



Full wwPDB NMR Structure Validation Report ⓘ

Mar 5, 2026 – 10:31 PM UTC

PDB ID : 1E2B / pdb_00001e2b

Title : NMR STRUCTURE OF THE C10S MUTANT OF ENZYME IIB CELLOBIOSE OF THE PHOSPHOENOL-PYRUVATE DEPENDENT PHOSPHOTRANSFERASE SYSTEM OF ESCHERICHIA COLI, 17 STRUCTURES

Authors : Ab, E.; Schuurman-Wolters, G.; Reizer, J.; Saier, M.H.; Dijkstra, K.; Scheek, R.M.; Robillard, G.T.

Deposited on : 1996-11-15

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

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

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

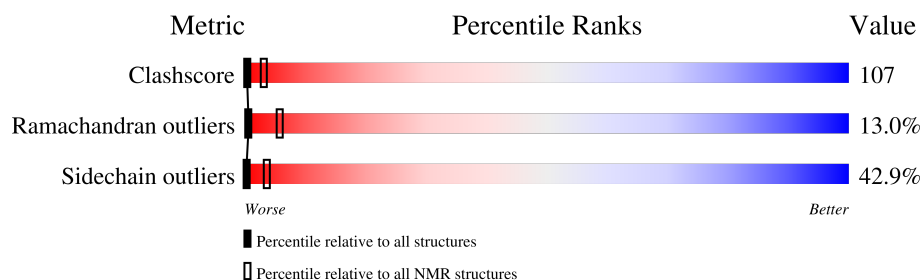
1 Overall quality at a glance

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	106	

2 Ensemble composition and analysis

This entry contains 17 models. Model 1 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:4-A:101 (98)	0.93	1

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

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

NmrClust was unable to cluster the ensemble.

Error message: Inconsistent models

3 Entry composition

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 1650 atoms, of which 850 are hydrogens and 0 are deuteriums.

- Molecule 1 is a protein called ENZYME IIB-CELLOBIOSE.

Mol	Chain	Residues	Atoms						Trace
1	A	106	Total	C	H	N	O	S	0
			1650	518	850	131	147	4	

There is a discrepancy between the modelled and reference sequences:

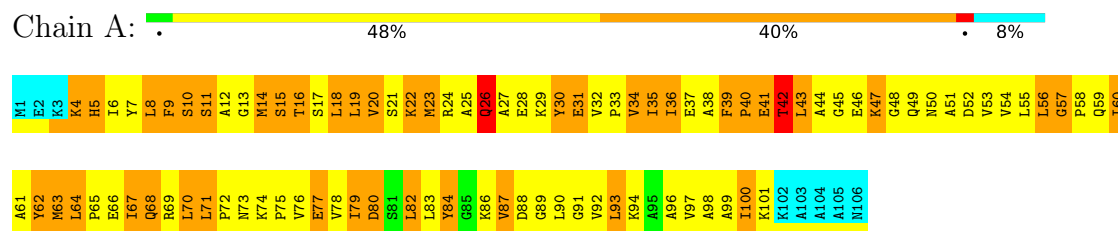
Chain	Residue	Modelled	Actual	Comment	Reference
A	10	SER	CYS	engineered mutation	UNP P69795

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: ENZYME IIB-CELLOBIOSE

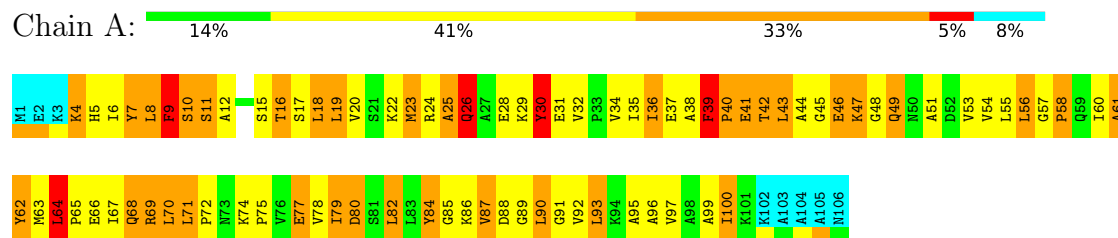


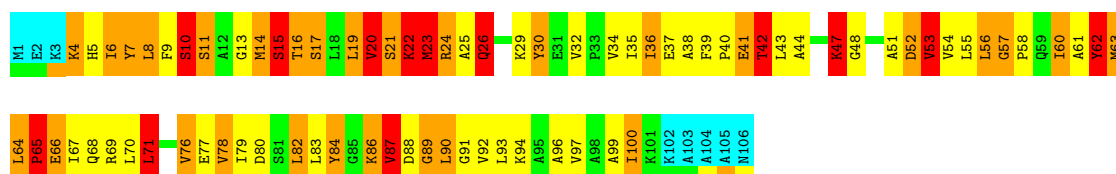
4.2 Scores per residue for each member of the ensemble

Colouring as in section 4.1 above.

4.2.1 Score per residue for model 1 (medoid)

- Molecule 1: ENZYME IIB-CELLOBIOSE

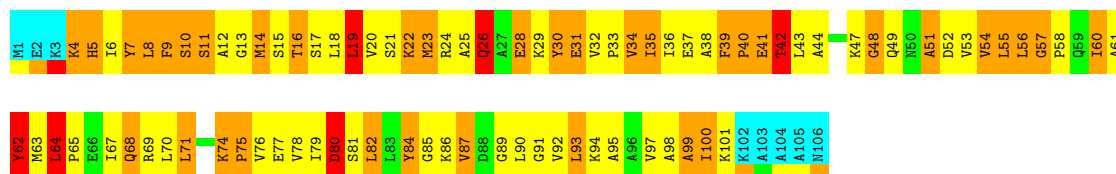




4.2.3 Score per residue for model 3

- Molecule 1: ENZYME IIB-CELLOBIOSE

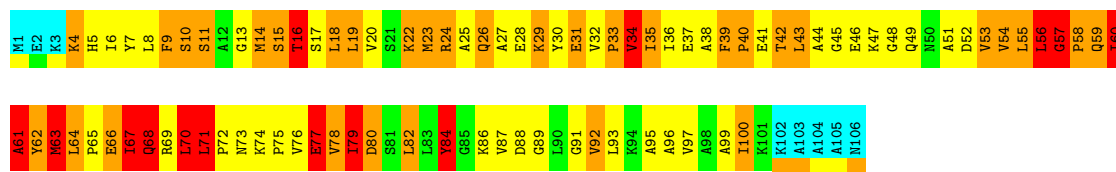
Chain A: 10% 42% 34% 6% 8%



4.2.4 Score per residue for model 4

- Molecule 1: ENZYME IIB-CELLOBIOSE

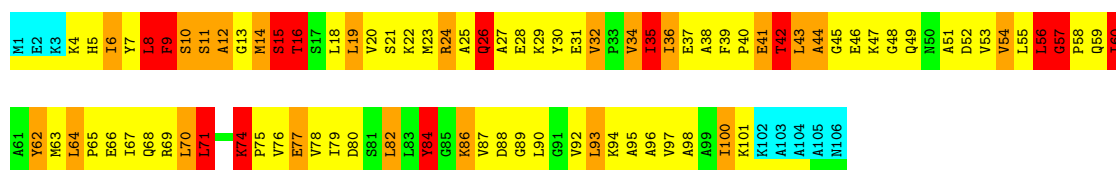
Chain A: 9% 39% 31% 13% 8%



4.2.5 Score per residue for model 5

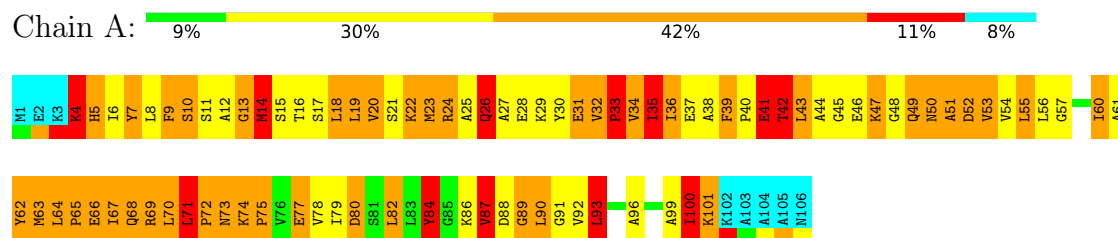
- Molecule 1: ENZYME IIB-CELLOBIOSE

Chain A: 10% 49% 21% 12% 8%



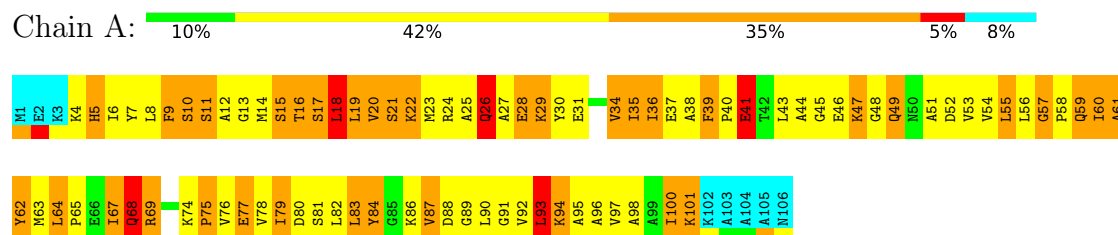
4.2.6 Score per residue for model 6

- Molecule 1: ENZYME IIB-CELLOBIOSE



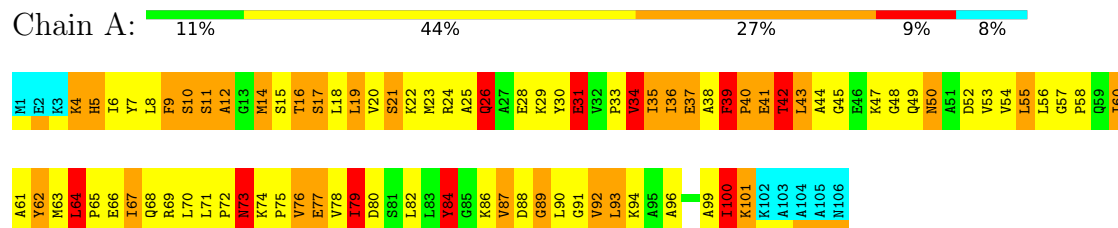
4.2.7 Score per residue for model 7

- Molecule 1: ENZYME IIB-CELLOBIOSE



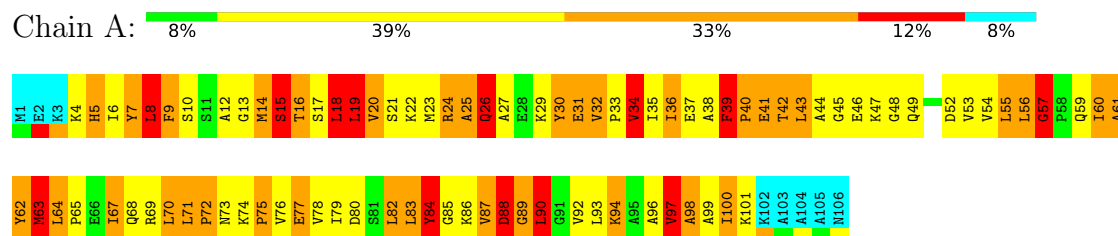
4.2.8 Score per residue for model 8

- Molecule 1: ENZYME IIB-CELLOBIOSE



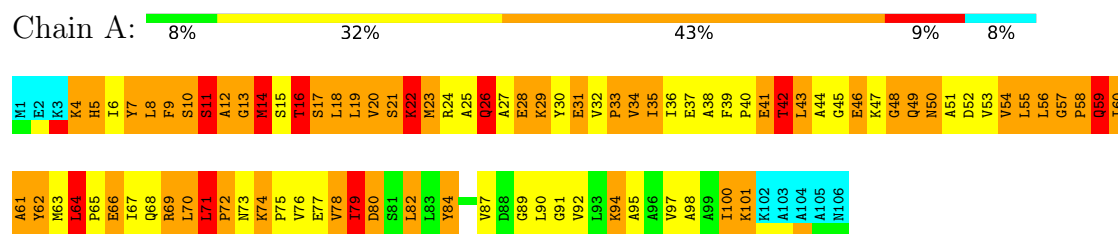
4.2.9 Score per residue for model 9

- Molecule 1: ENZYME IIB-CELLOBIOSE



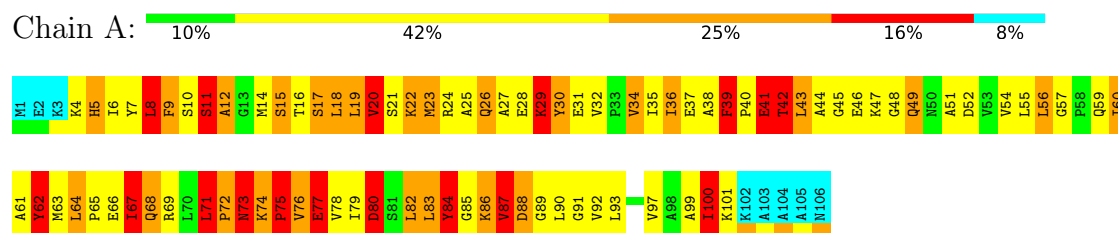
4.2.10 Score per residue for model 10

- Molecule 1: ENZYME IIB-CELLOBIOSE



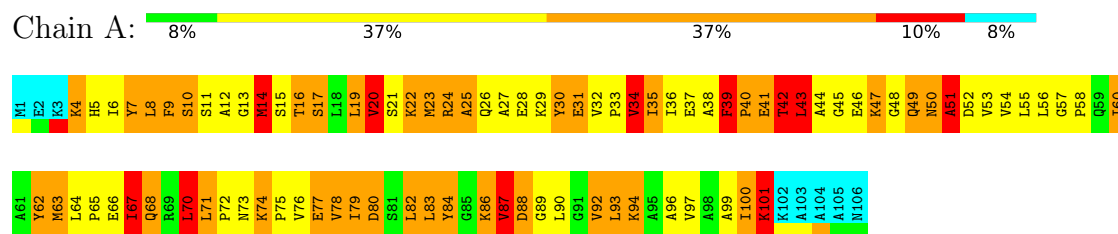
4.2.11 Score per residue for model 11

- Molecule 1: ENZYME IIB-CELLOBIOSE



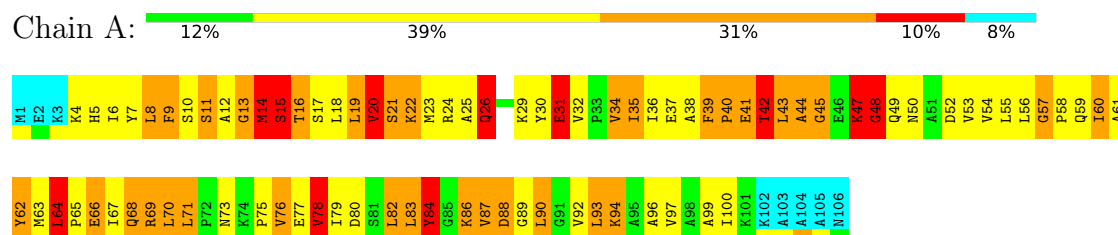
4.2.12 Score per residue for model 12

- Molecule 1: ENZYME IIB-CELLOBIOSE



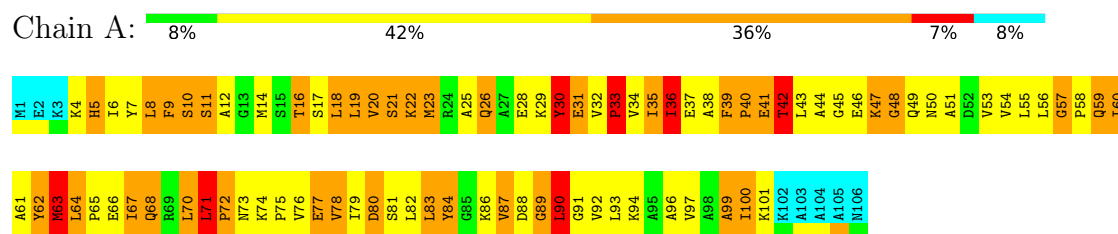
4.2.13 Score per residue for model 13

- Molecule 1: ENZYME IIB-CELLOBIOSE



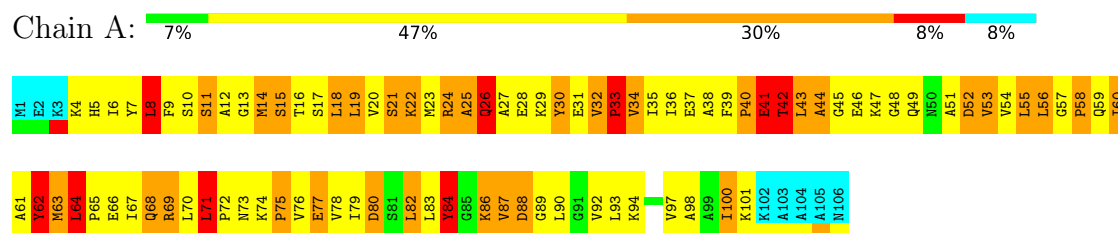
4.2.14 Score per residue for model 14

- Molecule 1: ENZYME IIB-CELLOBIOSE



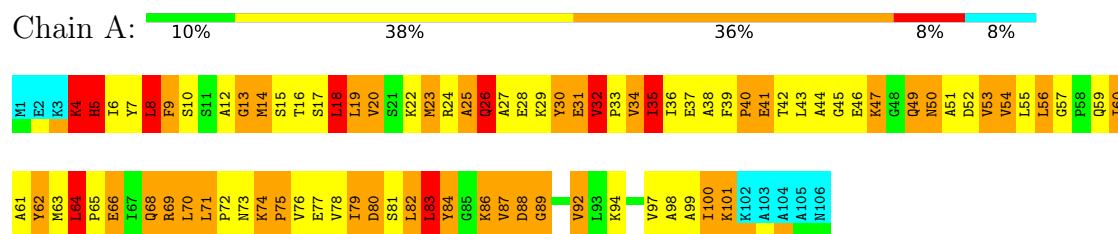
4.2.15 Score per residue for model 15

- Molecule 1: ENZYME IIB-CELLOBIOSE



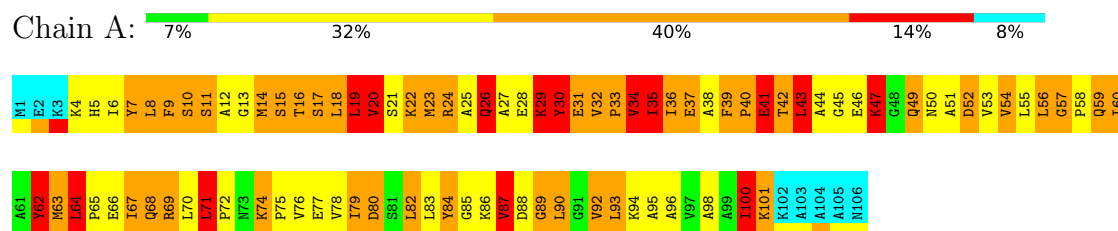
4.2.16 Score per residue for model 16

- Molecule 1: ENZYME IIB-CELLOBIOSE



4.2.17 Score per residue for model 17

- Molecule 1: ENZYME IIB-CELLOBIOSE



5 Refinement protocol and experimental data overview

The models were refined using the following method: *DISTANCE GEOMETRY, RESTRAINED MOLECULAR DYNAMICS, SIMULATED ANNEALING*.

Of the 32 calculated structures, 17 were deposited, based on the following criterion: *TARGET FUNCTION, NUMBER OF VIOLATIONS*.

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

Software name	Classification	Version
DDD	refinement	
SNARF	structure solution	
DDD	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	1.66±0.05	4±2/755 (0.5± 0.3%)	1.93±0.05	17±6/1024 (1.7± 0.6%)
All	All	1.66	65/12835 (0.5%)	1.93	289/17408 (1.7%)

Chiral center outliers are detected by calculating the chiral volume of a chiral center and verifying if the center is modelled as a planar moiety or with the opposite hand. A planarity outlier is detected by checking planarity of atoms in a peptide group, atoms in a mainchain group or atoms of a sidechain that are expected to be planar.

