



Full wwPDB NMR Structure Validation Report ⓘ

Mar 23, 2026 – 01:23 PM UTC

PDB ID : 1DDB / pdb_00001ddb
Title : STRUCTURE OF MOUSE BID, NMR, 20 STRUCTURES
Authors : McDonnell, J.M.; Fushman, D.; Milliman, C.; Korsmeyer, S.J.; Cowburn, D.
Deposited on : 1999-02-19

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 types of validation reports are described at

<http://www.wwpdb.org/validation/2017/FAQs#types>.

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

MolProbity	:	4-5-2 with Phenix2.0
Percentile statistics	:	20250101.v01 (using entries in the PDB archive January 1st 2025)
wwPDB-RCI	:	v_1n_11_5_13_A (Berjanski et al., 2005)
PANAV	:	Wang et al. (2010)
wwPDB-ShiftChecker	:	v1.2
Ideal geometry (proteins)	:	Engh & Huber (2001)
Ideal geometry (DNA, RNA)	:	Parkinson et al. (1996)
Validation Pipeline (wwPDB-VP)	:	2.49

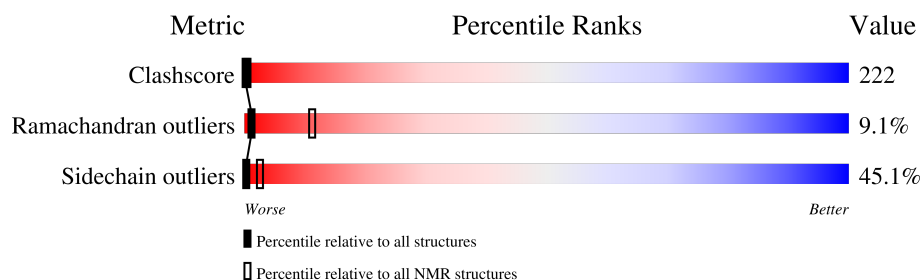
1 Overall quality at a glance

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	229148	14424
Ramachandran outliers	224038	12848
Sidechain outliers	223484	12823

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	195	

2 Ensemble composition and analysis

This entry contains 20 models. Model 14 is the overall representative, medoid model (most similar to other models).

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

Well-defined (core) protein residues			
Well-defined core	Residue range (total)	Backbone RMSD (Å)	Medoid model
1	A:16-A:40, A:82-A:114, A:124-A:185 (120)	0.96	14

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 3 clusters. No single-model clusters were found.

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

3 Entry composition

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 2991 atoms, of which 1455 are hydrogens and 0 are deuteriums.

- Molecule 1 is a protein called PROTEIN (BID).

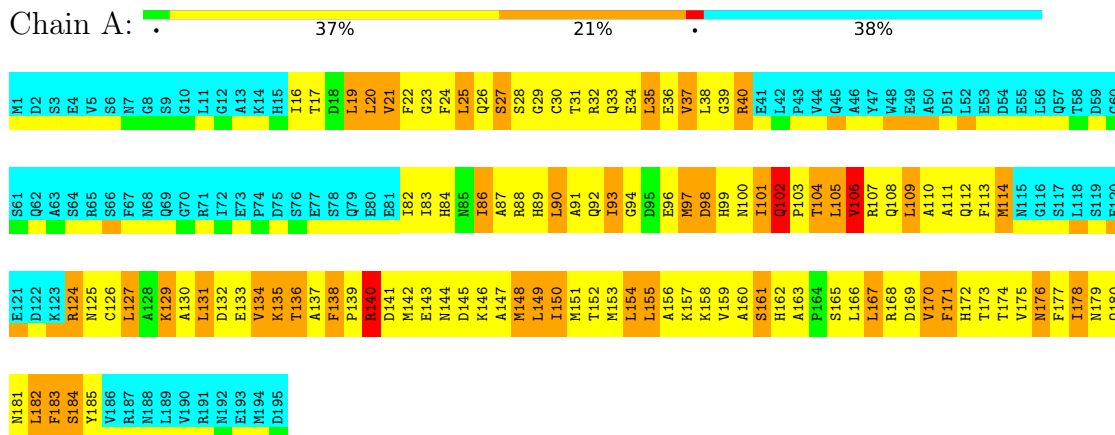
Mol	Chain	Residues	Atoms						Trace
1	A	195	Total	C	H	N	O	S	0
			2991	948	1455	272	306	10	

4 Residue-property plots

4.1 Average score per residue in the NMR ensemble

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

- Molecule 1: PROTEIN (BID)

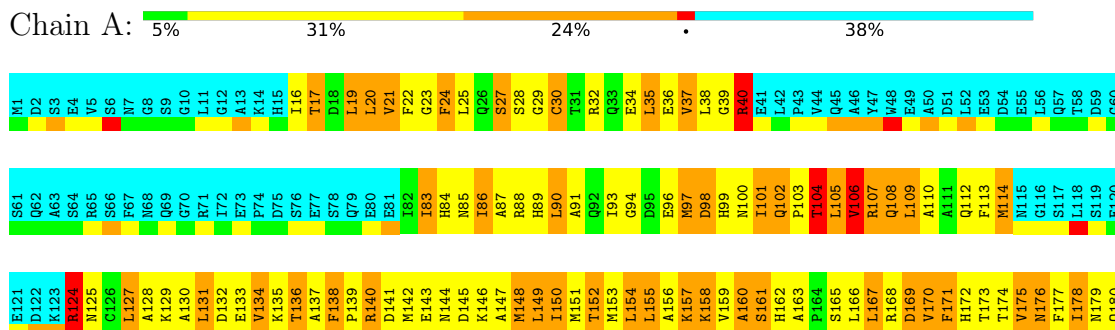


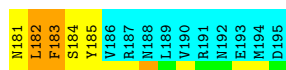
4.2 Scores per residue for each member of the ensemble

Colouring as in section 4.1 above.

4.2.1 Score per residue for model 1

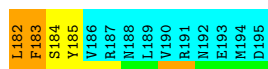
- Molecule 1: PROTEIN (BID)





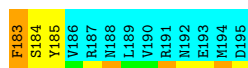
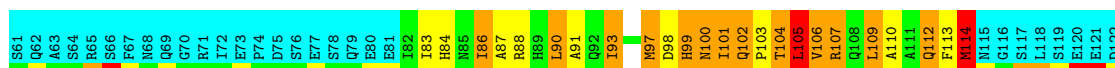
4.2.2 Score per residue for model 2

- Molecule 1: PROTEIN (BID)



4.2.3 Score per residue for model 3

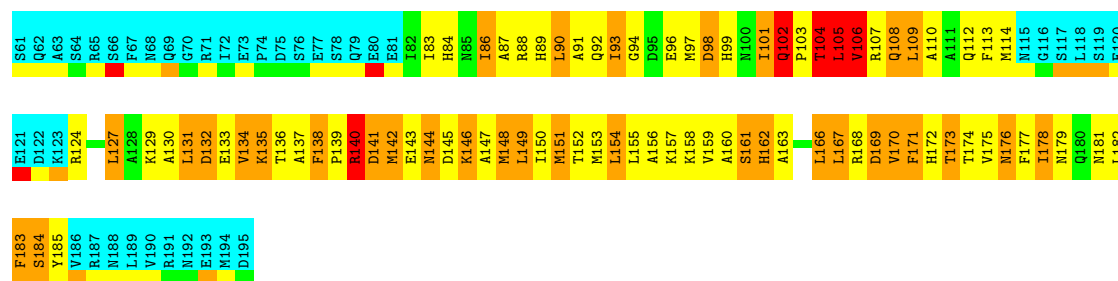
- Molecule 1: PROTEIN (BID)



4.2.4 Score per residue for model 4

- Molecule 1: PROTEIN (BID)

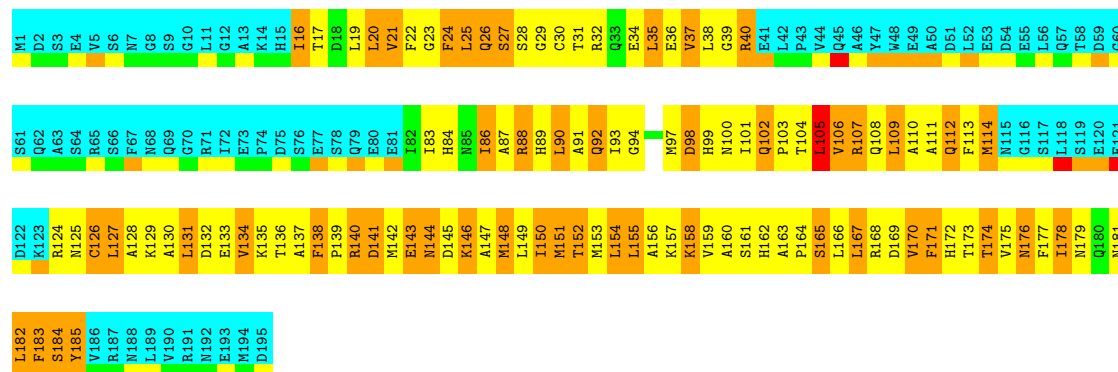




4.2.5 Score per residue for model 5

- Molecule 1: PROTEIN (BID)

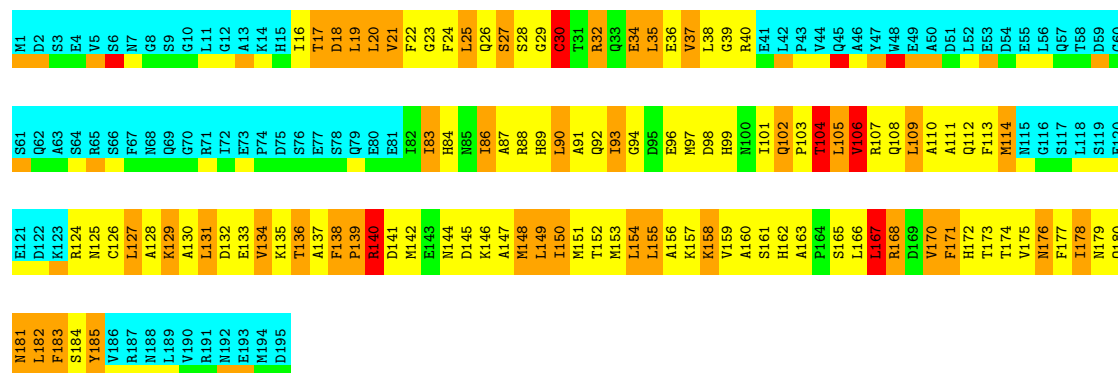
Chain A: 32% 25% 38%



4.2.6 Score per residue for model 6

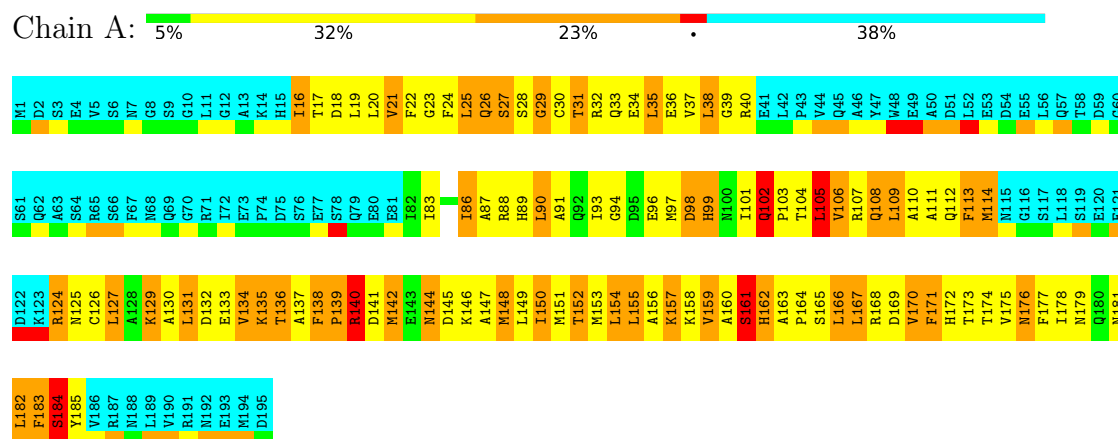
- Molecule 1: PROTEIN (BID)

Chain A: 5% 33% 21% 38%



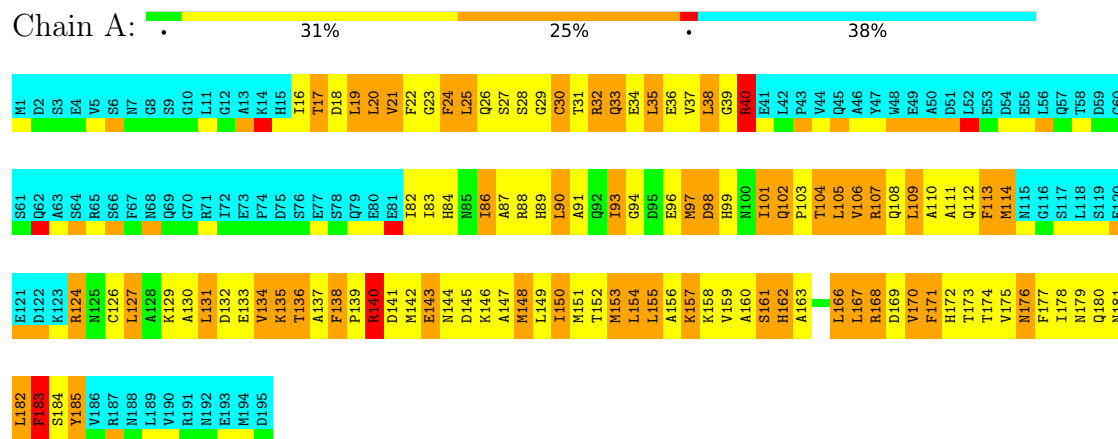
4.2.7 Score per residue for model 7

• Molecule 1: PROTEIN (BID)



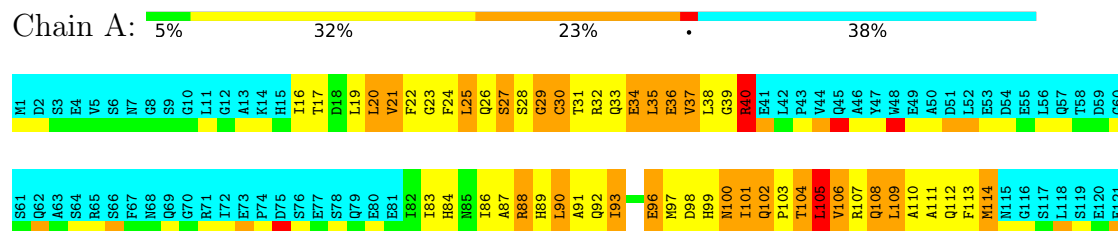
4.2.8 Score per residue for model 8

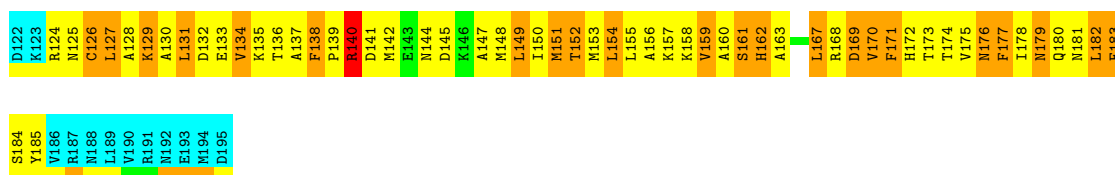
• Molecule 1: PROTEIN (BID)



4.2.9 Score per residue for model 9

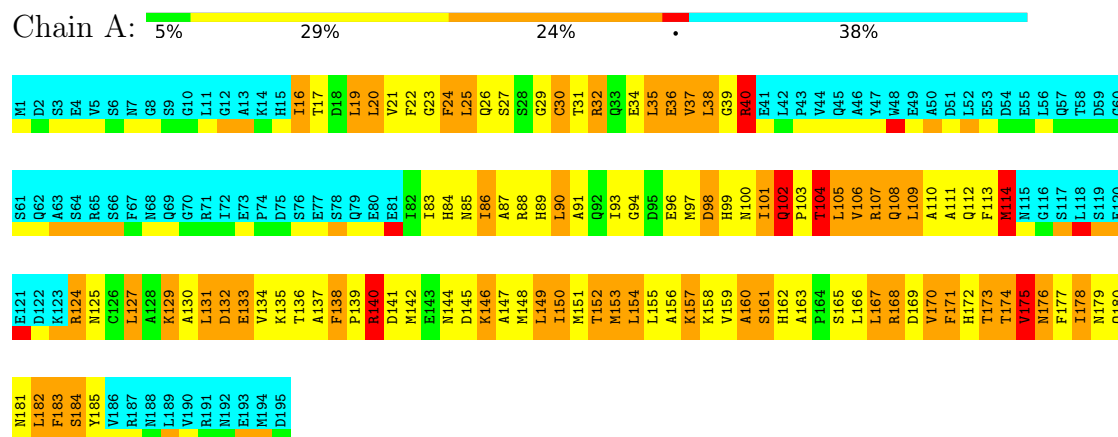
• Molecule 1: PROTEIN (BID)





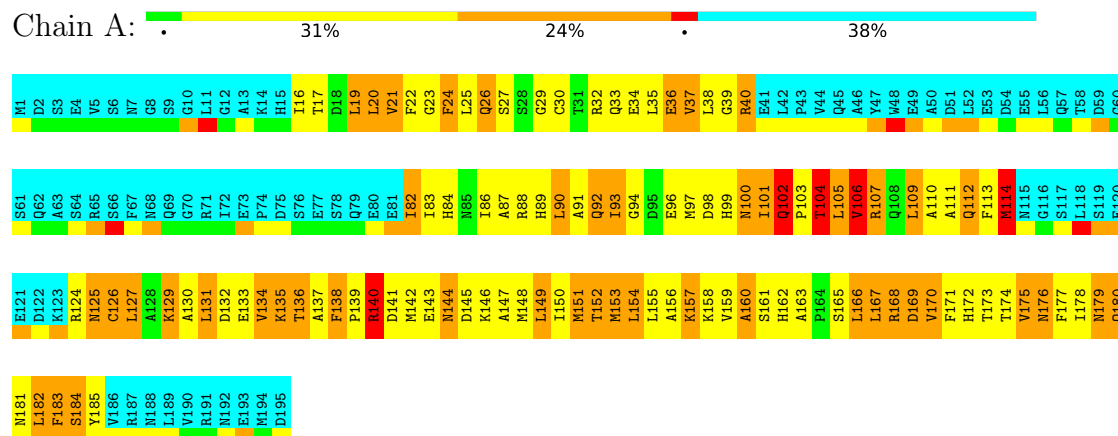
4.2.10 Score per residue for model 10

- Molecule 1: PROTEIN (BID)



4.2.11 Score per residue for model 11

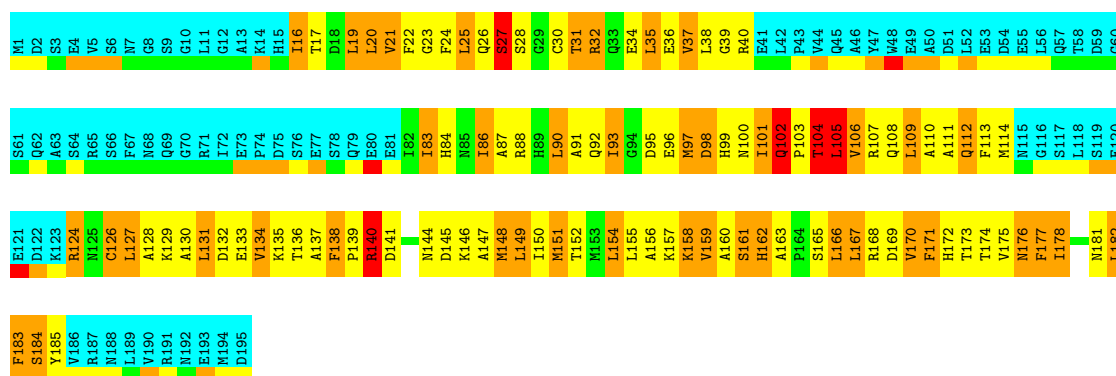
- Molecule 1: PROTEIN (BID)



4.2.12 Score per residue for model 12

- Molecule 1: PROTEIN (BID)

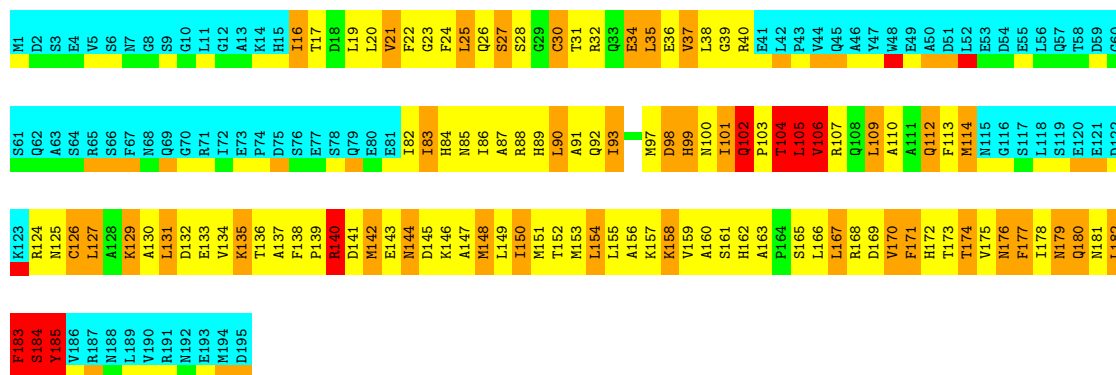




4.2.13 Score per residue for model 13

- Molecule 1: PROTEIN (BID)

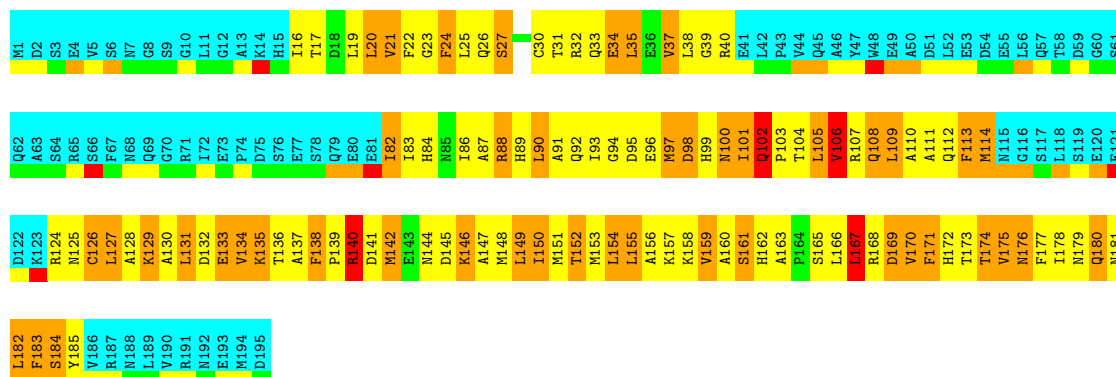
Chain A: 5% 33% 19% 38%



4.2.14 Score per residue for model 14 (medoid)

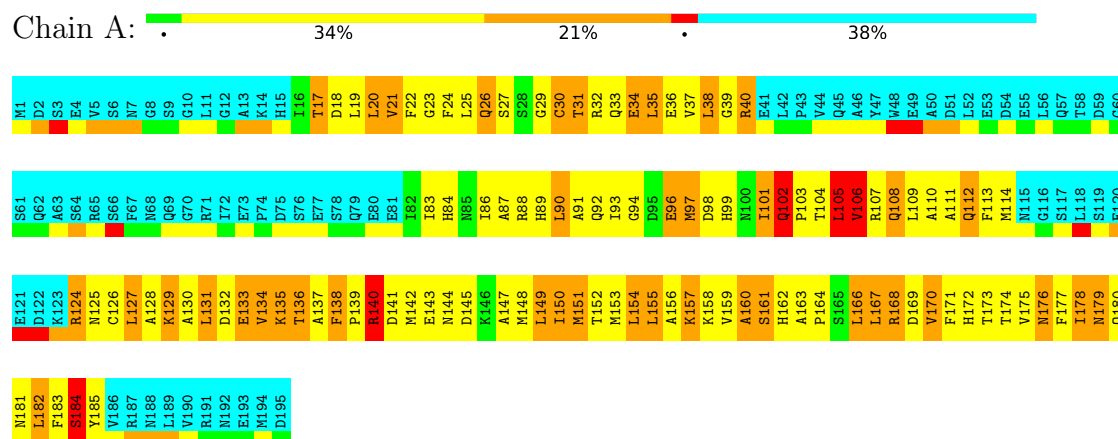
- Molecule 1: PROTEIN (BID)

Chain A: 32% 24% 38%



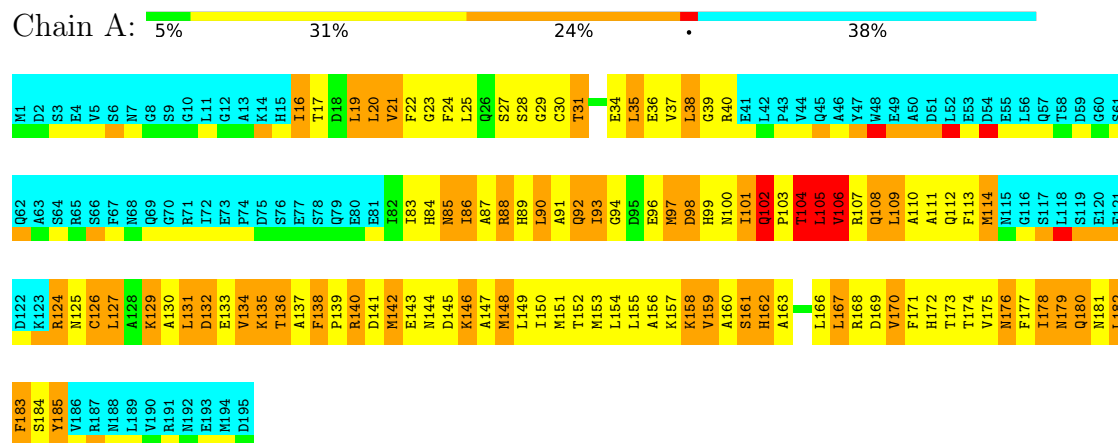
4.2.15 Score per residue for model 15

• Molecule 1: PROTEIN (BID)



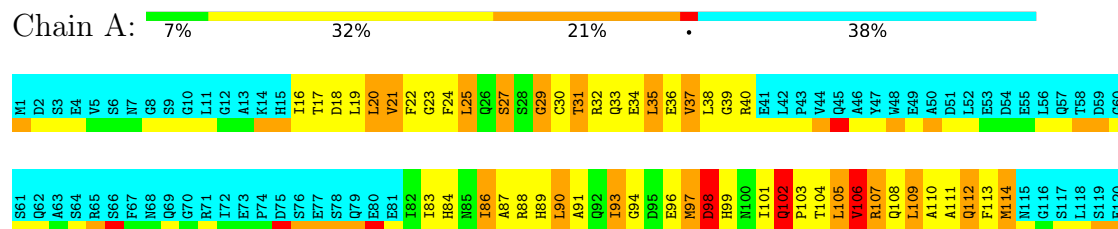
4.2.16 Score per residue for model 16

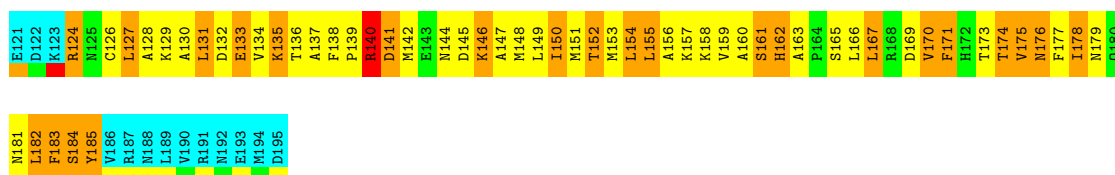
• Molecule 1: PROTEIN (BID)



4.2.17 Score per residue for model 17

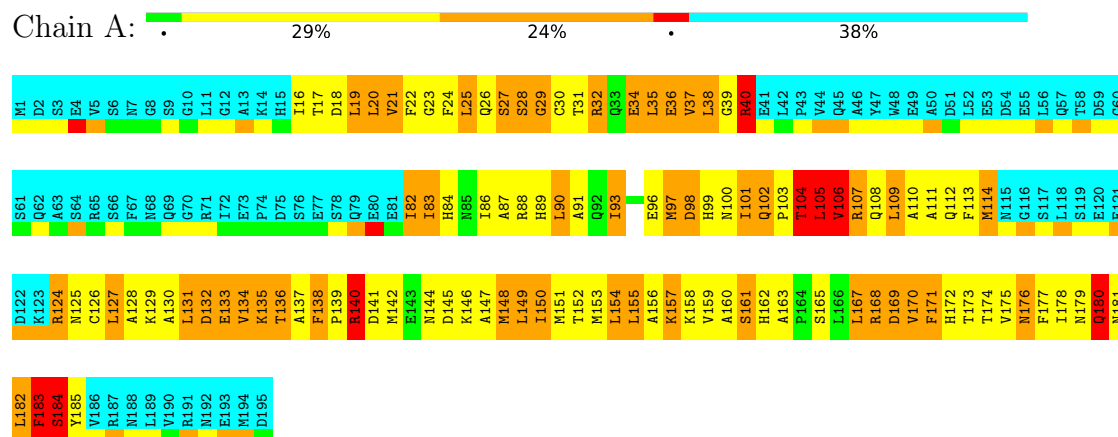
• Molecule 1: PROTEIN (BID)





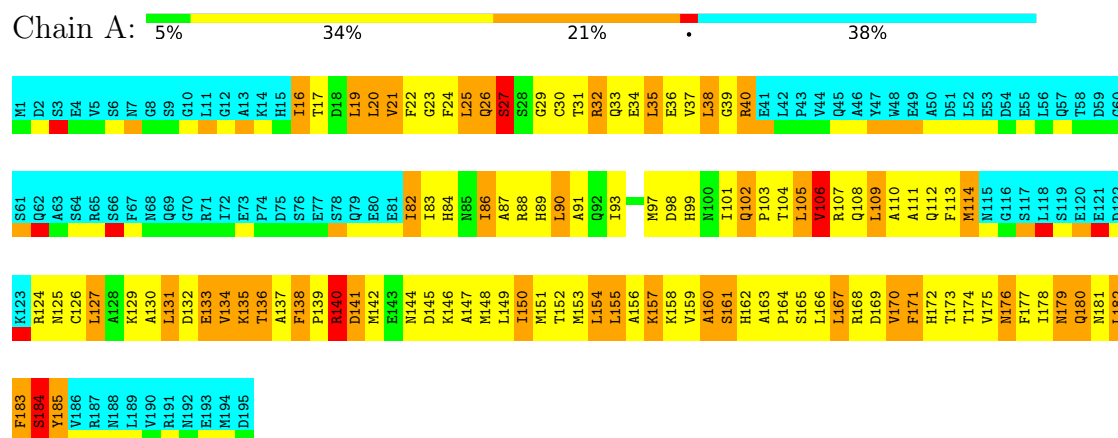
4.2.18 Score per residue for model 18

- Molecule 1: PROTEIN (BID)



4.2.19 Score per residue for model 19

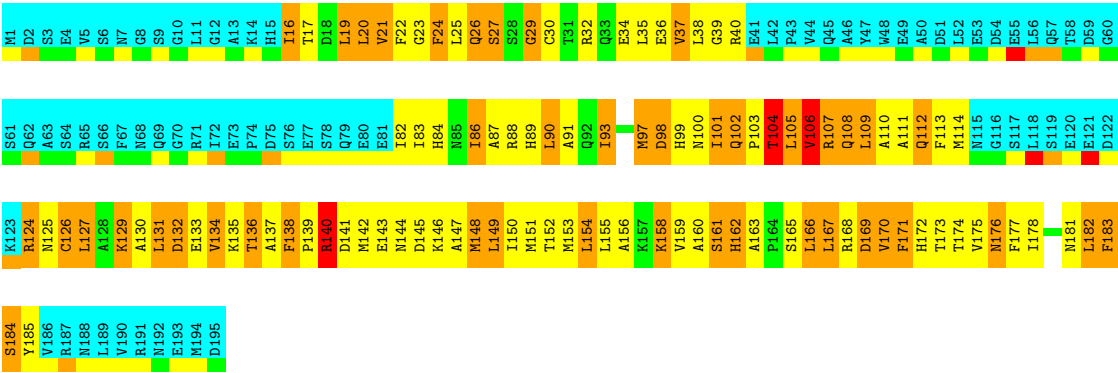
- Molecule 1: PROTEIN (BID)



4.2.20 Score per residue for model 20

- Molecule 1: PROTEIN (BID)





5 Refinement protocol and experimental data overview

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

Of the 1000 calculated structures, 20 were deposited, based on the following criterion: *LEAST RESTRAINT VIOLATION*.

