



Full wwPDB NMR Structure Validation Report ⓘ

Dec 23, 2021 – 06:12 pm GMT

PDB ID : 7QCC
Title : Williams-Beuren syndrome related methyltransferase WBSCR27 in apo-form
Authors : Polshakov, V.I.; Mariasina, S.S.; Chang, C.-F.
Deposited on : 2021-11-23

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

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

A user guide is available at

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

with specific help available everywhere you see the ⓘ symbol.

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

MolProbity : 4.02b-467
Percentile statistics : 20191225.v01 (using entries in the PDB archive December 25th 2019)
RCI : v_1n_11_5_13_A (Berjanski et al., 2005)
PANAV : Wang et al. (2010)
ShiftChecker : 2.24
Ideal geometry (proteins) : Engh & Huber (2001)
Ideal geometry (DNA, RNA) : Parkinson et al. (1996)
Validation Pipeline (wwPDB-VP) : 2.24

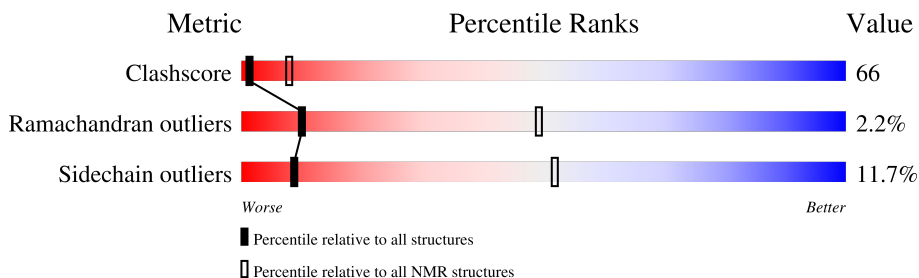
1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:

SOLUTION NMR

The overall completeness of chemical shifts assignment is 44%.

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



Metric	Whole archive (#Entries)	NMR archive (#Entries)
Clashscore	158937	12864
Ramachandran outliers	154571	11451
Sidechain outliers	154315	11428

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

Mol	Chain	Length	Quality of chain
1	A	240	

2 Ensemble composition and analysis i

This entry contains 20 models. Model 12 is the overall representative, medoid model (most similar to other models). The authors have identified model 1 as representative, based on the following criterion: *closest to the average*.

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:54-A:140, A:148-A:169, A:180-A:201, A:231-A:240 (141)	0.45	12

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

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

The models can be grouped into 4 clusters. No single-model clusters were found.

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

3 Entry composition

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 3634 atoms, of which 1812 are hydrogens and 0 are deuteriums.

- Molecule 1 is a protein called Methyltransferase-like 27.

Mol	Chain	Residues	Atoms						Trace
			Total	C	H	N	O	S	
1	A	240	3634	1145	1812	316	351	10	0

There are 4 discrepancies between the modelled and reference sequences:

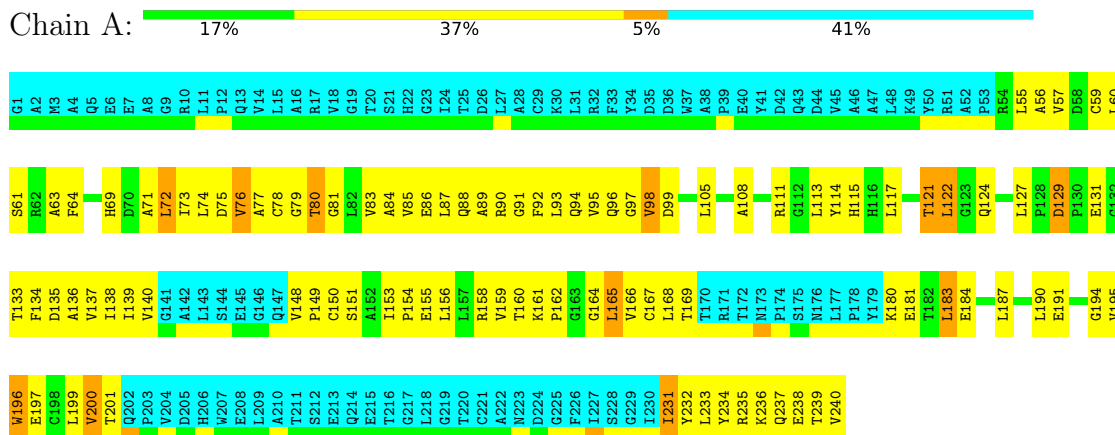
Chain	Residue	Modelled	Actual	Comment	Reference
A	1	GLY	-	expression tag	UNP Q8BGM4
A	2	ALA	-	expression tag	UNP Q8BGM4
A	3	MET	-	expression tag	UNP Q8BGM4
A	4	ALA	-	expression tag	UNP Q8BGM4

4 Residue-property plots i

4.1 Average score per residue in the NMR ensemble

These plots are provided for all protein, RNA, DNA and oligosaccharide chains in the entry. The first graphic is the same as shown in the summary in section 1 of this report. The second graphic shows the sequence where residues are colour-coded according to the number of geometric quality criteria for which they contain at least one outlier: green = 0, yellow = 1, orange = 2 and red = 3 or more. Stretches of 2 or more consecutive residues without any outliers are shown as green connectors. Residues which are classified as ill-defined in the NMR ensemble, are shown in cyan with an underline colour-coded according to the previous scheme. Residues which were present in the experimental sample, but not modelled in the final structure are shown in grey.

- Molecule 1: Methyltransferase-like 27

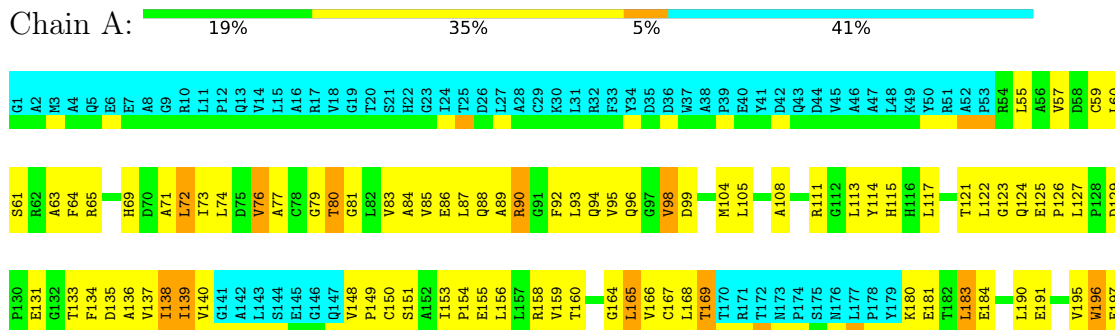


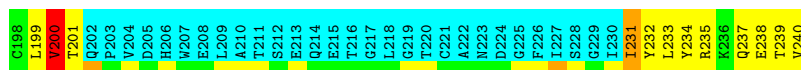
4.2 Scores per residue for each member of the ensemble

Colouring as in section 4.1 above.

4.2.1 Score per residue for model 1

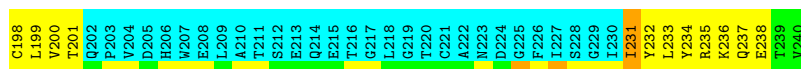
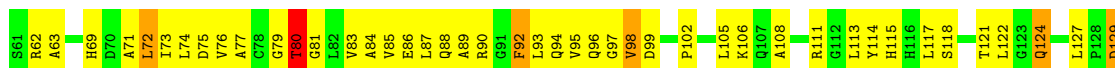
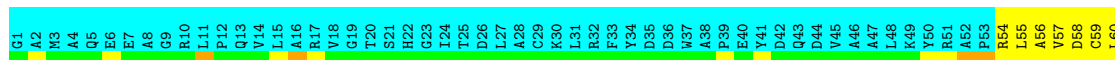
- Molecule 1: Methyltransferase-like 27





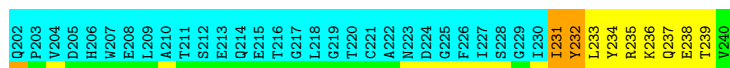
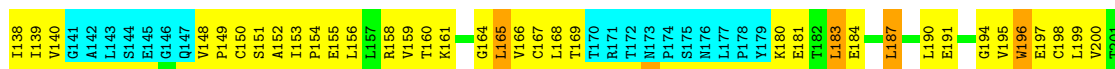
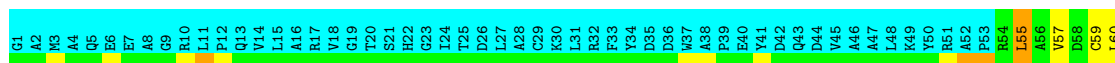
4.2.2 Score per residue for model 2

- Molecule 1: Methyltransferase-like 27



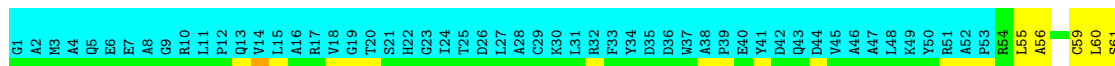
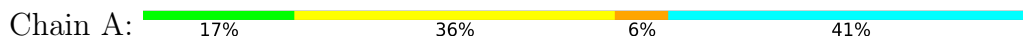
4.2.3 Score per residue for model 3