Mol	Chain	Chirality	Planarity
1	A	0.0±0.0	5.1±2.2
All	All	0	87

All unique bond 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(Å)	Ideal(Å)	Models	
								Worst	Total
1	A	39	PHE	CA-CB	9.30	1.67	1.54	4	1
1	A	39	PHE	C-O	-7.96	1.17	1.24	14	2
1	A	8	LEU	N-CA	7.42	1.55	1.46	11	4
1	A	22	LYS	N-CA	7.14	1.55	1.46	4	1
1	A	19	LEU	CA-C	6.96	1.60	1.53	9	2
1	A	57	GLY	N-CA	6.73	1.53	1.44	10	1
1	A	56	LEU	N-CA	6.62	1.55	1.46	4	1
1	A	19	LEU	C-O	-6.50	1.16	1.24	16	2
1	A	36	ILE	CA-CB	6.46	1.61	1.53	14	1
1	A	16	THR	N-CA	-6.19	1.38	1.46	4	1
1	A	40	PRO	CA-C	6.16	1.60	1.52	4	2
1	A	22	LYS	CA-C	6.05	1.60	1.53	12	4
1	A	39	PHE	N-CA	6.02	1.51	1.46	3	2
1	A	77	GLU	CA-C	6.00	1.60	1.52	11	1
1	A	30	TYR	CA-C	5.97	1.58	1.52	14	1
1	A	83	LEU	N-CA	5.94	1.53	1.46	12	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(Å)	Ideal(Å)	Models	
								Worst	Total
1	A	89	GLY	N-CA	5.89	1.53	1.45	2	1
1	A	9	PHE	C-N	5.87	1.40	1.33	8	1
1	A	58	PRO	CA-C	5.82	1.60	1.52	4	1
1	A	77	GLU	C-O	-5.79	1.16	1.23	11	1
1	A	47	LYS	N-CA	5.78	1.53	1.46	7	2
1	A	22	LYS	C-O	-5.76	1.17	1.24	15	3
1	A	5	HIS	CD2-NE2	-5.71	1.31	1.37	7	1
1	A	30	TYR	CA-CB	5.64	1.62	1.54	17	4
1	A	29	LYS	C-O	-5.47	1.17	1.24	11	1
1	A	80	ASP	CA-C	5.44	1.59	1.52	3	1
1	A	62	TYR	N-CA	5.43	1.53	1.46	11	1
1	A	88	ASP	CA-C	5.37	1.59	1.52	11	1
1	A	20	VAL	CA-C	5.33	1.59	1.52	13	2
1	A	44	ALA	N-CA	5.32	1.52	1.46	15	1
1	A	34	VAL	CA-CB	-5.32	1.51	1.55	4	1
1	A	67	ILE	N-CA	5.25	1.53	1.46	12	1
1	A	57	GLY	C-N	5.21	1.37	1.33	13	1
1	A	26	GLN	N-CA	5.19	1.52	1.46	1	1
1	A	14	MET	CA-CB	-5.18	1.44	1.53	10	1
1	A	47	LYS	C-O	-5.17	1.17	1.23	13	1
1	A	100	ILE	C-O	-5.14	1.19	1.24	5	1
1	A	15	SER	N-CA	5.13	1.52	1.46	13	2
1	A	5	HIS	CG-ND1	-5.12	1.32	1.38	15	1
1	A	19	LEU	CA-CB	5.10	1.60	1.53	9	1
1	A	40	PRO	C-O	-5.07	1.18	1.23	4	1
1	A	80	ASP	N-CA	5.06	1.51	1.45	11	1
1	A	55	LEU	C-O	-5.05	1.18	1.24	8	1
1	A	10	SER	C-N	5.04	1.40	1.33	6	1
1	A	29	LYS	N-CA	5.04	1.52	1.46	7	1
1	A	65	PRO	CA-C	5.01	1.59	1.52	2	1

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	39	PHE	N-CA-CB	-11.24	100.70	111.27	4	1
1	A	8	LEU	N-CA-CB	-8.44	97.80	110.71	11	7
1	A	39	PHE	CA-CB-CG	8.38	122.18	113.80	13	2
1	A	32	VAL	CA-C-N	8.34	130.27	119.84	6	6
1	A	32	VAL	C-N-CA	8.34	130.27	119.84	6	6
1	A	57	GLY	CA-C-N	8.19	127.91	119.64	5	7

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)	Models	
								Worst	Total
1	A	57	GLY	C-N-CA	8.19	127.91	119.64	5	7
1	A	59	GLN	OE1-CD-NE2	-8.12	114.48	122.60	17	3
1	A	64	LEU	CA-C-N	8.10	127.39	118.97	10	12
1	A	64	LEU	C-N-CA	8.10	127.39	118.97	10	12
1	A	16	THR	N-CA-CB	7.66	123.43	110.49	4	1
1	A	39	PHE	CA-C-N	7.60	129.34	119.84	8	6
1	A	39	PHE	C-N-CA	7.60	129.34	119.84	8	6
1	A	63	MET	CA-C-N	7.53	129.50	120.09	9	4
1	A	63	MET	C-N-CA	7.53	129.50	120.09	9	4
1	A	26	GLN	CA-CB-CG	7.46	129.03	114.10	2	4
1	A	40	PRO	N-CA-C	7.05	122.00	112.48	3	4
1	A	75	PRO	N-CA-CB	6.96	107.12	102.25	15	3
1	A	79	ILE	CB-CA-C	6.95	119.24	111.59	4	2
1	A	26	GLN	CB-CG-CD	6.94	124.39	112.60	7	1
1	A	26	GLN	OE1-CD-NE2	-6.84	115.76	122.60	7	7
1	A	71	LEU	CA-C-N	6.81	128.36	119.84	9	11
1	A	71	LEU	C-N-CA	6.81	128.36	119.84	9	11
1	A	40	PRO	N-CA-CB	6.80	107.01	102.25	3	3
1	A	9	PHE	CA-C-N	6.75	130.75	120.82	5	2
1	A	9	PHE	C-N-CA	6.75	130.75	120.82	5	2
1	A	70	LEU	CA-C-N	6.71	128.19	122.28	13	2
1	A	70	LEU	C-N-CA	6.71	128.19	122.28	13	2
1	A	34	VAL	CA-C-N	6.61	133.47	122.57	17	1
1	A	34	VAL	C-N-CA	6.61	133.47	122.57	17	1
1	A	80	ASP	CA-CB-CG	6.50	119.10	112.60	10	2
1	A	10	SER	N-CA-C	6.44	118.62	110.24	5	3
1	A	25	ALA	CA-C-N	6.32	129.03	120.44	12	1
1	A	25	ALA	C-N-CA	6.32	129.03	120.44	12	1
1	A	47	LYS	CA-C-N	6.30	126.98	119.98	17	1
1	A	47	LYS	C-N-CA	6.30	126.98	119.98	17	1
1	A	82	LEU	N-CA-CB	-6.29	102.23	110.59	14	1
1	A	19	LEU	O-C-N	6.28	128.54	122.07	12	1
1	A	71	LEU	N-CA-CB	-6.25	99.81	111.24	15	2
1	A	68	GLN	OE1-CD-NE2	-6.23	116.37	122.60	7	5
1	A	87	VAL	CA-C-N	6.18	130.65	122.06	15	4
1	A	87	VAL	C-N-CA	6.18	130.65	122.06	15	4
1	A	5	HIS	CB-CG-CD2	-6.17	123.17	131.20	15	7
1	A	62	TYR	N-CA-C	-6.14	104.89	112.38	11	1
1	A	22	LYS	O-C-N	6.10	129.34	122.32	12	1
1	A	15	SER	CA-C-N	5.96	132.93	121.54	4	4
1	A	15	SER	C-N-CA	5.96	132.93	121.54	4	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)	Models	
								Worst	Total
1	A	19	LEU	CA-C-N	5.95	128.18	120.56	3	1
1	A	19	LEU	C-N-CA	5.95	128.18	120.56	3	1
1	A	18	LEU	CA-C-N	5.94	128.49	120.65	16	1
1	A	18	LEU	C-N-CA	5.94	128.49	120.65	16	1
1	A	40	PRO	CA-C-O	5.93	125.95	121.38	1	1
1	A	58	PRO	O-C-N	5.93	129.35	122.23	4	1
1	A	92	VAL	CA-C-N	5.88	128.44	120.44	8	2
1	A	92	VAL	C-N-CA	5.88	128.44	120.44	8	2
1	A	87	VAL	CA-CB-CG1	5.87	120.38	110.40	17	1
1	A	89	GLY	CA-C-N	5.87	128.42	120.44	16	1
1	A	89	GLY	C-N-CA	5.87	128.42	120.44	16	1
1	A	42	THR	N-CA-CB	5.75	120.22	110.49	5	2
1	A	88	ASP	CA-C-N	5.75	126.48	119.99	15	1
1	A	88	ASP	C-N-CA	5.75	126.48	119.99	15	1
1	A	43	LEU	N-CA-CB	-5.72	102.46	111.39	7	2
1	A	91	GLY	CA-C-N	5.71	127.87	120.56	2	1
1	A	91	GLY	C-N-CA	5.71	127.87	120.56	2	1
1	A	83	LEU	N-CA-C	-5.65	105.21	111.71	16	2
1	A	79	ILE	CA-C-N	5.64	130.51	122.72	10	1
1	A	79	ILE	C-N-CA	5.64	130.51	122.72	10	1
1	A	58	PRO	N-CA-C	5.64	121.63	114.92	12	2
1	A	78	VAL	CA-C-N	5.57	128.23	122.27	13	1
1	A	78	VAL	C-N-CA	5.57	128.23	122.27	13	1
1	A	69	ARG	CA-C-N	5.57	128.21	120.63	7	1
1	A	69	ARG	C-N-CA	5.57	128.21	120.63	7	1
1	A	61	ALA	CA-C-N	5.56	130.00	120.72	4	1
1	A	61	ALA	C-N-CA	5.56	130.00	120.72	4	1
1	A	28	GLU	N-CA-CB	-5.53	102.40	110.47	14	1
1	A	65	PRO	N-CA-CB	5.52	108.81	103.51	6	1
1	A	30	TYR	N-CA-C	-5.51	105.60	112.93	14	1
1	A	25	ALA	N-CA-C	5.50	118.04	111.71	9	1
1	A	22	LYS	N-CA-C	-5.45	104.21	111.24	2	1
1	A	74	LYS	CA-C-N	5.44	127.36	120.51	12	3
1	A	74	LYS	C-N-CA	5.44	127.36	120.51	12	3
1	A	53	VAL	CA-CB-CG1	5.43	119.63	110.40	16	1
1	A	4	LYS	CA-C-N	5.43	129.06	121.24	6	1
1	A	4	LYS	C-N-CA	5.43	129.06	121.24	6	1
1	A	43	LEU	CA-C-N	5.42	127.86	120.54	17	1
1	A	43	LEU	C-N-CA	5.42	127.86	120.54	17	1
1	A	4	LYS	N-CA-C	5.41	116.63	108.46	6	1
1	A	41	GLU	CA-C-N	5.40	131.86	121.54	17	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)	Models	
								Worst	Total
1	A	41	GLU	C-N-CA	5.40	131.86	121.54	17	3
1	A	60	ILE	CA-CB-CG2	5.40	119.67	110.50	4	1
1	A	19	LEU	N-CA-C	-5.39	105.30	111.07	12	2
1	A	51	ALA	CA-C-N	5.38	129.78	120.58	3	1
1	A	51	ALA	C-N-CA	5.38	129.78	120.58	3	1
1	A	43	LEU	N-CA-C	-5.37	106.04	112.59	12	2
1	A	9	PHE	CB-CA-C	5.34	118.42	110.62	10	2
1	A	34	VAL	CB-CA-C	5.33	116.62	111.23	5	1
1	A	17	SER	CA-C-N	5.33	128.41	120.31	3	1
1	A	17	SER	C-N-CA	5.33	128.41	120.31	3	1
1	A	18	LEU	N-CA-C	-5.33	106.73	113.18	7	1
1	A	26	GLN	CA-C-N	5.31	127.92	120.28	16	1
1	A	26	GLN	C-N-CA	5.31	127.92	120.28	16	1
1	A	41	GLU	N-CA-C	5.28	122.04	110.80	7	1
1	A	5	HIS	CA-CB-CG	-5.28	108.53	113.80	15	1
1	A	99	ALA	CA-C-N	5.24	127.27	120.56	14	2
1	A	99	ALA	C-N-CA	5.24	127.27	120.56	14	2
1	A	66	GLU	CA-C-N	5.24	127.27	120.56	10	2
1	A	66	GLU	C-N-CA	5.24	127.27	120.56	10	2
1	A	20	VAL	N-CA-C	-5.24	105.28	111.00	11	2
1	A	10	SER	CA-C-N	5.24	129.37	120.88	1	1
1	A	10	SER	C-N-CA	5.24	129.37	120.88	1	1
1	A	65	PRO	O-C-N	5.21	128.23	122.24	2	1
1	A	16	THR	CA-C-O	5.20	123.37	119.68	5	1
1	A	19	LEU	CB-CA-C	-5.20	103.13	111.39	9	1
1	A	98	ALA	CA-C-N	5.16	127.20	120.28	9	1
1	A	98	ALA	C-N-CA	5.16	127.20	120.28	9	1
1	A	90	LEU	CA-C-N	5.16	125.57	119.94	14	1
1	A	90	LEU	C-N-CA	5.16	125.57	119.94	14	1
1	A	58	PRO	N-CA-CB	5.15	108.25	103.46	5	1
1	A	94	LYS	CA-CB-CG	-5.14	103.81	114.10	7	1
1	A	44	ALA	N-CA-C	-5.13	105.59	111.14	13	1
1	A	73	ASN	OD1-CG-ND2	-5.12	117.48	122.60	12	1
1	A	30	TYR	N-CA-CB	-5.11	101.86	110.49	1	1
1	A	83	LEU	N-CA-CB	-5.09	102.63	110.12	12	1
1	A	62	TYR	CA-C-N	5.09	131.25	121.54	15	1
1	A	62	TYR	C-N-CA	5.09	131.25	121.54	15	1
1	A	40	PRO	O-C-N	5.08	129.46	123.06	4	1
1	A	48	GLY	CA-C-N	5.05	127.47	120.29	13	1
1	A	48	GLY	C-N-CA	5.05	127.47	120.29	13	1
1	A	49	GLN	OE1-CD-NE2	-5.02	117.58	122.60	7	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)	Models	
								Worst	Total
1	A	56	LEU	N-CA-CB	-5.01	102.90	110.77	5	1

There are no chirality outliers.

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

Mol	Chain	Res	Type	Group	Models (Total)
1	A	62	TYR	Sidechain	13
1	A	9	PHE	Peptide,Sidechain	12
1	A	84	TYR	Sidechain	10
1	A	7	TYR	Sidechain	8
1	A	30	TYR	Sidechain	8
1	A	14	MET	Peptide	7
1	A	39	PHE	Sidechain	6
1	A	5	HIS	Sidechain,Peptide	3
1	A	35	ILE	Peptide	3
1	A	51	ALA	Peptide	2
1	A	28	GLU	Peptide	1
1	A	33	PRO	Peptide	1
1	A	70	LEU	Peptide	1
1	A	10	SER	Peptide	1
1	A	18	LEU	Peptide	1
1	A	34	VAL	Peptide	1
1	A	59	GLN	Peptide	1
1	A	8	LEU	Peptide	1
1	A	58	PRO	Peptide	1
1	A	42	THR	Peptide	1

6.2 Too-close contacts

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	742	788	788	164±18
All	All	12614	13396	13396	2789

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 107.

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

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:20:VAL:HG22	1:A:36:ILE:HG22	1.08	1.15	7	9
1:A:54:VAL:HG11	1:A:76:VAL:HG22	1.04	1.23	5	2
1:A:8:LEU:HD23	1:A:38:ALA:HB2	1.04	1.12	17	2
1:A:56:LEU:HD21	1:A:67:ILE:HD12	1.02	1.30	6	2
1:A:20:VAL:CG2	1:A:38:ALA:HB2	1.00	1.86	14	1
1:A:20:VAL:HG21	1:A:38:ALA:HB2	1.00	1.29	14	3
1:A:23:MET:HE3	1:A:36:ILE:HG21	0.99	1.34	9	6
1:A:70:LEU:HD23	1:A:71:LEU:HD13	0.99	1.24	6	1
1:A:8:LEU:CD2	1:A:16:THR:HG22	0.97	1.89	14	5
1:A:8:LEU:HD12	1:A:20:VAL:HG22	0.97	1.32	8	1
1:A:23:MET:SD	1:A:92:VAL:HG12	0.97	1.99	15	11
1:A:67:ILE:HG21	1:A:76:VAL:HG11	0.97	1.36	7	3
1:A:8:LEU:HD22	1:A:20:VAL:CG2	0.96	1.90	5	1
1:A:64:LEU:O	1:A:67:ILE:HB	0.95	1.61	11	4
1:A:8:LEU:HD21	1:A:16:THR:HG22	0.94	1.37	14	5
1:A:43:LEU:O	1:A:47:LYS:HB2	0.93	1.64	4	7
1:A:19:LEU:HD11	1:A:92:VAL:HG11	0.93	1.36	11	6
1:A:80:ASP:O	1:A:84:TYR:HB2	0.93	1.63	11	17
1:A:88:ASP:O	1:A:92:VAL:HG23	0.92	1.63	1	8
1:A:16:THR:O	1:A:19:LEU:HB2	0.92	1.64	17	6
1:A:45:GLY:O	1:A:49:GLN:HB3	0.92	1.64	10	6
1:A:55:LEU:HA	1:A:77:GLU:O	0.92	1.65	14	16
1:A:16:THR:HG22	1:A:38:ALA:HB1	0.91	1.42	7	2
1:A:8:LEU:HD13	1:A:20:VAL:HG12	0.91	1.41	1	2
1:A:25:ALA:O	1:A:29:LYS:HB2	0.90	1.66	11	9
1:A:27:ALA:HB1	1:A:32:VAL:O	0.90	1.66	16	4
1:A:54:VAL:CG1	1:A:76:VAL:HG22	0.90	1.95	5	3
1:A:70:LEU:CD2	1:A:71:LEU:HD13	0.89	1.97	6	1
1:A:8:LEU:HD12	1:A:20:VAL:CG2	0.89	1.97	8	2
1:A:61:ALA:CB	1:A:78:VAL:HG21	0.89	1.97	11	2
1:A:82:LEU:HD12	1:A:82:LEU:O	0.89	1.68	12	1
1:A:23:MET:O	1:A:26:GLN:HB2	0.89	1.66	14	8
1:A:17:SER:O	1:A:20:VAL:HG22	0.89	1.67	12	1
1:A:23:MET:HG2	1:A:89:GLY:O	0.89	1.67	11	5
1:A:40:PRO:O	1:A:42:THR:HG22	0.89	1.67	9	4
1:A:15:SER:O	1:A:19:LEU:HD12	0.89	1.68	9	1
1:A:93:LEU:O	1:A:97:VAL:HG13	0.88	1.69	15	2
1:A:6:ILE:O	1:A:36:ILE:HA	0.88	1.69	7	15
1:A:19:LEU:HD12	1:A:19:LEU:O	0.88	1.69	7	6

