



# Full wwPDB NMR Structure Validation Report ⓘ

May 28, 2020 – 08:26 pm BST

PDB ID : 1R6E  
Title : Solution structure of the catalytic domain of SopE2  
Authors : Williams, C.; Galyov, E.E.; Bagby, S.  
Deposited on : 2003-10-15

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:

Cyrange : Kirchner and Güntert (2011)  
NmrClust : Kelley et al. (1996)  
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 : 2.11  
Ideal geometry (proteins) : Engh & Huber (2001)  
Ideal geometry (DNA, RNA) : Parkinson et al. (1996)  
Validation Pipeline (wwPDB-VP) : 2.11

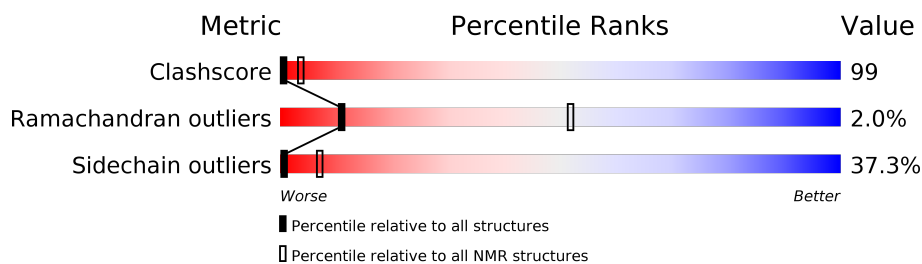
# 1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:

*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	168	

## 2 Ensemble composition and analysis i

This entry contains 20 models. Model 13 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:81-A:156, A:162-A:237 (152)	0.55	13

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

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

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

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

### 3 Entry composition

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 2592 atoms, of which 1311 are hydrogens and 0 are deuteriums.

- Molecule 1 is a protein called TypeIII-secreted protein effector: invasion-associated protein.

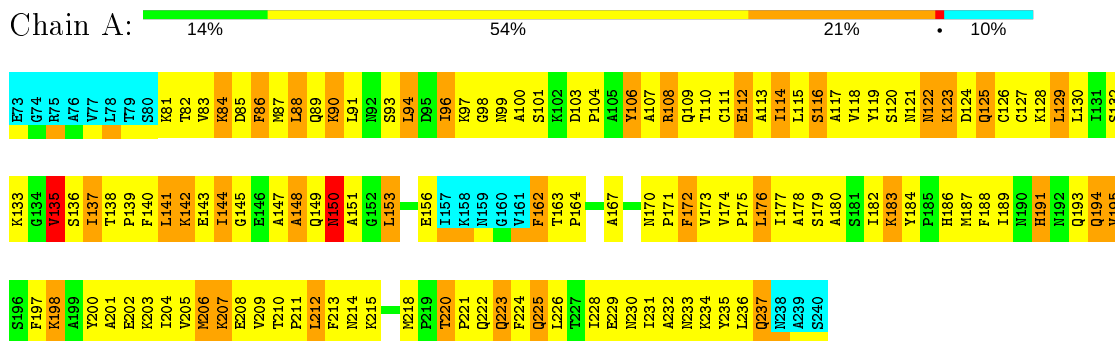
Mol	Chain	Residues	Atoms					Trace	
			Total	C	H	N	O		S
1	A	168	2592	816	1311	217	241	7	0

## 4 Residue-property plots [i](#)

### 4.1 Average score per residue in the NMR ensemble

These plots are provided for all protein, RNA and DNA 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: TypeIII-secreted protein effector: invasion-associated protein

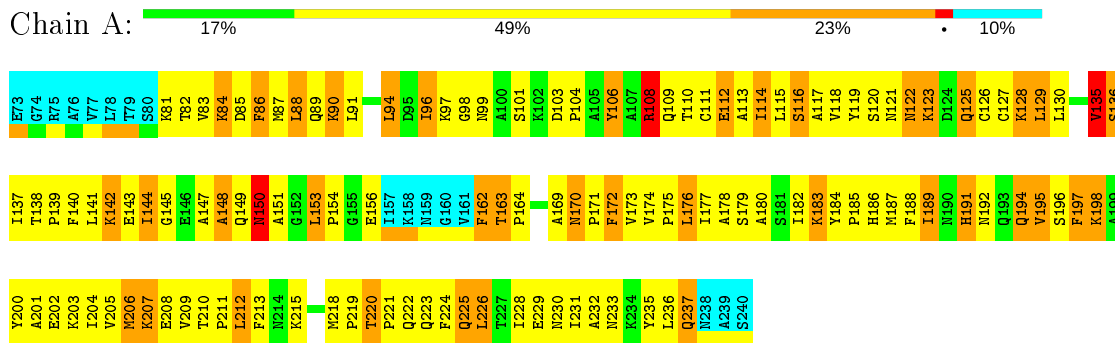


### 4.2 Scores per residue for each member of the ensemble

Colouring as in section 4.1 above.

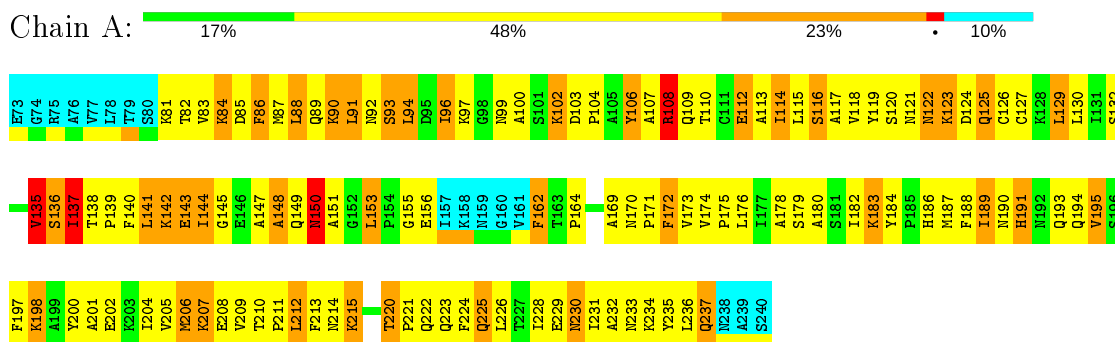
#### 4.2.1 Score per residue for model 1