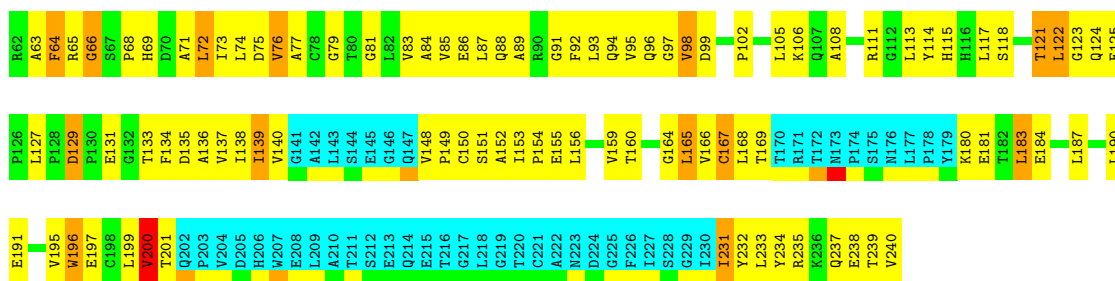
- Molecule 1: Methyltransferase-like 27



4.2.4 Score per residue for model 4

- Molecule 1: Methyltransferase-like 27

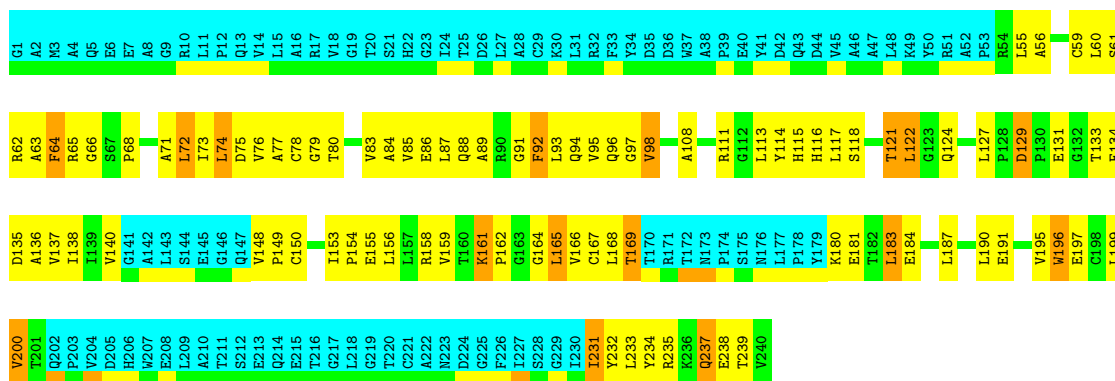




4.2.5 Score per residue for model 5

- Molecule 1: Methyltransferase-like 27

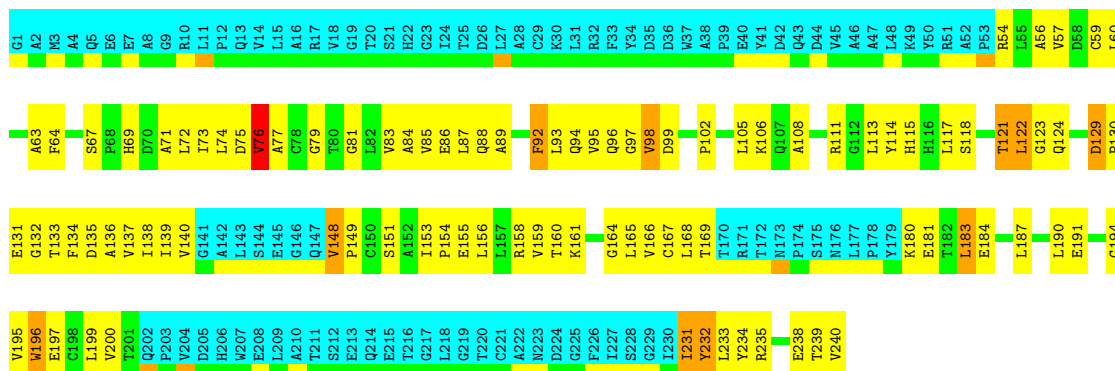
Chain A: 20% 32% 7% 41%



4.2.6 Score per residue for model 6

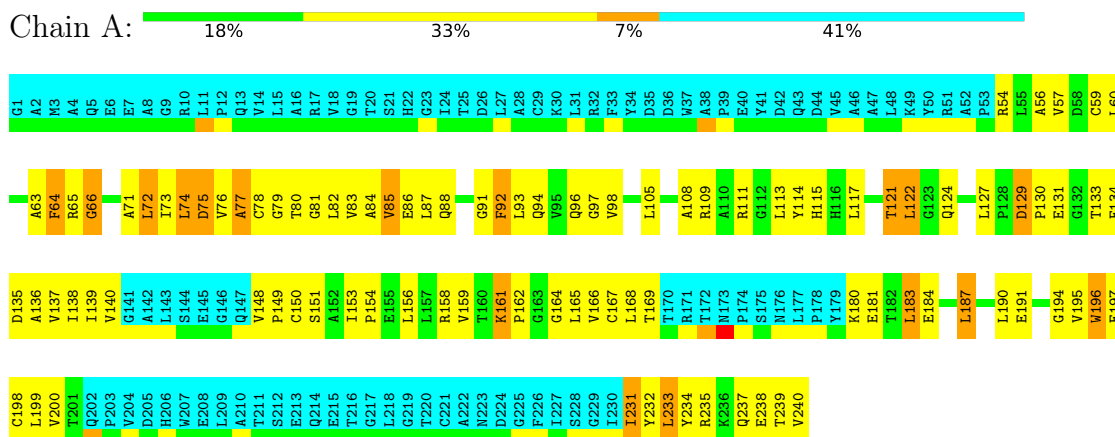
- Molecule 1: Methyltransferase-like 27

Chain A: 18% 36% 41%



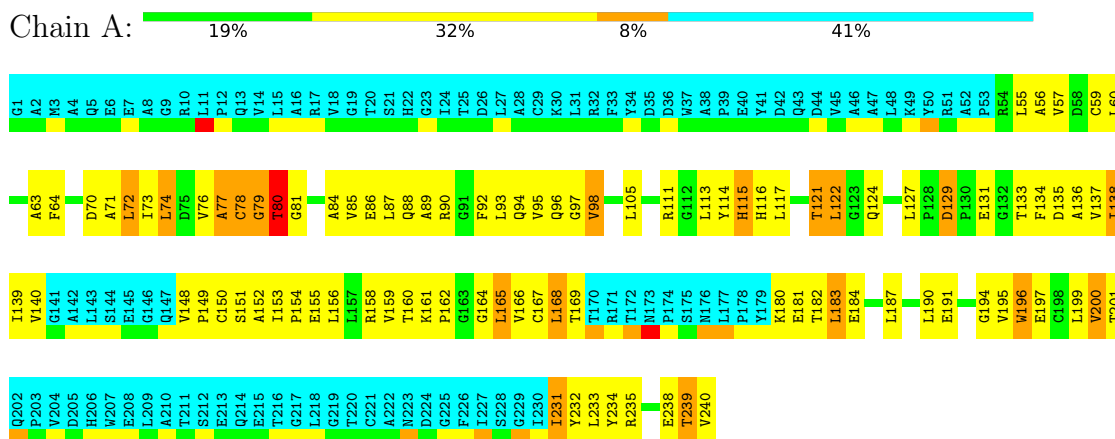
4.2.7 Score per residue for model 7

- Molecule 1: Methyltransferase-like 27



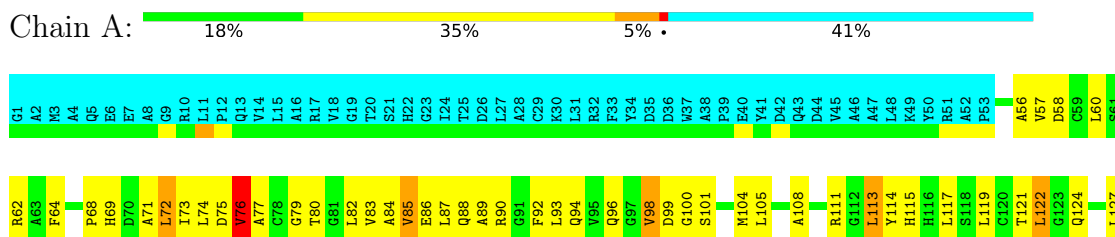
4.2.8 Score per residue for model 8

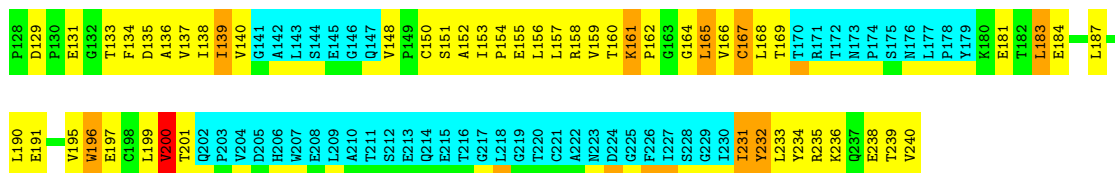
- Molecule 1: Methyltransferase-like 27



4.2.9 Score per residue for model 9

- Molecule 1: Methyltransferase-like 27

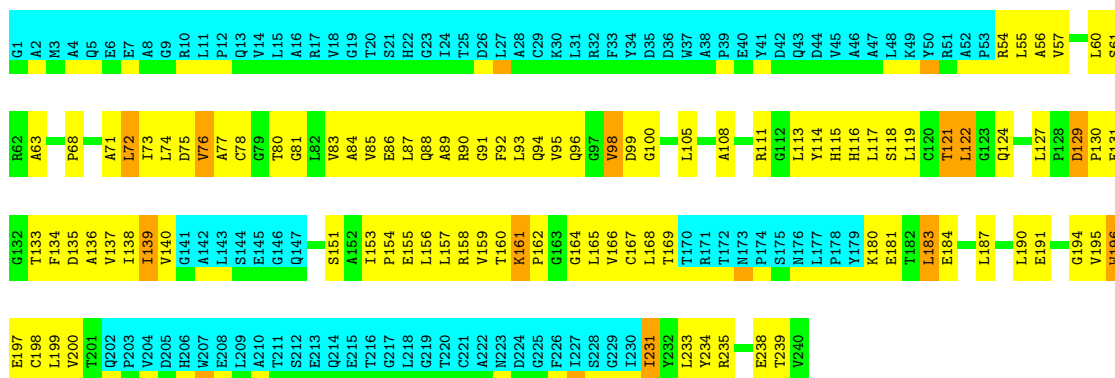




4.2.10 Score per residue for model 10

- Molecule 1: Methyltransferase-like 27

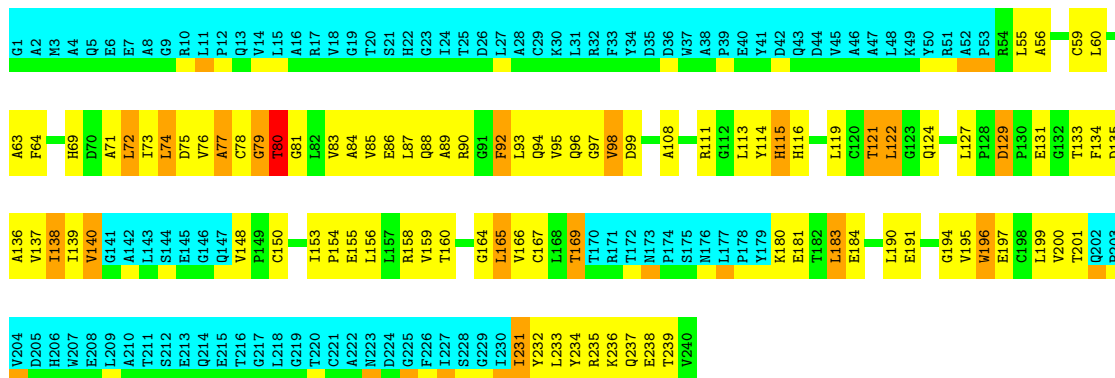
Chain A: 18% 36% 5% 41%



4.2.11 Score per residue for model 11

- Molecule 1: Methyltransferase-like 27

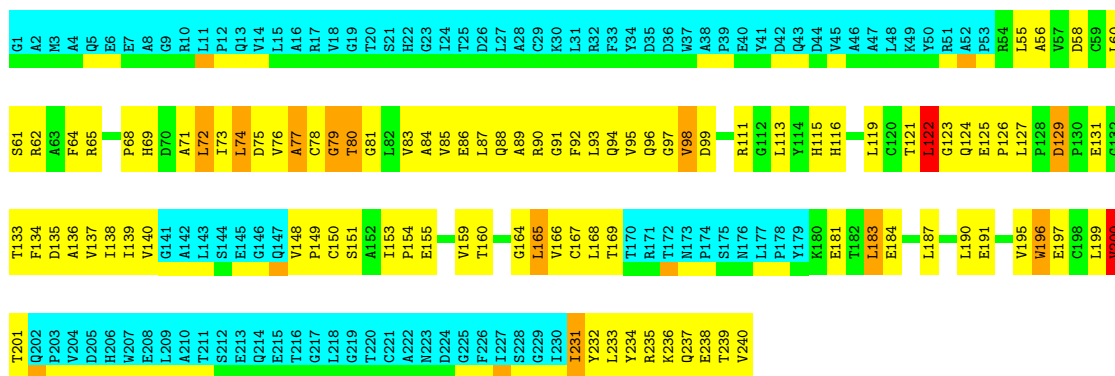
Chain A: 21% 30% 7% 41%



4.2.12 Score per residue for model 12 (medoid)

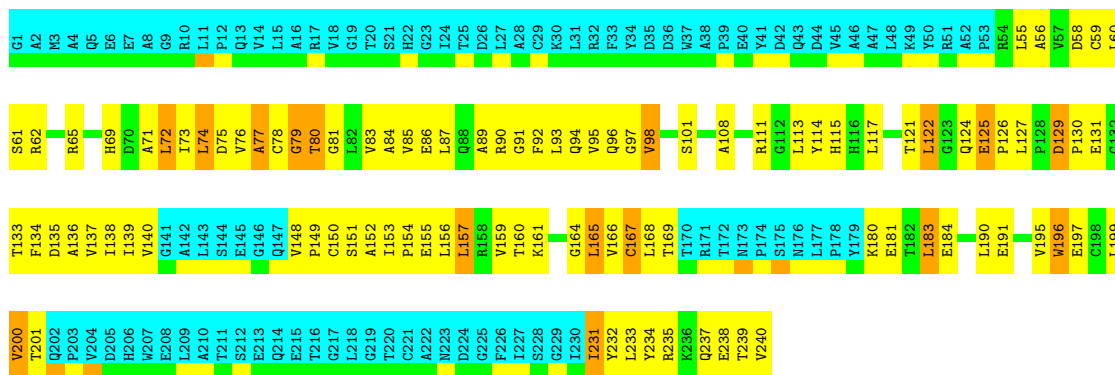
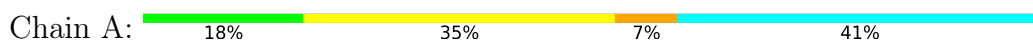
- Molecule 1: Methyltransferase-like 27

Chain A: 18% 35% 5% 41%



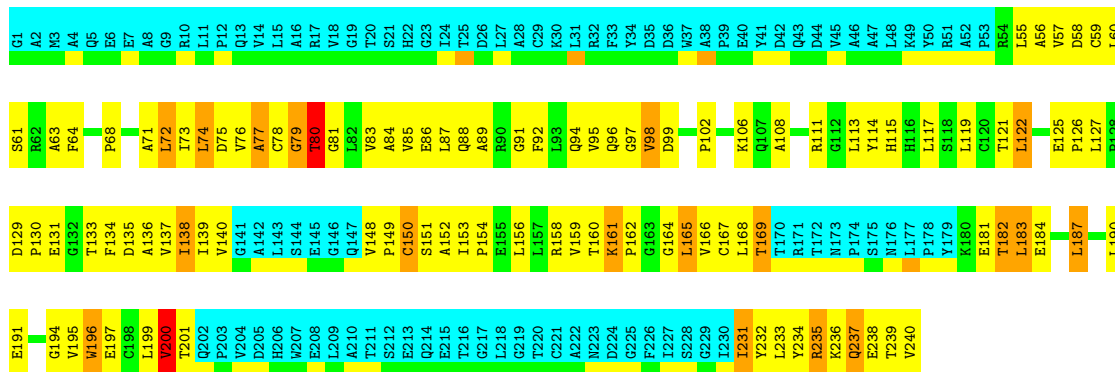
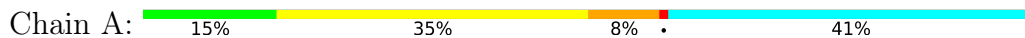
4.2.13 Score per residue for model 13