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:40:PRO:O	1:A:42:THR:HG23	0.88	1.67	11	7
1:A:60:ILE:HD11	1:A:63:MET:HE2	0.88	1.44	8	1
1:A:57:GLY:O	1:A:78:VAL:HG23	0.87	1.68	8	4
1:A:8:LEU:O	1:A:38:ALA:HA	0.87	1.69	5	9
1:A:23:MET:HA	1:A:26:GLN:OE1	0.87	1.69	9	3
1:A:17:SER:O	1:A:21:SER:HB2	0.87	1.69	15	3
1:A:9:PHE:O	1:A:56:LEU:HG	0.87	1.68	8	1
1:A:20:VAL:HG22	1:A:36:ILE:CG2	0.87	2.00	7	6
1:A:53:VAL:HG23	1:A:75:PRO:O	0.87	1.69	15	2
1:A:22:LYS:O	1:A:25:ALA:HB3	0.87	1.68	4	15
1:A:53:VAL:HG11	1:A:96:ALA:HB1	0.87	1.46	17	2
1:A:54:VAL:HG21	1:A:76:VAL:HG13	0.87	1.47	16	1
1:A:20:VAL:CG2	1:A:36:ILE:HG22	0.87	2.00	11	4
1:A:10:SER:HA	1:A:60:ILE:HD11	0.86	1.47	7	1
1:A:54:VAL:CG2	1:A:76:VAL:HG13	0.86	2.00	16	2
1:A:56:LEU:O	1:A:78:VAL:HA	0.86	1.69	4	15
1:A:64:LEU:O	1:A:68:GLN:HB3	0.86	1.71	3	2
1:A:5:HIS:NE2	1:A:35:ILE:HD12	0.85	1.85	14	1
1:A:8:LEU:HD12	1:A:20:VAL:HG23	0.85	1.46	6	1
1:A:22:LYS:HG2	1:A:26:GLN:OE1	0.85	1.71	13	1
1:A:45:GLY:O	1:A:49:GLN:HB2	0.85	1.71	8	5
1:A:93:LEU:O	1:A:96:ALA:HB3	0.85	1.71	5	2
1:A:9:PHE:O	1:A:56:LEU:HD13	0.85	1.70	6	2
1:A:9:PHE:O	1:A:56:LEU:HA	0.85	1.70	13	6
1:A:54:VAL:HG12	1:A:76:VAL:HG13	0.85	1.49	10	4
1:A:31:GLU:O	1:A:33:PRO:HD3	0.85	1.71	16	7
1:A:43:LEU:O	1:A:47:LYS:HG2	0.85	1.71	12	2
1:A:49:GLN:O	1:A:74:LYS:HE2	0.85	1.69	11	3
1:A:23:MET:CE	1:A:36:ILE:HG21	0.85	2.00	9	2
1:A:57:GLY:O	1:A:60:ILE:HG22	0.84	1.72	3	2
1:A:57:GLY:O	1:A:60:ILE:HG23	0.84	1.70	4	1
1:A:56:LEU:HD13	1:A:57:GLY:N	0.84	1.86	1	2
1:A:8:LEU:HA	1:A:55:LEU:O	0.84	1.70	8	8
1:A:60:ILE:HD13	1:A:61:ALA:N	0.84	1.87	4	1
1:A:94:LYS:O	1:A:97:VAL:HG22	0.84	1.72	9	2
1:A:66:GLU:O	1:A:70:LEU:HB2	0.84	1.73	10	3
1:A:15:SER:O	1:A:87:VAL:HG22	0.83	1.72	10	2
1:A:26:GLN:OE1	1:A:89:GLY:HA3	0.83	1.73	4	3
1:A:17:SER:O	1:A:20:VAL:HG12	0.83	1.73	13	2
1:A:22:LYS:HE3	1:A:87:VAL:O	0.83	1.73	6	7
1:A:9:PHE:HB2	1:A:56:LEU:HD12	0.83	1.51	15	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:4:LYS:HD3	1:A:52:ASP:OD1	0.83	1.73	11	2
1:A:56:LEU:CD2	1:A:67:ILE:HD12	0.83	2.04	6	3
1:A:45:GLY:HA3	1:A:70:LEU:HD21	0.83	1.49	14	1
1:A:42:THR:OG1	1:A:43:LEU:HD13	0.83	1.74	6	1
1:A:54:VAL:O	1:A:55:LEU:HD23	0.82	1.73	11	5
1:A:61:ALA:HB2	1:A:78:VAL:HG21	0.82	1.50	14	2
1:A:16:THR:CG2	1:A:38:ALA:HB1	0.82	2.04	7	4
1:A:90:LEU:O	1:A:90:LEU:HD22	0.82	1.74	14	2
1:A:54:VAL:HG22	1:A:76:VAL:HG13	0.82	1.51	5	2
1:A:17:SER:O	1:A:21:SER:HB3	0.82	1.73	14	2
1:A:69:ARG:O	1:A:72:PRO:HD3	0.82	1.75	1	1
1:A:9:PHE:HA	1:A:39:PHE:O	0.82	1.73	7	10
1:A:46:GLU:O	1:A:49:GLN:HB3	0.82	1.75	12	3
1:A:10:SER:HB2	1:A:39:PHE:O	0.82	1.75	2	1
1:A:10:SER:CA	1:A:60:ILE:HD11	0.81	2.05	7	1
1:A:8:LEU:HD22	1:A:20:VAL:HG13	0.81	1.53	1	1
1:A:23:MET:O	1:A:26:GLN:HG2	0.81	1.73	9	4
1:A:7:TYR:O	1:A:54:VAL:HA	0.81	1.75	17	4
1:A:90:LEU:O	1:A:93:LEU:HB3	0.81	1.75	12	1
1:A:23:MET:HE2	1:A:92:VAL:HG23	0.81	1.49	4	1
1:A:56:LEU:HD12	1:A:60:ILE:HD13	0.81	1.49	16	2
1:A:44:ALA:O	1:A:48:GLY:HA3	0.81	1.76	11	7
1:A:68:GLN:HA	1:A:71:LEU:O	0.81	1.76	6	5
1:A:30:TYR:CE2	1:A:93:LEU:HD21	0.81	2.10	2	1
1:A:4:LYS:O	1:A:34:VAL:HA	0.81	1.76	1	9
1:A:4:LYS:N	1:A:34:VAL:HG23	0.81	1.90	17	3
1:A:25:ALA:HA	1:A:28:GLU:OE1	0.81	1.75	4	1
1:A:19:LEU:HD13	1:A:92:VAL:HG21	0.80	1.50	2	6
1:A:19:LEU:CB	1:A:87:VAL:HG12	0.80	2.05	11	2
1:A:23:MET:CE	1:A:92:VAL:HG12	0.80	2.05	6	4
1:A:41:GLU:OE1	1:A:60:ILE:HD12	0.80	1.76	1	1
1:A:14:MET:O	1:A:14:MET:HG3	0.80	1.77	9	1
1:A:19:LEU:HD22	1:A:88:ASP:OD2	0.80	1.75	13	1
1:A:58:PRO:HB3	1:A:79:ILE:O	0.80	1.77	8	7
1:A:7:TYR:HA	1:A:37:GLU:O	0.80	1.75	17	15
1:A:26:GLN:HB3	1:A:93:LEU:HD22	0.80	1.54	2	1
1:A:65:PRO:O	1:A:69:ARG:HG3	0.80	1.74	4	5
1:A:18:LEU:O	1:A:18:LEU:HD22	0.80	1.77	9	3
1:A:22:LYS:HD2	1:A:88:ASP:O	0.80	1.77	13	1
1:A:40:PRO:O	1:A:41:GLU:HG3	0.79	1.75	3	2
1:A:9:PHE:CB	1:A:56:LEU:HD12	0.79	2.07	15	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:65:PRO:O	1:A:69:ARG:HD2	0.79	1.77	1	1
1:A:64:LEU:HD23	1:A:76:VAL:HG22	0.79	1.52	11	1
1:A:52:ASP:OD1	1:A:53:VAL:HG12	0.79	1.76	15	1
1:A:88:ASP:OD2	1:A:92:VAL:HG23	0.79	1.78	2	1
1:A:16:THR:HG23	1:A:84:TYR:OH	0.79	1.76	10	1
1:A:63:MET:HE1	1:A:66:GLU:OE2	0.79	1.78	4	1
1:A:41:GLU:OE1	1:A:42:THR:HG23	0.79	1.78	17	1
1:A:17:SER:O	1:A:20:VAL:HG23	0.79	1.77	17	2
1:A:8:LEU:HD12	1:A:55:LEU:HD12	0.78	1.53	11	1
1:A:67:ILE:O	1:A:71:LEU:HG	0.78	1.78	14	1
1:A:15:SER:O	1:A:16:THR:HG22	0.78	1.78	4	1
1:A:90:LEU:HD23	1:A:91:GLY:N	0.78	1.93	6	1
1:A:8:LEU:CD2	1:A:38:ALA:HB2	0.78	2.08	5	2
1:A:77:GLU:OE1	1:A:99:ALA:HB2	0.78	1.78	6	1
1:A:16:THR:HB	1:A:84:TYR:OH	0.78	1.78	2	2
1:A:19:LEU:CD1	1:A:92:VAL:HG11	0.78	2.09	6	2
1:A:53:VAL:HG21	1:A:96:ALA:O	0.78	1.79	7	1
1:A:68:GLN:O	1:A:68:GLN:HG3	0.78	1.77	11	1
1:A:19:LEU:HD22	1:A:92:VAL:HG11	0.78	1.54	9	2
1:A:20:VAL:HG13	1:A:36:ILE:HG22	0.78	1.56	3	4
1:A:67:ILE:O	1:A:71:LEU:HB2	0.77	1.78	6	2
1:A:13:GLY:O	1:A:14:MET:HB3	0.77	1.76	10	1
1:A:4:LYS:O	1:A:34:VAL:HB	0.77	1.79	12	4
1:A:86:LYS:O	1:A:86:LYS:HG3	0.77	1.80	12	3
1:A:90:LEU:O	1:A:94:LYS:HB2	0.77	1.80	3	2
1:A:15:SER:OG	1:A:85:GLY:HA2	0.77	1.79	3	5
1:A:26:GLN:HG3	1:A:93:LEU:HD12	0.77	1.55	11	1
1:A:82:LEU:O	1:A:86:LYS:HD3	0.77	1.78	16	1
1:A:41:GLU:OE1	1:A:60:ILE:HG13	0.77	1.80	2	1
1:A:56:LEU:HD23	1:A:60:ILE:O	0.77	1.80	5	1
1:A:41:GLU:OE2	1:A:63:MET:HG3	0.77	1.80	1	2
1:A:11:SER:HB3	1:A:60:ILE:HG22	0.77	1.57	15	1
1:A:26:GLN:CB	1:A:93:LEU:HD22	0.76	2.10	2	1
1:A:56:LEU:HD11	1:A:67:ILE:HD11	0.76	1.57	11	2
1:A:23:MET:HE1	1:A:55:LEU:CD1	0.76	2.10	10	1
1:A:56:LEU:HD12	1:A:60:ILE:CD1	0.76	2.10	16	1
1:A:64:LEU:O	1:A:64:LEU:HD22	0.76	1.80	11	2
1:A:77:GLU:HG3	1:A:99:ALA:HB1	0.76	1.55	16	1
1:A:70:LEU:HD23	1:A:70:LEU:O	0.76	1.81	5	2
1:A:11:SER:OG	1:A:60:ILE:HG22	0.76	1.81	2	1
1:A:26:GLN:HG3	1:A:93:LEU:HD22	0.76	1.57	9	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:15:SER:O	1:A:19:LEU:HG	0.76	1.80	15	2
1:A:44:ALA:O	1:A:71:LEU:HD22	0.76	1.80	15	2
1:A:65:PRO:O	1:A:69:ARG:HD3	0.76	1.81	6	1
1:A:11:SER:OG	1:A:57:GLY:HA3	0.76	1.80	11	1
1:A:52:ASP:O	1:A:75:PRO:HG2	0.75	1.82	9	9
1:A:8:LEU:HD21	1:A:16:THR:CG2	0.75	2.11	9	3
1:A:54:VAL:C	1:A:55:LEU:HD22	0.75	2.06	7	2
1:A:63:MET:O	1:A:67:ILE:HG13	0.75	1.82	14	2
1:A:56:LEU:HD11	1:A:60:ILE:HG13	0.75	1.59	1	2
1:A:16:THR:HA	1:A:19:LEU:HD12	0.75	1.57	12	2
1:A:63:MET:CE	1:A:78:VAL:HG22	0.75	2.10	15	1
1:A:8:LEU:C	1:A:8:LEU:HD23	0.75	2.06	15	2
1:A:41:GLU:OE1	1:A:60:ILE:HD13	0.75	1.81	15	1
1:A:26:GLN:OE1	1:A:90:LEU:HA	0.75	1.82	12	1
1:A:4:LYS:O	1:A:34:VAL:HG23	0.75	1.82	8	1
1:A:68:GLN:O	1:A:72:PRO:HA	0.75	1.81	15	2
1:A:16:THR:HG23	1:A:38:ALA:HB1	0.74	1.59	13	1
1:A:16:THR:CB	1:A:19:LEU:HD12	0.74	2.12	16	1
1:A:55:LEU:HD12	1:A:77:GLU:O	0.74	1.82	8	1
1:A:8:LEU:HD23	1:A:16:THR:OG1	0.74	1.82	1	2
1:A:9:PHE:CD2	1:A:54:VAL:HG13	0.74	2.18	13	4
1:A:64:LEU:HD22	1:A:64:LEU:C	0.74	2.07	11	1
1:A:26:GLN:OE1	1:A:90:LEU:HB3	0.74	1.82	6	2
1:A:8:LEU:O	1:A:8:LEU:HD23	0.74	1.81	14	4
1:A:6:ILE:HG22	1:A:36:ILE:HG23	0.73	1.58	11	9
1:A:23:MET:HE2	1:A:92:VAL:HG12	0.73	1.58	6	2
1:A:18:LEU:HG	1:A:87:VAL:HG11	0.73	1.57	5	1
1:A:36:ILE:O	1:A:37:GLU:HG2	0.73	1.82	5	3
1:A:23:MET:HB3	1:A:36:ILE:HD13	0.73	1.60	8	5
1:A:45:GLY:CA	1:A:70:LEU:HD21	0.73	2.12	14	2
1:A:25:ALA:O	1:A:29:LYS:HB3	0.73	1.83	7	7
1:A:83:LEU:HB3	1:A:88:ASP:OD1	0.73	1.83	2	2
1:A:61:ALA:O	1:A:64:LEU:HB3	0.73	1.83	10	2
1:A:56:LEU:CD1	1:A:67:ILE:HD11	0.73	2.14	11	2
1:A:10:SER:O	1:A:60:ILE:HD13	0.73	1.84	1	1
1:A:53:VAL:HG21	1:A:100:ILE:HG21	0.73	1.58	4	1
1:A:54:VAL:HG13	1:A:75:PRO:O	0.73	1.83	5	1
1:A:26:GLN:O	1:A:29:LYS:HB3	0.73	1.84	8	10
1:A:24:ARG:N	1:A:36:ILE:HD12	0.73	1.98	16	1
1:A:8:LEU:CD1	1:A:55:LEU:HD23	0.73	2.14	7	1
1:A:8:LEU:HD23	1:A:8:LEU:C	0.73	2.08	14	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:79:ILE:HD13	1:A:84:TYR:CD1	0.73	2.18	4	2
1:A:79:ILE:HD13	1:A:84:TYR:CE1	0.72	2.19	4	1
1:A:67:ILE:CG2	1:A:76:VAL:HG11	0.72	2.14	5	2
1:A:82:LEU:O	1:A:86:LYS:HG3	0.72	1.84	15	5
1:A:94:LYS:O	1:A:97:VAL:HB	0.72	1.84	10	2
1:A:60:ILE:O	1:A:60:ILE:HG13	0.72	1.83	13	3
1:A:53:VAL:CG2	1:A:100:ILE:HG22	0.72	2.15	7	1
1:A:56:LEU:HD21	1:A:67:ILE:CD1	0.72	2.13	6	1
1:A:64:LEU:HD12	1:A:64:LEU:O	0.72	1.83	1	1
1:A:5:HIS:CD2	1:A:34:VAL:HG11	0.72	2.19	16	2
1:A:19:LEU:O	1:A:23:MET:HB2	0.72	1.85	16	9
1:A:44:ALA:HB3	1:A:67:ILE:HD12	0.72	1.62	2	1
1:A:74:LYS:O	1:A:76:VAL:HG23	0.72	1.85	3	3
1:A:97:VAL:O	1:A:100:ILE:HG23	0.72	1.83	7	1
1:A:19:LEU:HD12	1:A:19:LEU:C	0.71	2.09	7	4
1:A:56:LEU:HD11	1:A:76:VAL:CG2	0.71	2.14	2	1
1:A:18:LEU:O	1:A:22:LYS:HB2	0.71	1.85	4	3
1:A:81:SER:O	1:A:84:TYR:HB3	0.71	1.85	16	1
1:A:57:GLY:HA3	1:A:60:ILE:HG22	0.71	1.62	17	1
1:A:16:THR:HG1	1:A:84:TYR:HE1	0.71	1.28	1	1
1:A:34:VAL:HG12	1:A:35:ILE:N	0.71	1.98	10	4
1:A:22:LYS:HD2	1:A:87:VAL:O	0.71	1.86	7	4
1:A:53:VAL:HG21	1:A:100:ILE:HG22	0.71	1.60	7	1
1:A:89:GLY:O	1:A:90:LEU:HB2	0.71	1.85	9	1
1:A:40:PRO:HD2	1:A:42:THR:HG23	0.71	1.60	12	1
1:A:7:TYR:CD2	1:A:39:PHE:CE1	0.71	2.78	17	2
1:A:19:LEU:C	1:A:19:LEU:HD12	0.71	2.10	13	5
1:A:83:LEU:HD13	1:A:88:ASP:OD2	0.71	1.84	11	1
1:A:65:PRO:O	1:A:69:ARG:HB3	0.71	1.85	15	2
1:A:10:SER:HB2	1:A:57:GLY:N	0.71	2.00	8	1
1:A:54:VAL:O	1:A:76:VAL:HG23	0.71	1.86	8	1
1:A:23:MET:SD	1:A:92:VAL:HG23	0.71	2.25	10	1
1:A:56:LEU:HD22	1:A:60:ILE:CG1	0.71	2.15	11	2
1:A:54:VAL:C	1:A:55:LEU:HD23	0.71	2.11	4	2
1:A:70:LEU:HD23	1:A:70:LEU:C	0.71	2.10	5	2
1:A:56:LEU:HD11	1:A:76:VAL:HG21	0.71	1.62	2	1
1:A:78:VAL:HG12	1:A:79:ILE:O	0.71	1.86	3	2
1:A:26:GLN:OE1	1:A:90:LEU:HB2	0.71	1.85	8	2
1:A:9:PHE:CE1	1:A:54:VAL:HG13	0.71	2.21	15	1
1:A:4:LYS:H	1:A:34:VAL:N	0.70	1.83	17	2
1:A:4:LYS:C	1:A:34:VAL:HB	0.70	2.11	17	5

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:66:GLU:O	1:A:69:ARG:HB2	0.70	1.87	13	1
1:A:24:ARG:CA	1:A:36:ILE:HD12	0.70	2.17	16	2
1:A:68:GLN:O	1:A:72:PRO:HB3	0.70	1.86	10	1
1:A:24:ARG:O	1:A:28:GLU:HG3	0.70	1.86	11	1
1:A:23:MET:SD	1:A:93:LEU:HD13	0.70	2.27	4	1
1:A:56:LEU:HD11	1:A:60:ILE:CD1	0.70	2.17	4	1
1:A:79:ILE:HG22	1:A:80:ASP:O	0.70	1.87	5	6
1:A:67:ILE:HG21	1:A:76:VAL:HG21	0.70	1.63	11	2
1:A:56:LEU:HD22	1:A:63:MET:SD	0.70	2.27	15	1
1:A:6:ILE:HA	1:A:53:VAL:O	0.70	1.87	10	4
1:A:54:VAL:CG1	1:A:56:LEU:HD21	0.69	2.16	2	1
1:A:30:TYR:O	1:A:31:GLU:HB2	0.69	1.86	17	5
1:A:96:ALA:O	1:A:100:ILE:HG22	0.69	1.87	7	1
1:A:10:SER:HA	1:A:60:ILE:HG21	0.69	1.65	8	3
1:A:22:LYS:HE2	1:A:87:VAL:O	0.69	1.87	1	1
1:A:82:LEU:HD12	1:A:83:LEU:HD23	0.69	1.64	16	2
1:A:56:LEU:HD22	1:A:60:ILE:HG13	0.69	1.64	13	2
1:A:22:LYS:HD2	1:A:89:GLY:N	0.69	2.02	12	1
1:A:9:PHE:CE1	1:A:39:PHE:CD1	0.69	2.81	1	5
1:A:44:ALA:O	1:A:71:LEU:HD21	0.69	1.86	16	2
1:A:36:ILE:HD13	1:A:36:ILE:N	0.69	2.01	5	2
1:A:55:LEU:HD11	1:A:79:ILE:HG12	0.69	1.64	8	1
1:A:26:GLN:HG2	1:A:89:GLY:O	0.69	1.88	1	1
1:A:15:SER:O	1:A:19:LEU:HB3	0.69	1.88	3	1
1:A:41:GLU:O	1:A:41:GLU:HG3	0.69	1.87	16	3
1:A:18:LEU:HD11	1:A:87:VAL:HG11	0.69	1.64	9	1
1:A:9:PHE:HB2	1:A:56:LEU:HD13	0.69	1.65	14	2
1:A:41:GLU:HB3	1:A:63:MET:HE1	0.68	1.64	8	1
1:A:60:ILE:C	1:A:60:ILE:HD12	0.68	2.13	16	1
1:A:20:VAL:HG22	1:A:36:ILE:O	0.68	1.88	10	3
1:A:8:LEU:CD1	1:A:20:VAL:HG12	0.68	2.18	12	1
1:A:94:LYS:HE2	1:A:94:LYS:O	0.68	1.88	12	1
1:A:56:LEU:HD22	1:A:67:ILE:HD12	0.68	1.63	17	1
1:A:48:GLY:HA2	1:A:54:VAL:HG22	0.68	1.65	14	6
1:A:82:LEU:O	1:A:86:LYS:HB3	0.68	1.89	13	1
1:A:56:LEU:HD11	1:A:60:ILE:CG1	0.68	2.19	1	3
1:A:71:LEU:O	1:A:71:LEU:HG	0.68	1.88	15	4
1:A:8:LEU:HD23	1:A:79:ILE:CD1	0.68	2.19	3	1
1:A:56:LEU:CD1	1:A:67:ILE:HG21	0.68	2.18	3	1
1:A:8:LEU:HD22	1:A:79:ILE:HD11	0.68	1.63	12	2
1:A:48:GLY:O	1:A:51:ALA:HB3	0.67	1.90	2	7

