VAL:CG2	1:A:427:THR:CA	0.41	2.98	9	2
1:A:309:MET:SD	1:A:466:THR:HB	0.41	2.55	10	1
1:A:445:SER:OG	1:A:446:PHE:N	0.41	2.53	10	1
1:A:347:TYR:CZ	1:A:357:VAL:CG2	0.41	2.97	11	1
1:A:323:GLU:CD	1:A:469:TRP:HE1	0.41	2.18	12	1
1:A:385:ILE:HD12	1:A:385:ILE:H	0.41	1.73	14	1
1:A:390:LEU:HD21	1:A:396:ILE:HD11	0.41	1.87	14	1
1:A:427:THR:HG1	1:A:428:GLY:H	0.41	1.45	14	1
1:A:322:THR:OG1	1:A:349:LYS:HE3	0.41	2.16	16	1
1:A:330:ILE:HG12	1:A:331:GLY:H	0.41	1.75	18	1
1:A:398:THR:HG23	1:A:399:VAL:O	0.41	2.15	19	1
1:A:422:HIS:NE2	1:A:423:ARG:NH1	0.41	2.68	19	1
1:A:403:VAL:HG11	1:A:437:ILE:HB	0.41	1.93	20	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:304:ILE:CG2	1:A:434:GLY:C	0.41	2.89	2	1
1:A:323:GLU:O	1:A:327:LEU:HD11	0.41	2.15	4	1
1:A:328:MET:HE3	1:A:401:MET:HE2	0.41	1.91	4	1
1:A:384:LEU:HD22	1:A:396:ILE:HG21	0.41	1.91	4	1
1:A:428:GLY:C	1:A:429:ARG:HG3	0.41	2.36	4	1
1:A:327:LEU:CD1	1:A:469:TRP:CZ2	0.41	3.03	5	1
1:A:349:LYS:NZ	1:A:350:LEU:CD2	0.41	2.83	6	1
1:A:365:GLN:HG3	1:A:367:GLN:NE2	0.41	2.29	6	1
1:A:453:GLN:NE2	1:A:461:MET:HE2	0.41	2.31	7	1
1:A:365:GLN:HE21	1:A:365:GLN:N	0.41	2.00	8	1
1:A:402:VAL:HG22	1:A:424:ILE:CA	0.41	2.45	8	1
1:A:374:ASP:O	1:A:378:GLU:HG3	0.41	2.15	10	1
1:A:376:PHE:CD2	1:A:381:SER:OG	0.41	2.70	11	1
1:A:422:HIS:CD2	1:A:426:ARG:CD	0.41	3.03	11	1
1:A:453:GLN:CD	1:A:459:ILE:HG12	0.41	2.36	12	1
1:A:330:ILE:CG2	1:A:400:SER:OG	0.41	2.66	14	1
1:A:403:VAL:H	1:A:424:ILE:HG22	0.41	1.74	19	2
1:A:456:PHE:CD1	1:A:457:GLY:N	0.41	2.89	16	1
1:A:373:ILE:HG13	1:A:394:ILE:HG21	0.41	1.93	17	1
1:A:360:LEU:HB3	1:A:369:ARG:HH21	0.41	1.76	19	1
1:A:419:THR:HG22	1:A:423:ARG:NH2	0.41	2.26	19	1
1:A:316:ASP:OD1	1:A:320:VAL:CG1	0.41	2.69	1	1
1:A:318:PHE:CE2	1:A:345:VAL:CG1	0.41	3.04	1	1
1:A:336:PHE:CZ	1:A:423:ARG:CD	0.41	3.04	2	1
1:A:380:ARG:NH1	1:A:380:ARG:HG3	0.41	2.30	2	1
1:A:399:VAL:HG23	1:A:399:VAL:O	0.41	2.16	2	1
1:A:320:VAL:HG23	1:A:323:GLU:OE2	0.41	2.16	3	1
1:A:325:TYR:HE2	1:A:401:MET:O	0.41	1.98	3	1
1:A:432:ARG:CG	1:A:432:ARG:HH11	0.41	2.27	6	1
1:A:404:ASN:OD1	1:A:407:LEU:HB3	0.41	2.15	8	1
1:A:332:SER:C	1:A:399:VAL:HB	0.41	2.36	9	1