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

Software name	Classification	Version
DYANA	refinement	
XwinNMR	structure solution	
XEASY	structure solution	
DIANA	structure solution	
DYANA	structure solution	
THE ECEPP LIBRARY WAS USED	structure solution	

No chemical shift data was provided.

6 Model quality [i](#)

6.1 Standard geometry [i](#)

The Z score for a bond length (or angle) is the number of standard deviations the observed value is removed from the expected value. A bond length (or angle) with $|Z| > 5$ is considered an outlier worth inspection. RMSZ is the (average) root-mean-square of all Z scores of the bond lengths (or angles).

Mol	Chain	Bond lengths		Bond angles	
		RMSZ	#Z>5	RMSZ	#Z>5
1	A	0.80±0.00	0±0/969 (0.0± 0.0%)	1.11±0.01	0±0/1309 (0.0± 0.0%)
All	All	0.80	0/19380 (0.0%)	1.11	2/26180 (0.0%)

There are no bond-length outliers.

All unique angle outliers are listed below. They are sorted according to the Z-score of the worst occurrence in the ensemble.

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)	Models	
								Worst	Total
1	A	141	ASP	CB-CA-C	-5.15	107.96	114.40	5	1
1	A	181	ASN	CB-CA-C	-5.12	108.00	114.40	6	1

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	953	946	972	427±20
All	All	19060	18920	19440	8545

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 222.

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

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:109:LEU:O	1:A:112:GLN:CG	1.32	1.75	12	18
1:A:173:THR:C	1:A:176:ASN:OD1	1.29	1.74	3	1
1:A:109:LEU:O	1:A:112:GLN:HG3	1.28	1.20	12	5
1:A:109:LEU:HD12	1:A:110:ALA:N	1.25	1.43	4	13
1:A:110:ALA:O	1:A:113:PHE:CD2	1.21	1.93	11	20
1:A:106:VAL:HG22	1:A:138:PHE:CD2	1.20	1.72	3	10
1:A:152:THR:HG1	1:A:173:THR:C	1.19	1.44	9	3
1:A:106:VAL:O	1:A:109:LEU:CD1	1.18	1.92	7	3
1:A:152:THR:OG1	1:A:173:THR:O	1.16	1.59	12	13
1:A:24:PHE:CG	1:A:91:ALA:HB2	1.16	1.74	12	20
1:A:152:THR:OG1	1:A:173:THR:C	1.15	1.90	9	6
1:A:156:ALA:O	1:A:159:VAL:O	1.14	1.65	3	7
1:A:156:ALA:O	1:A:160:ALA:N	1.14	1.80	11	8
1:A:113:PHE:CD2	1:A:130:ALA:HB2	1.13	1.78	7	20
1:A:155:LEU:O	1:A:159:VAL:HG23	1.13	1.43	16	11
1:A:106:VAL:HG22	1:A:138:PHE:CE2	1.12	1.78	13	11
1:A:24:PHE:CE2	1:A:91:ALA:HA	1.10	1.79	10	20
1:A:20:LEU:HD21	1:A:90:LEU:HD22	1.10	1.14	4	16
1:A:132:ASP:O	1:A:136:THR:OG1	1.10	1.69	13	4
1:A:151:MET:O	1:A:155:LEU:CD2	1.10	1.98	18	11
1:A:109:LEU:O	1:A:112:GLN:CD	1.09	1.94	20	19
1:A:159:VAL:O	1:A:163:ALA:N	1.09	1.83	16	12
1:A:109:LEU:HD12	1:A:110:ALA:H	1.09	1.06	6	2
1:A:109:LEU:HD12	1:A:109:LEU:C	1.09	1.73	11	11
1:A:173:THR:O	1:A:176:ASN:ND2	1.09	1.84	3	14
1:A:154:LEU:C	1:A:154:LEU:HD22	1.08	1.74	12	16
1:A:130:ALA:O	1:A:134:VAL:HG12	1.08	1.48	18	18
1:A:109:LEU:HD23	1:A:138:PHE:CZ	1.08	1.83	16	8
1:A:93:ILE:HG22	1:A:153:MET:HE1	1.08	1.26	1	1
1:A:38:LEU:HB2	1:A:171:PHE:CD2	1.07	1.82	7	18
1:A:113:PHE:CZ	1:A:155:LEU:HD11	1.07	1.81	2	10
1:A:134:VAL:HG23	1:A:138:PHE:CE2	1.07	1.84	1	15
1:A:20:LEU:CD1	1:A:90:LEU:HD22	1.07	1.77	20	16
1:A:25:LEU:HD22	1:A:171:PHE:CE1	1.07	1.84	3	20
1:A:16:ILE:HG21	1:A:183:PHE:CE1	1.07	1.84	8	1
1:A:17:THR:HG23	1:A:178:ILE:HD11	1.06	1.18	2	6
1:A:38:LEU:HB3	1:A:171:PHE:CD2	1.06	1.85	16	6
1:A:159:VAL:HG13	1:A:170:VAL:HG23	1.06	1.24	8	1
1:A:155:LEU:H	1:A:155:LEU:HD22	1.05	1.00	6	10
1:A:155:LEU:HD23	1:A:173:THR:HG22	1.05	1.18	5	3
1:A:20:LEU:CD2	1:A:90:LEU:HD22	1.05	1.80	15	16
1:A:177:PHE:O	1:A:181:ASN:N	1.05	1.88	15	12

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:106:VAL:HG12	1:A:138:PHE:CE2	1.05	1.85	12	6
1:A:155:LEU:HB2	1:A:173:THR:HG21	1.05	1.28	5	20
1:A:20:LEU:HD21	1:A:90:LEU:CD2	1.04	1.81	15	16
1:A:101:ILE:HD11	1:A:150:ILE:CG2	1.04	1.81	4	1
1:A:151:MET:O	1:A:154:LEU:HG	1.04	1.52	16	4
1:A:17:THR:HG22	1:A:175:VAL:HG13	1.04	1.26	8	15
1:A:106:VAL:HG22	1:A:138:PHE:CE1	1.04	1.87	6	8
1:A:113:PHE:CE2	1:A:130:ALA:HB2	1.04	1.86	12	19
1:A:159:VAL:HG23	1:A:163:ALA:HB3	1.04	1.13	2	1
1:A:134:VAL:HG23	1:A:138:PHE:CD2	1.03	1.89	4	13
1:A:159:VAL:HG13	1:A:163:ALA:HB3	1.03	1.09	5	6
1:A:22:PHE:CE1	1:A:35:LEU:HD12	1.03	1.88	1	6
1:A:106:VAL:C	1:A:151:MET:HE1	1.03	1.78	20	17
1:A:20:LEU:HD11	1:A:90:LEU:HD22	1.03	1.09	9	15
1:A:38:LEU:HD21	1:A:167:LEU:HB2	1.03	1.12	18	11
1:A:22:PHE:CD1	1:A:35:LEU:HD21	1.02	1.89	2	1
1:A:160:ALA:CB	1:A:170:VAL:HG11	1.02	1.84	17	6
1:A:134:VAL:HG22	1:A:138:PHE:CZ	1.02	1.88	5	2
1:A:113:PHE:CE2	1:A:155:LEU:HD11	1.02	1.88	8	5
1:A:20:LEU:HD11	1:A:90:LEU:CD2	1.02	1.84	5	15
1:A:21:VAL:HG13	1:A:171:PHE:CD2	1.01	1.90	14	16
1:A:159:VAL:HG13	1:A:163:ALA:CB	1.01	1.84	13	6
1:A:159:VAL:CG1	1:A:163:ALA:HB3	1.01	1.83	13	4
1:A:113:PHE:CZ	1:A:155:LEU:HD21	1.01	1.91	13	9
1:A:155:LEU:CB	1:A:173:THR:HG21	1.01	1.83	6	20
1:A:178:ILE:HD13	1:A:179:ASN:N	1.01	1.70	15	4
1:A:22:PHE:CE2	1:A:35:LEU:HD21	1.00	1.89	3	2
1:A:159:VAL:HG13	1:A:170:VAL:CG2	1.00	1.86	8	1
1:A:124:ARG:O	1:A:127:LEU:HD22	1.00	1.55	5	1
1:A:171:PHE:O	1:A:174:THR:OG1	1.00	1.80	3	2
1:A:35:LEU:HD23	1:A:36:GLU:N	1.00	1.71	13	5
1:A:154:LEU:HD12	1:A:155:LEU:N	1.00	1.70	2	2
1:A:182:LEU:O	1:A:183:PHE:O	1.00	1.80	18	5
1:A:89:HIS:O	1:A:93:ILE:HG23	1.00	1.57	9	5
1:A:106:VAL:O	1:A:151:MET:HE1	0.99	1.58	8	16
1:A:110:ALA:HB2	1:A:151:MET:HE3	0.99	1.31	2	15
1:A:107:ARG:O	1:A:111:ALA:HB2	0.99	1.57	7	8
1:A:21:VAL:HG22	1:A:175:VAL:HG21	0.99	1.32	8	1
1:A:158:LYS:O	1:A:162:HIS:N	0.99	1.95	6	7
1:A:21:VAL:HB	1:A:175:VAL:HG21	0.98	1.35	13	18
1:A:35:LEU:HD13	1:A:36:GLU:N	0.98	1.70	3	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:109:LEU:HD21	1:A:134:VAL:HA	0.98	1.35	13	12
1:A:159:VAL:HG13	1:A:163:ALA:O	0.98	1.58	10	8
1:A:131:LEU:O	1:A:135:LYS:CB	0.98	2.12	13	10
1:A:21:VAL:HG21	1:A:171:PHE:O	0.98	1.59	10	2
1:A:106:VAL:HG22	1:A:138:PHE:CD1	0.98	1.94	2	6
1:A:159:VAL:O	1:A:162:HIS:N	0.98	1.96	12	9
1:A:132:ASP:O	1:A:136:THR:HG23	0.98	1.57	2	8
1:A:159:VAL:CG2	1:A:163:ALA:HB3	0.98	1.87	2	4
1:A:167:LEU:HD13	1:A:168:ARG:H	0.97	1.11	16	8
1:A:22:PHE:CD2	1:A:35:LEU:HD21	0.97	1.93	3	2
1:A:154:LEU:HD13	1:A:155:LEU:HD13	0.97	1.33	5	8
1:A:38:LEU:CD2	1:A:167:LEU:HB2	0.97	1.90	18	10
1:A:155:LEU:CD2	1:A:155:LEU:H	0.97	1.71	19	5
1:A:151:MET:O	1:A:155:LEU:HD22	0.97	1.60	1	11
1:A:131:LEU:O	1:A:135:LYS:HB2	0.97	1.58	13	6
1:A:155:LEU:CG	1:A:173:THR:HG21	0.97	1.90	18	12
1:A:148:MET:HE3	1:A:177:PHE:CD2	0.96	1.95	12	3
1:A:158:LYS:O	1:A:163:ALA:N	0.96	1.98	8	13
1:A:155:LEU:H	1:A:155:LEU:CD2	0.96	1.73	6	6
1:A:90:LEU:HD11	1:A:149:LEU:HD21	0.96	1.36	19	1
1:A:24:PHE:CD1	1:A:91:ALA:HB2	0.96	1.96	8	20
1:A:148:MET:HE1	1:A:182:LEU:CD2	0.96	1.90	3	1
1:A:134:VAL:HG21	1:A:151:MET:HG3	0.96	1.37	5	3
1:A:106:VAL:HG12	1:A:138:PHE:CD2	0.96	1.95	12	6
1:A:109:LEU:HD21	1:A:134:VAL:CA	0.95	1.91	16	10
1:A:110:ALA:O	1:A:113:PHE:CE2	0.95	2.19	12	19
1:A:32:ARG:O	1:A:35:LEU:HD23	0.95	1.61	1	6
1:A:38:LEU:HD22	1:A:167:LEU:C	0.95	1.86	17	17
1:A:159:VAL:HG11	1:A:166:LEU:HD12	0.95	1.38	4	2
1:A:109:LEU:HD13	1:A:134:VAL:HG23	0.95	1.32	5	3
1:A:38:LEU:HB3	1:A:171:PHE:CG	0.95	1.97	2	13
1:A:17:THR:HG21	1:A:179:ASN:N	0.95	1.76	3	8
1:A:106:VAL:O	1:A:109:LEU:HD12	0.95	1.58	7	3
1:A:160:ALA:HB3	1:A:170:VAL:HG11	0.95	1.34	18	4
1:A:33:GLN:O	1:A:37:VAL:HG23	0.95	1.61	19	8
1:A:155:LEU:HG	1:A:173:THR:CG2	0.94	1.92	18	11
1:A:109:LEU:HD21	1:A:138:PHE:CZ	0.94	1.97	15	4
1:A:151:MET:HA	1:A:154:LEU:HD23	0.94	1.38	16	4
1:A:113:PHE:CE1	1:A:155:LEU:HD21	0.94	1.96	4	9
1:A:167:LEU:HD12	1:A:167:LEU:N	0.94	1.76	18	6
1:A:131:LEU:HD13	1:A:132:ASP:N	0.94	1.76	18	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:155:LEU:HD22	1:A:155:LEU:N	0.94	1.78	19	9
1:A:151:MET:HB2	1:A:177:PHE:CZ	0.94	1.97	11	7
1:A:90:LEU:O	1:A:93:ILE:HG22	0.94	1.62	17	4
1:A:104:THR:O	1:A:105:LEU:HD22	0.94	1.63	12	2
1:A:131:LEU:HD12	1:A:177:PHE:CD2	0.94	1.98	9	1
1:A:155:LEU:HG	1:A:173:THR:HG21	0.94	1.38	18	7
1:A:109:LEU:CD1	1:A:110:ALA:N	0.93	2.30	4	18
1:A:106:VAL:HG13	1:A:138:PHE:CE2	0.93	1.97	4	7
1:A:156:ALA:HA	1:A:170:VAL:HG22	0.93	1.39	13	19
1:A:38:LEU:HD22	1:A:167:LEU:O	0.93	1.62	20	11
1:A:113:PHE:CE1	1:A:127:LEU:HD12	0.93	1.99	5	2
1:A:110:ALA:HB3	1:A:154:LEU:HD21	0.93	1.37	2	2
1:A:22:PHE:O	1:A:35:LEU:HD23	0.93	1.63	3	4
1:A:21:VAL:HB	1:A:175:VAL:HG23	0.93	1.41	10	1
1:A:25:LEU:HD23	1:A:35:LEU:N	0.92	1.79	1	20
1:A:127:LEU:HD13	1:A:176:ASN:HB2	0.92	1.39	15	4
1:A:38:LEU:HD21	1:A:167:LEU:CB	0.92	1.94	18	7
1:A:106:VAL:HA	1:A:138:PHE:CZ	0.92	1.99	18	19
1:A:159:VAL:HG23	1:A:163:ALA:CB	0.92	1.93	2	1
1:A:110:ALA:HB2	1:A:151:MET:SD	0.92	2.04	15	1
1:A:38:LEU:CB	1:A:171:PHE:CD2	0.92	2.52	12	19
1:A:25:LEU:HB2	1:A:171:PHE:CZ	0.92	2.00	19	20
1:A:130:ALA:O	1:A:134:VAL:N	0.91	2.04	5	9
1:A:175:VAL:HA	1:A:178:ILE:HD12	0.91	1.39	6	11
1:A:171:PHE:O	1:A:174:THR:HG23	0.91	1.65	17	5
1:A:109:LEU:CD1	1:A:110:ALA:H	0.91	1.77	6	2
1:A:17:THR:CG2	1:A:175:VAL:HG13	0.91	1.96	8	10
1:A:109:LEU:HD23	1:A:138:PHE:CE1	0.91	2.00	11	5
1:A:128:ALA:O	1:A:131:LEU:HD23	0.91	1.65	12	3
1:A:127:LEU:HD13	1:A:173:THR:HA	0.91	1.43	17	11
1:A:134:VAL:HG22	1:A:135:LYS:CE	0.91	1.96	18	1
1:A:83:ILE:O	1:A:86:ILE:HG22	0.90	1.66	15	15
1:A:38:LEU:CD1	1:A:167:LEU:HD23	0.90	1.96	10	1
1:A:17:THR:HG23	1:A:175:VAL:HG13	0.90	1.42	6	4
1:A:22:PHE:CD1	1:A:35:LEU:HD12	0.90	2.01	10	4
1:A:167:LEU:HD22	1:A:168:ARG:N	0.90	1.82	20	6
1:A:101:ILE:HD11	1:A:150:ILE:HG21	0.90	1.39	4	4
1:A:109:LEU:CD1	1:A:134:VAL:HG23	0.90	1.97	6	1
1:A:90:LEU:HD21	1:A:149:LEU:HD21	0.90	1.39	15	1
1:A:131:LEU:HD12	1:A:148:MET:SD	0.90	2.05	20	3
1:A:113:PHE:CE2	1:A:155:LEU:CD1	0.90	2.55	8	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:131:LEU:C	1:A:131:LEU:HD22	0.90	1.92	13	2
1:A:38:LEU:HD21	1:A:167:LEU:HD22	0.90	1.43	19	5
1:A:155:LEU:HD23	1:A:173:THR:CG2	0.89	1.97	5	3
1:A:113:PHE:CD1	1:A:114:MET:N	0.89	2.40	14	20
1:A:21:VAL:HB	1:A:175:VAL:CG2	0.89	1.97	10	19
1:A:152:THR:CG2	1:A:177:PHE:CG	0.89	2.54	20	7
1:A:20:LEU:HD21	1:A:90:LEU:HD13	0.89	1.42	9	5
1:A:134:VAL:HG22	1:A:138:PHE:CE2	0.89	2.03	6	3
1:A:138:PHE:C	1:A:144:ASN:HB3	0.89	1.93	6	2
1:A:104:THR:O	1:A:105:LEU:HB2	0.89	1.66	16	16
1:A:154:LEU:HD22	1:A:154:LEU:O	0.89	1.68	7	16
1:A:133:GLU:O	1:A:136:THR:OG1	0.89	1.90	4	6
1:A:103:PRO:O	1:A:104:THR:OG1	0.89	1.90	19	3
1:A:152:THR:OG1	1:A:153:MET:HE2	0.89	1.66	3	1
1:A:127:LEU:HD13	1:A:127:LEU:N	0.89	1.83	5	2
1:A:113:PHE:CD1	1:A:113:PHE:C	0.89	2.51	8	20
1:A:25:LEU:HD21	1:A:38:LEU:HD12	0.89	1.43	6	7
1:A:131:LEU:HD23	1:A:135:LYS:HZ2	0.89	1.28	13	1
1:A:152:THR:HG23	1:A:174:THR:HA	0.88	1.44	7	11
1:A:134:VAL:HG23	1:A:138:PHE:CZ	0.88	2.01	17	2
1:A:140:ARG:C	1:A:144:ASN:ND2	0.88	2.30	3	1
1:A:104:THR:O	1:A:105:LEU:HD23	0.88	1.68	7	3
1:A:131:LEU:O	1:A:131:LEU:HD22	0.88	1.68	13	1
1:A:109:LEU:HD21	1:A:133:GLU:HB2	0.88	1.43	17	1
1:A:109:LEU:HD13	1:A:110:ALA:N	0.88	1.84	12	5
1:A:159:VAL:CG1	1:A:170:VAL:HG23	0.88	1.97	8	13
1:A:21:VAL:CG2	1:A:171:PHE:O	0.88	2.21	17	19
1:A:155:LEU:HD22	1:A:155:LEU:H	0.88	1.29	2	1
1:A:25:LEU:HD21	1:A:34:GLU:CG	0.88	1.99	20	9
1:A:20:LEU:C	1:A:20:LEU:HD12	0.88	1.94	9	4
1:A:25:LEU:HD22	1:A:38:LEU:HD12	0.87	1.43	1	10
1:A:132:ASP:O	1:A:136:THR:HB	0.87	1.69	3	9
1:A:109:LEU:CD2	1:A:138:PHE:CZ	0.87	2.57	16	10
1:A:127:LEU:HD22	1:A:173:THR:OG1	0.87	1.69	10	4
1:A:24:PHE:CD2	1:A:91:ALA:HB2	0.87	2.04	7	20
1:A:110:ALA:HB2	1:A:134:VAL:CG2	0.87	1.99	7	3
1:A:38:LEU:HD11	1:A:167:LEU:O	0.87	1.69	16	1
1:A:106:VAL:HG22	1:A:138:PHE:CZ	0.87	2.05	5	8
1:A:22:PHE:CD2	1:A:35:LEU:CD2	0.87	2.58	3	2
1:A:90:LEU:HD11	1:A:149:LEU:HD11	0.86	1.47	5	2
1:A:20:LEU:HD12	1:A:20:LEU:O	0.86	1.70	9	5

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:21:VAL:H	1:A:175:VAL:HG21	0.86	1.29	8	18
1:A:113:PHE:CZ	1:A:155:LEU:CD1	0.86	2.57	2	11
1:A:110:ALA:CB	1:A:154:LEU:HD21	0.86	2.00	2	4
1:A:144:ASN:ND2	1:A:145:ASP:H	0.86	1.68	3	1
1:A:93:ILE:HD11	1:A:153:MET:HE1	0.86	1.46	19	4
1:A:93:ILE:HG23	1:A:97:MET:SD	0.86	2.10	14	2
1:A:110:ALA:CB	1:A:151:MET:HE3	0.86	2.00	20	16
1:A:112:GLN:OE1	1:A:113:PHE:N	0.86	2.08	20	5
1:A:159:VAL:HA	1:A:163:ALA:HB3	0.85	1.48	9	12
1:A:166:LEU:HD23	1:A:169:ASP:CB	0.85	1.99	10	1
1:A:25:LEU:CD2	1:A:38:LEU:HD12	0.85	2.01	6	13
1:A:154:LEU:CD1	1:A:155:LEU:HD13	0.85	2.02	14	11
1:A:35:LEU:HD23	1:A:35:LEU:C	0.85	1.96	9	4
1:A:109:LEU:C	1:A:109:LEU:HD13	0.85	1.97	10	4
1:A:105:LEU:HD12	1:A:105:LEU:O	0.85	1.72	13	3
1:A:25:LEU:HD23	1:A:35:LEU:CA	0.85	2.01	2	6
1:A:93:ILE:HG22	1:A:153:MET:SD	0.85	2.11	5	3
1:A:101:ILE:HD12	1:A:106:VAL:HG21	0.85	1.44	8	1
1:A:107:ARG:O	1:A:111:ALA:CB	0.85	2.24	7	12
1:A:134:VAL:HG11	1:A:151:MET:HG2	0.85	1.45	12	1
1:A:181:ASN:OD1	1:A:182:LEU:HD22	0.85	1.70	12	4
1:A:101:ILE:HD11	1:A:150:ILE:HD13	0.85	1.48	15	1
1:A:106:VAL:HG22	1:A:138:PHE:CG	0.85	2.06	19	7
1:A:154:LEU:HD11	1:A:155:LEU:HD13	0.84	1.48	2	3
1:A:109:LEU:HD13	1:A:112:GLN:NE2	0.84	1.87	11	2
1:A:110:ALA:HB2	1:A:134:VAL:HG21	0.84	1.49	7	2
1:A:183:PHE:CG	1:A:183:PHE:O	0.84	2.27	12	6
1:A:106:VAL:HG13	1:A:151:MET:SD	0.84	2.12	7	1
1:A:131:LEU:HD13	1:A:148:MET:SD	0.84	2.10	1	2
1:A:140:ARG:N	1:A:144:ASN:CB	0.84	2.41	8	14
1:A:106:VAL:HG12	1:A:107:ARG:N	0.84	1.85	13	14
1:A:127:LEU:HG	1:A:173:THR:HG23	0.84	1.48	5	2
1:A:152:THR:HG21	1:A:177:PHE:HB2	0.84	1.49	4	9
1:A:20:LEU:CG	1:A:90:LEU:HD22	0.83	2.02	13	20
1:A:101:ILE:HG23	1:A:101:ILE:O	0.83	1.72	13	5
1:A:152:THR:OG1	1:A:174:THR:O	0.83	1.96	5	6
1:A:38:LEU:HD21	1:A:167:LEU:C	0.83	1.97	16	2
1:A:154:LEU:C	1:A:154:LEU:CD2	0.83	2.50	4	16
1:A:155:LEU:O	1:A:159:VAL:N	0.83	2.11	9	17
1:A:93:ILE:HD11	1:A:153:MET:CE	0.83	2.03	19	2
1:A:20:LEU:HD23	1:A:87:ALA:HA	0.83	1.49	3	12

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:38:LEU:CB	1:A:171:PHE:CG	0.83	2.61	15	17
1:A:113:PHE:CE2	1:A:130:ALA:CB	0.83	2.60	12	17
1:A:38:LEU:HD12	1:A:171:PHE:CD1	0.83	2.08	8	4
1:A:154:LEU:HG	1:A:155:LEU:HD12	0.83	1.51	16	1
1:A:35:LEU:C	1:A:35:LEU:HD22	0.83	1.98	17	1
1:A:20:LEU:HD21	1:A:90:LEU:CB	0.83	2.04	13	13
1:A:173:THR:O	1:A:176:ASN:HB3	0.83	1.74	16	19
1:A:137:ALA:HB3	1:A:138:PHE:CE1	0.83	2.08	2	17
1:A:173:THR:CA	1:A:176:ASN:OD1	0.83	2.26	3	1
1:A:109:LEU:C	1:A:109:LEU:CD1	0.83	2.50	4	8
1:A:97:MET:HE3	1:A:150:ILE:HG21	0.83	1.51	9	1
1:A:154:LEU:HD12	1:A:154:LEU:C	0.82	1.99	2	2
1:A:148:MET:HG3	1:A:149:LEU:N	0.82	1.88	20	11
1:A:37:VAL:HG13	1:A:38:LEU:HD23	0.82	1.49	13	5
1:A:173:THR:C	1:A:176:ASN:CG	0.82	2.47	3	1
1:A:150:ILE:HG23	1:A:153:MET:HE2	0.82	1.49	7	1
1:A:38:LEU:HD21	1:A:167:LEU:HG	0.82	1.48	11	5
1:A:38:LEU:HD23	1:A:167:LEU:HD23	0.82	1.50	17	8
1:A:109:LEU:HD22	1:A:134:VAL:HA	0.82	1.49	5	2
1:A:94:GLY:HA2	1:A:97:MET:HE2	0.82	1.50	8	2
1:A:21:VAL:N	1:A:175:VAL:CG2	0.82	2.42	20	19
1:A:182:LEU:O	1:A:184:SER:N	0.82	2.13	19	12
1:A:154:LEU:HD13	1:A:155:LEU:N	0.82	1.89	20	15
1:A:114:MET:CG	1:A:155:LEU:HD23	0.82	2.05	3	1
1:A:102:GLN:H	1:A:103:PRO:HD3	0.82	1.35	19	20
1:A:151:MET:CA	1:A:154:LEU:HD23	0.82	2.04	17	3
1:A:101:ILE:HG22	1:A:107:ARG:HB3	0.82	1.51	17	1
1:A:146:LYS:O	1:A:150:ILE:HG23	0.81	1.75	1	1
1:A:151:MET:O	1:A:154:LEU:CG	0.81	2.27	16	4
1:A:179:ASN:OD1	1:A:180:GLN:N	0.81	2.13	2	2
1:A:178:ILE:HG23	1:A:182:LEU:O	0.81	1.75	14	2
1:A:113:PHE:CZ	1:A:127:LEU:HA	0.81	2.09	13	20
1:A:134:VAL:HG21	1:A:148:MET:HA	0.81	1.49	20	12
1:A:178:ILE:HD13	1:A:179:ASN:H	0.81	1.36	2	3
1:A:110:ALA:HB2	1:A:151:MET:HG3	0.81	1.48	12	3
1:A:134:VAL:CG2	1:A:138:PHE:CE2	0.81	2.64	12	13
1:A:152:THR:O	1:A:155:LEU:CD2	0.81	2.28	5	3
1:A:109:LEU:HD13	1:A:109:LEU:C	0.81	2.00	12	1
1:A:126:CYS:SG	1:A:127:LEU:HD23	0.81	2.16	2	5
1:A:155:LEU:O	1:A:159:VAL:CG2	0.81	2.29	7	11
1:A:147:ALA:O	1:A:150:ILE:HG22	0.81	1.74	15	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:167:LEU:HD13	1:A:168:ARG:N	0.81	1.91	12	10
1:A:127:LEU:HD12	1:A:176:ASN:CG	0.80	2.01	12	7
1:A:90:LEU:HD21	1:A:178:ILE:HD11	0.80	1.52	8	4
1:A:134:VAL:HB	1:A:151:MET:HE2	0.80	1.53	2	11
1:A:152:THR:O	1:A:155:LEU:HD23	0.80	1.76	1	11
1:A:174:THR:O	1:A:178:ILE:HD12	0.80	1.77	13	3
1:A:103:PRO:C	1:A:104:THR:HG23	0.80	2.00	19	2
1:A:21:VAL:N	1:A:175:VAL:HG21	0.80	1.91	8	6
1:A:35:LEU:HD22	1:A:35:LEU:O	0.80	1.77	17	3
1:A:22:PHE:O	1:A:35:LEU:HD12	0.80	1.74	8	6
1:A:155:LEU:CG	1:A:173:THR:CG2	0.80	2.60	17	11
1:A:138:PHE:N	1:A:138:PHE:CD1	0.80	2.49	6	14
1:A:182:LEU:N	1:A:182:LEU:HD13	0.80	1.89	11	14
1:A:38:LEU:C	1:A:171:PHE:CD2	0.80	2.60	11	10
1:A:20:LEU:HD12	1:A:20:LEU:C	0.80	2.00	5	1
1:A:17:THR:HG23	1:A:178:ILE:CG1	0.80	2.06	16	1
1:A:127:LEU:HD12	1:A:176:ASN:HB2	0.79	1.53	6	7
1:A:152:THR:CG2	1:A:177:PHE:CD2	0.79	2.64	18	6
1:A:155:LEU:CD2	1:A:173:THR:HG22	0.79	2.06	5	3
1:A:131:LEU:HD12	1:A:131:LEU:C	0.79	2.02	1	5
1:A:131:LEU:N	1:A:177:PHE:CZ	0.79	2.50	8	15
1:A:25:LEU:HD22	1:A:171:PHE:CZ	0.79	2.11	11	17
1:A:148:MET:HE1	1:A:182:LEU:HD23	0.79	1.52	3	1
1:A:93:ILE:HG22	1:A:153:MET:CE	0.79	2.05	1	2
1:A:159:VAL:C	1:A:163:ALA:H	0.79	1.85	7	6
1:A:131:LEU:HD12	1:A:177:PHE:CG	0.79	2.13	9	1
1:A:109:LEU:HD12	1:A:110:ALA:CA	0.79	2.07	4	11
1:A:113:PHE:CE1	1:A:127:LEU:HA	0.79	2.13	8	10
1:A:114:MET:CG	1:A:114:MET:O	0.79	2.31	10	3
1:A:109:LEU:HD13	1:A:133:GLU:CB	0.79	2.08	14	9
1:A:138:PHE:CD1	1:A:138:PHE:N	0.79	2.49	2	4
1:A:141:ASP:O	1:A:145:ASP:N	0.79	2.15	6	14
1:A:183:PHE:CG	1:A:184:SER:N	0.79	2.50	18	4
1:A:114:MET:O	1:A:114:MET:HG3	0.79	1.76	10	2
1:A:25:LEU:HD21	1:A:34:GLU:HB3	0.78	1.55	15	4
1:A:144:ASN:O	1:A:147:ALA:HB3	0.78	1.78	6	18
1:A:151:MET:HB2	1:A:177:PHE:CE2	0.78	2.12	12	15
1:A:25:LEU:HB3	1:A:35:LEU:HG	0.78	1.55	11	3
1:A:150:ILE:HG23	1:A:153:MET:HE1	0.78	1.55	4	2
1:A:181:ASN:ND2	1:A:182:LEU:HD22	0.78	1.93	8	3
1:A:38:LEU:HD13	1:A:170:VAL:CG1	0.78	2.08	11	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:20:LEU:HA	1:A:87:ALA:HB1	0.78	1.54	9	19
1:A:179:ASN:OD1	1:A:179:ASN:C	0.78	2.26	2	7
1:A:34:GLU:CG	1:A:38:LEU:HD23	0.78	2.08	16	1
1:A:22:PHE:CD1	1:A:35:LEU:CD2	0.77	2.67	2	2
1:A:22:PHE:CD2	1:A:39:GLY:HA3	0.77	2.12	2	13
1:A:110:ALA:HB3	1:A:154:LEU:CD2	0.77	2.08	16	4
1:A:38:LEU:HD13	1:A:167:LEU:O	0.77	1.78	19	5
1:A:152:THR:HB	1:A:173:THR:O	0.77	1.79	20	7
1:A:139:PRO:C	1:A:144:ASN:HB2	0.77	2.04	1	13
1:A:160:ALA:CB	1:A:170:VAL:HG21	0.77	2.09	7	7
1:A:20:LEU:HB3	1:A:175:VAL:HG22	0.77	1.56	8	4
1:A:140:ARG:CB	1:A:144:ASN:HB2	0.77	2.08	6	6
1:A:153:MET:SD	1:A:153:MET:O	0.77	2.42	8	1
1:A:177:PHE:HB3	1:A:182:LEU:HD23	0.77	1.54	19	1
1:A:19:LEU:HD13	1:A:84:HIS:CE1	0.77	2.14	6	1
1:A:20:LEU:C	1:A:20:LEU:CD1	0.77	2.58	12	2
1:A:167:LEU:HD12	1:A:167:LEU:H	0.77	1.38	18	2
1:A:37:VAL:HG13	1:A:167:LEU:HD23	0.77	1.54	5	5
1:A:17:THR:HG23	1:A:178:ILE:CG2	0.77	2.09	19	9
1:A:38:LEU:HD21	1:A:167:LEU:O	0.77	1.78	16	1
1:A:113:PHE:HZ	1:A:155:LEU:HD11	0.77	1.40	5	5
1:A:86:ILE:C	1:A:86:ILE:HD12	0.77	2.04	5	1
1:A:138:PHE:O	1:A:144:ASN:HB3	0.77	1.79	20	7
1:A:159:VAL:HG12	1:A:160:ALA:H	0.77	1.39	7	5
1:A:22:PHE:CD1	1:A:35:LEU:HG	0.77	2.15	13	4
1:A:21:VAL:HG22	1:A:171:PHE:CD1	0.77	2.14	10	1
1:A:155:LEU:O	1:A:159:VAL:HG12	0.76	1.80	8	2
1:A:151:MET:O	1:A:155:LEU:HD12	0.76	1.79	10	8
1:A:159:VAL:HG22	1:A:163:ALA:HB3	0.76	1.58	10	6
1:A:152:THR:HG23	1:A:177:PHE:CD2	0.76	2.14	18	5
1:A:134:VAL:HG21	1:A:151:MET:HG2	0.76	1.56	6	1
1:A:152:THR:OG1	1:A:174:THR:N	0.76	2.18	9	2
1:A:24:PHE:CE2	1:A:91:ALA:CA	0.76	2.67	10	19
1:A:101:ILE:HD12	1:A:107:ARG:HB2	0.76	1.56	3	1
1:A:173:THR:O	1:A:176:ASN:CG	0.76	2.28	3	1
1:A:18:ASP:O	1:A:21:VAL:HG23	0.76	1.81	8	1
1:A:109:LEU:HD21	1:A:133:GLU:CB	0.76	2.11	12	1
1:A:177:PHE:O	1:A:182:LEU:HD22	0.76	1.80	11	2
1:A:38:LEU:HB3	1:A:171:PHE:CE2	0.76	2.16	16	1
1:A:110:ALA:CB	1:A:151:MET:CG	0.76	2.63	6	1
1:A:21:VAL:O	1:A:171:PHE:CZ	0.76	2.39	8	11