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:26:GLN:CG	1:A:93:LEU:HD12	0.67	2.18	11	1
1:A:16:THR:HB	1:A:19:LEU:HD12	0.67	1.66	16	1
1:A:24:ARG:HA	1:A:36:ILE:HD12	0.67	1.66	16	2
1:A:64:LEU:O	1:A:68:GLN:HG2	0.67	1.88	14	3
1:A:58:PRO:HA	1:A:61:ALA:HB2	0.67	1.65	8	1
1:A:9:PHE:O	1:A:56:LEU:HD22	0.67	1.89	12	1
1:A:46:GLU:O	1:A:50:ASN:HB2	0.67	1.89	10	3
1:A:70:LEU:HD23	1:A:71:LEU:CD1	0.67	2.14	6	1
1:A:19:LEU:HD21	1:A:92:VAL:HG21	0.67	1.65	9	1
1:A:45:GLY:O	1:A:71:LEU:HD11	0.67	1.90	12	1
1:A:19:LEU:O	1:A:23:MET:HG3	0.67	1.88	5	8
1:A:5:HIS:HA	1:A:35:ILE:O	0.67	1.89	14	8
1:A:16:THR:HG22	1:A:38:ALA:CB	0.66	2.18	7	1
1:A:60:ILE:CD1	1:A:63:MET:HE2	0.66	2.20	8	1
1:A:60:ILE:O	1:A:62:TYR:HD1	0.66	1.71	10	3
1:A:88:ASP:OD2	1:A:92:VAL:HG21	0.66	1.91	13	1
1:A:57:GLY:CA	1:A:60:ILE:HG22	0.66	2.21	17	1
1:A:23:MET:HE2	1:A:92:VAL:CG1	0.66	2.20	6	2
1:A:56:LEU:HD11	1:A:60:ILE:O	0.66	1.91	12	1
1:A:9:PHE:O	1:A:56:LEU:HD23	0.66	1.90	13	1
1:A:61:ALA:HB2	1:A:78:VAL:CG2	0.66	2.21	14	1
1:A:10:SER:O	1:A:11:SER:HB2	0.66	1.89	4	3
1:A:18:LEU:HD23	1:A:87:VAL:CG2	0.66	2.20	17	1
1:A:8:LEU:HD13	1:A:20:VAL:CG1	0.66	2.18	1	1
1:A:55:LEU:HD22	1:A:55:LEU:N	0.66	2.05	7	2
1:A:56:LEU:HB3	1:A:60:ILE:O	0.66	1.91	11	2
1:A:20:VAL:O	1:A:24:ARG:HD3	0.66	1.91	9	1
1:A:54:VAL:CG1	1:A:76:VAL:HG13	0.66	2.20	10	1
1:A:82:LEU:O	1:A:86:LYS:HB2	0.65	1.91	4	3
1:A:5:HIS:CB	1:A:7:TYR:CE2	0.65	2.79	7	2
1:A:37:GLU:CB	1:A:39:PHE:CZ	0.65	2.80	7	3
1:A:53:VAL:HG22	1:A:75:PRO:CG	0.65	2.22	16	2
1:A:7:TYR:HB3	1:A:9:PHE:CE2	0.65	2.26	2	1
1:A:63:MET:O	1:A:66:GLU:HB3	0.65	1.91	4	1
1:A:71:LEU:HD12	1:A:71:LEU:O	0.65	1.90	11	3
1:A:23:MET:HE3	1:A:36:ILE:CG2	0.65	2.21	6	3
1:A:78:VAL:HG22	1:A:79:ILE:O	0.65	1.91	8	2
1:A:9:PHE:HB2	1:A:55:LEU:O	0.65	1.91	13	1
1:A:55:LEU:HD22	1:A:77:GLU:OE2	0.65	1.91	13	1
1:A:26:GLN:OE1	1:A:90:LEU:HD12	0.65	1.90	1	1
1:A:63:MET:O	1:A:67:ILE:HG12	0.65	1.91	1	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:96:ALA:O	1:A:99:ALA:HB3	0.65	1.91	8	8
1:A:11:SER:O	1:A:59:GLN:HB2	0.65	1.90	5	1
1:A:51:ALA:CB	1:A:54:VAL:HG23	0.65	2.22	7	3
1:A:8:LEU:HD12	1:A:55:LEU:HD23	0.65	1.67	7	1
1:A:6:ILE:HG21	1:A:23:MET:HE1	0.65	1.66	5	6
1:A:29:LYS:HG2	1:A:30:TYR:CD1	0.65	2.26	12	2
1:A:40:PRO:HD2	1:A:43:LEU:HD13	0.65	1.67	11	2
1:A:66:GLU:OE2	1:A:70:LEU:HD13	0.65	1.92	5	1
1:A:19:LEU:CD2	1:A:84:TYR:CD1	0.65	2.80	10	2
1:A:18:LEU:CD1	1:A:87:VAL:HG11	0.65	2.21	9	1
1:A:11:SER:CB	1:A:60:ILE:HG22	0.65	2.22	2	2
1:A:89:GLY:O	1:A:90:LEU:HD12	0.65	1.91	13	1
1:A:32:VAL:HG12	1:A:34:VAL:HG12	0.65	1.67	2	2
1:A:20:VAL:O	1:A:24:ARG:HD2	0.65	1.90	17	2
1:A:62:TYR:CE2	1:A:63:MET:SD	0.65	2.89	17	1
1:A:18:LEU:HB3	1:A:87:VAL:HG11	0.64	1.68	16	3
1:A:19:LEU:CA	1:A:87:VAL:HG12	0.64	2.21	11	2
1:A:4:LYS:C	1:A:34:VAL:HG23	0.64	2.18	2	1
1:A:53:VAL:HG13	1:A:75:PRO:O	0.64	1.92	9	4
1:A:62:TYR:CE2	1:A:63:MET:HE2	0.64	2.26	6	1
1:A:53:VAL:HG21	1:A:100:ILE:CG1	0.64	2.23	16	1
1:A:60:ILE:HG12	1:A:60:ILE:O	0.64	1.90	2	1
1:A:29:LYS:CG	1:A:30:TYR:CE1	0.64	2.79	12	1
1:A:16:THR:HB	1:A:38:ALA:HB1	0.64	1.67	15	1
1:A:64:LEU:HD12	1:A:64:LEU:C	0.64	2.17	1	1
1:A:39:PHE:CE2	1:A:47:LYS:CG	0.64	2.80	16	10
1:A:15:SER:HB3	1:A:84:TYR:O	0.64	1.93	5	1
1:A:10:SER:O	1:A:60:ILE:HG21	0.64	1.92	5	2
1:A:41:GLU:CG	1:A:63:MET:HE2	0.64	2.23	2	1
1:A:8:LEU:HD23	1:A:38:ALA:CB	0.64	2.21	5	1
1:A:101:LYS:O	1:A:101:LYS:HD3	0.64	1.92	5	1
1:A:97:VAL:O	1:A:100:ILE:HG22	0.64	1.92	11	1
1:A:62:TYR:CZ	1:A:63:MET:CG	0.64	2.81	16	2
1:A:8:LEU:CD1	1:A:20:VAL:HG23	0.64	2.23	6	1
1:A:29:LYS:CG	1:A:30:TYR:CD1	0.64	2.81	12	1
1:A:41:GLU:O	1:A:42:THR:HG22	0.64	1.92	14	1
1:A:62:TYR:O	1:A:65:PRO:HD2	0.64	1.93	17	5
1:A:56:LEU:O	1:A:78:VAL:HG23	0.64	1.93	14	3
1:A:60:ILE:HD11	1:A:63:MET:CE	0.64	2.22	8	1
1:A:20:VAL:HG21	1:A:38:ALA:CB	0.64	2.17	14	1
1:A:46:GLU:O	1:A:49:GLN:HG3	0.64	1.93	17	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:62:TYR:CZ	1:A:63:MET:SD	0.64	2.91	17	1
1:A:76:VAL:O	1:A:77:GLU:HG2	0.64	1.92	17	1
1:A:18:LEU:CB	1:A:87:VAL:HG11	0.63	2.23	16	1
1:A:79:ILE:CD1	1:A:84:TYR:CE1	0.63	2.82	4	1
1:A:60:ILE:HD12	1:A:62:TYR:CE2	0.63	2.29	11	1
1:A:4:LYS:HB3	1:A:52:ASP:OD2	0.63	1.93	15	2
1:A:23:MET:C	1:A:36:ILE:HD13	0.63	2.18	10	2
1:A:16:THR:HG23	1:A:84:TYR:CE1	0.63	2.28	12	1
1:A:101:LYS:HG2	1:A:101:LYS:O	0.63	1.91	17	1
1:A:64:LEU:N	1:A:65:PRO:HD2	0.63	2.08	5	6
1:A:19:LEU:HB2	1:A:87:VAL:HG12	0.63	1.69	11	2
1:A:4:LYS:HA	1:A:52:ASP:OD2	0.63	1.93	13	1
1:A:65:PRO:O	1:A:68:GLN:HB2	0.63	1.94	14	1
1:A:13:GLY:O	1:A:14:MET:HB2	0.63	1.92	6	1
1:A:26:GLN:NE2	1:A:27:ALA:HB2	0.63	2.08	12	1
1:A:9:PHE:CE1	1:A:39:PHE:CB	0.63	2.82	6	3
1:A:64:LEU:HD22	1:A:64:LEU:O	0.63	1.94	17	1
1:A:9:PHE:CE2	1:A:44:ALA:CB	0.62	2.82	13	3
1:A:33:PRO:C	1:A:34:VAL:HG12	0.62	2.19	4	2
1:A:7:TYR:CD2	1:A:51:ALA:HB2	0.62	2.29	1	3
1:A:70:LEU:C	1:A:70:LEU:HD23	0.62	2.18	14	2
1:A:54:VAL:HG12	1:A:56:LEU:HD21	0.62	1.70	2	1
1:A:62:TYR:CE1	1:A:63:MET:CG	0.62	2.83	2	6
1:A:82:LEU:HD12	1:A:82:LEU:C	0.62	2.20	12	1
1:A:27:ALA:HB3	1:A:36:ILE:HD11	0.62	1.71	17	1
1:A:58:PRO:HA	1:A:78:VAL:HG13	0.62	1.70	3	1
1:A:26:GLN:OE1	1:A:89:GLY:HA2	0.62	1.95	9	1
1:A:68:GLN:OE1	1:A:76:VAL:HG11	0.62	1.94	13	1
1:A:18:LEU:O	1:A:22:LYS:HD2	0.62	1.94	11	1
1:A:37:GLU:HB3	1:A:39:PHE:CE1	0.62	2.29	17	4
1:A:11:SER:HB2	1:A:84:TYR:OH	0.62	1.94	13	1
1:A:53:VAL:HG22	1:A:75:PRO:HG2	0.61	1.70	16	5
1:A:20:VAL:HG13	1:A:24:ARG:HD2	0.61	1.72	6	1
1:A:20:VAL:HG23	1:A:36:ILE:HG22	0.61	1.72	2	3
1:A:97:VAL:O	1:A:100:ILE:HB	0.61	1.95	2	3
1:A:56:LEU:CD1	1:A:60:ILE:CD1	0.61	2.78	4	1
1:A:8:LEU:HD12	1:A:20:VAL:HG12	0.61	1.71	12	1
1:A:64:LEU:C	1:A:64:LEU:HD13	0.61	2.19	14	1
1:A:45:GLY:O	1:A:49:GLN:HG2	0.61	1.95	17	1
1:A:9:PHE:CE2	1:A:39:PHE:CB	0.61	2.83	17	1
1:A:23:MET:SD	1:A:92:VAL:CG1	0.61	2.88	11	10