- Molecule 1: TypeIII-secreted protein effector: invasion-associated protein



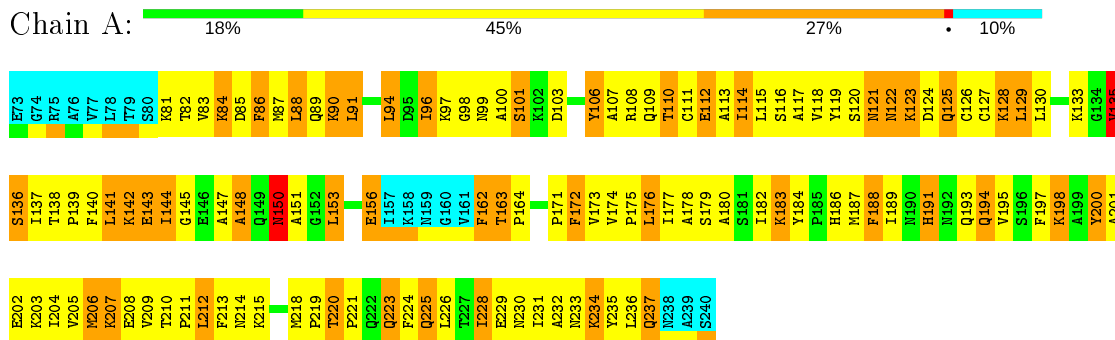
### 4.2.2 Score per residue for model 2

- Molecule 1: TypeIII-secreted protein effector: invasion-associated protein



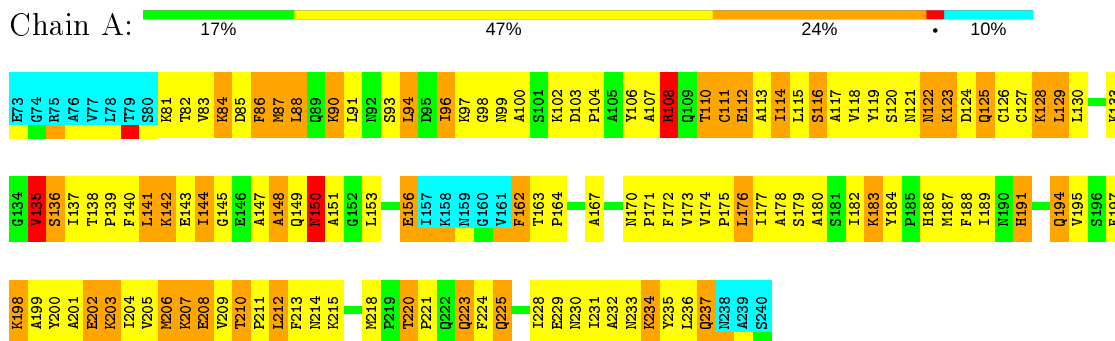
### 4.2.3 Score per residue for model 3

- Molecule 1: TypeIII-secreted protein effector: invasion-associated protein



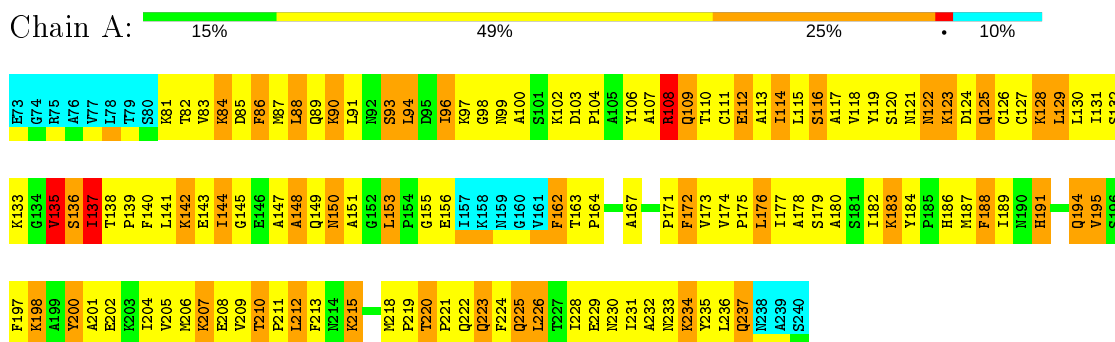
### 4.2.4 Score per residue for model 4

- Molecule 1: TypeIII-secreted protein effector: invasion-associated protein



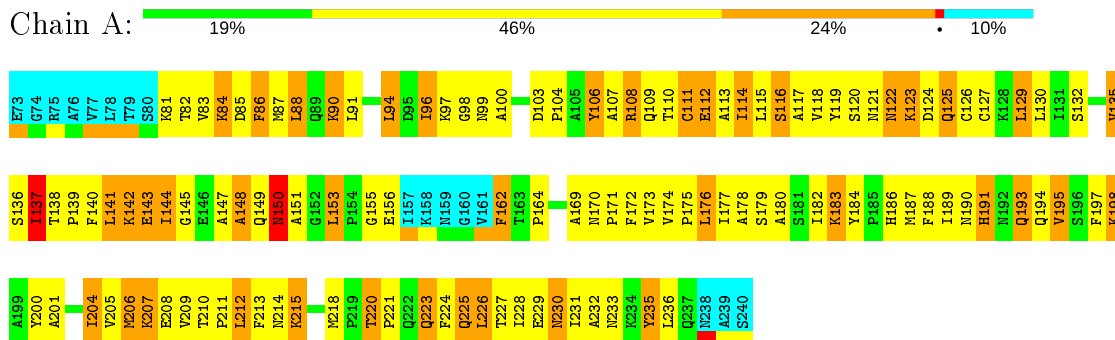
### 4.2.5 Score per residue for model 5

- Molecule 1: TypeIII-secreted protein effector: invasion-associated protein



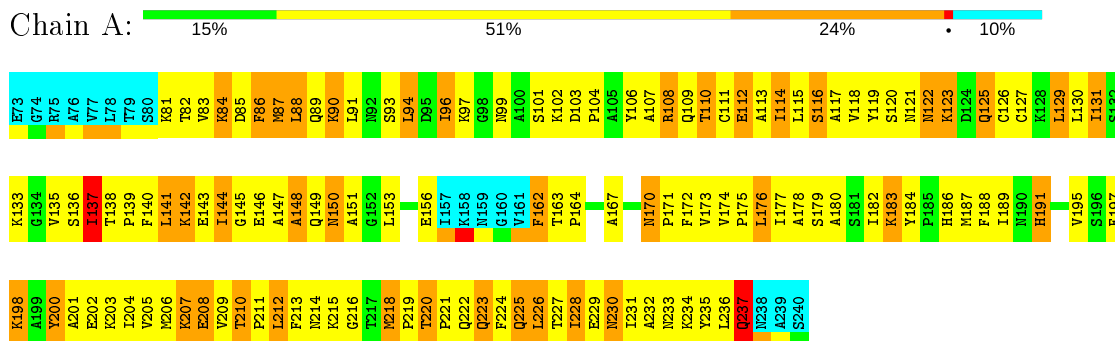
### 4.2.6 Score per residue for model 6

- Molecule 1: TypeIII-secreted protein effector: invasion-associated protein



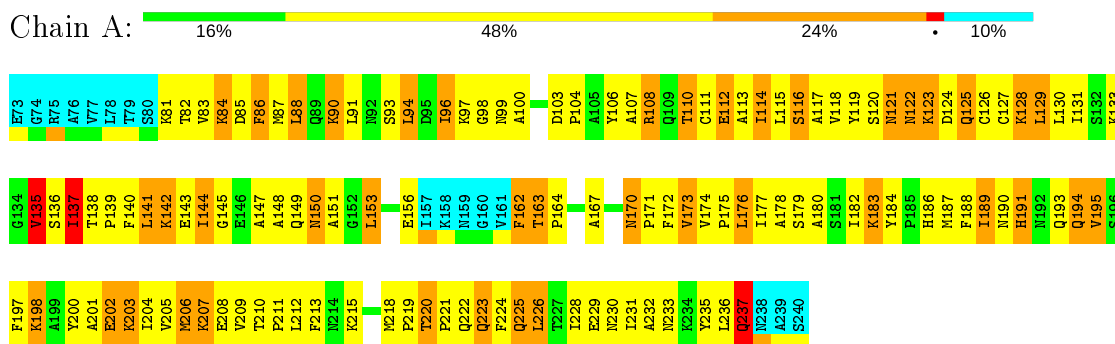
### 4.2.7 Score per residue for model 7

- Molecule 1: TypeIII-secreted protein effector: invasion-associated protein



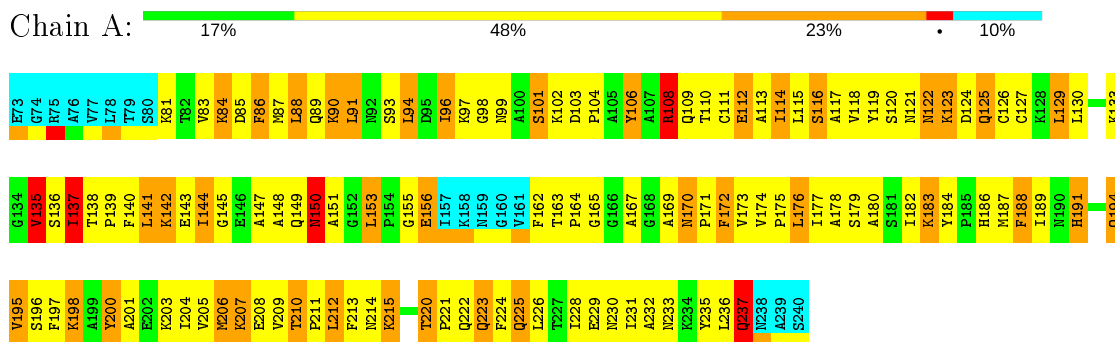
### 4.2.8 Score per residue for model 8

- Molecule 1: TypeIII-secreted protein effector: invasion-associated protein



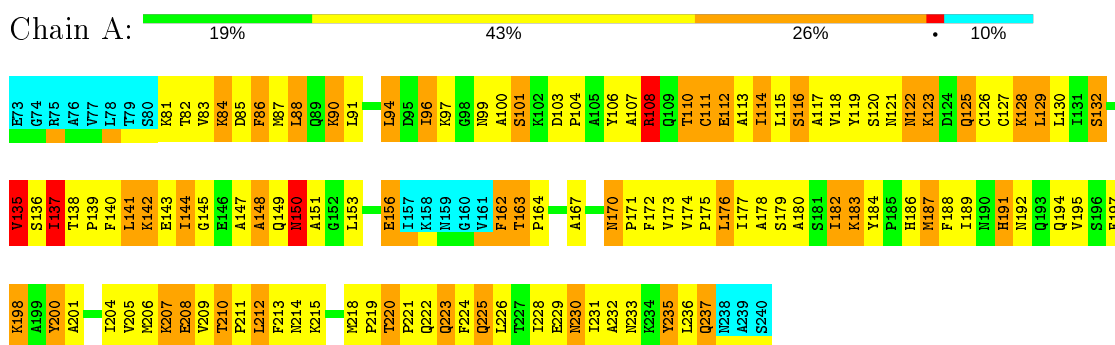
### 4.2.9 Score per residue for model 9

- Molecule 1: TypeIII-secreted protein effector: invasion-associated protein



### 4.2.10 Score per residue for model 10

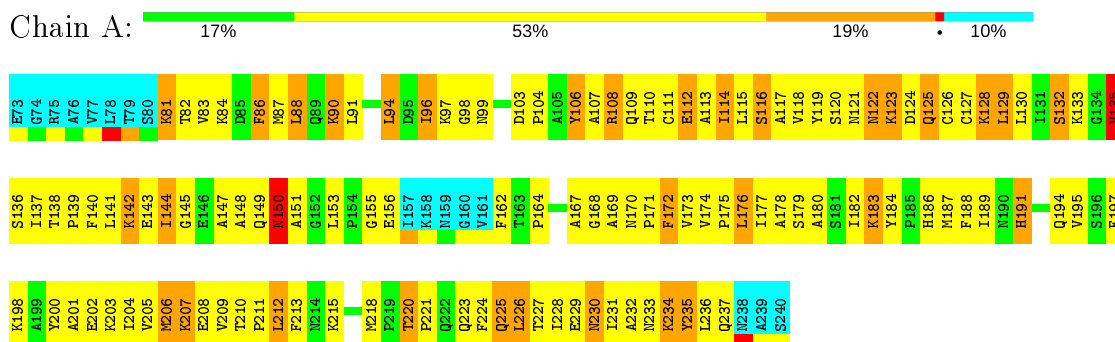
- Molecule 1: TypeIII-secreted protein effector: invasion-associated protein





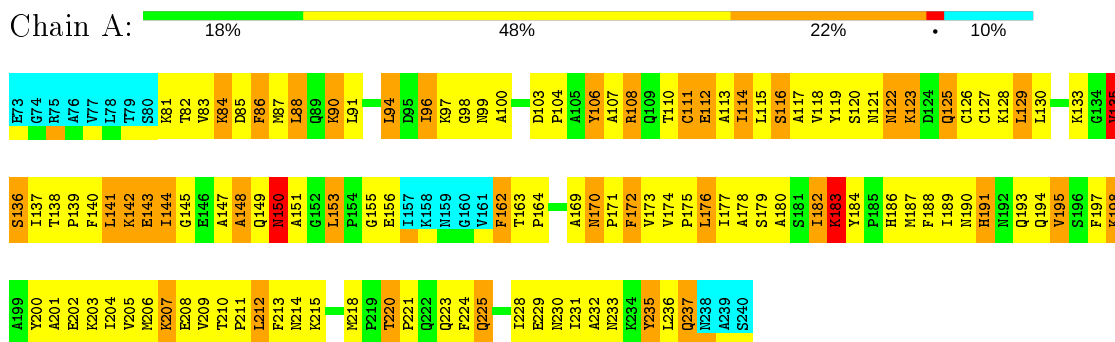
#### 4.2.11 Score per residue for model 11

- Molecule 1: TypeIII-secreted protein effector: invasion-associated protein



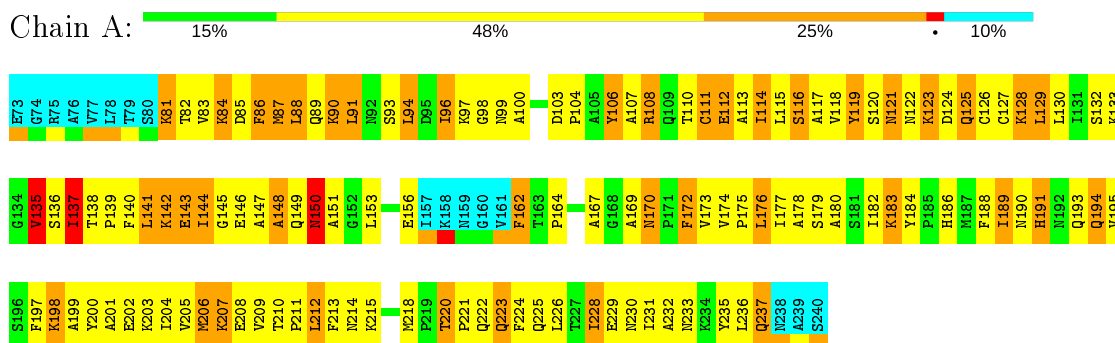
#### 4.2.12 Score per residue for model 12

- Molecule 1: TypeIII-secreted protein effector: invasion-associated protein



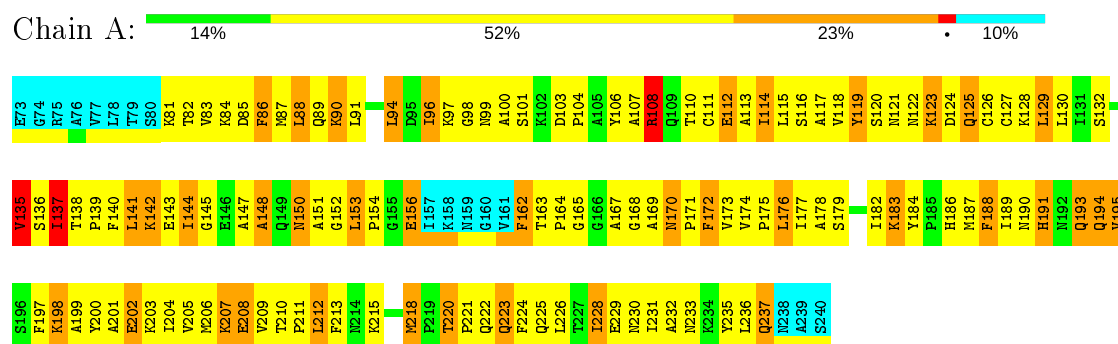
#### 4.2.13 Score per residue for model 13 (medoid)

- Molecule 1: TypeIII-secreted protein effector: invasion-associated protein



### 4.2.14 Score per residue for model 14

- Molecule 1: TypeIII-secreted protein effector: invasion-associated protein



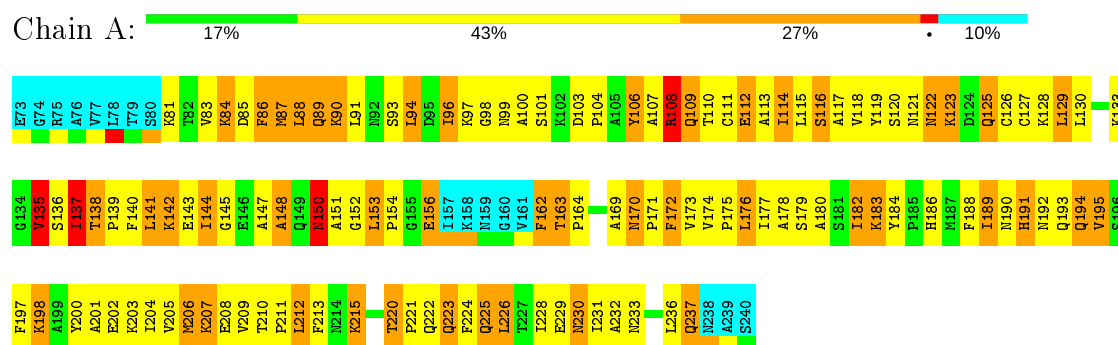
### 4.2.15 Score per residue for model 15

- Molecule 1: TypeIII-secreted protein effector: invasion-associated protein



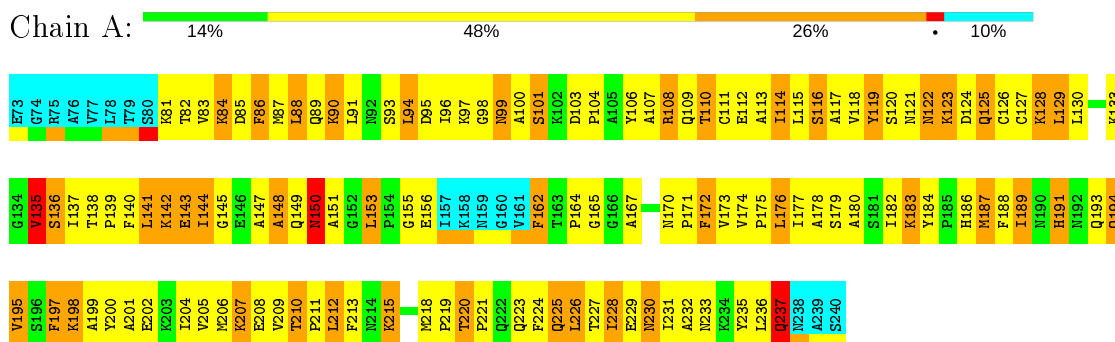
### 4.2.16 Score per residue for model 16

- Molecule 1: TypeIII-secreted protein effector: invasion-associated protein



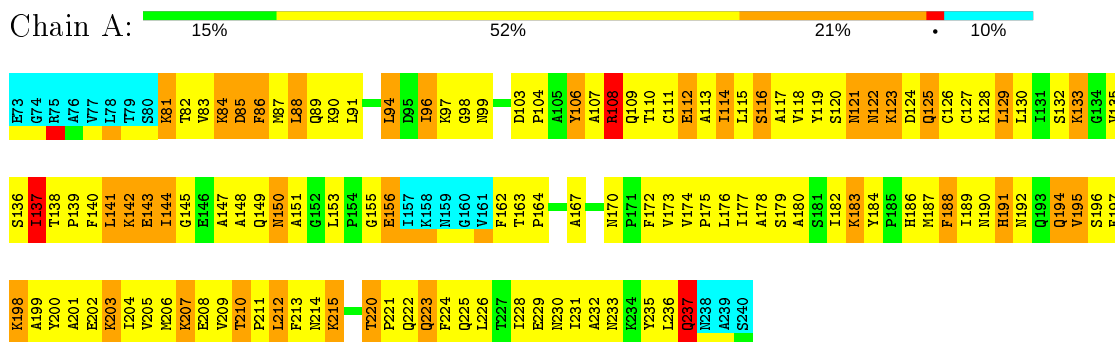
### 4.2.17 Score per residue for model 17

- Molecule 1: TypeIII-secreted protein effector: invasion-associated protein



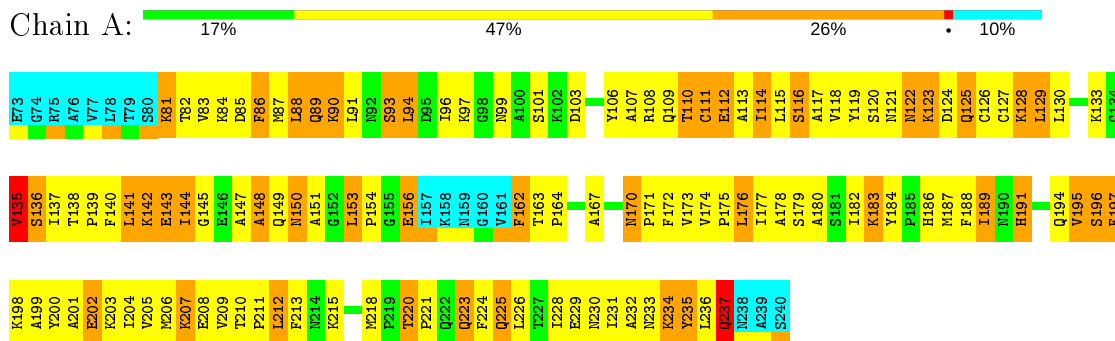
### 4.2.18 Score per residue for model 18

- Molecule 1: TypeIII-secreted protein effector: invasion-associated protein



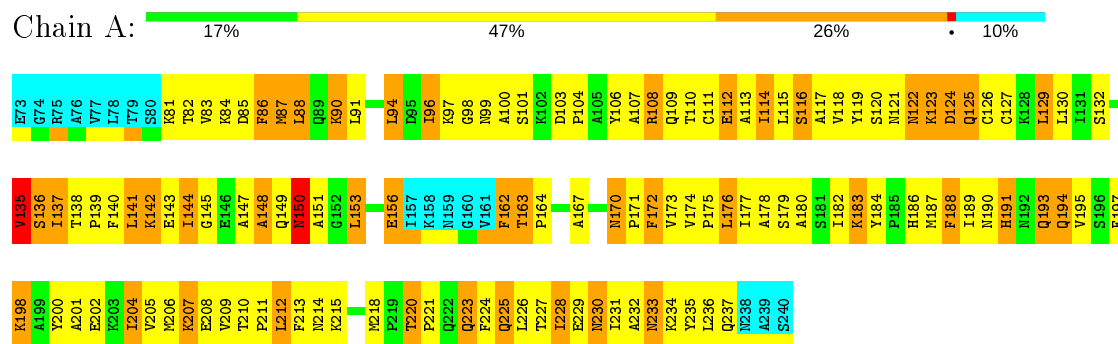
### 4.2.19 Score per residue for model 19

- Molecule 1: TypeIII-secreted protein effector: invasion-associated protein



### 4.2.20 Score per residue for model 20

- Molecule 1: TypeIII-secreted protein effector: invasion-associated protein



## 5 Refinement protocol and experimental data overview (i)

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

Of the 100 calculated structures, 20 were deposited, based on the following criterion: *structures with acceptable covalent geometry, structures with favorable non-bond energy, structures with the least restraint violations, structures with the lowest energy.*

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

Software name	Classification	Version
XPLOR-NIH	structure solution	2.02
XPLOR-NIH	refinement	2.06

No chemical shift data was provided. No validations of the models with respect to experimental NMR restraints is performed at this time.