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:148:MET:O	1:A:177:PHE:CE2	0.75	2.40	12	15
1:A:152:THR:CG2	1:A:174:THR:HA	0.75	2.11	7	10
1:A:152:THR:HB	1:A:174:THR:HA	0.75	1.58	3	5
1:A:140:ARG:HB2	1:A:144:ASN:CG	0.75	2.05	20	7
1:A:135:LYS:O	1:A:139:PRO:CD	0.75	2.35	6	8
1:A:154:LEU:HG	1:A:155:LEU:HD13	0.75	1.57	17	2
1:A:148:MET:O	1:A:151:MET:HB2	0.75	1.82	9	8
1:A:174:THR:N	1:A:176:ASN:OD1	0.75	2.18	3	1
1:A:101:ILE:HG22	1:A:101:ILE:O	0.75	1.80	10	7
1:A:130:ALA:O	1:A:134:VAL:CG1	0.75	2.35	9	18
1:A:154:LEU:CG	1:A:155:LEU:HD13	0.75	2.11	17	2
1:A:149:LEU:C	1:A:149:LEU:HD12	0.75	2.06	18	1
1:A:144:ASN:O	1:A:147:ALA:N	0.75	2.20	7	20
1:A:106:VAL:CG2	1:A:138:PHE:CD2	0.75	2.63	3	7
1:A:22:PHE:CG	1:A:35:LEU:CD2	0.75	2.70	17	2
1:A:90:LEU:CD2	1:A:149:LEU:HD21	0.75	2.12	15	1
1:A:134:VAL:HG21	1:A:148:MET:CA	0.75	2.11	20	5
1:A:22:PHE:CD2	1:A:39:GLY:CA	0.75	2.69	16	7
1:A:25:LEU:HB2	1:A:171:PHE:CE1	0.75	2.16	19	20
1:A:22:PHE:CE1	1:A:35:LEU:HD21	0.75	2.17	13	5
1:A:155:LEU:CD2	1:A:173:THR:CG2	0.75	2.65	5	3
1:A:24:PHE:CD2	1:A:91:ALA:CA	0.74	2.70	11	19
1:A:109:LEU:O	1:A:112:GLN:NE2	0.74	2.20	12	15
1:A:159:VAL:O	1:A:160:ALA:HB3	0.74	1.82	10	3
1:A:109:LEU:HD13	1:A:133:GLU:HB3	0.74	1.56	20	9
1:A:101:ILE:CD1	1:A:106:VAL:HG21	0.74	2.11	8	2
1:A:124:ARG:HB2	1:A:127:LEU:HD11	0.74	1.57	15	1
1:A:97:MET:HB3	1:A:101:ILE:HD12	0.74	1.57	4	3
1:A:177:PHE:O	1:A:180:GLN:CD	0.74	2.31	18	1
1:A:38:LEU:HB2	1:A:171:PHE:CG	0.74	2.17	19	13
1:A:152:THR:HG22	1:A:176:ASN:ND2	0.74	1.96	15	7
1:A:104:THR:O	1:A:105:LEU:CB	0.74	2.35	12	20
1:A:148:MET:HA	1:A:151:MET:HG2	0.74	1.60	9	10
1:A:101:ILE:HG22	1:A:107:ARG:HB2	0.74	1.58	5	1
1:A:131:LEU:HD23	1:A:135:LYS:NZ	0.74	1.96	13	1
1:A:104:THR:O	1:A:105:LEU:HB3	0.74	1.82	12	8
1:A:103:PRO:C	1:A:104:THR:HG22	0.74	2.08	11	4
1:A:16:ILE:HD12	1:A:83:ILE:CG2	0.74	2.12	12	2
1:A:124:ARG:O	1:A:127:LEU:HG	0.74	1.82	11	13
1:A:147:ALA:O	1:A:150:ILE:CG1	0.74	2.36	9	2
1:A:148:MET:O	1:A:177:PHE:CD2	0.74	2.41	9	13

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:178:ILE:HD13	1:A:178:ILE:C	0.74	2.08	15	1
1:A:21:VAL:HG23	1:A:174:THR:OG1	0.74	1.83	10	4
1:A:144:ASN:ND2	1:A:145:ASP:N	0.74	2.35	3	1
1:A:106:VAL:HG23	1:A:107:ARG:H	0.74	1.43	9	3
1:A:38:LEU:HD21	1:A:167:LEU:CA	0.74	2.13	16	2
1:A:135:LYS:O	1:A:139:PRO:CG	0.74	2.36	20	5
1:A:38:LEU:CB	1:A:171:PHE:CD1	0.74	2.70	20	4
1:A:179:ASN:O	1:A:180:GLN:O	0.74	2.06	18	5
1:A:144:ASN:N	1:A:144:ASN:HD22	0.74	1.78	5	7
1:A:24:PHE:CD1	1:A:91:ALA:CB	0.73	2.71	19	20
1:A:105:LEU:HD23	1:A:105:LEU:O	0.73	1.83	11	3
1:A:175:VAL:HG12	1:A:175:VAL:O	0.73	1.81	3	5
1:A:22:PHE:CE1	1:A:35:LEU:CD1	0.73	2.71	1	7
1:A:101:ILE:O	1:A:101:ILE:CG2	0.73	2.35	4	17
1:A:38:LEU:HD21	1:A:167:LEU:CG	0.73	2.13	11	5
1:A:20:LEU:HD22	1:A:87:ALA:HA	0.73	1.60	12	2
1:A:90:LEU:HD11	1:A:149:LEU:HD23	0.73	1.60	8	1
1:A:159:VAL:HG11	1:A:166:LEU:HB2	0.73	1.61	10	1
1:A:17:THR:HG23	1:A:178:ILE:HG13	0.73	1.59	16	1
1:A:134:VAL:HG11	1:A:151:MET:HG3	0.73	1.59	8	8
1:A:159:VAL:HG23	1:A:163:ALA:O	0.73	1.84	8	2
1:A:106:VAL:O	1:A:109:LEU:HD11	0.73	1.83	7	3
1:A:131:LEU:CD1	1:A:177:PHE:CD2	0.73	2.71	9	1
1:A:139:PRO:O	1:A:140:ARG:CB	0.73	2.37	4	9
1:A:104:THR:C	1:A:105:LEU:HD13	0.73	2.09	15	3
1:A:113:PHE:CD2	1:A:130:ALA:CB	0.73	2.70	12	5
1:A:141:ASP:O	1:A:145:ASP:CB	0.73	2.36	4	20
1:A:110:ALA:CB	1:A:151:MET:HB3	0.73	2.14	10	10
1:A:166:LEU:HD22	1:A:169:ASP:CB	0.73	2.14	1	1
1:A:167:LEU:N	1:A:167:LEU:CD1	0.73	2.51	12	8
1:A:176:ASN:CG	1:A:177:PHE:N	0.73	2.47	10	19
1:A:104:THR:O	1:A:105:LEU:CD2	0.73	2.36	12	4
1:A:24:PHE:CD2	1:A:91:ALA:CB	0.73	2.72	7	19
1:A:167:LEU:CD1	1:A:168:ARG:H	0.73	1.97	12	6
1:A:103:PRO:O	1:A:104:THR:CB	0.73	2.37	16	9
1:A:134:VAL:HG22	1:A:138:PHE:HZ	0.73	1.38	5	1
1:A:131:LEU:HD13	1:A:182:LEU:HD21	0.73	1.61	16	1
1:A:137:ALA:HB3	1:A:138:PHE:CD1	0.72	2.20	6	15
1:A:97:MET:HE3	1:A:150:ILE:HD13	0.72	1.61	1	1
1:A:89:HIS:NE2	1:A:93:ILE:HD13	0.72	1.98	7	1
1:A:38:LEU:HD23	1:A:167:LEU:HD22	0.72	1.59	6	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:114:MET:HE2	1:A:114:MET:O	0.72	1.83	6	1
1:A:38:LEU:CD2	1:A:167:LEU:HD22	0.72	2.15	8	7
1:A:147:ALA:O	1:A:151:MET:SD	0.72	2.47	9	4
1:A:107:ARG:O	1:A:111:ALA:HB3	0.72	1.85	5	4
1:A:159:VAL:HG12	1:A:170:VAL:HG23	0.72	1.61	11	7
1:A:183:PHE:O	1:A:183:PHE:CD2	0.72	2.42	13	5
1:A:21:VAL:HG22	1:A:175:VAL:CG2	0.72	2.13	8	1
1:A:134:VAL:HG22	1:A:135:LYS:HE3	0.72	1.60	18	1
1:A:25:LEU:CD2	1:A:171:PHE:CE1	0.72	2.70	3	15
1:A:106:VAL:CG1	1:A:107:ARG:N	0.72	2.53	13	13
1:A:176:ASN:ND2	1:A:177:PHE:CD1	0.72	2.57	8	16
1:A:131:LEU:O	1:A:135:LYS:HB3	0.72	1.84	17	10
1:A:20:LEU:HD21	1:A:90:LEU:CD1	0.72	2.13	9	5
1:A:140:ARG:N	1:A:144:ASN:HB3	0.72	2.00	12	13
1:A:101:ILE:HG23	1:A:107:ARG:CB	0.72	2.15	10	4
1:A:25:LEU:HD22	1:A:171:PHE:CD1	0.72	2.19	3	4
1:A:90:LEU:HD23	1:A:153:MET:HE3	0.72	1.61	3	1
1:A:133:GLU:O	1:A:136:THR:HG22	0.72	1.85	20	10
1:A:183:PHE:C	1:A:183:PHE:CD1	0.72	2.67	8	7
1:A:109:LEU:CD2	1:A:134:VAL:HA	0.72	2.15	16	7
1:A:38:LEU:HD13	1:A:167:LEU:HD23	0.71	1.61	10	1
1:A:101:ILE:O	1:A:101:ILE:HG23	0.71	1.84	4	2
1:A:127:LEU:HD12	1:A:176:ASN:HB3	0.71	1.61	3	1
1:A:138:PHE:O	1:A:144:ASN:HB2	0.71	1.85	4	9
1:A:141:ASP:O	1:A:145:ASP:CG	0.71	2.32	16	9
1:A:22:PHE:CE1	1:A:35:LEU:HG	0.71	2.20	18	8
1:A:106:VAL:CG2	1:A:138:PHE:CE1	0.71	2.73	5	5
1:A:150:ILE:HG23	1:A:153:MET:CE	0.71	2.16	16	3
1:A:144:ASN:O	1:A:147:ALA:CB	0.71	2.38	6	8
1:A:156:ALA:CB	1:A:170:VAL:HG13	0.71	2.15	20	5
1:A:147:ALA:HA	1:A:150:ILE:HD12	0.71	1.63	16	3
1:A:20:LEU:CD1	1:A:20:LEU:C	0.71	2.64	9	5
1:A:97:MET:HE3	1:A:150:ILE:HD12	0.71	1.62	19	1
1:A:148:MET:CG	1:A:149:LEU:N	0.71	2.54	18	12
1:A:154:LEU:HD13	1:A:155:LEU:CD1	0.71	2.16	5	10
1:A:151:MET:SD	1:A:151:MET:N	0.71	2.63	12	6
1:A:145:ASP:CG	1:A:185:TYR:CD1	0.71	2.69	16	4
1:A:113:PHE:CE1	1:A:127:LEU:CA	0.71	2.74	8	6
1:A:156:ALA:HB1	1:A:160:ALA:CB	0.71	2.15	2	1
1:A:144:ASN:CG	1:A:145:ASP:N	0.71	2.49	3	1
1:A:169:ASP:O	1:A:173:THR:OG1	0.70	2.09	15	10

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:89:HIS:NE2	1:A:93:ILE:HD11	0.70	2.01	5	1
1:A:134:VAL:HG11	1:A:151:MET:CG	0.70	2.16	9	4
1:A:38:LEU:CD2	1:A:167:LEU:HD23	0.70	2.16	9	6
1:A:89:HIS:CE1	1:A:93:ILE:HD11	0.70	2.21	14	4
1:A:112:GLN:HG2	1:A:113:PHE:N	0.70	2.00	5	14
1:A:150:ILE:HA	1:A:153:MET:HE2	0.70	1.64	1	1
1:A:152:THR:OG1	1:A:174:THR:HA	0.70	1.87	10	14
1:A:24:PHE:CG	1:A:91:ALA:CB	0.70	2.71	6	20
1:A:130:ALA:HB3	1:A:177:PHE:HZ	0.70	1.44	7	10
1:A:137:ALA:C	1:A:139:PRO:HD3	0.70	2.11	5	20
1:A:37:VAL:HG11	1:A:167:LEU:HD21	0.70	1.62	8	4
1:A:16:ILE:CG1	1:A:183:PHE:CZ	0.70	2.75	1	2
1:A:182:LEU:N	1:A:182:LEU:CD1	0.70	2.54	11	9
1:A:155:LEU:CB	1:A:173:THR:CG2	0.70	2.70	17	4
1:A:157:LYS:HA	1:A:161:SER:CB	0.70	2.17	16	5
1:A:106:VAL:HG12	1:A:107:ARG:H	0.70	1.47	13	7
1:A:97:MET:SD	1:A:150:ILE:HD13	0.70	2.26	6	3
1:A:127:LEU:HD13	1:A:127:LEU:H	0.70	1.44	5	2
1:A:151:MET:CB	1:A:177:PHE:CZ	0.70	2.74	9	5
1:A:109:LEU:HD13	1:A:134:VAL:CG2	0.70	2.15	5	2
1:A:109:LEU:HD11	1:A:134:VAL:HG23	0.70	1.64	6	1
1:A:113:PHE:HZ	1:A:155:LEU:HD21	0.70	1.45	11	5
1:A:90:LEU:HD11	1:A:149:LEU:HD22	0.70	1.63	16	1
1:A:22:PHE:CD1	1:A:39:GLY:HA3	0.69	2.22	3	5
1:A:19:LEU:HD13	1:A:84:HIS:ND1	0.69	2.02	6	1
1:A:21:VAL:CG1	1:A:22:PHE:N	0.69	2.55	15	19
1:A:155:LEU:HB2	1:A:173:THR:CG2	0.69	2.17	17	11
1:A:106:VAL:O	1:A:151:MET:CE	0.69	2.39	12	14
1:A:110:ALA:HA	1:A:113:PHE:CD2	0.69	2.22	7	3
1:A:25:LEU:HD21	1:A:34:GLU:HG2	0.69	1.63	20	6
1:A:134:VAL:HA	1:A:138:PHE:CZ	0.69	2.21	20	8
1:A:171:PHE:O	1:A:174:THR:CG2	0.69	2.41	17	2
1:A:152:THR:HG1	1:A:174:THR:N	0.69	1.84	9	1
1:A:159:VAL:HG12	1:A:170:VAL:CG2	0.69	2.17	10	5
1:A:166:LEU:HD23	1:A:169:ASP:HB3	0.69	1.63	10	2
1:A:160:ALA:HB2	1:A:170:VAL:HG11	0.69	1.61	17	3
1:A:38:LEU:HB2	1:A:171:PHE:CE2	0.69	2.22	15	11
1:A:89:HIS:CE1	1:A:93:ILE:CG1	0.69	2.75	14	1
1:A:31:THR:HG22	1:A:34:GLU:H	0.69	1.46	2	3
1:A:126:CYS:SG	1:A:127:LEU:N	0.69	2.65	7	2
1:A:109:LEU:HD23	1:A:138:PHE:HZ	0.69	1.46	8	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:170:VAL:HG12	1:A:171:PHE:N	0.69	2.01	16	20
1:A:156:ALA:O	1:A:160:ALA:CB	0.69	2.41	1	7
1:A:173:THR:O	1:A:176:ASN:CB	0.69	2.40	13	11
1:A:109:LEU:HD13	1:A:112:GLN:HE22	0.69	1.46	4	2
1:A:150:ILE:HA	1:A:153:MET:HE3	0.69	1.65	19	3
1:A:109:LEU:HD12	1:A:109:LEU:N	0.69	2.03	5	2
1:A:106:VAL:HA	1:A:138:PHE:CE2	0.69	2.23	10	5
1:A:131:LEU:HD23	1:A:148:MET:SD	0.69	2.28	9	2
1:A:149:LEU:O	1:A:152:THR:HG22	0.69	1.86	9	4
1:A:159:VAL:O	1:A:160:ALA:CB	0.69	2.39	10	1
1:A:127:LEU:HD22	1:A:155:LEU:CD2	0.69	2.17	16	1
1:A:22:PHE:CE1	1:A:35:LEU:O	0.69	2.46	6	6
1:A:148:MET:HE1	1:A:182:LEU:HD21	0.69	1.65	3	1
1:A:153:MET:SD	1:A:174:THR:HG22	0.69	2.28	3	1
1:A:21:VAL:HG21	1:A:171:PHE:C	0.69	2.12	10	1
1:A:166:LEU:HD23	1:A:169:ASP:HB2	0.69	1.64	10	1
1:A:159:VAL:HG11	1:A:166:LEU:HD13	0.69	1.65	17	1
1:A:127:LEU:N	1:A:127:LEU:CD1	0.69	2.56	5	2
1:A:21:VAL:O	1:A:171:PHE:CE1	0.68	2.46	17	11
1:A:22:PHE:CE1	1:A:35:LEU:HB3	0.68	2.23	11	3
1:A:109:LEU:HD21	1:A:138:PHE:CE1	0.68	2.22	15	1
1:A:139:PRO:O	1:A:140:ARG:HB2	0.68	1.88	4	6
1:A:34:GLU:CD	1:A:167:LEU:HD23	0.68	2.14	19	1
1:A:151:MET:O	1:A:155:LEU:HD21	0.68	1.88	1	5
1:A:89:HIS:CE1	1:A:93:ILE:CG2	0.68	2.76	19	3
1:A:110:ALA:HB2	1:A:151:MET:CG	0.68	2.19	12	4
1:A:24:PHE:CD1	1:A:24:PHE:C	0.68	2.71	10	20
1:A:17:THR:HG23	1:A:178:ILE:HB	0.68	1.64	18	9
1:A:25:LEU:HD23	1:A:34:GLU:C	0.68	2.12	6	12
1:A:106:VAL:C	1:A:151:MET:CE	0.68	2.66	12	3
1:A:21:VAL:CG2	1:A:175:VAL:HG21	0.68	2.17	8	1
1:A:165:SER:O	1:A:166:LEU:HD12	0.68	1.89	10	2
1:A:38:LEU:CD2	1:A:167:LEU:C	0.68	2.66	1	11
1:A:145:ASP:CG	1:A:185:TYR:CE1	0.68	2.72	17	3
1:A:134:VAL:HB	1:A:151:MET:SD	0.68	2.29	15	1
1:A:109:LEU:HG	1:A:138:PHE:CE1	0.68	2.23	12	4
1:A:185:TYR:CD1	1:A:185:TYR:C	0.68	2.72	13	7
1:A:110:ALA:CB	1:A:151:MET:HG2	0.68	2.19	6	1
1:A:89:HIS:CE1	1:A:93:ILE:HG22	0.68	2.23	19	2
1:A:131:LEU:HD22	1:A:131:LEU:O	0.68	1.88	18	1
1:A:175:VAL:O	1:A:175:VAL:CG1	0.68	2.41	3	20

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:152:THR:HA	1:A:155:LEU:HD23	0.68	1.64	2	3
1:A:20:LEU:HD21	1:A:90:LEU:CG	0.67	2.18	16	14
1:A:114:MET:HG2	1:A:155:LEU:HD23	0.67	1.66	3	1
1:A:134:VAL:CG1	1:A:151:MET:SD	0.67	2.83	15	1
1:A:149:LEU:HD12	1:A:150:ILE:N	0.67	2.04	18	1
1:A:131:LEU:HD12	1:A:131:LEU:O	0.67	1.87	1	2
1:A:172:HIS:O	1:A:176:ASN:CB	0.67	2.43	8	15
1:A:110:ALA:CB	1:A:154:LEU:CD2	0.67	2.72	14	3
1:A:113:PHE:CD1	1:A:126:CYS:C	0.67	2.72	7	6
1:A:126:CYS:HG	1:A:127:LEU:HD23	0.67	1.49	2	1
1:A:152:THR:HG21	1:A:177:PHE:CB	0.67	2.19	20	4
1:A:177:PHE:O	1:A:180:GLN:CG	0.67	2.43	18	1
1:A:109:LEU:O	1:A:112:GLN:CB	0.67	2.43	20	13
1:A:30:CYS:SG	1:A:160:ALA:HB1	0.67	2.30	13	3
1:A:109:LEU:O	1:A:112:GLN:OE1	0.67	2.13	20	2
1:A:131:LEU:HB2	1:A:182:LEU:HD21	0.67	1.65	19	1
1:A:124:ARG:HA	1:A:127:LEU:HD11	0.67	1.65	17	9
1:A:134:VAL:HG21	1:A:151:MET:CG	0.67	2.20	13	3
1:A:133:GLU:HA	1:A:136:THR:HG22	0.67	1.66	17	1
1:A:21:VAL:CB	1:A:175:VAL:CG2	0.67	2.72	14	19
1:A:130:ALA:HB3	1:A:177:PHE:CZ	0.67	2.24	5	13
1:A:20:LEU:HD22	1:A:20:LEU:O	0.67	1.88	18	6
1:A:17:THR:HG21	1:A:179:ASN:CA	0.67	2.19	3	6
1:A:101:ILE:HD13	1:A:107:ARG:HD3	0.67	1.67	4	1
1:A:146:LYS:CB	1:A:185:TYR:OH	0.67	2.42	5	1
1:A:38:LEU:HD12	1:A:171:PHE:CG	0.67	2.25	19	2
1:A:114:MET:CB	1:A:155:LEU:HD12	0.67	2.20	19	2
1:A:21:VAL:HG12	1:A:22:PHE:N	0.67	2.04	18	18
1:A:175:VAL:CA	1:A:178:ILE:HD12	0.67	2.19	6	3
1:A:21:VAL:N	1:A:175:VAL:HG23	0.67	2.05	2	19
1:A:107:ARG:HH21	1:A:108:GLN:CG	0.67	2.03	18	1
1:A:109:LEU:O	1:A:112:GLN:HG2	0.67	1.89	19	12
1:A:139:PRO:C	1:A:144:ASN:CB	0.67	2.68	4	7
1:A:156:ALA:O	1:A:160:ALA:HB2	0.67	1.90	13	3
1:A:109:LEU:HD11	1:A:133:GLU:HB3	0.67	1.67	9	2
1:A:38:LEU:CD1	1:A:168:ARG:N	0.67	2.58	18	2
1:A:39:GLY:N	1:A:171:PHE:CD2	0.66	2.63	11	6
1:A:109:LEU:O	1:A:112:GLN:HB3	0.66	1.90	20	7
1:A:127:LEU:HD12	1:A:176:ASN:CB	0.66	2.21	6	9
1:A:124:ARG:O	1:A:127:LEU:CD2	0.66	2.44	11	2
1:A:16:ILE:HD12	1:A:19:LEU:CB	0.66	2.21	7	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:38:LEU:CD1	1:A:167:LEU:O	0.66	2.43	16	2
1:A:24:PHE:O	1:A:91:ALA:CB	0.66	2.44	20	20
1:A:35:LEU:O	1:A:39:GLY:N	0.66	2.28	11	17
1:A:139:PRO:CA	1:A:144:ASN:HB2	0.66	2.20	4	2
1:A:25:LEU:HB3	1:A:35:LEU:CB	0.66	2.21	17	10
1:A:24:PHE:CD2	1:A:91:ALA:HA	0.66	2.23	10	13
1:A:22:PHE:CE1	1:A:35:LEU:CD2	0.66	2.79	13	6
1:A:159:VAL:HG12	1:A:160:ALA:N	0.66	2.06	7	5
1:A:104:THR:O	1:A:105:LEU:HD12	0.66	1.91	20	3
1:A:38:LEU:HD11	1:A:168:ARG:N	0.66	2.05	10	2
1:A:17:THR:O	1:A:175:VAL:HG22	0.66	1.91	14	14
1:A:113:PHE:HE1	1:A:127:LEU:HD12	0.66	1.48	5	2
1:A:22:PHE:CD1	1:A:35:LEU:O	0.66	2.49	6	5
1:A:158:LYS:O	1:A:162:HIS:CB	0.66	2.44	11	20
1:A:154:LEU:HD13	1:A:155:LEU:HD12	0.66	1.68	3	6
1:A:155:LEU:HD12	1:A:155:LEU:H	0.66	1.50	11	9
1:A:38:LEU:CD1	1:A:171:PHE:CD1	0.66	2.78	15	3
1:A:152:THR:OG1	1:A:174:THR:CA	0.66	2.44	9	12
1:A:26:GLN:HB2	1:A:35:LEU:HD12	0.66	1.67	9	2
1:A:176:ASN:ND2	1:A:177:PHE:N	0.65	2.44	17	11
1:A:147:ALA:O	1:A:150:ILE:HG12	0.65	1.91	9	1
1:A:38:LEU:CD2	1:A:167:LEU:CD2	0.65	2.73	13	2
1:A:110:ALA:HB2	1:A:151:MET:CE	0.65	2.20	11	8
1:A:37:VAL:CG1	1:A:38:LEU:HD23	0.65	2.20	13	3
1:A:114:MET:HG3	1:A:155:LEU:HD23	0.65	1.68	20	4
1:A:104:THR:O	1:A:105:LEU:CG	0.65	2.43	20	9
1:A:113:PHE:HD2	1:A:130:ALA:HB2	0.65	1.48	6	10
1:A:155:LEU:CD2	1:A:155:LEU:N	0.65	2.49	19	6
1:A:175:VAL:O	1:A:179:ASN:CB	0.65	2.44	16	12
1:A:35:LEU:HD22	1:A:35:LEU:C	0.65	2.17	3	2
1:A:109:LEU:HD21	1:A:133:GLU:HB3	0.65	1.68	3	3
1:A:180:GLN:HG3	1:A:182:LEU:H	0.65	1.50	18	1
1:A:103:PRO:O	1:A:104:THR:HG23	0.65	1.90	19	1
1:A:127:LEU:CD1	1:A:176:ASN:CB	0.65	2.74	14	9
1:A:127:LEU:O	1:A:130:ALA:N	0.65	2.28	12	15
1:A:172:HIS:O	1:A:176:ASN:OD1	0.65	2.13	3	1
1:A:20:LEU:CD1	1:A:20:LEU:O	0.65	2.44	12	5
1:A:114:MET:HG3	1:A:155:LEU:HD12	0.65	1.69	8	3
1:A:90:LEU:CD2	1:A:153:MET:HE3	0.65	2.21	3	1
1:A:90:LEU:CD1	1:A:149:LEU:HD11	0.65	2.21	5	1
1:A:37:VAL:CG1	1:A:38:LEU:N	0.65	2.60	10	12