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:6:ILE:CG2	1:A:23:MET:HE1	0.61	2.25	15	3
1:A:9:PHE:CD1	1:A:39:PHE:HB2	0.61	2.31	4	9
1:A:41:GLU:HG3	1:A:63:MET:HE2	0.61	1.71	2	1
1:A:56:LEU:HD11	1:A:67:ILE:CD1	0.61	2.26	9	2
1:A:8:LEU:HD23	1:A:9:PHE:N	0.61	2.09	16	1
1:A:6:ILE:HG22	1:A:6:ILE:O	0.61	1.96	15	2
1:A:19:LEU:N	1:A:87:VAL:HG12	0.61	2.10	16	1
1:A:32:VAL:CG1	1:A:34:VAL:HG12	0.61	2.25	2	1
1:A:23:MET:CE	1:A:92:VAL:HG23	0.61	2.23	4	1
1:A:41:GLU:CD	1:A:60:ILE:HD12	0.61	2.20	1	1
1:A:93:LEU:O	1:A:97:VAL:HG23	0.61	1.96	14	4
1:A:60:ILE:O	1:A:60:ILE:HG23	0.61	1.95	3	3
1:A:83:LEU:N	1:A:83:LEU:HD23	0.61	2.11	14	2
1:A:5:HIS:CD2	1:A:35:ILE:HD12	0.61	2.31	14	1
1:A:39:PHE:CE2	1:A:47:LYS:HG3	0.60	2.31	4	12
1:A:100:ILE:HG22	1:A:101:LYS:N	0.60	2.10	8	9
1:A:55:LEU:HD12	1:A:79:ILE:HG12	0.60	1.71	6	1
1:A:56:LEU:CD1	1:A:60:ILE:HD13	0.60	2.25	6	1
1:A:62:TYR:O	1:A:65:PRO:HD3	0.60	1.96	8	1
1:A:8:LEU:HD22	1:A:16:THR:OG1	0.60	1.95	4	1
1:A:52:ASP:O	1:A:53:VAL:HG23	0.60	1.97	5	1
1:A:64:LEU:CD2	1:A:76:VAL:HG22	0.60	2.24	11	1
1:A:56:LEU:HD13	1:A:67:ILE:CG1	0.60	2.26	17	3
1:A:45:GLY:CA	1:A:70:LEU:CD2	0.60	2.79	14	1
1:A:51:ALA:HB3	1:A:54:VAL:HG23	0.60	1.70	17	1
1:A:20:VAL:O	1:A:24:ARG:HB2	0.60	1.96	7	2
1:A:9:PHE:CZ	1:A:44:ALA:HA	0.60	2.31	14	12
1:A:40:PRO:HG2	1:A:42:THR:CG2	0.60	2.27	12	3
1:A:22:LYS:O	1:A:26:GLN:HG2	0.60	1.97	17	2
1:A:61:ALA:O	1:A:64:LEU:HB2	0.60	1.95	16	2
1:A:58:PRO:HG3	1:A:80:ASP:O	0.60	1.97	13	3
1:A:7:TYR:CG	1:A:47:LYS:HB3	0.60	2.31	10	2
1:A:20:VAL:HG12	1:A:21:SER:N	0.60	2.12	6	3
1:A:46:GLU:HA	1:A:46:GLU:OE1	0.60	1.96	4	2
1:A:4:LYS:CG	1:A:52:ASP:CB	0.60	2.80	10	1
1:A:8:LEU:C	1:A:8:LEU:CD2	0.60	2.75	16	1
1:A:32:VAL:HG12	1:A:34:VAL:CG1	0.60	2.26	13	3
1:A:56:LEU:HD13	1:A:67:ILE:HG13	0.60	1.71	2	2
1:A:62:TYR:CZ	1:A:63:MET:HG2	0.59	2.31	5	5
1:A:6:ILE:CG2	1:A:36:ILE:HG23	0.59	2.27	7	3
1:A:19:LEU:CD2	1:A:92:VAL:HG21	0.59	2.27	9	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:23:MET:HE3	1:A:93:LEU:CA	0.59	2.28	7	3
1:A:63:MET:HE1	1:A:66:GLU:CD	0.59	2.22	4	1
1:A:34:VAL:O	1:A:36:ILE:HD13	0.59	1.98	5	1
1:A:8:LEU:C	1:A:9:PHE:CD1	0.59	2.80	17	2
1:A:90:LEU:HD22	1:A:90:LEU:C	0.59	2.21	14	1
1:A:54:VAL:O	1:A:55:LEU:HD22	0.59	1.97	6	1
1:A:19:LEU:N	1:A:87:VAL:HG13	0.59	2.13	1	1
1:A:33:PRO:O	1:A:34:VAL:HG12	0.59	1.96	4	2
1:A:62:TYR:CE1	1:A:63:MET:SD	0.59	2.96	17	1
1:A:37:GLU:HB2	1:A:39:PHE:CZ	0.59	2.32	15	2
1:A:41:GLU:HG2	1:A:63:MET:HE1	0.59	1.74	8	1
1:A:54:VAL:HB	1:A:76:VAL:HG22	0.59	1.74	12	2
1:A:4:LYS:HE2	1:A:52:ASP:OD2	0.59	1.96	2	1
1:A:13:GLY:O	1:A:17:SER:HB2	0.59	1.97	7	1
1:A:101:LYS:O	1:A:101:LYS:HE3	0.59	1.98	7	1
1:A:8:LEU:CD2	1:A:79:ILE:HD11	0.59	2.27	12	1
1:A:7:TYR:HB3	1:A:9:PHE:CE1	0.59	2.33	15	2
1:A:56:LEU:HD13	1:A:60:ILE:CD1	0.59	2.27	9	1
1:A:20:VAL:HG12	1:A:36:ILE:HG22	0.59	1.74	1	2
1:A:4:LYS:HG2	1:A:52:ASP:OD2	0.59	1.98	6	2
1:A:9:PHE:CD1	1:A:39:PHE:CB	0.59	2.85	14	2
1:A:56:LEU:HD23	1:A:60:ILE:HG12	0.59	1.73	15	1
1:A:9:PHE:CE1	1:A:44:ALA:HA	0.59	2.33	14	5
1:A:9:PHE:CE2	1:A:44:ALA:HA	0.59	2.33	13	10
1:A:54:VAL:HG13	1:A:76:VAL:HA	0.59	1.75	5	1
1:A:65:PRO:O	1:A:69:ARG:HB2	0.59	1.97	6	1
1:A:20:VAL:O	1:A:24:ARG:HG3	0.58	1.97	2	4
1:A:56:LEU:HD13	1:A:67:ILE:HG21	0.58	1.74	3	1
1:A:7:TYR:CD2	1:A:47:LYS:HB3	0.58	2.33	7	8
1:A:11:SER:HB3	1:A:59:GLN:NE2	0.58	2.13	7	1
1:A:39:PHE:N	1:A:39:PHE:CD1	0.58	2.71	12	2
1:A:48:GLY:C	1:A:71:LEU:HD21	0.58	2.22	9	1
1:A:15:SER:HA	1:A:87:VAL:CG2	0.58	2.28	10	2
1:A:8:LEU:CD2	1:A:55:LEU:HG	0.58	2.28	8	1
1:A:16:THR:HA	1:A:19:LEU:HD23	0.58	1.74	1	1
1:A:26:GLN:HB3	1:A:93:LEU:HD23	0.58	1.75	1	1
1:A:57:GLY:N	1:A:60:ILE:HG22	0.58	2.14	14	2
1:A:30:TYR:HB2	1:A:32:VAL:HG23	0.58	1.75	14	4
1:A:41:GLU:CD	1:A:63:MET:HG3	0.58	2.24	6	1
1:A:10:SER:OG	1:A:57:GLY:HA3	0.58	1.98	13	2
1:A:41:GLU:C	1:A:42:THR:HG22	0.58	2.24	14	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:15:SER:CB	1:A:84:TYR:CZ	0.58	2.87	4	2
1:A:9:PHE:CB	1:A:56:LEU:CD1	0.58	2.80	15	1
1:A:20:VAL:HG11	1:A:38:ALA:HB2	0.58	1.75	1	1
1:A:44:ALA:CB	1:A:67:ILE:HD12	0.58	2.29	2	1
1:A:4:LYS:N	1:A:34:VAL:CG2	0.58	2.67	10	4
1:A:56:LEU:HD23	1:A:67:ILE:HD11	0.58	1.74	7	1
1:A:29:LYS:HD2	1:A:30:TYR:CE1	0.58	2.33	12	1
1:A:11:SER:OG	1:A:60:ILE:HB	0.58	1.99	14	1
1:A:23:MET:SD	1:A:92:VAL:C	0.58	2.87	11	6
1:A:41:GLU:CB	1:A:63:MET:HE1	0.58	2.28	8	1
1:A:25:ALA:O	1:A:29:LYS:HE2	0.58	1.99	11	1
1:A:52:ASP:OD1	1:A:100:ILE:HD11	0.58	1.99	15	1
1:A:27:ALA:O	1:A:31:GLU:HA	0.58	1.98	4	1
1:A:71:LEU:HD13	1:A:71:LEU:N	0.58	2.12	12	2
1:A:56:LEU:CD1	1:A:67:ILE:CD1	0.58	2.82	11	1
1:A:9:PHE:CE2	1:A:39:PHE:HB2	0.58	2.32	17	1
1:A:23:MET:HE3	1:A:93:LEU:HA	0.57	1.76	7	3
1:A:54:VAL:O	1:A:76:VAL:HA	0.57	1.99	8	5
1:A:67:ILE:HB	1:A:68:GLN:OE1	0.57	1.98	7	1
1:A:48:GLY:CA	1:A:54:VAL:HG22	0.57	2.29	9	3
1:A:57:GLY:C	1:A:78:VAL:HG23	0.57	2.24	8	1
1:A:23:MET:SD	1:A:36:ILE:HG21	0.57	2.39	12	1
1:A:29:LYS:HG2	1:A:30:TYR:CE1	0.57	2.33	12	3
1:A:23:MET:HB3	1:A:36:ILE:HD12	0.57	1.76	2	1
1:A:11:SER:HB2	1:A:57:GLY:HA3	0.57	1.76	5	1
1:A:11:SER:CB	1:A:84:TYR:OH	0.57	2.52	8	2
1:A:11:SER:OG	1:A:59:GLN:HG2	0.57	1.99	10	1
1:A:47:LYS:N	1:A:47:LYS:HD2	0.57	2.14	14	1
1:A:67:ILE:O	1:A:70:LEU:HB3	0.57	2.00	17	1
1:A:19:LEU:C	1:A:19:LEU:CD1	0.57	2.77	13	7
1:A:23:MET:HE3	1:A:93:LEU:N	0.57	2.14	7	2
1:A:60:ILE:HG22	1:A:63:MET:SD	0.57	2.39	7	1
1:A:38:ALA:C	1:A:39:PHE:CD1	0.57	2.83	8	3
1:A:8:LEU:CD2	1:A:16:THR:CG2	0.57	2.81	9	2
1:A:58:PRO:O	1:A:61:ALA:HB2	0.57	2.00	1	1
1:A:71:LEU:CD1	1:A:71:LEU:N	0.57	2.67	17	3
1:A:91:GLY:O	1:A:94:LYS:HB3	0.57	2.00	10	1
1:A:5:HIS:HB3	1:A:7:TYR:CE1	0.57	2.35	17	8
1:A:62:TYR:CE1	1:A:63:MET:HG2	0.57	2.35	6	8
1:A:64:LEU:O	1:A:68:GLN:HB2	0.57	2.00	15	2
1:A:53:VAL:HG22	1:A:75:PRO:HB2	0.57	1.76	9	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:15:SER:CB	1:A:84:TYR:CE2	0.57	2.87	4	2
1:A:18:LEU:HB2	1:A:87:VAL:HG11	0.57	1.75	10	1
1:A:45:GLY:O	1:A:49:GLN:HG3	0.57	1.99	1	1
1:A:51:ALA:O	1:A:74:LYS:HE3	0.57	1.99	1	2
1:A:87:VAL:HG12	1:A:87:VAL:O	0.57	1.99	3	1
1:A:35:ILE:N	1:A:35:ILE:HD13	0.57	2.15	4	1
1:A:79:ILE:CG2	1:A:83:LEU:CD1	0.57	2.83	7	1
1:A:83:LEU:C	1:A:83:LEU:CD1	0.57	2.78	7	1
1:A:39:PHE:CZ	1:A:47:LYS:HG2	0.57	2.35	8	2
1:A:8:LEU:HD22	1:A:16:THR:O	0.57	1.98	2	1
1:A:62:TYR:CG	1:A:63:MET:N	0.57	2.73	15	1
1:A:18:LEU:N	1:A:18:LEU:HD22	0.57	2.15	17	1
1:A:82:LEU:C	1:A:82:LEU:CD1	0.56	2.77	16	5
1:A:90:LEU:HD12	1:A:91:GLY:N	0.56	2.15	3	1
1:A:89:GLY:O	1:A:92:VAL:HG22	0.56	1.99	10	2
1:A:15:SER:HB2	1:A:84:TYR:CE2	0.56	2.35	4	4
1:A:15:SER:O	1:A:84:TYR:CD1	0.56	2.58	11	6
1:A:55:LEU:HD22	1:A:79:ILE:HG12	0.56	1.76	5	1
1:A:8:LEU:HD22	1:A:38:ALA:CB	0.56	2.30	15	3
1:A:10:SER:HB2	1:A:84:TYR:OH	0.56	2.00	12	1
1:A:64:LEU:N	1:A:65:PRO:CD	0.56	2.68	14	17
1:A:56:LEU:CD1	1:A:67:ILE:CG1	0.56	2.83	11	1
1:A:40:PRO:HG2	1:A:42:THR:HG21	0.56	1.75	12	1
1:A:16:THR:CG2	1:A:38:ALA:CB	0.56	2.81	13	1
1:A:23:MET:HE3	1:A:93:LEU:CB	0.56	2.30	17	1
1:A:39:PHE:CZ	1:A:47:LYS:CG	0.56	2.89	1	2
1:A:15:SER:O	1:A:84:TYR:CE1	0.56	2.58	9	5
1:A:34:VAL:HG12	1:A:35:ILE:HB	0.56	1.76	17	2
1:A:41:GLU:HB2	1:A:56:LEU:CD1	0.56	2.30	14	1
1:A:8:LEU:HD13	1:A:20:VAL:HG23	0.56	1.76	15	1
1:A:38:ALA:O	1:A:39:PHE:CG	0.56	2.58	5	2
1:A:41:GLU:HB2	1:A:56:LEU:HD21	0.56	1.76	11	1
1:A:53:VAL:HG21	1:A:100:ILE:CD1	0.56	2.30	16	1
1:A:20:VAL:HG22	1:A:36:ILE:C	0.56	2.26	10	3
1:A:82:LEU:C	1:A:82:LEU:HD12	0.56	2.25	3	2
1:A:56:LEU:CD1	1:A:60:ILE:HG13	0.56	2.30	4	1
1:A:9:PHE:HB2	1:A:56:LEU:HD22	0.56	1.76	9	2
1:A:88:ASP:HB3	1:A:92:VAL:HG23	0.56	1.78	11	1
1:A:16:THR:OG1	1:A:84:TYR:HE1	0.56	1.82	1	1
1:A:38:ALA:C	1:A:39:PHE:CG	0.56	2.84	8	1
1:A:20:VAL:CG2	1:A:21:SER:N	0.56	2.69	12	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:54:VAL:HG22	1:A:76:VAL:HA	0.56	1.76	16	1
1:A:40:PRO:HG2	1:A:42:THR:HG23	0.56	1.77	1	2
1:A:60:ILE:O	1:A:62:TYR:CD1	0.56	2.58	10	4
1:A:68:GLN:NE2	1:A:76:VAL:CG1	0.56	2.69	2	1
1:A:15:SER:CB	1:A:84:TYR:C	0.56	2.79	5	1
1:A:8:LEU:CD2	1:A:8:LEU:C	0.56	2.79	15	3
1:A:7:TYR:HB2	1:A:54:VAL:CG2	0.56	2.31	10	1
1:A:41:GLU:OE2	1:A:63:MET:HE2	0.56	2.01	1	1
1:A:20:VAL:CG1	1:A:21:SER:N	0.56	2.69	2	4
1:A:64:LEU:C	1:A:64:LEU:CD2	0.56	2.79	11	1
1:A:88:ASP:CB	1:A:92:VAL:HG23	0.56	2.29	11	1
1:A:60:ILE:CG2	1:A:63:MET:SD	0.56	2.94	7	1
1:A:51:ALA:CB	1:A:54:VAL:CG2	0.55	2.84	7	2
1:A:11:SER:OG	1:A:59:GLN:HB2	0.55	2.01	11	3
1:A:8:LEU:HD22	1:A:20:VAL:HG22	0.55	1.74	5	1
1:A:12:ALA:HB2	1:A:59:GLN:OE1	0.55	2.00	10	1
1:A:72:PRO:HG2	1:A:73:ASN:ND2	0.55	2.16	11	2
1:A:63:MET:HE2	1:A:78:VAL:HG22	0.55	1.77	15	1
1:A:51:ALA:HB3	1:A:54:VAL:CG2	0.55	2.31	17	1
1:A:26:GLN:O	1:A:30:TYR:CD2	0.55	2.59	13	9
1:A:54:VAL:CG1	1:A:76:VAL:CG2	0.55	2.79	5	2
1:A:60:ILE:O	1:A:63:MET:HG2	0.55	2.00	15	1
1:A:5:HIS:CG	1:A:7:TYR:CE1	0.55	2.94	17	1
1:A:55:LEU:CD2	1:A:55:LEU:N	0.55	2.68	6	2
1:A:73:ASN:O	1:A:74:LYS:HD2	0.55	2.01	10	1
1:A:53:VAL:HG21	1:A:100:ILE:HD11	0.55	1.78	16	1
1:A:79:ILE:CD1	1:A:84:TYR:CD1	0.55	2.89	4	1
1:A:71:LEU:N	1:A:71:LEU:CD1	0.55	2.70	12	1
1:A:26:GLN:HA	1:A:30:TYR:CE2	0.55	2.36	13	1
1:A:9:PHE:CE2	1:A:54:VAL:HG13	0.55	2.36	7	4
1:A:39:PHE:CE2	1:A:47:LYS:HG2	0.55	2.36	2	4
1:A:88:ASP:CG	1:A:92:VAL:HG23	0.55	2.26	2	1
1:A:56:LEU:HD23	1:A:57:GLY:H	0.55	1.61	8	1
1:A:56:LEU:HB2	1:A:60:ILE:CG2	0.55	2.31	3	1
1:A:8:LEU:HD13	1:A:20:VAL:HG22	0.55	1.79	4	1
1:A:30:TYR:CB	1:A:32:VAL:HG23	0.55	2.31	14	4
1:A:90:LEU:HD23	1:A:90:LEU:C	0.55	2.26	6	1
1:A:7:TYR:CE2	1:A:47:LYS:HB3	0.55	2.37	7	3
1:A:41:GLU:OE1	1:A:60:ILE:HB	0.55	2.02	9	1
1:A:9:PHE:HB2	1:A:56:LEU:CD1	0.55	2.30	14	2
1:A:41:GLU:OE2	1:A:60:ILE:HD11	0.55	2.02	14	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:48:GLY:HA2	1:A:51:ALA:HB2	0.55	1.78	15	1
1:A:49:GLN:O	1:A:74:LYS:HE3	0.55	2.01	5	3
1:A:22:LYS:CE	1:A:87:VAL:HG13	0.55	2.32	6	1
1:A:19:LEU:HD11	1:A:92:VAL:CG1	0.55	2.29	1	1
1:A:15:SER:O	1:A:19:LEU:HD23	0.55	2.02	5	2
1:A:8:LEU:O	1:A:9:PHE:CD1	0.55	2.59	13	2
1:A:19:LEU:HD23	1:A:84:TYR:CD1	0.55	2.37	10	1
1:A:70:LEU:O	1:A:72:PRO:HD3	0.55	2.02	9	3
1:A:35:ILE:CG2	1:A:36:ILE:N	0.55	2.69	10	1
1:A:14:MET:N	1:A:14:MET:SD	0.55	2.80	13	1
1:A:9:PHE:CD2	1:A:44:ALA:HB2	0.54	2.37	15	4
1:A:20:VAL:HG13	1:A:36:ILE:C	0.54	2.27	8	1
1:A:7:TYR:CB	1:A:9:PHE:CE2	0.54	2.90	2	1
1:A:59:GLN:OE1	1:A:84:TYR:CE2	0.54	2.61	4	1
1:A:56:LEU:HD23	1:A:57:GLY:N	0.54	2.18	8	1
1:A:83:LEU:HD22	1:A:88:ASP:OD2	0.54	2.03	9	2
1:A:7:TYR:CD1	1:A:37:GLU:HB2	0.54	2.37	17	7
1:A:32:VAL:HG21	1:A:93:LEU:HD13	0.54	1.79	6	1
1:A:22:LYS:HD2	1:A:87:VAL:HG23	0.54	1.79	7	1
1:A:8:LEU:HD11	1:A:19:LEU:HD11	0.54	1.77	10	1
1:A:60:ILE:CD1	1:A:60:ILE:C	0.54	2.79	16	1
1:A:56:LEU:HD23	1:A:56:LEU:N	0.54	2.17	3	1
1:A:26:GLN:CG	1:A:93:LEU:HD22	0.54	2.31	9	2
1:A:40:PRO:CG	1:A:42:THR:CG2	0.54	2.86	12	1
1:A:80:ASP:HB2	1:A:83:LEU:HD12	0.54	1.79	17	1
1:A:62:TYR:CE1	1:A:63:MET:HG3	0.54	2.37	2	3
1:A:9:PHE:CD2	1:A:39:PHE:HB2	0.54	2.38	17	1
1:A:23:MET:SD	1:A:93:LEU:N	0.54	2.81	4	8
1:A:53:VAL:HG11	1:A:96:ALA:HA	0.54	1.78	7	1
1:A:8:LEU:HD11	1:A:19:LEU:HD13	0.54	1.79	16	1
1:A:9:PHE:CE1	1:A:39:PHE:HB2	0.54	2.37	4	3
1:A:88:ASP:O	1:A:92:VAL:HB	0.54	2.03	12	1
1:A:53:VAL:HG21	1:A:100:ILE:HG12	0.54	1.79	16	1
1:A:9:PHE:CD1	1:A:44:ALA:HB2	0.54	2.38	1	3
1:A:8:LEU:HD23	1:A:79:ILE:HD11	0.54	1.78	3	2
1:A:36:ILE:N	1:A:36:ILE:CD1	0.54	2.70	17	2
1:A:57:GLY:HA3	1:A:60:ILE:CG2	0.54	2.33	8	1
1:A:15:SER:HA	1:A:87:VAL:HG21	0.54	1.79	10	1
1:A:11:SER:CB	1:A:57:GLY:HA3	0.53	2.32	11	4
1:A:15:SER:OG	1:A:85:GLY:CA	0.53	2.56	9	5
1:A:34:VAL:C	1:A:35:ILE:HD13	0.53	2.28	4	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:62:TYR:CE2	1:A:63:MET:HG2	0.53	2.38	5	4
1:A:35:ILE:O	1:A:36:ILE:HG13	0.53	2.03	10	1
1:A:4:LYS:CD	1:A:52:ASP:CG	0.53	2.81	12	1
1:A:19:LEU:HD22	1:A:88:ASP:O	0.53	2.01	12	1
1:A:7:TYR:HB3	1:A:9:PHE:CZ	0.53	2.38	12	2
1:A:19:LEU:HD21	1:A:79:ILE:HD12	0.53	1.78	8	1
1:A:48:GLY:CA	1:A:54:VAL:CG2	0.53	2.86	12	3
1:A:56:LEU:HD13	1:A:60:ILE:HD11	0.53	1.80	9	1
1:A:60:ILE:HG12	1:A:62:TYR:CE1	0.53	2.38	17	1
1:A:37:GLU:HB3	1:A:39:PHE:CZ	0.53	2.37	7	4
1:A:39:PHE:N	1:A:39:PHE:HD1	0.53	2.02	12	2
1:A:33:PRO:C	1:A:34:VAL:CG1	0.53	2.81	4	3
1:A:48:GLY:HA2	1:A:54:VAL:HG21	0.53	1.80	7	3
1:A:34:VAL:CG1	1:A:35:ILE:N	0.53	2.69	16	2
1:A:56:LEU:HG	1:A:67:ILE:CD1	0.53	2.34	14	1
1:A:56:LEU:HG	1:A:67:ILE:HD11	0.53	1.80	14	1
1:A:9:PHE:HD2	1:A:54:VAL:HG13	0.53	1.56	13	2
1:A:67:ILE:HG23	1:A:71:LEU:HD12	0.53	1.80	13	1
1:A:47:LYS:O	1:A:50:ASN:HB2	0.53	2.03	17	1
1:A:58:PRO:HD3	1:A:79:ILE:HB	0.53	1.79	4	2
1:A:9:PHE:HB2	1:A:56:LEU:HA	0.53	1.81	4	1
1:A:23:MET:SD	1:A:93:LEU:CD1	0.53	2.96	4	1
1:A:53:VAL:HA	1:A:75:PRO:O	0.53	2.04	5	1
1:A:29:LYS:CD	1:A:30:TYR:CE1	0.53	2.92	12	1
1:A:22:LYS:CE	1:A:87:VAL:O	0.53	2.57	14	2
1:A:71:LEU:HD12	1:A:71:LEU:C	0.53	2.28	11	2
1:A:23:MET:CG	1:A:92:VAL:HG23	0.53	2.33	10	1
1:A:67:ILE:HG21	1:A:76:VAL:CG2	0.53	2.33	11	1
1:A:11:SER:HB2	1:A:15:SER:O	0.53	2.03	13	1
1:A:11:SER:CB	1:A:60:ILE:CG2	0.53	2.86	2	1
1:A:71:LEU:O	1:A:71:LEU:CG	0.53	2.57	5	5
1:A:26:GLN:O	1:A:30:TYR:CD1	0.53	2.61	3	1
1:A:56:LEU:CD2	1:A:63:MET:SD	0.53	2.95	15	1
1:A:63:MET:HE1	1:A:78:VAL:HG22	0.53	1.80	15	1
1:A:37:GLU:HA	1:A:37:GLU:OE1	0.53	2.04	8	1
1:A:26:GLN:C	1:A:93:LEU:HD11	0.53	2.28	11	1
1:A:61:ALA:CB	1:A:78:VAL:CG2	0.53	2.86	14	2
1:A:30:TYR:O	1:A:31:GLU:CB	0.52	2.57	6	7
1:A:7:TYR:CD2	1:A:47:LYS:O	0.52	2.61	7	4
1:A:10:SER:HB2	1:A:57:GLY:CA	0.52	2.34	8	1
1:A:34:VAL:HG12	1:A:35:ILE:HG13	0.52	1.80	6	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:53:VAL:CG2	1:A:100:ILE:CG2	0.52	2.87	7	1
1:A:19:LEU:HD11	1:A:84:TYR:HA	0.52	1.79	9	1
1:A:83:LEU:CD2	1:A:83:LEU:N	0.52	2.72	11	2
1:A:26:GLN:C	1:A:30:TYR:CD2	0.52	2.88	13	1
1:A:70:LEU:HD23	1:A:71:LEU:N	0.52	2.19	13	1
1:A:19:LEU:H	1:A:87:VAL:HG12	0.52	1.64	16	1
1:A:16:THR:HB	1:A:84:TYR:CE1	0.52	2.39	1	1
1:A:45:GLY:O	1:A:49:GLN:CG	0.52	2.58	1	1
1:A:87:VAL:O	1:A:87:VAL:HG23	0.52	2.05	7	1
1:A:4:LYS:HG2	1:A:52:ASP:CB	0.52	2.34	10	1
1:A:26:GLN:OE1	1:A:90:LEU:CA	0.52	2.57	12	2
1:A:39:PHE:CD1	1:A:39:PHE:N	0.52	2.77	11	1
1:A:55:LEU:HB3	1:A:77:GLU:O	0.52	2.04	15	1
1:A:15:SER:HB2	1:A:84:TYR:CD2	0.52	2.39	1	2
1:A:54:VAL:HG11	1:A:76:VAL:CG2	0.52	2.17	5	2
1:A:83:LEU:HD12	1:A:84:TYR:N	0.52	2.19	7	1
1:A:4:LYS:CG	1:A:52:ASP:HB2	0.52	2.33	10	1
1:A:79:ILE:CG2	1:A:84:TYR:HB2	0.52	2.34	10	1
1:A:29:LYS:HG2	1:A:30:TYR:CG	0.52	2.40	12	1
1:A:4:LYS:HD3	1:A:52:ASP:OD2	0.52	2.05	17	1
1:A:82:LEU:O	1:A:86:LYS:HE2	0.52	2.05	2	1
1:A:30:TYR:OH	1:A:90:LEU:CD2	0.52	2.58	13	1
1:A:19:LEU:CD1	1:A:92:VAL:HG21	0.52	2.29	2	3
1:A:25:ALA:O	1:A:29:LYS:CB	0.52	2.57	8	11
1:A:100:ILE:CG2	1:A:101:LYS:N	0.52	2.72	17	7
1:A:56:LEU:HD22	1:A:67:ILE:CG1	0.52	2.35	4	1
1:A:86:LYS:C	1:A:87:VAL:HG22	0.52	2.29	9	1
1:A:68:GLN:NE2	1:A:76:VAL:HB	0.52	2.20	12	1
1:A:10:SER:O	1:A:11:SER:CB	0.52	2.57	15	4
1:A:73:ASN:O	1:A:74:LYS:HG2	0.52	2.03	4	1
1:A:5:HIS:HB3	1:A:7:TYR:CZ	0.52	2.40	10	5
1:A:49:GLN:N	1:A:71:LEU:HD21	0.52	2.20	9	1
1:A:45:GLY:HA2	1:A:70:LEU:CD2	0.52	2.34	14	1
1:A:4:LYS:HE2	1:A:52:ASP:OD1	0.52	2.05	3	1
1:A:26:GLN:NE2	1:A:89:GLY:HA3	0.52	2.18	3	3
1:A:38:ALA:O	1:A:39:PHE:CD1	0.52	2.63	10	2
1:A:86:LYS:C	1:A:87:VAL:CG2	0.52	2.83	16	3
1:A:67:ILE:HG22	1:A:76:VAL:HG11	0.52	1.80	11	2
1:A:8:LEU:HD22	1:A:20:VAL:HG23	0.52	1.79	5	4
1:A:23:MET:SD	1:A:93:LEU:CA	0.52	2.97	4	1
1:A:9:PHE:CE1	1:A:39:PHE:CG	0.52	2.98	14	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:94:LYS:HA	1:A:97:VAL:CG1	0.52	2.35	9	1
1:A:26:GLN:CA	1:A:30:TYR:CE2	0.52	2.93	13	1
1:A:60:ILE:CD1	1:A:62:TYR:CE1	0.52	2.93	14	1
1:A:7:TYR:CE2	1:A:47:LYS:HD3	0.52	2.40	5	1
1:A:83:LEU:HA	1:A:88:ASP:OD2	0.52	2.05	9	1
1:A:24:ARG:N	1:A:36:ILE:HG12	0.52	2.20	17	1
1:A:23:MET:HA	1:A:89:GLY:O	0.51	2.04	1	1
1:A:8:LEU:HB2	1:A:38:ALA:HB2	0.51	1.83	3	1
1:A:95:ALA:O	1:A:98:ALA:HB3	0.51	2.05	5	3
1:A:58:PRO:HG3	1:A:79:ILE:O	0.51	2.05	10	1
1:A:19:LEU:O	1:A:23:MET:CB	0.51	2.58	15	6
1:A:63:MET:HE1	1:A:66:GLU:HG2	0.51	1.83	5	1
1:A:77:GLU:OE2	1:A:99:ALA:HB1	0.51	2.05	6	1
1:A:15:SER:CB	1:A:84:TYR:CD2	0.51	2.93	1	2
1:A:20:VAL:HG13	1:A:36:ILE:CG2	0.51	2.33	3	2
1:A:6:ILE:HD12	1:A:34:VAL:CG2	0.51	2.35	8	1
1:A:61:ALA:HB1	1:A:78:VAL:HG21	0.51	1.76	11	1
1:A:64:LEU:O	1:A:68:GLN:HG3	0.51	2.04	12	1
1:A:19:LEU:N	1:A:87:VAL:CG1	0.51	2.73	1	2
1:A:24:ARG:N	1:A:36:ILE:HD13	0.51	2.20	1	3
1:A:5:HIS:CE1	1:A:7:TYR:HH	0.51	2.23	2	1
1:A:52:ASP:O	1:A:53:VAL:HG22	0.51	2.06	2	1
1:A:45:GLY:HA2	1:A:70:LEU:HD22	0.51	1.82	4	1
1:A:11:SER:HB2	1:A:57:GLY:CA	0.51	2.35	5	1
1:A:54:VAL:HG13	1:A:75:PRO:C	0.51	2.31	16	2
1:A:14:MET:O	1:A:15:SER:CB	0.51	2.58	10	1
1:A:9:PHE:CB	1:A:56:LEU:HD13	0.51	2.34	14	1
1:A:5:HIS:HB3	1:A:7:TYR:CD1	0.51	2.39	17	1
1:A:56:LEU:HD13	1:A:56:LEU:C	0.51	2.30	1	1
1:A:15:SER:O	1:A:87:VAL:CG2	0.51	2.58	3	1
1:A:11:SER:O	1:A:12:ALA:HB2	0.51	2.05	5	1
1:A:11:SER:O	1:A:12:ALA:CB	0.51	2.59	8	4
1:A:38:ALA:O	1:A:39:PHE:CD2	0.51	2.64	5	1