- Molecule 1: Methyltransferase-like 27



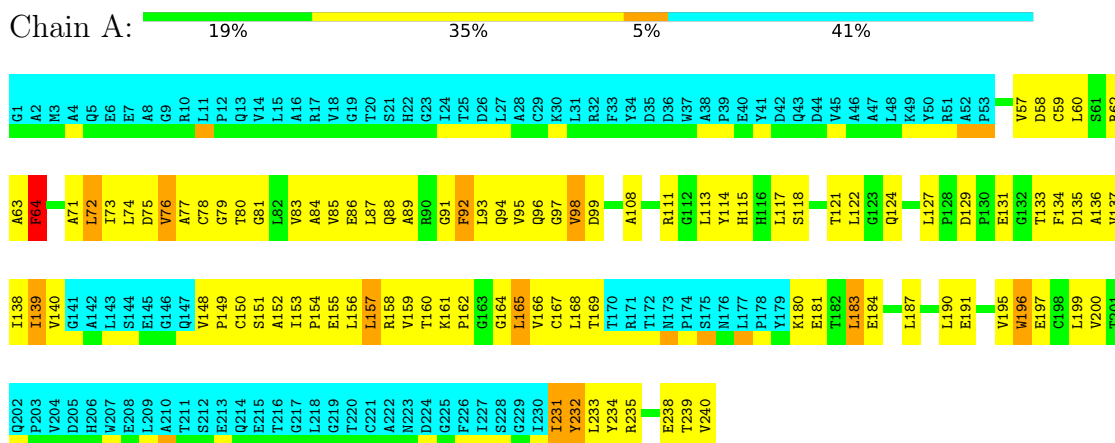
4.2.14 Score per residue for model 14

- Molecule 1: Methyltransferase-like 27



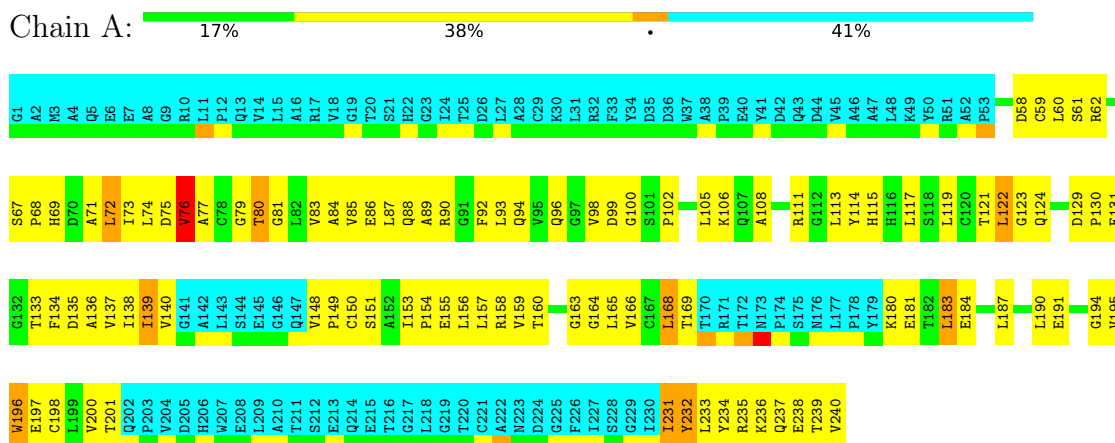
4.2.15 Score per residue for model 15

- Molecule 1: Methyltransferase-like 27



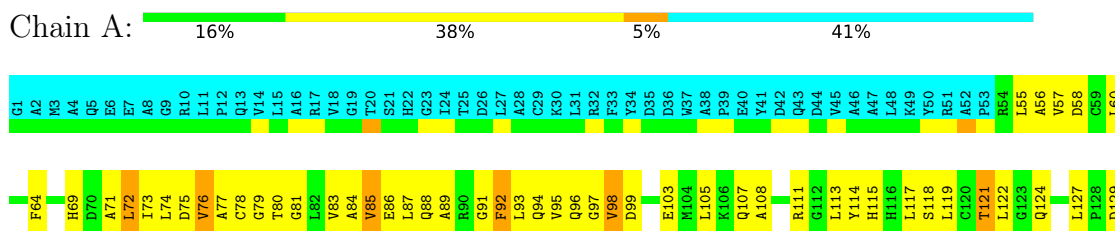
4.2.16 Score per residue for model 16

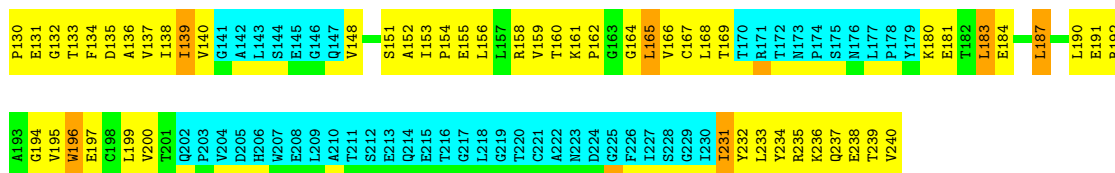
- Molecule 1: Methyltransferase-like 27



4.2.17 Score per residue for model 17

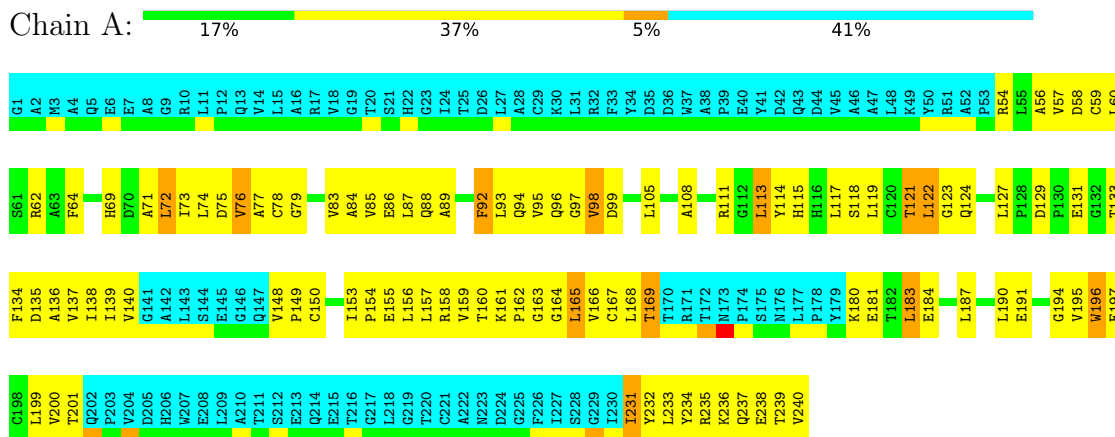
- Molecule 1: Methyltransferase-like 27





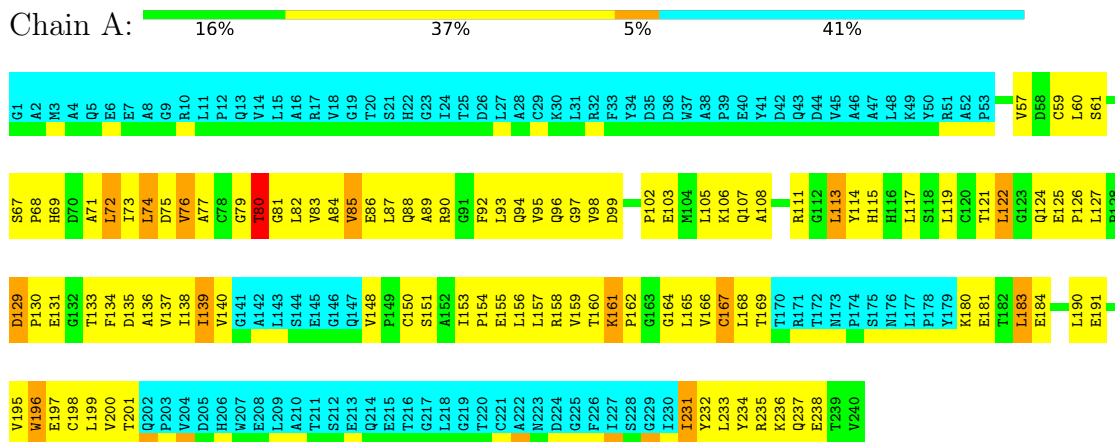
4.2.18 Score per residue for model 18

- Molecule 1: Methyltransferase-like 27



4.2.19 Score per residue for model 19

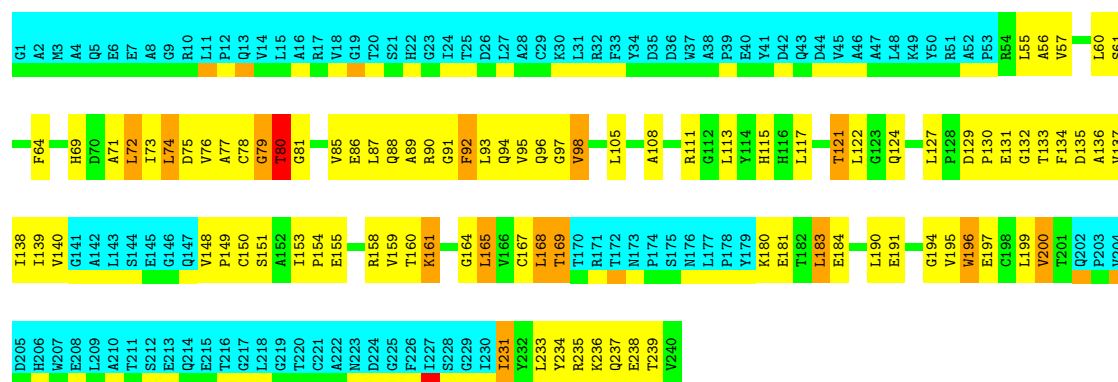
- Molecule 1: Methyltransferase-like 27



4.2.20 Score per residue for model 20

- Molecule 1: Methyltransferase-like 27





5 Refinement protocol and experimental data overview

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

Of the 200 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
CNS	refinement	
CNS	structure calculation	

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

Chemical shift file(s)	working_cs.cif
Number of chemical shift lists	1
Total number of shifts	1262
Number of shifts mapped to atoms	1262
Number of unparsed shifts	0
Number of shifts with mapping errors	0
Number of shifts with mapping warnings	0
Assignment completeness (well-defined parts)	44%

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	1069	1100	1097	144±8
All	All	21380	22000	21940	2878

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 66.

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

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:73:ILE:HD12	1:A:136:ALA:HB3	1.08	1.21	5	20
1:A:140:VAL:HG12	1:A:169:THR:HG23	1.05	1.26	9	6
1:A:199:LEU:O	1:A:200:VAL:HG13	0.96	1.60	20	10
1:A:74:LEU:HD12	1:A:134:PHE:CE2	0.96	1.96	14	13
1:A:137:VAL:HG22	1:A:166:VAL:HG22	0.96	1.38	12	8
1:A:76:VAL:HG22	1:A:77:ALA:H	0.96	1.18	4	6
1:A:165:LEU:HD12	1:A:199:LEU:HD11	0.94	1.39	12	9
1:A:76:VAL:HG21	1:A:139:ILE:HD13	0.93	1.41	19	1
1:A:64:PHE:CD2	1:A:165:LEU:HD21	0.93	1.98	1	10
1:A:60:LEU:HG	1:A:199:LEU:HD21	0.92	1.36	3	1
1:A:199:LEU:HD11	1:A:235:ARG:HG3	0.92	1.42	14	1
1:A:87:LEU:HD13	1:A:95:VAL:HG21	0.91	1.43	4	7
1:A:114:TYR:CD1	1:A:117:LEU:HD21	0.90	2.02	4	11
1:A:114:TYR:CG	1:A:117:LEU:HD21	0.90	2.02	17	15

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:76:VAL:CG2	1:A:98:VAL:HG23	0.90	1.97	13	6
1:A:108:ALA:HB1	1:A:114:TYR:CE2	0.90	2.01	9	6
1:A:200:VAL:HG23	1:A:233:LEU:HD13	0.90	1.41	16	9
1:A:85:VAL:HG22	1:A:113:LEU:HD11	0.89	1.43	7	2
1:A:76:VAL:HG23	1:A:98:VAL:HG23	0.89	1.45	8	7
1:A:88:GLN:HG3	1:A:93:LEU:HD23	0.88	1.42	11	4
1:A:73:ILE:CD1	1:A:136:ALA:HB3	0.88	1.98	13	20
1:A:122:LEU:HG	1:A:148:VAL:HG22	0.88	1.41	18	15
1:A:137:VAL:HG13	1:A:166:VAL:HG13	0.87	1.47	10	5
1:A:137:VAL:HG23	1:A:166:VAL:HG13	0.87	1.47	7	12
1:A:168:LEU:HD22	1:A:169:THR:N	0.86	1.85	20	2
1:A:122:LEU:HD23	1:A:148:VAL:HG22	0.86	1.46	8	7
1:A:169:THR:HG22	1:A:231:ILE:CG1	0.85	2.01	5	7
1:A:197:GLU:HB3	1:A:238:GLU:HB3	0.85	1.49	7	8
1:A:165:LEU:HD12	1:A:199:LEU:CD1	0.85	2.00	5	9
1:A:79:GLY:O	1:A:81:GLY:N	0.85	2.09	13	10
1:A:164:GLY:O	1:A:235:ARG:HA	0.84	1.72	17	19
1:A:137:VAL:CG2	1:A:166:VAL:HG13	0.84	2.02	11	13
1:A:200:VAL:HG22	1:A:233:LEU:HD13	0.84	1.49	4	3
1:A:111:ARG:HG2	1:A:113:LEU:HD22	0.83	1.49	19	1
1:A:169:THR:HG22	1:A:231:ILE:HG12	0.83	1.49	3	7
1:A:73:ILE:HA	1:A:136:ALA:O	0.83	1.73	16	20
1:A:200:VAL:HG22	1:A:233:LEU:HB2	0.82	1.48	7	5
1:A:64:PHE:CE2	1:A:165:LEU:HD21	0.82	2.09	3	4
1:A:72:LEU:O	1:A:73:ILE:HD13	0.82	1.75	5	14
1:A:165:LEU:HD11	1:A:199:LEU:HD12	0.82	1.52	6	1
1:A:111:ARG:HG3	1:A:113:LEU:HD23	0.82	1.51	16	12
1:A:76:VAL:HG13	1:A:139:ILE:HD12	0.81	1.50	20	5
1:A:164:GLY:C	1:A:165:LEU:HD13	0.81	1.95	17	14
1:A:71:ALA:O	1:A:94:GLN:HB2	0.81	1.75	5	20
1:A:140:VAL:HG22	1:A:169:THR:HG23	0.81	1.50	19	3
1:A:88:GLN:HG3	1:A:93:LEU:HG	0.81	1.53	3	4
1:A:60:LEU:HD21	1:A:64:PHE:CD2	0.81	2.11	5	1
1:A:199:LEU:HD11	1:A:235:ARG:HD2	0.81	1.51	6	1
1:A:140:VAL:HG13	1:A:169:THR:HG21	0.80	1.52	13	3
1:A:190:LEU:O	1:A:195:VAL:HG22	0.80	1.76	14	20
1:A:169:THR:HG22	1:A:231:ILE:HA	0.80	1.52	12	9
1:A:201:THR:HG23	1:A:232:TYR:HB3	0.80	1.50	12	10
1:A:122:LEU:CD2	1:A:148:VAL:HG22	0.79	2.06	8	9
1:A:137:VAL:CG1	1:A:166:VAL:HG13	0.79	2.06	3	5
1:A:199:LEU:HD11	1:A:235:ARG:HB2	0.78	1.55	8	8