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:141:ASP:O	1:A:145:ASP:HB2	0.65	1.91	19	16
1:A:152:THR:HG22	1:A:177:PHE:CD1	0.65	2.26	3	3
1:A:22:PHE:CE1	1:A:35:LEU:CG	0.65	2.80	5	6
1:A:152:THR:HG23	1:A:174:THR:CA	0.65	2.21	17	4
1:A:113:PHE:CD1	1:A:126:CYS:O	0.65	2.50	7	4
1:A:148:MET:HE3	1:A:181:ASN:OD1	0.65	1.90	7	1
1:A:90:LEU:HD11	1:A:149:LEU:CD1	0.65	2.21	5	1
1:A:128:ALA:HB2	1:A:176:ASN:OD1	0.65	1.92	5	2
1:A:132:ASP:O	1:A:136:THR:CG2	0.65	2.45	13	5
1:A:113:PHE:HZ	1:A:155:LEU:CD1	0.65	2.05	5	7
1:A:155:LEU:N	1:A:155:LEU:HD22	0.65	2.06	2	1
1:A:145:ASP:OD2	1:A:185:TYR:CD1	0.65	2.50	16	5
1:A:22:PHE:HA	1:A:171:PHE:CE2	0.65	2.27	19	10
1:A:16:ILE:HG23	1:A:83:ILE:HD12	0.65	1.69	18	1
1:A:142:MET:O	1:A:146:LYS:CB	0.65	2.45	17	8
1:A:155:LEU:C	1:A:159:VAL:HG23	0.65	2.17	14	7
1:A:109:LEU:C	1:A:112:GLN:HG3	0.65	2.16	14	3
1:A:35:LEU:O	1:A:39:GLY:HA3	0.65	1.91	11	16
1:A:167:LEU:O	1:A:170:VAL:HG12	0.65	1.91	8	2
1:A:138:PHE:N	1:A:139:PRO:HD3	0.65	2.07	17	11
1:A:127:LEU:CD1	1:A:176:ASN:HB2	0.64	2.22	1	12
1:A:181:ASN:CG	1:A:182:LEU:HD22	0.64	2.17	7	6
1:A:35:LEU:C	1:A:35:LEU:CD2	0.64	2.70	13	5
1:A:107:ARG:HH21	1:A:108:GLN:CB	0.64	2.05	18	1
1:A:102:GLN:N	1:A:103:PRO:HD3	0.64	2.06	9	20
1:A:159:VAL:CG1	1:A:166:LEU:HD12	0.64	2.19	4	2
1:A:179:ASN:C	1:A:179:ASN:ND2	0.64	2.54	13	3
1:A:20:LEU:HD13	1:A:20:LEU:C	0.64	2.16	16	10
1:A:25:LEU:HD21	1:A:38:LEU:CD1	0.64	2.22	13	6
1:A:151:MET:O	1:A:155:LEU:CD1	0.64	2.44	11	7
1:A:142:MET:N	1:A:185:TYR:OH	0.64	2.30	17	4
1:A:22:PHE:CD1	1:A:35:LEU:HD22	0.64	2.28	17	1
1:A:139:PRO:HA	1:A:144:ASN:CG	0.64	2.18	8	10
1:A:155:LEU:O	1:A:159:VAL:CG1	0.64	2.46	2	2
1:A:17:THR:HG23	1:A:178:ILE:CB	0.64	2.22	18	8
1:A:103:PRO:HD2	1:A:106:VAL:HB	0.64	1.69	3	5
1:A:152:THR:CB	1:A:177:PHE:HB2	0.64	2.22	17	3
1:A:104:THR:CG2	1:A:138:PHE:CD1	0.64	2.81	8	1
1:A:131:LEU:HG	1:A:182:LEU:HD21	0.64	1.70	11	1
1:A:16:ILE:CG2	1:A:83:ILE:HD12	0.64	2.22	18	1
1:A:35:LEU:O	1:A:39:GLY:CA	0.64	2.46	11	15

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:113:PHE:CG	1:A:126:CYS:O	0.64	2.51	15	8
1:A:130:ALA:C	1:A:134:VAL:HG12	0.64	2.18	4	14
1:A:38:LEU:HD21	1:A:167:LEU:CD2	0.64	2.22	19	6
1:A:24:PHE:CZ	1:A:153:MET:HE2	0.64	2.26	8	1
1:A:40:ARG:CG	1:A:40:ARG:O	0.64	2.46	10	2
1:A:38:LEU:HB3	1:A:171:PHE:CD1	0.64	2.25	20	3
1:A:168:ARG:O	1:A:172:HIS:CB	0.64	2.46	2	3
1:A:20:LEU:CD2	1:A:90:LEU:HD13	0.64	2.23	12	5
1:A:38:LEU:HD13	1:A:170:VAL:HG11	0.64	1.68	11	2
1:A:130:ALA:O	1:A:134:VAL:CB	0.64	2.46	5	2
1:A:180:GLN:CG	1:A:181:ASN:N	0.64	2.60	18	1
1:A:181:ASN:C	1:A:182:LEU:HD13	0.63	2.18	12	12
1:A:16:ILE:HD11	1:A:84:HIS:CE1	0.63	2.28	13	6
1:A:131:LEU:O	1:A:135:LYS:CG	0.63	2.45	19	2
1:A:131:LEU:HA	1:A:177:PHE:CE2	0.63	2.28	17	4
1:A:135:LYS:NZ	1:A:138:PHE:O	0.63	2.29	7	1
1:A:160:ALA:HB3	1:A:170:VAL:HG21	0.63	1.69	8	2
1:A:145:ASP:OD2	1:A:185:TYR:CE1	0.63	2.51	19	3
1:A:177:PHE:CB	1:A:182:LEU:HD23	0.63	2.23	19	1
1:A:21:VAL:H	1:A:175:VAL:CG2	0.63	2.06	18	18
1:A:176:ASN:ND2	1:A:177:PHE:CD2	0.63	2.66	2	1
1:A:97:MET:CG	1:A:98:ASP:N	0.63	2.62	17	3
1:A:103:PRO:C	1:A:104:THR:CG2	0.63	2.69	19	3
1:A:109:LEU:HD12	1:A:134:VAL:HB	0.63	1.70	17	3
1:A:90:LEU:HD21	1:A:149:LEU:CD2	0.63	2.20	15	1
1:A:113:PHE:CG	1:A:114:MET:N	0.63	2.66	8	19
1:A:166:LEU:O	1:A:170:VAL:N	0.63	2.30	20	4
1:A:134:VAL:CB	1:A:138:PHE:CE2	0.63	2.81	15	6
1:A:26:GLN:CA	1:A:35:LEU:HD21	0.63	2.23	20	3
1:A:153:MET:SD	1:A:153:MET:C	0.63	2.82	16	3
1:A:131:LEU:C	1:A:131:LEU:CD2	0.63	2.70	11	3
1:A:17:THR:O	1:A:20:LEU:HB3	0.63	1.93	20	19
1:A:25:LEU:HD23	1:A:35:LEU:HA	0.63	1.70	16	4
1:A:172:HIS:O	1:A:176:ASN:HB3	0.63	1.93	8	11
1:A:151:MET:SD	1:A:154:LEU:HD23	0.63	2.33	2	1
1:A:159:VAL:O	1:A:160:ALA:C	0.63	2.40	11	13
1:A:156:ALA:HB1	1:A:160:ALA:HB3	0.63	1.68	2	1
1:A:105:LEU:HD23	1:A:105:LEU:C	0.63	2.18	12	1
1:A:37:VAL:HG12	1:A:38:LEU:HD22	0.63	1.71	18	1
1:A:168:ARG:CG	1:A:169:ASP:N	0.63	2.60	3	12
1:A:182:LEU:O	1:A:183:PHE:C	0.63	2.42	20	17

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:140:ARG:O	1:A:144:ASN:ND2	0.63	2.31	3	1
1:A:159:VAL:HB	1:A:170:VAL:CG2	0.63	2.24	12	10
1:A:134:VAL:CG2	1:A:151:MET:HE2	0.63	2.24	10	2
1:A:149:LEU:O	1:A:149:LEU:HD22	0.63	1.93	15	1
1:A:167:LEU:C	1:A:167:LEU:HD22	0.63	2.18	16	1
1:A:25:LEU:O	1:A:29:GLY:N	0.63	2.31	15	5
1:A:31:THR:CB	1:A:34:GLU:HB2	0.63	2.24	2	2
1:A:125:ASN:O	1:A:129:LYS:N	0.63	2.32	5	13
1:A:152:THR:CA	1:A:155:LEU:HD23	0.63	2.24	2	5
1:A:28:SER:O	1:A:29:GLY:C	0.63	2.42	4	2
1:A:131:LEU:HD12	1:A:148:MET:CE	0.63	2.24	20	2
1:A:109:LEU:HG	1:A:138:PHE:CZ	0.63	2.29	12	2
1:A:127:LEU:O	1:A:130:ALA:HB3	0.63	1.94	12	3
1:A:135:LYS:CE	1:A:144:ASN:OD1	0.63	2.47	18	1
1:A:39:GLY:N	1:A:171:PHE:CE2	0.62	2.66	11	9
1:A:160:ALA:CB	1:A:170:VAL:CG1	0.62	2.73	8	6
1:A:109:LEU:HD11	1:A:133:GLU:HG3	0.62	1.71	17	1
1:A:140:ARG:O	1:A:144:ASN:HB3	0.62	1.93	4	3
1:A:154:LEU:C	1:A:154:LEU:CD1	0.62	2.72	2	1
1:A:159:VAL:CA	1:A:163:ALA:HB3	0.62	2.22	4	5
1:A:145:ASP:O	1:A:149:LEU:HD12	0.62	1.94	9	1
1:A:107:ARG:CZ	1:A:150:ILE:HG21	0.62	2.23	19	1
1:A:21:VAL:HG13	1:A:175:VAL:HB	0.62	1.71	8	1
1:A:154:LEU:CD1	1:A:155:LEU:CD1	0.62	2.78	8	5
1:A:97:MET:HE1	1:A:150:ILE:O	0.62	1.94	17	1
1:A:182:LEU:C	1:A:183:PHE:O	0.62	2.42	18	1
1:A:106:VAL:HG12	1:A:107:ARG:HD3	0.62	1.70	19	1
1:A:38:LEU:HD12	1:A:171:PHE:CE1	0.62	2.30	15	4
1:A:156:ALA:C	1:A:160:ALA:HB3	0.62	2.20	2	1
1:A:159:VAL:CG1	1:A:163:ALA:O	0.62	2.47	16	9
1:A:183:PHE:O	1:A:184:SER:CB	0.62	2.47	20	7
1:A:21:VAL:CG1	1:A:171:PHE:O	0.62	2.48	8	1
1:A:84:HIS:O	1:A:87:ALA:HB3	0.62	1.93	13	18
1:A:155:LEU:HD13	1:A:173:THR:CG2	0.62	2.25	4	4
1:A:38:LEU:HD22	1:A:167:LEU:HD23	0.62	1.71	16	1
1:A:16:ILE:CG2	1:A:183:PHE:CE2	0.62	2.82	14	2
1:A:93:ILE:HD12	1:A:97:MET:HG2	0.62	1.72	16	1
1:A:106:VAL:HA	1:A:138:PHE:CE1	0.62	2.30	4	8
1:A:134:VAL:O	1:A:138:PHE:CG	0.62	2.53	2	5
1:A:175:VAL:O	1:A:175:VAL:HG12	0.62	1.93	15	11
1:A:25:LEU:HD22	1:A:171:PHE:HE1	0.62	1.50	2	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:21:VAL:CB	1:A:175:VAL:HG23	0.62	2.23	10	3
1:A:145:ASP:HA	1:A:185:TYR:CE2	0.62	2.30	16	1
1:A:135:LYS:NZ	1:A:148:MET:N	0.62	2.48	18	1
1:A:24:PHE:O	1:A:91:ALA:HB3	0.62	1.94	1	18
1:A:140:ARG:N	1:A:144:ASN:HB2	0.62	2.08	14	13
1:A:178:ILE:O	1:A:183:PHE:HA	0.62	1.95	18	4
1:A:22:PHE:CE1	1:A:39:GLY:HA3	0.62	2.29	3	3
1:A:25:LEU:CD2	1:A:34:GLU:CG	0.62	2.78	8	3
1:A:21:VAL:HG22	1:A:171:PHE:CG	0.62	2.29	10	1
1:A:131:LEU:HB3	1:A:177:PHE:CE1	0.61	2.30	19	5
1:A:138:PHE:CD2	1:A:147:ALA:CB	0.61	2.83	5	1
1:A:144:ASN:N	1:A:144:ASN:ND2	0.61	2.47	5	2
1:A:152:THR:CB	1:A:177:PHE:CD1	0.61	2.82	11	3
1:A:90:LEU:O	1:A:93:ILE:CG1	0.61	2.48	16	5
1:A:152:THR:HG1	1:A:174:THR:CA	0.61	2.06	9	1
1:A:134:VAL:HG23	1:A:138:PHE:HD2	0.61	1.53	14	2
1:A:87:ALA:O	1:A:90:LEU:HB2	0.61	1.95	12	20
1:A:127:LEU:O	1:A:177:PHE:HE1	0.61	1.77	18	12
1:A:135:LYS:HG3	1:A:139:PRO:HA	0.61	1.71	7	1
1:A:159:VAL:HG11	1:A:170:VAL:HG23	0.61	1.69	15	3
1:A:31:THR:HB	1:A:34:GLU:HB2	0.61	1.71	2	3
1:A:131:LEU:HB2	1:A:148:MET:HE3	0.61	1.71	3	2
1:A:152:THR:CG2	1:A:177:PHE:HB2	0.61	2.26	8	6
1:A:159:VAL:HG12	1:A:170:VAL:HG21	0.61	1.72	10	2
1:A:151:MET:O	1:A:154:LEU:HB3	0.61	1.95	5	13
1:A:109:LEU:CD1	1:A:109:LEU:C	0.61	2.69	16	7
1:A:141:ASP:O	1:A:144:ASN:ND2	0.61	2.34	3	1
1:A:25:LEU:HB3	1:A:35:LEU:CG	0.61	2.25	20	3
1:A:34:GLU:HG2	1:A:38:LEU:HD23	0.61	1.70	16	1
1:A:124:ARG:HB3	1:A:172:HIS:CE1	0.61	2.29	6	2
1:A:159:VAL:O	1:A:161:SER:N	0.61	2.34	2	9
1:A:153:MET:O	1:A:157:LYS:CB	0.61	2.49	17	2
1:A:134:VAL:CG2	1:A:151:MET:HG3	0.61	2.25	7	1
1:A:93:ILE:HD11	1:A:153:MET:SD	0.61	2.36	19	2
1:A:176:ASN:O	1:A:179:ASN:OD1	0.61	2.18	13	3
1:A:38:LEU:HD11	1:A:168:ARG:HA	0.61	1.72	16	1
1:A:110:ALA:HB1	1:A:151:MET:HB3	0.61	1.70	13	6
1:A:142:MET:CG	1:A:185:TYR:CE2	0.61	2.83	6	1
1:A:111:ALA:HB2	1:A:154:LEU:HD11	0.61	1.71	11	1
1:A:104:THR:HG22	1:A:105:LEU:HD22	0.61	1.70	12	1
1:A:178:ILE:HG23	1:A:184:SER:H	0.61	1.55	19	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:127:LEU:HD13	1:A:176:ASN:CB	0.61	2.26	7	5
1:A:167:LEU:CD1	1:A:168:ARG:N	0.61	2.63	7	6
1:A:174:THR:C	1:A:176:ASN:H	0.61	2.04	10	18
1:A:109:LEU:HD12	1:A:109:LEU:H	0.61	1.55	5	2
1:A:110:ALA:HB2	1:A:151:MET:HG2	0.61	1.72	6	1
1:A:151:MET:SD	1:A:154:LEU:HD12	0.61	2.35	6	1
1:A:135:LYS:NZ	1:A:148:MET:H	0.61	1.93	18	1
1:A:35:LEU:HA	1:A:171:PHE:CZ	0.61	2.31	13	13
1:A:168:ARG:HG3	1:A:169:ASP:N	0.61	2.10	16	12
1:A:102:GLN:CG	1:A:102:GLN:O	0.61	2.48	18	4
1:A:146:LYS:O	1:A:150:ILE:HD12	0.61	1.94	14	1
1:A:131:LEU:CG	1:A:182:LEU:HD23	0.61	2.24	18	1
1:A:16:ILE:HG12	1:A:183:PHE:CZ	0.61	2.31	1	2
1:A:35:LEU:HD13	1:A:35:LEU:C	0.61	2.20	3	1
1:A:159:VAL:HG11	1:A:166:LEU:CD1	0.61	2.22	4	2
1:A:137:ALA:CB	1:A:138:PHE:CE1	0.60	2.84	8	7
1:A:159:VAL:HA	1:A:163:ALA:CB	0.60	2.23	4	6
1:A:26:GLN:HB2	1:A:35:LEU:HD13	0.60	1.70	10	3
1:A:97:MET:SD	1:A:150:ILE:HG23	0.60	2.36	10	1
1:A:101:ILE:O	1:A:102:GLN:CB	0.60	2.49	18	20
1:A:110:ALA:HA	1:A:130:ALA:HB1	0.60	1.72	8	7
1:A:183:PHE:O	1:A:183:PHE:CD1	0.60	2.54	12	3
1:A:38:LEU:HD13	1:A:170:VAL:HG12	0.60	1.72	8	5
1:A:38:LEU:CD2	1:A:167:LEU:O	0.60	2.49	16	1
1:A:106:VAL:CG1	1:A:138:PHE:CE2	0.60	2.83	15	5
1:A:134:VAL:HG11	1:A:151:MET:SD	0.60	2.35	15	1
1:A:24:PHE:HD1	1:A:25:LEU:N	0.60	1.93	2	14
1:A:38:LEU:HD23	1:A:167:LEU:CD2	0.60	2.25	2	6
1:A:170:VAL:CG1	1:A:171:PHE:N	0.60	2.64	10	18
1:A:106:VAL:CG2	1:A:138:PHE:CD1	0.60	2.80	2	2
1:A:124:ARG:O	1:A:127:LEU:CG	0.60	2.49	11	2
1:A:34:GLU:O	1:A:38:LEU:N	0.60	2.31	16	3
1:A:37:VAL:HG13	1:A:167:LEU:CD2	0.60	2.26	2	3
1:A:97:MET:HE2	1:A:150:ILE:HD11	0.60	1.72	3	1
1:A:127:LEU:HG	1:A:173:THR:CG2	0.60	2.23	5	1
1:A:134:VAL:HG13	1:A:138:PHE:CE2	0.60	2.32	7	2
1:A:127:LEU:HD12	1:A:176:ASN:OD1	0.60	1.96	9	2
1:A:17:THR:HG23	1:A:178:ILE:HG22	0.60	1.73	19	4
1:A:25:LEU:HB2	1:A:171:PHE:HZ	0.60	1.52	19	2
1:A:16:ILE:HG21	1:A:183:PHE:CD2	0.60	2.30	1	2
1:A:105:LEU:O	1:A:109:LEU:N	0.60	2.34	12	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:21:VAL:CG1	1:A:171:PHE:CD2	0.60	2.79	14	1
1:A:37:VAL:CG1	1:A:38:LEU:HD22	0.60	2.27	18	1
1:A:38:LEU:HD13	1:A:171:PHE:CD1	0.60	2.32	2	2
1:A:109:LEU:O	1:A:112:GLN:N	0.60	2.33	20	9
1:A:152:THR:HB	1:A:177:PHE:CD1	0.60	2.31	11	4
1:A:22:PHE:O	1:A:35:LEU:CD1	0.60	2.49	8	1
1:A:108:GLN:O	1:A:112:GLN:HB3	0.60	1.97	9	2
1:A:21:VAL:H	1:A:175:VAL:HG23	0.60	1.57	10	1
1:A:127:LEU:N	1:A:127:LEU:HD23	0.60	2.11	16	1
1:A:183:PHE:CD1	1:A:184:SER:N	0.60	2.70	18	1
1:A:138:PHE:O	1:A:144:ASN:CB	0.60	2.50	11	11
1:A:26:GLN:HB3	1:A:35:LEU:HD12	0.60	1.71	7	1
1:A:20:LEU:HD12	1:A:178:ILE:CD1	0.60	2.27	19	4
1:A:148:MET:SD	1:A:177:PHE:CD2	0.60	2.95	20	1
1:A:151:MET:O	1:A:154:LEU:N	0.59	2.34	2	9
1:A:135:LYS:O	1:A:139:PRO:HD3	0.59	1.95	5	5
1:A:111:ALA:O	1:A:114:MET:CG	0.59	2.50	10	3
1:A:170:VAL:O	1:A:173:THR:HB	0.59	1.96	17	4
1:A:27:SER:OG	1:A:88:ARG:C	0.59	2.45	19	2
1:A:38:LEU:HD11	1:A:167:LEU:HD13	0.59	1.74	18	1
1:A:93:ILE:O	1:A:97:MET:CB	0.59	2.50	19	9
1:A:135:LYS:O	1:A:136:THR:CG2	0.59	2.49	13	1
1:A:177:PHE:O	1:A:181:ASN:CB	0.59	2.50	15	2
1:A:110:ALA:HB1	1:A:154:LEU:HD21	0.59	1.75	14	3
1:A:177:PHE:C	1:A:181:ASN:HB3	0.59	2.21	15	1
1:A:21:VAL:HG12	1:A:22:PHE:H	0.59	1.57	16	18
1:A:152:THR:HB	1:A:173:THR:C	0.59	2.21	20	6
1:A:20:LEU:CD1	1:A:178:ILE:CD1	0.59	2.80	18	4
1:A:142:MET:CB	1:A:185:TYR:CE2	0.59	2.85	1	2
1:A:150:ILE:O	1:A:153:MET:CG	0.59	2.50	15	6
1:A:142:MET:O	1:A:185:TYR:OH	0.59	2.21	5	2
1:A:166:LEU:HD12	1:A:168:ARG:HB2	0.59	1.73	8	1
1:A:20:LEU:HD13	1:A:21:VAL:N	0.59	2.13	10	1
1:A:156:ALA:CA	1:A:160:ALA:HB3	0.59	2.28	2	1
1:A:159:VAL:HG21	1:A:166:LEU:HD12	0.59	1.74	2	1
1:A:152:THR:HG21	1:A:177:PHE:CG	0.59	2.33	20	2
1:A:142:MET:HB2	1:A:185:TYR:CE2	0.59	2.32	6	1
1:A:131:LEU:CD2	1:A:148:MET:SD	0.59	2.91	9	2
1:A:131:LEU:CB	1:A:177:PHE:CE2	0.59	2.85	14	2
1:A:112:GLN:HG2	1:A:113:PHE:H	0.59	1.56	1	10
1:A:20:LEU:HD21	1:A:90:LEU:HB2	0.59	1.73	13	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:154:LEU:CD1	1:A:155:LEU:N	0.59	2.59	2	3
1:A:21:VAL:CB	1:A:175:VAL:HG21	0.59	2.20	14	6
1:A:167:LEU:N	1:A:167:LEU:HD13	0.59	2.12	5	1
1:A:90:LEU:HD23	1:A:153:MET:SD	0.59	2.37	6	1
1:A:134:VAL:HG23	1:A:151:MET:HE2	0.59	1.74	10	2
1:A:160:ALA:HA	1:A:170:VAL:HG21	0.59	1.73	11	1
1:A:131:LEU:HD12	1:A:181:ASN:OD1	0.59	1.97	15	1
1:A:107:ARG:CZ	1:A:150:ILE:CG2	0.59	2.80	19	1
1:A:140:ARG:CA	1:A:144:ASN:HB3	0.59	2.27	12	8
1:A:178:ILE:CD1	1:A:179:ASN:N	0.59	2.62	6	3
1:A:22:PHE:O	1:A:35:LEU:CD2	0.59	2.50	17	2
1:A:106:VAL:HG13	1:A:138:PHE:CZ	0.59	2.33	6	1
1:A:25:LEU:CD2	1:A:171:PHE:CZ	0.59	2.86	11	3
1:A:38:LEU:HB2	1:A:171:PHE:CD1	0.59	2.32	20	3
1:A:138:PHE:O	1:A:144:ASN:CG	0.59	2.46	13	3
1:A:32:ARG:O	1:A:35:LEU:HG	0.59	1.97	14	2
1:A:128:ALA:N	1:A:176:ASN:OD1	0.59	2.36	5	2
1:A:22:PHE:CD2	1:A:35:LEU:CD1	0.59	2.86	8	1
1:A:109:LEU:HD23	1:A:138:PHE:HE1	0.59	1.53	13	2
1:A:93:ILE:CG1	1:A:153:MET:HE1	0.59	2.28	18	2
1:A:17:THR:O	1:A:175:VAL:CG2	0.59	2.51	11	14
1:A:178:ILE:O	1:A:183:PHE:N	0.59	2.36	11	2
1:A:159:VAL:HG12	1:A:163:ALA:O	0.59	1.98	12	3
1:A:148:MET:HE3	1:A:182:LEU:HD11	0.58	1.74	2	1
1:A:20:LEU:O	1:A:24:PHE:N	0.58	2.35	3	12
1:A:158:LYS:O	1:A:162:HIS:CA	0.58	2.51	8	3
1:A:38:LEU:HD12	1:A:171:PHE:HB2	0.58	1.75	16	1
1:A:152:THR:C	1:A:155:LEU:HD23	0.58	2.22	1	8
1:A:160:ALA:HB2	1:A:170:VAL:HG21	0.58	1.75	10	4
1:A:38:LEU:CD1	1:A:167:LEU:CD2	0.58	2.80	10	1
1:A:134:VAL:CB	1:A:151:MET:SD	0.58	2.92	15	1
1:A:24:PHE:CD1	1:A:25:LEU:N	0.58	2.70	2	13
1:A:27:SER:CB	1:A:88:ARG:O	0.58	2.51	11	19
1:A:38:LEU:HB3	1:A:171:PHE:HB2	0.58	1.75	9	8
1:A:25:LEU:HB3	1:A:35:LEU:CD1	0.58	2.28	4	2
1:A:142:MET:HG3	1:A:185:TYR:CD2	0.58	2.33	6	1
1:A:159:VAL:HG22	1:A:163:ALA:CB	0.58	2.27	10	2
1:A:109:LEU:C	1:A:112:GLN:CG	0.58	2.69	12	2
1:A:146:LYS:HA	1:A:146:LYS:HZ2	0.58	1.58	14	1
1:A:27:SER:HG	1:A:88:ARG:C	0.58	2.06	19	1
1:A:17:THR:HG23	1:A:178:ILE:CD1	0.58	2.23	17	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:93:ILE:O	1:A:97:MET:N	0.58	2.34	16	12
1:A:125:ASN:O	1:A:129:LYS:CB	0.58	2.51	2	7
1:A:134:VAL:CG1	1:A:151:MET:HG3	0.58	2.29	9	7
1:A:152:THR:CB	1:A:174:THR:HA	0.58	2.26	3	9
1:A:16:ILE:CG2	1:A:183:PHE:CE1	0.58	2.76	8	1
1:A:159:VAL:HA	1:A:163:ALA:H	0.58	1.59	19	6
1:A:22:PHE:CE2	1:A:35:LEU:CD2	0.58	2.77	3	1
1:A:109:LEU:CD1	1:A:112:GLN:NE2	0.58	2.64	11	2
1:A:146:LYS:N	1:A:185:TYR:OH	0.58	2.36	11	2
1:A:38:LEU:CD1	1:A:171:PHE:HB2	0.58	2.28	16	1
1:A:38:LEU:CD1	1:A:167:LEU:HD22	0.58	2.28	18	1
1:A:135:LYS:HZ1	1:A:148:MET:N	0.58	1.96	18	1
1:A:155:LEU:HD22	1:A:173:THR:HG21	0.58	1.76	3	1
1:A:130:ALA:HA	1:A:133:GLU:CG	0.58	2.29	17	1
1:A:16:ILE:HG13	1:A:183:PHE:CZ	0.58	2.34	1	2
1:A:172:HIS:O	1:A:176:ASN:N	0.58	2.36	9	8
1:A:167:LEU:HD12	1:A:168:ARG:H	0.58	1.59	7	4
1:A:127:LEU:HB2	1:A:176:ASN:CG	0.58	2.23	18	4
1:A:154:LEU:CG	1:A:155:LEU:HD12	0.58	2.27	16	1
1:A:159:VAL:HG22	1:A:160:ALA:N	0.58	2.13	2	1
1:A:17:THR:CG2	1:A:178:ILE:HD11	0.58	2.21	17	2
1:A:135:LYS:O	1:A:139:PRO:CB	0.58	2.52	20	3
1:A:154:LEU:HD11	1:A:155:LEU:CD1	0.58	2.27	2	3
1:A:158:LYS:HG3	1:A:159:VAL:HG23	0.58	1.76	3	1
1:A:124:ARG:C	1:A:124:ARG:CD	0.58	2.76	8	1
1:A:21:VAL:CG2	1:A:171:PHE:C	0.58	2.77	11	14
1:A:21:VAL:HG23	1:A:171:PHE:O	0.58	1.96	2	14
1:A:30:CYS:HB3	1:A:34:GLU:CB	0.58	2.28	4	6
1:A:26:GLN:HG3	1:A:35:LEU:HD13	0.58	1.76	13	1
1:A:89:HIS:CE1	1:A:93:ILE:CD1	0.58	2.86	14	2
1:A:102:GLN:N	1:A:103:PRO:CD	0.57	2.67	3	19
1:A:127:LEU:HB2	1:A:176:ASN:ND2	0.57	2.13	9	6
1:A:38:LEU:HD23	1:A:38:LEU:N	0.57	2.14	8	3
1:A:131:LEU:O	1:A:131:LEU:HD23	0.57	1.99	11	1
1:A:134:VAL:HG22	1:A:135:LYS:NZ	0.57	2.15	18	1
1:A:174:THR:OG1	1:A:175:VAL:N	0.57	2.35	7	12
1:A:159:VAL:CB	1:A:163:ALA:HB3	0.57	2.28	2	1
1:A:139:PRO:HA	1:A:144:ASN:HB2	0.57	1.76	4	2
1:A:17:THR:HG23	1:A:175:VAL:CG1	0.57	2.24	6	1
1:A:138:PHE:O	1:A:144:ASN:OD1	0.57	2.22	17	3
1:A:38:LEU:HG	1:A:171:PHE:CG	0.57	2.34	16	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:38:LEU:CG	1:A:167:LEU:HB2	0.57	2.29	18	1
1:A:178:ILE:HG23	1:A:184:SER:N	0.57	2.14	19	1
1:A:32:ARG:C	1:A:35:LEU:HD23	0.57	2.23	1	2
1:A:175:VAL:O	1:A:179:ASN:HB2	0.57	1.99	15	6
1:A:114:MET:HE3	1:A:155:LEU:HD23	0.57	1.77	11	1
1:A:129:LYS:O	1:A:133:GLU:CD	0.57	2.47	17	2
1:A:25:LEU:HD11	1:A:30:CYS:H	0.57	1.59	1	1
1:A:102:GLN:H	1:A:103:PRO:CD	0.57	2.11	15	16
1:A:156:ALA:O	1:A:161:SER:HB2	0.57	1.99	7	4
1:A:154:LEU:HD13	1:A:155:LEU:H	0.57	1.59	20	2
1:A:167:LEU:CD1	1:A:167:LEU:H	0.57	2.09	12	5
1:A:21:VAL:CG2	1:A:175:VAL:HB	0.57	2.29	2	12
1:A:150:ILE:HB	1:A:153:MET:HE2	0.57	1.76	1	1
1:A:101:ILE:CG2	1:A:107:ARG:NE	0.57	2.67	4	1
1:A:107:ARG:NH2	1:A:108:GLN:CG	0.57	2.67	18	1
1:A:139:PRO:O	1:A:145:ASP:N	0.57	2.37	6	1
1:A:110:ALA:C	1:A:113:PHE:CD2	0.57	2.80	14	4
1:A:20:LEU:HB3	1:A:175:VAL:CG2	0.57	2.30	8	1
1:A:127:LEU:CD1	1:A:176:ASN:CG	0.57	2.78	9	5
1:A:146:LYS:O	1:A:150:ILE:HD13	0.57	2.00	12	2
1:A:25:LEU:HD11	1:A:30:CYS:CB	0.57	2.30	16	2
1:A:177:PHE:O	1:A:181:ASN:HB2	0.57	1.98	13	7
1:A:102:GLN:HA	1:A:106:VAL:HG22	0.57	1.75	14	4
1:A:31:THR:HG22	1:A:34:GLU:N	0.57	2.13	2	3
1:A:140:ARG:CB	1:A:144:ASN:CB	0.57	2.83	11	4
1:A:21:VAL:HG12	1:A:171:PHE:O	0.57	2.00	8	1
1:A:101:ILE:HD12	1:A:106:VAL:CG2	0.57	2.26	8	1
1:A:132:ASP:O	1:A:136:THR:CB	0.57	2.53	13	2
1:A:124:ARG:CB	1:A:127:LEU:HD11	0.57	2.29	15	1
1:A:156:ALA:HB2	1:A:170:VAL:HG13	0.57	1.77	20	2
1:A:101:ILE:O	1:A:102:GLN:HB2	0.57	2.00	19	10
1:A:154:LEU:CD1	1:A:155:LEU:HD12	0.57	2.29	20	3
1:A:21:VAL:HG13	1:A:175:VAL:CB	0.57	2.30	8	1
1:A:138:PHE:C	1:A:144:ASN:OD1	0.57	2.47	20	3
1:A:112:GLN:CG	1:A:113:PHE:N	0.56	2.67	2	13
1:A:150:ILE:CA	1:A:153:MET:HE2	0.56	2.28	1	1
1:A:97:MET:SD	1:A:107:ARG:CZ	0.56	2.93	2	1
1:A:134:VAL:HB	1:A:138:PHE:CE2	0.56	2.35	15	2
1:A:148:MET:O	1:A:151:MET:HG3	0.56	2.00	15	1
1:A:125:ASN:O	1:A:129:LYS:HB2	0.56	2.01	15	9
1:A:131:LEU:CA	1:A:177:PHE:CZ	0.56	2.88	12	6