1:A:15:SER:O	1:A:84:TYR:CZ	0.51	2.64	13	1
1:A:4:LYS:O	1:A:34:VAL:CA	0.51	2.59	8	7
1:A:4:LYS:N	1:A:34:VAL:HB	0.51	2.21	6	2
1:A:70:LEU:CD2	1:A:71:LEU:CD1	0.51	2.82	6	1
1:A:97:VAL:CG2	1:A:98:ALA:N	0.51	2.73	9	2
1:A:40:PRO:HD2	1:A:43:LEU:HD12	0.51	1.82	10	2
1:A:40:PRO:O	1:A:42:THR:CG2	0.51	2.59	15	7
1:A:100:ILE:O	1:A:100:ILE:CG1	0.51	2.58	4	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:24:ARG:O	1:A:28:GLU:HB2	0.51	2.05	12	2
1:A:5:HIS:HB3	1:A:7:TYR:CE2	0.51	2.41	7	2
1:A:48:GLY:HA2	1:A:54:VAL:CG2	0.51	2.36	11	3
1:A:20:VAL:HG13	1:A:24:ARG:NH2	0.51	2.20	10	1
1:A:34:VAL:HG12	1:A:35:ILE:CB	0.51	2.35	10	2
1:A:8:LEU:CD2	1:A:16:THR:HG21	0.51	2.35	16	1
1:A:23:MET:CA	1:A:26:GLN:OE1	0.51	2.59	4	2
1:A:88:ASP:O	1:A:92:VAL:CG2	0.51	2.58	12	3
1:A:57:GLY:HA3	1:A:60:ILE:HG23	0.51	1.81	8	1
1:A:16:THR:CB	1:A:84:TYR:CE1	0.51	2.94	1	2
1:A:56:LEU:CD1	1:A:57:GLY:O	0.51	2.59	1	1
1:A:87:VAL:CG1	1:A:87:VAL:O	0.51	2.59	2	1
1:A:16:THR:O	1:A:19:LEU:HB3	0.51	2.06	6	2
1:A:53:VAL:CG1	1:A:96:ALA:HB1	0.51	2.34	6	1
1:A:66:GLU:O	1:A:70:LEU:CB	0.51	2.59	6	2
1:A:9:PHE:CE2	1:A:44:ALA:CA	0.51	2.93	15	3
1:A:35:ILE:C	1:A:36:ILE:HD13	0.51	2.31	17	1
1:A:26:GLN:O	1:A:29:LYS:CB	0.51	2.59	17	4
1:A:39:PHE:CZ	1:A:47:LYS:HG3	0.51	2.40	16	2
1:A:40:PRO:C	1:A:42:THR:HG22	0.51	2.30	9	1
1:A:23:MET:O	1:A:26:GLN:CG	0.50	2.59	2	1
1:A:7:TYR:CZ	1:A:37:GLU:OE1	0.50	2.64	3	1
1:A:54:VAL:HG13	1:A:76:VAL:CA	0.50	2.35	5	2
1:A:94:LYS:HG3	1:A:95:ALA:N	0.50	2.21	7	1
1:A:56:LEU:CD2	1:A:60:ILE:HG12	0.50	2.36	11	1
1:A:5:HIS:N	1:A:34:VAL:HG23	0.50	2.21	2	1
1:A:95:ALA:O	1:A:99:ALA:HB2	0.50	2.06	3	1
1:A:27:ALA:CB	1:A:32:VAL:O	0.50	2.59	6	1
1:A:5:HIS:CD2	1:A:5:HIS:N	0.50	2.77	14	2
1:A:41:GLU:OE1	1:A:60:ILE:CD1	0.50	2.59	14	2
1:A:15:SER:HB3	1:A:84:TYR:CG	0.50	2.41	17	1
1:A:100:ILE:O	1:A:100:ILE:HG13	0.50	2.05	4	2
1:A:7:TYR:CE1	1:A:37:GLU:HB2	0.50	2.42	5	5
1:A:6:ILE:HG21	1:A:23:MET:CE	0.50	2.36	3	2
1:A:54:VAL:O	1:A:55:LEU:CD2	0.50	2.60	4	1
1:A:8:LEU:HD23	1:A:55:LEU:O	0.50	2.07	8	1
1:A:26:GLN:OE1	1:A:89:GLY:CA	0.50	2.60	9	2
1:A:88:ASP:O	1:A:92:VAL:HG22	0.50	2.06	16	1
1:A:41:GLU:OE2	1:A:63:MET:SD	0.50	2.69	12	2
1:A:63:MET:O	1:A:67:ILE:CG1	0.50	2.60	7	5
1:A:64:LEU:N	1:A:65:PRO:HD3	0.50	2.22	14	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:90:LEU:CD2	1:A:91:GLY:N	0.50	2.72	6	1
1:A:5:HIS:HB2	1:A:7:TYR:CE2	0.50	2.41	7	1
1:A:20:VAL:CG1	1:A:24:ARG:NH2	0.50	2.75	10	1
1:A:67:ILE:O	1:A:70:LEU:HD23	0.50	2.06	13	1
1:A:89:GLY:O	1:A:90:LEU:CD1	0.50	2.60	13	1
1:A:19:LEU:HD21	1:A:84:TYR:O	0.50	2.06	2	1
1:A:27:ALA:O	1:A:31:GLU:CA	0.50	2.59	4	2
1:A:19:LEU:CD2	1:A:88:ASP:O	0.50	2.60	12	1
1:A:15:SER:HB2	1:A:84:TYR:CZ	0.50	2.42	7	3
1:A:7:TYR:CZ	1:A:47:LYS:HD2	0.50	2.42	5	2
1:A:23:MET:CE	1:A:92:VAL:O	0.50	2.60	7	1
1:A:55:LEU:N	1:A:55:LEU:CD2	0.50	2.71	7	1
1:A:55:LEU:CA	1:A:77:GLU:O	0.50	2.60	15	2
1:A:9:PHE:HE2	1:A:54:VAL:HG22	0.50	1.66	12	1
1:A:8:LEU:CD2	1:A:8:LEU:O	0.50	2.60	15	2
1:A:62:TYR:CD2	1:A:63:MET:SD	0.50	3.04	17	1
1:A:17:SER:O	1:A:20:VAL:CG2	0.50	2.60	1	2
1:A:15:SER:HB3	1:A:84:TYR:CE1	0.50	2.42	4	1
1:A:31:GLU:O	1:A:31:GLU:CG	0.50	2.60	12	2
1:A:82:LEU:O	1:A:86:LYS:CG	0.50	2.59	15	3
1:A:62:TYR:O	1:A:65:PRO:CD	0.50	2.60	12	4
1:A:77:GLU:OE2	1:A:99:ALA:CB	0.50	2.59	6	1
1:A:23:MET:CE	1:A:93:LEU:HB2	0.50	2.37	17	1
1:A:91:GLY:O	1:A:95:ALA:CB	0.50	2.59	7	4
1:A:15:SER:HB3	1:A:84:TYR:CZ	0.50	2.42	4	1
1:A:30:TYR:O	1:A:31:GLU:HB3	0.50	2.07	8	3
1:A:10:SER:OG	1:A:57:GLY:CA	0.50	2.60	7	2
1:A:61:ALA:HA	1:A:78:VAL:CG2	0.50	2.36	11	1
1:A:13:GLY:O	1:A:14:MET:SD	0.50	2.70	12	1
1:A:8:LEU:CB	1:A:55:LEU:HB2	0.50	2.36	16	1
1:A:77:GLU:CG	1:A:99:ALA:HB1	0.50	2.34	16	1
1:A:70:LEU:C	1:A:70:LEU:CD2	0.50	2.83	5	2
1:A:60:ILE:HD13	1:A:62:TYR:CD1	0.50	2.42	14	1
1:A:82:LEU:O	1:A:86:LYS:CB	0.49	2.60	13	3
1:A:52:ASP:C	1:A:53:VAL:CG2	0.49	2.85	2	1
1:A:65:PRO:O	1:A:69:ARG:CG	0.49	2.60	7	2
1:A:27:ALA:HB2	1:A:93:LEU:HD11	0.49	1.82	9	1
1:A:6:ILE:O	1:A:6:ILE:HG22	0.49	2.05	5	1
1:A:20:VAL:HG21	1:A:37:GLU:C	0.49	2.31	6	2
1:A:79:ILE:CG2	1:A:80:ASP:O	0.49	2.59	16	2
1:A:7:TYR:HB2	1:A:51:ALA:CB	0.49	2.37	17	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:18:LEU:C	1:A:87:VAL:CG1	0.49	2.86	1	1
1:A:44:ALA:O	1:A:48:GLY:CA	0.49	2.60	13	7
1:A:20:VAL:CG2	1:A:36:ILE:O	0.49	2.60	2	2
1:A:77:GLU:CD	1:A:99:ALA:CB	0.49	2.85	6	1
1:A:63:MET:C	1:A:65:PRO:CD	0.49	2.85	8	3
1:A:5:HIS:CA	1:A:34:VAL:HG23	0.49	2.37	11	1
1:A:23:MET:SD	1:A:92:VAL:HB	0.49	2.46	13	2
1:A:25:ALA:O	1:A:29:LYS:CE	0.49	2.60	11	1
1:A:49:GLN:O	1:A:74:LYS:CE	0.49	2.60	12	3
1:A:94:LYS:C	1:A:97:VAL:HG22	0.49	2.32	15	1
1:A:8:LEU:CD1	1:A:79:ILE:HD11	0.49	2.37	17	2
1:A:26:GLN:O	1:A:93:LEU:CD1	0.49	2.61	11	1
1:A:37:GLU:CB	1:A:39:PHE:CE1	0.49	2.96	11	1
1:A:60:ILE:O	1:A:63:MET:CG	0.49	2.60	15	1
1:A:22:LYS:CD	1:A:87:VAL:O	0.49	2.59	3	2
1:A:10:SER:O	1:A:60:ILE:CG2	0.49	2.58	5	1
1:A:15:SER:HB2	1:A:84:TYR:CD1	0.49	2.43	5	1
1:A:62:TYR:CD2	1:A:63:MET:HG2	0.49	2.43	5	2
1:A:20:VAL:O	1:A:24:ARG:CB	0.49	2.59	15	2
1:A:67:ILE:CG2	1:A:76:VAL:HG21	0.49	2.37	7	2
1:A:10:SER:CA	1:A:60:ILE:HG21	0.49	2.34	8	2
1:A:41:GLU:CG	1:A:63:MET:HE1	0.49	2.36	8	1
1:A:4:LYS:C	1:A:5:HIS:CD2	0.49	2.90	11	2
1:A:8:LEU:O	1:A:38:ALA:CA	0.49	2.60	11	4
1:A:54:VAL:HG13	1:A:76:VAL:N	0.49	2.22	16	1
1:A:87:VAL:O	1:A:87:VAL:CG1	0.49	2.61	6	3
1:A:4:LYS:N	1:A:34:VAL:CB	0.49	2.76	10	2
1:A:15:SER:OG	1:A:84:TYR:CD2	0.49	2.63	6	2
1:A:31:GLU:O	1:A:31:GLU:HG3	0.49	2.08	12	2
1:A:71:LEU:O	1:A:71:LEU:HD12	0.49	2.07	10	1
1:A:55:LEU:CD2	1:A:77:GLU:OE2	0.49	2.60	13	1
1:A:62:TYR:CD2	1:A:63:MET:N	0.49	2.81	15	1
1:A:55:LEU:HB3	1:A:79:ILE:CG1	0.49	2.38	3	1
1:A:9:PHE:CE2	1:A:44:ALA:N	0.49	2.81	15	1
1:A:15:SER:O	1:A:18:LEU:HD23	0.49	2.07	17	1
1:A:55:LEU:CD1	1:A:79:ILE:HG12	0.49	2.37	8	1
1:A:52:ASP:C	1:A:53:VAL:HG22	0.49	2.33	2	1
1:A:8:LEU:CD2	1:A:16:THR:OG1	0.49	2.60	4	1
1:A:40:PRO:O	1:A:42:THR:N	0.49	2.46	17	8
1:A:7:TYR:CE2	1:A:47:LYS:CD	0.49	2.95	5	1
1:A:23:MET:SD	1:A:92:VAL:CB	0.49	3.00	11	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:83:LEU:CD1	1:A:84:TYR:N	0.49	2.76	7	1
1:A:79:ILE:CG2	1:A:80:ASP:N	0.49	2.75	16	2
1:A:22:LYS:HG2	1:A:23:MET:N	0.49	2.22	11	1
1:A:4:LYS:O	1:A:5:HIS:CD2	0.49	2.65	13	1
1:A:90:LEU:O	1:A:94:LYS:CB	0.49	2.61	13	1
1:A:61:ALA:HB2	1:A:78:VAL:HG11	0.49	1.84	15	1
1:A:8:LEU:CA	1:A:55:LEU:O	0.49	2.59	17	1
1:A:6:ILE:CD1	1:A:96:ALA:CB	0.49	2.91	8	1
1:A:5:HIS:CD2	1:A:7:TYR:OH	0.49	2.65	10	1
1:A:89:GLY:O	1:A:90:LEU:CG	0.49	2.61	13	1
1:A:40:PRO:C	1:A:41:GLU:CD	0.49	2.80	17	1
1:A:55:LEU:HD23	1:A:55:LEU:N	0.48	2.23	4	1
1:A:54:VAL:CB	1:A:76:VAL:HG22	0.48	2.38	12	1
1:A:52:ASP:OD1	1:A:100:ILE:CD1	0.48	2.60	15	1
1:A:8:LEU:HD11	1:A:79:ILE:HD11	0.48	1.85	17	1
1:A:23:MET:CG	1:A:89:GLY:HA2	0.48	2.38	3	2
1:A:23:MET:CG	1:A:92:VAL:HB	0.48	2.38	7	3
1:A:56:LEU:CD1	1:A:60:ILE:CG1	0.48	2.91	1	2
1:A:62:TYR:C	1:A:62:TYR:CD1	0.48	2.91	3	1
1:A:15:SER:HA	1:A:87:VAL:HG22	0.48	1.84	5	1
1:A:45:GLY:O	1:A:49:GLN:CB	0.48	2.61	16	5
1:A:56:LEU:CD1	1:A:67:ILE:HG13	0.48	2.38	11	1
1:A:11:SER:HB2	1:A:60:ILE:HG22	0.48	1.85	14	1
1:A:94:LYS:O	1:A:94:LYS:HG2	0.48	2.08	16	1
1:A:46:GLU:O	1:A:49:GLN:HB2	0.48	2.09	1	1
1:A:60:ILE:O	1:A:60:ILE:CG2	0.48	2.61	5	3
1:A:11:SER:CB	1:A:59:GLN:HG2	0.48	2.38	10	1
1:A:68:GLN:OE1	1:A:76:VAL:CG1	0.48	2.61	13	1
1:A:71:LEU:HD11	1:A:74:LYS:CG	0.48	2.39	15	1
1:A:16:THR:HA	1:A:84:TYR:CE1	0.48	2.44	2	1
1:A:23:MET:HG2	1:A:89:GLY:CA	0.48	2.37	3	4
1:A:80:ASP:O	1:A:84:TYR:CB	0.48	2.59	3	5
1:A:4:LYS:O	1:A:34:VAL:CG2	0.48	2.58	8	1
1:A:8:LEU:HB2	1:A:38:ALA:CB	0.48	2.38	13	1
1:A:7:TYR:HB2	1:A:9:PHE:CE2	0.48	2.44	6	1
1:A:60:ILE:O	1:A:60:ILE:CG1	0.48	2.60	12	2
1:A:46:GLU:OE1	1:A:46:GLU:CA	0.48	2.61	4	1
1:A:62:TYR:CZ	1:A:63:MET:HG3	0.48	2.43	8	1
1:A:9:PHE:O	1:A:56:LEU:CD2	0.48	2.61	13	1
1:A:52:ASP:OD1	1:A:100:ILE:CG1	0.48	2.61	15	1
1:A:26:GLN:OE1	1:A:90:LEU:CD1	0.48	2.60	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:10:SER:OG	1:A:11:SER:N	0.48	2.47	4	6
1:A:65:PRO:O	1:A:69:ARG:HG2	0.48	2.08	5	1
1:A:41:GLU:OE1	1:A:42:THR:CG2	0.48	2.62	11	2
1:A:9:PHE:HD1	1:A:39:PHE:HB2	0.48	1.67	12	1
1:A:63:MET:O	1:A:66:GLU:CB	0.48	2.62	13	1
1:A:23:MET:HG2	1:A:89:GLY:HA2	0.48	1.83	3	2
1:A:30:TYR:OH	1:A:90:LEU:HD23	0.48	2.09	13	1
1:A:48:GLY:O	1:A:54:VAL:CG2	0.48	2.62	14	1
1:A:56:LEU:CD2	1:A:67:ILE:CD1	0.48	2.92	14	1
1:A:83:LEU:N	1:A:83:LEU:CD2	0.48	2.77	14	1
1:A:7:TYR:O	1:A:55:LEU:N	0.48	2.47	1	1
1:A:15:SER:CB	1:A:84:TYR:O	0.48	2.62	5	1
1:A:34:VAL:HG13	1:A:35:ILE:O	0.48	2.08	9	1
1:A:56:LEU:CD1	1:A:60:ILE:O	0.48	2.61	12	1
1:A:11:SER:C	1:A:13:GLY:N	0.48	2.72	13	1
1:A:4:LYS:HG3	1:A:52:ASP:CG	0.48	2.33	4	1
1:A:9:PHE:CD1	1:A:39:PHE:HB3	0.48	2.44	14	2
1:A:67:ILE:O	1:A:71:LEU:N	0.48	2.47	6	1
1:A:26:GLN:OE1	1:A:90:LEU:CB	0.48	2.61	11	2
1:A:57:GLY:CA	1:A:60:ILE:HG23	0.48	2.38	8	1
1:A:15:SER:CA	1:A:87:VAL:CG2	0.48	2.92	10	1
1:A:11:SER:C	1:A:59:GLN:OE1	0.48	2.57	15	1
1:A:19:LEU:HD11	1:A:84:TYR:HD1	0.48	1.68	16	1
1:A:20:VAL:CG1	1:A:36:ILE:HG22	0.48	2.39	17	1
1:A:8:LEU:HD23	1:A:79:ILE:HD13	0.47	1.85	3	1
1:A:88:ASP:OD2	1:A:92:VAL:CG2	0.47	2.61	13	1
1:A:41:GLU:OE2	1:A:60:ILE:CD1	0.47	2.62	14	1
1:A:18:LEU:CG	1:A:87:VAL:HG21	0.47	2.39	17	1
1:A:77:GLU:CD	1:A:99:ALA:HB2	0.47	2.33	6	1
1:A:7:TYR:CB	1:A:9:PHE:CZ	0.47	2.97	7	1
1:A:79:ILE:HD12	1:A:84:TYR:CE1	0.47	2.43	11	1
1:A:56:LEU:HD23	1:A:60:ILE:CG1	0.47	2.39	15	1
1:A:56:LEU:C	1:A:56:LEU:CD1	0.47	2.87	1	1
1:A:10:SER:N	1:A:39:PHE:O	0.47	2.47	4	3
1:A:18:LEU:O	1:A:22:LYS:CB	0.47	2.61	9	4
1:A:16:THR:HG23	1:A:84:TYR:CZ	0.47	2.44	12	1
1:A:53:VAL:CG1	1:A:75:PRO:O	0.47	2.61	4	2
1:A:79:ILE:CG2	1:A:83:LEU:HD11	0.47	2.39	7	1
1:A:53:VAL:HG22	1:A:75:PRO:CB	0.47	2.39	9	1
1:A:4:LYS:CA	1:A:52:ASP:OD2	0.47	2.62	13	1
1:A:16:THR:CG2	1:A:17:SER:N	0.47	2.77	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:56:LEU:C	1:A:60:ILE:HG22	0.47	2.34	3	1
1:A:29:LYS:HG2	1:A:30:TYR:CE2	0.47	2.45	5	1
1:A:60:ILE:O	1:A:60:ILE:HD12	0.47	2.10	9	1
1:A:8:LEU:HD22	1:A:55:LEU:HB2	0.47	1.85	10	1
1:A:4:LYS:O	1:A:5:HIS:HD2	0.47	1.92	13	2
1:A:56:LEU:HD21	1:A:76:VAL:HG13	0.47	1.85	17	2
1:A:8:LEU:HD23	1:A:55:LEU:HB2	0.47	1.86	6	1
1:A:32:VAL:HG21	1:A:93:LEU:CD1	0.47	2.40	6	1
1:A:53:VAL:HG22	1:A:75:PRO:O	0.47	2.09	6	1
1:A:74:LYS:HB3	1:A:75:PRO:CD	0.47	2.39	12	1
1:A:101:LYS:O	1:A:101:LYS:CG	0.47	2.61	17	1
1:A:26:GLN:CG	1:A:89:GLY:O	0.47	2.59	1	1
1:A:11:SER:CB	1:A:59:GLN:OE1	0.47	2.63	4	1
1:A:9:PHE:N	1:A:55:LEU:O	0.47	2.48	11	7
1:A:31:GLU:C	1:A:33:PRO:HD3	0.47	2.35	6	2
1:A:4:LYS:O	1:A:34:VAL:CB	0.47	2.63	7	2
1:A:35:ILE:HG21	1:A:37:GLU:HG3	0.47	1.85	10	1
1:A:9:PHE:CB	1:A:55:LEU:O	0.47	2.63	13	1
1:A:41:GLU:C	1:A:42:THR:CG2	0.47	2.88	14	1
1:A:16:THR:O	1:A:17:SER:C	0.47	2.58	16	1
1:A:22:LYS:O	1:A:25:ALA:CB	0.47	2.59	11	4
1:A:15:SER:HB3	1:A:84:TYR:CD2	0.47	2.44	4	1
1:A:53:VAL:HG11	1:A:100:ILE:HG22	0.47	1.85	4	1
1:A:57:GLY:O	1:A:60:ILE:CG2	0.47	2.63	10	1
1:A:56:LEU:CD2	1:A:67:ILE:HG21	0.47	2.40	17	1
1:A:9:PHE:CD2	1:A:55:LEU:O	0.47	2.68	1	1
1:A:86:LYS:O	1:A:87:VAL:C	0.47	2.57	14	2
1:A:4:LYS:HG3	1:A:52:ASP:CB	0.47	2.39	10	2
1:A:79:ILE:HG23	1:A:83:LEU:HD11	0.47	1.86	7	1
1:A:23:MET:O	1:A:26:GLN:N	0.47	2.48	15	2
1:A:47:LYS:O	1:A:51:ALA:N	0.47	2.48	10	5
1:A:12:ALA:HB3	1:A:84:TYR:CE2	0.47	2.45	7	2
1:A:67:ILE:HG21	1:A:76:VAL:CG1	0.47	2.24	7	1
1:A:55:LEU:CD2	1:A:77:GLU:HB2	0.47	2.39	11	1
1:A:43:LEU:O	1:A:47:LYS:CB	0.47	2.61	13	2
1:A:89:GLY:C	1:A:90:LEU:HG	0.47	2.35	13	1
1:A:4:LYS:HA	1:A:34:VAL:HG21	0.47	1.87	16	1
1:A:16:THR:O	1:A:19:LEU:N	0.46	2.48	16	3
1:A:20:VAL:HG13	1:A:36:ILE:HB	0.46	1.85	5	1
1:A:39:PHE:CE2	1:A:47:LYS:HD2	0.46	2.45	5	2
1:A:26:GLN:NE2	1:A:26:GLN:N	0.46	2.63	7	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:26:GLN:O	1:A:93:LEU:HD11	0.46	2.09	11	1
1:A:28:GLU:N	1:A:28:GLU:CD	0.46	2.73	15	1
1:A:39:PHE:HB3	1:A:43:LEU:CD2	0.46	2.40	15	1
1:A:64:LEU:C	1:A:64:LEU:CD1	0.46	2.88	14	2
1:A:79:ILE:HG22	1:A:80:ASP:N	0.46	2.25	2	3
1:A:9:PHE:CE2	1:A:44:ALA:HB2	0.46	2.45	4	1
1:A:56:LEU:N	1:A:77:GLU:O	0.46	2.48	5	3
1:A:71:LEU:O	1:A:71:LEU:CD1	0.46	2.63	5	3
1:A:23:MET:CB	1:A:36:ILE:HD13	0.46	2.37	8	1
1:A:19:LEU:O	1:A:23:MET:CG	0.46	2.63	13	2
1:A:56:LEU:HD22	1:A:60:ILE:HG12	0.46	1.83	11	1
1:A:4:LYS:CD	1:A:52:ASP:OD1	0.46	2.64	13	1
1:A:22:LYS:HA	1:A:25:ALA:CB	0.46	2.40	17	2
1:A:34:VAL:CG2	1:A:35:ILE:N	0.46	2.78	13	1
1:A:39:PHE:HD2	1:A:43:LEU:HB3	0.46	1.70	13	1
1:A:33:PRO:O	1:A:34:VAL:CG1	0.46	2.63	15	1
1:A:18:LEU:HB3	1:A:87:VAL:CG1	0.46	2.39	16	1
1:A:22:LYS:C	1:A:26:GLN:OE1	0.46	2.58	2	2
1:A:52:ASP:O	1:A:75:PRO:CG	0.46	2.60	10	4
1:A:7:TYR:CD2	1:A:47:LYS:C	0.46	2.93	10	2
1:A:11:SER:HA	1:A:84:TYR:OH	0.46	2.11	8	1
1:A:18:LEU:C	1:A:18:LEU:HD13	0.46	2.35	9	1
1:A:11:SER:HB3	1:A:84:TYR:CE2	0.46	2.45	11	1
1:A:14:MET:O	1:A:15:SER:C	0.46	2.58	13	1
1:A:8:LEU:HD22	1:A:16:THR:HG21	0.46	1.87	16	1
1:A:29:LYS:C	1:A:30:TYR:CD1	0.46	2.93	1	1
1:A:19:LEU:O	1:A:19:LEU:CD1	0.46	2.64	13	2
1:A:6:ILE:HD12	1:A:34:VAL:HG21	0.46	1.86	8	1
1:A:25:ALA:O	1:A:29:LYS:NZ	0.46	2.48	11	1
1:A:39:PHE:CD2	1:A:47:LYS:HG2	0.46	2.45	16	1
1:A:40:PRO:HD2	1:A:43:LEU:CD1	0.46	2.39	17	1
1:A:30:TYR:CD1	1:A:30:TYR:N	0.46	2.83	1	1
1:A:89:GLY:O	1:A:92:VAL:N	0.46	2.48	7	5
1:A:8:LEU:O	1:A:39:PHE:N	0.46	2.48	4	4
1:A:90:LEU:HD13	1:A:91:GLY:N	0.46	2.26	14	1
1:A:24:ARG:N	1:A:36:ILE:CD1	0.46	2.74	16	1
1:A:12:ALA:HB2	1:A:59:GLN:NE2	0.46	2.24	17	1
1:A:12:ALA:HB3	1:A:84:TYR:HE2	0.46	1.71	17	1
1:A:62:TYR:CD1	1:A:62:TYR:N	0.46	2.83	17	1
1:A:45:GLY:HA2	1:A:70:LEU:HD21	0.46	1.85	6	2
1:A:41:GLU:OE2	1:A:60:ILE:CG1	0.46	2.63	14	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:70:LEU:HB3	1:A:71:LEU:HD13	0.46	1.88	16	1
1:A:26:GLN:OE1	1:A:89:GLY:C	0.46	2.59	2	2
1:A:70:LEU:O	1:A:72:PRO:CD	0.46	2.64	16	2
1:A:40:PRO:C	1:A:41:GLU:HG3	0.46	2.36	13	1
1:A:62:TYR:CD1	1:A:63:MET:N	0.46	2.84	13	1
1:A:7:TYR:CB	1:A:9:PHE:CE1	0.46	2.99	15	1
1:A:26:GLN:OE1	1:A:29:LYS:CE	0.46	2.64	16	1
1:A:41:GLU:OE1	1:A:63:MET:SD	0.46	2.73	6	1
1:A:6:ILE:HG13	1:A:34:VAL:HG11	0.46	1.87	9	1
1:A:70:LEU:C	1:A:72:PRO:HD3	0.46	2.36	9	2
1:A:56:LEU:HD13	1:A:60:ILE:HG23	0.46	1.87	12	1
1:A:87:VAL:O	1:A:87:VAL:HG12	0.46	2.10	12	1
1:A:39:PHE:CE2	1:A:47:LYS:CD	0.46	2.99	15	1
1:A:9:PHE:CD1	1:A:9:PHE:N	0.46	2.83	17	1
1:A:18:LEU:O	1:A:22:LYS:HE2	0.46	2.11	17	1
1:A:41:GLU:OE2	1:A:63:MET:CG	0.46	2.62	1	1
1:A:41:GLU:O	1:A:43:LEU:N	0.46	2.48	15	2
1:A:56:LEU:CD2	1:A:60:ILE:O	0.46	2.64	8	1
1:A:4:LYS:HG2	1:A:52:ASP:CG	0.46	2.35	13	1
1:A:65:PRO:O	1:A:69:ARG:CB	0.46	2.64	17	1
1:A:23:MET:SD	1:A:92:VAL:O	0.46	2.74	1	2
1:A:54:VAL:CG1	1:A:56:LEU:CD2	0.46	2.94	3	2
1:A:4:LYS:CG	1:A:52:ASP:CG	0.46	2.89	4	2
1:A:27:ALA:O	1:A:31:GLU:N	0.46	2.49	4	1
1:A:63:MET:CE	1:A:66:GLU:CD	0.46	2.89	4	1
1:A:23:MET:HB3	1:A:36:ILE:CD1	0.46	2.39	11	1
1:A:43:LEU:O	1:A:47:LYS:CG	0.46	2.57	12	1
1:A:20:VAL:O	1:A:24:ARG:CD	0.46	2.62	17	1
1:A:20:VAL:O	1:A:24:ARG:N	0.45	2.49	1	4
1:A:8:LEU:CD2	1:A:16:THR:O	0.45	2.64	2	1
1:A:20:VAL:CG2	1:A:36:ILE:C	0.45	2.88	2	1
1:A:18:LEU:O	1:A:22:LYS:N	0.45	2.48	3	1
1:A:39:PHE:HB3	1:A:43:LEU:CB	0.45	2.40	5	1
1:A:41:GLU:CD	1:A:63:MET:CG	0.45	2.89	6	1
1:A:83:LEU:C	1:A:83:LEU:HD13	0.45	2.36	7	1
1:A:20:VAL:O	1:A:24:ARG:CG	0.45	2.64	11	2
1:A:22:LYS:O	1:A:26:GLN:NE2	0.45	2.49	15	3
1:A:16:THR:OG1	1:A:17:SER:N	0.45	2.48	15	1
1:A:82:LEU:O	1:A:83:LEU:C	0.45	2.59	17	1
1:A:16:THR:OG1	1:A:84:TYR:CE1	0.45	2.66	11	2
1:A:56:LEU:O	1:A:57:GLY:C	0.45	2.59	3	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:56:LEU:O	1:A:79:ILE:HG13	0.45	2.12	6	1
1:A:88:ASP:O	1:A:90:LEU:N	0.45	2.49	9	1
1:A:11:SER:O	1:A:59:GLN:NE2	0.45	2.49	11	2
1:A:24:ARG:NH2	1:A:37:GLU:OE2	0.45	2.49	15	2
1:A:94:LYS:HA	1:A:94:LYS:CE	0.45	2.41	12	1
1:A:8:LEU:HD23	1:A:16:THR:HG22	0.45	1.84	15	1
1:A:86:LYS:N	1:A:86:LYS:CD	0.45	2.79	16	1
1:A:16:THR:HB	1:A:84:TYR:CZ	0.45	2.46	1	1
1:A:35:ILE:HG21	1:A:37:GLU:OE2	0.45	2.10	3	1
1:A:49:GLN:N	1:A:71:LEU:CD2	0.45	2.79	3	1
1:A:24:ARG:O	1:A:28:GLU:N	0.45	2.49	10	4
1:A:23:MET:HA	1:A:26:GLN:CD	0.45	2.34	9	1
1:A:8:LEU:HD21	1:A:55:LEU:HD12	0.45	1.86	10	1
1:A:8:LEU:CD2	1:A:55:LEU:HD12	0.45	2.41	10	1
1:A:61:ALA:HB1	1:A:78:VAL:HG11	0.45	1.88	13	1
1:A:22:LYS:HA	1:A:25:ALA:HB2	0.45	1.88	17	1
1:A:12:ALA:O	1:A:13:GLY:C	0.45	2.59	16	3
1:A:56:LEU:HD22	1:A:67:ILE:HG12	0.45	1.89	4	1
1:A:5:HIS:CD2	1:A:34:VAL:CG1	0.45	2.98	6	1
1:A:22:LYS:HE3	1:A:87:VAL:HG13	0.45	1.87	6	1
1:A:53:VAL:HG11	1:A:96:ALA:O	0.45	2.12	7	1
1:A:54:VAL:O	1:A:76:VAL:CA	0.45	2.65	8	1
1:A:15:SER:CB	1:A:85:GLY:HA2	0.45	2.42	11	2
1:A:11:SER:OG	1:A:57:GLY:CA	0.45	2.58	11	1
1:A:26:GLN:CD	1:A:89:GLY:C	0.45	2.84	11	1
1:A:35:ILE:HG22	1:A:37:GLU:HG3	0.45	1.88	12	1
1:A:12:ALA:O	1:A:14:MET:N	0.45	2.50	15	1
1:A:7:TYR:CD1	1:A:39:PHE:CE1	0.45	3.05	16	1
1:A:20:VAL:HG12	1:A:36:ILE:CG2	0.45	2.40	1	1
1:A:8:LEU:CD2	1:A:19:LEU:HG	0.45	2.42	7	1
1:A:23:MET:HE3	1:A:92:VAL:C	0.45	2.36	13	1
1:A:27:ALA:C	1:A:30:TYR:O	0.45	2.59	15	1
1:A:40:PRO:O	1:A:43:LEU:N	0.45	2.47	4	1
1:A:68:GLN:O	1:A:72:PRO:CD	0.45	2.65	4	1
1:A:57:GLY:O	1:A:60:ILE:C	0.45	2.59	14	1
1:A:57:GLY:CA	1:A:79:ILE:HD12	0.45	2.42	14	1
1:A:82:LEU:O	1:A:84:TYR:N	0.45	2.50	17	1
1:A:18:LEU:O	1:A:18:LEU:CD2	0.45	2.65	1	1
1:A:77:GLU:OE1	1:A:99:ALA:CB	0.45	2.61	6	1
1:A:10:SER:CB	1:A:57:GLY:CA	0.45	2.94	8	1
1:A:47:LYS:O	1:A:50:ASN:N	0.45	2.49	14	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:39:PHE:HB3	1:A:40:PRO:CD	0.45	2.41	9	1
1:A:24:ARG:NH2	1:A:37:GLU:CD	0.45	2.75	15	1
1:A:71:LEU:HD11	1:A:74:LYS:HG3	0.45	1.88	15	1
1:A:11:SER:OG	1:A:12:ALA:N	0.45	2.49	1	1
1:A:26:GLN:OE1	1:A:89:GLY:O	0.45	2.35	2	1
1:A:89:GLY:HA2	1:A:92:VAL:HG22	0.45	1.88	4	1
1:A:8:LEU:CD2	1:A:55:LEU:HB2	0.45	2.42	10	1
1:A:54:VAL:C	1:A:55:LEU:CD2	0.45	2.88	4	2
1:A:59:GLN:OE1	1:A:84:TYR:HE2	0.45	1.95	4	1
1:A:60:ILE:O	1:A:62:TYR:N	0.45	2.49	7	2
1:A:63:MET:C	1:A:65:PRO:HD2	0.45	2.37	15	3
1:A:20:VAL:HG13	1:A:36:ILE:O	0.45	2.11	9	1
1:A:64:LEU:HD13	1:A:65:PRO:HD3	0.45	1.87	11	1
1:A:48:GLY:HA3	1:A:71:LEU:HD11	0.45	1.89	3	1
1:A:11:SER:HB3	1:A:59:GLN:OE1	0.45	2.12	4	1
1:A:18:LEU:O	1:A:22:LYS:HB3	0.45	2.11	6	1
1:A:80:ASP:N	1:A:80:ASP:OD1	0.45	2.50	7	1
1:A:97:VAL:C	1:A:100:ILE:HG23	0.45	2.37	7	1
1:A:89:GLY:O	1:A:90:LEU:CB	0.45	2.61	9	1
1:A:64:LEU:HD23	1:A:76:VAL:CG2	0.45	2.34	11	1
1:A:19:LEU:HD23	1:A:84:TYR:HD1	0.45	1.72	13	1
1:A:78:VAL:CG1	1:A:79:ILE:O	0.44	2.62	3	1
1:A:56:LEU:O	1:A:78:VAL:CA	0.44	2.59	14	3
1:A:91:GLY:O	1:A:95:ALA:N	0.44	2.50	4	1
1:A:60:ILE:O	1:A:61:ALA:C	0.44	2.60	7	2
1:A:11:SER:O	1:A:12:ALA:HB3	0.44	2.12	11	1
1:A:88:ASP:OD2	1:A:91:GLY:HA3	0.44	2.12	11	1
1:A:56:LEU:HD12	1:A:64:LEU:HB2	0.44	1.89	2	1
1:A:7:TYR:CE1	1:A:37:GLU:CD	0.44	2.95	3	1
1:A:56:LEU:HD11	1:A:60:ILE:HD11	0.44	1.86	4	1
1:A:54:VAL:O	1:A:76:VAL:CG2	0.44	2.63	8	1
1:A:15:SER:OG	1:A:84:TYR:CG	0.44	2.67	11	1
1:A:41:GLU:CB	1:A:56:LEU:HD21	0.44	2.43	11	1
1:A:83:LEU:CD1	1:A:88:ASP:OD2	0.44	2.63	11	1
1:A:41:GLU:HA	1:A:44:ALA:HB2	0.44	1.89	12	1
1:A:60:ILE:HD11	1:A:62:TYR:OH	0.44	2.12	15	1
1:A:37:GLU:OE1	1:A:39:PHE:HZ	0.44	1.96	3	1
1:A:8:LEU:HA	1:A:55:LEU:HB2	0.44	1.88	14	3
1:A:26:GLN:O	1:A:30:TYR:N	0.44	2.50	5	2
1:A:18:LEU:HA	1:A:21:SER:OG	0.44	2.12	14	2
1:A:24:ARG:NE	1:A:36:ILE:O	0.44	2.50	11	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:39:PHE:CD2	1:A:43:LEU:HD22	0.44	2.48	11	1
1:A:20:VAL:HG22	1:A:21:SER:H	0.44	1.72	12	1
1:A:22:LYS:CD	1:A:89:GLY:N	0.44	2.77	12	1
1:A:44:ALA:O	1:A:71:LEU:CD2	0.44	2.59	15	1
1:A:15:SER:O	1:A:16:THR:CG2	0.44	2.60	4	1
1:A:39:PHE:CD2	1:A:47:LYS:HG3	0.44	2.48	5	1
1:A:57:GLY:O	1:A:78:VAL:CG2	0.44	2.66	6	2
1:A:82:LEU:HD12	1:A:83:LEU:N	0.44	2.27	16	2
1:A:4:LYS:O	1:A:4:LYS:HD2	0.44	2.11	10	1
1:A:91:GLY:O	1:A:95:ALA:HB2	0.44	2.12	3	3
1:A:30:TYR:CE2	1:A:93:LEU:CD2	0.44	2.94	2	1
1:A:70:LEU:O	1:A:70:LEU:CD2	0.44	2.61	5	1
1:A:66:GLU:O	1:A:70:LEU:HB3	0.44	2.13	6	1
1:A:16:THR:HG23	1:A:84:TYR:HE1	0.44	1.73	17	2
1:A:4:LYS:HG2	1:A:52:ASP:HB2	0.44	1.89	10	1
1:A:79:ILE:HD12	1:A:84:TYR:CD1	0.44	2.48	12	2
1:A:8:LEU:HD23	1:A:38:ALA:CA	0.44	2.43	5	1
1:A:8:LEU:HD12	1:A:79:ILE:HD11	0.44	1.89	5	1
1:A:23:MET:C	1:A:36:ILE:HD12	0.44	2.37	11	1
1:A:23:MET:HA	1:A:26:GLN:CG	0.44	2.42	12	1
1:A:61:ALA:O	1:A:64:LEU:CB	0.44	2.61	10	2
1:A:68:GLN:O	1:A:72:PRO:CG	0.44	2.66	4	1
1:A:90:LEU:C	1:A:90:LEU:CD2	0.44	2.91	6	2
1:A:51:ALA:HB2	1:A:54:VAL:CG2	0.44	2.43	7	1
1:A:26:GLN:O	1:A:30:TYR:HD2	0.44	1.96	8	1
1:A:41:GLU:O	1:A:44:ALA:HB3	0.44	2.11	12	1
1:A:60:ILE:HD13	1:A:62:TYR:CE1	0.44	2.48	14	1
1:A:9:PHE:CG	1:A:56:LEU:HD12	0.44	2.47	15	1
1:A:4:LYS:N	1:A:33:PRO:HB2	0.44	2.27	17	1
1:A:9:PHE:O	1:A:57:GLY:N	0.44	2.50	1	1
1:A:8:LEU:O	1:A:8:LEU:CD2	0.44	2.64	9	2
1:A:25:ALA:O	1:A:29:LYS:N	0.44	2.51	15	3
1:A:82:LEU:HD23	1:A:86:LYS:NZ	0.44	2.28	15	1
1:A:4:LYS:O	1:A:35:ILE:N	0.43	2.51	8	3
1:A:89:GLY:O	1:A:93:LEU:N	0.43	2.51	3	1
1:A:48:GLY:O	1:A:74:LYS:HG2	0.43	2.13	7	1
1:A:79:ILE:CG2	1:A:83:LEU:HD12	0.43	2.43	7	1
1:A:30:TYR:O	1:A:31:GLU:HG3	0.43	2.12	9	1
1:A:29:LYS:O	1:A:30:TYR:CD1	0.43	2.71	1	1
1:A:56:LEU:O	1:A:56:LEU:HG	0.43	2.13	4	1
1:A:89:GLY:O	1:A:92:VAL:HB	0.43	2.13	8	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:57:GLY:HA2	1:A:79:ILE:CG1	0.43	2.43	14	1
1:A:9:PHE:O	1:A:10:SER:C	0.43	2.60	15	1
1:A:52:ASP:CG	1:A:53:VAL:HG12	0.43	2.39	15	1
1:A:46:GLU:O	1:A:49:GLN:CG	0.43	2.65	17	1
1:A:64:LEU:HG	1:A:65:PRO:HD3	0.43	1.90	2	1
1:A:32:VAL:HG11	1:A:93:LEU:HG	0.43	1.89	4	1
1:A:9:PHE:CA	1:A:39:PHE:O	0.43	2.65	5	2
1:A:34:VAL:O	1:A:36:ILE:CD1	0.43	2.64	5	1
1:A:7:TYR:HB2	1:A:9:PHE:CZ	0.43	2.48	6	1
1:A:4:LYS:HB3	1:A:34:VAL:HG22	0.43	1.90	9	1
1:A:40:PRO:O	1:A:41:GLU:HG2	0.43	2.13	9	2
1:A:57:GLY:CA	1:A:60:ILE:HG13	0.43	2.42	9	1
1:A:7:TYR:HB2	1:A:54:VAL:HG22	0.43	1.90	10	1
1:A:47:LYS:O	1:A:51:ALA:HB2	0.43	2.14	10	1
1:A:4:LYS:HD3	1:A:52:ASP:CG	0.43	2.36	12	2
1:A:18:LEU:HB2	1:A:87:VAL:HG21	0.43	1.90	17	1
1:A:25:ALA:O	1:A:26:GLN:C	0.43	2.61	1	3
1:A:29:LYS:HE3	1:A:30:TYR:CZ	0.43	2.49	1	1
1:A:51:ALA:CB	1:A:54:VAL:HG22	0.43	2.43	2	1
1:A:74:LYS:O	1:A:76:VAL:N	0.43	2.51	3	1
1:A:77:GLU:C	1:A:78:VAL:O	0.43	2.62	4	1
1:A:4:LYS:CA	1:A:34:VAL:HB	0.43	2.44	6	1
1:A:9:PHE:C	1:A:56:LEU:HD13	0.43	2.36	6	1
1:A:72:PRO:O	1:A:74:LYS:N	0.43	2.52	6	1
1:A:8:LEU:HB3	1:A:16:THR:CG2	0.43	2.43	8	1
1:A:94:LYS:HA	1:A:97:VAL:CG2	0.43	2.44	9	2
1:A:63:MET:O	1:A:67:ILE:N	0.43	2.48	10	1
1:A:10:SER:C	1:A:60:ILE:HG21	0.43	2.39	12	1
1:A:64:LEU:HB2	1:A:65:PRO:HD3	0.43	1.90	12	1
1:A:31:GLU:O	1:A:32:VAL:C	0.43	2.61	15	1
1:A:9:PHE:O	1:A:56:LEU:CA	0.43	2.59	6	1
1:A:19:LEU:CD1	1:A:19:LEU:C	0.43	2.86	6	1
1:A:15:SER:OG	1:A:85:GLY:N	0.43	2.51	11	1
1:A:19:LEU:CB	1:A:87:VAL:CG1	0.43	2.90	11	1
1:A:37:GLU:C	1:A:39:PHE:CE1	0.43	2.96	11	1
1:A:6:ILE:CG2	1:A:6:ILE:O	0.43	2.65	15	1
1:A:40:PRO:C	1:A:41:GLU:OE2	0.43	2.61	15	2
1:A:8:LEU:HD12	1:A:55:LEU:HB2	0.43	1.89	17	1
1:A:18:LEU:HD23	1:A:87:VAL:HG21	0.43	1.91	17	1
1:A:23:MET:O	1:A:26:GLN:CB	0.43	2.65	6	3
1:A:57:GLY:HA3	1:A:60:ILE:CG1	0.43	2.43	9	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:10:SER:HA	1:A:60:ILE:CG2	0.43	2.42	13	1
1:A:16:THR:N	1:A:84:TYR:CE1	0.43	2.87	13	1
1:A:17:SER:O	1:A:21:SER:N	0.43	2.52	15	1
1:A:23:MET:HE3	1:A:93:LEU:HB2	0.43	1.89	17	1
1:A:8:LEU:HD23	1:A:19:LEU:HG	0.43	1.91	7	1
1:A:8:LEU:HB3	1:A:16:THR:HG22	0.43	1.90	8	1
1:A:26:GLN:NE2	1:A:90:LEU:HG	0.43	2.29	13	1
1:A:22:LYS:HG2	1:A:26:GLN:NE2	0.43	2.29	14	1
1:A:8:LEU:HD21	1:A:16:THR:CB	0.43	2.44	15	1
1:A:74:LYS:HD2	1:A:74:LYS:N	0.43	2.29	7	1
1:A:60:ILE:HD12	1:A:62:TYR:CZ	0.43	2.49	11	1
1:A:56:LEU:O	1:A:78:VAL:CG2	0.43	2.64	14	1
1:A:64:LEU:HD13	1:A:65:PRO:N	0.43	2.27	14	1
1:A:16:THR:CA	1:A:19:LEU:HD12	0.43	2.43	16	1
1:A:60:ILE:CG1	1:A:62:TYR:CE1	0.43	3.02	3	1
1:A:60:ILE:HD13	1:A:60:ILE:C	0.43	2.37	4	1
1:A:63:MET:CE	1:A:66:GLU:HG2	0.43	2.44	5	1
1:A:88:ASP:O	1:A:92:VAL:N	0.43	2.52	6	2
1:A:4:LYS:HG3	1:A:52:ASP:OD2	0.43	2.14	10	1
1:A:40:PRO:HD2	1:A:42:THR:CG2	0.43	2.40	12	1
1:A:23:MET:CG	1:A:89:GLY:CA	0.43	2.97	1	1
1:A:57:GLY:C	1:A:60:ILE:HG23	0.43	2.38	4	1
1:A:57:GLY:HA2	1:A:79:ILE:HD12	0.43	1.91	4	1
1:A:6:ILE:O	1:A:6:ILE:CG2	0.43	2.66	5	1
1:A:6:ILE:N	1:A:35:ILE:O	0.43	2.52	5	1
1:A:97:VAL:HA	1:A:100:ILE:HG23	0.43	1.90	7	1
1:A:20:VAL:CG1	1:A:36:ILE:C	0.43	2.91	8	1
1:A:57:GLY:HA3	1:A:60:ILE:HG13	0.43	1.90	9	1
1:A:94:LYS:O	1:A:97:VAL:N	0.43	2.52	10	1
1:A:24:ARG:CD	1:A:36:ILE:O	0.43	2.67	11	1
1:A:15:SER:HB2	1:A:84:TYR:CG	0.43	2.48	15	1
1:A:22:LYS:O	1:A:26:GLN:CG	0.43	2.66	17	1
1:A:8:LEU:CB	1:A:38:ALA:HA	0.42	2.44	2	1
1:A:66:GLU:O	1:A:70:LEU:HD12	0.42	2.14	2	1
1:A:60:ILE:HA	1:A:62:TYR:CD1	0.42	2.49	3	1
1:A:21:SER:OG	1:A:24:ARG:NH1	0.42	2.51	5	1
1:A:97:VAL:HA	1:A:100:ILE:CG2	0.42	2.44	7	1
1:A:4:LYS:N	1:A:34:VAL:HA	0.42	2.29	8	1
1:A:6:ILE:HD11	1:A:96:ALA:CB	0.42	2.44	8	1
1:A:11:SER:O	1:A:59:GLN:CD	0.42	2.62	10	1
1:A:20:VAL:HG21	1:A:38:ALA:N	0.42	2.28	10	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:71:LEU:C	1:A:71:LEU:CD1	0.42	2.92	11	1
1:A:93:LEU:O	1:A:97:VAL:CG2	0.42	2.66	14	1
1:A:76:VAL:O	1:A:77:GLU:CG	0.42	2.67	17	1
1:A:22:LYS:HE3	1:A:87:VAL:HG12	0.42	1.91	3	1
1:A:68:GLN:O	1:A:72:PRO:HG3	0.42	2.14	4	1
1:A:99:ALA:O	1:A:100:ILE:C	0.42	2.62	6	1
1:A:84:TYR:O	1:A:87:VAL:N	0.42	2.50	7	2
1:A:44:ALA:O	1:A:48:GLY:N	0.42	2.51	13	1
1:A:54:VAL:CG2	1:A:76:VAL:HA	0.42	2.43	16	1
1:A:26:GLN:HG3	1:A:90:LEU:CA	0.42	2.44	5	1
1:A:31:GLU:O	1:A:31:GLU:HG2	0.42	2.15	14	2
1:A:26:GLN:N	1:A:26:GLN:HE21	0.42	2.12	7	1
1:A:34:VAL:HG12	1:A:35:ILE:CG1	0.42	2.45	10	1
1:A:19:LEU:HD21	1:A:79:ILE:HD13	0.42	1.91	11	1
1:A:63:MET:O	1:A:66:GLU:N	0.42	2.50	15	3
1:A:64:LEU:CB	1:A:65:PRO:HD3	0.42	2.45	12	4
1:A:15:SER:C	1:A:84:TYR:CE1	0.42	2.97	4	1
1:A:23:MET:SD	1:A:93:LEU:CB	0.42	3.08	4	1
1:A:56:LEU:HD21	1:A:63:MET:HB2	0.42	1.92	5	1
1:A:15:SER:C	1:A:87:VAL:HG22	0.42	2.37	10	1
1:A:44:ALA:O	1:A:45:GLY:C	0.42	2.62	17	3
1:A:23:MET:O	1:A:26:GLN:HG3	0.42	2.13	12	1
1:A:26:GLN:O	1:A:29:LYS:N	0.42	2.52	13	1
1:A:8:LEU:HD22	1:A:38:ALA:HB1	0.42	1.90	15	1
1:A:58:PRO:HG3	1:A:80:ASP:C	0.42	2.40	15	1
1:A:71:LEU:HD11	1:A:74:LYS:HB2	0.42	1.91	15	1
1:A:7:TYR:CG	1:A:51:ALA:HB2	0.42	2.49	17	1
1:A:82:LEU:O	1:A:86:LYS:CE	0.42	2.67	2	1
1:A:8:LEU:CD2	1:A:38:ALA:CB	0.42	2.86	5	1
1:A:94:LYS:CG	1:A:95:ALA:N	0.42	2.81	7	1
1:A:7:TYR:CD2	1:A:39:PHE:CZ	0.42	3.08	9	1
1:A:6:ILE:HB	1:A:36:ILE:CG1	0.42	2.44	10	1
1:A:62:TYR:C	1:A:65:PRO:HD2	0.42	2.40	10	1
1:A:9:PHE:CG	1:A:44:ALA:HB2	0.42	2.49	1	1
1:A:35:ILE:CG2	1:A:37:GLU:OE2	0.42	2.67	4	2
1:A:58:PRO:CA	1:A:78:VAL:HG13	0.42	2.42	3	1
1:A:41:GLU:O	1:A:44:ALA:N	0.42	2.48	11	2
1:A:28:GLU:C	1:A:30:TYR:N	0.42	2.76	7	1
1:A:4:LYS:O	1:A:33:PRO:O	0.42	2.38	17	2
1:A:55:LEU:CD1	1:A:92:VAL:CG1	0.42	2.97	13	1
1:A:61:ALA:CB	1:A:78:VAL:HG11	0.42	2.45	13	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:58:PRO:CG	1:A:81:SER:HB2	0.42	2.44	14	1
1:A:9:PHE:O	1:A:10:SER:O	0.42	2.38	2	1
1:A:18:LEU:CG	1:A:87:VAL:HG11	0.42	2.38	5	1
1:A:9:PHE:O	1:A:56:LEU:CD1	0.42	2.58	6	1
1:A:6:ILE:CD1	1:A:34:VAL:HG21	0.42	2.44	8	1
1:A:55:LEU:CD1	1:A:77:GLU:O	0.42	2.68	9	1
1:A:88:ASP:O	1:A:92:VAL:CB	0.42	2.67	12	1
1:A:23:MET:CG	1:A:89:GLY:O	0.42	2.63	14	1
1:A:67:ILE:O	1:A:71:LEU:CB	0.42	2.59	6	1
1:A:10:SER:OG	1:A:57:GLY:HA2	0.42	2.13	7	1
1:A:4:LYS:O	1:A:34:VAL:C	0.42	2.62	8	1
1:A:8:LEU:O	1:A:9:PHE:HD1	0.42	1.93	13	1
1:A:41:GLU:O	1:A:41:GLU:HG2	0.42	2.14	14	1
1:A:53:VAL:CG2	1:A:75:PRO:O	0.42	2.64	14	1
1:A:26:GLN:HB3	1:A:93:LEU:CD2	0.42	2.45	15	1
1:A:39:PHE:HB3	1:A:43:LEU:HD21	0.42	1.91	15	1
1:A:56:LEU:HB3	1:A:63:MET:SD	0.42	2.55	15	1
1:A:23:MET:CE	1:A:93:LEU:CB	0.42	2.98	17	1
1:A:16:THR:O	1:A:20:VAL:HG22	0.42	2.14	17	2
1:A:74:LYS:O	1:A:76:VAL:CG2	0.42	2.65	3	1
1:A:7:TYR:CD1	1:A:39:PHE:CE2	0.42	3.07	7	1
1:A:29:LYS:HE3	1:A:30:TYR:CE2	0.42	2.49	8	1
1:A:73:ASN:ND2	1:A:74:LYS:N	0.42	2.67	8	1
1:A:56:LEU:HD11	1:A:60:ILE:HG12	0.42	1.91	12	1
1:A:13:GLY:O	1:A:14:MET:CG	0.42	2.66	13	1
1:A:8:LEU:N	1:A:37:GLU:O	0.42	2.53	17	1
1:A:11:SER:HB2	1:A:60:ILE:CG2	0.42	2.44	2	1
1:A:24:ARG:O	1:A:28:GLU:HB3	0.42	2.15	3	1
1:A:58:PRO:CG	1:A:81:SER:HA	0.42	2.45	3	1
1:A:72:PRO:O	1:A:73:ASN:C	0.42	2.63	6	1
1:A:37:GLU:OE1	1:A:37:GLU:CA	0.42	2.68	8	1
1:A:48:GLY:O	1:A:51:ALA:CB	0.42	2.67	10	2
1:A:13:GLY:C	1:A:14:MET:SD	0.42	3.02	13	1
1:A:17:SER:O	1:A:20:VAL:HB	0.41	2.15	2	1
1:A:26:GLN:O	1:A:30:TYR:CG	0.41	2.73	2	1
1:A:7:TYR:CZ	1:A:47:LYS:CD	0.41	3.02	5	1
1:A:26:GLN:N	1:A:29:LYS:HE2	0.41	2.30	6	1
1:A:16:THR:HG1	1:A:84:TYR:HH	0.41	1.53	11	1
1:A:52:ASP:OD1	1:A:100:ILE:HG12	0.41	2.14	15	1
1:A:41:GLU:HB2	1:A:56:LEU:HD11	0.41	1.92	16	1
1:A:71:LEU:N	1:A:71:LEU:HD12	0.41	2.30	17	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:31:GLU:O	1:A:33:PRO:CD	0.41	2.66	3	2
1:A:26:GLN:HG2	1:A:93:LEU:HD22	0.41	1.92	4	1
1:A:56:LEU:CD1	1:A:60:ILE:HD12	0.41	2.45	4	1
1:A:9:PHE:CE2	1:A:54:VAL:CG1	0.41	3.03	7	1
1:A:15:SER:OG	1:A:84:TYR:C	0.41	2.62	11	1
1:A:22:LYS:O	1:A:25:ALA:N	0.41	2.52	1	1
1:A:8:LEU:CB	1:A:38:ALA:HB2	0.41	2.45	3	1
1:A:10:SER:CB	1:A:57:GLY:HA3	0.41	2.46	8	1
1:A:68:GLN:O	1:A:72:PRO:N	0.41	2.54	8	1
1:A:48:GLY:O	1:A:74:LYS:HD2	0.41	2.15	15	1
1:A:57:GLY:H	1:A:60:ILE:HG22	0.41	1.74	17	1
1:A:82:LEU:C	1:A:84:TYR:N	0.41	2.77	17	1
1:A:56:LEU:HD12	1:A:57:GLY:O	0.41	2.15	1	1
1:A:20:VAL:HG12	1:A:21:SER:H	0.41	1.74	2	1
1:A:41:GLU:HG3	1:A:63:MET:CE	0.41	2.45	2	1
1:A:8:LEU:CD2	1:A:20:VAL:CG2	0.41	2.82	5	1
1:A:94:LYS:O	1:A:98:ALA:N	0.41	2.53	7	1
1:A:19:LEU:O	1:A:19:LEU:HD12	0.41	2.16	11	1
1:A:54:VAL:HG12	1:A:56:LEU:CD2	0.41	2.44	2	1
1:A:54:VAL:HG13	1:A:56:LEU:CD2	0.41	2.45	3	1
1:A:57:GLY:N	1:A:60:ILE:CG2	0.41	2.83	3	2
1:A:55:LEU:CD1	1:A:78:VAL:O	0.41	2.69	8	1
1:A:73:ASN:ND2	1:A:74:LYS:H	0.41	2.13	8	1
1:A:58:PRO:CB	1:A:79:ILE:O	0.41	2.67	15	1
1:A:7:TYR:HB2	1:A:51:ALA:HB2	0.41	1.91	17	1
1:A:26:GLN:OE1	1:A:90:LEU:N	0.41	2.53	17	1
1:A:56:LEU:O	1:A:57:GLY:O	0.41	2.38	4	2
1:A:13:GLY:O	1:A:14:MET:O	0.41	2.38	5	1
1:A:23:MET:CE	1:A:93:LEU:HA	0.41	2.45	8	1
1:A:9:PHE:CE2	1:A:54:VAL:CG2	0.41	3.03	10	1
1:A:83:LEU:HD23	1:A:83:LEU:H	0.41	1.75	11	1
1:A:18:LEU:HB2	1:A:87:VAL:CG2	0.41	2.45	17	1
1:A:62:TYR:CE2	1:A:63:MET:CG	0.41	3.03	5	1
1:A:87:VAL:O	1:A:87:VAL:HG13	0.41	2.16	6	1
1:A:5:HIS:CB	1:A:7:TYR:CZ	0.41	3.03	7	1
1:A:11:SER:OG	1:A:84:TYR:OH	0.41	2.39	8	1
1:A:26:GLN:CD	1:A:90:LEU:N	0.41	2.79	8	1
1:A:19:LEU:HB2	1:A:87:VAL:CG1	0.41	2.43	11	1
1:A:16:THR:C	1:A:18:LEU:N	0.41	2.79	16	1
1:A:23:MET:HB3	1:A:36:ILE:HG13	0.41	1.93	17	1
1:A:19:LEU:HD12	1:A:23:MET:HG3	0.41	1.92	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:26:GLN:NE2	1:A:89:GLY:O	0.41	2.53	1	1
1:A:29:LYS:O	1:A:30:TYR:HD1	0.41	1.99	1	1
1:A:19:LEU:CD2	1:A:87:VAL:HA	0.41	2.45	2	1
1:A:41:GLU:OE2	1:A:63:MET:HE3	0.41	2.16	6	1
1:A:76:VAL:O	1:A:77:GLU:CD	0.41	2.64	9	1
1:A:7:TYR:CD2	1:A:47:LYS:CB	0.41	3.02	10	1
1:A:29:LYS:HG2	1:A:30:TYR:CZ	0.41	2.50	11	3
1:A:60:ILE:HA	1:A:62:TYR:CE2	0.41	2.51	11	1
1:A:62:TYR:CD1	1:A:63:MET:HG2	0.41	2.51	11	1
1:A:64:LEU:O	1:A:68:GLN:CG	0.41	2.64	14	1
1:A:83:LEU:O	1:A:87:VAL:N	0.41	2.54	14	1
1:A:66:GLU:O	1:A:69:ARG:HG3	0.41	2.16	16	1
1:A:40:PRO:C	1:A:42:THR:N	0.41	2.79	1	1
1:A:43:LEU:O	1:A:46:GLU:N	0.41	2.53	1	1
1:A:41:GLU:HG3	1:A:42:THR:N	0.41	2.30	5	1
1:A:52:ASP:O	1:A:53:VAL:CG2	0.41	2.67	5	1
1:A:41:GLU:HG2	1:A:63:MET:SD	0.41	2.56	7	1
1:A:41:GLU:HG2	1:A:63:MET:CE	0.41	2.44	8	1
1:A:24:ARG:O	1:A:27:ALA:N	0.41	2.53	10	1
1:A:9:PHE:CE1	1:A:44:ALA:CA	0.41	3.04	14	1
1:A:41:GLU:CD	1:A:60:ILE:CD1	0.41	2.94	14	1
1:A:55:LEU:CB	1:A:77:GLU:O	0.41	2.69	15	1
1:A:54:VAL:CG2	1:A:76:VAL:CG1	0.41	2.89	16	1
1:A:35:ILE:N	1:A:35:ILE:CD1	0.41	2.83	4	1
1:A:54:VAL:CA	1:A:55:LEU:HD22	0.41	2.45	7	1
1:A:26:GLN:C	1:A:29:LYS:HB3	0.41	2.41	8	1
1:A:58:PRO:CA	1:A:61:ALA:HB2	0.41	2.44	8	1
1:A:41:GLU:CD	1:A:63:MET:SD	0.41	3.04	9	1
1:A:26:GLN:HA	1:A:29:LYS:HB3	0.41	1.93	12	1
1:A:7:TYR:CE2	1:A:47:LYS:O	0.41	2.73	15	1
1:A:39:PHE:CZ	1:A:47:LYS:HE3	0.41	2.51	15	1
1:A:56:LEU:CB	1:A:63:MET:SD	0.41	3.09	15	1
1:A:10:SER:OG	1:A:12:ALA:N	0.41	2.53	17	1
1:A:51:ALA:O	1:A:74:LYS:CE	0.40	2.70	1	1
1:A:22:LYS:O	1:A:26:GLN:OE1	0.40	2.38	2	2
1:A:6:ILE:CG2	1:A:23:MET:CE	0.40	2.98	3	1
1:A:30:TYR:HB3	1:A:32:VAL:HG23	0.40	1.93	3	1
1:A:19:LEU:O	1:A:23:MET:N	0.40	2.49	4	1
1:A:88:ASP:O	1:A:89:GLY:C	0.40	2.64	6	1
1:A:73:ASN:O	1:A:74:LYS:C	0.40	2.64	8	1
1:A:56:LEU:O	1:A:78:VAL:HG22	0.40	2.16	11	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:56:LEU:CD1	1:A:76:VAL:CG2	0.40	2.93	2	1
1:A:26:GLN:O	1:A:93:LEU:CD2	0.40	2.69	4	1
1:A:63:MET:O	1:A:64:LEU:C	0.40	2.65	8	1
1:A:7:TYR:HD2	1:A:47:LYS:O	0.40	2.00	11	1
1:A:22:LYS:O	1:A:25:ALA:CA	0.40	2.69	11	1
1:A:23:MET:O	1:A:27:ALA:N	0.40	2.54	11	1
1:A:61:ALA:CA	1:A:78:VAL:CG2	0.40	2.99	11	1
1:A:68:GLN:NE2	1:A:72:PRO:O	0.40	2.54	14	1
1:A:97:VAL:HG23	1:A:98:ALA:N	0.40	2.31	15	1
1:A:8:LEU:HB2	1:A:55:LEU:HB2	0.40	1.93	16	1
1:A:53:VAL:CG2	1:A:100:ILE:HG12	0.40	2.47	16	1
1:A:36:ILE:H	1:A:36:ILE:HD12	0.40	1.75	3	1
1:A:67:ILE:O	1:A:70:LEU:N	0.40	2.54	4	1
1:A:6:ILE:CG2	1:A:36:ILE:HD12	0.40	2.46	5	1
1:A:28:GLU:OE1	1:A:28:GLU:HA	0.40	2.15	5	1
1:A:5:HIS:CB	1:A:7:TYR:CE1	0.40	3.04	17	1
1:A:8:LEU:HD11	1:A:79:ILE:CD1	0.40	2.46	17	1
1:A:25:ALA:C	1:A:29:LYS:HZ3	0.40	2.25	17	1
1:A:11:SER:HA	1:A:60:ILE:HB	0.40	1.93	5	1
1:A:66:GLU:OE2	1:A:70:LEU:CD1	0.40	2.68	5	1
1:A:11:SER:HB3	1:A:84:TYR:CZ	0.40	2.51	11	1
1:A:45:GLY:HA3	1:A:70:LEU:CD2	0.40	2.47	15	1
1:A:41:GLU:CD	1:A:41:GLU:N	0.40	2.79	17	1
1:A:47:LYS:N	1:A:47:LYS:CD	0.40	2.84	17	1
1:A:54:VAL:O	1:A:77:GLU:N	0.40	2.50	17	1
1:A:5:HIS:ND1	1:A:50:ASN:O	0.40	2.54	6	1
1:A:26:GLN:NE2	1:A:26:GLN:H	0.40	2.14	7	1
1:A:16:THR:OG1	1:A:84:TYR:OH	0.40	2.39	13	1
1:A:77:GLU:HG2	1:A:99:ALA:HB2	0.40	1.94	13	1
1:A:92:VAL:O	1:A:96:ALA:HB2	0.40	2.17	13	1

6.3 Torsion angles [i](#)

6.3.1 Protein backbone [i](#)

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

Mol	Chain	Analysed	Favoured	Allowed	Outliers	Percentiles	
1	A	98/106 (92%)	65±5 (67±5%)	20±5 (20±5%)	13±4 (13±4%)	0	6
All	All	1666/1802 (92%)	1109 (67%)	340 (20%)	217 (13%)	0	6

All 55 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	41	GLU	17
1	A	84	TYR	15
1	A	42	THR	11
1	A	31	GLU	10
1	A	13	GLY	9
1	A	26	GLN	8
1	A	11	SER	8
1	A	12	ALA	8
1	A	61	ALA	7
1	A	14	MET	7
1	A	57	GLY	7
1	A	33	PRO	6
1	A	34	VAL	6
1	A	89	GLY	6
1	A	10	SER	5
1	A	87	VAL	5
1	A	15	SER	5
1	A	40	PRO	5
1	A	16	THR	4
1	A	48	GLY	4
1	A	75	PRO	4
1	A	72	PRO	4
1	A	73	ASN	4
1	A	100	ILE	4
1	A	25	ALA	3
1	A	90	LEU	3
1	A	78	VAL	3
1	A	32	VAL	3
1	A	70	LEU	2
1	A	20	VAL	2
1	A	24	ARG	2
1	A	67	ILE	2
1	A	60	ILE	2
1	A	93	LEU	2
1	A	17	SER	2
1	A	88	ASP	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	51	ALA	2
1	A	23	MET	1
1	A	53	VAL	1
1	A	77	GLU	1
1	A	35	ILE	1
1	A	44	ALA	1
1	A	27	ALA	1
1	A	91	GLY	1
1	A	97	VAL	1
1	A	58	PRO	1
1	A	79	ILE	1
1	A	94	LYS	1
1	A	49	GLN	1
1	A	50	ASN	1
1	A	101	LYS	1
1	A	45	GLY	1
1	A	69	ARG	1
1	A	4	LYS	1
1	A	29	LYS	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	80/85 (94%)	46±4 (57±5%)	34±4 (43±5%)	0	4
All	All	1360/1445 (94%)	777 (57%)	583 (43%)	0	4

All 74 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	26	GLN	16
1	A	82	LEU	16
1	A	100	ILE	16
1	A	19	LEU	15
1	A	42	THR	15
1	A	60	ILE	15

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	14	MET	14
1	A	18	LEU	13
1	A	43	LEU	13
1	A	71	LEU	13
1	A	35	ILE	13
1	A	64	LEU	12
1	A	8	LEU	11
1	A	16	THR	11
1	A	23	MET	11
1	A	56	LEU	11
1	A	77	GLU	11
1	A	20	VAL	11
1	A	68	GLN	11
1	A	36	ILE	10
1	A	69	ARG	10
1	A	70	LEU	10
1	A	21	SER	10
1	A	87	VAL	10
1	A	4	LYS	9
1	A	11	SER	9
1	A	66	GLU	9
1	A	79	ILE	9
1	A	80	ASP	9
1	A	90	LEU	9
1	A	93	LEU	9
1	A	86	LYS	9
1	A	34	VAL	9
1	A	67	ILE	9
1	A	101	LYS	9
1	A	47	LYS	8
1	A	62	TYR	8
1	A	17	SER	8
1	A	22	LYS	8
1	A	63	MET	8
1	A	94	LYS	8
1	A	74	LYS	8
1	A	54	VAL	7
1	A	10	SER	7
1	A	55	LEU	7
1	A	83	LEU	7
1	A	31	GLU	6
1	A	46	GLU	6

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	24	ARG	6
1	A	28	GLU	6
1	A	15	SER	5
1	A	52	ASP	5
1	A	53	VAL	5
1	A	59	GLN	5
1	A	49	GLN	5
1	A	50	ASN	5
1	A	73	ASN	5
1	A	76	VAL	4
1	A	78	VAL	4
1	A	29	LYS	4
1	A	88	ASP	4
1	A	97	VAL	4
1	A	41	GLU	4
1	A	92	VAL	3
1	A	58	PRO	2
1	A	6	ILE	2
1	A	37	GLU	2
1	A	39	PHE	2
1	A	72	PRO	2
1	A	33	PRO	2
1	A	65	PRO	1
1	A	81	SER	1
1	A	75	PRO	1
1	A	5	HIS	1

6.3.3 RNA ⓘ

There are no RNA molecules in this entry.

6.4 Non-standard residues in protein, DNA, RNA chains ⓘ

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

6.5 Carbohydrates ⓘ

There are no oligosaccharides in this entry.

6.6 Ligand geometry

There are no ligands in this entry.

6.7 Other polymers

There are no such molecules in this entry.

6.8 Polymer linkage issues

There are no chain breaks in this entry.

7 Chemical shift validation

No chemical shift data were provided