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:76:VAL:CG1	1:A:139:ILE:HD12	0.78	2.08	6	7
1:A:135:ASP:O	1:A:164:GLY:HA3	0.77	1.79	20	17
1:A:127:LEU:HD11	1:A:156:LEU:HD12	0.77	1.54	1	7
1:A:197:GLU:HB3	1:A:238:GLU:OE1	0.77	1.80	17	5
1:A:72:LEU:HD22	1:A:94:GLN:HB3	0.77	1.55	1	14
1:A:139:ILE:HD11	1:A:148:VAL:HG21	0.76	1.55	7	4
1:A:168:LEU:HD11	1:A:232:TYR:CE2	0.76	2.15	2	2
1:A:140:VAL:CG1	1:A:169:THR:HG23	0.76	2.08	9	4
1:A:76:VAL:HG23	1:A:122:LEU:HD21	0.76	1.56	10	4
1:A:111:ARG:HB3	1:A:113:LEU:HD23	0.76	1.56	10	3
1:A:199:LEU:O	1:A:200:VAL:HG12	0.76	1.80	4	3
1:A:191:GLU:O	1:A:239:THR:HA	0.76	1.81	20	16
1:A:139:ILE:HD12	1:A:140:VAL:N	0.76	1.96	19	3
1:A:74:LEU:HA	1:A:96:GLN:O	0.76	1.81	10	18
1:A:63:ALA:HB3	1:A:199:LEU:HD21	0.76	1.54	4	1
1:A:169:THR:HG22	1:A:231:ILE:CA	0.76	2.09	19	10
1:A:140:VAL:HA	1:A:169:THR:HG23	0.75	1.55	11	5
1:A:231:ILE:HD13	1:A:231:ILE:C	0.75	2.02	1	8
1:A:137:VAL:HG12	1:A:166:VAL:HG22	0.75	1.58	4	2
1:A:85:VAL:HG22	1:A:113:LEU:CD1	0.75	2.12	7	2
1:A:131:GLU:HA	1:A:159:VAL:HA	0.75	1.58	5	20
1:A:168:LEU:HD22	1:A:169:THR:H	0.75	1.41	8	1
1:A:191:GLU:HA	1:A:196:TRP:O	0.75	1.82	3	19
1:A:200:VAL:CG2	1:A:233:LEU:HD22	0.74	2.12	16	8
1:A:165:LEU:HD12	1:A:199:LEU:HD13	0.74	1.59	3	2
1:A:76:VAL:O	1:A:139:ILE:HD13	0.74	1.82	14	2
1:A:75:ASP:O	1:A:97:GLY:HA2	0.74	1.82	5	7
1:A:122:LEU:CG	1:A:148:VAL:HG22	0.74	2.12	11	9
1:A:129:ASP:OD1	1:A:159:VAL:HG21	0.74	1.83	3	10
1:A:76:VAL:HG21	1:A:148:VAL:HG22	0.74	1.58	15	1
1:A:57:VAL:HG21	1:A:87:LEU:HD23	0.74	1.59	3	11
1:A:129:ASP:OD1	1:A:159:VAL:HG11	0.74	1.83	9	6
1:A:60:LEU:HB2	1:A:233:LEU:HD23	0.74	1.58	6	2
1:A:140:VAL:HB	1:A:169:THR:HG21	0.74	1.60	15	1
1:A:169:THR:HG22	1:A:231:ILE:N	0.73	1.98	16	2
1:A:121:THR:HG22	1:A:124:GLN:HB2	0.73	1.59	4	11
1:A:59:CYS:HB3	1:A:200:VAL:HG21	0.73	1.58	8	5
1:A:91:GLY:O	1:A:93:LEU:HD12	0.73	1.84	13	8
1:A:133:THR:HG22	1:A:134:PHE:CE1	0.73	2.19	18	18
1:A:88:GLN:HG2	1:A:93:LEU:HA	0.73	1.61	5	6
1:A:59:CYS:O	1:A:200:VAL:HG11	0.72	1.84	15	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:60:LEU:HD21	1:A:165:LEU:HD23	0.72	1.60	20	3
1:A:134:PHE:O	1:A:160:THR:HA	0.72	1.83	3	18
1:A:76:VAL:CG2	1:A:139:ILE:HD13	0.72	2.15	19	1
1:A:74:LEU:O	1:A:137:VAL:HG23	0.72	1.85	10	4
1:A:74:LEU:HB3	1:A:137:VAL:HG12	0.72	1.60	15	3
1:A:165:LEU:N	1:A:165:LEU:HD22	0.71	2.00	20	11
1:A:84:ALA:HA	1:A:87:LEU:HD12	0.71	1.60	12	15
1:A:76:VAL:HB	1:A:139:ILE:HD12	0.71	1.61	2	1
1:A:59:CYS:HB3	1:A:200:VAL:HG11	0.71	1.62	18	5
1:A:140:VAL:HG23	1:A:169:THR:OG1	0.71	1.85	3	2
1:A:169:THR:HG22	1:A:231:ILE:HG13	0.71	1.61	6	2
1:A:129:ASP:OD2	1:A:159:VAL:HG21	0.71	1.86	10	5
1:A:121:THR:HG23	1:A:124:GLN:HB2	0.71	1.62	2	8
1:A:199:LEU:HB3	1:A:233:LEU:HB3	0.71	1.63	3	2
1:A:76:VAL:HG11	1:A:139:ILE:HD12	0.71	1.62	6	2
1:A:75:ASP:OD2	1:A:138:ILE:HG23	0.71	1.86	16	3
1:A:78:CYS:O	1:A:80:THR:N	0.71	2.24	14	6
1:A:111:ARG:HG3	1:A:113:LEU:HD13	0.70	1.61	19	1
1:A:167:CYS:SG	1:A:231:ILE:HD11	0.70	2.26	8	12
1:A:76:VAL:HG13	1:A:139:ILE:CD1	0.70	2.16	12	3
1:A:127:LEU:HD11	1:A:156:LEU:CD1	0.70	2.16	4	10
1:A:231:ILE:C	1:A:231:ILE:HD13	0.70	2.05	10	10
1:A:156:LEU:O	1:A:159:VAL:HG22	0.70	1.87	16	14
1:A:72:LEU:HB3	1:A:134:PHE:HA	0.70	1.60	12	15
1:A:155:GLU:O	1:A:159:VAL:HG13	0.70	1.87	16	15
1:A:197:GLU:HB3	1:A:238:GLU:CB	0.69	2.17	7	13
1:A:164:GLY:C	1:A:165:LEU:HD22	0.69	2.07	16	3
1:A:196:TRP:CE3	1:A:234:TYR:CD1	0.69	2.79	16	3
1:A:71:ALA:HA	1:A:135:ASP:OD1	0.69	1.86	9	8
1:A:77:ALA:HB2	1:A:98:VAL:O	0.69	1.87	10	10
1:A:183:LEU:HG	1:A:184:GLU:N	0.69	2.01	15	19
1:A:165:LEU:HA	1:A:234:TYR:O	0.69	1.86	14	14
1:A:153:ILE:HA	1:A:156:LEU:HD13	0.69	1.64	18	5
1:A:169:THR:HG22	1:A:231:ILE:HB	0.69	1.63	13	4
1:A:122:LEU:HG	1:A:148:VAL:HG13	0.69	1.62	12	5
1:A:77:ALA:CB	1:A:99:ASP:HA	0.69	2.17	19	12
1:A:127:LEU:HD12	1:A:155:GLU:HG3	0.69	1.64	1	3
1:A:199:LEU:CD1	1:A:235:ARG:HB2	0.69	2.18	5	5
1:A:190:LEU:HD22	1:A:195:VAL:HG21	0.69	1.63	10	11
1:A:81:GLY:O	1:A:85:VAL:HG23	0.68	1.87	10	12
1:A:122:LEU:HB3	1:A:149:PRO:HD3	0.68	1.64	6	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:183:LEU:HD12	1:A:184:GLU:N	0.68	2.03	8	1
1:A:60:LEU:HD12	1:A:233:LEU:HD23	0.68	1.65	15	2
1:A:122:LEU:HD22	1:A:122:LEU:H	0.68	1.48	20	11
1:A:200:VAL:HG12	1:A:233:LEU:HD13	0.68	1.65	1	2
1:A:76:VAL:HG22	1:A:77:ALA:N	0.68	1.99	4	12
1:A:180:LYS:O	1:A:183:LEU:HG	0.68	1.88	8	1
1:A:64:PHE:HD1	1:A:165:LEU:HD21	0.68	1.48	20	1
1:A:60:LEU:HD22	1:A:92:PHE:CZ	0.68	2.24	6	14
1:A:127:LEU:HD23	1:A:129:ASP:OD1	0.68	1.89	12	1
1:A:168:LEU:HD13	1:A:168:LEU:O	0.68	1.89	20	1
1:A:65:ARG:O	1:A:66:GLY:O	0.68	2.12	4	2
1:A:85:VAL:HG22	1:A:113:LEU:CD2	0.67	2.19	9	2
1:A:76:VAL:O	1:A:139:ILE:HD12	0.67	1.90	13	2
1:A:111:ARG:CG	1:A:113:LEU:HD22	0.67	2.19	19	2
1:A:60:LEU:HD22	1:A:92:PHE:CE2	0.67	2.24	17	11
1:A:74:LEU:HB3	1:A:137:VAL:HG23	0.67	1.67	19	1
1:A:164:GLY:O	1:A:165:LEU:HD13	0.67	1.90	18	10
1:A:74:LEU:HB3	1:A:137:VAL:HG13	0.67	1.66	13	2
1:A:165:LEU:HD12	1:A:199:LEU:HD22	0.66	1.66	15	2
1:A:197:GLU:HB3	1:A:238:GLU:OE2	0.66	1.90	3	10
1:A:72:LEU:HD22	1:A:94:GLN:CB	0.66	2.21	1	7
1:A:133:THR:HG22	1:A:134:PHE:CD1	0.66	2.26	16	17
1:A:102:PRO:O	1:A:106:LYS:HG2	0.66	1.90	4	4
1:A:99:ASP:HB2	1:A:105:LEU:HD13	0.66	1.68	1	8
1:A:197:GLU:HB2	1:A:238:GLU:CB	0.66	2.20	11	4
1:A:85:VAL:HG22	1:A:113:LEU:HD21	0.65	1.68	9	2
1:A:197:GLU:HB2	1:A:238:GLU:HB3	0.65	1.65	11	6
1:A:165:LEU:HD13	1:A:165:LEU:N	0.65	2.06	5	7
1:A:197:GLU:CB	1:A:238:GLU:HB3	0.65	2.20	7	12
1:A:74:LEU:HB2	1:A:137:VAL:HG12	0.65	1.69	12	3
1:A:136:ALA:HB1	1:A:165:LEU:O	0.65	1.91	7	19
1:A:95:VAL:O	1:A:114:TYR:HA	0.65	1.92	8	9
1:A:140:VAL:CB	1:A:169:THR:HG21	0.65	2.21	15	1
1:A:199:LEU:HD23	1:A:233:LEU:HD23	0.64	1.67	17	1
1:A:161:LYS:HD3	1:A:162:PRO:O	0.64	1.92	7	3
1:A:153:ILE:O	1:A:157:LEU:HD12	0.64	1.91	9	1
1:A:200:VAL:HG22	1:A:233:LEU:HD22	0.64	1.69	17	2
1:A:71:ALA:HB1	1:A:135:ASP:HB2	0.64	1.70	19	7
1:A:165:LEU:HB3	1:A:199:LEU:HD22	0.64	1.68	3	2
1:A:76:VAL:HG23	1:A:139:ILE:HD12	0.64	1.70	7	1
1:A:233:LEU:HD12	1:A:233:LEU:N	0.64	2.08	10	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:232:TYR:CD2	1:A:232:TYR:N	0.64	2.65	15	2
1:A:140:VAL:HA	1:A:169:THR:CG2	0.64	2.22	11	1
1:A:199:LEU:O	1:A:200:VAL:CG1	0.64	2.45	17	8
1:A:63:ALA:HB1	1:A:199:LEU:HG	0.64	1.69	10	1
1:A:137:VAL:CG2	1:A:166:VAL:HG22	0.64	2.20	12	1
1:A:74:LEU:HD12	1:A:134:PHE:HE2	0.64	1.49	20	9
1:A:94:GLN:HA	1:A:115:HIS:CD2	0.64	2.28	12	20
1:A:194:GLY:CA	1:A:239:THR:HG22	0.64	2.23	18	3
1:A:194:GLY:CA	1:A:239:THR:HG23	0.64	2.23	8	1
1:A:164:GLY:C	1:A:165:LEU:HD12	0.64	2.13	10	1
1:A:76:VAL:CG2	1:A:122:LEU:HD21	0.64	2.23	15	2
1:A:233:LEU:CD1	1:A:233:LEU:N	0.63	2.61	7	1
1:A:88:GLN:CB	1:A:93:LEU:HD23	0.63	2.23	16	3
1:A:127:LEU:HD12	1:A:155:GLU:CG	0.63	2.23	11	3
1:A:139:ILE:CD1	1:A:148:VAL:HG21	0.63	2.23	1	3
1:A:168:LEU:O	1:A:168:LEU:HD12	0.63	1.93	5	3
1:A:76:VAL:HG23	1:A:122:LEU:CD2	0.63	2.23	17	1
1:A:199:LEU:HD23	1:A:233:LEU:HB3	0.63	1.70	3	1
1:A:122:LEU:HB3	1:A:149:PRO:HD2	0.63	1.69	15	6
1:A:76:VAL:HG11	1:A:139:ILE:HD13	0.63	1.70	17	1
1:A:237:GLN:O	1:A:238:GLU:HG3	0.62	1.93	1	8
1:A:60:LEU:HA	1:A:233:LEU:HD23	0.62	1.70	18	6
1:A:180:LYS:HA	1:A:183:LEU:HD23	0.62	1.72	5	3
1:A:76:VAL:HG13	1:A:139:ILE:HB	0.62	1.69	9	1
1:A:165:LEU:CD1	1:A:199:LEU:HD12	0.62	2.24	6	1
1:A:111:ARG:HG3	1:A:113:LEU:HD22	0.62	1.71	18	1
1:A:88:GLN:CG	1:A:93:LEU:HD23	0.62	2.25	5	2
1:A:56:ALA:HB3	1:A:138:ILE:HD11	0.62	1.70	11	2
1:A:200:VAL:HG23	1:A:233:LEU:HB2	0.62	1.70	5	4
1:A:183:LEU:O	1:A:187:LEU:HD22	0.62	1.94	3	1
1:A:78:CYS:C	1:A:80:THR:H	0.62	1.98	8	6
1:A:60:LEU:HD13	1:A:92:PHE:HE2	0.62	1.54	5	1
1:A:63:ALA:HB3	1:A:199:LEU:HB3	0.62	1.72	5	1
1:A:54:ARG:HG2	1:A:86:GLU:OE2	0.62	1.95	10	1
1:A:200:VAL:CG2	1:A:233:LEU:HD13	0.62	2.23	16	6
1:A:168:LEU:C	1:A:168:LEU:HD13	0.62	2.15	8	1
1:A:97:GLY:O	1:A:117:LEU:HD22	0.62	1.93	5	4
1:A:199:LEU:C	1:A:200:VAL:HG12	0.62	2.15	4	2
1:A:194:GLY:N	1:A:239:THR:HG23	0.62	2.10	8	1
1:A:76:VAL:CG2	1:A:77:ALA:H	0.61	2.01	4	4
1:A:65:ARG:NE	1:A:135:ASP:HB3	0.61	2.10	5	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:72:LEU:C	1:A:73:ILE:HD13	0.61	2.16	5	8
1:A:56:ALA:HB1	1:A:167:CYS:SG	0.61	2.34	6	3
1:A:200:VAL:HB	1:A:233:LEU:HD22	0.61	1.72	13	1
1:A:122:LEU:HB3	1:A:149:PRO:CD	0.61	2.25	5	1
1:A:74:LEU:CB	1:A:137:VAL:HG12	0.61	2.25	9	5
1:A:63:ALA:O	1:A:199:LEU:HD13	0.61	1.95	6	1
1:A:135:ASP:O	1:A:164:GLY:CA	0.61	2.49	7	14
1:A:75:ASP:OD1	1:A:138:ILE:HG23	0.61	1.96	10	4
1:A:111:ARG:O	1:A:113:LEU:HD13	0.61	1.96	9	1
1:A:105:LEU:HD11	1:A:117:LEU:HB3	0.61	1.71	17	3
1:A:140:VAL:HG12	1:A:169:THR:CG2	0.61	2.26	18	2
1:A:57:VAL:HG23	1:A:87:LEU:HD23	0.61	1.73	1	1
1:A:85:VAL:HA	1:A:113:LEU:HG	0.60	1.72	10	11
1:A:131:GLU:HG2	1:A:158:ARG:HG2	0.60	1.73	1	1
1:A:127:LEU:HD11	1:A:156:LEU:HD22	0.60	1.70	13	2
1:A:76:VAL:CG1	1:A:139:ILE:HD13	0.60	2.25	17	1
1:A:199:LEU:CG	1:A:235:ARG:HB2	0.60	2.25	5	2
1:A:127:LEU:HB3	1:A:129:ASP:OD1	0.60	1.96	17	2
1:A:231:ILE:HD13	1:A:232:TYR:N	0.60	2.11	19	4
1:A:235:ARG:HD2	1:A:238:GLU:OE1	0.60	1.97	13	3
1:A:157:LEU:HD12	1:A:157:LEU:O	0.60	1.96	13	2
1:A:161:LYS:HG2	1:A:162:PRO:HD2	0.60	1.72	15	4
1:A:165:LEU:HD13	1:A:234:TYR:O	0.60	1.97	7	1
1:A:63:ALA:CB	1:A:199:LEU:HD13	0.60	2.27	14	2
1:A:88:GLN:OE1	1:A:93:LEU:HG	0.60	1.96	12	1
1:A:83:VAL:O	1:A:87:LEU:HG	0.59	1.97	17	15
1:A:199:LEU:O	1:A:200:VAL:HG23	0.59	1.97	1	2
1:A:88:GLN:HG2	1:A:93:LEU:HD23	0.59	1.73	5	1
1:A:111:ARG:HB3	1:A:113:LEU:HD22	0.59	1.74	9	1
1:A:86:GLU:O	1:A:89:ALA:HB3	0.59	1.96	14	19
1:A:168:LEU:HD11	1:A:232:TYR:CZ	0.59	2.31	2	3
1:A:200:VAL:CG2	1:A:233:LEU:HB2	0.59	2.26	15	6
1:A:63:ALA:HB1	1:A:199:LEU:HD22	0.59	1.73	11	2
1:A:60:LEU:N	1:A:233:LEU:HD21	0.59	2.12	19	5
1:A:136:ALA:HB2	1:A:165:LEU:HD22	0.59	1.75	15	4
1:A:233:LEU:N	1:A:233:LEU:HD12	0.59	2.12	7	2
1:A:200:VAL:O	1:A:233:LEU:HB2	0.59	1.98	2	1
1:A:84:ALA:HB1	1:A:113:LEU:HB3	0.59	1.74	9	7
1:A:169:THR:HG22	1:A:231:ILE:CB	0.59	2.27	13	8
1:A:84:ALA:HB2	1:A:114:TYR:CE2	0.59	2.32	18	5
1:A:82:LEU:O	1:A:85:VAL:HG23	0.59	1.97	9	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:183:LEU:HD12	1:A:183:LEU:C	0.59	2.17	8	1
1:A:60:LEU:CD2	1:A:64:PHE:CD2	0.59	2.85	5	1
1:A:139:ILE:HG21	1:A:156:LEU:HD23	0.59	1.73	7	1
1:A:140:VAL:HG22	1:A:169:THR:CG2	0.59	2.28	13	1
1:A:169:THR:CG2	1:A:231:ILE:HB	0.59	2.28	9	6
1:A:183:LEU:O	1:A:187:LEU:HD13	0.59	1.98	10	5
1:A:88:GLN:OE1	1:A:93:LEU:HD23	0.59	1.97	18	1
1:A:58:ASP:O	1:A:62:ARG:HG2	0.59	1.97	13	3
1:A:129:ASP:CG	1:A:159:VAL:HG11	0.58	2.19	9	1
1:A:76:VAL:HG11	1:A:139:ILE:HG12	0.58	1.75	19	1
1:A:80:THR:HG22	1:A:83:VAL:CG2	0.58	2.29	11	3
1:A:63:ALA:CB	1:A:199:LEU:HD21	0.58	2.27	4	1
1:A:231:ILE:C	1:A:231:ILE:CD1	0.58	2.72	12	10
1:A:80:THR:HG22	1:A:83:VAL:HG21	0.58	1.75	11	1
1:A:153:ILE:N	1:A:154:PRO:HD2	0.58	2.14	14	13
1:A:69:HIS:CG	1:A:93:LEU:HD12	0.58	2.34	19	5
1:A:60:LEU:HG	1:A:165:LEU:CB	0.58	2.28	19	3
1:A:56:ALA:HB3	1:A:138:ILE:CD1	0.58	2.29	11	1
1:A:69:HIS:CD2	1:A:93:LEU:HD12	0.58	2.33	6	3
1:A:239:THR:HG22	1:A:240:VAL:HG23	0.57	1.75	15	2
1:A:75:ASP:N	1:A:96:GLN:O	0.57	2.37	4	7
1:A:197:GLU:O	1:A:234:TYR:HA	0.57	1.99	16	1
1:A:168:LEU:HD13	1:A:168:LEU:C	0.57	2.20	20	1
1:A:196:TRP:CZ2	1:A:234:TYR:CE1	0.57	2.92	19	3
1:A:69:HIS:CE1	1:A:93:LEU:HD22	0.57	2.34	17	3
1:A:80:THR:HB	1:A:83:VAL:HB	0.57	1.77	7	4
1:A:139:ILE:HD12	1:A:139:ILE:C	0.57	2.19	19	1
1:A:127:LEU:HD12	1:A:155:GLU:HB3	0.57	1.76	8	3
1:A:131:GLU:HG3	1:A:158:ARG:HG2	0.57	1.75	19	6
1:A:197:GLU:HB2	1:A:238:GLU:CD	0.57	2.20	18	2
1:A:197:GLU:OE1	1:A:239:THR:C	0.57	2.43	10	1
1:A:60:LEU:HG	1:A:199:LEU:CD2	0.57	2.22	3	1
1:A:74:LEU:HD23	1:A:75:ASP:N	0.57	2.15	6	8
1:A:85:VAL:HG22	1:A:113:LEU:HG	0.57	1.77	5	3
1:A:136:ALA:HB2	1:A:165:LEU:CD2	0.57	2.29	15	4
1:A:199:LEU:CD2	1:A:200:VAL:HG13	0.57	2.30	19	1
1:A:167:CYS:CB	1:A:233:LEU:HG	0.56	2.29	6	4
1:A:60:LEU:C	1:A:60:LEU:HD23	0.56	2.20	11	16
1:A:235:ARG:HD3	1:A:238:GLU:OE1	0.56	2.00	5	2
1:A:122:LEU:HB3	1:A:148:VAL:HA	0.56	1.77	18	3
1:A:200:VAL:CG1	1:A:233:LEU:HD22	0.56	2.30	11	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:75:ASP:O	1:A:97:GLY:HA3	0.56	1.99	19	2
1:A:140:VAL:HG13	1:A:169:THR:CG2	0.56	2.30	14	1
1:A:111:ARG:CG	1:A:113:LEU:HD23	0.56	2.28	16	3
1:A:75:ASP:OD1	1:A:80:THR:HG21	0.56	2.00	15	2
1:A:76:VAL:HG23	1:A:98:VAL:O	0.56	2.01	12	1
1:A:164:GLY:O	1:A:235:ARG:HG3	0.56	1.99	5	8
1:A:235:ARG:HB3	1:A:238:GLU:OE2	0.56	2.01	18	3
1:A:127:LEU:HD22	1:A:155:GLU:C	0.56	2.20	12	2
1:A:57:VAL:CG2	1:A:87:LEU:HD23	0.56	2.30	1	6
1:A:196:TRP:CE2	1:A:234:TYR:CE1	0.56	2.93	2	3
1:A:199:LEU:HD21	1:A:235:ARG:HD2	0.56	1.76	5	2
1:A:168:LEU:HD11	1:A:232:TYR:OH	0.56	2.01	1	2
1:A:187:LEU:HD21	1:A:232:TYR:OH	0.56	2.00	7	2
1:A:154:PRO:O	1:A:158:ARG:HB2	0.56	1.99	14	6
1:A:75:ASP:OD2	1:A:80:THR:HG21	0.56	2.01	5	1
1:A:122:LEU:HD23	1:A:148:VAL:CG2	0.56	2.27	8	2
1:A:150:CYS:HA	1:A:153:ILE:HG13	0.56	1.77	2	9
1:A:231:ILE:O	1:A:231:ILE:HG23	0.56	2.01	2	4
1:A:64:PHE:CD1	1:A:165:LEU:HD21	0.56	2.34	20	1
1:A:180:LYS:O	1:A:183:LEU:HD23	0.55	2.01	1	2
1:A:60:LEU:HD11	1:A:165:LEU:HB2	0.55	1.78	15	4
1:A:150:CYS:HA	1:A:153:ILE:CD1	0.55	2.31	5	5
1:A:235:ARG:HB2	1:A:238:GLU:OE1	0.55	2.01	17	1
1:A:157:LEU:HD22	1:A:196:TRP:CE3	0.55	2.36	2	1
1:A:195:VAL:O	1:A:236:LYS:HD2	0.55	2.00	2	1
1:A:84:ALA:O	1:A:113:LEU:HD12	0.55	2.02	2	3
1:A:74:LEU:HD23	1:A:97:GLY:HA2	0.55	1.78	11	3
1:A:197:GLU:CB	1:A:238:GLU:HB2	0.55	2.31	2	1
1:A:191:GLU:HG2	1:A:240:VAL:N	0.55	2.17	7	1
1:A:127:LEU:HD12	1:A:155:GLU:CB	0.55	2.31	13	3
1:A:157:LEU:HD21	1:A:196:TRP:CZ3	0.55	2.37	9	2
1:A:111:ARG:HG3	1:A:113:LEU:HG	0.55	1.78	17	1
1:A:114:TYR:CD2	1:A:117:LEU:HD11	0.55	2.37	19	1
1:A:87:LEU:O	1:A:92:PHE:N	0.55	2.40	17	19
1:A:122:LEU:CB	1:A:148:VAL:HA	0.55	2.32	20	6
1:A:85:VAL:HG13	1:A:113:LEU:HD21	0.55	1.78	3	1
1:A:157:LEU:HD23	1:A:196:TRP:CE3	0.55	2.36	19	1
1:A:138:ILE:HG23	1:A:138:ILE:O	0.55	2.02	9	18
1:A:165:LEU:HD11	1:A:235:ARG:CZ	0.55	2.32	4	1
1:A:99:ASP:O	1:A:119:LEU:HA	0.55	2.01	9	9
1:A:196:TRP:CZ3	1:A:234:TYR:CG	0.54	2.94	19	11