1:A:423:ARG:HE	1:A:423:ARG:HA	0.41	1.74	9	2
1:A:388:ASN:CG	1:A:389:VAL:N	0.41	2.72	10	1
1:A:336:PHE:CD1	1:A:423:ARG:CD	0.41	3.04	13	1
1:A:362:GLY:H	1:A:369:ARG:NH2	0.41	2.13	15	1
1:A:429:ARG:NH1	1:A:429:ARG:CG	0.41	2.82	16	1
1:A:310:ASP:HB2	1:A:441:HIS:CG	0.41	2.50	20	1
1:A:342:THR:CG2	1:A:346:LEU:CD1	0.41	2.98	3	1
1:A:351:LYS:HA	1:A:355:HIS:O	0.41	2.14	3	1
1:A:409:THR:OG1	1:A:410:LEU:N	0.41	2.51	5	1
1:A:325:TYR:CE2	1:A:437:ILE:HB	0.41	2.51	7	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:325:TYR:CZ	1:A:437:ILE:HB	0.41	2.50	7	1
1:A:324:LEU:HD12	1:A:476:VAL:HG22	0.41	1.91	8	1
1:A:371:ARG:CG	1:A:371:ARG:NH1	0.41	2.80	8	1
1:A:402:VAL:CG2	1:A:424:ILE:HA	0.41	2.46	8	1
1:A:321:LEU:CD2	1:A:335:ILE:HG12	0.41	2.45	12	1
1:A:324:LEU:HD23	1:A:439:PHE:CZ	0.41	2.51	12	1
1:A:430:PHE:O	1:A:434:GLY:HA3	0.41	2.14	15	1
1:A:477:LYS:HZ3	1:A:481:LYS:HB3	0.41	1.74	16	1
1:A:334:ILE:HG13	1:A:398:THR:CG2	0.41	2.42	17	1
1:A:386:THR:CG2	1:A:390:LEU:H	0.41	2.29	17	1
1:A:386:THR:CG2	1:A:390:LEU:CB	0.41	2.87	19	1
1:A:391:ALA:O	1:A:394:ILE:CA	0.41	2.69	19	1
1:A:318:PHE:CE2	1:A:345:VAL:HG11	0.41	2.51	1	2
1:A:306:GLN:C	1:A:307:LEU:HG	0.41	2.36	2	1
1:A:347:TYR:CD1	1:A:359:ILE:HG21	0.41	2.50	4	1
1:A:330:ILE:CD1	1:A:401:MET:HB2	0.41	2.41	7	1
1:A:328:MET:CB	1:A:476:VAL:CG1	0.41	2.99	8	1
1:A:427:THR:O	1:A:427:THR:HG22	0.41	2.13	8	1
1:A:426:ARG:CZ	1:A:426:ARG:HB3	0.41	2.45	11	1
1:A:301:VAL:HB	1:A:421:ILE:HD11	0.41	1.92	12	1
1:A:401:MET:HE1	1:A:437:ILE:CD1	0.41	2.46	14	1
1:A:312:LYS:NZ	1:A:467:ASP:HA	0.41	2.30	16	1
1:A:328:MET:HE1	1:A:401:MET:HE1	0.41	1.93	16	1
1:A:349:LYS:HG3	1:A:349:LYS:H	0.41	1.50	18	1
1:A:307:LEU:HD22	1:A:478:LYS:HZ3	0.41	1.75	20	1
1:A:326:GLY:C	1:A:327:LEU:HG	0.41	2.36	2	1
1:A:316:ASP:CA	1:A:320:VAL:HB	0.41	2.46	3	2
1:A:328:MET:HG2	1:A:476:VAL:CG1	0.41	2.45	16	2
1:A:342:THR:HG22	1:A:346:LEU:HD12	0.41	1.93	3	1
1:A:404:ASN:O	1:A:438:SER:HA	0.41	2.16	3	1
1:A:426:ARG:HA	1:A:426:ARG:HE	0.41	1.75	3	1
1:A:336:PHE:CE2	1:A:387:THR:HA	0.41	2.51	4	1
1:A:336:PHE:CE2	1:A:387:THR:CA	0.41	3.03	4	1
1:A:361:HIS:CE1	1:A:363:ASP:CB	0.41	3.04	4	1
1:A:372:LEU:HG	1:A:373:ILE:H	0.41	1.75	4	1