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:113:PHE:CZ	1:A:155:LEU:HG	0.56	2.35	8	2
1:A:135:LYS:NZ	1:A:144:ASN:O	0.56	2.37	18	1
1:A:137:ALA:CB	1:A:138:PHE:CD1	0.56	2.88	2	14
1:A:38:LEU:CD2	1:A:167:LEU:HD13	0.56	2.30	19	2
1:A:106:VAL:O	1:A:109:LEU:HB3	0.56	2.00	3	4
1:A:25:LEU:HD12	1:A:29:GLY:HA3	0.56	1.77	4	5
1:A:110:ALA:O	1:A:113:PHE:CG	0.56	2.56	11	2
1:A:142:MET:HA	1:A:185:TYR:CE2	0.56	2.35	19	4
1:A:24:PHE:CE2	1:A:153:MET:HG2	0.56	2.36	8	1
1:A:141:ASP:O	1:A:145:ASP:OD2	0.56	2.24	18	2
1:A:156:ALA:C	1:A:160:ALA:H	0.56	2.05	11	1
1:A:20:LEU:CD1	1:A:174:THR:OG1	0.56	2.54	13	1
1:A:174:THR:O	1:A:178:ILE:HD11	0.56	2.00	16	1
1:A:124:ARG:HA	1:A:127:LEU:CD2	0.56	2.31	18	1
1:A:157:LYS:HA	1:A:161:SER:HB2	0.56	1.78	16	4
1:A:101:ILE:HG21	1:A:107:ARG:NE	0.56	2.16	4	1
1:A:138:PHE:N	1:A:139:PRO:CD	0.56	2.68	17	5
1:A:183:PHE:O	1:A:183:PHE:CG	0.56	2.56	13	3
1:A:89:HIS:NE2	1:A:93:ILE:HG22	0.56	2.16	15	2
1:A:19:LEU:HD22	1:A:84:HIS:ND1	0.56	2.16	10	1
1:A:135:LYS:O	1:A:136:THR:HG23	0.56	2.01	13	1
1:A:32:ARG:HA	1:A:35:LEU:HD11	0.56	1.76	14	2
1:A:106:VAL:CA	1:A:138:PHE:CZ	0.56	2.88	4	6
1:A:184:SER:O	1:A:185:TYR:C	0.56	2.49	6	4
1:A:155:LEU:HD13	1:A:173:THR:HG22	0.56	1.77	4	1
1:A:153:MET:O	1:A:157:LYS:N	0.56	2.34	17	2
1:A:110:ALA:CB	1:A:130:ALA:HB1	0.56	2.30	16	5
1:A:19:LEU:O	1:A:23:GLY:N	0.56	2.38	12	20
1:A:168:ARG:O	1:A:172:HIS:HB2	0.56	2.00	6	2
1:A:135:LYS:CE	1:A:148:MET:HB3	0.56	2.31	7	2
1:A:146:LYS:HZ3	1:A:146:LYS:HB2	0.56	1.60	14	1
1:A:154:LEU:HG	1:A:155:LEU:CD1	0.56	2.30	17	2
1:A:109:LEU:HD13	1:A:133:GLU:HB2	0.56	1.78	14	6
1:A:152:THR:CG2	1:A:153:MET:N	0.56	2.68	11	8
1:A:175:VAL:O	1:A:179:ASN:HB3	0.56	2.01	2	7
1:A:38:LEU:CD2	1:A:167:LEU:HA	0.56	2.31	6	2
1:A:101:ILE:O	1:A:101:ILE:HG22	0.56	2.00	3	4
1:A:153:MET:CE	1:A:178:ILE:HD11	0.56	2.30	3	1
1:A:159:VAL:C	1:A:170:VAL:HG21	0.56	2.26	4	7
1:A:106:VAL:O	1:A:151:MET:HE2	0.56	2.01	5	1
1:A:25:LEU:HB3	1:A:35:LEU:HB3	0.56	1.78	12	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:103:PRO:O	1:A:104:THR:CG2	0.56	2.54	19	3
1:A:185:TYR:O	1:A:185:TYR:CD1	0.56	2.58	15	1
1:A:114:MET:SD	1:A:159:VAL:HG22	0.56	2.40	1	2
1:A:16:ILE:HG22	1:A:183:PHE:CE2	0.56	2.34	14	2
1:A:134:VAL:O	1:A:138:PHE:CE2	0.56	2.58	5	1
1:A:104:THR:O	1:A:105:LEU:CD1	0.56	2.53	20	2
1:A:134:VAL:HB	1:A:138:PHE:CZ	0.56	2.36	9	2
1:A:20:LEU:HD12	1:A:178:ILE:HD13	0.56	1.76	10	3
1:A:93:ILE:O	1:A:97:MET:SD	0.56	2.64	12	5
1:A:89:HIS:NE2	1:A:93:ILE:CG2	0.56	2.68	15	2
1:A:131:LEU:HD12	1:A:181:ASN:CG	0.56	2.26	15	1
1:A:145:ASP:OD1	1:A:185:TYR:CZ	0.56	2.59	16	1
1:A:167:LEU:HD13	1:A:167:LEU:N	0.56	2.16	13	4
1:A:16:ILE:HG21	1:A:183:PHE:CZ	0.56	2.36	9	3
1:A:94:GLY:HA2	1:A:153:MET:HE2	0.56	1.77	4	2
1:A:109:LEU:CD2	1:A:134:VAL:CA	0.56	2.80	8	4
1:A:16:ILE:HG12	1:A:83:ILE:HG21	0.56	1.77	9	1
1:A:111:ALA:O	1:A:114:MET:HG3	0.56	2.01	10	3
1:A:159:VAL:CG1	1:A:170:VAL:CG2	0.56	2.84	15	4
1:A:25:LEU:CD2	1:A:35:LEU:N	0.56	2.69	15	4
1:A:147:ALA:O	1:A:150:ILE:HG13	0.56	1.99	9	2
1:A:159:VAL:HG21	1:A:166:LEU:CD1	0.56	2.31	2	1
1:A:93:ILE:O	1:A:97:MET:HB2	0.56	2.01	9	9
1:A:130:ALA:O	1:A:134:VAL:HB	0.56	2.01	7	3
1:A:16:ILE:CD1	1:A:84:HIS:CE1	0.56	2.89	17	8
1:A:151:MET:HB2	1:A:177:PHE:CE1	0.56	2.36	14	2
1:A:101:ILE:CD1	1:A:150:ILE:HD13	0.56	2.28	15	1
1:A:177:PHE:O	1:A:181:ASN:CA	0.56	2.54	15	1
1:A:127:LEU:HD13	1:A:173:THR:HG23	0.56	1.78	16	1
1:A:149:LEU:CD1	1:A:178:ILE:CG1	0.56	2.84	19	1
1:A:32:ARG:O	1:A:35:LEU:CD2	0.55	2.55	8	4
1:A:93:ILE:CG2	1:A:153:MET:HE1	0.55	2.17	1	1
1:A:152:THR:HB	1:A:177:PHE:HB2	0.55	1.78	2	2
1:A:144:ASN:O	1:A:148:MET:N	0.55	2.38	4	1
1:A:159:VAL:C	1:A:163:ALA:N	0.55	2.59	12	5
1:A:128:ALA:HB1	1:A:180:GLN:CD	0.55	2.26	9	2
1:A:24:PHE:CE1	1:A:29:GLY:HA3	0.55	2.36	7	6
1:A:90:LEU:CD1	1:A:149:LEU:HD21	0.55	2.22	19	2
1:A:92:GLN:HG3	1:A:93:ILE:N	0.55	2.16	16	3
1:A:152:THR:C	1:A:155:LEU:CD2	0.55	2.78	5	2
1:A:16:ILE:HD12	1:A:83:ILE:HG23	0.55	1.78	18	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:139:PRO:O	1:A:140:ARG:CG	0.55	2.54	4	6
1:A:155:LEU:O	1:A:159:VAL:CB	0.55	2.54	6	7
1:A:133:GLU:HA	1:A:136:THR:OG1	0.55	2.01	12	5
1:A:156:ALA:CB	1:A:160:ALA:HB3	0.55	2.31	2	1
1:A:21:VAL:HG13	1:A:175:VAL:CG2	0.55	2.31	8	1
1:A:135:LYS:C	1:A:136:THR:HG23	0.55	2.26	13	1
1:A:37:VAL:HG13	1:A:38:LEU:HD13	0.55	1.77	18	1
1:A:159:VAL:C	1:A:161:SER:N	0.55	2.63	2	9
1:A:181:ASN:CG	1:A:182:LEU:H	0.55	2.09	13	9
1:A:24:PHE:CE2	1:A:153:MET:SD	0.55	3.00	3	1
1:A:20:LEU:HG	1:A:178:ILE:HD13	0.55	1.79	12	4
1:A:183:PHE:CD1	1:A:183:PHE:O	0.55	2.60	11	2
1:A:82:ILE:HG22	1:A:83:ILE:N	0.55	2.16	18	3
1:A:38:LEU:HD11	1:A:167:LEU:C	0.55	2.25	16	1
1:A:88:ARG:CG	1:A:89:HIS:N	0.55	2.69	18	2
1:A:133:GLU:O	1:A:136:THR:N	0.55	2.38	6	8
1:A:114:MET:SD	1:A:155:LEU:HD12	0.55	2.41	2	1
1:A:22:PHE:C	1:A:35:LEU:HD23	0.55	2.26	17	2
1:A:35:LEU:CD2	1:A:36:GLU:N	0.55	2.61	13	4
1:A:17:THR:HG22	1:A:18:ASP:N	0.55	2.17	6	2
1:A:113:PHE:CD1	1:A:126:CYS:HB3	0.55	2.36	11	5
1:A:149:LEU:C	1:A:153:MET:HE3	0.55	2.27	13	1
1:A:105:LEU:CD1	1:A:108:GLN:CB	0.55	2.84	17	1
1:A:135:LYS:O	1:A:139:PRO:N	0.55	2.40	5	4
1:A:138:PHE:CD2	1:A:147:ALA:HB1	0.55	2.36	5	1
1:A:142:MET:HG3	1:A:185:TYR:CE2	0.55	2.37	6	1
1:A:103:PRO:HD2	1:A:106:VAL:HG22	0.55	1.79	12	4
1:A:160:ALA:H	1:A:170:VAL:HG21	0.55	1.62	12	3
1:A:20:LEU:HD13	1:A:87:ALA:O	0.55	2.02	12	1
1:A:31:THR:O	1:A:35:LEU:CD2	0.55	2.55	14	1
1:A:20:LEU:HD13	1:A:87:ALA:HA	0.55	1.79	20	1
1:A:148:MET:CE	1:A:181:ASN:CG	0.55	2.79	20	1
1:A:101:ILE:O	1:A:102:GLN:CG	0.55	2.55	4	8
1:A:101:ILE:C	1:A:102:GLN:CG	0.55	2.79	13	6
1:A:153:MET:O	1:A:157:LYS:HB3	0.55	2.02	2	1
1:A:106:VAL:HG13	1:A:151:MET:CE	0.55	2.32	5	2
1:A:127:LEU:O	1:A:130:ALA:CB	0.55	2.55	12	1
1:A:146:LYS:CB	1:A:146:LYS:NZ	0.55	2.70	14	1
1:A:183:PHE:CD1	1:A:184:SER:O	0.55	2.60	18	1
1:A:155:LEU:O	1:A:159:VAL:HG13	0.55	2.01	2	1
1:A:126:CYS:O	1:A:129:LYS:HB2	0.55	2.02	15	5

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:93:ILE:CG2	1:A:153:MET:SD	0.55	2.94	5	1
1:A:152:THR:OG1	1:A:174:THR:C	0.55	2.50	5	2
1:A:103:PRO:O	1:A:104:THR:HG22	0.55	2.02	10	2
1:A:166:LEU:HD12	1:A:169:ASP:HB2	0.55	1.77	11	1
1:A:37:VAL:CG1	1:A:167:LEU:HD23	0.55	2.31	5	5
1:A:27:SER:OG	1:A:88:ARG:O	0.55	2.25	4	10
1:A:158:LYS:C	1:A:162:HIS:CB	0.55	2.80	6	2
1:A:104:THR:C	1:A:105:LEU:HD22	0.55	2.27	12	1
1:A:26:GLN:HE22	1:A:88:ARG:HH21	0.55	1.44	14	1
1:A:145:ASP:HB3	1:A:185:TYR:CG	0.55	2.37	16	1
1:A:25:LEU:CB	1:A:171:PHE:CZ	0.55	2.90	11	4
1:A:110:ALA:HA	1:A:130:ALA:CB	0.55	2.32	13	12
1:A:97:MET:CE	1:A:150:ILE:HD11	0.55	2.32	3	1
1:A:127:LEU:O	1:A:177:PHE:CE1	0.55	2.59	18	4
1:A:37:VAL:CG1	1:A:167:LEU:HD21	0.55	2.32	10	1
1:A:112:GLN:CD	1:A:113:PHE:N	0.55	2.65	17	2
1:A:173:THR:C	1:A:176:ASN:HB3	0.54	2.26	20	18
1:A:140:ARG:HB3	1:A:144:ASN:HB2	0.54	1.79	6	4
1:A:140:ARG:CB	1:A:144:ASN:CG	0.54	2.79	11	3
1:A:135:LYS:HZ2	1:A:148:MET:HB3	0.54	1.62	18	1
1:A:148:MET:CE	1:A:182:LEU:CD2	0.54	2.78	3	1
1:A:169:ASP:O	1:A:173:THR:CB	0.54	2.55	3	2
1:A:25:LEU:HD12	1:A:29:GLY:CA	0.54	2.32	20	2
1:A:83:ILE:HD13	1:A:83:ILE:O	0.54	2.02	18	1
1:A:20:LEU:CD2	1:A:90:LEU:HB2	0.54	2.33	16	4
1:A:36:GLU:O	1:A:40:ARG:CB	0.54	2.55	1	3
1:A:151:MET:C	1:A:155:LEU:CD2	0.54	2.78	15	4
1:A:38:LEU:HD22	1:A:168:ARG:N	0.54	2.16	9	2
1:A:109:LEU:HD11	1:A:134:VAL:N	0.54	2.17	10	1
1:A:38:LEU:HD11	1:A:168:ARG:CA	0.54	2.32	16	1
1:A:21:VAL:HG22	1:A:171:PHE:O	0.54	2.02	18	3
1:A:152:THR:CG2	1:A:176:ASN:ND2	0.54	2.70	3	3
1:A:109:LEU:HD21	1:A:134:VAL:N	0.54	2.17	11	4
1:A:152:THR:O	1:A:155:LEU:HD22	0.54	2.02	5	3
1:A:22:PHE:CD2	1:A:39:GLY:C	0.54	2.86	16	1
1:A:131:LEU:HD22	1:A:135:LYS:CG	0.54	2.32	18	1
1:A:106:VAL:HG12	1:A:107:ARG:CD	0.54	2.31	19	1
1:A:151:MET:CB	1:A:177:PHE:CE2	0.54	2.88	3	1
1:A:83:ILE:HG23	1:A:84:HIS:CD2	0.54	2.36	4	1
1:A:97:MET:SD	1:A:150:ILE:CD1	0.54	2.96	11	3
1:A:160:ALA:C	1:A:162:HIS:N	0.54	2.64	7	5

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:131:LEU:HD23	1:A:135:LYS:CE	0.54	2.31	13	1
1:A:148:MET:HE1	1:A:181:ASN:ND2	0.54	2.18	1	3
1:A:17:THR:O	1:A:20:LEU:N	0.54	2.40	18	15
1:A:154:LEU:HD12	1:A:155:LEU:CA	0.54	2.32	2	1
1:A:131:LEU:CA	1:A:177:PHE:CE2	0.54	2.90	3	4
1:A:142:MET:O	1:A:146:LYS:HB2	0.54	2.03	17	4
1:A:167:LEU:HD12	1:A:168:ARG:N	0.54	2.17	7	3
1:A:96:GLU:C	1:A:96:GLU:CD	0.54	2.75	9	1
1:A:147:ALA:HA	1:A:150:ILE:CD1	0.54	2.33	9	1
1:A:112:GLN:NE2	1:A:133:GLU:CD	0.54	2.66	1	2
1:A:22:PHE:CE2	1:A:39:GLY:HA3	0.54	2.38	15	7
1:A:149:LEU:O	1:A:153:MET:SD	0.54	2.66	17	3
1:A:162:HIS:C	1:A:164:PRO:HD3	0.54	2.27	5	4
1:A:165:SER:C	1:A:166:LEU:HD23	0.54	2.27	5	1
1:A:159:VAL:O	1:A:162:HIS:C	0.54	2.49	16	4
1:A:133:GLU:CA	1:A:136:THR:HG22	0.54	2.32	17	1
1:A:19:LEU:HD13	1:A:84:HIS:NE2	0.54	2.18	1	1
1:A:106:VAL:O	1:A:109:LEU:HG	0.54	2.03	2	3
1:A:174:THR:C	1:A:176:ASN:N	0.54	2.66	10	12
1:A:148:MET:O	1:A:151:MET:CB	0.54	2.55	9	5
1:A:152:THR:HG22	1:A:153:MET:SD	0.54	2.42	6	1
1:A:24:PHE:HE2	1:A:153:MET:HG2	0.54	1.63	8	1
1:A:29:GLY:CA	1:A:91:ALA:HB1	0.54	2.33	9	1
1:A:22:PHE:CE1	1:A:35:LEU:HD22	0.54	2.37	17	1
1:A:131:LEU:O	1:A:135:LYS:HG2	0.54	2.02	18	1
1:A:131:LEU:CB	1:A:177:PHE:CE1	0.54	2.91	2	3
1:A:101:ILE:HD12	1:A:107:ARG:CB	0.54	2.32	3	2
1:A:20:LEU:CB	1:A:175:VAL:HG22	0.54	2.32	8	1
1:A:106:VAL:CG2	1:A:138:PHE:CE2	0.54	2.74	13	4
1:A:132:ASP:C	1:A:136:THR:HG1	0.54	1.95	13	1
1:A:183:PHE:O	1:A:184:SER:O	0.54	2.25	19	2
1:A:24:PHE:CD1	1:A:25:LEU:CD1	0.54	2.91	3	2
1:A:133:GLU:O	1:A:136:THR:CG2	0.54	2.56	6	2
1:A:159:VAL:C	1:A:163:ALA:O	0.54	2.50	9	3
1:A:148:MET:SD	1:A:182:LEU:CD2	0.54	2.96	10	1
1:A:105:LEU:HD23	1:A:108:GLN:HB3	0.54	1.79	16	1
1:A:16:ILE:HG21	1:A:83:ILE:CG2	0.54	2.33	17	1
1:A:30:CYS:HB3	1:A:34:GLU:CG	0.53	2.33	8	6
1:A:37:VAL:HG12	1:A:38:LEU:N	0.53	2.18	10	9
1:A:149:LEU:HD21	1:A:181:ASN:ND2	0.53	2.18	7	1
1:A:38:LEU:HD12	1:A:168:ARG:CA	0.53	2.33	18	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:166:LEU:O	1:A:170:VAL:HB	0.53	2.03	14	2
1:A:35:LEU:HG	1:A:36:GLU:N	0.53	2.18	10	3
1:A:130:ALA:CB	1:A:177:PHE:HZ	0.53	2.16	7	1
1:A:105:LEU:O	1:A:105:LEU:CD1	0.53	2.52	13	1
1:A:175:VAL:O	1:A:178:ILE:CD1	0.53	2.56	2	2
1:A:24:PHE:CD1	1:A:25:LEU:HD13	0.53	2.38	3	2
1:A:101:ILE:HG21	1:A:107:ARG:HD3	0.53	1.79	4	1
1:A:89:HIS:NE2	1:A:93:ILE:CD1	0.53	2.71	13	2
1:A:157:LYS:O	1:A:162:HIS:HB2	0.53	2.03	11	3
1:A:110:ALA:O	1:A:112:GLN:OE1	0.53	2.26	20	1
1:A:134:VAL:HG23	1:A:138:PHE:HE2	0.53	1.52	3	2
1:A:142:MET:CG	1:A:185:TYR:OH	0.53	2.57	13	2
1:A:94:GLY:O	1:A:157:LYS:CE	0.53	2.56	7	1
1:A:109:LEU:HD21	1:A:134:VAL:CB	0.53	2.33	8	3
1:A:135:LYS:NZ	1:A:148:MET:HB3	0.53	2.18	18	1
1:A:106:VAL:CG2	1:A:138:PHE:CG	0.53	2.87	19	1
1:A:160:ALA:HB2	1:A:167:LEU:HA	0.53	1.80	3	3
1:A:94:GLY:CA	1:A:153:MET:HG3	0.53	2.34	8	2
1:A:19:LEU:HD22	1:A:84:HIS:CE1	0.53	2.39	20	2
1:A:137:ALA:C	1:A:138:PHE:CD1	0.53	2.87	10	1
1:A:93:ILE:O	1:A:97:MET:CG	0.53	2.57	13	3
1:A:16:ILE:CG2	1:A:183:PHE:CZ	0.53	2.92	3	2
1:A:140:ARG:N	1:A:144:ASN:CG	0.53	2.67	3	1
1:A:153:MET:SD	1:A:174:THR:CG2	0.53	2.97	3	1
1:A:152:THR:HG22	1:A:177:PHE:CG	0.53	2.38	4	6
1:A:124:ARG:HA	1:A:127:LEU:HD21	0.53	1.81	15	2
1:A:131:LEU:CD1	1:A:135:LYS:NZ	0.53	2.72	12	1
1:A:97:MET:C	1:A:99:HIS:N	0.53	2.67	17	19
1:A:155:LEU:HD22	1:A:173:THR:CG2	0.53	2.34	16	3
1:A:20:LEU:CD2	1:A:178:ILE:HD13	0.53	2.33	9	3
1:A:90:LEU:O	1:A:93:ILE:HG12	0.53	2.04	9	5
1:A:156:ALA:C	1:A:159:VAL:O	0.53	2.49	10	1
1:A:37:VAL:HB	1:A:167:LEU:HD23	0.53	1.81	11	1
1:A:146:LYS:HZ2	1:A:146:LYS:CA	0.53	2.17	14	1
1:A:38:LEU:HG	1:A:171:PHE:CD1	0.53	2.37	16	1
1:A:25:LEU:HD21	1:A:34:GLU:CB	0.53	2.33	1	1
1:A:158:LYS:O	1:A:162:HIS:HB3	0.53	2.03	2	4
1:A:114:MET:HE2	1:A:155:LEU:HA	0.53	1.80	8	1
1:A:40:ARG:O	1:A:40:ARG:HG3	0.53	2.04	9	2
1:A:131:LEU:N	1:A:177:PHE:HZ	0.53	2.01	12	1
1:A:26:GLN:CG	1:A:35:LEU:CD1	0.53	2.87	13	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:85:ASN:O	1:A:88:ARG:CG	0.53	2.57	13	4
1:A:158:LYS:O	1:A:162:HIS:HB2	0.53	2.04	2	6
1:A:110:ALA:H	1:A:151:MET:HE3	0.53	1.63	3	5
1:A:114:MET:CG	1:A:155:LEU:CD2	0.53	2.83	3	1
1:A:140:ARG:H	1:A:144:ASN:CG	0.53	2.12	3	1
1:A:22:PHE:HA	1:A:171:PHE:CZ	0.53	2.39	10	10
1:A:110:ALA:HB1	1:A:151:MET:CG	0.53	2.33	6	1
1:A:134:VAL:HG22	1:A:138:PHE:HE2	0.53	1.55	6	1
1:A:21:VAL:HG13	1:A:22:PHE:N	0.53	2.18	10	1
1:A:150:ILE:O	1:A:153:MET:HG2	0.53	2.04	14	3
1:A:177:PHE:HA	1:A:180:GLN:OE1	0.53	2.04	18	1
1:A:25:LEU:HD13	1:A:171:PHE:CE1	0.52	2.39	10	7
1:A:38:LEU:CG	1:A:167:LEU:O	0.52	2.57	16	1
1:A:107:ARG:C	1:A:107:ARG:CD	0.52	2.82	17	3
1:A:113:PHE:CZ	1:A:127:LEU:HB3	0.52	2.39	8	1
1:A:97:MET:HE2	1:A:150:ILE:HG13	0.52	1.80	13	1
1:A:113:PHE:C	1:A:113:PHE:HD1	0.52	2.07	14	1
1:A:146:LYS:O	1:A:150:ILE:CD1	0.52	2.57	14	1
1:A:174:THR:O	1:A:178:ILE:CD1	0.52	2.57	16	2
1:A:34:GLU:HG2	1:A:38:LEU:HD11	0.52	1.81	15	1
1:A:165:SER:OG	1:A:166:LEU:HD12	0.52	2.04	17	1
1:A:124:ARG:O	1:A:127:LEU:CD1	0.52	2.57	1	3
1:A:17:THR:CG2	1:A:178:ILE:HB	0.52	2.35	14	9
1:A:22:PHE:CD1	1:A:39:GLY:CA	0.52	2.91	3	1
1:A:21:VAL:CA	1:A:175:VAL:CG2	0.52	2.88	20	5
1:A:26:GLN:HG3	1:A:27:SER:N	0.52	2.19	11	5
1:A:110:ALA:HB3	1:A:151:MET:HE3	0.52	1.80	5	3
1:A:142:MET:N	1:A:185:TYR:CZ	0.52	2.77	6	1
1:A:182:LEU:C	1:A:184:SER:N	0.52	2.65	17	8
1:A:22:PHE:CD1	1:A:35:LEU:HB2	0.52	2.39	19	2
1:A:149:LEU:C	1:A:149:LEU:CD1	0.52	2.80	18	1
1:A:148:MET:HE3	1:A:181:ASN:CG	0.52	2.29	7	1
1:A:128:ALA:CB	1:A:180:GLN:CD	0.52	2.82	9	1
1:A:114:MET:SD	1:A:155:LEU:HD23	0.52	2.44	12	1
1:A:139:PRO:HA	1:A:148:MET:CE	0.52	2.34	13	1
1:A:93:ILE:CG2	1:A:153:MET:HE2	0.52	2.34	17	1
1:A:131:LEU:CD2	1:A:135:LYS:CG	0.52	2.87	18	1
1:A:113:PHE:CZ	1:A:155:LEU:CD2	0.52	2.84	4	6
1:A:157:LYS:CD	1:A:157:LYS:C	0.52	2.82	3	1
1:A:26:GLN:CD	1:A:35:LEU:CD2	0.52	2.82	4	1
1:A:38:LEU:HD21	1:A:167:LEU:HA	0.52	1.81	6	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:109:LEU:CD2	1:A:133:GLU:OE1	0.52	2.58	9	1
1:A:134:VAL:HG13	1:A:148:MET:HG2	0.52	1.81	19	4
1:A:167:LEU:O	1:A:170:VAL:N	0.52	2.43	18	1
1:A:156:ALA:CB	1:A:160:ALA:CB	0.52	2.86	2	1
1:A:19:LEU:HD21	1:A:84:HIS:HA	0.52	1.80	4	1
1:A:131:LEU:HB3	1:A:177:PHE:CD1	0.52	2.40	8	2
1:A:131:LEU:HD11	1:A:135:LYS:NZ	0.52	2.20	12	1
1:A:34:GLU:HG3	1:A:38:LEU:HD23	0.52	1.80	16	1
1:A:156:ALA:HA	1:A:170:VAL:CG2	0.52	2.34	18	4
1:A:101:ILE:HG21	1:A:107:ARG:CD	0.52	2.33	4	1
1:A:86:ILE:C	1:A:86:ILE:CD1	0.52	2.76	5	1
1:A:139:PRO:O	1:A:140:ARG:C	0.52	2.53	6	2
1:A:124:ARG:HA	1:A:127:LEU:CD1	0.52	2.35	10	4
1:A:22:PHE:CE1	1:A:35:LEU:C	0.52	2.88	10	3
1:A:110:ALA:HA	1:A:113:PHE:CE2	0.52	2.40	7	1
1:A:89:HIS:CD2	1:A:93:ILE:CG2	0.52	2.93	15	1
1:A:30:CYS:SG	1:A:34:GLU:CD	0.52	2.93	18	10
1:A:140:ARG:C	1:A:144:ASN:HB3	0.52	2.30	1	11
1:A:21:VAL:HG23	1:A:175:VAL:HB	0.52	1.80	2	6
1:A:20:LEU:CD1	1:A:178:ILE:HD13	0.52	2.35	10	3
1:A:37:VAL:O	1:A:40:ARG:CG	0.52	2.58	9	1
1:A:146:LYS:O	1:A:150:ILE:CG2	0.52	2.55	1	1
1:A:167:LEU:CD2	1:A:168:ARG:N	0.52	2.65	20	4
1:A:31:THR:O	1:A:34:GLU:N	0.52	2.43	9	11
1:A:142:MET:CB	1:A:185:TYR:OH	0.52	2.57	10	4
1:A:113:PHE:CE1	1:A:155:LEU:CD2	0.52	2.85	4	4
1:A:170:VAL:O	1:A:173:THR:CB	0.52	2.58	18	3
1:A:94:GLY:CA	1:A:97:MET:HE2	0.52	2.30	8	1
1:A:156:ALA:C	1:A:160:ALA:CB	0.52	2.83	11	1
1:A:22:PHE:HE1	1:A:35:LEU:HD12	0.52	1.64	14	2
1:A:167:LEU:HD13	1:A:168:ARG:HD2	0.51	1.81	2	1
1:A:24:PHE:CD2	1:A:153:MET:SD	0.51	3.04	3	1
1:A:98:ASP:O	1:A:99:HIS:C	0.51	2.54	7	6
1:A:114:MET:O	1:A:114:MET:SD	0.51	2.68	14	3
1:A:128:ALA:O	1:A:131:LEU:CD2	0.51	2.58	14	2
1:A:131:LEU:CA	1:A:148:MET:SD	0.51	2.98	15	1
1:A:127:LEU:CD1	1:A:173:THR:HA	0.51	2.35	16	2
1:A:149:LEU:HD21	1:A:181:ASN:HD22	0.51	1.65	7	1
1:A:101:ILE:HD12	1:A:107:ARG:HB3	0.51	1.81	11	1
1:A:145:ASP:O	1:A:148:MET:HG2	0.51	2.05	14	3
1:A:106:VAL:HB	1:A:151:MET:HE1	0.51	1.80	12	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:34:GLU:CD	1:A:38:LEU:HD11	0.51	2.29	15	1
1:A:112:GLN:CD	1:A:113:PHE:H	0.51	2.05	20	2
1:A:132:ASP:O	1:A:135:LYS:CE	0.51	2.59	19	1
1:A:165:SER:C	1:A:166:LEU:HD13	0.51	2.29	20	1
1:A:154:LEU:HD13	1:A:155:LEU:HD22	0.51	1.81	6	7
1:A:155:LEU:HB3	1:A:173:THR:HG21	0.51	1.75	2	1
1:A:152:THR:HB	1:A:174:THR:CA	0.51	2.36	15	5
1:A:93:ILE:O	1:A:97:MET:HB3	0.51	2.06	15	1
1:A:131:LEU:CD2	1:A:180:GLN:HG2	0.51	2.35	19	1
1:A:183:PHE:O	1:A:184:SER:C	0.51	2.54	2	1
1:A:139:PRO:O	1:A:140:ARG:O	0.51	2.29	7	2
1:A:22:PHE:CD2	1:A:35:LEU:HD11	0.51	2.41	8	1
1:A:109:LEU:CD1	1:A:134:VAL:HB	0.51	2.36	17	2
1:A:135:LYS:NZ	1:A:181:ASN:OD1	0.51	2.43	13	1
1:A:145:ASP:OD1	1:A:185:TYR:CE1	0.51	2.63	16	1
1:A:177:PHE:O	1:A:180:GLN:NE2	0.51	2.44	18	1
1:A:157:LYS:O	1:A:161:SER:CB	0.51	2.58	2	1
1:A:152:THR:CB	1:A:173:THR:O	0.51	2.57	9	3
1:A:113:PHE:CE1	1:A:127:LEU:CD1	0.51	2.86	5	2
1:A:109:LEU:HD22	1:A:134:VAL:CA	0.51	2.35	7	1
1:A:135:LYS:HG3	1:A:139:PRO:CA	0.51	2.35	7	1
1:A:113:PHE:CE2	1:A:155:LEU:CG	0.51	2.94	8	1
1:A:105:LEU:HG	1:A:108:GLN:CB	0.51	2.35	16	4
1:A:147:ALA:C	1:A:150:ILE:HG12	0.51	2.30	9	1
1:A:134:VAL:CG1	1:A:151:MET:HG2	0.51	2.29	12	1
1:A:149:LEU:HB2	1:A:182:LEU:HD23	0.51	1.82	15	1
1:A:144:ASN:O	1:A:145:ASP:C	0.51	2.52	4	20
1:A:176:ASN:HA	1:A:179:ASN:ND2	0.51	2.20	2	2
1:A:142:MET:O	1:A:146:LYS:CG	0.51	2.58	6	2
1:A:141:ASP:O	1:A:145:ASP:HB3	0.51	2.04	4	6
1:A:148:MET:HE3	1:A:177:PHE:CG	0.51	2.39	12	1
1:A:135:LYS:HE2	1:A:148:MET:CB	0.51	2.36	13	1
1:A:109:LEU:CG	1:A:110:ALA:N	0.51	2.74	14	10
1:A:150:ILE:CB	1:A:153:MET:HE2	0.51	2.35	1	1
1:A:134:VAL:O	1:A:138:PHE:CD2	0.51	2.64	2	4
1:A:148:MET:CE	1:A:182:LEU:HD11	0.51	2.34	2	1
1:A:24:PHE:O	1:A:27:SER:OG	0.51	2.29	20	2
1:A:25:LEU:HD13	1:A:171:PHE:HE1	0.51	1.65	5	5
1:A:157:LYS:HA	1:A:161:SER:HB3	0.51	1.81	9	4
1:A:154:LEU:C	1:A:154:LEU:HD12	0.51	2.31	14	2
1:A:38:LEU:CG	1:A:171:PHE:CG	0.51	2.93	16	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:148:MET:CE	1:A:181:ASN:ND2	0.51	2.74	6	2
1:A:106:VAL:CG1	1:A:138:PHE:CD2	0.51	2.83	12	3
1:A:148:MET:SD	1:A:182:LEU:HD21	0.51	2.46	11	2
1:A:160:ALA:CA	1:A:170:VAL:HG21	0.51	2.35	11	1
1:A:27:SER:OG	1:A:88:ARG:CB	0.51	2.59	19	1
1:A:106:VAL:C	1:A:108:GLN:N	0.51	2.68	20	8
1:A:176:ASN:ND2	1:A:177:PHE:H	0.51	2.03	7	6
1:A:90:LEU:HD23	1:A:153:MET:CE	0.51	2.33	3	1
1:A:105:LEU:N	1:A:105:LEU:CD1	0.51	2.73	15	3
1:A:110:ALA:HA	1:A:130:ALA:HB2	0.51	1.82	7	4
1:A:111:ALA:O	1:A:114:MET:HG2	0.51	2.06	9	2
1:A:148:MET:CA	1:A:151:MET:HG2	0.51	2.33	9	3
1:A:124:ARG:C	1:A:126:CYS:N	0.51	2.68	11	1
1:A:20:LEU:CA	1:A:87:ALA:HB1	0.51	2.33	12	1
1:A:110:ALA:HB2	1:A:151:MET:CB	0.51	2.36	12	1
1:A:135:LYS:HB2	1:A:148:MET:HG2	0.51	1.82	17	1
1:A:149:LEU:HD23	1:A:149:LEU:C	0.50	2.31	3	1
1:A:89:HIS:O	1:A:93:ILE:CG1	0.50	2.59	5	3
1:A:113:PHE:CB	1:A:126:CYS:O	0.50	2.60	15	3
1:A:153:MET:C	1:A:157:LYS:HD3	0.50	2.30	7	1
1:A:38:LEU:HD21	1:A:167:LEU:HD23	0.50	1.82	9	1
1:A:109:LEU:HD22	1:A:112:GLN:NE2	0.50	2.21	10	3
1:A:133:GLU:C	1:A:136:THR:OG1	0.50	2.54	12	2
1:A:97:MET:HB3	1:A:101:ILE:HD11	0.50	1.84	10	1
1:A:109:LEU:CD2	1:A:138:PHE:CE1	0.50	2.94	15	4
1:A:93:ILE:HD12	1:A:150:ILE:HD13	0.50	1.83	19	1
1:A:130:ALA:O	1:A:133:GLU:N	0.50	2.45	2	5
1:A:175:VAL:HA	1:A:178:ILE:CD1	0.50	2.37	4	2
1:A:154:LEU:HG	1:A:155:LEU:HD22	0.50	1.83	2	1
1:A:110:ALA:HB1	1:A:151:MET:HG3	0.50	1.83	6	1
1:A:21:VAL:HG22	1:A:171:PHE:CA	0.50	2.36	14	3
1:A:173:THR:O	1:A:176:ASN:N	0.50	2.40	13	1
1:A:107:ARG:NH2	1:A:150:ILE:HG21	0.50	2.19	19	1
1:A:90:LEU:CG	1:A:149:LEU:HD11	0.50	2.36	20	2
1:A:152:THR:HA	1:A:155:LEU:CD2	0.50	2.35	17	3
1:A:131:LEU:HD23	1:A:132:ASP:N	0.50	2.21	6	2
1:A:134:VAL:CG2	1:A:151:MET:HE3	0.50	2.36	6	1
1:A:139:PRO:O	1:A:144:ASN:HB2	0.50	2.07	7	2
1:A:34:GLU:O	1:A:37:VAL:N	0.50	2.45	17	4
1:A:131:LEU:HB2	1:A:177:PHE:CE2	0.50	2.41	11	2
1:A:149:LEU:CD1	1:A:153:MET:HE3	0.50	2.36	15	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:38:LEU:CD1	1:A:168:ARG:HA	0.50	2.35	16	1
1:A:131:LEU:CA	1:A:177:PHE:CE1	0.50	2.95	2	1
1:A:27:SER:HB2	1:A:88:ARG:CG	0.50	2.37	17	3
1:A:142:MET:HB2	1:A:185:TYR:CZ	0.50	2.41	6	1
1:A:146:LYS:O	1:A:150:ILE:CG1	0.50	2.58	19	1
1:A:38:LEU:HB2	1:A:171:PHE:CE1	0.50	2.41	20	1
1:A:94:GLY:N	1:A:153:MET:SD	0.50	2.84	5	2
1:A:175:VAL:O	1:A:178:ILE:HD13	0.50	2.06	2	2
1:A:110:ALA:CB	1:A:151:MET:CE	0.50	2.86	19	4
1:A:127:LEU:CG	1:A:173:THR:HG23	0.50	2.37	18	2
1:A:134:VAL:CG1	1:A:148:MET:HA	0.50	2.37	5	2
1:A:142:MET:HA	1:A:185:TYR:CZ	0.50	2.41	5	5
1:A:16:ILE:HG12	1:A:183:PHE:CE2	0.50	2.41	6	1
1:A:151:MET:HB3	1:A:177:PHE:CE2	0.50	2.41	6	1
1:A:176:ASN:ND2	1:A:177:PHE:HD1	0.50	2.05	9	2
1:A:26:GLN:CB	1:A:35:LEU:HD13	0.50	2.37	18	1
1:A:34:GLU:HG3	1:A:38:LEU:HD22	0.50	1.83	18	1
1:A:131:LEU:CD2	1:A:182:LEU:HD23	0.50	2.36	18	1
1:A:93:ILE:CG1	1:A:153:MET:SD	0.50	2.99	19	1
1:A:16:ILE:HG21	1:A:183:PHE:CE2	0.50	2.42	1	2
1:A:97:MET:O	1:A:100:ASN:N	0.50	2.45	14	10
1:A:131:LEU:CA	1:A:177:PHE:HE1	0.50	2.19	2	1
1:A:25:LEU:CB	1:A:35:LEU:HB2	0.50	2.36	3	3
1:A:94:GLY:HA2	1:A:153:MET:CE	0.50	2.36	4	2
1:A:20:LEU:HD13	1:A:175:VAL:HG23	0.50	1.82	18	3
1:A:31:THR:HG23	1:A:33:GLN:HG3	0.50	1.83	8	1
1:A:38:LEU:HD22	1:A:167:LEU:HD13	0.50	1.82	19	2
1:A:104:THR:C	1:A:105:LEU:HG	0.50	2.31	19	4
1:A:16:ILE:HB	1:A:183:PHE:CZ	0.50	2.42	16	4
1:A:128:ALA:CB	1:A:176:ASN:OD1	0.50	2.60	5	2
1:A:146:LYS:CA	1:A:185:TYR:OH	0.50	2.60	5	1
1:A:104:THR:OG1	1:A:138:PHE:CD1	0.50	2.61	8	1
1:A:16:ILE:CD1	1:A:83:ILE:CG2	0.50	2.88	12	2
1:A:142:MET:O	1:A:146:LYS:HB3	0.50	2.06	17	2
1:A:113:PHE:CD1	1:A:126:CYS:HB2	0.50	2.42	14	2
1:A:131:LEU:CD1	1:A:182:LEU:HD21	0.50	2.35	16	1
1:A:109:LEU:C	1:A:112:GLN:NE2	0.50	2.69	1	5
1:A:166:LEU:HD22	1:A:169:ASP:HB3	0.50	1.80	1	1
1:A:150:ILE:O	1:A:153:MET:HG3	0.50	2.07	11	4
1:A:110:ALA:HB2	1:A:134:VAL:HG23	0.50	1.78	7	1
1:A:37:VAL:HG13	1:A:167:LEU:HD21	0.50	1.82	17	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:145:ASP:OD1	1:A:185:TYR:CD1	0.50	2.65	17	2
1:A:131:LEU:HD13	1:A:131:LEU:C	0.50	2.30	18	1
1:A:19:LEU:HD22	1:A:84:HIS:CD2	0.50	2.41	1	1
1:A:156:ALA:CA	1:A:160:ALA:CB	0.50	2.90	2	1
1:A:37:VAL:CG1	1:A:38:LEU:CD2	0.50	2.90	13	2
1:A:135:LYS:O	1:A:135:LYS:HG2	0.50	2.07	9	5
1:A:38:LEU:CD2	1:A:167:LEU:CG	0.50	2.90	11	4
1:A:133:GLU:CA	1:A:136:THR:OG1	0.50	2.60	12	2
1:A:97:MET:HG3	1:A:150:ILE:HD11	0.50	1.83	13	1
1:A:135:LYS:CE	1:A:135:LYS:CA	0.50	2.90	18	1
1:A:89:HIS:CD2	1:A:93:ILE:HG13	0.49	2.42	5	3
1:A:159:VAL:C	1:A:162:HIS:H	0.49	2.11	2	1
1:A:97:MET:HE2	1:A:150:ILE:CD1	0.49	2.37	3	1
1:A:135:LYS:CG	1:A:139:PRO:HA	0.49	2.37	7	1
1:A:160:ALA:C	1:A:162:HIS:H	0.49	2.15	7	4
1:A:38:LEU:CB	1:A:171:PHE:HB2	0.49	2.37	19	1
1:A:20:LEU:CD2	1:A:90:LEU:CB	0.49	2.90	1	2
1:A:35:LEU:CD2	1:A:35:LEU:O	0.49	2.55	2	1
1:A:38:LEU:HB3	1:A:171:PHE:CB	0.49	2.38	9	8
1:A:107:ARG:HA	1:A:151:MET:HE1	0.49	1.83	7	4
1:A:155:LEU:O	1:A:159:VAL:HB	0.49	2.07	4	5
1:A:157:LYS:O	1:A:161:SER:HB3	0.49	2.07	16	5
1:A:94:GLY:HA3	1:A:153:MET:SD	0.49	2.47	8	1
1:A:131:LEU:O	1:A:131:LEU:CD2	0.49	2.59	11	1
1:A:156:ALA:O	1:A:160:ALA:CA	0.49	2.57	11	1
1:A:89:HIS:O	1:A:93:ILE:CG2	0.49	2.53	15	1
1:A:90:LEU:O	1:A:93:ILE:HG13	0.49	2.07	15	2
1:A:131:LEU:CB	1:A:148:MET:SD	0.49	3.00	15	1
1:A:124:ARG:HA	1:A:127:LEU:HD23	0.49	1.85	18	1
1:A:177:PHE:O	1:A:182:LEU:CD2	0.49	2.59	14	3
1:A:156:ALA:C	1:A:160:ALA:HB2	0.49	2.32	11	1
1:A:101:ILE:HD13	1:A:106:VAL:HG21	0.49	1.84	15	2
1:A:124:ARG:HH21	1:A:180:GLN:HG2	0.49	1.68	14	1
1:A:110:ALA:CB	1:A:151:MET:SD	0.49	2.93	15	1
1:A:89:HIS:O	1:A:92:GLN:HG3	0.49	2.08	16	1
1:A:113:PHE:CE2	1:A:127:LEU:HA	0.49	2.42	17	3
1:A:22:PHE:CG	1:A:35:LEU:HD21	0.49	2.39	2	1
1:A:21:VAL:HB	1:A:175:VAL:CB	0.49	2.38	10	1
1:A:178:ILE:C	1:A:178:ILE:CD1	0.49	2.76	15	1
1:A:157:LYS:O	1:A:157:LYS:CE	0.49	2.61	19	1
1:A:25:LEU:HD11	1:A:30:CYS:HB2	0.49	1.85	16	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:101:ILE:O	1:A:107:ARG:CB	0.49	2.60	5	1
1:A:104:THR:C	1:A:105:LEU:CD1	0.49	2.84	5	3
1:A:16:ILE:HD11	1:A:83:ILE:HG13	0.49	1.84	6	1
1:A:135:LYS:HE3	1:A:148:MET:HE2	0.49	1.83	7	1
1:A:151:MET:HB3	1:A:177:PHE:CZ	0.49	2.40	9	1
1:A:34:GLU:OE2	1:A:38:LEU:CG	0.49	2.60	14	1
1:A:38:LEU:HD11	1:A:167:LEU:CG	0.49	2.38	18	1
1:A:131:LEU:HD21	1:A:182:LEU:HD23	0.49	1.82	18	1
1:A:37:VAL:HG11	1:A:167:LEU:HD22	0.49	1.85	3	2
1:A:177:PHE:CD1	1:A:177:PHE:N	0.49	2.80	3	1
1:A:94:GLY:O	1:A:97:MET:HG2	0.49	2.08	15	3
1:A:22:PHE:CE1	1:A:36:GLU:HA	0.49	2.43	17	2
1:A:139:PRO:O	1:A:144:ASN:OD1	0.49	2.30	11	4
1:A:89:HIS:CE1	1:A:93:ILE:HG21	0.49	2.43	15	1
1:A:109:LEU:HD11	1:A:151:MET:SD	0.49	2.48	15	1
1:A:97:MET:O	1:A:99:HIS:N	0.49	2.46	17	18
1:A:169:ASP:O	1:A:173:THR:N	0.49	2.46	3	2
1:A:170:VAL:O	1:A:173:THR:OG1	0.49	2.31	4	2
1:A:104:THR:HG23	1:A:138:PHE:CD1	0.49	2.43	8	1
1:A:26:GLN:CD	1:A:35:LEU:CD1	0.49	2.86	18	1
1:A:38:LEU:HD11	1:A:167:LEU:HD22	0.49	1.83	18	1
1:A:109:LEU:HB3	1:A:138:PHE:CZ	0.49	2.42	3	1
1:A:145:ASP:OD1	1:A:185:TYR:CG	0.49	2.66	4	1
1:A:30:CYS:SG	1:A:160:ALA:CB	0.49	3.01	9	1
1:A:131:LEU:HA	1:A:177:PHE:HE2	0.49	1.68	11	1
1:A:20:LEU:O	1:A:24:PHE:CB	0.49	2.61	6	4
1:A:131:LEU:C	1:A:131:LEU:CD1	0.49	2.75	1	3
1:A:156:ALA:O	1:A:157:LYS:C	0.49	2.56	8	3
1:A:25:LEU:HB3	1:A:35:LEU:HB2	0.49	1.85	3	1
1:A:25:LEU:CB	1:A:171:PHE:CE1	0.49	2.95	6	9
1:A:26:GLN:CB	1:A:35:LEU:HD21	0.49	2.38	20	2
1:A:113:PHE:HE1	1:A:126:CYS:HG	0.49	1.51	7	1
1:A:142:MET:HA	1:A:185:TYR:OH	0.49	2.07	13	3
1:A:124:ARG:CB	1:A:172:HIS:NE2	0.49	2.75	15	1
1:A:152:THR:OG1	1:A:177:PHE:HB2	0.49	2.08	17	1
1:A:128:ALA:CA	1:A:176:ASN:OD1	0.49	2.61	5	2
1:A:110:ALA:CA	1:A:113:PHE:CE2	0.49	2.96	7	1
1:A:141:ASP:C	1:A:145:ASP:CG	0.49	2.81	7	1
1:A:135:LYS:O	1:A:135:LYS:CG	0.49	2.60	9	1
1:A:170:VAL:O	1:A:174:THR:HG22	0.49	2.07	14	1
1:A:130:ALA:C	1:A:134:VAL:CG1	0.48	2.85	2	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:131:LEU:O	1:A:148:MET:SD	0.48	2.71	2	4
1:A:149:LEU:HD22	1:A:178:ILE:CG1	0.48	2.37	7	1
1:A:17:THR:HG21	1:A:179:ASN:HA	0.48	1.84	16	2
1:A:158:LYS:C	1:A:162:HIS:HB2	0.48	2.32	11	1
1:A:97:MET:O	1:A:98:ASP:C	0.48	2.56	13	18
1:A:154:LEU:HD23	1:A:158:LYS:HD3	0.48	1.84	1	2
1:A:20:LEU:CD2	1:A:87:ALA:O	0.48	2.61	16	3
1:A:16:ILE:HD12	1:A:19:LEU:HB2	0.48	1.84	7	1
1:A:25:LEU:CD2	1:A:38:LEU:CD1	0.48	2.91	7	3
1:A:172:HIS:O	1:A:176:ASN:CA	0.48	2.61	8	3
1:A:104:THR:O	1:A:104:THR:HG22	0.48	2.08	9	1
1:A:24:PHE:CE2	1:A:91:ALA:CB	0.48	2.96	15	9
1:A:112:GLN:NE2	1:A:133:GLU:OE2	0.48	2.46	1	2
1:A:177:PHE:O	1:A:180:GLN:HB2	0.48	2.08	11	2
1:A:165:SER:O	1:A:166:LEU:HD22	0.48	2.07	11	2
1:A:170:VAL:O	1:A:174:THR:HG23	0.48	2.09	7	3
1:A:21:VAL:HG22	1:A:171:PHE:CB	0.48	2.39	14	4
1:A:17:THR:CG2	1:A:178:ILE:HG13	0.48	2.36	16	1
1:A:125:ASN:CG	1:A:126:CYS:N	0.48	2.70	19	1
1:A:148:MET:HE3	1:A:182:LEU:CD1	0.48	2.38	2	1
1:A:110:ALA:CB	1:A:151:MET:CB	0.48	2.91	12	2
1:A:130:ALA:O	1:A:134:VAL:CA	0.48	2.62	5	1
1:A:110:ALA:HA	1:A:113:PHE:HD2	0.48	1.66	14	3
1:A:106:VAL:HG23	1:A:107:ARG:N	0.48	2.19	9	1
1:A:145:ASP:HA	1:A:185:TYR:CD2	0.48	2.43	16	1
1:A:148:MET:HE3	1:A:185:TYR:HE2	0.48	1.68	16	1
1:A:135:LYS:CE	1:A:135:LYS:HA	0.48	2.38	18	1
1:A:114:MET:HB3	1:A:155:LEU:HD12	0.48	1.83	19	1
1:A:131:LEU:CD1	1:A:148:MET:SD	0.48	3.01	19	4
1:A:168:ARG:O	1:A:172:HIS:N	0.48	2.44	2	1
1:A:180:GLN:OE1	1:A:182:LEU:CD2	0.48	2.62	3	1
1:A:152:THR:HG22	1:A:176:ASN:HD21	0.48	1.66	4	1
1:A:19:LEU:CD1	1:A:84:HIS:CE1	0.48	2.95	6	1
1:A:113:PHE:CE1	1:A:127:LEU:N	0.48	2.81	8	1
1:A:37:VAL:O	1:A:40:ARG:HG3	0.48	2.08	9	1
1:A:32:ARG:CA	1:A:35:LEU:HD23	0.48	2.39	1	1
1:A:36:GLU:O	1:A:40:ARG:O	0.48	2.31	18	4
1:A:131:LEU:HA	1:A:177:PHE:HE1	0.48	1.68	2	1
1:A:35:LEU:HD12	1:A:35:LEU:H	0.48	1.69	4	2
1:A:20:LEU:HD22	1:A:20:LEU:C	0.48	2.34	18	3
1:A:27:SER:OG	1:A:28:SER:N	0.48	2.46	18	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:131:LEU:HB2	1:A:177:PHE:CD2	0.48	2.42	17	2
1:A:82:ILE:HD13	1:A:82:ILE:O	0.48	2.09	14	1
1:A:19:LEU:HG	1:A:84:HIS:CD2	0.48	2.43	16	2
1:A:131:LEU:CD2	1:A:180:GLN:CG	0.48	2.92	19	1
1:A:32:ARG:HA	1:A:35:LEU:HD23	0.48	1.85	1	2
1:A:21:VAL:HG13	1:A:171:PHE:CE2	0.48	2.40	14	2
1:A:35:LEU:CD2	1:A:35:LEU:C	0.48	2.86	2	2
1:A:142:MET:CA	1:A:185:TYR:OH	0.48	2.61	17	5
1:A:183:PHE:O	1:A:184:SER:OG	0.48	2.32	5	2
1:A:160:ALA:HB1	1:A:170:VAL:HG11	0.48	1.82	8	1
1:A:101:ILE:HG23	1:A:107:ARG:HB2	0.48	1.83	10	2
1:A:133:GLU:CA	1:A:133:GLU:OE1	0.48	2.61	15	1
1:A:177:PHE:C	1:A:181:ASN:CB	0.48	2.86	15	1
1:A:135:LYS:O	1:A:139:PRO:HG3	0.48	2.07	20	1
1:A:114:MET:HB2	1:A:155:LEU:HD12	0.48	1.84	7	3
1:A:16:ILE:HB	1:A:183:PHE:CE2	0.48	2.43	16	3
1:A:125:ASN:O	1:A:129:LYS:CG	0.48	2.62	3	2
1:A:158:LYS:O	1:A:162:HIS:C	0.48	2.56	11	5
1:A:146:LYS:HB2	1:A:185:TYR:CZ	0.48	2.44	12	2
1:A:101:ILE:O	1:A:102:GLN:NE2	0.48	2.47	8	1
1:A:113:PHE:CZ	1:A:127:LEU:CA	0.48	2.94	8	1
1:A:101:ILE:CD1	1:A:150:ILE:HG21	0.48	2.37	16	2
1:A:101:ILE:HG23	1:A:107:ARG:HB3	0.48	1.86	16	1
1:A:38:LEU:HD11	1:A:167:LEU:CB	0.48	2.39	18	1
1:A:126:CYS:O	1:A:129:LYS:HB3	0.48	2.09	18	3
1:A:105:LEU:O	1:A:109:LEU:HB3	0.48	2.09	4	1
1:A:22:PHE:CZ	1:A:35:LEU:HD21	0.48	2.43	5	1
1:A:23:GLY:O	1:A:26:GLN:HG3	0.48	2.08	7	5
1:A:140:ARG:HB2	1:A:144:ASN:CB	0.48	2.39	20	5
1:A:148:MET:O	1:A:151:MET:HG2	0.48	2.08	14	6
1:A:83:ILE:O	1:A:86:ILE:CG1	0.48	2.62	13	4
1:A:26:GLN:OE1	1:A:88:ARG:NE	0.48	2.47	19	1
1:A:103:PRO:C	1:A:104:THR:OG1	0.48	2.54	3	2
1:A:176:ASN:O	1:A:179:ASN:CG	0.48	2.57	2	1
1:A:133:GLU:O	1:A:137:ALA:N	0.48	2.47	3	1
1:A:135:LYS:C	1:A:137:ALA:N	0.48	2.70	5	3
1:A:135:LYS:HG3	1:A:148:MET:CB	0.48	2.39	6	1
1:A:182:LEU:O	1:A:184:SER:O	0.48	2.32	6	1
1:A:94:GLY:CA	1:A:157:LYS:HD2	0.48	2.39	7	1
1:A:108:GLN:O	1:A:111:ALA:HB3	0.48	2.09	7	3
1:A:146:LYS:NZ	1:A:146:LYS:CA	0.48	2.77	14	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:38:LEU:HG	1:A:167:LEU:C	0.48	2.34	18	1
1:A:152:THR:CB	1:A:177:PHE:CD2	0.47	2.97	2	1
1:A:37:VAL:CG1	1:A:167:LEU:HD22	0.47	2.39	3	1
1:A:22:PHE:CD1	1:A:35:LEU:CG	0.47	2.94	13	2
1:A:27:SER:HB2	1:A:88:ARG:CA	0.47	2.39	6	1
1:A:90:LEU:CD2	1:A:153:MET:SD	0.47	3.02	6	1
1:A:135:LYS:CD	1:A:139:PRO:HA	0.47	2.39	7	1
1:A:37:VAL:CG1	1:A:167:LEU:CD2	0.47	2.91	10	2
1:A:127:LEU:HD22	1:A:173:THR:HG23	0.47	1.85	13	3
1:A:38:LEU:HD22	1:A:167:LEU:CD2	0.47	2.38	16	1
1:A:131:LEU:HG	1:A:180:GLN:OE1	0.47	2.09	18	1
1:A:38:LEU:HB2	1:A:171:PHE:CB	0.47	2.39	19	1
1:A:25:LEU:CD2	1:A:34:GLU:HB3	0.47	2.39	4	1
1:A:158:LYS:N	1:A:158:LYS:CD	0.47	2.77	9	2
1:A:27:SER:HB2	1:A:88:ARG:O	0.47	2.09	15	2
1:A:33:GLN:O	1:A:37:VAL:CG2	0.47	2.61	15	1
1:A:97:MET:HE2	1:A:101:ILE:HG21	0.47	1.86	15	1
1:A:101:ILE:CG1	1:A:107:ARG:HG2	0.47	2.39	18	1
1:A:131:LEU:HD11	1:A:182:LEU:CD2	0.47	2.39	18	1
1:A:134:VAL:CA	1:A:138:PHE:CE2	0.47	2.97	20	1
1:A:21:VAL:CA	1:A:175:VAL:HG23	0.47	2.40	5	11
1:A:142:MET:CA	1:A:185:TYR:CZ	0.47	2.97	1	1
1:A:109:LEU:HD21	1:A:134:VAL:HB	0.47	1.87	8	1
1:A:105:LEU:O	1:A:109:LEU:CB	0.47	2.62	9	1
1:A:149:LEU:O	1:A:152:THR:CG2	0.47	2.61	9	1
1:A:178:ILE:CG2	1:A:183:PHE:O	0.47	2.62	10	1
1:A:97:MET:HG2	1:A:98:ASP:N	0.47	2.23	15	1
1:A:179:ASN:C	1:A:180:GLN:O	0.47	2.57	18	1
1:A:34:GLU:OE1	1:A:167:LEU:HD23	0.47	2.09	19	1
1:A:29:GLY:O	1:A:30:CYS:O	0.47	2.32	1	1
1:A:139:PRO:O	1:A:144:ASN:CB	0.47	2.63	6	1
1:A:141:ASP:C	1:A:145:ASP:OD2	0.47	2.58	7	2
1:A:16:ILE:HG21	1:A:183:PHE:CD1	0.47	2.42	8	1
1:A:104:THR:O	1:A:104:THR:CG2	0.47	2.63	18	5
1:A:98:ASP:OD1	1:A:99:HIS:N	0.47	2.47	15	3
1:A:145:ASP:OD1	1:A:149:LEU:CD1	0.47	2.62	13	1
1:A:89:HIS:CE1	1:A:93:ILE:HG13	0.47	2.44	14	1
1:A:159:VAL:C	1:A:163:ALA:C	0.47	2.82	16	2
1:A:16:ILE:HG23	1:A:183:PHE:CD1	0.47	2.45	6	2
1:A:33:GLN:O	1:A:37:VAL:HB	0.47	2.09	2	1
1:A:109:LEU:CD1	1:A:109:LEU:H	0.47	2.21	7	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:110:ALA:C	1:A:113:PHE:CE2	0.47	2.92	11	2
1:A:17:THR:CG2	1:A:178:ILE:CG2	0.47	2.91	13	1
1:A:20:LEU:O	1:A:20:LEU:HD22	0.47	2.09	17	1
1:A:104:THR:HG21	1:A:137:ALA:HB1	0.47	1.85	20	1
1:A:167:LEU:C	1:A:169:ASP:N	0.47	2.71	2	1
1:A:110:ALA:CA	1:A:113:PHE:CD2	0.47	2.96	7	1
1:A:104:THR:HG22	1:A:105:LEU:CD2	0.47	2.40	12	1
1:A:135:LYS:C	1:A:136:THR:CG2	0.47	2.87	13	1
1:A:132:ASP:O	1:A:136:THR:HG22	0.47	2.10	17	1
1:A:136:THR:HG23	1:A:136:THR:O	0.47	2.10	17	1
1:A:180:GLN:CG	1:A:182:LEU:H	0.47	2.21	18	1
1:A:106:VAL:CG1	1:A:107:ARG:HD3	0.47	2.39	19	1
1:A:91:ALA:O	1:A:94:GLY:N	0.47	2.48	2	9
1:A:151:MET:HA	1:A:154:LEU:CD2	0.47	2.38	2	1
1:A:25:LEU:CB	1:A:35:LEU:CB	0.47	2.93	17	2
1:A:26:GLN:N	1:A:35:LEU:HD21	0.47	2.24	11	3
1:A:89:HIS:NE2	1:A:93:ILE:CG1	0.47	2.78	5	2
1:A:152:THR:CG2	1:A:174:THR:O	0.47	2.62	5	1
1:A:152:THR:CA	1:A:177:PHE:CD1	0.47	2.98	5	1
1:A:113:PHE:CD1	1:A:127:LEU:HA	0.47	2.45	8	2
1:A:126:CYS:SG	1:A:127:LEU:CD2	0.47	3.03	6	2
1:A:21:VAL:HG23	1:A:174:THR:HG1	0.47	1.68	10	2
1:A:89:HIS:CE1	1:A:93:ILE:HD13	0.47	2.45	7	2
1:A:106:VAL:CG1	1:A:151:MET:SD	0.47	2.98	7	1
1:A:94:GLY:HA3	1:A:153:MET:HE3	0.47	1.85	8	1
1:A:152:THR:CG2	1:A:177:PHE:CB	0.47	2.93	15	3
1:A:160:ALA:HB2	1:A:170:VAL:CG1	0.47	2.35	17	3
1:A:138:PHE:O	1:A:144:ASN:ND2	0.47	2.48	10	2
1:A:109:LEU:CD2	1:A:133:GLU:HB3	0.47	2.40	12	1
1:A:148:MET:SD	1:A:181:ASN:ND2	0.47	2.87	12	1
1:A:181:ASN:OD1	1:A:182:LEU:CD2	0.47	2.61	13	1
1:A:124:ARG:CA	1:A:127:LEU:CD2	0.47	2.93	18	1
1:A:25:LEU:HB3	1:A:35:LEU:CD2	0.47	2.40	19	1
1:A:113:PHE:CZ	1:A:155:LEU:CG	0.47	2.97	19	1
1:A:25:LEU:HD11	1:A:30:CYS:N	0.47	2.25	1	1
1:A:183:PHE:CD1	1:A:183:PHE:C	0.47	2.93	18	2
1:A:134:VAL:C	1:A:135:LYS:HE2	0.47	2.34	18	1
1:A:24:PHE:CD2	1:A:91:ALA:N	0.47	2.83	2	5
1:A:30:CYS:SG	1:A:160:ALA:O	0.47	2.68	2	2
1:A:31:THR:O	1:A:34:GLU:CB	0.47	2.63	18	6
1:A:175:VAL:HG13	1:A:178:ILE:HD11	0.47	1.87	6	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:24:PHE:CE1	1:A:91:ALA:CB	0.47	2.98	19	3
1:A:113:PHE:CE1	1:A:126:CYS:C	0.47	2.93	13	1
1:A:125:ASN:OD1	1:A:126:CYS:N	0.47	2.48	19	1
1:A:16:ILE:CG2	1:A:183:PHE:CD2	0.47	2.98	1	1
1:A:102:GLN:O	1:A:102:GLN:NE2	0.47	2.48	2	1
1:A:20:LEU:HG	1:A:90:LEU:HD22	0.47	1.83	13	2
1:A:22:PHE:CE1	1:A:35:LEU:HD11	0.47	2.44	5	2
1:A:113:PHE:HE2	1:A:130:ALA:CB	0.47	2.20	5	3
1:A:155:LEU:HD13	1:A:155:LEU:N	0.47	2.25	5	2
1:A:24:PHE:CZ	1:A:91:ALA:HA	0.47	2.43	19	2
1:A:152:THR:HG1	1:A:174:THR:C	0.47	2.15	17	1
1:A:135:LYS:HA	1:A:135:LYS:HE2	0.47	1.86	18	1
1:A:131:LEU:O	1:A:135:LYS:HG3	0.47	2.09	19	1
1:A:89:HIS:CE1	1:A:93:ILE:HG12	0.47	2.44	20	1
1:A:131:LEU:N	1:A:177:PHE:CE2	0.46	2.83	5	1
1:A:30:CYS:CB	1:A:34:GLU:HG2	0.46	2.40	6	2
1:A:184:SER:O	1:A:185:TYR:O	0.46	2.34	6	1
1:A:105:LEU:O	1:A:105:LEU:CG	0.46	2.64	12	1
1:A:106:VAL:O	1:A:151:MET:HE3	0.46	2.10	12	1
1:A:167:LEU:O	1:A:170:VAL:HB	0.46	2.10	13	3
1:A:131:LEU:HA	1:A:148:MET:SD	0.46	2.50	15	1
1:A:83:ILE:CG1	1:A:84:HIS:N	0.46	2.78	5	1
1:A:152:THR:HA	1:A:155:LEU:HD21	0.46	1.87	5	1
1:A:148:MET:O	1:A:177:PHE:HD2	0.46	1.92	7	1
1:A:104:THR:CG2	1:A:105:LEU:HD22	0.46	2.39	12	1
1:A:109:LEU:CG	1:A:138:PHE:CZ	0.46	2.98	12	1
1:A:25:LEU:HD23	1:A:35:LEU:CB	0.46	2.40	2	1
1:A:38:LEU:HB2	1:A:171:PHE:CZ	0.46	2.46	15	3
1:A:89:HIS:O	1:A:93:ILE:HB	0.46	2.10	8	4
1:A:19:LEU:HG	1:A:84:HIS:CE1	0.46	2.45	8	1
1:A:124:ARG:CA	1:A:127:LEU:HD11	0.46	2.38	10	2
1:A:109:LEU:HG	1:A:134:VAL:HA	0.46	1.86	12	1
1:A:31:THR:O	1:A:35:LEU:HD23	0.46	2.11	14	1
1:A:155:LEU:HD22	1:A:173:THR:HG23	0.46	1.87	16	1
1:A:38:LEU:HD11	1:A:167:LEU:CD1	0.46	2.39	18	1
1:A:135:LYS:HZ2	1:A:148:MET:H	0.46	1.52	18	1
1:A:135:LYS:HE3	1:A:135:LYS:C	0.46	2.36	19	1
1:A:103:PRO:O	1:A:104:THR:HB	0.46	2.10	10	6
1:A:109:LEU:C	1:A:111:ALA:N	0.46	2.73	7	3
1:A:113:PHE:CB	1:A:130:ALA:HB2	0.46	2.41	8	1
1:A:114:MET:CG	1:A:155:LEU:HD12	0.46	2.41	15	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:25:LEU:HD21	1:A:34:GLU:CD	0.46	2.36	16	2
1:A:16:ILE:CG2	1:A:83:ILE:CD1	0.46	2.92	18	1
1:A:101:ILE:O	1:A:107:ARG:HG2	0.46	2.10	18	1
1:A:37:VAL:HG12	1:A:38:LEU:H	0.46	1.69	17	8
1:A:25:LEU:CG	1:A:171:PHE:CE1	0.46	2.98	18	3
1:A:158:LYS:C	1:A:162:HIS:HB3	0.46	2.35	6	5
1:A:93:ILE:CG2	1:A:150:ILE:HG13	0.46	2.40	6	1
1:A:160:ALA:CB	1:A:170:VAL:CG2	0.46	2.92	8	1
1:A:113:PHE:CE1	1:A:126:CYS:HB3	0.46	2.45	11	2
1:A:37:VAL:HG13	1:A:38:LEU:N	0.46	2.26	16	1
1:A:135:LYS:CD	1:A:144:ASN:OD1	0.46	2.63	18	1
1:A:134:VAL:HA	1:A:138:PHE:CE2	0.46	2.45	20	2
1:A:139:PRO:C	1:A:144:ASN:HB3	0.46	2.35	4	3
1:A:35:LEU:HD23	1:A:36:GLU:CA	0.46	2.38	13	4
1:A:89:HIS:CD2	1:A:93:ILE:CG1	0.46	2.99	5	1
1:A:107:ARG:HA	1:A:151:MET:CE	0.46	2.40	5	3
1:A:88:ARG:C	1:A:90:LEU:N	0.46	2.73	14	7
1:A:86:ILE:CG2	1:A:87:ALA:N	0.46	2.79	7	1
1:A:105:LEU:O	1:A:105:LEU:CD2	0.46	2.60	11	1
1:A:148:MET:CE	1:A:182:LEU:HD23	0.46	2.33	3	1
1:A:94:GLY:HA2	1:A:153:MET:SD	0.46	2.50	16	2
1:A:93:ILE:CG2	1:A:153:MET:CE	0.46	2.93	6	1
1:A:140:ARG:HB2	1:A:144:ASN:HB2	0.46	1.87	6	1
1:A:131:LEU:HD21	1:A:148:MET:SD	0.46	2.51	11	1
1:A:113:PHE:CD1	1:A:114:MET:CA	0.46	2.99	14	1
1:A:90:LEU:HG	1:A:153:MET:CE	0.46	2.40	17	2
1:A:176:ASN:OD1	1:A:177:PHE:CD1	0.46	2.69	15	1
1:A:34:GLU:HG3	1:A:38:LEU:CD2	0.46	2.41	18	1
1:A:20:LEU:HD11	1:A:90:LEU:CG	0.46	2.40	20	1
1:A:92:GLN:C	1:A:92:GLN:CD	0.46	2.83	5	1
1:A:133:GLU:O	1:A:136:THR:CB	0.46	2.63	6	1
1:A:20:LEU:HD11	1:A:90:LEU:CB	0.46	2.41	8	2
1:A:21:VAL:C	1:A:171:PHE:CZ	0.46	2.92	8	1
1:A:104:THR:C	1:A:105:LEU:CD2	0.46	2.89	12	1
1:A:101:ILE:HD12	1:A:150:ILE:HG21	0.46	1.88	14	1
1:A:147:ALA:O	1:A:150:ILE:CG2	0.46	2.57	15	1
1:A:175:VAL:HA	1:A:178:ILE:CG1	0.46	2.40	16	1
1:A:104:THR:C	1:A:105:LEU:CG	0.46	2.88	20	3
1:A:38:LEU:HD13	1:A:167:LEU:CD2	0.46	2.38	10	1
1:A:124:ARG:CD	1:A:172:HIS:NE2	0.46	2.79	16	1
1:A:32:ARG:HA	1:A:35:LEU:CD2	0.46	2.41	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:40:ARG:O	1:A:40:ARG:CD	0.46	2.63	1	1
1:A:138:PHE:HD2	1:A:147:ALA:HB1	0.46	1.71	2	2
1:A:24:PHE:CE1	1:A:25:LEU:CD1	0.46	2.99	3	2
1:A:113:PHE:HB2	1:A:126:CYS:C	0.46	2.36	6	1
1:A:131:LEU:CD1	1:A:177:PHE:HA	0.46	2.41	9	1
1:A:134:VAL:CB	1:A:138:PHE:CZ	0.46	2.99	9	2
1:A:160:ALA:HB2	1:A:170:VAL:CG2	0.46	2.40	10	1
1:A:109:LEU:HD13	1:A:110:ALA:CA	0.46	2.41	12	1
1:A:110:ALA:HB1	1:A:113:PHE:HE2	0.46	1.70	12	1
1:A:157:LYS:CA	1:A:161:SER:HB2	0.46	2.41	16	2
1:A:133:GLU:OE1	1:A:136:THR:HG22	0.46	2.11	15	1
1:A:89:HIS:CE1	1:A:93:ILE:HD12	0.46	2.45	17	1
1:A:130:ALA:O	1:A:131:LEU:C	0.45	2.59	11	9
1:A:97:MET:O	1:A:100:ASN:C	0.45	2.59	3	1
1:A:160:ALA:O	1:A:162:HIS:N	0.45	2.49	7	4
1:A:106:VAL:O	1:A:109:LEU:N	0.45	2.49	9	2
1:A:19:LEU:HD13	1:A:84:HIS:HE1	0.45	1.70	10	1
1:A:34:GLU:OE2	1:A:38:LEU:HD11	0.45	2.10	14	1
1:A:154:LEU:HG	1:A:155:LEU:N	0.45	2.26	17	2
1:A:101:ILE:CG2	1:A:107:ARG:HB3	0.45	2.40	16	1
1:A:103:PRO:CD	1:A:106:VAL:HB	0.45	2.41	3	2
1:A:134:VAL:O	1:A:138:PHE:CZ	0.45	2.69	5	1
1:A:148:MET:SD	1:A:182:LEU:HG	0.45	2.50	14	2
1:A:20:LEU:HG	1:A:178:ILE:CD1	0.45	2.41	12	3
1:A:109:LEU:HA	1:A:112:GLN:HG2	0.45	1.88	15	2
1:A:93:ILE:HG13	1:A:153:MET:SD	0.45	2.51	15	1
1:A:149:LEU:HD22	1:A:152:THR:OG1	0.45	2.10	15	1
1:A:97:MET:CG	1:A:153:MET:CE	0.45	2.94	1	1
1:A:101:ILE:O	1:A:102:GLN:HG3	0.45	2.11	4	2
1:A:94:GLY:O	1:A:157:LYS:HE3	0.45	2.12	7	1
1:A:101:ILE:CD1	1:A:157:LYS:NZ	0.45	2.79	7	1
1:A:106:VAL:CA	1:A:151:MET:HE1	0.45	2.39	8	3
1:A:24:PHE:CE1	1:A:29:GLY:CA	0.45	2.99	9	1
1:A:97:MET:HG3	1:A:101:ILE:CG1	0.45	2.41	16	4
1:A:98:ASP:C	1:A:98:ASP:OD1	0.45	2.59	14	1
1:A:131:LEU:HA	1:A:134:VAL:HG13	0.45	1.87	14	1
1:A:124:ARG:NH1	1:A:172:HIS:CE1	0.45	2.84	1	1
1:A:127:LEU:C	1:A:129:LYS:N	0.45	2.74	1	6
1:A:101:ILE:O	1:A:102:GLN:HB3	0.45	2.11	10	5
1:A:131:LEU:HA	1:A:134:VAL:CG1	0.45	2.42	17	2
1:A:137:ALA:C	1:A:139:PRO:CD	0.45	2.87	5	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:128:ALA:HB2	1:A:180:GLN:HG3	0.45	1.88	6	1
1:A:105:LEU:HB3	1:A:108:GLN:CB	0.45	2.42	8	3
1:A:173:THR:CA	1:A:176:ASN:HB3	0.45	2.41	13	5
1:A:19:LEU:HD12	1:A:84:HIS:CD2	0.45	2.47	14	1
1:A:22:PHE:HE1	1:A:35:LEU:HD21	0.45	1.68	15	1
1:A:165:SER:C	1:A:166:LEU:HD12	0.45	2.36	17	1
1:A:26:GLN:N	1:A:35:LEU:HD22	0.45	2.27	19	1
1:A:158:LYS:NZ	1:A:158:LYS:CB	0.45	2.78	20	1
1:A:109:LEU:CB	1:A:138:PHE:CZ	0.45	3.00	10	2
1:A:152:THR:CG2	1:A:177:PHE:CD1	0.45	2.97	3	1
1:A:20:LEU:O	1:A:24:PHE:HB2	0.45	2.12	18	2
1:A:124:ARG:CB	1:A:172:HIS:CE1	0.45	2.98	6	1
1:A:113:PHE:CG	1:A:130:ALA:HB2	0.45	2.44	8	1
1:A:168:ARG:CD	1:A:169:ASP:N	0.45	2.80	18	1
1:A:107:ARG:O	1:A:107:ARG:HG2	0.45	2.11	1	1
1:A:159:VAL:CA	1:A:163:ALA:H	0.45	2.25	19	3
1:A:20:LEU:HD23	1:A:87:ALA:CA	0.45	2.34	19	4
1:A:154:LEU:CD2	1:A:154:LEU:O	0.45	2.62	5	1
1:A:141:ASP:C	1:A:145:ASP:CB	0.45	2.90	6	1
1:A:126:CYS:O	1:A:129:LYS:CB	0.45	2.65	7	3
1:A:124:ARG:HG3	1:A:172:HIS:CE1	0.45	2.46	8	1
1:A:34:GLU:HA	1:A:37:VAL:HG12	0.45	1.88	16	1
1:A:127:LEU:HD22	1:A:155:LEU:HD22	0.45	1.88	16	1
1:A:131:LEU:CD2	1:A:135:LYS:HG3	0.45	2.42	18	1
1:A:100:ASN:O	1:A:107:ARG:NE	0.45	2.50	2	1
1:A:178:ILE:O	1:A:183:PHE:CA	0.45	2.65	2	1
1:A:157:LYS:C	1:A:157:LYS:HD2	0.45	2.37	3	1
1:A:89:HIS:CD2	1:A:93:ILE:HG12	0.45	2.46	4	1
1:A:140:ARG:O	1:A:145:ASP:OD1	0.45	2.35	7	1
1:A:155:LEU:O	1:A:158:LYS:HG2	0.45	2.11	7	1
1:A:159:VAL:HA	1:A:163:ALA:O	0.45	2.12	8	3
1:A:105:LEU:O	1:A:109:LEU:HB2	0.45	2.11	9	1
1:A:113:PHE:CD1	1:A:126:CYS:CB	0.45	3.00	17	2
1:A:34:GLU:CG	1:A:38:LEU:HD11	0.45	2.40	15	1
1:A:180:GLN:NE2	1:A:181:ASN:CB	0.45	2.80	3	1
1:A:112:GLN:NE2	1:A:133:GLU:OE1	0.45	2.50	9	1
1:A:94:GLY:HA2	1:A:97:MET:HE3	0.45	1.88	10	1
1:A:22:PHE:CG	1:A:35:LEU:HD23	0.45	2.45	17	1
1:A:38:LEU:HD11	1:A:167:LEU:HB2	0.45	1.89	18	1
1:A:134:VAL:HG22	1:A:135:LYS:HZ1	0.45	1.72	18	1
1:A:107:ARG:NH1	1:A:150:ILE:HG21	0.45	2.27	2	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:157:LYS:O	1:A:161:SER:HB2	0.45	2.12	2	1
1:A:34:GLU:O	1:A:37:VAL:HG12	0.45	2.11	3	2
1:A:181:ASN:CG	1:A:182:LEU:N	0.45	2.75	13	2
1:A:26:GLN:HB2	1:A:35:LEU:CD1	0.45	2.42	18	2
1:A:160:ALA:N	1:A:163:ALA:O	0.45	2.50	9	2
1:A:176:ASN:HA	1:A:179:ASN:OD1	0.45	2.12	11	1
1:A:178:ILE:HD12	1:A:178:ILE:H	0.45	1.71	14	1
1:A:113:PHE:HB2	1:A:126:CYS:O	0.45	2.12	15	1
1:A:132:ASP:O	1:A:135:LYS:HG3	0.45	2.12	19	1
1:A:149:LEU:CD1	1:A:178:ILE:HG12	0.45	2.42	19	1
1:A:109:LEU:CD1	1:A:134:VAL:HA	0.45	2.42	6	1
1:A:102:GLN:O	1:A:102:GLN:CD	0.45	2.60	9	3
1:A:159:VAL:O	1:A:162:HIS:CA	0.45	2.63	9	5
1:A:140:ARG:HB3	1:A:143:GLU:CG	0.45	2.42	8	1
1:A:158:LYS:HA	1:A:162:HIS:CD2	0.45	2.47	10	1
1:A:146:LYS:HZ3	1:A:146:LYS:CB	0.45	2.25	14	1
1:A:157:LYS:O	1:A:162:HIS:CD2	0.45	2.70	18	1
1:A:16:ILE:HG21	1:A:83:ILE:HG21	0.44	1.87	10	1
1:A:113:PHE:HE2	1:A:130:ALA:HB2	0.44	1.64	13	1
1:A:148:MET:O	1:A:151:MET:CG	0.44	2.65	15	1
1:A:114:MET:HB3	1:A:155:LEU:CD1	0.44	2.42	19	1
1:A:151:MET:C	1:A:154:LEU:HG	0.44	2.30	2	1
1:A:153:MET:HE3	1:A:178:ILE:HD11	0.44	1.89	3	1
1:A:98:ASP:HA	1:A:101:ILE:HD11	0.44	1.90	5	1
1:A:133:GLU:C	1:A:135:LYS:N	0.44	2.73	5	1
1:A:22:PHE:CE2	1:A:35:LEU:HD11	0.44	2.46	8	1
1:A:125:ASN:O	1:A:126:CYS:C	0.44	2.60	11	1
1:A:20:LEU:HD22	1:A:87:ALA:O	0.44	2.13	16	1
1:A:106:VAL:CG1	1:A:107:ARG:NH1	0.44	2.80	19	1
1:A:131:LEU:HB2	1:A:148:MET:SD	0.44	2.52	19	2
1:A:25:LEU:HD23	1:A:35:LEU:HD12	0.44	1.88	20	1
1:A:20:LEU:HD12	1:A:175:VAL:HA	0.44	1.88	2	1
1:A:135:LYS:HG3	1:A:139:PRO:HB3	0.44	1.88	7	1
1:A:38:LEU:HD11	1:A:167:LEU:HD23	0.44	1.81	10	1
1:A:127:LEU:HB3	1:A:173:THR:HG23	0.44	1.89	11	1
1:A:83:ILE:HG22	1:A:84:HIS:N	0.44	2.28	1	1
1:A:97:MET:HG3	1:A:153:MET:CE	0.44	2.43	1	1
1:A:141:ASP:N	1:A:144:ASN:ND2	0.44	2.66	3	1
1:A:90:LEU:O	1:A:153:MET:SD	0.44	2.76	19	2
1:A:131:LEU:N	1:A:177:PHE:CE1	0.44	2.86	6	2
1:A:113:PHE:HD2	1:A:130:ALA:CB	0.44	2.21	8	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:22:PHE:O	1:A:35:LEU:HB2	0.44	2.12	10	1
1:A:124:ARG:NH2	1:A:180:GLN:OE1	0.44	2.50	14	1
1:A:168:ARG:HG2	1:A:169:ASP:N	0.44	2.27	14	1
1:A:17:THR:CG2	1:A:178:ILE:CG1	0.44	2.89	16	1
1:A:93:ILE:HG13	1:A:94:GLY:N	0.44	2.27	16	1
1:A:25:LEU:O	1:A:28:SER:O	0.44	2.35	1	1
1:A:104:THR:O	1:A:105:LEU:HG	0.44	2.12	1	1
1:A:156:ALA:O	1:A:161:SER:N	0.44	2.47	2	1
1:A:17:THR:HG21	1:A:178:ILE:C	0.44	2.35	3	1
1:A:142:MET:CG	1:A:143:GLU:N	0.44	2.80	8	1
1:A:160:ALA:HB3	1:A:170:VAL:CG2	0.44	2.42	8	1
1:A:140:ARG:CA	1:A:144:ASN:HB2	0.44	2.42	11	2
1:A:34:GLU:OE1	1:A:38:LEU:HD11	0.44	2.12	15	1
1:A:162:HIS:C	1:A:162:HIS:CD2	0.44	2.95	15	1
1:A:135:LYS:HD2	1:A:135:LYS:O	0.44	2.13	19	1
1:A:154:LEU:CD2	1:A:158:LYS:HD3	0.44	2.42	20	1
1:A:107:ARG:HA	1:A:151:MET:SD	0.44	2.52	2	1
1:A:180:GLN:OE1	1:A:182:LEU:HD21	0.44	2.12	3	1
1:A:107:ARG:O	1:A:107:ARG:CG	0.44	2.66	15	2
1:A:24:PHE:CZ	1:A:153:MET:CE	0.44	2.99	8	1
1:A:147:ALA:HA	1:A:150:ILE:HD11	0.44	1.89	9	1
1:A:135:LYS:HE2	1:A:148:MET:CG	0.44	2.43	13	1
1:A:134:VAL:HG21	1:A:148:MET:N	0.44	2.28	20	1
1:A:27:SER:CB	1:A:88:ARG:HB2	0.44	2.43	1	2
1:A:16:ILE:CG2	1:A:17:THR:N	0.44	2.80	6	2
1:A:27:SER:OG	1:A:88:ARG:CA	0.44	2.66	4	1
1:A:159:VAL:C	1:A:161:SER:H	0.44	2.20	20	3
1:A:134:VAL:HA	1:A:138:PHE:CE1	0.44	2.48	9	2
1:A:149:LEU:C	1:A:149:LEU:HD13	0.44	2.38	15	1
1:A:105:LEU:CD1	1:A:108:GLN:HG2	0.44	2.43	4	1
1:A:124:ARG:HG2	1:A:172:HIS:CE1	0.44	2.48	4	1
1:A:171:PHE:HA	1:A:174:THR:CG2	0.44	2.43	14	2
1:A:27:SER:CB	1:A:88:ARG:CG	0.44	2.96	7	2
1:A:109:LEU:HA	1:A:112:GLN:CG	0.44	2.42	7	1
1:A:110:ALA:HB1	1:A:154:LEU:CD2	0.44	2.39	14	1
1:A:149:LEU:HD22	1:A:149:LEU:C	0.44	2.37	15	1
1:A:20:LEU:CG	1:A:178:ILE:HD13	0.44	2.43	18	1
1:A:26:GLN:CG	1:A:35:LEU:HD13	0.44	2.42	18	1
1:A:148:MET:O	1:A:177:PHE:HE2	0.44	1.93	18	1
1:A:168:ARG:HD3	1:A:169:ASP:N	0.44	2.28	18	1
1:A:109:LEU:HB3	1:A:138:PHE:HZ	0.44	1.72	3	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:106:VAL:HA	1:A:109:LEU:HD11	0.44	1.89	5	1
1:A:38:LEU:CD2	1:A:167:LEU:CB	0.44	2.95	16	3
1:A:109:LEU:HD11	1:A:133:GLU:CB	0.44	2.41	9	1
1:A:88:ARG:HG3	1:A:89:HIS:N	0.44	2.27	18	2
1:A:102:GLN:C	1:A:104:THR:H	0.44	2.20	16	1
1:A:151:MET:O	1:A:154:LEU:CD2	0.44	2.66	16	1
1:A:93:ILE:CD1	1:A:153:MET:SD	0.44	3.05	19	1
1:A:22:PHE:CZ	1:A:35:LEU:CD2	0.43	3.01	5	1
1:A:154:LEU:HD23	1:A:158:LYS:HD2	0.43	1.89	6	1
1:A:114:MET:O	1:A:114:MET:HG2	0.43	2.12	9	1
1:A:96:GLU:O	1:A:99:HIS:CB	0.43	2.65	15	4
1:A:152:THR:HB	1:A:177:PHE:CG	0.43	2.47	11	1
1:A:107:ARG:HD2	1:A:154:LEU:CG	0.43	2.43	13	1
1:A:177:PHE:O	1:A:180:GLN:C	0.43	2.59	13	1
1:A:130:ALA:O	1:A:133:GLU:HG2	0.43	2.12	17	1
1:A:146:LYS:O	1:A:149:LEU:HG	0.43	2.13	18	1
1:A:150:ILE:O	1:A:154:LEU:N	0.43	2.51	3	1
1:A:140:ARG:HB3	1:A:143:GLU:HG2	0.43	1.90	8	1
1:A:111:ALA:CB	1:A:154:LEU:HD11	0.43	2.43	11	1
1:A:148:MET:SD	1:A:182:LEU:CG	0.43	3.06	11	2
1:A:167:LEU:N	1:A:167:LEU:HD12	0.43	2.11	12	1
1:A:173:THR:HA	1:A:176:ASN:HB3	0.43	1.90	16	2
1:A:95:ASP:O	1:A:98:ASP:OD2	0.43	2.36	14	1
1:A:109:LEU:HD22	1:A:133:GLU:C	0.43	2.37	15	1
1:A:145:ASP:CB	1:A:185:TYR:CG	0.43	3.00	16	1
1:A:131:LEU:HD12	1:A:148:MET:HE1	0.43	1.90	20	1
1:A:101:ILE:HD11	1:A:150:ILE:HD12	0.43	1.90	1	1
1:A:101:ILE:O	1:A:107:ARG:HB2	0.43	2.13	5	1
1:A:20:LEU:CD1	1:A:175:VAL:HG23	0.43	2.42	18	2
1:A:93:ILE:HG22	1:A:153:MET:HE2	0.43	1.90	6	1
1:A:154:LEU:CD2	1:A:158:LYS:HG2	0.43	2.44	11	1
1:A:131:LEU:CD1	1:A:132:ASP:N	0.43	2.67	18	1
1:A:24:PHE:C	1:A:91:ALA:HB2	0.43	2.39	20	2
1:A:35:LEU:C	1:A:35:LEU:CD1	0.43	2.89	3	1
1:A:22:PHE:CD1	1:A:35:LEU:CD1	0.43	3.01	5	2
1:A:96:GLU:HG3	1:A:97:MET:N	0.43	2.29	9	1
1:A:29:GLY:O	1:A:161:SER:OG	0.43	2.36	10	1
1:A:103:PRO:HD2	1:A:106:VAL:CG2	0.43	2.44	12	1
1:A:134:VAL:O	1:A:135:LYS:HE2	0.43	2.13	18	1
1:A:132:ASP:HA	1:A:135:LYS:CG	0.43	2.43	19	1
1:A:167:LEU:C	1:A:169:ASP:H	0.43	2.21	2	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:86:ILE:HD12	1:A:86:ILE:O	0.43	2.11	5	1
1:A:138:PHE:HB2	1:A:147:ALA:HB3	0.43	1.90	7	2
1:A:146:LYS:HB2	1:A:185:TYR:CE2	0.43	2.49	7	1
1:A:147:ALA:CA	1:A:150:ILE:HG12	0.43	2.44	9	1
1:A:170:VAL:O	1:A:173:THR:N	0.43	2.52	18	1
1:A:38:LEU:CD2	1:A:167:LEU:CA	0.43	2.96	6	1
1:A:109:LEU:CD1	1:A:134:VAL:CG2	0.43	2.86	6	1
1:A:135:LYS:NZ	1:A:145:ASP:HA	0.43	2.29	7	1
1:A:30:CYS:C	1:A:31:THR:CG2	0.43	2.91	9	1
1:A:101:ILE:HD11	1:A:150:ILE:HB	0.43	1.89	9	1
1:A:17:THR:CG2	1:A:179:ASN:N	0.43	2.77	14	2
1:A:134:VAL:CG2	1:A:148:MET:HA	0.43	2.43	11	1
1:A:93:ILE:CD1	1:A:150:ILE:HG12	0.43	2.44	16	1
1:A:131:LEU:HG	1:A:182:LEU:HD23	0.43	1.87	18	1
1:A:135:LYS:HD3	1:A:144:ASN:OD1	0.43	2.14	18	1
1:A:179:ASN:CG	1:A:180:GLN:N	0.43	2.76	13	4
1:A:173:THR:HA	1:A:176:ASN:OD1	0.43	2.07	3	1
1:A:27:SER:OG	1:A:88:ARG:HA	0.43	2.14	4	2
1:A:159:VAL:CG1	1:A:160:ALA:N	0.43	2.74	7	2
1:A:21:VAL:HG13	1:A:175:VAL:HG23	0.43	1.90	8	1
1:A:21:VAL:CG1	1:A:175:VAL:HB	0.43	2.41	8	1
1:A:144:ASN:ND2	1:A:144:ASN:C	0.43	2.74	10	1
1:A:131:LEU:C	1:A:131:LEU:HD23	0.43	2.37	11	1
1:A:109:LEU:CD2	1:A:133:GLU:CB	0.43	2.93	12	1
1:A:149:LEU:HD23	1:A:178:ILE:CG1	0.43	2.43	13	1
1:A:38:LEU:HD13	1:A:171:PHE:HB2	0.43	1.90	17	1
1:A:38:LEU:CD1	1:A:170:VAL:HG12	0.43	2.43	17	1
1:A:20:LEU:HD12	1:A:178:ILE:HD12	0.43	1.90	18	1
1:A:142:MET:SD	1:A:185:TYR:CD1	0.43	3.12	20	1
1:A:112:GLN:CD	1:A:133:GLU:OE2	0.43	2.62	1	1
1:A:151:MET:C	1:A:155:LEU:HD21	0.43	2.38	1	3
1:A:151:MET:O	1:A:152:THR:C	0.43	2.61	2	4
1:A:174:THR:O	1:A:178:ILE:HG23	0.43	2.13	2	1
1:A:94:GLY:CA	1:A:153:MET:SD	0.43	3.07	4	1
1:A:107:ARG:CA	1:A:151:MET:HE1	0.43	2.43	4	2
1:A:106:VAL:C	1:A:109:LEU:CD1	0.43	2.88	5	1
1:A:16:ILE:CG2	1:A:183:PHE:CG	0.43	3.02	6	1
1:A:156:ALA:HA	1:A:159:VAL:O	0.43	2.14	10	1
1:A:32:ARG:HA	1:A:35:LEU:CD1	0.43	2.42	14	1
1:A:157:LYS:CA	1:A:161:SER:CB	0.43	2.96	16	2
1:A:177:PHE:C	1:A:179:ASN:N	0.43	2.76	15	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:157:LYS:C	1:A:157:LYS:NZ	0.43	2.76	18	1
1:A:166:LEU:C	1:A:168:ARG:N	0.43	2.76	19	1
1:A:175:VAL:O	1:A:179:ASN:OD1	0.43	2.36	19	1
1:A:20:LEU:CD1	1:A:178:ILE:HG21	0.43	2.43	2	1
1:A:156:ALA:O	1:A:160:ALA:HB3	0.43	2.14	11	2
1:A:138:PHE:CD2	1:A:147:ALA:HB3	0.43	2.49	5	1
1:A:27:SER:HB2	1:A:88:ARG:CB	0.43	2.44	6	1
1:A:27:SER:OG	1:A:92:GLN:CD	0.43	2.61	11	1
1:A:22:PHE:CE1	1:A:35:LEU:HB2	0.43	2.49	14	2
1:A:114:MET:SD	1:A:114:MET:O	0.43	2.77	15	1
1:A:97:MET:CB	1:A:101:ILE:HG13	0.43	2.43	17	1
1:A:125:ASN:O	1:A:129:LYS:HB3	0.43	2.14	18	1
1:A:30:CYS:SG	1:A:34:GLU:CG	0.43	3.06	5	1
1:A:94:GLY:HA3	1:A:153:MET:HG3	0.43	1.89	8	1
1:A:105:LEU:CD2	1:A:108:GLN:HB3	0.43	2.44	16	2
1:A:38:LEU:C	1:A:171:PHE:HD2	0.43	2.18	13	2
1:A:140:ARG:HD3	1:A:141:ASP:N	0.43	2.29	13	1
1:A:157:LYS:C	1:A:157:LYS:CE	0.43	2.91	15	1
1:A:152:THR:CA	1:A:155:LEU:CD2	0.42	2.97	5	1
1:A:97:MET:HG2	1:A:150:ILE:HG23	0.42	1.90	6	1
1:A:157:LYS:HA	1:A:157:LYS:CE	0.42	2.43	6	1
1:A:26:GLN:HG3	1:A:35:LEU:CD1	0.42	2.44	9	2
1:A:109:LEU:HB2	1:A:138:PHE:HZ	0.42	1.74	10	1
1:A:166:LEU:CB	1:A:169:ASP:HB2	0.42	2.43	12	1
1:A:90:LEU:O	1:A:153:MET:CE	0.42	2.67	15	1
1:A:127:LEU:C	1:A:177:PHE:HE1	0.42	2.22	3	1
1:A:178:ILE:CG1	1:A:183:PHE:O	0.42	2.68	4	1
1:A:145:ASP:HA	1:A:148:MET:SD	0.42	2.54	13	1
1:A:157:LYS:O	1:A:157:LYS:NZ	0.42	2.49	15	1
1:A:124:ARG:HD3	1:A:172:HIS:NE2	0.42	2.29	16	1
1:A:25:LEU:HB3	1:A:35:LEU:HD23	0.42	1.90	19	1
1:A:144:ASN:HA	1:A:147:ALA:HB3	0.42	1.91	4	1
1:A:30:CYS:SG	1:A:31:THR:N	0.42	2.91	5	1
1:A:158:LYS:O	1:A:159:VAL:C	0.42	2.63	5	2
1:A:159:VAL:HA	1:A:163:ALA:N	0.42	2.29	5	1
1:A:109:LEU:HD11	1:A:138:PHE:HZ	0.42	1.74	6	1
1:A:154:LEU:HD21	1:A:158:LYS:HD2	0.42	1.91	7	1
1:A:169:ASP:OD1	1:A:173:THR:OG1	0.42	2.37	7	1
1:A:25:LEU:HD21	1:A:34:GLU:HG3	0.42	1.85	8	2
1:A:111:ALA:HB2	1:A:154:LEU:HD21	0.42	1.91	9	1
1:A:152:THR:HG22	1:A:153:MET:N	0.42	2.29	10	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:138:PHE:CZ	1:A:151:MET:HE2	0.42	2.50	12	1
1:A:110:ALA:HB3	1:A:154:LEU:HD22	0.42	1.90	14	1
1:A:134:VAL:C	1:A:135:LYS:CE	0.42	2.92	18	1
1:A:97:MET:O	1:A:97:MET:SD	0.42	2.77	19	1
1:A:132:ASP:CA	1:A:135:LYS:HG3	0.42	2.45	19	1
1:A:27:SER:OG	1:A:88:ARG:HG2	0.42	2.14	3	1
1:A:83:ILE:HG13	1:A:84:HIS:N	0.42	2.28	5	1
1:A:166:LEU:HB3	1:A:169:ASP:CB	0.42	2.44	5	3
1:A:97:MET:HG2	1:A:150:ILE:CG2	0.42	2.44	6	1
1:A:109:LEU:HD11	1:A:134:VAL:CG2	0.42	2.40	6	1
1:A:146:LYS:HB2	1:A:185:TYR:CE1	0.42	2.50	12	1
1:A:166:LEU:O	1:A:170:VAL:CB	0.42	2.67	14	1
1:A:168:ARG:HB2	1:A:168:ARG:CZ	0.42	2.44	16	1
1:A:135:LYS:HE2	1:A:144:ASN:OD1	0.42	2.12	18	1
1:A:132:ASP:O	1:A:135:LYS:HE2	0.42	2.14	19	1
1:A:131:LEU:HB2	1:A:148:MET:CE	0.42	2.43	3	2
1:A:134:VAL:CG2	1:A:138:PHE:CD2	0.42	3.03	10	1
1:A:105:LEU:HD13	1:A:105:LEU:N	0.42	2.26	15	1
1:A:25:LEU:HB3	1:A:35:LEU:CA	0.42	2.44	17	1
1:A:38:LEU:CD1	1:A:167:LEU:HB2	0.42	2.44	18	1
1:A:39:GLY:CA	1:A:171:PHE:CE2	0.42	3.02	20	1
1:A:19:LEU:CD1	1:A:84:HIS:NE2	0.42	2.82	1	1
1:A:97:MET:HE3	1:A:150:ILE:CD1	0.42	2.41	1	1
1:A:16:ILE:HG22	1:A:17:THR:N	0.42	2.30	5	3
1:A:152:THR:HG22	1:A:176:ASN:HD22	0.42	1.73	3	1
1:A:101:ILE:CG2	1:A:107:ARG:CD	0.42	2.98	4	2
1:A:142:MET:CB	1:A:185:TYR:CZ	0.42	3.02	6	1
1:A:175:VAL:HG13	1:A:178:ILE:CD1	0.42	2.45	6	1
1:A:139:PRO:C	1:A:140:ARG:O	0.42	2.62	7	1
1:A:107:ARG:HG3	1:A:108:GLN:N	0.42	2.30	9	2
1:A:181:ASN:ND2	1:A:181:ASN:O	0.42	2.53	10	1
1:A:105:LEU:O	1:A:105:LEU:HG	0.42	2.14	12	1
1:A:97:MET:O	1:A:101:ILE:HG12	0.42	2.14	17	1
1:A:131:LEU:HD22	1:A:135:LYS:HG2	0.42	1.92	18	1
1:A:167:LEU:O	1:A:168:ARG:C	0.42	2.62	18	1
1:A:97:MET:C	1:A:97:MET:SD	0.42	3.02	19	1
1:A:150:ILE:HA	1:A:153:MET:CE	0.42	2.42	1	1
1:A:27:SER:HB3	1:A:91:ALA:HB3	0.42	1.91	14	2
1:A:22:PHE:CD1	1:A:35:LEU:HB3	0.42	2.50	4	1
1:A:108:GLN:O	1:A:112:GLN:N	0.42	2.53	5	1
1:A:98:ASP:HB2	1:A:157:LYS:HZ3	0.42	1.74	10	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:25:LEU:HA	1:A:29:GLY:HA3	0.42	1.91	20	1
1:A:148:MET:HE1	1:A:181:ASN:CG	0.42	2.40	6	1
1:A:90:LEU:HG	1:A:153:MET:HE3	0.42	1.90	17	2
1:A:158:LYS:O	1:A:162:HIS:CD2	0.42	2.73	10	1
1:A:127:LEU:N	1:A:127:LEU:CD2	0.42	2.79	16	1
1:A:109:LEU:CB	1:A:138:PHE:CE1	0.42	3.02	17	1
1:A:177:PHE:O	1:A:180:GLN:HG2	0.42	2.15	18	1
1:A:114:MET:SD	1:A:159:VAL:CG2	0.42	3.07	1	1
1:A:142:MET:HB3	1:A:185:TYR:CE2	0.42	2.48	1	1
1:A:31:THR:CG2	1:A:34:GLU:HB2	0.42	2.45	2	1
1:A:177:PHE:N	1:A:177:PHE:HD1	0.42	2.12	3	1
1:A:179:ASN:O	1:A:180:GLN:C	0.42	2.63	3	1
1:A:26:GLN:CB	1:A:35:LEU:CD1	0.42	2.97	13	2
1:A:155:LEU:H	1:A:155:LEU:CD1	0.42	2.25	11	1
1:A:38:LEU:HD22	1:A:168:ARG:HA	0.42	1.90	12	1
1:A:109:LEU:CA	1:A:112:GLN:HG2	0.42	2.45	12	1
1:A:131:LEU:O	1:A:135:LYS:N	0.42	2.49	17	2
1:A:127:LEU:CD2	1:A:173:THR:OG1	0.42	2.67	17	1
1:A:106:VAL:HG11	1:A:107:ARG:CZ	0.42	2.44	19	1
1:A:90:LEU:HD21	1:A:149:LEU:HD12	0.42	1.91	1	1
1:A:35:LEU:HD12	1:A:35:LEU:N	0.42	2.28	4	1
1:A:127:LEU:HG	1:A:173:THR:OG1	0.42	2.14	5	1
1:A:38:LEU:CD1	1:A:168:ARG:CA	0.42	2.98	10	1
1:A:97:MET:HG2	1:A:150:ILE:CG1	0.42	2.45	14	2
1:A:151:MET:CB	1:A:154:LEU:HD23	0.42	2.45	17	2
1:A:89:HIS:O	1:A:92:GLN:CG	0.42	2.68	16	1
1:A:107:ARG:HD3	1:A:151:MET:SD	0.42	2.55	19	1
1:A:166:LEU:CB	1:A:169:ASP:HB3	0.41	2.45	5	1
1:A:109:LEU:HD11	1:A:138:PHE:CZ	0.41	2.50	6	1
1:A:148:MET:CE	1:A:181:ASN:OD1	0.41	2.66	7	1
1:A:107:ARG:CG	1:A:108:GLN:N	0.41	2.81	9	2
1:A:101:ILE:C	1:A:102:GLN:HG3	0.41	2.39	13	1
1:A:83:ILE:O	1:A:86:ILE:HG12	0.41	2.15	18	2
1:A:154:LEU:CG	1:A:155:LEU:N	0.41	2.83	14	1
1:A:34:GLU:O	1:A:38:LEU:HG	0.41	2.14	15	1
1:A:97:MET:CE	1:A:153:MET:HB2	0.41	2.45	17	1
1:A:38:LEU:HD12	1:A:168:ARG:HA	0.41	1.92	18	1
1:A:131:LEU:HD13	1:A:132:ASP:CA	0.41	2.44	18	1
1:A:183:PHE:C	1:A:184:SER:O	0.41	2.63	18	1
1:A:149:LEU:HD11	1:A:178:ILE:CG1	0.41	2.45	19	1
1:A:177:PHE:O	1:A:180:GLN:HB3	0.41	2.16	3	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:106:VAL:O	1:A:109:LEU:HD13	0.41	2.07	5	1
1:A:135:LYS:CA	1:A:135:LYS:HE2	0.41	2.44	7	1
1:A:124:ARG:O	1:A:124:ARG:CG	0.41	2.66	8	1
1:A:160:ALA:N	1:A:170:VAL:HG21	0.41	2.30	11	1
1:A:85:ASN:O	1:A:88:ARG:HG2	0.41	2.15	13	1
1:A:111:ALA:HB2	1:A:154:LEU:HD13	0.41	1.91	16	1
1:A:106:VAL:CG2	1:A:138:PHE:CZ	0.41	3.01	2	2
1:A:152:THR:HB	1:A:177:PHE:CD2	0.41	2.51	2	1
1:A:157:LYS:CD	1:A:157:LYS:O	0.41	2.67	3	1
1:A:147:ALA:O	1:A:150:ILE:HB	0.41	2.15	4	1
1:A:162:HIS:O	1:A:164:PRO:HD3	0.41	2.15	7	1
1:A:135:LYS:HG2	1:A:135:LYS:O	0.41	2.14	15	2
1:A:152:THR:HA	1:A:155:LEU:HD13	0.41	1.93	9	1
1:A:124:ARG:HA	1:A:127:LEU:CG	0.41	2.45	10	1
1:A:95:ASP:O	1:A:98:ASP:OD1	0.41	2.37	12	1
1:A:176:ASN:OD1	1:A:177:PHE:HD1	0.41	1.98	15	1
1:A:127:LEU:HD22	1:A:173:THR:CG2	0.41	2.44	17	1
1:A:107:ARG:HE	1:A:108:GLN:N	0.41	2.12	18	1
1:A:149:LEU:HG	1:A:153:MET:HE1	0.41	1.93	20	1
1:A:25:LEU:HB2	1:A:171:PHE:HE1	0.41	1.71	1	1
1:A:38:LEU:HA	1:A:168:ARG:HA	0.41	1.92	4	1
1:A:141:ASP:O	1:A:142:MET:C	0.41	2.64	6	1
1:A:109:LEU:HG	1:A:151:MET:CE	0.41	2.46	8	2
1:A:147:ALA:HA	1:A:150:ILE:CG1	0.41	2.45	9	1
1:A:147:ALA:HA	1:A:150:ILE:HG12	0.41	1.92	9	1
1:A:101:ILE:HG12	1:A:107:ARG:CG	0.41	2.46	13	1
1:A:25:LEU:CD1	1:A:30:CYS:HB2	0.41	2.45	16	1
1:A:183:PHE:O	1:A:184:SER:HB2	0.41	2.16	17	1
1:A:16:ILE:HD12	1:A:84:HIS:CE1	0.41	2.50	8	1
1:A:106:VAL:CG2	1:A:107:ARG:H	0.41	2.24	9	1
1:A:137:ALA:HB1	1:A:138:PHE:CE1	0.41	2.50	10	1
1:A:157:LYS:C	1:A:157:LYS:HZ2	0.41	2.21	18	1
1:A:150:ILE:HG13	1:A:151:MET:N	0.41	2.30	1	1
1:A:101:ILE:CG2	1:A:107:ARG:HD3	0.41	2.45	4	2
1:A:139:PRO:C	1:A:140:ARG:HG3	0.41	2.41	4	1
1:A:106:VAL:CG1	1:A:151:MET:HE1	0.41	2.46	5	1
1:A:38:LEU:HD11	1:A:167:LEU:CD2	0.41	2.45	18	2
1:A:170:VAL:HG12	1:A:171:PHE:H	0.41	1.76	10	1
1:A:85:ASN:O	1:A:88:ARG:HG3	0.41	2.14	13	1
1:A:97:MET:HG3	1:A:150:ILE:CD1	0.41	2.46	13	1
1:A:176:ASN:CG	1:A:177:PHE:CD1	0.41	2.99	15	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:129:LYS:O	1:A:133:GLU:OE1	0.41	2.38	17	1
1:A:131:LEU:HD13	1:A:148:MET:CE	0.41	2.46	1	1
1:A:153:MET:O	1:A:157:LYS:HB2	0.41	2.16	1	2
1:A:25:LEU:O	1:A:29:GLY:CA	0.41	2.69	2	1
1:A:148:MET:HE2	1:A:148:MET:HB3	0.41	1.72	3	1
1:A:141:ASP:C	1:A:145:ASP:HB2	0.41	2.41	6	1
1:A:102:GLN:O	1:A:102:GLN:HG2	0.41	2.15	19	2
1:A:105:LEU:CG	1:A:105:LEU:O	0.41	2.68	7	1
1:A:97:MET:CB	1:A:150:ILE:HD11	0.41	2.45	8	1
1:A:97:MET:CG	1:A:150:ILE:HG12	0.41	2.45	14	1
1:A:147:ALA:O	1:A:151:MET:HG2	0.41	2.16	17	1
1:A:101:ILE:CD1	1:A:107:ARG:HB2	0.41	2.46	1	1
1:A:112:GLN:OE1	1:A:133:GLU:OE1	0.41	2.39	9	1
1:A:93:ILE:O	1:A:97:MET:HG2	0.41	2.16	11	1
1:A:38:LEU:HD22	1:A:168:ARG:CA	0.41	2.44	12	1
1:A:108:GLN:O	1:A:112:GLN:CG	0.41	2.69	12	1
1:A:124:ARG:HD2	1:A:172:HIS:NE2	0.41	2.31	14	1
1:A:149:LEU:HD11	1:A:153:MET:HE3	0.41	1.92	15	1
1:A:90:LEU:O	1:A:93:ILE:CG2	0.41	2.53	17	1
1:A:106:VAL:O	1:A:108:GLN:N	0.41	2.54	20	1
1:A:89:HIS:O	1:A:93:ILE:HD12	0.41	2.16	2	1
1:A:106:VAL:HG12	1:A:107:ARG:HG2	0.41	1.91	2	1
1:A:133:GLU:O	1:A:134:VAL:C	0.41	2.63	4	1
1:A:105:LEU:O	1:A:109:LEU:CD1	0.41	2.69	5	1
1:A:141:ASP:C	1:A:143:GLU:N	0.41	2.78	5	1
1:A:16:ILE:O	1:A:19:LEU:HB2	0.41	2.16	7	1
1:A:124:ARG:HB3	1:A:172:HIS:NE2	0.41	2.31	7	1
1:A:21:VAL:O	1:A:24:PHE:HB3	0.41	2.15	8	2
1:A:91:ALA:O	1:A:153:MET:HE3	0.41	2.15	8	1
1:A:109:LEU:CD2	1:A:134:VAL:N	0.41	2.83	8	1
1:A:124:ARG:HG3	1:A:172:HIS:NE2	0.41	2.31	8	1
1:A:90:LEU:CD2	1:A:178:ILE:HD11	0.41	2.40	9	2
1:A:159:VAL:HA	1:A:163:ALA:CA	0.41	2.46	11	1
1:A:83:ILE:O	1:A:83:ILE:HD13	0.41	2.16	12	1
1:A:110:ALA:HB2	1:A:151:MET:HB3	0.41	1.91	12	1
1:A:26:GLN:CB	1:A:35:LEU:HD12	0.41	2.42	13	1
1:A:135:LYS:CE	1:A:148:MET:CG	0.41	2.99	13	1
1:A:140:ARG:CD	1:A:141:ASP:N	0.41	2.84	13	1
1:A:142:MET:HG2	1:A:185:TYR:OH	0.41	2.16	13	1
1:A:27:SER:CB	1:A:88:ARG:HG2	0.41	2.46	19	2
1:A:38:LEU:N	1:A:38:LEU:HD23	0.41	2.31	19	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:93:ILE:HD12	1:A:150:ILE:CD1	0.41	2.45	19	1
1:A:135:LYS:HB3	1:A:148:MET:HE2	0.41	1.92	19	1
1:A:127:LEU:O	1:A:128:ALA:C	0.41	2.64	1	1
1:A:35:LEU:CD1	1:A:36:GLU:N	0.41	2.63	3	1
1:A:31:THR:O	1:A:35:LEU:CD1	0.41	2.69	4	1
1:A:135:LYS:O	1:A:137:ALA:N	0.41	2.54	5	1
1:A:38:LEU:CD2	1:A:38:LEU:N	0.41	2.82	8	1
1:A:166:LEU:CG	1:A:169:ASP:HB2	0.41	2.46	11	1
1:A:83:ILE:CG2	1:A:84:HIS:N	0.41	2.84	13	1
1:A:107:ARG:HD2	1:A:154:LEU:HG	0.41	1.92	13	1
1:A:89:HIS:CD2	1:A:93:ILE:HG23	0.41	2.50	15	1
1:A:124:ARG:HB2	1:A:172:HIS:NE2	0.41	2.30	15	1
1:A:127:LEU:HD23	1:A:127:LEU:H	0.41	1.75	16	1
1:A:114:MET:HG3	1:A:155:LEU:CD2	0.40	2.42	3	1
1:A:134:VAL:CG2	1:A:151:MET:CE	0.40	2.98	6	1
1:A:134:VAL:CG1	1:A:148:MET:HB2	0.40	2.45	6	1
1:A:25:LEU:HD12	1:A:30:CYS:H	0.40	1.76	7	1
1:A:101:ILE:C	1:A:102:GLN:HG2	0.40	2.41	8	1
1:A:176:ASN:O	1:A:179:ASN:HB3	0.40	2.15	15	1
1:A:22:PHE:CZ	1:A:36:GLU:HA	0.40	2.51	18	1
1:A:24:PHE:CE1	1:A:91:ALA:HB1	0.40	2.50	19	1
1:A:89:HIS:O	1:A:93:ILE:CB	0.40	2.70	20	1
1:A:135:LYS:O	1:A:139:PRO:HB3	0.40	2.17	20	1
1:A:22:PHE:CE2	1:A:35:LEU:O	0.40	2.74	4	1
1:A:35:LEU:CD1	1:A:35:LEU:H	0.40	2.29	4	1
1:A:40:ARG:O	1:A:40:ARG:CG	0.40	2.68	6	1
1:A:113:PHE:HB2	1:A:126:CYS:HB2	0.40	1.92	6	1
1:A:23:GLY:O	1:A:26:GLN:CG	0.40	2.69	7	1
1:A:88:ARG:CZ	1:A:88:ARG:HB2	0.40	2.46	9	1
1:A:109:LEU:HD22	1:A:112:GLN:HE22	0.40	1.74	10	1
1:A:134:VAL:HG11	1:A:148:MET:HA	0.40	1.91	10	1
1:A:83:ILE:HD13	1:A:86:ILE:HG22	0.40	1.92	12	1
1:A:109:LEU:HD11	1:A:134:VAL:HB	0.40	1.93	15	1
1:A:148:MET:HB3	1:A:181:ASN:ND2	0.40	2.32	15	1
1:A:17:THR:HG22	1:A:175:VAL:CG1	0.40	2.42	17	1
1:A:38:LEU:CD2	1:A:167:LEU:HG	0.40	2.45	17	1
1:A:97:MET:SD	1:A:150:ILE:HG13	0.40	2.56	17	1
1:A:142:MET:HB2	1:A:185:TYR:OH	0.40	2.16	3	1
1:A:107:ARG:HG3	1:A:154:LEU:HG	0.40	1.93	4	1
1:A:135:LYS:CG	1:A:148:MET:HB3	0.40	2.45	6	1
1:A:111:ALA:O	1:A:112:GLN:C	0.40	2.62	7	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:30:CYS:HB3	1:A:34:GLU:HG2	0.40	1.93	8	1
1:A:113:PHE:CE2	1:A:155:LEU:HG	0.40	2.51	8	1
1:A:166:LEU:CD1	1:A:169:ASP:HB2	0.40	2.43	11	1
1:A:178:ILE:HA	1:A:182:LEU:N	0.40	2.31	15	1
1:A:159:VAL:HB	1:A:170:VAL:HG23	0.40	1.92	17	1
1:A:169:ASP:OD1	1:A:170:VAL:N	0.40	2.54	18	1
1:A:132:ASP:C	1:A:135:LYS:HG3	0.40	2.41	19	1
1:A:90:LEU:HD21	1:A:178:ILE:CD1	0.40	2.40	20	1
1:A:109:LEU:CD2	1:A:138:PHE:HZ	0.40	2.23	20	1
1:A:96:GLU:CG	1:A:97:MET:N	0.40	2.84	9	1
1:A:131:LEU:HG	1:A:148:MET:SD	0.40	2.57	9	1
1:A:36:GLU:O	1:A:40:ARG:CD	0.40	2.69	10	1
1:A:109:LEU:CD2	1:A:112:GLN:HE22	0.40	2.29	10	1
1:A:27:SER:OG	1:A:88:ARG:HB2	0.40	2.17	12	1
1:A:37:VAL:HG11	1:A:167:LEU:CD2	0.40	2.47	14	1
1:A:98:ASP:OD1	1:A:98:ASP:C	0.40	2.65	15	1
1:A:25:LEU:O	1:A:29:GLY:HA2	0.40	2.17	16	1
1:A:151:MET:CB	1:A:177:PHE:CE1	0.40	3.04	17	1
1:A:83:ILE:HG23	1:A:84:HIS:N	0.40	2.32	2	1
1:A:185:TYR:CD1	1:A:185:TYR:O	0.40	2.75	3	1
1:A:84:HIS:HB3	1:A:88:ARG:HH21	0.40	1.76	4	1
1:A:109:LEU:CD1	1:A:109:LEU:N	0.40	2.78	7	1
1:A:166:LEU:CD2	1:A:169:ASP:CB	0.40	2.88	10	1
1:A:38:LEU:CG	1:A:171:PHE:HB2	0.40	2.47	16	1
1:A:34:GLU:O	1:A:35:LEU:C	0.40	2.63	17	1
1:A:90:LEU:O	1:A:153:MET:HE3	0.40	2.16	20	1