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:72:LEU:HD13	1:A:94:GLN:O	0.54	2.02	14	1
1:A:199:LEU:HD23	1:A:233:LEU:CB	0.54	2.31	3	1
1:A:56:ALA:HB2	1:A:167:CYS:SG	0.54	2.42	5	1
1:A:105:LEU:CD1	1:A:117:LEU:HB3	0.54	2.32	17	4
1:A:73:ILE:O	1:A:96:GLN:N	0.54	2.36	8	10
1:A:150:CYS:HA	1:A:153:ILE:HD11	0.54	1.77	5	1
1:A:129:ASP:OD2	1:A:159:VAL:HG11	0.54	2.02	15	3
1:A:129:ASP:CB	1:A:134:PHE:CE2	0.54	2.90	5	9
1:A:233:LEU:N	1:A:233:LEU:CD1	0.54	2.70	6	3
1:A:122:LEU:CB	1:A:149:PRO:HD2	0.54	2.32	15	2
1:A:111:ARG:HG2	1:A:113:LEU:HD11	0.54	1.80	17	2
1:A:232:TYR:C	1:A:233:LEU:HD12	0.54	2.23	7	1
1:A:153:ILE:HA	1:A:156:LEU:HD23	0.54	1.78	13	1
1:A:105:LEU:HD22	1:A:119:LEU:HD11	0.54	1.77	18	1
1:A:127:LEU:HD11	1:A:156:LEU:HG	0.54	1.78	3	1
1:A:151:SER:O	1:A:154:PRO:HD2	0.54	2.02	13	6
1:A:71:ALA:HB1	1:A:135:ASP:CB	0.54	2.33	19	4
1:A:109:ARG:CG	1:A:117:LEU:HD12	0.54	2.32	7	1
1:A:231:ILE:HD11	1:A:233:LEU:HD11	0.54	1.80	7	2
1:A:60:LEU:HA	1:A:233:LEU:CD2	0.54	2.33	9	3
1:A:72:LEU:HG	1:A:134:PHE:CD1	0.54	2.38	2	10
1:A:87:LEU:HB3	1:A:92:PHE:HB2	0.54	1.80	14	8
1:A:199:LEU:C	1:A:200:VAL:CG1	0.54	2.76	11	3
1:A:61:SER:HA	1:A:64:PHE:HB2	0.54	1.78	5	1
1:A:235:ARG:HD3	1:A:238:GLU:OE2	0.54	2.02	6	1
1:A:88:GLN:HB3	1:A:93:LEU:HD23	0.53	1.79	16	3
1:A:60:LEU:CA	1:A:233:LEU:HD23	0.53	2.33	18	1
1:A:76:VAL:CB	1:A:139:ILE:HD13	0.53	2.33	17	1
1:A:60:LEU:N	1:A:233:LEU:CD2	0.53	2.71	18	1
1:A:191:GLU:HB3	1:A:240:VAL:HB	0.53	1.79	1	3
1:A:161:LYS:CE	1:A:162:PRO:O	0.53	2.56	9	1
1:A:85:VAL:HA	1:A:113:LEU:CD1	0.53	2.34	6	5
1:A:69:HIS:ND1	1:A:93:LEU:HD22	0.53	2.18	13	3
1:A:61:SER:CB	1:A:90:ARG:HE	0.53	2.15	19	4
1:A:137:VAL:CG1	1:A:166:VAL:HG22	0.53	2.31	4	1
1:A:60:LEU:HB2	1:A:233:LEU:CD2	0.53	2.33	15	4
1:A:200:VAL:HG21	1:A:233:LEU:HD22	0.53	1.80	7	1
1:A:231:ILE:CD1	1:A:233:LEU:HD11	0.53	2.34	7	1
1:A:88:GLN:HG3	1:A:93:LEU:CD2	0.53	2.31	8	2
1:A:56:ALA:HB1	1:A:233:LEU:HD21	0.53	1.80	10	2
1:A:165:LEU:HD22	1:A:165:LEU:H	0.53	1.63	20	5