1:A:373:ILE:O	1:A:376:PHE:HB3	0.41	2.16	4	1
1:A:376:PHE:O	1:A:378:GLU:N	0.41	2.54	4	1
1:A:380:ARG:O	1:A:382:LYS:HE2	0.41	2.16	4	1
1:A:392:ARG:HH11	1:A:392:ARG:HB2	0.41	1.75	4	1
1:A:426:ARG:HG3	1:A:428:GLY:C	0.41	2.36	5	1
1:A:329:THR:OG1	1:A:330:ILE:N	0.41	2.52	7	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:308:TYR:CE2	1:A:440:VAL:HB	0.41	2.51	8	1
1:A:402:VAL:HG21	1:A:424:ILE:CA	0.41	2.46	8	1
1:A:386:THR:CB	1:A:390:LEU:HD13	0.41	2.46	9	1
1:A:401:MET:CE	1:A:435:VAL:HG23	0.41	2.46	9	1
1:A:309:MET:CG	1:A:466:THR:HB	0.41	2.45	10	1
1:A:351:LYS:O	1:A:351:LYS:HD2	0.41	2.16	10	1
1:A:373:ILE:HD13	1:A:396:ILE:HG12	0.41	1.92	10	1
1:A:331:GLY:C	1:A:332:SER:OG	0.41	2.59	11	1
1:A:333:SER:N	1:A:399:VAL:HG13	0.41	2.31	11	1
1:A:336:PHE:O	1:A:336:PHE:CD1	0.41	2.74	11	1
1:A:307:LEU:HB2	1:A:437:ILE:CG2	0.41	2.46	12	1
1:A:311:CYS:HB2	1:A:317:LYS:CB	0.41	2.46	12	1
1:A:390:LEU:HD12	1:A:390:LEU:H	0.41	1.76	12	1
1:A:423:ARG:CZ	1:A:423:ARG:HA	0.41	2.46	12	1
1:A:327:LEU:HD13	1:A:473:GLU:CB	0.41	2.43	13	1
1:A:329:THR:OG1	1:A:480:LEU:HB2	0.41	2.16	13	1
1:A:309:MET:HE2	1:A:464:VAL:CG1	0.41	2.46	14	1
1:A:310:ASP:CG	1:A:441:HIS:ND1	0.41	2.74	14	1
1:A:313:ASN:CA	1:A:316:ASP:HB2	0.41	2.46	14	1
1:A:334:ILE:HG13	1:A:399:VAL:HG13	0.41	1.93	14	1
1:A:430:PHE:O	1:A:432:ARG:HD3	0.41	2.16	14	1
1:A:356:GLU:CD	1:A:375:ASP:OD2	0.41	2.59	16	1
1:A:472:VAL:CG1	1:A:473:GLU:N	0.41	2.77	16	1
1:A:392:ARG:N	1:A:392:ARG:HD3	0.41	2.31	17	1
1:A:350:LEU:HD13	1:A:383:VAL:CB	0.41	2.44	18	1
1:A:336:PHE:HB3	1:A:423:ARG:CD	0.41	2.46	20	1
1:A:318:PHE:CD1	1:A:319:ASP:CA	0.41	3.04	1	1
1:A:347:TYR:CA	1:A:385:ILE:HD12	0.41	2.42	3	1
1:A:357:VAL:HG22	1:A:383:VAL:HB	0.41	1.92	3	1
1:A:356:GLU:OE1	1:A:375:ASP:OD2	0.41	2.39	6	1
1:A:471:GLU:O	1:A:474:LYS:HG2	0.41	2.16	6	1
1:A:304:ILE:HG21	1:A:425:GLY:HA2	0.41	1.92	7	1
1:A:306:GLN:C	1:A:307:LEU:CG	0.41	2.90	7	1
1:A:328:MET:HB2	1:A:476:VAL:HG13	0.41	1.93	10	1
1:A:425:GLY:N	1:A:436:ALA:HB2	0.41	2.31	10	1
1:A:335:ILE:CG1	1:A:403:VAL:CG2	0.41	2.97	11	1
1:A:389:VAL:HA	1:A:423:ARG:NH2	0.41	2.23	12	1
1:A:428:GLY:C	1:A:429:ARG:HG2	0.41	2.36	14	1
1:A:337:VAL:CG2	1:A:387:THR:HG22	0.41	2.46	15	1