6.3 Torsion angles ⓘ

6.3.1 Protein backbone ⓘ

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

Mol	Chain	Analysed	Favoured	Allowed	Outliers	Percentiles	
1	A	120/195 (62%)	87±3 (72±2%)	22±3 (18±3%)	11±2 (9±2%)	1	11
All	All	2400/3900 (62%)	1739 (72%)	442 (18%)	219 (9%)	1	11

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

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	102	GLN	20
1	A	105	LEU	20
1	A	140	ARG	20
1	A	183	PHE	18
1	A	106	VAL	16
1	A	40	ARG	15
1	A	27	SER	12
1	A	184	SER	12
1	A	98	ASP	11
1	A	104	THR	11
1	A	114	MET	9
1	A	180	GLN	8
1	A	29	GLY	7
1	A	160	ALA	6
1	A	30	CYS	5
1	A	124	ARG	5
1	A	185	TYR	5
1	A	159	VAL	5
1	A	167	LEU	3
1	A	82	ILE	3
1	A	175	VAL	2
1	A	139	PRO	2
1	A	161	SER	2
1	A	17	THR	1
1	A	16	ILE	1

6.3.2 Protein sidechains ⓘ

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	105/170 (62%)	58±4 (55±3%)	47±4 (45±3%)	0 2
All	All	2100/3400 (62%)	1152 (55%)	948 (45%)	0 2

All 95 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	90	LEU	20
1	A	127	LEU	20
1	A	131	LEU	20
1	A	161	SER	20
1	A	167	LEU	20
1	A	170	VAL	20
1	A	176	ASN	20
1	A	182	LEU	20
1	A	21	VAL	19
1	A	109	LEU	19
1	A	154	LEU	19
1	A	20	LEU	18
1	A	138	PHE	18
1	A	35	LEU	17
1	A	106	VAL	17
1	A	134	VAL	17
1	A	171	PHE	17
1	A	140	ARG	17
1	A	32	ARG	16
1	A	37	VAL	15
1	A	86	ILE	14
1	A	101	ILE	14
1	A	19	LEU	13
1	A	40	ARG	13
1	A	150	ILE	13
1	A	129	LYS	13
1	A	135	LYS	13
1	A	104	THR	12
1	A	148	MET	12
1	A	149	LEU	12
1	A	25	LEU	12
1	A	93	ILE	12
1	A	96	GLU	11
1	A	136	THR	11
1	A	155	LEU	11
1	A	157	LYS	11
1	A	178	ILE	11
1	A	102	GLN	11
1	A	97	MET	10
1	A	108	GLN	10
1	A	124	ARG	10
1	A	28	SER	10
1	A	105	LEU	10

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	114	MET	10
1	A	24	PHE	9
1	A	107	ARG	9
1	A	143	GLU	9
1	A	152	THR	9
1	A	16	ILE	9
1	A	126	CYS	9
1	A	162	HIS	9
1	A	92	GLN	9
1	A	166	LEU	9
1	A	165	SER	8
1	A	169	ASP	8
1	A	112	GLN	8
1	A	26	GLN	8
1	A	132	ASP	7
1	A	158	LYS	7
1	A	174	THR	7
1	A	179	ASN	7
1	A	133	GLU	7
1	A	151	MET	7
1	A	168	ARG	7
1	A	146	LYS	7
1	A	38	LEU	7
1	A	17	THR	6
1	A	83	ILE	6
1	A	175	VAL	6
1	A	31	THR	6
1	A	142	MET	6
1	A	100	ASN	6
1	A	144	ASN	6
1	A	34	GLU	6
1	A	184	SER	6
1	A	27	SER	5
1	A	180	GLN	5
1	A	30	CYS	5
1	A	18	ASP	5
1	A	36	GLU	5
1	A	183	PHE	4
1	A	33	GLN	4
1	A	88	ARG	4
1	A	82	ILE	4
1	A	98	ASP	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	99	HIS	3
1	A	173	THR	3
1	A	141	ASP	3
1	A	113	PHE	3
1	A	153	MET	3
1	A	185	TYR	3
1	A	177	PHE	3
1	A	85	ASN	2
1	A	159	VAL	1
1	A	125	ASN	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 oligosaccharides in this entry.

6.6 Ligand geometry [i](#)

There are no ligands in this entry.

6.7 Other polymers [i](#)

There are no such molecules in this entry.

6.8 Polymer linkage issues [i](#)

There are no chain breaks in this entry.

7 Chemical shift validation

No chemical shift data were provided