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:191:GLU:OE1	1:A:197:GLU:HG3	0.53	2.03	7	2
1:A:194:GLY:O	1:A:237:GLN:HA	0.53	2.02	14	2
1:A:76:VAL:CG2	1:A:122:LEU:CD2	0.53	2.86	15	1
1:A:196:TRP:CD2	1:A:234:TYR:CD1	0.53	2.97	16	2
1:A:157:LEU:O	1:A:236:LYS:HD2	0.53	2.04	18	1
1:A:196:TRP:CZ3	1:A:234:TYR:CD1	0.53	2.97	19	1
1:A:81:GLY:HA2	1:A:114:TYR:HE2	0.52	1.63	10	2
1:A:87:LEU:CD1	1:A:95:VAL:HG21	0.52	2.26	4	4
1:A:165:LEU:CD1	1:A:235:ARG:HG2	0.52	2.33	4	1
1:A:199:LEU:HD22	1:A:200:VAL:HG13	0.52	1.80	19	1
1:A:59:CYS:CB	1:A:200:VAL:HG11	0.52	2.34	1	1
1:A:196:TRP:CE3	1:A:234:TYR:CG	0.52	2.98	14	4
1:A:201:THR:CG2	1:A:232:TYR:HB3	0.52	2.34	16	2
1:A:194:GLY:HA3	1:A:239:THR:HG22	0.52	1.81	18	1
1:A:137:VAL:O	1:A:166:VAL:HA	0.52	2.05	7	1
1:A:154:PRO:O	1:A:158:ARG:CB	0.52	2.58	14	4
1:A:60:LEU:O	1:A:64:PHE:HB2	0.52	2.05	14	2
1:A:72:LEU:HD11	1:A:96:GLN:HG3	0.52	1.82	2	7
1:A:87:LEU:HD13	1:A:95:VAL:CG2	0.52	2.29	4	3
1:A:60:LEU:HD11	1:A:165:LEU:HD23	0.52	1.82	5	1
1:A:56:ALA:HB1	1:A:138:ILE:HG13	0.52	1.82	8	1
1:A:199:LEU:HD21	1:A:235:ARG:HB2	0.52	1.81	20	2
1:A:191:GLU:HB3	1:A:240:VAL:HG12	0.52	1.82	18	1
1:A:168:LEU:HD11	1:A:232:TYR:CE1	0.52	2.40	5	1
1:A:88:GLN:HG3	1:A:113:LEU:CD1	0.52	2.35	12	1
1:A:76:VAL:HG11	1:A:139:ILE:HG13	0.52	1.81	9	3
1:A:194:GLY:HA2	1:A:238:GLU:O	0.52	2.05	10	6
1:A:140:VAL:HB	1:A:169:THR:CG2	0.52	2.35	6	2
1:A:129:ASP:HB3	1:A:134:PHE:CZ	0.52	2.39	11	2
1:A:240:VAL:HG12	1:A:240:VAL:O	0.52	2.05	13	3
1:A:72:LEU:HD11	1:A:96:GLN:CG	0.52	2.34	19	2
1:A:121:THR:HG23	1:A:121:THR:O	0.52	2.05	16	7
1:A:139:ILE:HG12	1:A:139:ILE:O	0.52	2.05	16	2
1:A:198:CYS:HB2	1:A:234:TYR:CZ	0.52	2.40	2	2
1:A:105:LEU:HD11	1:A:117:LEU:CB	0.52	2.35	17	3
1:A:165:LEU:N	1:A:165:LEU:CD2	0.52	2.72	20	2
1:A:74:LEU:HD12	1:A:134:PHE:CD2	0.52	2.40	3	3
1:A:54:ARG:HG2	1:A:86:GLU:OE1	0.52	2.05	6	1
1:A:76:VAL:CB	1:A:98:VAL:HG23	0.52	2.35	12	5
1:A:140:VAL:HG11	1:A:231:ILE:HG13	0.51	1.81	9	2
1:A:78:CYS:SG	1:A:139:ILE:HD13	0.51	2.45	15	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:98:VAL:HG12	1:A:118:SER:HB3	0.51	1.81	6	9
1:A:78:CYS:C	1:A:80:THR:N	0.51	2.63	8	6
1:A:130:PRO:HD2	1:A:133:THR:HG21	0.51	1.80	16	7
1:A:75:ASP:O	1:A:97:GLY:CA	0.51	2.58	4	10
1:A:98:VAL:CG1	1:A:118:SER:HB3	0.51	2.36	5	3
1:A:72:LEU:HG	1:A:134:PHE:HD1	0.51	1.65	13	2
1:A:59:CYS:C	1:A:233:LEU:HD21	0.51	2.26	16	1
1:A:197:GLU:HB3	1:A:238:GLU:HB2	0.51	1.82	2	3
1:A:76:VAL:CG1	1:A:139:ILE:CD1	0.51	2.88	11	4
1:A:135:ASP:O	1:A:160:THR:HG23	0.51	2.05	15	1
1:A:190:LEU:HB3	1:A:195:VAL:CG2	0.51	2.36	4	5
1:A:68:PRO:HB2	1:A:91:GLY:C	0.51	2.26	14	2
1:A:63:ALA:HB2	1:A:199:LEU:O	0.51	2.05	6	1
1:A:140:VAL:CB	1:A:169:THR:HG23	0.51	2.35	6	3
1:A:60:LEU:HD21	1:A:165:LEU:CD2	0.51	2.35	20	2
1:A:136:ALA:CB	1:A:165:LEU:O	0.51	2.59	20	3
1:A:183:LEU:CD1	1:A:184:GLU:N	0.51	2.73	8	1
1:A:161:LYS:HE3	1:A:162:PRO:O	0.51	2.06	9	1
1:A:123:GLY:CA	1:A:149:PRO:HG2	0.51	2.36	16	5
1:A:96:GLN:HG3	1:A:115:HIS:HB2	0.51	1.82	11	2
1:A:100:GLY:HA2	1:A:119:LEU:HD12	0.51	1.84	9	2
1:A:191:GLU:HB3	1:A:240:VAL:CG1	0.51	2.36	18	1
1:A:122:LEU:HB2	1:A:148:VAL:HA	0.50	1.83	20	4
1:A:196:TRP:O	1:A:196:TRP:CD1	0.50	2.63	5	12
1:A:152:ALA:O	1:A:156:LEU:HD12	0.50	2.06	2	1
1:A:63:ALA:HB1	1:A:199:LEU:HD11	0.50	1.82	15	2
1:A:231:ILE:HG23	1:A:231:ILE:O	0.50	2.06	4	7
1:A:161:LYS:O	1:A:236:LYS:HB3	0.50	2.06	17	3
1:A:160:THR:O	1:A:236:LYS:HG2	0.50	2.06	19	1
1:A:68:PRO:O	1:A:92:PHE:HA	0.50	2.05	19	4
1:A:74:LEU:CD1	1:A:134:PHE:CE2	0.50	2.94	12	4
1:A:75:ASP:CB	1:A:114:TYR:OH	0.50	2.60	10	2
1:A:200:VAL:HG13	1:A:233:LEU:HD22	0.50	1.82	11	1
1:A:196:TRP:CZ3	1:A:234:TYR:CD2	0.50	2.99	14	1
1:A:164:GLY:O	1:A:235:ARG:HG2	0.50	2.06	15	1
1:A:88:GLN:OE1	1:A:113:LEU:CD1	0.50	2.59	3	1
1:A:196:TRP:CH2	1:A:234:TYR:CZ	0.50	3.00	16	1
1:A:79:GLY:C	1:A:81:GLY:H	0.50	2.10	16	4
1:A:191:GLU:HG3	1:A:197:GLU:HA	0.50	1.83	4	1
1:A:60:LEU:HD22	1:A:92:PHE:HZ	0.50	1.66	14	2
1:A:111:ARG:CG	1:A:113:LEU:HG	0.50	2.36	7	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:139:ILE:HG21	1:A:156:LEU:CD2	0.50	2.37	7	1
1:A:122:LEU:CB	1:A:148:VAL:HG22	0.50	2.36	11	1
1:A:198:CYS:HB2	1:A:234:TYR:CE1	0.50	2.41	19	2
1:A:59:CYS:HB3	1:A:200:VAL:CG2	0.50	2.36	6	2
1:A:74:LEU:HB2	1:A:134:PHE:CD2	0.50	2.42	11	5
1:A:121:THR:CG2	1:A:124:GLN:HB2	0.50	2.36	12	6
1:A:165:LEU:HD12	1:A:235:ARG:HG3	0.50	1.83	14	1
1:A:69:HIS:O	1:A:94:GLN:HG3	0.50	2.07	12	3
1:A:94:GLN:HG2	1:A:115:HIS:CE1	0.50	2.42	4	3
1:A:135:ASP:O	1:A:164:GLY:HA2	0.50	2.07	5	1
1:A:233:LEU:O	1:A:234:TYR:CD2	0.50	2.65	18	3
1:A:108:ALA:O	1:A:111:ARG:HB3	0.50	2.07	15	9
1:A:64:PHE:HD2	1:A:64:PHE:O	0.50	1.90	4	1
1:A:84:ALA:HB2	1:A:114:TYR:CZ	0.50	2.42	18	2
1:A:232:TYR:N	1:A:232:TYR:CD1	0.50	2.78	16	2
1:A:153:ILE:HB	1:A:154:PRO:HD3	0.50	1.83	13	7
1:A:133:THR:N	1:A:159:VAL:O	0.50	2.45	9	8
1:A:197:GLU:OE2	1:A:238:GLU:HB3	0.50	2.07	18	1
1:A:135:ASP:HA	1:A:161:LYS:CG	0.49	2.37	2	3
1:A:138:ILE:HG13	1:A:167:CYS:SG	0.49	2.47	13	1
1:A:72:LEU:HD13	1:A:73:ILE:N	0.49	2.23	16	4
1:A:96:GLN:NE2	1:A:134:PHE:CZ	0.49	2.81	4	3
1:A:168:LEU:HD22	1:A:168:LEU:C	0.49	2.27	20	1
1:A:168:LEU:CD1	1:A:232:TYR:CE2	0.49	2.94	2	1
1:A:88:GLN:OE1	1:A:113:LEU:HD13	0.49	2.07	10	1
1:A:168:LEU:HD12	1:A:232:TYR:HE1	0.49	1.67	16	1
1:A:78:CYS:HB3	1:A:80:THR:HG23	0.49	1.82	8	1
1:A:76:VAL:HG13	1:A:78:CYS:H	0.49	1.67	18	3
1:A:57:VAL:HG21	1:A:87:LEU:CD2	0.49	2.35	20	1
1:A:197:GLU:CB	1:A:238:GLU:CB	0.49	2.89	12	14
1:A:166:VAL:HG12	1:A:168:LEU:HD23	0.49	1.84	7	3
1:A:164:GLY:O	1:A:235:ARG:CA	0.49	2.58	5	4
1:A:196:TRP:CE3	1:A:234:TYR:CB	0.49	2.95	17	4
1:A:63:ALA:HB1	1:A:199:LEU:HD13	0.49	1.83	14	2
1:A:92:PHE:N	1:A:92:PHE:CD1	0.49	2.81	17	11
1:A:197:GLU:HB2	1:A:238:GLU:OE2	0.49	2.08	11	4
1:A:97:GLY:O	1:A:117:LEU:HA	0.49	2.07	20	1
1:A:60:LEU:HD12	1:A:167:CYS:SG	0.49	2.48	2	1
1:A:138:ILE:HG13	1:A:167:CYS:HB3	0.49	1.85	3	7
1:A:196:TRP:CE3	1:A:234:TYR:HB3	0.49	2.41	17	3
1:A:199:LEU:HD21	1:A:235:ARG:CD	0.49	2.38	14	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:75:ASP:HB2	1:A:114:TYR:CE1	0.49	2.42	16	1
1:A:123:GLY:HA3	1:A:149:PRO:HG2	0.49	1.84	16	3
1:A:74:LEU:CD2	1:A:97:GLY:HA2	0.49	2.38	11	2
1:A:88:GLN:CG	1:A:113:LEU:CD1	0.49	2.90	12	1
1:A:85:VAL:CA	1:A:113:LEU:HG	0.49	2.37	8	8
1:A:197:GLU:HG3	1:A:240:VAL:CG2	0.49	2.38	6	3
1:A:56:ALA:O	1:A:60:LEU:N	0.49	2.42	14	4
1:A:165:LEU:HD21	1:A:235:ARG:HE	0.49	1.67	7	1
1:A:75:ASP:HB2	1:A:114:TYR:HE1	0.49	1.68	16	1
1:A:88:GLN:CG	1:A:113:LEU:HG	0.49	2.38	18	1
1:A:69:HIS:ND1	1:A:93:LEU:HD12	0.48	2.23	16	3
1:A:59:CYS:O	1:A:62:ARG:HB2	0.48	2.08	15	3
1:A:167:CYS:HB2	1:A:233:LEU:HD11	0.48	1.85	3	1
1:A:191:GLU:HG2	1:A:197:GLU:CG	0.48	2.39	10	1
1:A:127:LEU:HD11	1:A:156:LEU:CG	0.48	2.39	3	2
1:A:235:ARG:HD2	1:A:238:GLU:OE2	0.48	2.08	7	3
1:A:115:HIS:O	1:A:116:HIS:CD2	0.48	2.66	12	1
1:A:166:VAL:CG1	1:A:168:LEU:HD23	0.48	2.37	16	3
1:A:195:VAL:HG23	1:A:196:TRP:CD1	0.48	2.43	9	2
1:A:240:VAL:O	1:A:240:VAL:HG22	0.48	2.07	12	1
1:A:85:VAL:N	1:A:113:LEU:HD13	0.48	2.23	17	1
1:A:133:THR:CG2	1:A:134:PHE:CE1	0.48	2.97	19	9
1:A:97:GLY:O	1:A:117:LEU:HD23	0.48	2.07	2	1
1:A:127:LEU:HD12	1:A:155:GLU:C	0.48	2.28	3	2
1:A:92:PHE:CD1	1:A:92:PHE:N	0.48	2.82	6	2
1:A:190:LEU:HB3	1:A:196:TRP:CD1	0.48	2.44	10	4
1:A:76:VAL:HB	1:A:139:ILE:CG1	0.48	2.37	4	2
1:A:74:LEU:C	1:A:74:LEU:CD2	0.48	2.82	6	3
1:A:74:LEU:HD23	1:A:74:LEU:C	0.48	2.29	6	2
1:A:69:HIS:CD2	1:A:93:LEU:CD1	0.48	2.97	11	2
1:A:83:VAL:HG11	1:A:138:ILE:HG21	0.48	1.85	16	1
1:A:140:VAL:CA	1:A:169:THR:HG23	0.48	2.39	20	1
1:A:63:ALA:CB	1:A:199:LEU:HB3	0.48	2.39	1	3
1:A:108:ALA:O	1:A:111:ARG:HB2	0.48	2.09	10	2
1:A:200:VAL:HG22	1:A:233:LEU:H	0.48	1.69	6	1
1:A:73:ILE:HG13	1:A:92:PHE:HD2	0.48	1.68	1	1
1:A:88:GLN:HB2	1:A:113:LEU:CD1	0.48	2.39	1	2
1:A:197:GLU:O	1:A:234:TYR:CD1	0.48	2.67	2	3
1:A:197:GLU:C	1:A:234:TYR:CD1	0.48	2.88	7	3
1:A:135:ASP:HA	1:A:161:LYS:HB3	0.48	1.84	14	1
1:A:97:GLY:O	1:A:117:LEU:CD2	0.47	2.62	6	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:130:PRO:O	1:A:133:THR:OG1	0.47	2.32	17	5
1:A:131:GLU:HG3	1:A:158:ARG:O	0.47	2.09	17	8
1:A:131:GLU:HG2	1:A:158:ARG:HG3	0.47	1.86	8	2
1:A:199:LEU:HD11	1:A:235:ARG:CB	0.47	2.32	5	1
1:A:72:LEU:HA	1:A:94:GLN:O	0.47	2.08	13	4
1:A:197:GLU:O	1:A:235:ARG:N	0.47	2.42	19	2
1:A:94:GLN:HA	1:A:115:HIS:NE2	0.47	2.24	20	1
1:A:191:GLU:OE2	1:A:197:GLU:HG3	0.47	2.09	17	3
1:A:60:LEU:HD23	1:A:64:PHE:HB2	0.47	1.85	6	2
1:A:232:TYR:O	1:A:232:TYR:CD2	0.47	2.67	2	1
1:A:74:LEU:HD22	1:A:76:VAL:HG13	0.47	1.87	7	1
1:A:196:TRP:CD1	1:A:196:TRP:O	0.47	2.67	12	2
1:A:140:VAL:HG22	1:A:231:ILE:HG13	0.47	1.86	13	1
1:A:167:CYS:HB2	1:A:233:LEU:HG	0.47	1.84	7	3
1:A:183:LEU:CG	1:A:184:GLU:N	0.47	2.77	17	2
1:A:58:ASP:O	1:A:62:ARG:HG3	0.47	2.10	16	4
1:A:75:ASP:HB3	1:A:80:THR:OG1	0.47	2.10	10	2
1:A:63:ALA:O	1:A:199:LEU:HD21	0.47	2.09	10	1
1:A:139:ILE:C	1:A:139:ILE:CD1	0.47	2.82	19	1
1:A:180:LYS:HE2	1:A:184:GLU:OE1	0.47	2.09	5	1
1:A:197:GLU:N	1:A:238:GLU:HB2	0.47	2.25	17	6
1:A:61:SER:HB3	1:A:90:ARG:HE	0.47	1.69	13	3
1:A:102:PRO:O	1:A:106:LYS:HD3	0.47	2.09	14	1
1:A:76:VAL:HB	1:A:139:ILE:HG13	0.47	1.86	18	1
1:A:200:VAL:CG1	1:A:201:THR:N	0.47	2.78	1	1
1:A:140:VAL:HB	1:A:169:THR:HG23	0.47	1.86	6	1
1:A:81:GLY:O	1:A:113:LEU:CD1	0.47	2.62	7	1
1:A:129:ASP:CB	1:A:134:PHE:CZ	0.47	2.97	8	2
1:A:60:LEU:CD2	1:A:92:PHE:CE2	0.47	2.98	16	2
1:A:72:LEU:CG	1:A:134:PHE:CD1	0.47	2.98	2	5
1:A:169:THR:CG2	1:A:231:ILE:CB	0.47	2.93	9	3
1:A:90:ARG:O	1:A:90:ARG:HG3	0.47	2.10	8	1
1:A:60:LEU:CA	1:A:233:LEU:CD2	0.47	2.92	12	4
1:A:64:PHE:CD2	1:A:65:ARG:N	0.47	2.82	5	1
1:A:68:PRO:HA	1:A:71:ALA:HB3	0.47	1.86	9	2
1:A:75:ASP:OD2	1:A:138:ILE:O	0.47	2.33	12	2
1:A:125:GLU:HB2	1:A:126:PRO:HD2	0.47	1.88	19	2
1:A:163:GLY:O	1:A:235:ARG:HG3	0.47	2.10	18	1
1:A:232:TYR:CE2	1:A:234:TYR:CE2	0.46	3.03	19	1
1:A:200:VAL:CG1	1:A:233:LEU:HD13	0.46	2.37	1	1
1:A:60:LEU:CD1	1:A:165:LEU:HB2	0.46	2.40	13	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:63:ALA:CB	1:A:199:LEU:O	0.46	2.63	6	1
1:A:194:GLY:HA2	1:A:239:THR:HG22	0.46	1.86	20	2
1:A:122:LEU:HB2	1:A:148:VAL:H	0.46	1.70	18	1
1:A:87:LEU:O	1:A:92:PHE:HB2	0.46	2.10	20	4
1:A:196:TRP:CH2	1:A:234:TYR:CD2	0.46	3.03	1	1
1:A:123:GLY:HA2	1:A:149:PRO:HG2	0.46	1.86	6	1
1:A:165:LEU:HD11	1:A:199:LEU:HD23	0.46	1.88	7	1
1:A:194:GLY:HA2	1:A:239:THR:HA	0.46	1.86	11	1
1:A:61:SER:HB2	1:A:92:PHE:CE1	0.46	2.45	4	4
1:A:191:GLU:CG	1:A:240:VAL:HB	0.46	2.40	4	1
1:A:60:LEU:HG	1:A:165:LEU:HB3	0.46	1.87	19	2
1:A:139:ILE:HD12	1:A:148:VAL:HG21	0.46	1.86	1	1
1:A:59:CYS:CB	1:A:200:VAL:HG21	0.46	2.41	6	1
1:A:85:VAL:HG22	1:A:111:ARG:HD2	0.46	1.88	12	3
1:A:73:ILE:O	1:A:95:VAL:HA	0.46	2.10	14	1
1:A:100:GLY:HA2	1:A:119:LEU:CD1	0.46	2.41	16	1
1:A:157:LEU:CD2	1:A:196:TRP:CE3	0.46	2.98	19	1
1:A:168:LEU:HD21	1:A:196:TRP:CH2	0.46	2.46	3	1
1:A:187:LEU:N	1:A:187:LEU:CD1	0.46	2.78	6	8
1:A:130:PRO:C	1:A:133:THR:HG1	0.46	2.12	7	3
1:A:199:LEU:HG	1:A:235:ARG:HB2	0.46	1.86	6	1
1:A:68:PRO:CB	1:A:92:PHE:HA	0.46	2.40	14	1
1:A:199:LEU:HD22	1:A:235:ARG:HG3	0.46	1.87	15	1
1:A:60:LEU:HA	1:A:200:VAL:HG11	0.46	1.88	6	1
1:A:129:ASP:HB3	1:A:134:PHE:CE2	0.46	2.45	13	5
1:A:127:LEU:HD11	1:A:156:LEU:CD2	0.46	2.40	13	2
1:A:76:VAL:O	1:A:139:ILE:CD1	0.46	2.64	8	3
1:A:157:LEU:HD12	1:A:157:LEU:N	0.46	2.26	19	2