1:A:308:TYR:CE2	1:A:440:VAL:CB	0.41	3.04	17	1
1:A:463:ARG:CG	1:A:463:ARG:HH11	0.41	2.29	17	1

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:469:TRP:CH2	1:A:473:GLU:OE2	0.41	2.73	20	1
1:A:321:LEU:HB2	1:A:439:PHE:CD1	0.40	2.51	1	1
1:A:471:GLU:O	1:A:475:ILE:HG13	0.40	2.17	3	1
1:A:373:ILE:CD1	1:A:373:ILE:H	0.40	2.26	5	1
1:A:439:PHE:C	1:A:440:VAL:HG23	0.40	2.36	5	1
1:A:407:LEU:HD22	1:A:420:TYR:CE2	0.40	2.50	7	1
1:A:312:LYS:C	1:A:312:LYS:HD3	0.40	2.36	9	1
1:A:333:SER:N	1:A:399:VAL:CB	0.40	2.84	9	1
1:A:359:ILE:O	1:A:359:ILE:HG23	0.40	2.15	9	1
1:A:447:ASN:C	1:A:447:ASN:HD22	0.40	2.17	10	1
1:A:323:GLU:N	1:A:349:LYS:HZ1	0.40	2.08	12	1
1:A:323:GLU:CA	1:A:349:LYS:NZ	0.40	2.84	12	1
1:A:386:THR:OG1	1:A:389:VAL:HB	0.40	2.16	14	1
1:A:351:LYS:CA	1:A:355:HIS:HA	0.40	2.46	15	1
1:A:390:LEU:HD22	1:A:394:ILE:HD13	0.40	1.92	15	1
1:A:356:GLU:CD	1:A:357:VAL:N	0.40	2.75	17	1
1:A:432:ARG:C	1:A:433:LYS:HD2	0.40	2.36	17	1
1:A:404:ASN:CG	1:A:424:ILE:CG1	0.40	2.90	18	1
1:A:402:VAL:O	1:A:436:ALA:CA	0.40	2.66	2	1
1:A:401:MET:CE	1:A:435:VAL:HB	0.40	2.46	3	1
1:A:346:LEU:O	1:A:350:LEU:HB2	0.40	2.16	4	1
1:A:321:LEU:O	1:A:324:LEU:HD13	0.40	2.11	6	1
1:A:335:ILE:HG13	1:A:403:VAL:CG2	0.40	2.46	8	1
1:A:402:VAL:CG2	1:A:403:VAL:N	0.40	2.84	8	1
1:A:318:PHE:CG	1:A:405:TYR:CE2	0.40	3.09	9	1
1:A:331:GLY:O	1:A:382:LYS:HG2	0.40	2.16	10	1
1:A:330:ILE:CD1	1:A:400:SER:HB2	0.40	2.46	11	1
1:A:396:ILE:O	1:A:397:PRO:O	0.40	2.39	11	1
1:A:350:LEU:CG	1:A:383:VAL:HG11	0.40	2.47	14	1
1:A:475:ILE:HG23	1:A:478:LYS:HE2	0.40	1.92	14	1
1:A:336:PHE:N	1:A:404:ASN:HB3	0.40	2.30	16	1
1:A:389:VAL:C	1:A:390:LEU:O	0.40	2.53	17	1
1:A:382:LYS:O	1:A:399:VAL:CG1	0.40	2.69	19	1
1:A:336:PHE:CB	1:A:423:ARG:HD3	0.40	2.46	20	1
1:A:467:ASP:C	1:A:468:ASP:CG	0.40	2.80	20	1
1:A:432:ARG:CG	1:A:433:LYS:N	0.40	2.84	2	1
1:A:333:SER:O	1:A:334:ILE:HD12	0.40	2.16	6	1
1:A:329:THR:OG1	1:A:330:ILE:HG13	0.40	2.16	7	1
1:A:465:PRO:C	1:A:467:ASP:H	0.40	2.19	7	1
1:A:320:VAL:N	1:A:323:GLU:OE1	0.40	2.54	10	1
1:A:422:HIS:O	1:A:422:HIS:CD2	0.40	2.74	10	1

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:354:GLY:O	1:A:382:LYS:HE3	0.40	2.16	12	1
1:A:394:ILE:CG2	1:A:396:ILE:HG12	0.40	2.46	12	1
1:A:323:GLU:HB3	1:A:349:LYS:HZ1	0.40	1.75	14	1
1:A:392:ARG:H	1:A:392:ARG:CD	0.40	2.26	14	1
1:A:409:THR:O	1:A:410:LEU:CB	0.40	2.68	14	1
1:A:302:ASP:OD1	1:A:456:PHE:CE2	0.40	2.74	16	1
1:A:309:MET:SD	1:A:464:VAL:HG23	0.40	2.56	16	1
1:A:361:HIS:HA	1:A:387:THR:OG1	0.40	2.16	16	1
1:A:409:THR:HG22	1:A:448:ILE:HD12	0.40	1.92	16	1
1:A:433:LYS:O	1:A:433:LYS:CG	0.40	2.70	16	1
1:A:364:LEU:HD11	1:A:368:GLU:HG2	0.40	1.93	19	1
1:A:384:LEU:C	1:A:385:ILE:HG13	0.40	2.37	19	1
1:A:392:ARG:HD2	1:A:393:GLY:H	0.40	1.76	19	1
1:A:415:ALA:HB1	1:A:448:ILE:HG23	0.40	1.94	3	1
1:A:306:GLN:OE1	1:A:461:MET:CG	0.40	2.69	4	1
1:A:299:VAL:CG2	1:A:422:HIS:ND1	0.40	2.84	6	1
1:A:410:LEU:HD21	1:A:448:ILE:CD1	0.40	2.47	6	1
1:A:313:ASN:H	1:A:316:ASP:CB	0.40	2.28	8	1
1:A:429:ARG:O	1:A:430:PHE:HB2	0.40	2.15	15	1
1:A:387:THR:C	1:A:389:VAL:H	0.40	2.19	16	1
1:A:328:MET:CE	1:A:401:MET:HE1	0.40	2.46	18	1
1:A:336:PHE:CE2	1:A:423:ARG:O	0.40	2.74	18	1
1:A:386:THR:OG1	1:A:390:LEU:HB3	0.40	2.16	19	1
1:A:446:PHE:O	1:A:450:SER:HB2	0.40	2.17	19	1
1:A:452:ILE:CG2	1:A:461:MET:HE2	0.40	2.47	19	1
1:A:373:ILE:HG13	1:A:395:ASP:OD1	0.40	2.16	20	1
1:A:384:LEU:CD2	1:A:384:LEU:C	0.40	2.90	1	1
1:A:313:ASN:O	1:A:317:LYS:HE2	0.40	2.16	2	1
1:A:330:ILE:HD12	1:A:401:MET:CB	0.40	2.45	2	1
1:A:316:ASP:O	1:A:320:VAL:CA	0.40	2.69	3	1
1:A:347:TYR:CD1	1:A:359:ILE:HG22	0.40	2.51	4	1
1:A:365:GLN:CG	1:A:367:GLN:CG	0.40	3.00	6	1
1:A:322:THR:HG22	1:A:333:SER:HG	0.40	1.76	7	1
1:A:373:ILE:CD1	1:A:396:ILE:HG12	0.40	2.46	7	1
1:A:351:LYS:HA	1:A:357:VAL:CG2	0.40	2.46	8	1
1:A:390:LEU:HB3	1:A:423:ARG:HH22	0.40	1.76	8	1
1:A:317:LYS:O	1:A:317:LYS:NZ	0.40	2.37	9	1
1:A:369:ARG:CG	1:A:369:ARG:HH11	0.40	2.27	10	1
1:A:402:VAL:HG23	1:A:427:THR:N	0.40	2.27	12	1
1:A:462:THR:HG22	1:A:463:ARG:N	0.40	2.30	13	1
1:A:350:LEU:HB3	1:A:383:VAL:CG1	0.40	2.43	14	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:442:ASP:O	1:A:445:SER:HB3	0.40	2.16	14	1
1:A:336:PHE:CG	1:A:386:THR:CG2	0.40	3.03	15	1
1:A:308:TYR:HE2	1:A:440:VAL:HG21	0.40	1.76	17	1
1:A:325:TYR:OH	1:A:402:VAL:O	0.40	2.40	17	1
1:A:409:THR:HG22	1:A:416:ASP:N	0.40	2.27	17	1
1:A:360:LEU:HD13	1:A:391:ALA:CA	0.40	2.46	18	1
1:A:382:LYS:CG	1:A:383:VAL:H	0.40	2.29	20	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	181/187 (97%)	118±4 (65±2%)	33±4 (18±2%)	30±3 (16±2%)	<b>0</b>   <b>3</b>
All	All	3620/3740 (97%)	2361 (65%)	667 (18%)	592 (16%)	<b>0</b>   <b>3</b>

All 68 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	311	CYS	20
1	A	407	LEU	20
1	A	398	THR	19
1	A	425	GLY	19
1	A	427	THR	19
1	A	329	THR	18
1	A	356	GLU	18
1	A	330	ILE	18
1	A	299	VAL	17
1	A	355	HIS	17
1	A	305	LYS	16
1	A	388	ASN	16
1	A	393	GLY	16
1	A	397	PRO	16
1	A	400	SER	16

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	394	ILE	15
1	A	389	VAL	15
1	A	440	VAL	14
1	A	301	VAL	13
1	A	302	ASP	13
1	A	467	ASP	13
1	A	430	PHE	13
1	A	395	ASP	12
1	A	460	GLU	11
1	A	300	ASN	11
1	A	429	ARG	11
1	A	415	ALA	10
1	A	423	ARG	10
1	A	461	MET	10
1	A	459	ILE	10
1	A	390	LEU	9
1	A	363	ASP	8
1	A	364	LEU	8
1	A	403	VAL	8
1	A	478	LYS	8
1	A	410	LEU	8
1	A	365	GLN	6
1	A	431	GLY	6
1	A	381	SER	5
1	A	408	PRO	5
1	A	428	GLY	5
1	A	332	SER	4
1	A	382	LYS	4
1	A	464	VAL	4
1	A	432	ARG	4
1	A	380	ARG	4
1	A	465	PRO	4
1	A	392	ARG	4
1	A	326	GLY	3
1	A	434	GLY	3
1	A	481	LYS	3
1	A	362	GLY	3
1	A	416	ASP	3
1	A	426	ARG	3
1	A	338	ALA	2
1	A	331	GLY	2
1	A	354	GLY	2

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	361	HIS	2
1	A	391	ALA	2
1	A	409	THR	2
1	A	468	ASP	2
1	A	350	LEU	2
1	A	433	LYS	2
1	A	337	VAL	2
1	A	304	ILE	1
1	A	310	ASP	1
1	A	312	LYS	1
1	A	469	TRP	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	161/164 (98%)	87±4 (54±3%)	74±4 (46±3%)	0 2
All	All	3220/3280 (98%)	1731 (54%)	1489 (46%)	0 2

All 153 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	298	GLU	20
1	A	322	THR	20
1	A	349	LYS	20
1	A	407	LEU	20
1	A	421	ILE	20
1	A	424	ILE	20
1	A	478	LYS	20
1	A	480	LEU	20
1	A	481	LYS	20
1	A	302	ASP	19
1	A	330	ILE	19
1	A	396	ILE	19
1	A	462	THR	19
1	A	414	GLN	18

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	423	ARG	18
1	A	325	TYR	17
1	A	339	THR	17
1	A	445	SER	17
1	A	427	THR	16
1	A	477	LYS	16
1	A	405	TYR	16
1	A	432	ARG	16
1	A	439	PHE	16
1	A	318	PHE	15
1	A	333	SER	15
1	A	386	THR	15
1	A	321	LEU	15
1	A	404	ASN	15
1	A	312	LYS	14
1	A	323	GLU	14
1	A	403	VAL	14
1	A	463	ARG	14
1	A	319	ASP	14
1	A	464	VAL	13
1	A	454	LYS	13
1	A	308	TYR	12
1	A	320	VAL	12
1	A	388	ASN	12
1	A	398	THR	12
1	A	400	SER	12
1	A	420	TYR	12
1	A	466	THR	12
1	A	313	ASN	12
1	A	368	GLU	12
1	A	311	CYS	11
1	A	317	LYS	11
1	A	361	HIS	11
1	A	375	ASP	11
1	A	383	VAL	11
1	A	409	THR	11
1	A	433	LYS	11
1	A	437	ILE	11
1	A	309	MET	11
1	A	369	ARG	11
1	A	374	ASP	11
1	A	382	LYS	11

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	392	ARG	11
1	A	371	ARG	11
1	A	422	HIS	11
1	A	401	MET	11
1	A	305	LYS	10
1	A	316	ASP	10
1	A	324	LEU	10
1	A	340	LYS	10
1	A	384	LEU	10
1	A	426	ARG	10
1	A	456	PHE	10
1	A	310	ASP	10
1	A	357	VAL	10
1	A	402	VAL	10
1	A	377	ARG	10
1	A	346	LEU	9
1	A	356	GLU	9
1	A	365	GLN	9
1	A	376	PHE	9
1	A	385	ILE	9
1	A	389	VAL	9
1	A	395	ASP	9
1	A	406	ASP	9
1	A	410	LEU	9
1	A	438	SER	9
1	A	440	VAL	9
1	A	467	ASP	9
1	A	355	HIS	9
1	A	380	ARG	9
1	A	468	ASP	9
1	A	351	LYS	9
1	A	442	ASP	9
1	A	328	MET	9
1	A	301	VAL	8
1	A	390	LEU	8
1	A	449	LEU	8
1	A	455	TYR	8
1	A	353	GLU	8
1	A	364	LEU	8
1	A	394	ILE	8
1	A	359	ILE	8
1	A	443	LYS	8

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	381	SER	8
1	A	461	MET	8
1	A	450	SER	8
1	A	473	GLU	8
1	A	336	PHE	7
1	A	399	VAL	7
1	A	429	ARG	7
1	A	430	PHE	7
1	A	470	ASP	7
1	A	306	GLN	7
1	A	341	LYS	7
1	A	360	LEU	7
1	A	370	ASP	7
1	A	444	ASN	7
1	A	447	ASN	7
1	A	363	ASP	7
1	A	435	VAL	7
1	A	472	VAL	7
1	A	471	GLU	7
1	A	307	LEU	6
1	A	358	SER	6
1	A	446	PHE	6
1	A	314	GLU	6
1	A	344	ASN	6
1	A	378	GLU	6
1	A	458	ASP	6
1	A	460	GLU	6
1	A	337	VAL	6
1	A	335	ILE	5
1	A	419	THR	5
1	A	474	LYS	5
1	A	300	ASN	4
1	A	453	GLN	4
1	A	352	SER	4
1	A	327	LEU	4
1	A	482	ASP	4
1	A	332	SER	4
1	A	416	ASP	4
1	A	304	ILE	3
1	A	459	ILE	3
1	A	366	THR	3
1	A	452	ILE	3

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	334	ILE	3
1	A	345	VAL	2
1	A	347	TYR	2
1	A	373	ILE	2
1	A	441	HIS	2
1	A	475	ILE	2
1	A	299	VAL	2
1	A	479	VAL	1
1	A	367	GLN	1
1	A	372	LEU	1
1	A	329	THR	1
1	A	476	VAL	1
1	A	469	TRP	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