COVALENT-GEOMETRY INFOmissingINFO

### 5.1 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	1168	1192	1192	234±8
All	All	23360	23840	23840	4671

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 99.

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

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:130:LEU:HD22	1:A:135:VAL:HG11	1.08	1.21	20	20
1:A:83:VAL:HG22	1:A:184:TYR:CD2	0.99	1.91	9	20
1:A:130:LEU:HD22	1:A:135:VAL:CG1	0.97	1.88	18	20
1:A:186:HIS:HA	1:A:189:ILE:HD12	0.96	1.33	16	14
1:A:114:ILE:HG21	1:A:213:PHE:CZ	0.96	1.95	20	18
1:A:176:LEU:HD21	1:A:201:ALA:HB1	0.95	1.37	12	6
1:A:143:GLU:CB	1:A:231:ILE:HG21	0.94	1.92	19	20
1:A:96:ILE:HG23	1:A:212:LEU:HD11	0.94	1.39	7	16
1:A:205:VAL:O	1:A:209:VAL:HG22	0.93	1.63	5	20

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:129:LEU:HD13	1:A:236:LEU:HD12	0.92	1.37	15	4
1:A:130:LEU:CD2	1:A:135:VAL:HG11	0.92	1.94	12	18
1:A:91:LEU:HD22	1:A:204:ILE:HB	0.92	1.37	2	8
1:A:127:CYS:HB2	1:A:137:ILE:HD12	0.91	1.43	18	4
1:A:183:LYS:HG2	1:A:184:TYR:CD2	0.90	2.01	12	20
1:A:143:GLU:HB3	1:A:231:ILE:HD13	0.90	1.43	17	19
1:A:87:MET:SD	1:A:176:LEU:HD21	0.89	2.08	7	13
1:A:90:LYS:HB3	1:A:176:LEU:HD22	0.89	1.41	2	2
1:A:110:THR:HG23	1:A:172:PHE:CZ	0.87	2.04	6	3
1:A:140:PHE:HD1	1:A:231:ILE:HG22	0.86	1.30	13	20
1:A:110:THR:HG23	1:A:172:PHE:CE1	0.86	2.04	1	10
1:A:163:THR:HG23	1:A:167:ALA:CB	0.84	2.02	9	1
1:A:144:ILE:HG22	1:A:228:ILE:CG1	0.84	2.03	15	20
1:A:115:LEU:O	1:A:118:VAL:HG22	0.84	1.73	9	20
1:A:96:ILE:HG23	1:A:172:PHE:CE1	0.83	2.09	19	1
1:A:173:VAL:HG22	1:A:201:ALA:HB1	0.82	1.50	3	3
1:A:91:LEU:HD11	1:A:205:VAL:HG12	0.82	1.48	17	1
1:A:140:PHE:CD1	1:A:231:ILE:HG22	0.82	2.09	11	15
1:A:144:ILE:HG22	1:A:228:ILE:HG12	0.82	1.50	11	19
1:A:119:TYR:HA	1:A:228:ILE:HD11	0.82	1.50	20	20
1:A:122:ASN:CG	1:A:228:ILE:HG23	0.81	1.96	4	18
1:A:129:LEU:HD11	1:A:236:LEU:HA	0.81	1.49	7	12
1:A:126:CYS:SG	1:A:232:ALA:CB	0.81	2.69	15	1
1:A:135:VAL:HG13	1:A:136:SER:N	0.81	1.90	19	20
1:A:91:LEU:HD13	1:A:204:ILE:HD12	0.81	1.52	20	3
1:A:176:LEU:CD2	1:A:201:ALA:HB1	0.81	2.06	12	14
1:A:122:ASN:ND2	1:A:228:ILE:HG23	0.80	1.90	15	19
1:A:202:GLU:O	1:A:205:VAL:HG22	0.80	1.76	8	10
1:A:129:LEU:CD2	1:A:236:LEU:HD12	0.80	2.06	5	17
1:A:96:ILE:HD11	1:A:172:PHE:CG	0.79	2.13	9	7
1:A:129:LEU:HD22	1:A:236:LEU:HD12	0.79	1.55	10	12
1:A:96:ILE:HG22	1:A:212:LEU:HD11	0.78	1.55	19	2
1:A:96:ILE:CG2	1:A:212:LEU:HD11	0.78	2.08	8	14
1:A:114:ILE:HG21	1:A:213:PHE:HZ	0.77	1.37	8	16
1:A:130:LEU:HD13	1:A:135:VAL:HG11	0.77	1.57	10	17
1:A:153:LEU:HD12	1:A:164:PRO:HB3	0.77	1.55	16	3
1:A:143:GLU:HB3	1:A:231:ILE:HG21	0.77	1.54	19	14
1:A:83:VAL:HG22	1:A:184:TYR:CG	0.77	2.13	2	19
1:A:116:SER:OG	1:A:153:LEU:HD13	0.77	1.80	14	1
1:A:147:ALA:HB1	1:A:224:PHE:CE1	0.76	2.16	20	17
1:A:87:MET:SD	1:A:176:LEU:HD11	0.76	2.20	12	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:176:LEU:HD23	1:A:177:ILE:N	0.76	1.96	4	18
1:A:176:LEU:HD21	1:A:201:ALA:CB	0.75	2.12	12	3
1:A:145:GLY:HA2	1:A:148:ALA:HB3	0.75	1.58	19	20
1:A:225:GLN:O	1:A:228:ILE:HG22	0.75	1.82	5	20
1:A:126:CYS:SG	1:A:140:PHE:CZ	0.75	2.80	15	1
1:A:109:GLN:O	1:A:113:ALA:HB3	0.74	1.82	9	10
1:A:200:TYR:CZ	1:A:204:ILE:HD13	0.74	2.17	3	3
1:A:119:TYR:CE2	1:A:164:PRO:HD2	0.73	2.18	9	2
1:A:114:ILE:HD12	1:A:209:VAL:HG11	0.73	1.59	17	2
1:A:206:MET:HA	1:A:209:VAL:CG2	0.73	2.13	8	20
1:A:130:LEU:HD22	1:A:135:VAL:HG12	0.73	1.60	18	3
1:A:87:MET:SD	1:A:200:TYR:CE1	0.73	2.82	20	1
1:A:169:ALA:O	1:A:174:VAL:HG23	0.73	1.84	9	4
1:A:94:LEU:HD21	1:A:172:PHE:HB3	0.73	1.58	2	1
1:A:96:ILE:HG23	1:A:212:LEU:CD1	0.73	2.13	7	1
1:A:143:GLU:HB2	1:A:231:ILE:HG21	0.73	1.60	20	20
1:A:145:GLY:CA	1:A:162:PHE:CD1	0.72	2.72	9	6
1:A:84:LYS:HG3	1:A:200:TYR:CE2	0.72	2.19	6	2
1:A:115:LEU:HD11	1:A:213:PHE:CE1	0.72	2.19	14	5
1:A:96:ILE:HD13	1:A:208:GLU:HB3	0.72	1.62	10	3
1:A:111:CYS:SG	1:A:212:LEU:CB	0.72	2.77	7	4
1:A:148:ALA:HB1	1:A:164:PRO:HB3	0.72	1.58	19	3
1:A:91:LEU:HD21	1:A:207:LYS:HE3	0.72	1.60	12	7
1:A:164:PRO:CG	1:A:167:ALA:HB3	0.72	2.14	18	1
1:A:96:ILE:HD13	1:A:209:VAL:HG13	0.72	1.62	13	8
1:A:164:PRO:HG2	1:A:167:ALA:HB2	0.72	1.60	7	5
1:A:144:ILE:CG2	1:A:228:ILE:HG12	0.72	2.14	19	20
1:A:106:TYR:CE1	1:A:110:THR:HG21	0.71	2.21	17	2
1:A:176:LEU:HD23	1:A:177:ILE:HG12	0.71	1.61	1	18
1:A:114:ILE:HD13	1:A:209:VAL:HG11	0.71	1.60	14	10
1:A:145:GLY:HA3	1:A:162:PHE:CD1	0.71	2.19	9	9
1:A:129:LEU:CD1	1:A:236:LEU:HD12	0.71	2.13	15	2
1:A:213:PHE:CD2	1:A:221:PRO:HD3	0.71	2.20	12	20
1:A:129:LEU:HD22	1:A:236:LEU:CD1	0.71	2.15	10	17
1:A:213:PHE:CE2	1:A:221:PRO:HD3	0.71	2.20	14	17
1:A:87:MET:HE1	1:A:204:ILE:HG21	0.71	1.60	6	1
1:A:111:CYS:SG	1:A:212:LEU:HB3	0.70	2.26	7	7
1:A:140:PHE:CE2	1:A:144:ILE:CD1	0.70	2.73	6	20
1:A:173:VAL:HA	1:A:176:LEU:HD22	0.70	1.63	12	9
1:A:119:TYR:CD1	1:A:144:ILE:HG13	0.70	2.22	9	7
1:A:171:PRO:HG2	1:A:172:PHE:CE1	0.70	2.22	2	11

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:83:VAL:O	1:A:87:MET:N	0.70	2.24	11	20
1:A:87:MET:SD	1:A:200:TYR:CE2	0.70	2.85	6	1
1:A:120:SER:HA	1:A:123:LYS:HD3	0.69	1.64	13	2
1:A:127:CYS:HA	1:A:130:LEU:HB2	0.69	1.65	5	20
1:A:99:ASN:HB2	1:A:106:TYR:CE1	0.69	2.23	19	19
1:A:136:SER:C	1:A:137:ILE:HG23	0.69	2.07	2	9
1:A:162:PHE:CD1	1:A:162:PHE:C	0.68	2.65	12	9
1:A:164:PRO:HB2	1:A:167:ALA:HB2	0.68	1.64	14	1
1:A:149:GLN:HB2	1:A:162:PHE:CE2	0.68	2.24	9	4
1:A:110:THR:HG22	1:A:172:PHE:CZ	0.68	2.24	8	4
1:A:232:ALA:O	1:A:236:LEU:HB2	0.68	1.89	15	20
1:A:129:LEU:CD1	1:A:236:LEU:HA	0.67	2.18	7	2
1:A:126:CYS:SG	1:A:232:ALA:HB2	0.67	2.29	15	1
1:A:115:LEU:HD11	1:A:213:PHE:CZ	0.67	2.24	17	2
1:A:118:VAL:HG23	1:A:228:ILE:CD1	0.67	2.20	9	11
1:A:112:GLU:O	1:A:153:LEU:HD11	0.67	1.90	10	6
1:A:96:ILE:HG12	1:A:172:PHE:CD1	0.67	2.24	19	5
1:A:200:TYR:CE2	1:A:204:ILE:HG21	0.67	2.24	3	4
1:A:112:GLU:O	1:A:116:SER:HB3	0.67	1.90	1	18
1:A:119:TYR:CE1	1:A:144:ILE:HG13	0.67	2.26	1	12
1:A:140:PHE:CZ	1:A:144:ILE:CD1	0.67	2.78	9	20
1:A:117:ALA:HB1	1:A:170:ASN:ND2	0.66	2.06	1	10
1:A:162:PHE:C	1:A:162:PHE:CD1	0.66	2.67	2	10
1:A:119:TYR:CA	1:A:228:ILE:HD11	0.66	2.19	15	17
1:A:91:LEU:HB2	1:A:204:ILE:HD12	0.66	1.67	2	1
1:A:120:SER:HA	1:A:123:LYS:HG3	0.66	1.67	9	2
1:A:170:ASN:HB3	1:A:173:VAL:CG2	0.66	2.20	8	1
1:A:103:ASP:HB2	1:A:106:TYR:CB	0.66	2.21	2	18
1:A:123:LYS:C	1:A:123:LYS:HD2	0.65	2.10	9	2
1:A:84:LYS:HA	1:A:200:TYR:CE1	0.65	2.26	16	9
1:A:100:ALA:O	1:A:107:ALA:HB2	0.65	1.91	12	9
1:A:96:ILE:CG1	1:A:172:PHE:CD1	0.65	2.80	10	3
1:A:110:THR:HG23	1:A:172:PHE:HZ	0.65	1.51	7	1
1:A:84:LYS:O	1:A:88:LEU:HB2	0.65	1.91	2	20
1:A:173:VAL:HG22	1:A:201:ALA:CB	0.65	2.21	3	2
1:A:224:PHE:CE2	1:A:228:ILE:HD12	0.65	2.26	10	13
1:A:141:LEU:HA	1:A:144:ILE:HD11	0.64	1.68	9	17
1:A:126:CYS:SG	1:A:232:ALA:HA	0.64	2.31	19	19
1:A:129:LEU:HG	1:A:130:LEU:N	0.64	2.08	3	20
1:A:186:HIS:CA	1:A:189:ILE:HD12	0.64	2.19	16	12
1:A:84:LYS:HG3	1:A:200:TYR:CZ	0.64	2.27	19	7

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:115:LEU:HA	1:A:118:VAL:HG22	0.64	1.70	13	19
1:A:87:MET:SD	1:A:176:LEU:HB3	0.64	2.33	2	1
1:A:110:THR:HG23	1:A:171:PRO:CG	0.64	2.23	19	3
1:A:84:LYS:HA	1:A:200:TYR:CE2	0.64	2.28	13	2
1:A:145:GLY:CA	1:A:162:PHE:CG	0.64	2.81	11	1
1:A:118:VAL:HG23	1:A:228:ILE:HD12	0.64	1.70	3	4
1:A:91:LEU:CD1	1:A:205:VAL:HG12	0.64	2.23	17	2
1:A:103:ASP:HB2	1:A:106:TYR:HB3	0.63	1.69	2	14
1:A:130:LEU:HB3	1:A:135:VAL:HG12	0.63	1.70	2	9
1:A:110:THR:HG22	1:A:172:PHE:CE2	0.63	2.29	4	3
1:A:164:PRO:HG2	1:A:167:ALA:CB	0.63	2.22	17	5
1:A:122:ASN:OD1	1:A:228:ILE:HG23	0.63	1.92	19	16
1:A:172:PHE:HB2	1:A:205:VAL:HG11	0.63	1.70	2	4
1:A:87:MET:C	1:A:87:MET:SD	0.63	2.77	12	1
1:A:135:VAL:CG1	1:A:136:SER:N	0.63	2.62	12	20
1:A:114:ILE:HG21	1:A:213:PHE:CE1	0.63	2.28	19	14
1:A:86:PHE:CE1	1:A:183:LYS:HD2	0.63	2.29	12	13
1:A:191:HIS:CD2	1:A:191:HIS:C	0.63	2.72	13	6
1:A:183:LYS:HD3	1:A:184:TYR:CE2	0.63	2.28	5	18
1:A:120:SER:O	1:A:123:LYS:HG3	0.63	1.92	9	2
1:A:130:LEU:HD11	1:A:235:TYR:HB3	0.63	1.69	19	9
1:A:84:LYS:HG3	1:A:200:TYR:CE1	0.63	2.29	20	4
1:A:145:GLY:O	1:A:162:PHE:CE1	0.62	2.52	1	18
1:A:191:HIS:HA	1:A:194:GLN:NE2	0.62	2.10	18	7
1:A:186:HIS:HA	1:A:189:ILE:CD1	0.62	2.24	14	20
1:A:228:ILE:CG2	1:A:229:GLU:N	0.62	2.63	7	20
1:A:197:PHE:HA	1:A:200:TYR:CD2	0.62	2.29	16	9
1:A:131:ILE:HD13	1:A:131:ILE:C	0.62	2.15	7	1
1:A:103:ASP:HB3	1:A:106:TYR:HB2	0.62	1.72	4	17
1:A:110:THR:HG23	1:A:171:PRO:HG2	0.62	1.70	19	3
1:A:180:ALA:HB1	1:A:188:PHE:CZ	0.62	2.30	2	16
1:A:113:ALA:HA	1:A:116:SER:HB2	0.62	1.71	14	2
1:A:112:GLU:HB3	1:A:153:LEU:HD21	0.62	1.71	8	4
1:A:191:HIS:C	1:A:191:HIS:CD2	0.62	2.72	19	4
1:A:120:SER:HA	1:A:123:LYS:HD2	0.62	1.72	3	16
1:A:210:THR:N	1:A:211:PRO:HD2	0.62	2.09	14	20
1:A:86:PHE:CG	1:A:183:LYS:HD3	0.62	2.30	6	13
1:A:201:ALA:O	1:A:204:ILE:HG13	0.62	1.95	20	5
1:A:115:LEU:O	1:A:118:VAL:CG2	0.61	2.48	19	20
1:A:119:TYR:CZ	1:A:164:PRO:HD2	0.61	2.31	8	6
1:A:138:THR:N	1:A:139:PRO:HD2	0.61	2.10	16	20

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:140:PHE:HB2	1:A:235:TYR:CG	0.61	2.30	3	7
1:A:163:THR:HG23	1:A:164:PRO:HD2	0.61	1.71	3	3
1:A:175:PRO:HA	1:A:178:ALA:HB3	0.61	1.72	15	20
1:A:176:LEU:HD22	1:A:201:ALA:HB1	0.61	1.71	5	7
1:A:84:LYS:HA	1:A:200:TYR:CZ	0.61	2.31	18	10
1:A:172:PHE:CE2	1:A:209:VAL:HG12	0.61	2.31	10	4
1:A:129:LEU:HD22	1:A:236:LEU:HD13	0.61	1.71	6	1
1:A:103:ASP:CB	1:A:106:TYR:CB	0.61	2.79	4	20
1:A:197:PHE:HA	1:A:200:TYR:CE2	0.61	2.31	15	10
1:A:144:ILE:HG22	1:A:228:ILE:HG13	0.61	1.73	15	7
1:A:209:VAL:O	1:A:212:LEU:HG	0.61	1.96	17	20
1:A:212:LEU:HD23	1:A:212:LEU:N	0.60	2.10	5	13
1:A:110:THR:HG22	1:A:212:LEU:CD1	0.60	2.27	14	8
1:A:130:LEU:CD1	1:A:135:VAL:HG11	0.60	2.26	19	14
1:A:96:ILE:HD13	1:A:209:VAL:CG1	0.60	2.26	13	8
1:A:81:LYS:O	1:A:85:ASP:HB2	0.60	1.97	3	18
1:A:107:ALA:O	1:A:111:CYS:HB2	0.60	1.96	8	15
1:A:151:ALA:HB2	1:A:224:PHE:CE1	0.60	2.31	20	15
1:A:195:VAL:O	1:A:198:LYS:HG3	0.60	1.97	10	13
1:A:163:THR:HG23	1:A:167:ALA:HB3	0.60	1.74	9	1
1:A:99:ASN:HB2	1:A:106:TYR:CZ	0.60	2.32	19	12
1:A:197:PHE:HA	1:A:200:TYR:CD1	0.60	2.31	11	3
1:A:110:THR:CG2	1:A:172:PHE:CZ	0.60	2.85	10	4
1:A:123:LYS:C	1:A:123:LYS:CD	0.60	2.70	12	2
1:A:135:VAL:HG13	1:A:136:SER:H	0.59	1.57	3	19
1:A:127:CYS:SG	1:A:137:ILE:HG21	0.59	2.36	12	5
1:A:218:MET:CG	1:A:219:PRO:HD2	0.59	2.27	5	4
1:A:212:LEU:N	1:A:212:LEU:HD23	0.59	2.12	10	7
1:A:228:ILE:HG22	1:A:229:GLU:N	0.59	2.12	13	20
1:A:198:LYS:HD3	1:A:198:LYS:C	0.59	2.17	10	3
1:A:114:ILE:CD1	1:A:209:VAL:HG21	0.59	2.27	17	10
1:A:129:LEU:HD13	1:A:236:LEU:HA	0.59	1.75	6	1
1:A:96:ILE:HD11	1:A:172:PHE:CD2	0.59	2.32	15	2
1:A:114:ILE:HD12	1:A:209:VAL:CG1	0.59	2.25	17	1
1:A:116:SER:HA	1:A:119:TYR:HB3	0.59	1.72	1	15
1:A:156:GLU:CB	1:A:163:THR:HB	0.59	2.27	14	3
1:A:224:PHE:O	1:A:227:THR:HG22	0.59	1.97	6	2
1:A:141:LEU:HD21	1:A:163:THR:OG1	0.59	1.96	8	3
1:A:120:SER:O	1:A:123:LYS:HD2	0.59	1.98	2	1
1:A:164:PRO:HG2	1:A:167:ALA:HB3	0.59	1.72	18	3
1:A:103:ASP:HB3	1:A:106:TYR:CB	0.59	2.28	5	13

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:153:LEU:HB3	1:A:164:PRO:CB	0.59	2.28	5	5
1:A:145:GLY:O	1:A:148:ALA:HB3	0.59	1.98	7	4
1:A:121:ASN:O	1:A:125:GLN:HB3	0.59	1.97	3	20
1:A:90:LYS:O	1:A:94:LEU:N	0.59	2.35	16	20
1:A:110:THR:CG2	1:A:172:PHE:CE1	0.59	2.86	19	4
1:A:114:ILE:HG12	1:A:209:VAL:HB	0.59	1.73	1	13
1:A:207:LYS:HG3	1:A:208:GLU:N	0.59	2.13	13	17
1:A:81:LYS:HE3	1:A:88:LEU:HD13	0.59	1.72	4	3
1:A:145:GLY:HA3	1:A:162:PHE:CG	0.59	2.33	11	3
1:A:187:MET:HB3	1:A:197:PHE:CE2	0.59	2.33	18	13
1:A:213:PHE:N	1:A:213:PHE:CD1	0.59	2.67	8	5
1:A:136:SER:C	1:A:137:ILE:HG22	0.58	2.18	18	3
1:A:87:MET:SD	1:A:176:LEU:CB	0.58	2.91	2	1
1:A:110:THR:CG2	1:A:171:PRO:HG2	0.58	2.28	19	3
1:A:173:VAL:HG13	1:A:177:ILE:HD13	0.58	1.73	18	1
1:A:176:LEU:CD2	1:A:177:ILE:HG12	0.58	2.28	7	18
1:A:233:ASN:HA	1:A:236:LEU:CB	0.58	2.28	5	20
1:A:174:VAL:HB	1:A:175:PRO:HD3	0.58	1.74	8	19
1:A:96:ILE:HG23	1:A:172:PHE:CZ	0.58	2.33	4	3
1:A:96:ILE:CG2	1:A:212:LEU:HD21	0.58	2.29	7	1
1:A:140:PHE:CD1	1:A:231:ILE:CG2	0.58	2.86	11	12
1:A:130:LEU:HB3	1:A:135:VAL:CG1	0.58	2.28	15	16
1:A:103:ASP:CB	1:A:106:TYR:HB2	0.58	2.29	5	20
1:A:153:LEU:HD12	1:A:164:PRO:CB	0.58	2.29	16	4
1:A:91:LEU:HD13	1:A:205:VAL:HG12	0.58	1.75	7	1
1:A:83:VAL:CG2	1:A:184:TYR:CG	0.58	2.87	6	7
1:A:83:VAL:HG12	1:A:200:TYR:OH	0.58	1.98	12	10
1:A:96:ILE:HD11	1:A:172:PHE:HB3	0.57	1.75	3	2
1:A:198:LYS:C	1:A:198:LYS:HD3	0.57	2.20	3	1
1:A:139:PRO:O	1:A:142:LYS:HB3	0.57	1.99	5	20
1:A:119:TYR:HA	1:A:228:ILE:CD1	0.57	2.28	14	12
1:A:114:ILE:O	1:A:117:ALA:HB3	0.57	1.98	10	18
1:A:129:LEU:HD21	1:A:236:LEU:HD12	0.57	1.74	13	9
1:A:130:LEU:HD13	1:A:135:VAL:CG1	0.57	2.30	20	9
1:A:228:ILE:HA	1:A:231:ILE:HD12	0.57	1.76	13	6
1:A:120:SER:O	1:A:123:LYS:HD3	0.57	1.98	20	13
1:A:96:ILE:HG12	1:A:172:PHE:CE1	0.57	2.33	8	4
1:A:117:ALA:HB1	1:A:170:ASN:CG	0.57	2.18	7	2
1:A:122:ASN:HB2	1:A:232:ALA:HB2	0.57	1.76	14	2
1:A:198:LYS:CD	1:A:198:LYS:C	0.57	2.72	9	3
1:A:200:TYR:O	1:A:204:ILE:HG23	0.57	1.99	15	5

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:154:PRO:HA	1:A:162:PHE:CE2	0.57	2.34	16	2
1:A:125:GLN:HG2	1:A:126:CYS:N	0.57	2.14	20	15
1:A:87:MET:SD	1:A:176:LEU:CD2	0.57	2.91	4	9
1:A:84:LYS:CG	1:A:200:TYR:CE1	0.57	2.87	19	9
1:A:114:ILE:HG23	1:A:115:LEU:H	0.57	1.60	20	15
1:A:110:THR:HG21	1:A:172:PHE:CE1	0.57	2.34	10	4
1:A:114:ILE:HG12	1:A:209:VAL:CB	0.57	2.29	1	12
1:A:86:PHE:CZ	1:A:183:LYS:HD2	0.57	2.35	17	16
1:A:115:LEU:HA	1:A:118:VAL:CG2	0.57	2.30	13	15
1:A:143:GLU:HB3	1:A:231:ILE:CD1	0.57	2.29	6	3
1:A:112:GLU:HB3	1:A:153:LEU:HB3	0.57	1.76	9	1
1:A:145:GLY:CA	1:A:148:ALA:HB3	0.57	2.28	19	20
1:A:201:ALA:O	1:A:204:ILE:CG1	0.57	2.53	2	8
1:A:209:VAL:HA	1:A:212:LEU:HG	0.57	1.77	7	1
1:A:91:LEU:HD11	1:A:205:VAL:HA	0.57	1.75	8	6
1:A:183:LYS:CG	1:A:184:TYR:CD2	0.57	2.84	12	2
1:A:140:PHE:CZ	1:A:144:ILE:HD12	0.56	2.35	13	17
1:A:127:CYS:HB2	1:A:137:ILE:CD1	0.56	2.28	20	9
1:A:111:CYS:O	1:A:114:ILE:CG2	0.56	2.53	8	12
1:A:156:GLU:HB2	1:A:163:THR:HG22	0.56	1.77	10	4
1:A:132:SER:OG	1:A:133:LYS:NZ	0.56	2.33	11	1
1:A:129:LEU:HD13	1:A:236:LEU:CD1	0.56	2.21	15	1
1:A:194:GLN:HG2	1:A:195:VAL:N	0.56	2.15	15	6
1:A:153:LEU:HD12	1:A:164:PRO:HB2	0.56	1.78	19	2
1:A:104:PRO:O	1:A:108:ARG:HG3	0.56	2.00	17	14
1:A:140:PHE:CZ	1:A:144:ILE:HD13	0.56	2.34	14	7
1:A:96:ILE:CG1	1:A:172:PHE:CE1	0.56	2.88	10	4
1:A:149:GLN:HB2	1:A:162:PHE:CZ	0.56	2.36	7	2
1:A:232:ALA:O	1:A:236:LEU:N	0.56	2.38	15	20
1:A:114:ILE:CG2	1:A:213:PHE:CZ	0.56	2.87	2	17
1:A:140:PHE:CE1	1:A:144:ILE:HD13	0.56	2.36	9	9
1:A:108:ARG:HA	1:A:108:ARG:CZ	0.56	2.30	11	6
1:A:121:ASN:OD1	1:A:198:LYS:NZ	0.56	2.37	10	1
1:A:81:LYS:CG	1:A:81:LYS:O	0.56	2.54	10	2
1:A:148:ALA:HB1	1:A:164:PRO:HG3	0.56	1.78	17	2
1:A:197:PHE:HA	1:A:200:TYR:CE1	0.56	2.36	13	3
1:A:114:ILE:HB	1:A:172:PHE:CE2	0.56	2.36	17	2
1:A:119:TYR:CE2	1:A:164:PRO:CD	0.56	2.88	9	1
1:A:120:SER:HA	1:A:123:LYS:CG	0.56	2.31	9	2
1:A:153:LEU:HB3	1:A:164:PRO:HB3	0.56	1.77	10	5
1:A:106:TYR:O	1:A:110:THR:HB	0.56	2.01	7	3

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:84:LYS:HG2	1:A:200:TYR:CE2	0.56	2.36	11	2
1:A:206:MET:HA	1:A:209:VAL:HG22	0.55	1.79	19	13
1:A:140:PHE:HB2	1:A:235:TYR:CD2	0.55	2.35	13	10
1:A:148:ALA:O	1:A:153:LEU:HB2	0.55	2.01	11	9
1:A:96:ILE:HD13	1:A:208:GLU:CB	0.55	2.31	10	2
1:A:119:TYR:CD1	1:A:144:ILE:HB	0.55	2.35	13	2
1:A:206:MET:O	1:A:210:THR:HG23	0.55	2.01	14	1
1:A:173:VAL:HA	1:A:176:LEU:HB3	0.55	1.78	14	16
1:A:172:PHE:O	1:A:176:LEU:HG	0.55	2.01	18	2
1:A:198:LYS:HA	1:A:201:ALA:HB3	0.55	1.79	1	5
1:A:141:LEU:O	1:A:144:ILE:HG12	0.55	2.02	7	20
1:A:198:LYS:C	1:A:198:LYS:CD	0.55	2.75	18	3
1:A:120:SER:HA	1:A:123:LYS:CD	0.55	2.30	13	1
1:A:180:ALA:CB	1:A:188:PHE:CZ	0.55	2.89	2	17
1:A:156:GLU:HB3	1:A:163:THR:HB	0.55	1.79	19	6
1:A:81:LYS:HG3	1:A:81:LYS:O	0.55	2.01	10	1
1:A:115:LEU:C	1:A:118:VAL:HG22	0.55	2.22	17	20
1:A:140:PHE:HB2	1:A:235:TYR:CD1	0.55	2.36	3	6
1:A:176:LEU:HD11	1:A:204:ILE:HD11	0.55	1.79	13	2
1:A:116:SER:CB	1:A:167:ALA:HA	0.55	2.30	20	2
1:A:110:THR:O	1:A:114:ILE:CG2	0.55	2.55	1	3
1:A:220:THR:OG1	1:A:223:GLN:HB3	0.55	2.01	17	20
1:A:195:VAL:HA	1:A:198:LYS:HD3	0.55	1.78	19	2
1:A:94:LEU:HD21	1:A:96:ILE:CD1	0.55	2.32	17	1
1:A:110:THR:O	1:A:114:ILE:HG22	0.55	2.02	1	3
1:A:84:LYS:HG2	1:A:200:TYR:CE1	0.55	2.37	7	8
1:A:115:LEU:CD1	1:A:213:PHE:CE1	0.55	2.90	14	5
1:A:194:GLN:O	1:A:198:LYS:HD3	0.55	2.01	15	5
1:A:96:ILE:HG13	1:A:172:PHE:CD1	0.55	2.37	10	1
1:A:213:PHE:CD1	1:A:213:PHE:N	0.55	2.72	19	4
1:A:141:LEU:HD13	1:A:141:LEU:C	0.55	2.22	5	1
1:A:206:MET:SD	1:A:222:GLN:HB2	0.55	2.42	7	3
1:A:91:LEU:HD13	1:A:204:ILE:HG13	0.55	1.78	11	3
1:A:198:LYS:C	1:A:198:LYS:HD2	0.55	2.21	17	1
1:A:206:MET:HB2	1:A:221:PRO:HB2	0.54	1.79	12	7
1:A:194:GLN:HA	1:A:197:PHE:HB2	0.54	1.78	17	2
1:A:221:PRO:O	1:A:225:GLN:CB	0.54	2.56	11	18
1:A:136:SER:C	1:A:137:ILE:CG2	0.54	2.75	2	8
1:A:141:LEU:HA	1:A:144:ILE:CG1	0.54	2.32	7	12
1:A:179:SER:O	1:A:183:LYS:N	0.54	2.38	2	20
1:A:126:CYS:HA	1:A:129:LEU:HD21	0.54	1.78	6	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:87:MET:HG3	1:A:176:LEU:HD11	0.54	1.80	7	2
1:A:81:LYS:HG3	1:A:84:LYS:HB3	0.54	1.78	2	9
1:A:209:VAL:HB	1:A:213:PHE:CZ	0.54	2.37	16	14
1:A:104:PRO:O	1:A:108:ARG:HG2	0.54	2.01	12	4
1:A:96:ILE:HD11	1:A:172:PHE:CD1	0.54	2.37	20	3
1:A:208:GLU:O	1:A:211:PRO:HD2	0.54	2.03	14	13
1:A:99:ASN:HB2	1:A:106:TYR:CE2	0.54	2.36	9	1
1:A:109:GLN:O	1:A:113:ALA:CB	0.54	2.56	15	9
1:A:234:LYS:NZ	1:A:234:LYS:O	0.54	2.39	5	3
1:A:87:MET:SD	1:A:204:ILE:CD1	0.54	2.96	12	1
1:A:199:ALA:O	1:A:202:GLU:HG3	0.54	2.02	19	4
1:A:94:LEU:HD11	1:A:172:PHE:HB3	0.54	1.79	13	3
1:A:119:TYR:CD2	1:A:167:ALA:HB1	0.54	2.38	13	2
1:A:130:LEU:CG	1:A:135:VAL:HG11	0.54	2.33	12	11
1:A:214:ASN:O	1:A:215:LYS:NZ	0.54	2.40	4	1
1:A:173:VAL:CG1	1:A:177:ILE:HD13	0.54	2.33	18	1
1:A:140:PHE:CE1	1:A:231:ILE:HB	0.54	2.38	15	8
1:A:173:VAL:CG1	1:A:198:LYS:HB2	0.54	2.33	19	1
1:A:116:SER:HB2	1:A:167:ALA:HA	0.54	1.80	20	2
1:A:133:LYS:NZ	1:A:236:LEU:O	0.54	2.36	7	6
1:A:144:ILE:O	1:A:148:ALA:N	0.54	2.41	15	9
1:A:173:VAL:HG12	1:A:201:ALA:CB	0.54	2.33	8	1
1:A:81:LYS:HA	1:A:84:LYS:HB2	0.54	1.79	13	1
1:A:108:ARG:HA	1:A:108:ARG:NH2	0.53	2.18	2	6
1:A:108:ARG:NH2	1:A:108:ARG:HA	0.53	2.19	14	3
1:A:113:ALA:HA	1:A:116:SER:OG	0.53	2.03	6	6
1:A:190:ASN:HB2	1:A:193:GLN:HB2	0.53	1.80	8	2
1:A:207:LYS:HA	1:A:210:THR:CG2	0.53	2.33	14	1
1:A:147:ALA:CB	1:A:224:PHE:CE1	0.53	2.91	3	2
1:A:87:MET:HE2	1:A:177:ILE:HA	0.53	1.80	9	2
1:A:209:VAL:HG23	1:A:221:PRO:HG3	0.53	1.79	7	4
1:A:83:VAL:CG2	1:A:184:TYR:CD2	0.53	2.81	13	4
1:A:94:LEU:CD2	1:A:96:ILE:HG13	0.53	2.33	19	1
1:A:233:ASN:HA	1:A:236:LEU:HB2	0.53	1.79	13	16
1:A:82:THR:OG1	1:A:83:VAL:N	0.53	2.40	1	8
1:A:126:CYS:HA	1:A:129:LEU:CD2	0.53	2.33	6	2
1:A:233:ASN:HA	1:A:236:LEU:HB3	0.53	1.79	6	2
1:A:177:ILE:CD1	1:A:197:PHE:HB3	0.53	2.34	19	3
1:A:153:LEU:O	1:A:164:PRO:HA	0.53	2.03	3	6
1:A:119:TYR:CE2	1:A:164:PRO:HG2	0.53	2.38	13	2
1:A:215:LYS:HD3	1:A:215:LYS:N	0.53	2.17	16	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:206:MET:O	1:A:210:THR:CG2	0.53	2.56	14	1
1:A:151:ALA:HB3	1:A:153:LEU:HD21	0.53	1.81	16	1
1:A:130:LEU:HD21	1:A:235:TYR:O	0.53	2.04	19	1
1:A:137:ILE:O	1:A:141:LEU:N	0.53	2.35	11	13
1:A:144:ILE:CG2	1:A:228:ILE:CG1	0.53	2.87	20	10
1:A:151:ALA:HB1	1:A:219:PRO:HG3	0.53	1.79	7	1
1:A:210:THR:OG1	1:A:211:PRO:HD3	0.53	2.03	14	1
1:A:90:LYS:CE	1:A:90:LYS:HA	0.53	2.34	15	2
1:A:114:ILE:HD12	1:A:209:VAL:CB	0.53	2.33	17	1
1:A:234:LYS:HG3	1:A:235:TYR:CD1	0.53	2.39	3	1
1:A:143:GLU:CB	1:A:231:ILE:CG2	0.53	2.85	15	6
1:A:111:CYS:SG	1:A:212:LEU:HB2	0.53	2.43	7	2
1:A:177:ILE:HG21	1:A:198:LYS:CE	0.53	2.34	8	2
1:A:126:CYS:SG	1:A:232:ALA:CA	0.53	2.97	15	1
1:A:206:MET:CA	1:A:209:VAL:HG22	0.52	2.34	8	14
1:A:107:ALA:O	1:A:111:CYS:SG	0.52	2.67	7	5
1:A:123:LYS:CB	1:A:141:LEU:HD12	0.52	2.34	9	1
1:A:94:LEU:HD21	1:A:96:ILE:HD11	0.52	1.80	17	1
1:A:124:ASP:O	1:A:128:LYS:HB2	0.52	2.04	18	9
1:A:97:LYS:O	1:A:101:SER:N	0.52	2.42	17	5
1:A:133:LYS:NZ	1:A:237:GLN:O	0.52	2.40	18	6
1:A:112:GLU:HB3	1:A:153:LEU:CD2	0.52	2.35	10	10
1:A:201:ALA:O	1:A:204:ILE:HG12	0.52	2.04	15	9
1:A:84:LYS:HD3	1:A:200:TYR:CD1	0.52	2.40	18	1
1:A:113:ALA:O	1:A:117:ALA:N	0.52	2.43	16	17
1:A:170:ASN:HB3	1:A:173:VAL:HB	0.52	1.82	17	6
1:A:123:LYS:CB	1:A:137:ILE:HD11	0.52	2.34	18	1
1:A:123:LYS:O	1:A:127:CYS:CB	0.52	2.58	14	19
1:A:147:ALA:O	1:A:151:ALA:HB2	0.52	2.05	2	7
1:A:228:ILE:HG22	1:A:229:GLU:H	0.52	1.65	6	18
1:A:222:GLN:O	1:A:226:LEU:HB2	0.52	2.05	13	8
1:A:81:LYS:HG3	1:A:84:LYS:CB	0.52	2.35	11	1
1:A:118:VAL:O	1:A:122:ASN:ND2	0.52	2.43	14	2
1:A:81:LYS:HG2	1:A:81:LYS:O	0.52	2.03	19	1
1:A:177:ILE:HG13	1:A:198:LYS:HB3	0.52	1.81	12	3
1:A:121:ASN:O	1:A:125:GLN:N	0.52	2.31	11	8
1:A:184:TYR:O	1:A:188:PHE:CD1	0.52	2.63	16	20
1:A:117:ALA:O	1:A:121:ASN:ND2	0.52	2.43	13	17
1:A:194:GLN:O	1:A:197:PHE:HB2	0.52	2.04	15	3
1:A:172:PHE:CE2	1:A:209:VAL:CG1	0.52	2.92	7	3
1:A:113:ALA:HB1	1:A:171:PRO:HG3	0.52	1.82	14	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:86:PHE:HE2	1:A:180:ALA:HB2	0.51	1.65	18	19
1:A:143:GLU:OE2	1:A:231:ILE:HG23	0.51	2.06	20	2
1:A:141:LEU:HA	1:A:144:ILE:CD1	0.51	2.35	6	13
1:A:84:LYS:HA	1:A:200:TYR:OH	0.51	2.05	20	4
1:A:203:LYS:NZ	1:A:225:GLN:OE1	0.51	2.41	13	3
1:A:115:LEU:HD22	1:A:224:PHE:CB	0.51	2.35	12	11
1:A:224:PHE:O	1:A:228:ILE:HB	0.51	2.05	3	9
1:A:229:GLU:O	1:A:233:ASN:HB2	0.51	2.05	17	18
1:A:86:PHE:CD2	1:A:183:LYS:HD3	0.51	2.40	4	18
1:A:119:TYR:HD1	1:A:144:ILE:HB	0.51	1.65	17	5
1:A:123:LYS:HB2	1:A:141:LEU:HD12	0.51	1.81	9	2
1:A:115:LEU:CA	1:A:118:VAL:HG22	0.51	2.34	13	16
1:A:120:SER:OG	1:A:123:LYS:NZ	0.51	2.32	16	5
1:A:113:ALA:HA	1:A:116:SER:CB	0.51	2.36	15	11
1:A:173:VAL:HG21	1:A:202:GLU:HG3	0.51	1.82	3	1
1:A:205:VAL:C	1:A:209:VAL:HG22	0.51	2.26	4	9
1:A:152:GLY:C	1:A:154:PRO:HD3	0.51	2.26	14	1
1:A:172:PHE:O	1:A:176:LEU:HB3	0.51	2.06	7	7
1:A:144:ILE:HG23	1:A:231:ILE:HD12	0.51	1.83	15	1
1:A:138:THR:N	1:A:139:PRO:CD	0.51	2.74	6	19
1:A:90:LYS:HA	1:A:90:LYS:CE	0.51	2.35	8	4
1:A:140:PHE:CE2	1:A:144:ILE:HD11	0.51	2.41	17	5
1:A:129:LEU:O	1:A:132:SER:HB3	0.51	2.06	10	2
1:A:172:PHE:O	1:A:176:LEU:CB	0.50	2.59	7	6
1:A:117:ALA:O	1:A:121:ASN:N	0.50	2.36	20	5
1:A:147:ALA:HA	1:A:150:ASN:ND2	0.50	2.21	8	18
1:A:115:LEU:CD1	1:A:213:PHE:CZ	0.50	2.94	17	1
1:A:118:VAL:O	1:A:122:ASN:HB2	0.50	2.06	12	13
1:A:212:LEU:O	1:A:215:LYS:NZ	0.50	2.38	6	3
1:A:114:ILE:HB	1:A:172:PHE:CZ	0.50	2.40	17	2
1:A:230:ASN:O	1:A:234:LYS:HB2	0.50	2.06	15	3
1:A:191:HIS:HA	1:A:194:GLN:CD	0.50	2.27	20	2
1:A:215:LYS:HD3	1:A:215:LYS:C	0.50	2.27	16	1
1:A:84:LYS:HG2	1:A:200:TYR:CZ	0.50	2.40	18	1
1:A:177:ILE:HG21	1:A:198:LYS:HD2	0.50	1.83	13	2
1:A:218:MET:HG3	1:A:219:PRO:HD2	0.50	1.84	7	1
1:A:187:MET:HB3	1:A:197:PHE:CZ	0.50	2.41	14	14
1:A:99:ASN:CB	1:A:106:TYR:CE1	0.50	2.95	14	11
1:A:96:ILE:HB	1:A:208:GLU:HG2	0.50	1.83	3	3
1:A:155:GLY:HA3	1:A:164:PRO:HA	0.50	1.82	9	2
1:A:225:GLN:O	1:A:229:GLU:N	0.50	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:114:ILE:HG23	1:A:115:LEU:N	0.50	2.22	18	12
1:A:136:SER:O	1:A:137:ILE:HG23	0.50	2.07	2	6
1:A:116:SER:OG	1:A:167:ALA:HA	0.50	2.07	5	5
1:A:127:CYS:HB2	1:A:137:ILE:HD13	0.50	1.84	16	3
1:A:115:LEU:CD2	1:A:224:PHE:HB3	0.50	2.37	9	4
1:A:147:ALA:HB1	1:A:224:PHE:CZ	0.50	2.41	13	1
1:A:155:GLY:CA	1:A:164:PRO:HA	0.50	2.37	9	2
1:A:86:PHE:O	1:A:90:LYS:HB2	0.49	2.08	11	7
1:A:110:THR:HG22	1:A:172:PHE:CE1	0.49	2.40	8	1
1:A:118:VAL:HA	1:A:121:ASN:HB2	0.49	1.84	18	3
1:A:123:LYS:O	1:A:127:CYS:HB3	0.49	2.07	1	10
1:A:145:GLY:O	1:A:149:GLN:N	0.49	2.45	2	12
1:A:113:ALA:O	1:A:117:ALA:HB2	0.49	2.07	3	2
1:A:174:VAL:O	1:A:178:ALA:N	0.49	2.44	2	6
1:A:89:GLN:OE1	1:A:89:GLN:HA	0.49	2.07	7	5
1:A:126:CYS:SG	1:A:235:TYR:HB2	0.49	2.47	8	5
1:A:234:LYS:HE3	1:A:234:LYS:N	0.49	2.22	15	1
1:A:151:ALA:CB	1:A:153:LEU:HD21	0.49	2.37	16	1
1:A:86:PHE:CE1	1:A:90:LYS:HG2	0.49	2.42	5	2
1:A:218:MET:HG2	1:A:219:PRO:HD2	0.49	1.82	5	1
1:A:119:TYR:CZ	1:A:164:PRO:CD	0.49	2.95	7	1
1:A:116:SER:CA	1:A:119:TYR:HB3	0.49	2.37	17	8
1:A:136:SER:OG	1:A:137:ILE:N	0.49	2.45	7	3
1:A:120:SER:CA	1:A:123:LYS:HG3	0.49	2.37	9	1
1:A:149:GLN:HA	1:A:149:GLN:NE2	0.49	2.22	15	2
1:A:114:ILE:HD12	1:A:114:ILE:O	0.49	2.07	19	8
1:A:116:SER:C	1:A:119:TYR:HB3	0.49	2.28	17	3
1:A:88:LEU:O	1:A:91:LEU:HB3	0.49	2.08	7	5
1:A:145:GLY:HA2	1:A:162:PHE:CG	0.49	2.43	11	1
1:A:124:ASP:O	1:A:128:LYS:NZ	0.49	2.37	18	1
1:A:169:ALA:O	1:A:170:ASN:HB3	0.49	2.08	1	3
1:A:97:LYS:CG	1:A:98:GLY:N	0.49	2.76	1	16
1:A:113:ALA:HA	1:A:116:SER:HB3	0.49	1.84	18	11
1:A:83:VAL:O	1:A:87:MET:CB	0.49	2.60	11	4
1:A:138:THR:HB	1:A:139:PRO:CD	0.49	2.38	5	8
1:A:202:GLU:HA	1:A:205:VAL:CG2	0.49	2.37	4	1
1:A:96:ILE:HG22	1:A:212:LEU:HD21	0.49	1.85	7	1
1:A:87:MET:HE1	1:A:177:ILE:HA	0.49	1.84	10	1
1:A:125:GLN:O	1:A:128:LYS:NZ	0.49	2.42	1	2
1:A:140:PHE:HD1	1:A:231:ILE:CG2	0.49	2.21	8	11
1:A:115:LEU:HD22	1:A:224:PHE:CG	0.49	2.43	5	7

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:156:GLU:CB	1:A:163:THR:HG22	0.49	2.38	3	1
1:A:129:LEU:HD12	1:A:133:LYS:CE	0.49	2.38	12	4
1:A:123:LYS:HG2	1:A:123:LYS:O	0.49	2.08	18	9
1:A:156:GLU:N	1:A:163:THR:O	0.49	2.45	9	2
1:A:129:LEU:CD2	1:A:236:LEU:CD1	0.48	2.86	10	7
1:A:112:GLU:HG2	1:A:153:LEU:HG	0.48	1.84	5	1
1:A:83:VAL:O	1:A:84:LYS:C	0.48	2.51	17	20
1:A:162:PHE:CG	1:A:163:THR:N	0.48	2.81	16	4
1:A:183:LYS:HG2	1:A:184:TYR:CE2	0.48	2.43	15	10
1:A:202:GLU:OE1	1:A:203:LYS:NZ	0.48	2.45	4	1
1:A:222:GLN:HA	1:A:225:GLN:HB3	0.48	1.83	15	2
1:A:96:ILE:HB	1:A:208:GLU:CG	0.48	2.38	3	3
1:A:129:LEU:HD12	1:A:133:LYS:HE2	0.48	1.85	8	1
1:A:173:VAL:HG12	1:A:201:ALA:HB1	0.48	1.84	8	1
1:A:201:ALA:HA	1:A:204:ILE:HG12	0.48	1.86	3	4
1:A:148:ALA:O	1:A:153:LEU:HG	0.48	2.08	9	4
1:A:147:ALA:O	1:A:151:ALA:CB	0.48	2.61	3	17
1:A:103:ASP:CB	1:A:106:TYR:HB3	0.48	2.39	6	10
1:A:122:ASN:ND2	1:A:228:ILE:CG2	0.48	2.76	14	2
1:A:91:LEU:CD2	1:A:207:LYS:HE3	0.48	2.38	6	2
1:A:91:LEU:CD1	1:A:205:VAL:HA	0.48	2.39	13	3
1:A:112:GLU:CB	1:A:153:LEU:HB3	0.48	2.38	9	1
1:A:114:ILE:CD1	1:A:209:VAL:HG11	0.48	2.37	6	3
1:A:91:LEU:HD11	1:A:205:VAL:CA	0.48	2.39	8	1
1:A:187:MET:O	1:A:193:GLN:HB3	0.48	2.08	17	1
1:A:177:ILE:HG13	1:A:198:LYS:CB	0.48	2.38	1	2
1:A:126:CYS:SG	1:A:235:TYR:CB	0.48	3.02	17	2
1:A:170:ASN:CG	1:A:173:VAL:HB	0.48	2.29	11	2
1:A:173:VAL:HG11	1:A:198:LYS:HB2	0.48	1.84	19	1
1:A:81:LYS:HE2	1:A:85:ASP:HA	0.48	1.85	12	3
1:A:86:PHE:CD2	1:A:184:TYR:HE2	0.48	2.26	15	11
1:A:212:LEU:N	1:A:212:LEU:CD2	0.48	2.76	9	5
1:A:193:GLN:HG2	1:A:197:PHE:CE2	0.48	2.43	13	1
1:A:106:TYR:CD1	1:A:106:TYR:C	0.47	2.86	19	1
1:A:130:LEU:HD22	1:A:135:VAL:CB	0.47	2.39	19	6
1:A:225:GLN:O	1:A:229:GLU:HB2	0.47	2.09	18	12
1:A:212:LEU:CD2	1:A:212:LEU:N	0.47	2.76	18	8
1:A:87:MET:HG3	1:A:176:LEU:HG	0.47	1.86	3	1
1:A:168:GLY:O	1:A:170:ASN:N	0.47	2.47	14	2
1:A:190:ASN:HB3	1:A:193:GLN:HB2	0.47	1.86	20	1
1:A:87:MET:SD	1:A:201:ALA:HB2	0.47	2.49	1	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:169:ALA:O	1:A:170:ASN:CB	0.47	2.62	9	4
1:A:148:ALA:HB1	1:A:164:PRO:HD3	0.47	1.85	3	2
1:A:193:GLN:HG2	1:A:197:PHE:CZ	0.47	2.45	6	1
1:A:191:HIS:CG	1:A:192:ASN:N	0.47	2.83	16	1
1:A:123:LYS:O	1:A:123:LYS:HG2	0.47	2.09	1	5
1:A:201:ALA:O	1:A:205:VAL:HG13	0.47	2.10	5	3
1:A:191:HIS:O	1:A:195:VAL:HB	0.47	2.10	7	3
1:A:82:THR:O	1:A:85:ASP:HB3	0.47	2.10	18	2
1:A:203:LYS:HD3	1:A:206:MET:SD	0.47	2.49	14	1
1:A:203:LYS:HE3	1:A:206:MET:SD	0.47	2.49	18	1
1:A:91:LEU:HD22	1:A:204:ILE:HD12	0.47	1.87	17	1
1:A:125:GLN:O	1:A:129:LEU:HD23	0.47	2.10	20	10
1:A:221:PRO:O	1:A:225:GLN:HB3	0.47	2.09	3	10
1:A:188:PHE:CZ	1:A:197:PHE:CD2	0.47	3.03	13	7
1:A:87:MET:SD	1:A:200:TYR:HE1	0.47	2.32	9	3
1:A:120:SER:O	1:A:123:LYS:CD	0.47	2.62	11	2
1:A:113:ALA:HB3	1:A:171:PRO:HG3	0.47	1.86	10	2
1:A:126:CYS:O	1:A:130:LEU:HG	0.47	2.10	7	4
1:A:91:LEU:HD13	1:A:204:ILE:CG1	0.47	2.39	11	3
1:A:116:SER:HB3	1:A:167:ALA:HB1	0.47	1.85	14	1
1:A:230:ASN:O	1:A:234:LYS:NZ	0.47	2.47	15	1
1:A:96:ILE:CG2	1:A:212:LEU:CD1	0.47	2.93	17	1
1:A:210:THR:N	1:A:211:PRO:CD	0.47	2.77	17	13
1:A:112:GLU:HG2	1:A:153:LEU:HB3	0.47	1.86	9	1
1:A:96:ILE:O	1:A:106:TYR:CE1	0.47	2.68	19	3
1:A:85:ASP:O	1:A:89:GLN:HG2	0.47	2.09	17	1
1:A:190:ASN:HB2	1:A:193:GLN:HG3	0.47	1.86	12	2
1:A:120:SER:CA	1:A:123:LYS:HD3	0.47	2.36	13	1
1:A:99:ASN:O	1:A:103:ASP:N	0.47	2.40	17	13
1:A:127:CYS:CA	1:A:130:LEU:HB2	0.47	2.39	8	7
1:A:122:ASN:OD1	1:A:144:ILE:HD12	0.47	2.10	14	1
1:A:99:ASN:O	1:A:103:ASP:HB2	0.46	2.10	15	14
1:A:200:TYR:O	1:A:204:ILE:HG12	0.46	2.10	9	2
1:A:173:VAL:O	1:A:177:ILE:HB	0.46	2.10	11	4
1:A:225:GLN:O	1:A:228:ILE:N	0.46	2.48	13	1
1:A:107:ALA:HA	1:A:110:THR:HG22	0.46	1.86	20	2
1:A:180:ALA:O	1:A:184:TYR:N	0.46	2.46	10	3
1:A:201:ALA:HA	1:A:204:ILE:CG1	0.46	2.40	3	1
1:A:122:ASN:HD21	1:A:228:ILE:HG23	0.46	1.69	15	3
1:A:99:ASN:CB	1:A:106:TYR:CZ	0.46	2.98	4	5
1:A:213:PHE:HD2	1:A:221:PRO:HD3	0.46	1.70	8	4

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:174:VAL:CB	1:A:175:PRO:HD3	0.46	2.40	8	4
1:A:127:CYS:SG	1:A:131:ILE:HD13	0.46	2.50	8	1
1:A:136:SER:O	1:A:139:PRO:HD2	0.46	2.10	11	2
1:A:119:TYR:C	1:A:119:TYR:CD1	0.46	2.87	14	2
1:A:111:CYS:SG	1:A:218:MET:SD	0.46	3.08	14	1
1:A:96:ILE:HG12	1:A:110:THR:CG2	0.46	2.40	14	1
1:A:106:TYR:O	1:A:109:GLN:HG3	0.46	2.10	16	1
1:A:169:ALA:HB1	1:A:174:VAL:CG2	0.46	2.40	6	1
1:A:200:TYR:C	1:A:200:TYR:CD1	0.46	2.89	7	2
1:A:209:VAL:HA	1:A:212:LEU:CG	0.46	2.41	17	2
1:A:116:SER:O	1:A:119:TYR:HB3	0.46	2.11	5	8
1:A:124:ASP:OD2	1:A:198:LYS:NZ	0.46	2.48	20	2
1:A:207:LYS:HA	1:A:210:THR:HG23	0.46	1.86	14	1
1:A:108:ARG:O	1:A:112:GLU:HB2	0.46	2.10	17	1
1:A:233:ASN:O	1:A:236:LEU:HB3	0.46	2.10	5	12
1:A:200:TYR:CE2	1:A:204:ILE:HD13	0.46	2.45	5	2
1:A:117:ALA:HB1	1:A:170:ASN:OD1	0.46	2.11	7	1
1:A:115:LEU:HB3	1:A:224:PHE:CD2	0.46	2.46	4	4
1:A:81:LYS:HG2	1:A:85:ASP:HB2	0.46	1.87	9	4
1:A:162:PHE:O	1:A:164:PRO:HD3	0.46	2.10	11	1
1:A:96:ILE:HD11	1:A:172:PHE:CB	0.46	2.41	3	2
1:A:107:ALA:O	1:A:111:CYS:CB	0.46	2.63	10	5
1:A:144:ILE:HG22	1:A:228:ILE:CD1	0.46	2.39	5	1
1:A:126:CYS:HB3	1:A:140:PHE:CE2	0.46	2.46	6	1
1:A:129:LEU:HD12	1:A:133:LYS:HE3	0.46	1.87	18	3
1:A:114:ILE:CG2	1:A:213:PHE:HZ	0.46	2.24	1	5
1:A:179:SER:O	1:A:183:LYS:HB3	0.46	2.11	12	16
1:A:114:ILE:HD12	1:A:114:ILE:C	0.46	2.31	19	5
1:A:99:ASN:HB2	1:A:106:TYR:CD1	0.46	2.45	17	1
1:A:90:LYS:NZ	1:A:93:SER:OG	0.45	2.37	5	2
1:A:90:LYS:O	1:A:94:LEU:HB3	0.45	2.11	19	4
1:A:223:GLN:CG	1:A:224:PHE:N	0.45	2.79	20	9
1:A:234:LYS:HE2	1:A:235:TYR:CE1	0.45	2.45	7	2
1:A:215:LYS:HA	1:A:215:LYS:HE3	0.45	1.87	9	1
1:A:152:GLY:O	1:A:154:PRO:HD3	0.45	2.11	16	1
1:A:127:CYS:SG	1:A:137:ILE:HD13	0.45	2.51	1	4
1:A:86:PHE:HE2	1:A:180:ALA:CB	0.45	2.24	13	14
1:A:137:ILE:HG13	1:A:137:ILE:O	0.45	2.12	14	4
1:A:195:VAL:O	1:A:198:LYS:HB2	0.45	2.12	11	5
1:A:106:TYR:HA	1:A:109:GLN:CG	0.45	2.41	16	1
1:A:86:PHE:CD2	1:A:184:TYR:CE2	0.45	3.04	14	4

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:112:GLU:CG	1:A:153:LEU:HB3	0.45	2.41	14	2
1:A:91:LEU:HG	1:A:92:ASN:N	0.45	2.25	2	1
1:A:191:HIS:HA	1:A:194:GLN:HG2	0.45	1.89	11	2
1:A:92:ASN:OD1	1:A:207:LYS:NZ	0.45	2.48	2	1
1:A:148:ALA:CB	1:A:164:PRO:HD3	0.45	2.41	3	1
1:A:201:ALA:HA	1:A:204:ILE:CD1	0.45	2.42	3	1
1:A:180:ALA:HA	1:A:183:LYS:HB3	0.45	1.87	9	4
1:A:196:SER:O	1:A:199:ALA:HB3	0.45	2.11	19	2
1:A:109:GLN:O	1:A:113:ALA:N	0.45	2.42	5	1
1:A:136:SER:O	1:A:137:ILE:HG12	0.45	2.11	5	3
1:A:210:THR:OG1	1:A:211:PRO:CD	0.45	2.65	14	1
1:A:122:ASN:HD22	1:A:228:ILE:CG2	0.45	2.25	14	1
1:A:143:GLU:HB3	1:A:231:ILE:CG2	0.45	2.42	15	1
1:A:145:GLY:HA2	1:A:148:ALA:CB	0.45	2.41	9	2
1:A:198:LYS:HA	1:A:201:ALA:CB	0.45	2.42	19	1
1:A:113:ALA:CB	1:A:171:PRO:HG3	0.45	2.42	10	1
1:A:206:MET:HG3	1:A:221:PRO:HG2	0.45	1.88	10	4
1:A:194:GLN:O	1:A:198:LYS:NZ	0.45	2.49	13	2
1:A:97:LYS:HB3	1:A:212:LEU:CD2	0.45	2.42	17	1
1:A:138:THR:HB	1:A:139:PRO:HD3	0.45	1.88	5	3
1:A:102:LYS:NZ	1:A:103:ASP:OD2	0.44	2.43	2	1
1:A:145:GLY:O	1:A:162:PHE:CD1	0.44	2.70	2	5
1:A:120:SER:CA	1:A:123:LYS:HD2	0.44	2.42	11	2
1:A:226:LEU:O	1:A:230:ASN:HB2	0.44	2.12	6	8
1:A:204:ILE:O	1:A:207:LYS:HG2	0.44	2.12	7	5
1:A:130:LEU:HD23	1:A:133:LYS:HD2	0.44	1.89	5	1
1:A:123:LYS:O	1:A:127:CYS:HB2	0.44	2.12	20	4
1:A:142:LYS:O	1:A:142:LYS:HE3	0.44	2.11	17	1
1:A:221:PRO:O	1:A:225:GLN:N	0.44	2.42	5	3
1:A:112:GLU:CG	1:A:153:LEU:HG	0.44	2.42	5	2
1:A:173:VAL:HG21	1:A:202:GLU:HA	0.44	1.89	7	1
1:A:173:VAL:HG21	1:A:202:GLU:CA	0.44	2.42	7	1
1:A:202:GLU:OE2	1:A:203:LYS:NZ	0.44	2.43	19	1
1:A:145:GLY:CA	1:A:162:PHE:CE1	0.44	3.01	4	1
1:A:173:VAL:O	1:A:174:VAL:C	0.44	2.54	8	1
1:A:119:TYR:CD1	1:A:119:TYR:C	0.44	2.90	17	1
1:A:178:ALA:O	1:A:182:ILE:HB	0.44	2.13	10	3
1:A:125:GLN:CG	1:A:126:CYS:N	0.44	2.80	12	1
1:A:122:ASN:OD1	1:A:144:ILE:HG21	0.44	2.13	13	1
1:A:96:ILE:CD1	1:A:208:GLU:HB3	0.44	2.39	10	2
1:A:110:THR:OG1	1:A:172:PHE:CE1	0.44	2.69	20	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:100:ALA:O	1:A:215:LYS:NZ	0.44	2.40	17	1
1:A:87:MET:SD	1:A:200:TYR:CZ	0.44	3.10	6	2
1:A:129:LEU:HD11	1:A:236:LEU:CA	0.44	2.35	18	1
1:A:171:PRO:HG2	1:A:172:PHE:CZ	0.44	2.48	1	2
1:A:188:PHE:CD2	1:A:194:GLN:HB2	0.44	2.48	14	3
1:A:89:GLN:HA	1:A:89:GLN:OE1	0.44	2.12	9	2
1:A:123:LYS:CG	1:A:137:ILE:HD11	0.44	2.43	7	2
1:A:130:LEU:HD13	1:A:136:SER:O	0.44	2.13	7	2
1:A:87:MET:SD	1:A:204:ILE:HD13	0.44	2.53	12	1
1:A:136:SER:O	1:A:139:PRO:HG2	0.44	2.13	20	2
1:A:154:PRO:HA	1:A:162:PHE:CZ	0.44	2.48	14	1
1:A:114:ILE:O	1:A:114:ILE:HD12	0.44	2.13	1	5
1:A:200:TYR:CD1	1:A:200:TYR:C	0.44	2.90	1	1
1:A:85:ASP:O	1:A:89:GLN:HG3	0.44	2.13	1	2
1:A:148:ALA:HB3	1:A:162:PHE:HE1	0.44	1.71	5	1
1:A:151:ALA:CB	1:A:219:PRO:HG3	0.44	2.42	7	1
1:A:84:LYS:CD	1:A:200:TYR:CD1	0.44	3.01	18	1
1:A:186:HIS:O	1:A:189:ILE:HD12	0.44	2.12	20	3
1:A:177:ILE:HG13	1:A:198:LYS:HG3	0.44	1.88	15	2
1:A:107:ALA:HA	1:A:111:CYS:SG	0.44	2.53	17	1
1:A:112:GLU:O	1:A:116:SER:CB	0.43	2.66	3	1
1:A:100:ALA:HA	1:A:107:ALA:HB2	0.43	1.90	8	3
1:A:120:SER:O	1:A:123:LYS:NZ	0.43	2.49	20	2
1:A:172:PHE:HB3	1:A:205:VAL:HG11	0.43	1.90	10	1
1:A:131:ILE:HD13	1:A:131:ILE:O	0.43	2.13	7	1
1:A:177:ILE:HD11	1:A:197:PHE:HB3	0.43	1.88	11	1
1:A:86:PHE:CE1	1:A:90:LYS:HE3	0.43	2.48	12	1
1:A:81:LYS:CG	1:A:84:LYS:HG3	0.43	2.43	18	1
1:A:94:LEU:HD21	1:A:96:ILE:CG1	0.43	2.44	17	1
1:A:219:PRO:HA	1:A:223:GLN:OE1	0.43	2.13	3	1
1:A:87:MET:SD	1:A:87:MET:O	0.43	2.76	12	1
1:A:122:ASN:OD1	1:A:140:PHE:CZ	0.43	2.71	14	1
1:A:172:PHE:O	1:A:175:PRO:HD2	0.43	2.13	17	1
1:A:96:ILE:HG21	1:A:212:LEU:HD11	0.43	1.89	17	1
1:A:119:TYR:CE2	1:A:164:PRO:HG3	0.43	2.49	11	1
1:A:114:ILE:HG12	1:A:209:VAL:CG2	0.43	2.44	18	1
1:A:95:ASP:OD2	1:A:98:GLY:HA3	0.43	2.12	17	1
1:A:81:LYS:O	1:A:81:LYS:CG	0.43	2.66	4	2
1:A:183:LYS:CD	1:A:184:TYR:CE2	0.43	3.01	5	3
1:A:97:LYS:NZ	1:A:208:GLU:OE2	0.43	2.46	8	2
1:A:168:GLY:O	1:A:169:ALA:HB3	0.43	2.14	11	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:207:LYS:CA	1:A:210:THR:HG23	0.43	2.43	14	1
1:A:121:ASN:HA	1:A:124:ASP:HB3	0.43	1.90	20	2
1:A:87:MET:CE	1:A:180:ALA:HB2	0.43	2.43	7	1
1:A:122:ASN:O	1:A:126:CYS:N	0.43	2.40	13	2
1:A:188:PHE:CD1	1:A:188:PHE:N	0.43	2.87	17	2
1:A:122:ASN:HB3	1:A:140:PHE:HZ	0.43	1.73	18	3
1:A:87:MET:HG2	1:A:204:ILE:CD1	0.43	2.44	16	2
1:A:114:ILE:HG23	1:A:115:LEU:HG	0.43	1.91	7	1
1:A:104:PRO:O	1:A:108:ARG:CG	0.43	2.67	15	2
1:A:149:GLN:NE2	1:A:149:GLN:HA	0.43	2.29	18	1
1:A:137:ILE:O	1:A:137:ILE:HG13	0.43	2.12	13	3
1:A:81:LYS:CG	1:A:84:LYS:HB3	0.43	2.44	11	1
1:A:139:PRO:HB2	1:A:235:TYR:OH	0.43	2.13	17	1
1:A:114:ILE:CG1	1:A:213:PHE:HZ	0.43	2.27	1	1
1:A:174:VAL:CB	1:A:175:PRO:CD	0.43	2.97	8	7
1:A:94:LEU:O	1:A:99:ASN:ND2	0.43	2.51	10	1
1:A:202:GLU:O	1:A:205:VAL:CG2	0.43	2.67	12	1
1:A:145:GLY:HA3	1:A:162:PHE:HD1	0.43	1.70	13	1
1:A:188:PHE:N	1:A:188:PHE:CD1	0.42	2.87	1	2
1:A:204:ILE:O	1:A:207:LYS:CG	0.42	2.67	2	1
1:A:87:MET:CE	1:A:180:ALA:CB	0.42	2.97	3	1
1:A:170:ASN:O	1:A:174:VAL:HG23	0.42	2.14	19	3
1:A:96:ILE:O	1:A:106:TYR:HE1	0.42	1.97	12	7
1:A:119:TYR:CD2	1:A:164:PRO:HG2	0.42	2.49	6	1
1:A:83:VAL:HA	1:A:184:TYR:CE2	0.42	2.49	6	1
1:A:209:VAL:C	1:A:211:PRO:HD2	0.42	2.34	13	4
1:A:90:LYS:HE3	1:A:176:LEU:CD2	0.42	2.45	2	1
1:A:130:LEU:HD13	1:A:137:ILE:HG22	0.42	1.90	5	1
1:A:116:SER:HB2	1:A:167:ALA:HB2	0.42	1.90	5	1
1:A:234:LYS:HE3	1:A:234:LYS:CA	0.42	2.44	15	1
1:A:140:PHE:CD2	1:A:144:ILE:HD11	0.42	2.49	17	1
1:A:110:THR:HA	1:A:172:PHE:CZ	0.42	2.50	1	2
1:A:183:LYS:O	1:A:185:PRO:CD	0.42	2.67	1	1
1:A:140:PHE:CE2	1:A:144:ILE:HD12	0.42	2.44	6	1
1:A:145:GLY:O	1:A:162:PHE:CZ	0.42	2.72	7	2
1:A:162:PHE:C	1:A:162:PHE:HD1	0.42	2.18	7	1
1:A:94:LEU:HD23	1:A:96:ILE:CD1	0.42	2.44	8	1
1:A:119:TYR:HA	1:A:122:ASN:HD21	0.42	1.74	13	1
1:A:112:GLU:HB3	1:A:153:LEU:HD23	0.42	1.90	15	1
1:A:180:ALA:HB1	1:A:188:PHE:CE1	0.42	2.49	18	1
1:A:122:ASN:HB3	1:A:140:PHE:CZ	0.42	2.50	18	4

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:81:LYS:CE	1:A:88:LEU:HD13	0.42	2.45	9	3
1:A:143:GLU:O	1:A:146:GLU:CB	0.42	2.67	13	2
1:A:119:TYR:CD2	1:A:164:PRO:CG	0.42	3.02	3	1
1:A:94:LEU:HD21	1:A:96:ILE:HG13	0.42	1.91	3	2
1:A:153:LEU:HD22	1:A:164:PRO:HB2	0.42	1.91	5	1
1:A:162:PHE:HD1	1:A:163:THR:N	0.42	2.13	7	1
1:A:190:ASN:HB2	1:A:193:GLN:CB	0.42	2.44	13	1
1:A:153:LEU:N	1:A:154:PRO:HD3	0.42	2.29	19	1
1:A:169:ALA:HB1	1:A:174:VAL:HG21	0.42	1.91	6	1
1:A:197:PHE:O	1:A:200:TYR:CD2	0.42	2.73	12	1
1:A:206:MET:O	1:A:210:THR:OG1	0.42	2.36	20	1
1:A:127:CYS:CB	1:A:137:ILE:HG21	0.42	2.45	19	2
1:A:183:LYS:CG	1:A:184:TYR:CE2	0.42	3.03	15	2
1:A:206:MET:CA	1:A:209:VAL:CG2	0.42	2.96	16	3
1:A:87:MET:CE	1:A:204:ILE:HD13	0.42	2.45	6	1
1:A:170:ASN:HB3	1:A:173:VAL:HG22	0.42	1.90	8	1
1:A:198:LYS:HD2	1:A:199:ALA:N	0.42	2.30	17	1
1:A:100:ALA:CA	1:A:107:ALA:HB2	0.42	2.45	10	3
1:A:147:ALA:HB1	1:A:224:PHE:HE1	0.42	1.69	18	1
1:A:197:PHE:HD1	1:A:200:TYR:CE2	0.42	2.33	19	2
1:A:130:LEU:HD23	1:A:133:LYS:HE3	0.42	1.91	4	1
1:A:177:ILE:CG2	1:A:198:LYS:HD2	0.42	2.45	13	1
1:A:106:TYR:O	1:A:110:THR:HG22	0.42	2.14	20	1
1:A:170:ASN:CB	1:A:173:VAL:HB	0.42	2.43	17	1
1:A:169:ALA:O	1:A:170:ASN:HB2	0.42	2.15	2	1
1:A:137:ILE:C	1:A:139:PRO:HD2	0.42	2.34	6	1
1:A:219:PRO:HB2	1:A:224:PHE:HB2	0.42	1.92	8	1
1:A:86:PHE:CE2	1:A:180:ALA:HB2	0.42	2.50	13	1
1:A:124:ASP:OD1	1:A:128:LYS:NZ	0.42	2.49	15	1
1:A:81:LYS:HA	1:A:84:LYS:CB	0.41	2.45	13	1
1:A:201:ALA:CA	1:A:204:ILE:HG12	0.41	2.45	3	2
1:A:114:ILE:O	1:A:118:VAL:HG13	0.41	2.15	7	1
1:A:155:GLY:HA2	1:A:165:GLY:N	0.41	2.31	9	1
1:A:117:ALA:HA	1:A:169:ALA:O	0.41	2.15	11	1
1:A:114:ILE:HD12	1:A:209:VAL:HG21	0.41	1.92	17	1
1:A:112:GLU:CB	1:A:153:LEU:HG	0.41	2.45	2	1
1:A:173:VAL:HA	1:A:176:LEU:HD12	0.41	1.92	2	1
1:A:91:LEU:O	1:A:94:LEU:HB3	0.41	2.15	2	1
1:A:205:VAL:O	1:A:209:VAL:N	0.41	2.35	4	2
1:A:117:ALA:HB1	1:A:202:GLU:OE1	0.41	2.16	5	1
1:A:87:MET:HG3	1:A:176:LEU:CD1	0.41	2.44	7	1

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:88:LEU:HD12	1:A:200:TYR:HE2	0.41	1.74	9	2
1:A:122:ASN:OD1	1:A:228:ILE:C	0.41	2.58	10	1
1:A:198:LYS:O	1:A:202:GLU:HG3	0.41	2.16	18	1
1:A:99:ASN:HB3	1:A:106:TYR:CG	0.41	2.50	18	1
1:A:149:GLN:CA	1:A:149:GLN:NE2	0.41	2.83	15	1
1:A:130:LEU:HD23	1:A:130:LEU:HA	0.41	1.63	18	1
1:A:119:TYR:CD2	1:A:120:SER:N	0.41	2.88	1	1
1:A:203:LYS:O	1:A:206:MET:HB3	0.41	2.16	8	1
1:A:118:VAL:HG23	1:A:228:ILE:HD13	0.41	1.88	9	1
1:A:106:TYR:HH	1:A:172:PHE:HE1	0.41	1.56	10	1
1:A:129:LEU:O	1:A:133:LYS:NZ	0.41	2.42	11	1
1:A:203:LYS:CE	1:A:206:MET:SD	0.41	3.08	18	1
1:A:233:ASN:O	1:A:237:GLN:HG3	0.41	2.14	20	1
1:A:91:LEU:HG	1:A:208:GLU:HG3	0.41	1.92	5	1
1:A:127:CYS:CB	1:A:137:ILE:HD12	0.41	2.36	7	1
1:A:110:THR:OG1	1:A:171:PRO:HB2	0.41	2.16	7	1
1:A:145:GLY:C	1:A:148:ALA:HB3	0.41	2.36	9	2
1:A:174:VAL:HB	1:A:175:PRO:CD	0.41	2.45	8	2
1:A:177:ILE:CG1	1:A:198:LYS:HD2	0.41	2.45	8	1
1:A:144:ILE:O	1:A:148:ALA:CB	0.41	2.69	11	1
1:A:91:LEU:HD11	1:A:208:GLU:HB2	0.41	1.91	14	2
1:A:118:VAL:HG23	1:A:119:TYR:N	0.41	2.30	13	1
1:A:112:GLU:HB3	1:A:153:LEU:HG	0.41	1.91	2	1
1:A:210:THR:HA	1:A:213:PHE:CD2	0.41	2.50	3	1
1:A:203:LYS:HB2	1:A:203:LYS:HE2	0.41	1.75	4	1
1:A:96:ILE:HG22	1:A:212:LEU:CD2	0.41	2.46	17	1
1:A:100:ALA:N	1:A:106:TYR:CD1	0.41	2.89	3	1
1:A:206:MET:O	1:A:221:PRO:HG3	0.41	2.15	10	2
1:A:121:ASN:O	1:A:124:ASP:HB3	0.41	2.16	14	1
1:A:190:ASN:HB3	1:A:192:ASN:OD1	0.41	2.16	18	1
1:A:171:PRO:HG2	1:A:172:PHE:CE2	0.41	2.50	6	2
1:A:190:ASN:HB2	1:A:193:GLN:NE2	0.41	2.30	6	1
1:A:215:LYS:O	1:A:215:LYS:CG	0.41	2.69	16	1
1:A:89:GLN:O	1:A:93:SER:HB3	0.41	2.16	19	1
1:A:149:GLN:NE2	1:A:149:GLN:O	0.41	2.53	4	1
1:A:83:VAL:HG22	1:A:184:TYR:CB	0.41	2.46	6	1
1:A:203:LYS:HA	1:A:203:LYS:HE3	0.41	1.92	9	1
1:A:190:ASN:CB	1:A:193:GLN:HG3	0.41	2.46	14	1
1:A:143:GLU:OE2	1:A:234:LYS:NZ	0.40	2.45	2	1
1:A:94:LEU:CD2	1:A:172:PHE:HB3	0.40	2.37	2	1
1:A:118:VAL:CG2	1:A:119:TYR:N	0.40	2.84	13	2

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:143:GLU:CB	1:A:231:ILE:HD13	0.40	2.43	14	1
1:A:155:GLY:HA3	1:A:163:THR:O	0.40	2.16	15	1
1:A:207:LYS:HE2	1:A:207:LYS:C	0.40	2.36	16	1
1:A:109:GLN:NE2	1:A:109:GLN:HA	0.40	2.31	19	1
1:A:147:ALA:O	1:A:151:ALA:N	0.40	2.50	19	1
1:A:163:THR:HG23	1:A:164:PRO:CD	0.40	2.45	3	1
1:A:86:PHE:CD1	1:A:183:LYS:CD	0.40	3.05	12	1
1:A:87:MET:CE	1:A:176:LEU:HD21	0.40	2.46	19	1
1:A:96:ILE:HA	1:A:106:TYR:OH	0.40	2.16	7	1
1:A:86:PHE:CE1	1:A:90:LYS:CE	0.40	3.04	12	1
1:A:225:GLN:HG2	1:A:229:GLU:CD	0.40	2.36	14	1
1:A:209:VAL:O	1:A:210:THR:C	0.40	2.59	16	1
1:A:99:ASN:HB3	1:A:106:TYR:CD2	0.40	2.52	18	1
1:A:177:ILE:HG13	1:A:198:LYS:HD2	0.40	1.93	8	1
1:A:94:LEU:HD23	1:A:96:ILE:HD12	0.40	1.92	8	1
1:A:177:ILE:HG21	1:A:198:LYS:CD	0.40	2.45	13	1
1:A:122:ASN:O	1:A:126:CYS:SG	0.40	2.79	15	1
1:A:147:ALA:HA	1:A:150:ASN:HD22	0.40	1.76	3	1
1:A:215:LYS:O	1:A:215:LYS:HE2	0.40	2.16	5	1
1:A:208:GLU:O	1:A:211:PRO:CD	0.40	2.69	14	1

## 5.2 Torsion angles [i](#)

### 5.2.1 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	152/168 (90%)	139±2 (91±1%)	10±2 (7±1%)	3±1 (2±1%)	11	52
All	All	3040/3360 (90%)	2780 (91%)	198 (7%)	62 (2%)	11	52

All 9 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	135	VAL	17
1	A	237	GLN	16

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	137	ILE	12
1	A	170	ASN	7
1	A	155	GLY	5
1	A	165	GLY	2
1	A	169	ALA	1
1	A	216	GLY	1
1	A	215	LYS	1

## 5.2.2 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	128/140 (91%)	80±3 (63±2%)	48±3 (37±2%)	<b>1</b> <b>7</b>
All	All	2560/2800 (91%)	1605 (63%)	955 (37%)	<b>1</b> <b>7</b>

All 87 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	220	THR	20
1	A	125	GLN	20
1	A	207	LYS	20
1	A	183	LYS	20
1	A	191	HIS	20
1	A	88	LEU	20
1	A	144	ILE	20
1	A	129	LEU	20
1	A	86	PHE	20
1	A	123	LYS	20
1	A	142	LYS	20
1	A	94	LEU	20
1	A	156	GLU	20
1	A	150	ASN	20
1	A	182	ILE	20
1	A	230	ASN	20
1	A	114	ILE	20
1	A	212	LEU	19

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	215	LYS	19
1	A	112	GLU	19
1	A	90	LYS	19
1	A	96	ILE	18
1	A	135	VAL	18
1	A	122	ASN	18
1	A	176	LEU	18
1	A	116	SER	18
1	A	141	LEU	17
1	A	194	GLN	17
1	A	198	LYS	17
1	A	225	GLN	17
1	A	237	GLN	16
1	A	162	PHE	16
1	A	84	LYS	15
1	A	223	GLN	15
1	A	128	LYS	14
1	A	226	LEU	14
1	A	195	VAL	13
1	A	137	ILE	13
1	A	153	LEU	13
1	A	218	MET	12
1	A	172	PHE	12
1	A	214	ASN	11
1	A	206	MET	11
1	A	93	SER	11
1	A	101	SER	10
1	A	132	SER	10
1	A	203	LYS	9
1	A	108	ARG	9
1	A	143	GLU	9
1	A	136	SER	9
1	A	210	THR	7
1	A	163	THR	7
1	A	228	ILE	7
1	A	189	ILE	7
1	A	110	THR	7
1	A	234	LYS	6
1	A	111	CYS	6
1	A	87	MET	6
1	A	170	ASN	6
1	A	193	GLN	5

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	187	MET	5
1	A	200	TYR	5
1	A	235	TYR	5
1	A	121	ASN	5
1	A	102	LYS	5
1	A	202	GLU	4
1	A	91	LEU	4
1	A	81	LYS	4
1	A	208	GLU	4
1	A	196	SER	3
1	A	227	THR	3
1	A	197	PHE	3
1	A	119	TYR	3
1	A	109	GLN	3
1	A	131	ILE	2
1	A	89	GLN	2
1	A	97	LYS	2
1	A	124	ASP	2
1	A	204	ILE	2
1	A	192	ASN	2
1	A	85	ASP	1
1	A	190	ASN	1
1	A	133	LYS	1
1	A	222	GLN	1
1	A	99	ASN	1
1	A	138	THR	1
1	A	173	VAL	1

### 5.2.3 RNA [i](#)

There are no RNA molecules in this entry.

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

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

### 5.4 Carbohydrates [i](#)

There are no carbohydrates in this entry.

## 5.5 Ligand geometry [i](#)

There are no ligands in this entry.

## 5.6 Other polymers [i](#)

There are no such molecules in this entry.

## 5.7 Polymer linkage issues [i](#)

There are no chain breaks in this entry.

## 6 Chemical shift validation

No chemical shift data were provided