1:A:201:THR:CB	1:A:232:TYR:HB3	0.46	2.40	16	1
1:A:105:LEU:HD22	1:A:119:LEU:CD1	0.46	2.41	18	1
1:A:232:TYR:CD1	1:A:234:TYR:CE2	0.46	3.04	15	2
1:A:199:LEU:HD13	1:A:235:ARG:HD2	0.45	1.88	15	2
1:A:68:PRO:HB3	1:A:92:PHE:CD1	0.45	2.46	14	1
1:A:108:ALA:HB3	1:A:117:LEU:CD1	0.45	2.41	20	1
1:A:152:ALA:O	1:A:155:GLU:HB2	0.45	2.10	3	7
1:A:95:VAL:HG12	1:A:114:TYR:CE1	0.45	2.46	3	1
1:A:197:GLU:CG	1:A:198:CYS:N	0.45	2.79	3	2
1:A:56:ALA:CB	1:A:233:LEU:HD11	0.45	2.41	13	1
1:A:151:SER:O	1:A:154:PRO:HG2	0.45	2.12	15	10
1:A:66:GLY:O	1:A:68:PRO:HD3	0.45	2.11	5	1
1:A:88:GLN:O	1:A:91:GLY:N	0.45	2.48	14	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:231:ILE:HD13	1:A:231:ILE:O	0.45	2.11	1	2
1:A:157:LEU:CD2	1:A:196:TRP:CZ3	0.45	2.98	9	1
1:A:161:LYS:HG3	1:A:162:PRO:HD2	0.45	1.87	14	1
1:A:122:LEU:N	1:A:122:LEU:HD13	0.45	2.26	18	1
1:A:169:THR:CG2	1:A:231:ILE:HG12	0.45	2.42	1	2
1:A:150:CYS:HA	1:A:153:ILE:CG1	0.45	2.41	2	1
1:A:196:TRP:CZ2	1:A:234:TYR:CZ	0.45	3.04	2	1
1:A:84:ALA:CB	1:A:113:LEU:HB3	0.45	2.41	4	3
1:A:76:VAL:CG1	1:A:139:ILE:CG1	0.45	2.95	9	1
1:A:165:LEU:HG	1:A:199:LEU:HD22	0.45	1.86	10	1
1:A:199:LEU:HD21	1:A:235:ARG:NE	0.45	2.27	1	1
1:A:95:VAL:O	1:A:115:HIS:N	0.45	2.47	2	2
1:A:167:CYS:SG	1:A:233:LEU:HG	0.45	2.52	2	2
1:A:191:GLU:HG2	1:A:197:GLU:HG3	0.45	1.88	10	1
1:A:73:ILE:HB	1:A:95:VAL:HG22	0.45	1.88	20	2
1:A:76:VAL:HB	1:A:98:VAL:HG23	0.45	1.88	20	2
1:A:163:GLY:N	1:A:236:LYS:O	0.45	2.45	16	1
1:A:153:ILE:HG22	1:A:157:LEU:CD1	0.45	2.42	10	1
1:A:111:ARG:HG2	1:A:113:LEU:CD1	0.45	2.40	17	1
1:A:140:VAL:HG21	1:A:231:ILE:HG13	0.45	1.89	19	1
1:A:77:ALA:H	1:A:98:VAL:HG23	0.45	1.70	7	1
1:A:57:VAL:HG13	1:A:58:ASP:N	0.45	2.27	17	2
1:A:168:LEU:O	1:A:232:TYR:CE1	0.45	2.69	16	1
1:A:74:LEU:HG	1:A:134:PHE:CD2	0.45	2.46	18	1
1:A:122:LEU:CD1	1:A:127:LEU:HD21	0.45	2.42	20	1
1:A:160:THR:O	1:A:236:LYS:CD	0.45	2.65	14	4
1:A:85:VAL:N	1:A:113:LEU:HD23	0.45	2.27	9	1
1:A:108:ALA:HB1	1:A:114:TYR:CD2	0.45	2.47	13	1
1:A:64:PHE:O	1:A:64:PHE:CD2	0.44	2.70	4	1
1:A:67:SER:O	1:A:71:ALA:HB2	0.44	2.12	19	3
1:A:76:VAL:CG2	1:A:77:ALA:N	0.44	2.80	13	7
1:A:88:GLN:OE1	1:A:113:LEU:HD11	0.44	2.12	8	1
1:A:89:ALA:C	1:A:91:GLY:H	0.44	2.15	14	2
1:A:76:VAL:HG11	1:A:148:VAL:CG2	0.44	2.43	6	1
1:A:76:VAL:CG1	1:A:139:ILE:HG12	0.44	2.41	14	2
1:A:74:LEU:CD1	1:A:129:ASP:OD2	0.44	2.65	17	2
1:A:140:VAL:HG23	1:A:169:THR:CG2	0.44	2.43	3	1
1:A:74:LEU:C	1:A:74:LEU:HD23	0.44	2.32	4	1
1:A:200:VAL:HG13	1:A:233:LEU:HB2	0.44	1.89	4	1
1:A:187:LEU:O	1:A:191:GLU:HG3	0.44	2.12	10	1
1:A:73:ILE:HD12	1:A:136:ALA:CB	0.44	2.23	14	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:165:LEU:HD12	1:A:199:LEU:CD2	0.44	2.40	15	1
1:A:88:GLN:CD	1:A:113:LEU:HD13	0.44	2.32	16	1
1:A:85:VAL:HA	1:A:113:LEU:CG	0.44	2.43	2	4
1:A:76:VAL:HG11	1:A:139:ILE:CD1	0.44	2.40	6	2
1:A:191:GLU:HG2	1:A:240:VAL:HB	0.44	1.88	4	1
1:A:139:ILE:O	1:A:168:LEU:HA	0.44	2.13	8	3
1:A:197:GLU:OE1	1:A:240:VAL:N	0.44	2.51	8	1
1:A:197:GLU:CB	1:A:238:GLU:OE2	0.44	2.65	11	1
1:A:72:LEU:CD2	1:A:94:GLN:HB3	0.44	2.37	1	2
1:A:127:LEU:HB3	1:A:129:ASP:OD2	0.44	2.13	1	2
1:A:77:ALA:CA	1:A:98:VAL:O	0.44	2.66	9	1
1:A:72:LEU:HD11	1:A:96:GLN:NE2	0.44	2.27	17	1
1:A:69:HIS:CE1	1:A:93:LEU:CD1	0.44	3.01	19	1
1:A:77:ALA:HB2	1:A:99:ASP:HA	0.44	1.89	2	3
1:A:88:GLN:CD	1:A:113:LEU:CD1	0.44	2.86	4	3
1:A:187:LEU:CD2	1:A:232:TYR:OH	0.44	2.65	6	1
1:A:199:LEU:HD13	1:A:235:ARG:CD	0.44	2.42	15	2
1:A:168:LEU:C	1:A:168:LEU:HD12	0.44	2.33	17	1
1:A:165:LEU:HD22	1:A:165:LEU:N	0.44	2.28	2	1
1:A:167:CYS:SG	1:A:233:LEU:HD11	0.44	2.53	5	1
1:A:72:LEU:HB3	1:A:134:PHE:CD1	0.44	2.48	18	2
1:A:169:THR:CG2	1:A:231:ILE:CA	0.44	2.90	19	1
1:A:191:GLU:CG	1:A:240:VAL:HG22	0.44	2.43	17	1
1:A:160:THR:O	1:A:236:LYS:HD2	0.44	2.12	3	1
1:A:165:LEU:CB	1:A:199:LEU:HD22	0.44	2.42	3	1
1:A:153:ILE:N	1:A:154:PRO:CD	0.44	2.80	18	6
1:A:137:VAL:HB	1:A:166:VAL:HG13	0.44	1.89	13	1
1:A:90:ARG:HG3	1:A:90:ARG:O	0.43	2.13	10	5
1:A:74:LEU:CD2	1:A:74:LEU:C	0.43	2.86	3	5
1:A:191:GLU:HG2	1:A:197:GLU:HA	0.43	1.88	8	1
1:A:199:LEU:HD23	1:A:233:LEU:CG	0.43	2.43	3	1
1:A:199:LEU:HD13	1:A:235:ARG:CG	0.43	2.43	17	1
1:A:199:LEU:HB3	1:A:233:LEU:CB	0.43	2.40	3	1
1:A:235:ARG:HB2	1:A:238:GLU:OE2	0.43	2.13	16	2
1:A:167:CYS:SG	1:A:231:ILE:CD1	0.43	3.04	8	1
1:A:121:THR:O	1:A:122:LEU:C	0.43	2.55	12	3
1:A:119:LEU:N	1:A:119:LEU:HD22	0.43	2.29	17	1
1:A:161:LYS:CG	1:A:162:PRO:HD2	0.43	2.43	18	1
1:A:114:TYR:CG	1:A:117:LEU:HD11	0.43	2.47	19	1
1:A:63:ALA:HB1	1:A:199:LEU:HD23	0.43	1.88	2	1
1:A:60:LEU:CB	1:A:233:LEU:HD23	0.43	2.39	7	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:190:LEU:CD2	1:A:195:VAL:HG21	0.43	2.41	11	1
1:A:103:GLU:O	1:A:107:GLN:HG3	0.43	2.12	17	2
1:A:99:ASP:OD1	1:A:105:LEU:HA	0.43	2.14	1	1
1:A:130:PRO:HD2	1:A:133:THR:OG1	0.43	2.14	20	3
1:A:121:THR:O	1:A:121:THR:CG2	0.43	2.66	18	2
1:A:83:VAL:HG12	1:A:87:LEU:CD1	0.43	2.42	19	1
1:A:61:SER:CB	1:A:90:ARG:CG	0.43	2.96	1	1
1:A:167:CYS:HB2	1:A:233:LEU:CD1	0.43	2.43	3	1
1:A:165:LEU:N	1:A:165:LEU:CD1	0.43	2.77	5	1
1:A:191:GLU:CD	1:A:240:VAL:HG22	0.43	2.34	17	1
1:A:201:THR:HA	1:A:232:TYR:CB	0.43	2.44	18	1
1:A:162:PRO:HA	1:A:236:LYS:HB3	0.43	1.90	9	1
1:A:61:SER:HA	1:A:64:PHE:HB3	0.43	1.91	14	1
1:A:55:LEU:CD2	1:A:55:LEU:N	0.43	2.81	3	1
1:A:197:GLU:HG3	1:A:240:VAL:HG21	0.43	1.89	14	1
1:A:111:ARG:HG3	1:A:113:LEU:CG	0.43	2.44	17	1
1:A:125:GLU:HB3	1:A:126:PRO:HD2	0.43	1.89	12	3
1:A:165:LEU:HB3	1:A:199:LEU:CD2	0.43	2.42	3	1
1:A:196:TRP:CZ3	1:A:234:TYR:CB	0.43	3.02	6	1
1:A:60:LEU:HA	1:A:233:LEU:HD21	0.43	1.91	9	1
1:A:75:ASP:OD1	1:A:80:THR:HB	0.43	2.14	19	1
1:A:130:PRO:HG2	1:A:133:THR:OG1	0.43	2.14	19	1
1:A:81:GLY:HA2	1:A:114:TYR:CE2	0.43	2.49	1	1
1:A:109:ARG:HG2	1:A:117:LEU:HD12	0.43	1.90	7	1
1:A:64:PHE:CD2	1:A:64:PHE:C	0.42	2.92	4	1
1:A:132:GLY:O	1:A:161:LYS:CG	0.42	2.67	6	2
1:A:197:GLU:HG2	1:A:198:CYS:N	0.42	2.29	7	1
1:A:92:PHE:N	1:A:92:PHE:HD1	0.42	2.12	20	2
1:A:115:HIS:O	1:A:116:HIS:CG	0.42	2.72	10	4
1:A:63:ALA:CB	1:A:199:LEU:HG	0.42	2.43	7	1
1:A:160:THR:HG21	1:A:166:VAL:CG2	0.42	2.44	11	1
1:A:96:GLN:OE1	1:A:134:PHE:CE1	0.42	2.72	3	2
1:A:121:THR:HB	1:A:124:GLN:NE2	0.42	2.28	6	1
1:A:149:PRO:O	1:A:151:SER:N	0.42	2.52	8	2
1:A:140:VAL:HG23	1:A:169:THR:HG21	0.42	1.91	3	1
1:A:194:GLY:HA2	1:A:239:THR:CA	0.42	2.44	11	1
1:A:54:ARG:HB3	1:A:86:GLU:OE1	0.42	2.14	7	1
1:A:196:TRP:CD1	1:A:196:TRP:C	0.42	2.91	10	2
1:A:88:GLN:OE1	1:A:93:LEU:CG	0.42	2.68	12	1
1:A:69:HIS:HA	1:A:93:LEU:HD13	0.42	1.90	13	1
1:A:200:VAL:HG23	1:A:233:LEU:HD22	0.42	1.92	14	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:102:PRO:O	1:A:106:LYS:HG3	0.42	2.14	16	1
1:A:132:GLY:O	1:A:161:LYS:HG2	0.42	2.14	20	1
1:A:96:GLN:NE2	1:A:134:PHE:CE1	0.42	2.88	17	2
1:A:57:VAL:CG2	1:A:87:LEU:CD2	0.42	2.97	8	2
1:A:60:LEU:HG	1:A:165:LEU:HD23	0.42	1.90	10	1
1:A:235:ARG:HB3	1:A:238:GLU:CD	0.42	2.35	11	1
1:A:135:ASP:OD1	1:A:161:LYS:HE3	0.42	2.15	19	1
1:A:195:VAL:O	1:A:237:GLN:N	0.42	2.45	5	3
1:A:54:ARG:NE	1:A:86:GLU:OE2	0.42	2.52	6	1
1:A:72:LEU:O	1:A:134:PHE:HB3	0.42	2.14	16	2
1:A:78:CYS:SG	1:A:80:THR:HG23	0.42	2.55	15	1
1:A:127:LEU:HD23	1:A:129:ASP:OD2	0.42	2.14	15	1
1:A:192:ARG:N	1:A:240:VAL:HG23	0.42	2.30	17	1
1:A:199:LEU:HD23	1:A:233:LEU:HD12	0.42	1.92	3	1
1:A:74:LEU:HD23	1:A:96:GLN:O	0.42	2.15	12	2
1:A:80:THR:OG1	1:A:114:TYR:OH	0.42	2.34	5	1
1:A:129:ASP:HB2	1:A:134:PHE:CE2	0.42	2.50	12	2
1:A:153:ILE:HG22	1:A:157:LEU:HD11	0.42	1.92	9	1
1:A:180:LYS:HE2	1:A:184:GLU:OE2	0.42	2.15	20	1
1:A:75:ASP:CG	1:A:138:ILE:HG23	0.42	2.35	7	1
1:A:196:TRP:HA	1:A:235:ARG:O	0.42	2.15	14	1
1:A:197:GLU:OE1	1:A:238:GLU:OE2	0.42	2.38	19	1
1:A:168:LEU:HD12	1:A:168:LEU:C	0.41	2.35	5	1
1:A:64:PHE:CD1	1:A:92:PHE:CZ	0.41	3.09	1	1
1:A:68:PRO:CB	1:A:92:PHE:CD1	0.41	3.03	10	1
1:A:88:GLN:NE2	1:A:93:LEU:O	0.41	2.53	12	1
1:A:60:LEU:HD22	1:A:92:PHE:HE2	0.41	1.71	18	1
1:A:75:ASP:HB3	1:A:114:TYR:HE1	0.41	1.75	19	1
1:A:79:GLY:N	1:A:104:MET:SD	0.41	2.94	1	1
1:A:65:ARG:NH2	1:A:135:ASP:HA	0.41	2.30	5	1
1:A:77:ALA:HB3	1:A:122:LEU:HD21	0.41	1.92	5	1
1:A:198:CYS:HA	1:A:234:TYR:CD2	0.41	2.50	10	1
1:A:150:CYS:O	1:A:154:PRO:HD3	0.41	2.16	13	2
1:A:60:LEU:HD11	1:A:165:LEU:CB	0.41	2.46	3	1
1:A:56:ALA:CB	1:A:167:CYS:SG	0.41	3.08	4	1
1:A:165:LEU:HD13	1:A:235:ARG:HG2	0.41	1.90	4	1
1:A:162:PRO:HA	1:A:236:LYS:O	0.41	2.16	17	1
1:A:183:LEU:HG	1:A:184:GLU:H	0.41	1.73	17	1
1:A:165:LEU:HD11	1:A:199:LEU:CD2	0.41	2.45	7	1
1:A:138:ILE:O	1:A:138:ILE:CG2	0.41	2.68	18	2
1:A:231:ILE:HD11	1:A:233:LEU:CD1	0.41	2.45	5	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:75:ASP:OD1	1:A:76:VAL:N	0.41	2.54	6	1
1:A:76:VAL:HA	1:A:98:VAL:CG2	0.41	2.46	7	1
1:A:199:LEU:C	1:A:200:VAL:HG13	0.41	2.36	10	1
1:A:127:LEU:HD22	1:A:155:GLU:O	0.41	2.16	12	1
1:A:232:TYR:CD2	1:A:234:TYR:CE2	0.41	3.08	19	2
1:A:200:VAL:O	1:A:233:LEU:N	0.41	2.50	13	1
1:A:149:PRO:O	1:A:152:ALA:N	0.41	2.51	14	1
1:A:138:ILE:HA	1:A:167:CYS:HB3	0.41	1.93	15	1
1:A:168:LEU:CD2	1:A:196:TRP:CH2	0.41	3.04	15	1
1:A:152:ALA:O	1:A:156:LEU:CD1	0.41	2.68	2	1
1:A:60:LEU:CA	1:A:233:LEU:HD21	0.41	2.46	9	1
1:A:72:LEU:HD11	1:A:96:GLN:HE21	0.41	1.74	17	1
1:A:54:ARG:HB3	1:A:86:GLU:CD	0.41	2.35	18	1
1:A:74:LEU:HB2	1:A:134:PHE:HD2	0.41	1.76	2	1
1:A:75:ASP:CG	1:A:80:THR:HB	0.41	2.36	2	1
1:A:231:ILE:O	1:A:231:ILE:CG2	0.41	2.69	2	1
1:A:80:THR:CB	1:A:114:TYR:OH	0.41	2.69	5	1
1:A:101:SER:HB3	1:A:104:MET:HB3	0.41	1.92	9	1
1:A:139:ILE:HD12	1:A:140:VAL:H	0.41	1.68	15	1
1:A:201:THR:OG1	1:A:232:TYR:CB	0.41	2.69	16	1
1:A:85:VAL:HA	1:A:113:LEU:CD2	0.41	2.46	18	1
1:A:194:GLY:HA2	1:A:239:THR:CG2	0.41	2.46	20	1
1:A:122:LEU:H	1:A:122:LEU:HD22	0.41	1.76	5	1
1:A:63:ALA:HB2	1:A:200:VAL:CG1	0.41	2.45	10	1
1:A:121:THR:O	1:A:121:THR:HG23	0.41	2.16	14	1
1:A:75:ASP:OD2	1:A:138:ILE:HG22	0.41	2.16	17	1
1:A:135:ASP:OD2	1:A:161:LYS:HE3	0.41	2.15	8	1
1:A:88:GLN:NE2	1:A:93:LEU:HA	0.41	2.31	12	1
1:A:232:TYR:CD2	1:A:234:TYR:CD2	0.41	3.08	19	1
1:A:72:LEU:HD12	1:A:134:PHE:CD1	0.40	2.51	7	1
1:A:76:VAL:HG12	1:A:98:VAL:CG2	0.40	2.46	7	1
1:A:197:GLU:OE2	1:A:239:THR:O	0.40	2.38	7	1
1:A:129:ASP:OD1	1:A:129:ASP:O	0.40	2.38	9	1
1:A:137:VAL:HG23	1:A:166:VAL:HG22	0.40	1.93	13	1
1:A:86:GLU:O	1:A:89:ALA:CB	0.40	2.69	14	1
1:A:162:PRO:HB3	1:A:237:GLN:OE1	0.40	2.17	19	1
1:A:76:VAL:O	1:A:78:CYS:N	0.40	2.54	7	1
1:A:105:LEU:HG	1:A:109:ARG:CD	0.40	2.46	7	1
1:A:155:GLU:N	1:A:155:GLU:OE2	0.40	2.55	19	1
1:A:199:LEU:CD2	1:A:233:LEU:HB3	0.40	2.45	3	1
1:A:152:ALA:O	1:A:155:GLU:HB3	0.40	2.16	4	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:150:CYS:O	1:A:154:PRO:CD	0.40	2.69	15	1
1:A:191:GLU:HB3	1:A:240:VAL:CG2	0.40	2.47	16	1
1:A:56:ALA:O	1:A:60:LEU:CB	0.40	2.70	17	1
1:A:60:LEU:HG	1:A:165:LEU:HG	0.40	1.93	17	1
1:A:160:THR:O	1:A:236:LYS:HE3	0.40	2.17	19	1
1:A:54:ARG:HG2	1:A:86:GLU:CD	0.40	2.37	2	1
1:A:75:ASP:OD1	1:A:138:ILE:O	0.40	2.40	3	1
1:A:70:ASP:O	1:A:70:ASP:OD2	0.40	2.39	8	1
1:A:199:LEU:C	1:A:200:VAL:HG22	0.40	2.37	14	1
1:A:63:ALA:HB1	1:A:199:LEU:CD1	0.40	2.46	15	1
1:A:140:VAL:CG1	1:A:169:THR:CG2	0.40	2.97	18	1
1:A:165:LEU:HB3	1:A:199:LEU:HD12	0.40	1.93	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	140/240 (58%)	131±2 (94±1%)	6±2 (4±1%)	3±1 (2±1%)	10	49
All	All	2800/4800 (58%)	2625 (94%)	113 (4%)	62 (2%)	10	49

All 11 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	79	GLY	14
1	A	76	VAL	11
1	A	80	THR	10
1	A	200	VAL	8
1	A	77	ALA	6
1	A	64	PHE	5
1	A	66	GLY	2
1	A	150	CYS	2
1	A	122	LEU	2
1	A	90	ARG	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	148	VAL	1

6.3.2 Protein sidechains [i](#)

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

Mol	Chain	Analysed	Rotameric	Outliers	Percentiles	
1	A	117/194 (60%)	103±2 (88±2%)	14±2 (12±2%)	9	52
All	All	2340/3880 (60%)	2067 (88%)	273 (12%)	9	52

All 43 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	72	LEU	20
1	A	183	LEU	20
1	A	196	TRP	20
1	A	231	ILE	20
1	A	98	VAL	19
1	A	165	LEU	14
1	A	122	LEU	14
1	A	129	ASP	12
1	A	121	THR	11
1	A	161	LYS	10
1	A	80	THR	9
1	A	139	ILE	9
1	A	92	PHE	9
1	A	74	LEU	9
1	A	169	THR	6
1	A	200	VAL	6
1	A	85	VAL	5
1	A	187	LEU	5
1	A	232	TYR	5
1	A	237	GLN	5
1	A	138	ILE	4
1	A	113	LEU	4
1	A	167	CYS	4
1	A	65	ARG	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	64	PHE	3
1	A	76	VAL	3
1	A	168	LEU	3
1	A	75	ASP	2
1	A	125	GLU	2
1	A	78	CYS	2
1	A	115	HIS	2
1	A	157	LEU	2
1	A	124	GLN	1
1	A	153	ILE	1
1	A	55	LEU	1
1	A	61	SER	1
1	A	233	LEU	1
1	A	239	THR	1
1	A	140	VAL	1
1	A	101	SER	1
1	A	182	THR	1
1	A	235	ARG	1
1	A	93	LEU	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

There are no chain breaks in this entry.

7 Chemical shift validation [i](#)

The completeness of assignment taking into account all chemical shift lists is 44% for the well-defined parts and 43% for the entire structure.

7.1 Chemical shift list 1

File name: working_cs.cif

Chemical shift list name: *assigned_chem_shift_list_1*

7.1.1 Bookkeeping [i](#)

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

Total number of shifts	1262
Number of shifts mapped to atoms	1262
Number of unparsed shifts	0
Number of shifts with mapping errors	0
Number of shifts with mapping warnings	0
Number of shift outliers (ShiftChecker)	0

7.1.2 Chemical shift referencing [i](#)

The following table shows the suggested chemical shift referencing corrections.

Nucleus	# values	Correction \pm precision, ppm	Suggested action
$^{13}\text{C}_\alpha$	217	-0.17 ± 0.12	None needed (< 0.5 ppm)
$^{13}\text{C}_\beta$	178	0.29 ± 0.09	None needed (< 0.5 ppm)
$^{13}\text{C}'$	205	-0.12 ± 0.06	None needed (< 0.5 ppm)
^{15}N	191	-0.14 ± 0.39	None needed (< 0.5 ppm)

7.1.3 Completeness of resonance assignments [i](#)

The following table shows the completeness of the chemical shift assignments for the well-defined regions of the structure. The overall completeness is 44%, i.e. 741 atoms were assigned a chemical shift out of a possible 1681. 0 out of 36 assigned methyl groups (LEU and VAL) were assigned stereospecifically.

	Total	^1H	^{13}C	^{15}N
Backbone	580/689 (84%)	176/274 (64%)	276/282 (98%)	128/133 (96%)
Sidechain	161/905 (18%)	39/525 (7%)	121/343 (35%)	1/37 (3%)

Continued on next page...

Continued from previous page...

	Total	¹ H	¹³ C	¹⁵ N
Aromatic	0/87 (0%)	0/45 (0%)	0/35 (0%)	0/7 (0%)
Overall	741/1681 (44%)	215/844 (25%)	397/660 (60%)	129/177 (73%)

The following table shows the completeness of the chemical shift assignments for the full structure. The overall completeness is 43%, i.e. 1210 atoms were assigned a chemical shift out of a possible 2825. 0 out of 49 assigned methyl groups (LEU and VAL) were assigned stereospecifically.

	Total	¹ H	¹³ C	¹⁵ N
Backbone	898/1172 (77%)	285/466 (61%)	422/480 (88%)	191/226 (85%)
Sidechain	312/1476 (21%)	119/859 (14%)	190/554 (34%)	3/63 (5%)
Aromatic	0/177 (0%)	0/91 (0%)	0/73 (0%)	0/13 (0%)
Overall	1210/2825 (43%)	404/1416 (29%)	612/1107 (55%)	194/302 (64%)

7.1.4 Statistically unusual chemical shifts [i](#)

There are no statistically unusual chemical shifts.

7.1.5 Random Coil Index (RCI) plots [i](#)

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

Random coil index (RCI) for chain A:

