



Full wwPDB NMR Structure Validation Report ⓘ

Mar 5, 2026 – 08:00 PM UTC

PDB ID : 1FHT / pdb_00001fht
Title : RNA-BINDING DOMAIN OF THE U1A SPLICEOSOMAL PROTEIN
U1A117, NMR, 43 STRUCTURES
Authors : Allain, F.H.-T.; Gubser, C.C.; Howe, P.W.A.; Nagai, K.; Neuhaus, D.; Varani, G.
Deposited on : 1996-02-21

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

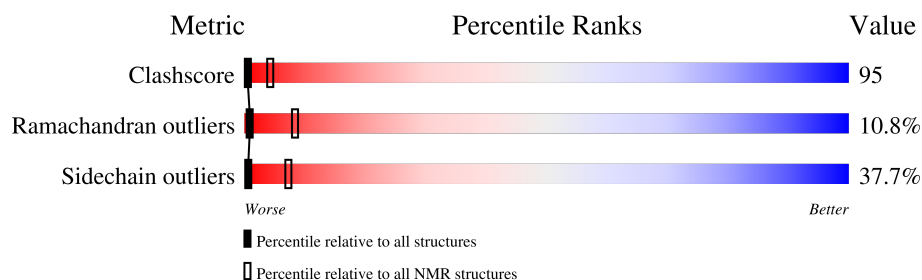
1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:

SOLUTION NMR

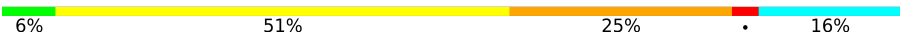
The overall completeness of chemical shifts assignment was not calculated.

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	116	

2 Ensemble composition and analysis

This entry contains 43 models. Model 12 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:6-A:94 (89)	0.75	12
2	A:105-A:113 (9)	2.14	19

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

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

The models can be grouped into 9 clusters and 3 single-model clusters were found.

Cluster number	Models
1	8, 9, 13, 15, 25, 27, 32, 34, 35, 36, 37, 38
2	4, 21, 23, 29, 41
3	17, 22, 33, 39, 40
4	5, 6, 14, 20, 26
5	2, 11, 28, 31
6	1, 19, 30
7	12, 24
8	3, 43
9	7, 42
Single-model clusters	10; 16; 18

3 Entry composition [i](#)

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 953 atoms, of which 0 are hydrogens and 0 are deuteriums.

- Molecule 1 is a protein called U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A.

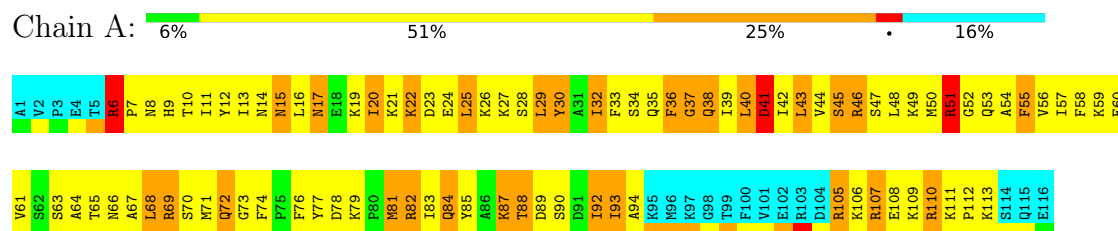
Mol	Chain	Residues	Atoms					Trace
1	A	116	Total	C	N	O	S	0
			953	606	171	172	4	

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: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A

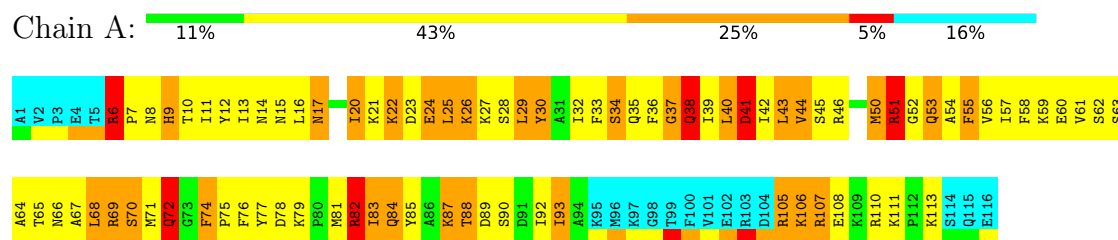


4.2 Scores per residue for each member of the ensemble

Colouring as in section 4.1 above.

4.2.1 Score per residue for model 1

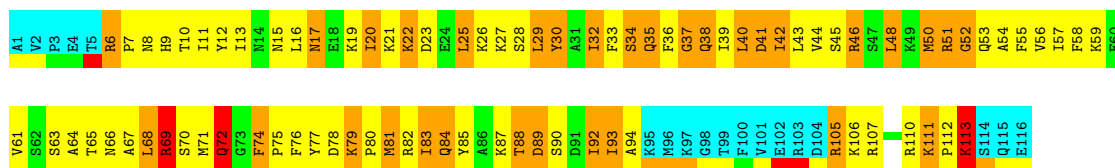
- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A



4.2.2 Score per residue for model 2

- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A

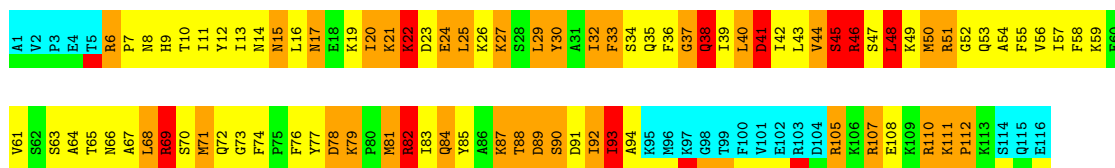




4.2.3 Score per residue for model 3

- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A

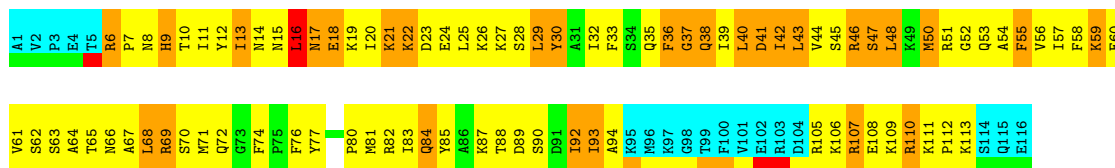
Chain A: 9% 39% 28% 8% 16%



4.2.4 Score per residue for model 4

- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A

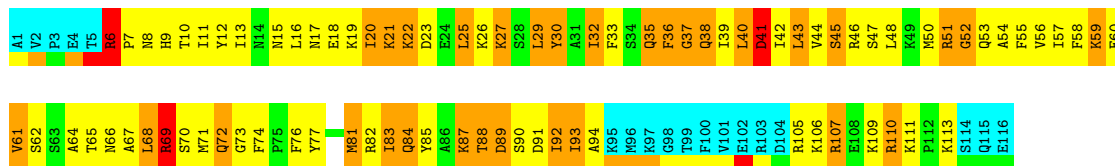
Chain A: 8% 51% 25% 16%



4.2.5 Score per residue for model 5

- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A

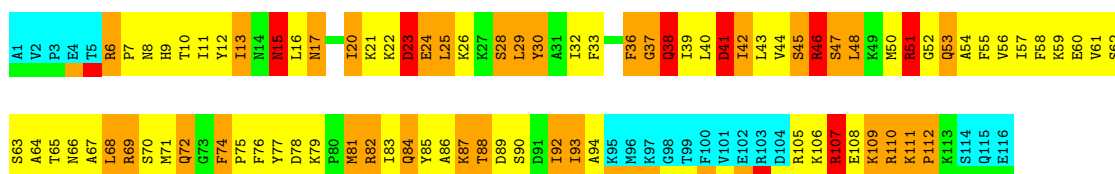
Chain A: 12% 43% 27% 16%



4.2.6 Score per residue for model 6

- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A

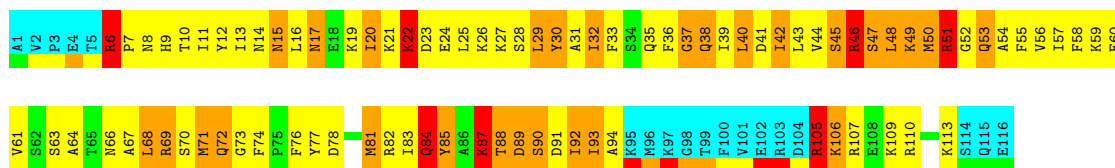
Chain A: 10% 41% 27% 6% 16%



4.2.7 Score per residue for model 7

- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A

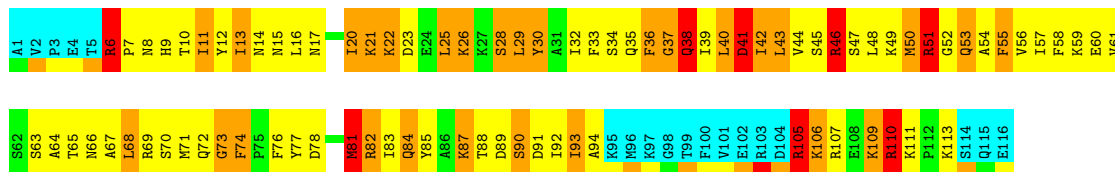
Chain A: 9% 45% 24% 6% 16%



4.2.8 Score per residue for model 8

- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A

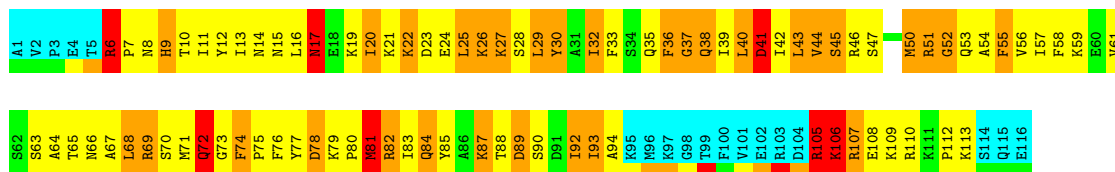
Chain A: 10% 43% 24% 7% 16%



4.2.9 Score per residue for model 9

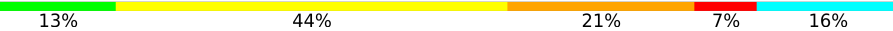
- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A

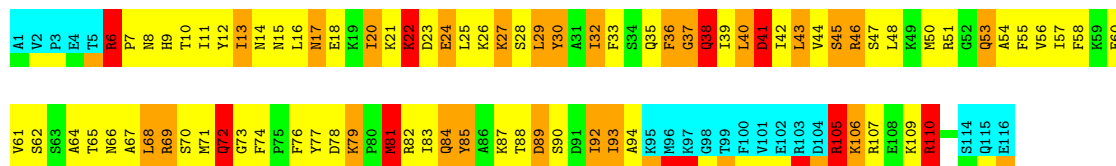
Chain A: 9% 43% 27% 6% 16%



4.2.10 Score per residue for model 10

- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A

Chain A:  13% 44% 21% 7% 16%



4.2.11 Score per residue for model 11

- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A

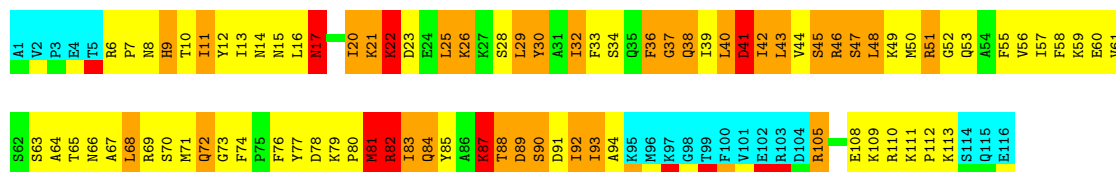
Chain A:  14% 47% 18% 5% 16%



4.2.12 Score per residue for model 12 (medoid)

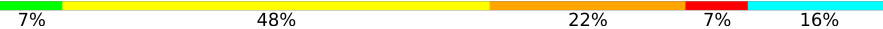
- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A

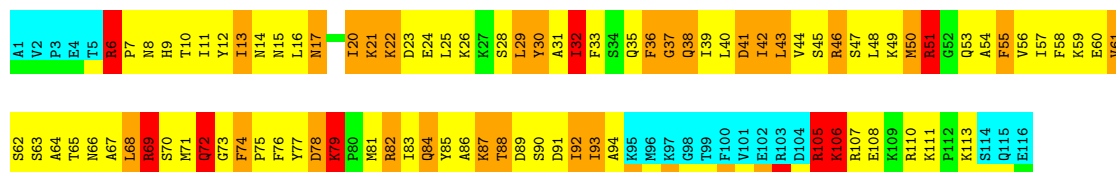
Chain A:  10% 43% 26% 5% 16%



4.2.13 Score per residue for model 13

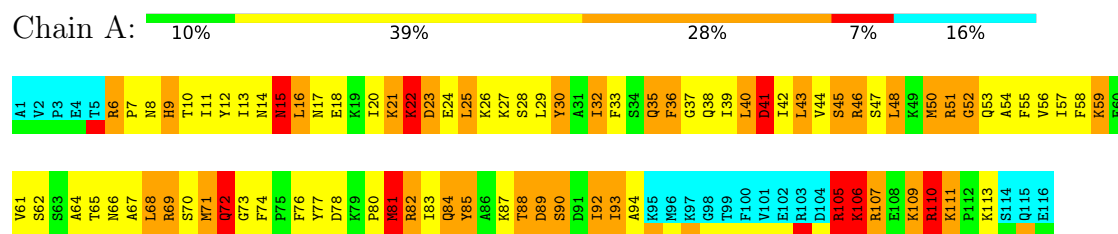
- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A

Chain A:  7% 48% 22% 7% 16%



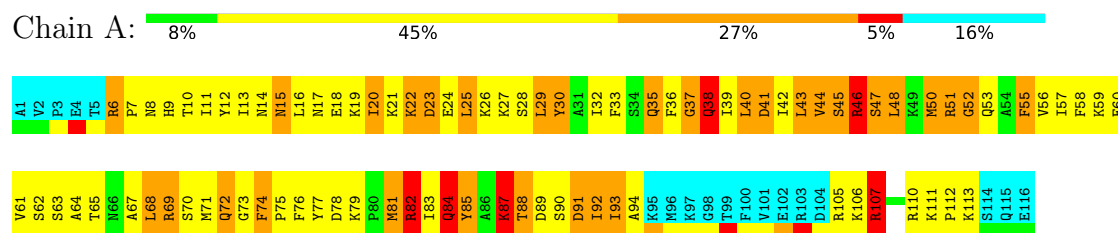
4.2.14 Score per residue for model 14

- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A



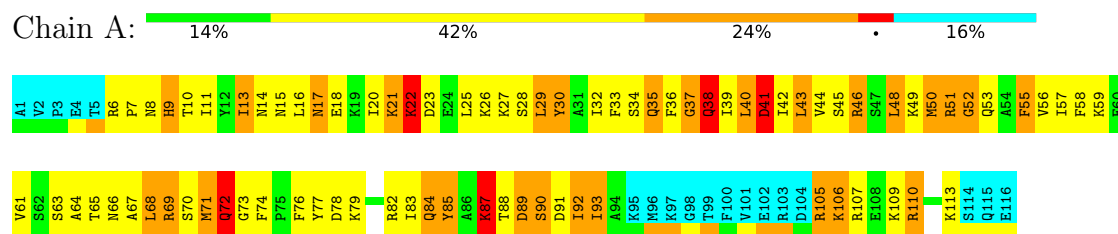
4.2.15 Score per residue for model 15

- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A



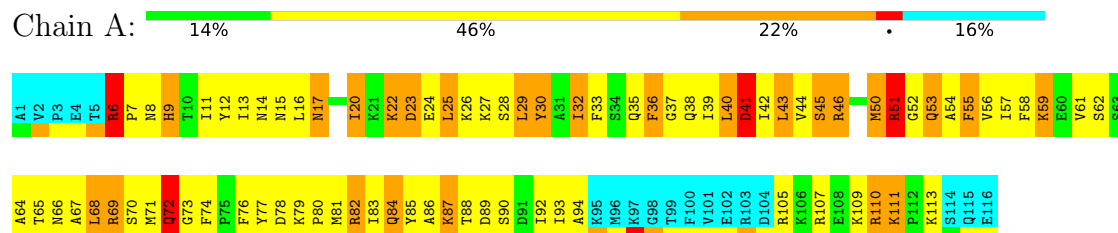
4.2.16 Score per residue for model 16

- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A



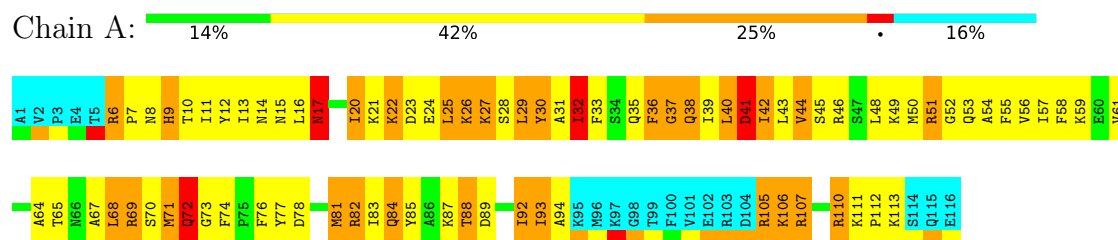
4.2.17 Score per residue for model 17

- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A



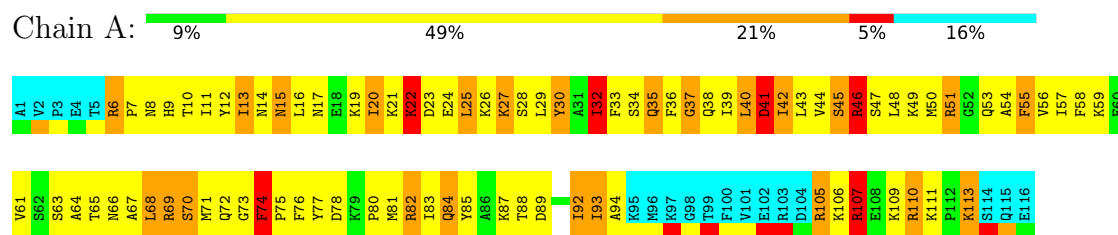
4.2.18 Score per residue for model 18

- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A



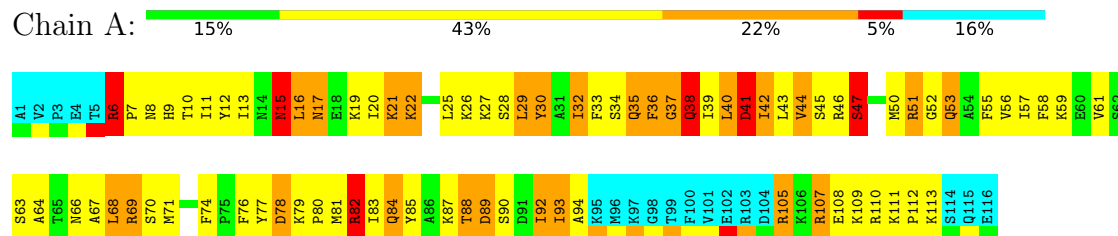
4.2.19 Score per residue for model 19

- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A



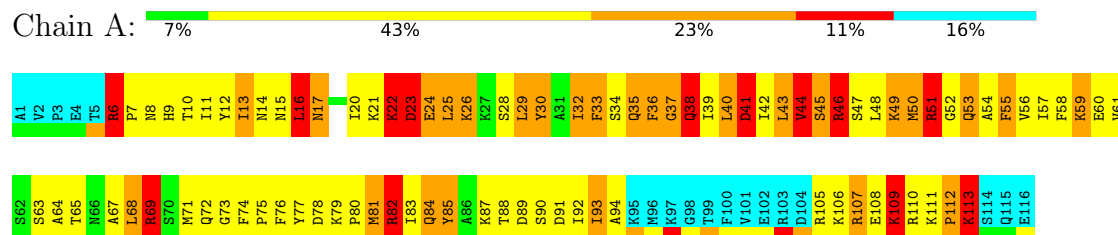
4.2.20 Score per residue for model 20

- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A



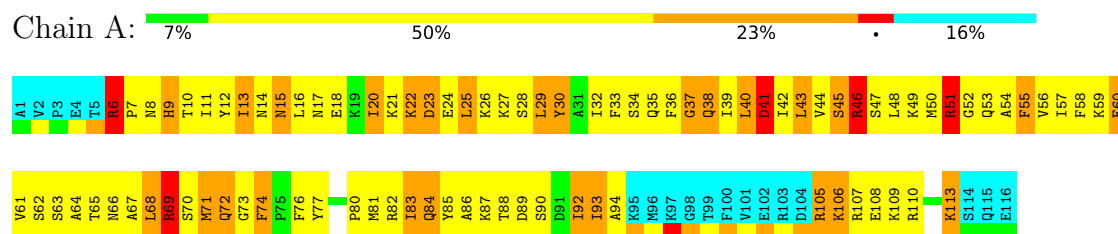
4.2.21 Score per residue for model 21

- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A



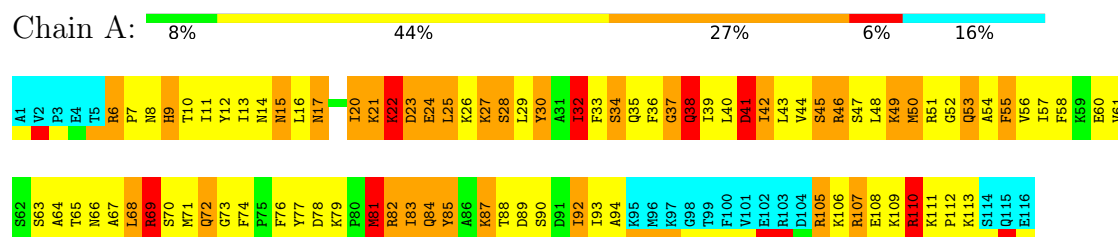
4.2.22 Score per residue for model 22

- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A



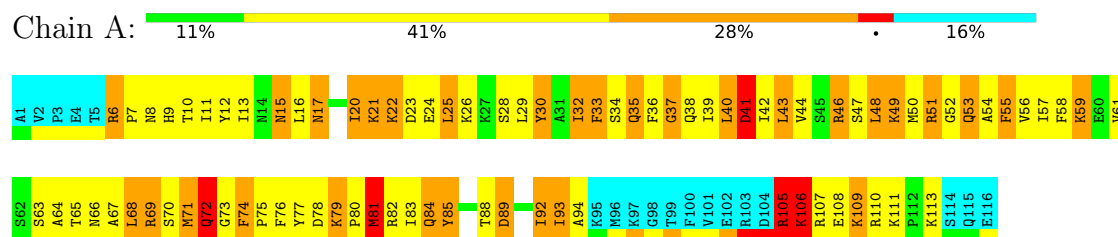
4.2.23 Score per residue for model 23

- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A



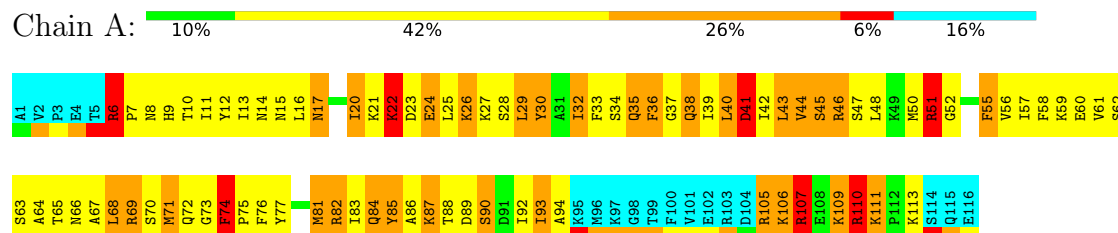
4.2.24 Score per residue for model 24

- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A



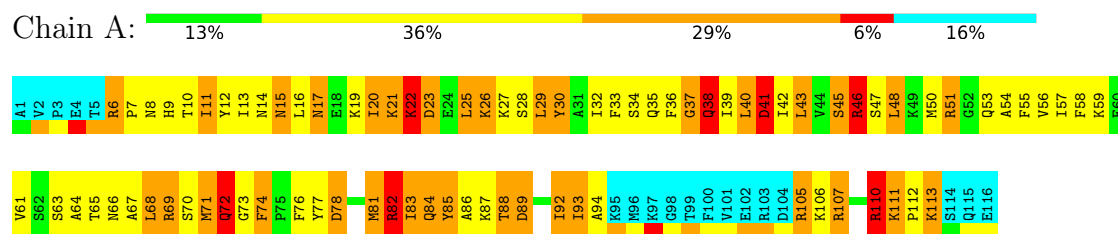
4.2.25 Score per residue for model 25

- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A



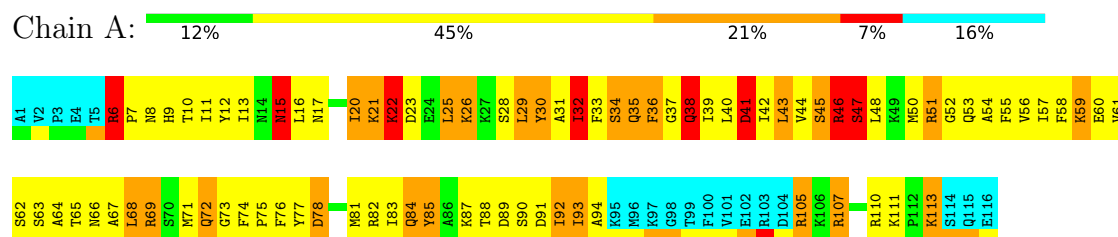
4.2.26 Score per residue for model 26

- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A



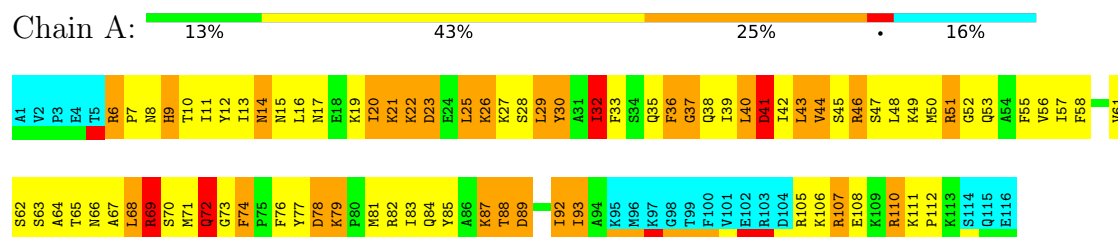
4.2.27 Score per residue for model 27

- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A



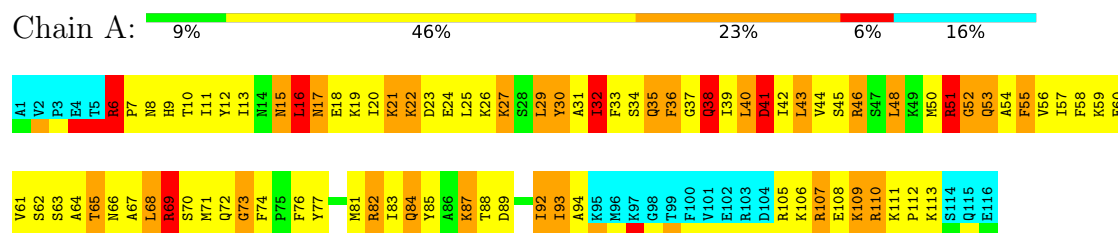
4.2.28 Score per residue for model 28

- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A



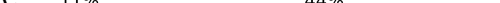
4.2.29 Score per residue for model 29

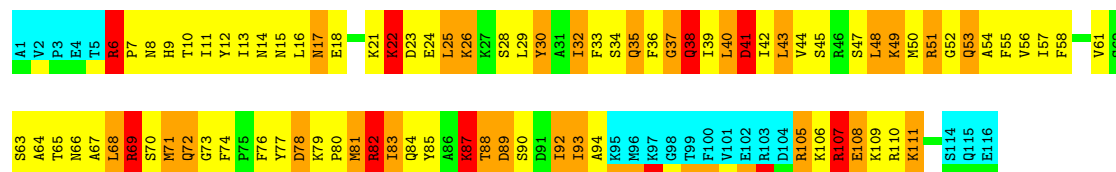
- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A



4.2.30 Score per residue for model 30

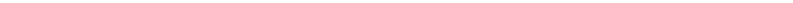
- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A

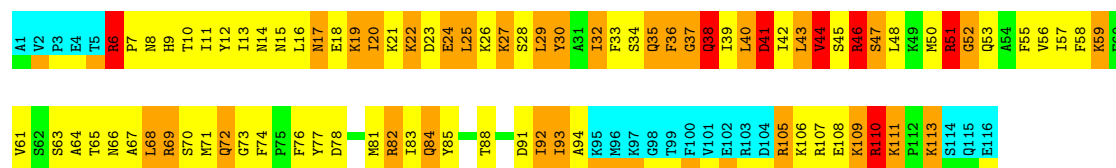
Chain A: 



4.2.31 Score per residue for model 31

- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A

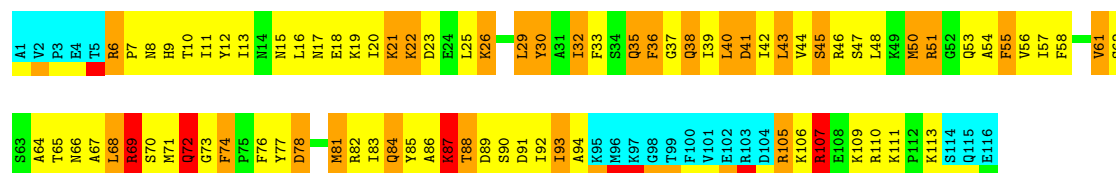
Chain A: 



4.2.32 Score per residue for model 32

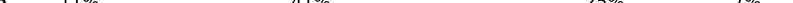
- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A

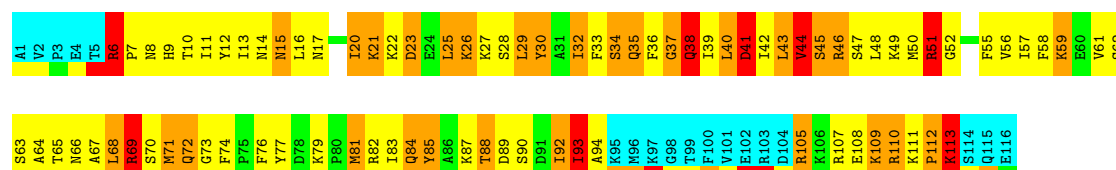
Chain A:



4.2.33 Score per residue for model 33

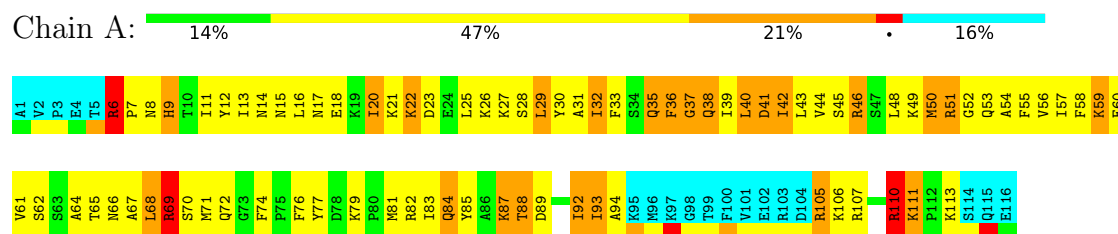
- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A

Chain A: 



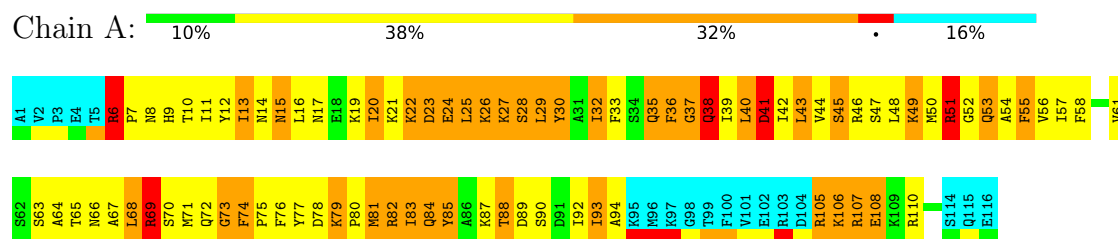
4.2.34 Score per residue for model 34

- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A



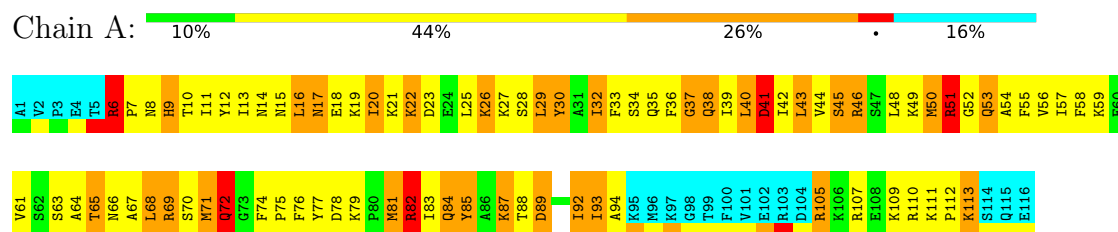
4.2.35 Score per residue for model 35

- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A



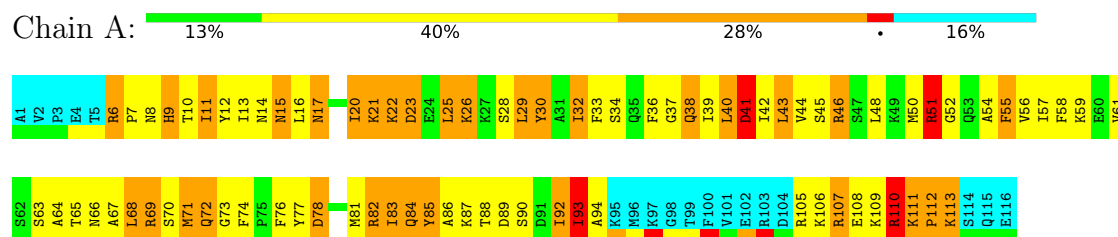
4.2.36 Score per residue for model 36

- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A



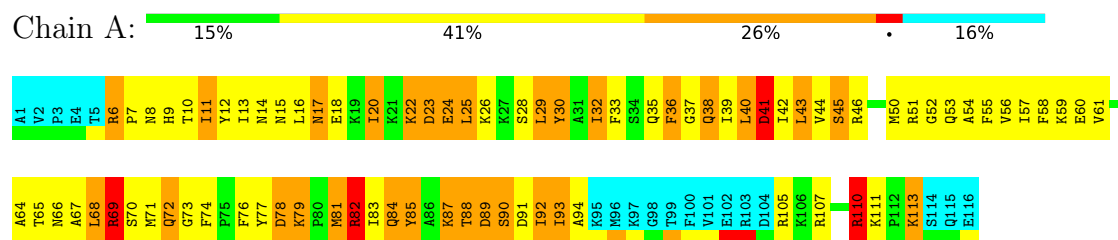
4.2.37 Score per residue for model 37

- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A



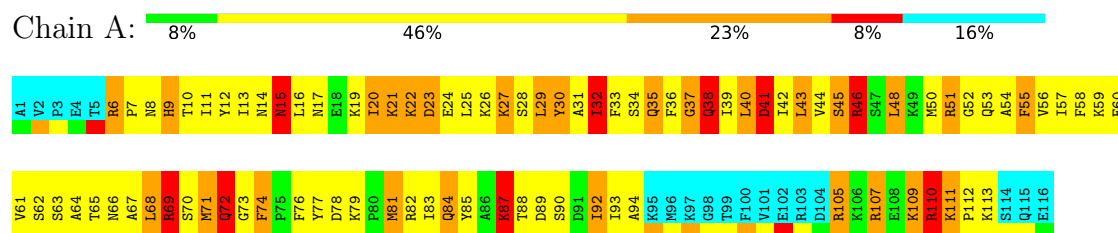
4.2.38 Score per residue for model 38

- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A



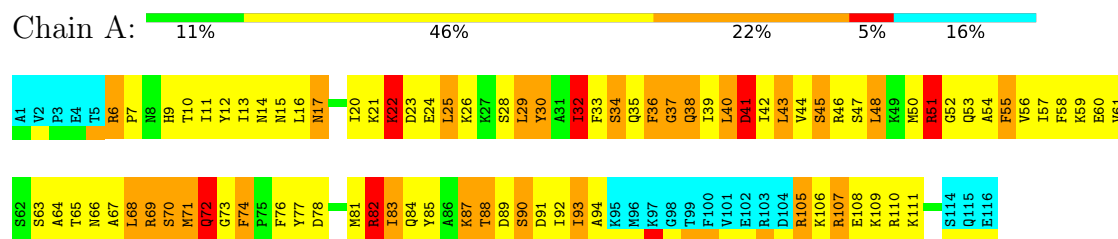
4.2.39 Score per residue for model 39

- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A



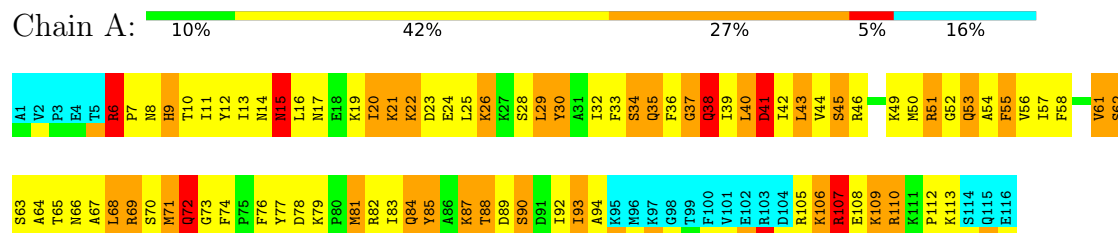
4.2.40 Score per residue for model 40

- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A



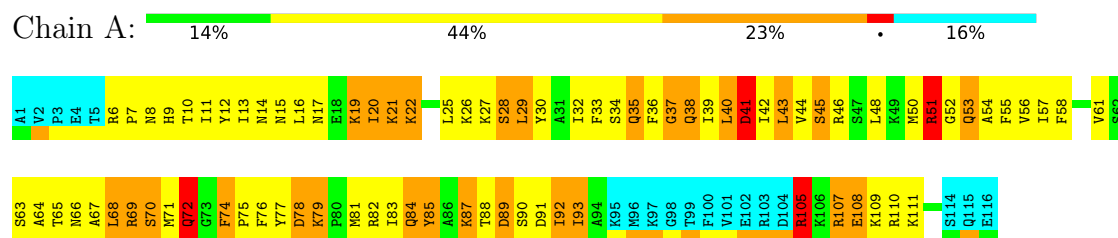
4.2.41 Score per residue for model 41

- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A



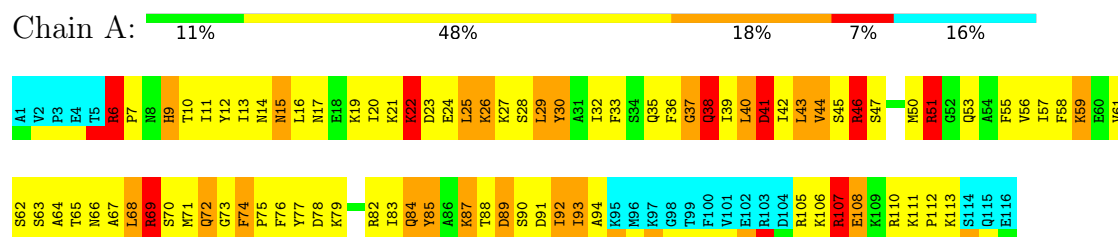
4.2.42 Score per residue for model 42

- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A



4.2.43 Score per residue for model 43

- Molecule 1: U1 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN A



5 Refinement protocol and experimental data overview

Of the ? calculated structures, 43 were deposited, based on the following criterion: ?.

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

Software name	Classification	Version
X-PLOR	refinement	3.1

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	1.37±0.01	0±0/825 (0.0± 0.0%)	1.30±0.02	1±1/1102 (0.1± 0.1%)
All	All	1.37	0/35475 (0.0%)	1.30	41/47386 (0.1%)

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	7.7±0.6
All	All	0	331

There are no bond-length outliers.

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

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)	Models	
								Worst	Total
1	A	36	PHE	CA-CB-CG	-6.31	107.49	113.80	10	23
1	A	87	LYS	N-CA-C	-5.80	106.82	112.97	43	12
1	A	93	ILE	N-CA-C	-5.35	105.28	110.42	33	3
1	A	73	GLY	N-CA-C	-5.18	108.92	115.08	35	3

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	6	ARG	Sidechain	43
1	A	110	ARG	Sidechain	43
1	A	82	ARG	Sidechain	42
1	A	46	ARG	Sidechain	41

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Group	Models (Total)
1	A	51	ARG	Sidechain	41
1	A	105	ARG	Sidechain	41
1	A	107	ARG	Sidechain	41
1	A	69	ARG	Sidechain	39

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	810	0	853	158±13
All	All	34830	0	36679	6787

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 95.

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:ILE:HG21	1:A:25:LEU:HD13	1.07	1.10	14	3
1:A:39:ILE:HG21	1:A:42:ILE:HD11	1.04	1.27	25	25
1:A:29:LEU:HD13	1:A:42:ILE:HG21	1.00	1.31	23	11
1:A:13:ILE:CG2	1:A:16:LEU:HD21	1.00	1.86	24	28
1:A:30:TYR:CD2	1:A:42:ILE:HD11	1.00	1.91	19	9
1:A:57:ILE:HD11	1:A:93:ILE:HD11	0.99	1.32	31	37
1:A:39:ILE:C	1:A:40:LEU:HD13	0.99	1.82	43	10
1:A:55:PHE:CZ	1:A:92:ILE:HD13	0.98	1.93	41	33
1:A:40:LEU:HD21	1:A:59:LYS:N	0.98	1.73	4	7
1:A:44:VAL:HG12	1:A:54:ALA:HB2	0.97	1.36	29	23
1:A:68:LEU:HD13	1:A:69:ARG:N	0.96	1.76	33	41
1:A:39:ILE:O	1:A:40:LEU:HD13	0.96	1.60	3	4
1:A:50:MET:O	1:A:50:MET:HE3	0.95	1.61	32	19
1:A:10:THR:OG1	1:A:57:ILE:HD13	0.95	1.61	11	20
1:A:68:LEU:C	1:A:68:LEU:HD13	0.95	1.87	3	36
1:A:8:ASN:O	1:A:61:VAL:HG13	0.94	1.62	31	8
1:A:33:PHE:CB	1:A:39:ILE:HD11	0.94	1.92	35	21
1:A:15:ASN:C	1:A:16:LEU:HD22	0.94	1.88	38	26
1:A:16:LEU:HD23	1:A:52:GLY:O	0.93	1.62	30	13

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:71:MET:CB	1:A:83:ILE:HD11	0.93	1.93	18	7
1:A:40:LEU:HD11	1:A:59:LYS:CA	0.93	1.94	1	8
1:A:55:PHE:CE1	1:A:92:ILE:HG21	0.93	1.98	21	12
1:A:55:PHE:CE2	1:A:92:ILE:HD13	0.92	1.98	4	15
1:A:20:ILE:HG21	1:A:25:LEU:CD1	0.92	1.93	14	2
1:A:71:MET:CG	1:A:81:MET:HE1	0.92	1.95	18	1
1:A:17:ASN:OD1	1:A:20:ILE:HD11	0.92	1.65	43	1
1:A:16:LEU:HD12	1:A:77:TYR:CD2	0.91	2.01	15	10
1:A:42:ILE:C	1:A:43:LEU:HD22	0.91	1.90	23	2
1:A:68:LEU:HG	1:A:85:TYR:CE1	0.91	2.01	8	26
1:A:50:MET:HE1	1:A:53:GLN:N	0.90	1.81	14	2
1:A:44:VAL:HG12	1:A:54:ALA:CB	0.90	1.97	35	19
1:A:68:LEU:HD13	1:A:68:LEU:C	0.90	1.91	35	7
1:A:42:ILE:O	1:A:43:LEU:HD23	0.90	1.67	13	5
1:A:55:PHE:CE1	1:A:92:ILE:HD13	0.90	2.02	33	16
1:A:40:LEU:HD11	1:A:59:LYS:N	0.89	1.82	38	7
1:A:50:MET:CA	1:A:50:MET:HE2	0.89	1.98	21	1
1:A:76:PHE:CD2	1:A:81:MET:HE3	0.89	2.03	18	2
1:A:45:SER:O	1:A:50:MET:HE3	0.88	1.65	42	8
1:A:13:ILE:HD13	1:A:29:LEU:HD22	0.88	1.45	33	5
1:A:11:ILE:HD11	1:A:56:VAL:HG21	0.88	1.44	5	33
1:A:16:LEU:HG	1:A:25:LEU:HD11	0.87	1.44	16	17
1:A:50:MET:HE1	1:A:53:GLN:O	0.87	1.70	17	16
1:A:7:PRO:HB2	1:A:61:VAL:HG12	0.87	1.46	21	33
1:A:26:LYS:HA	1:A:29:LEU:HD12	0.87	1.47	6	41
1:A:43:LEU:HD21	1:A:57:ILE:HG12	0.86	1.43	23	1
1:A:13:ILE:HG22	1:A:16:LEU:HD21	0.85	1.47	31	17
1:A:16:LEU:HB3	1:A:25:LEU:HD11	0.85	1.45	12	9
1:A:55:PHE:CE2	1:A:92:ILE:HG21	0.85	2.06	32	7
1:A:20:ILE:HD13	1:A:25:LEU:HD21	0.85	1.48	10	4
1:A:40:LEU:HD21	1:A:58:PHE:C	0.85	1.96	4	5
1:A:40:LEU:HD13	1:A:40:LEU:N	0.85	1.85	17	5
1:A:43:LEU:HD11	1:A:57:ILE:CG1	0.85	2.00	39	11
1:A:29:LEU:N	1:A:29:LEU:HD13	0.84	1.87	20	2
1:A:89:ASP:OD2	1:A:92:ILE:HD12	0.84	1.70	33	3
1:A:43:LEU:HD11	1:A:93:ILE:HD12	0.84	1.49	15	1
1:A:29:LEU:HB2	1:A:42:ILE:HG21	0.84	1.48	20	6
1:A:43:LEU:HD11	1:A:93:ILE:CG1	0.84	2.01	42	4
1:A:40:LEU:HD22	1:A:40:LEU:N	0.84	1.88	33	5
1:A:13:ILE:HG21	1:A:16:LEU:HD21	0.83	1.48	7	7
1:A:10:THR:HG23	1:A:56:VAL:O	0.83	1.73	37	16

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:16:LEU:HD22	1:A:16:LEU:N	0.83	1.89	29	31
1:A:39:ILE:O	1:A:40:LEU:HD22	0.83	1.74	31	9
1:A:30:TYR:CZ	1:A:39:ILE:HG22	0.82	2.09	29	27
1:A:43:LEU:CD2	1:A:93:ILE:HG23	0.82	2.04	11	2
1:A:16:LEU:CG	1:A:25:LEU:HD21	0.82	2.04	2	3
1:A:29:LEU:HB2	1:A:42:ILE:HD13	0.82	1.49	42	11
1:A:32:ILE:HD12	1:A:33:PHE:CD1	0.82	2.09	13	5
1:A:10:THR:HG21	1:A:89:ASP:CB	0.82	2.05	35	2
1:A:43:LEU:HD13	1:A:93:ILE:CG1	0.82	2.03	12	6
1:A:71:MET:HB3	1:A:83:ILE:HD11	0.82	1.48	30	6
1:A:71:MET:HG3	1:A:81:MET:HE1	0.82	1.52	18	1
1:A:16:LEU:CB	1:A:25:LEU:HD21	0.81	2.05	24	4
1:A:29:LEU:CD1	1:A:42:ILE:HG21	0.81	2.05	23	10
1:A:16:LEU:CD1	1:A:25:LEU:HD21	0.81	2.06	41	1
1:A:43:LEU:HD11	1:A:57:ILE:HD11	0.81	1.48	19	4
1:A:33:PHE:HB2	1:A:39:ILE:HD11	0.81	1.51	6	39
1:A:40:LEU:HD11	1:A:59:LYS:HA	0.81	1.49	15	8
1:A:16:LEU:HG	1:A:25:LEU:HD21	0.81	1.53	12	8
1:A:55:PHE:CZ	1:A:92:ILE:HG21	0.81	2.10	21	8
1:A:16:LEU:HD12	1:A:25:LEU:HD21	0.81	1.51	41	1
1:A:39:ILE:HD11	1:A:58:PHE:CE2	0.80	2.11	10	17
1:A:71:MET:HB2	1:A:83:ILE:HD11	0.80	1.52	28	25
1:A:68:LEU:HG	1:A:85:TYR:CE2	0.80	2.10	2	17
1:A:57:ILE:HD11	1:A:93:ILE:HD13	0.80	1.54	11	3
1:A:20:ILE:HG21	1:A:25:LEU:HD12	0.80	1.54	12	1
1:A:9:HIS:N	1:A:61:VAL:HG13	0.79	1.92	41	32
1:A:31:ALA:O	1:A:32:ILE:HG23	0.79	1.75	39	5
1:A:50:MET:HE3	1:A:50:MET:C	0.79	2.02	9	14
1:A:32:ILE:HD13	1:A:76:PHE:CE1	0.79	2.12	24	3
1:A:50:MET:HE3	1:A:50:MET:HA	0.79	1.55	19	2
1:A:40:LEU:N	1:A:40:LEU:HD13	0.79	1.93	19	1
1:A:16:LEU:HB2	1:A:25:LEU:HD21	0.79	1.52	24	2
1:A:16:LEU:CG	1:A:25:LEU:HD11	0.79	2.07	37	11
1:A:17:ASN:O	1:A:20:ILE:HD12	0.78	1.77	10	23
1:A:39:ILE:HG21	1:A:42:ILE:CD1	0.78	2.08	28	24
1:A:43:LEU:HD11	1:A:93:ILE:CD1	0.78	2.09	15	2
1:A:40:LEU:HD22	1:A:57:ILE:O	0.78	1.78	4	5
1:A:43:LEU:HD21	1:A:93:ILE:HG12	0.78	1.54	24	4
1:A:20:ILE:HD13	1:A:25:LEU:HD12	0.78	1.55	43	5
1:A:40:LEU:HD22	1:A:40:LEU:H	0.77	1.37	43	4
1:A:16:LEU:HB3	1:A:25:LEU:HD21	0.77	1.55	30	8

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:16:LEU:HD12	1:A:25:LEU:HD11	0.77	1.56	9	8
1:A:68:LEU:HD12	1:A:85:TYR:OH	0.77	1.80	31	40
1:A:29:LEU:CB	1:A:42:ILE:HG21	0.77	2.09	19	5
1:A:40:LEU:HD12	1:A:40:LEU:N	0.77	1.95	25	3
1:A:10:THR:HG21	1:A:89:ASP:HB3	0.76	1.57	1	2
1:A:33:PHE:HB3	1:A:39:ILE:HD11	0.76	1.56	27	14
1:A:86:ALA:HB1	1:A:89:ASP:OD2	0.76	1.80	32	5
1:A:48:LEU:HD22	1:A:48:LEU:N	0.76	1.95	18	1
1:A:32:ILE:HD12	1:A:33:PHE:N	0.76	1.95	16	3
1:A:43:LEU:HD13	1:A:93:ILE:HG13	0.76	1.57	9	5
1:A:8:ASN:C	1:A:61:VAL:HG13	0.76	2.06	29	5
1:A:42:ILE:HD13	1:A:42:ILE:N	0.75	1.95	4	8
1:A:89:ASP:HB3	1:A:92:ILE:HD12	0.75	1.56	8	2
1:A:10:THR:HG23	1:A:57:ILE:HD13	0.75	1.58	12	9
1:A:11:ILE:HD12	1:A:83:ILE:CG2	0.75	2.10	43	8
1:A:44:VAL:HG22	1:A:45:SER:N	0.75	1.96	21	2
1:A:9:HIS:H	1:A:61:VAL:HG13	0.75	1.42	37	31
1:A:43:LEU:HD11	1:A:93:ILE:HG13	0.75	1.59	42	6
1:A:16:LEU:CD1	1:A:25:LEU:HD11	0.75	2.11	32	6
1:A:48:LEU:C	1:A:48:LEU:HD13	0.75	2.07	34	2
1:A:48:LEU:HD13	1:A:48:LEU:O	0.74	1.82	34	2
1:A:57:ILE:HD11	1:A:93:ILE:CD1	0.74	2.13	25	20
1:A:44:VAL:HG13	1:A:53:GLN:O	0.74	1.82	15	3
1:A:50:MET:HE1	1:A:53:GLN:C	0.74	2.07	7	8
1:A:30:TYR:CD2	1:A:42:ILE:HD12	0.74	2.18	28	4
1:A:16:LEU:HD23	1:A:52:GLY:C	0.74	2.07	31	8
1:A:48:LEU:HD12	1:A:48:LEU:O	0.74	1.83	3	1
1:A:89:ASP:O	1:A:92:ILE:HG22	0.74	1.83	24	26
1:A:43:LEU:HD22	1:A:43:LEU:N	0.74	1.96	23	2
1:A:16:LEU:HD11	1:A:76:PHE:CE2	0.74	2.17	22	7
1:A:43:LEU:HD13	1:A:93:ILE:HG12	0.74	1.60	1	2
1:A:11:ILE:HD11	1:A:56:VAL:CG2	0.73	2.12	5	16
1:A:48:LEU:C	1:A:48:LEU:HD23	0.73	2.08	13	7
1:A:20:ILE:HD13	1:A:25:LEU:HD13	0.73	1.56	42	5
1:A:79:LYS:N	1:A:80:PRO:CD	0.73	2.50	35	1
1:A:39:ILE:HD12	1:A:56:VAL:CG1	0.73	2.14	9	32
1:A:16:LEU:CB	1:A:25:LEU:HD11	0.73	2.13	12	7
1:A:9:HIS:N	1:A:61:VAL:HG23	0.73	1.98	6	1
1:A:20:ILE:HD13	1:A:25:LEU:CD1	0.73	2.13	43	5
1:A:39:ILE:CG2	1:A:42:ILE:HD11	0.73	2.10	28	5
1:A:32:ILE:HG12	1:A:71:MET:HE2	0.73	1.60	38	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:48:LEU:HD13	1:A:48:LEU:C	0.73	2.07	35	2
1:A:67:ALA:O	1:A:83:ILE:HD13	0.73	1.82	16	23
1:A:32:ILE:CD1	1:A:71:MET:HE1	0.73	2.14	32	1
1:A:36:PHE:CD2	1:A:67:ALA:HA	0.73	2.19	8	42
1:A:29:LEU:HD23	1:A:76:PHE:CZ	0.73	2.19	43	4
1:A:32:ILE:HG21	1:A:71:MET:HE2	0.73	1.59	29	4
1:A:76:PHE:CD1	1:A:81:MET:HE1	0.72	2.18	41	1
1:A:33:PHE:CD1	1:A:67:ALA:HB1	0.72	2.19	20	27
1:A:68:LEU:HD22	1:A:83:ILE:HB	0.72	1.60	43	22
1:A:68:LEU:HA	1:A:83:ILE:HG21	0.72	1.61	15	24
1:A:71:MET:HB3	1:A:81:MET:HE3	0.72	1.61	15	1
1:A:50:MET:HE3	1:A:53:GLN:HB2	0.72	1.61	15	8
1:A:50:MET:HE2	1:A:50:MET:HA	0.72	1.61	21	1
1:A:76:PHE:CE2	1:A:77:TYR:CE2	0.71	2.78	35	7
1:A:40:LEU:N	1:A:40:LEU:HD23	0.71	2.00	21	1
1:A:39:ILE:HG21	1:A:42:ILE:HD12	0.71	1.60	10	1
1:A:9:HIS:NE2	1:A:57:ILE:HG23	0.71	2.00	14	15
1:A:7:PRO:HB2	1:A:61:VAL:HG22	0.71	1.59	6	1
1:A:11:ILE:HD12	1:A:83:ILE:HG21	0.71	1.63	40	8
1:A:16:LEU:N	1:A:16:LEU:HD22	0.71	2.00	19	4
1:A:43:LEU:HD11	1:A:57:ILE:HG12	0.71	1.62	9	2
1:A:40:LEU:HD13	1:A:59:LYS:HD2	0.71	1.63	21	1
1:A:68:LEU:C	1:A:68:LEU:CD1	0.70	2.64	8	43
1:A:81:MET:HE2	1:A:81:MET:HA	0.70	1.62	35	1
1:A:71:MET:HE3	1:A:81:MET:SD	0.70	2.26	19	3
1:A:50:MET:O	1:A:52:GLY:N	0.70	2.25	7	3
1:A:17:ASN:CB	1:A:20:ILE:HD11	0.70	2.16	17	7
1:A:43:LEU:HD21	1:A:93:ILE:CG1	0.70	2.16	10	2
1:A:43:LEU:HD21	1:A:93:ILE:HG13	0.70	1.62	10	3
1:A:12:TYR:CE2	1:A:55:PHE:CE2	0.70	2.79	14	16
1:A:50:MET:O	1:A:50:MET:HE2	0.70	1.87	20	11
1:A:76:PHE:CZ	1:A:77:TYR:CE1	0.70	2.79	26	14
1:A:20:ILE:CG2	1:A:25:LEU:HD13	0.70	2.05	14	2
1:A:40:LEU:HD23	1:A:59:LYS:HB2	0.70	1.61	31	4
1:A:16:LEU:HD12	1:A:76:PHE:CD2	0.70	2.21	21	2
1:A:76:PHE:CE1	1:A:77:TYR:CE1	0.70	2.79	29	16
1:A:43:LEU:HD21	1:A:57:ILE:HD11	0.69	1.62	20	1
1:A:76:PHE:CG	1:A:81:MET:HE2	0.69	2.21	40	6
1:A:71:MET:HG2	1:A:81:MET:HE3	0.69	1.62	22	1
1:A:76:PHE:CE2	1:A:77:TYR:CE1	0.69	2.79	24	9
1:A:65:THR:HG22	1:A:69:ARG:HD3	0.69	1.62	3	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:12:TYR:CE2	1:A:55:PHE:CZ	0.69	2.80	31	6
1:A:9:HIS:H	1:A:61:VAL:HG23	0.69	1.47	6	1
1:A:68:LEU:HA	1:A:83:ILE:HD13	0.69	1.63	18	7
1:A:43:LEU:HD11	1:A:57:ILE:HG13	0.69	1.64	39	3
1:A:55:PHE:CE1	1:A:92:ILE:HG23	0.69	2.23	29	4
1:A:39:ILE:CD1	1:A:56:VAL:CG1	0.69	2.71	20	35
1:A:11:ILE:HG22	1:A:64:ALA:HB1	0.69	1.65	34	30
1:A:76:PHE:CZ	1:A:77:TYR:CZ	0.69	2.80	35	3
1:A:16:LEU:HD11	1:A:76:PHE:CD2	0.69	2.22	10	7
1:A:13:ILE:HG23	1:A:81:MET:HG2	0.68	1.63	41	1
1:A:39:ILE:HD12	1:A:56:VAL:HG13	0.68	1.65	30	22
1:A:79:LYS:N	1:A:80:PRO:HD3	0.68	2.03	35	1
1:A:68:LEU:HG	1:A:85:TYR:CZ	0.68	2.24	26	43
1:A:48:LEU:HD23	1:A:48:LEU:O	0.68	1.88	25	6
1:A:76:PHE:CD1	1:A:77:TYR:CD1	0.68	2.81	29	3
1:A:89:ASP:OD1	1:A:92:ILE:HD12	0.68	1.88	40	3
1:A:42:ILE:N	1:A:42:ILE:HD13	0.68	2.02	19	2
1:A:43:LEU:HD13	1:A:93:ILE:CD1	0.68	2.19	39	5
1:A:76:PHE:CD2	1:A:77:TYR:CD1	0.68	2.82	41	8
1:A:33:PHE:CE2	1:A:56:VAL:HG21	0.68	2.24	17	29
1:A:29:LEU:HA	1:A:32:ILE:HD11	0.68	1.64	24	16
1:A:76:PHE:CE2	1:A:77:TYR:CZ	0.68	2.81	35	5
1:A:20:ILE:HD11	1:A:77:TYR:CD2	0.68	2.24	20	5
1:A:50:MET:CA	1:A:50:MET:CE	0.67	2.73	21	3
1:A:89:ASP:CB	1:A:92:ILE:HD12	0.67	2.18	8	5
1:A:71:MET:HE1	1:A:81:MET:CE	0.67	2.20	1	2
1:A:25:LEU:HD12	1:A:77:TYR:CE2	0.67	2.24	14	6
1:A:38:GLN:HG2	1:A:40:LEU:HD23	0.67	1.66	18	1
1:A:40:LEU:HD11	1:A:59:LYS:H	0.67	1.48	17	2
1:A:48:LEU:HD23	1:A:49:LYS:N	0.67	2.05	23	1
1:A:45:SER:OG	1:A:50:MET:HE2	0.67	1.89	27	2
1:A:25:LEU:HD23	1:A:29:LEU:HD11	0.67	1.65	15	1
1:A:16:LEU:HD13	1:A:76:PHE:CD2	0.67	2.24	36	1
1:A:39:ILE:C	1:A:40:LEU:HD23	0.67	2.14	36	9
1:A:71:MET:HE2	1:A:74:PHE:CD2	0.67	2.24	37	2
1:A:25:LEU:HD13	1:A:77:TYR:CE2	0.66	2.24	39	1
1:A:12:TYR:CD2	1:A:55:PHE:CE2	0.66	2.84	6	4
1:A:89:ASP:CG	1:A:92:ILE:HD12	0.66	2.15	21	4
1:A:56:VAL:HG11	1:A:58:PHE:CZ	0.66	2.26	30	38
1:A:55:PHE:CZ	1:A:92:ILE:CD1	0.66	2.78	15	30
1:A:25:LEU:HD12	1:A:77:TYR:CZ	0.66	2.25	32	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:29:LEU:HD13	1:A:42:ILE:CG2	0.66	2.14	23	8
1:A:43:LEU:HD12	1:A:55:PHE:HB2	0.66	1.66	12	5
1:A:30:TYR:CE1	1:A:39:ILE:HG22	0.66	2.25	38	3
1:A:30:TYR:CD2	1:A:42:ILE:CD1	0.66	2.77	19	17
1:A:56:VAL:CG1	1:A:58:PHE:CE1	0.66	2.79	25	34
1:A:88:THR:O	1:A:88:THR:HG22	0.66	1.88	31	8
1:A:39:ILE:HD11	1:A:58:PHE:CZ	0.66	2.25	21	14
1:A:32:ILE:HD13	1:A:76:PHE:HE1	0.66	1.51	24	1
1:A:55:PHE:CE1	1:A:92:ILE:CG2	0.66	2.79	22	12
1:A:43:LEU:HD11	1:A:93:ILE:HG12	0.66	1.68	42	3
1:A:32:ILE:CG2	1:A:71:MET:HE2	0.65	2.21	12	2
1:A:28:SER:O	1:A:32:ILE:HD11	0.65	1.90	40	5
1:A:29:LEU:N	1:A:29:LEU:CD1	0.65	2.60	20	2
1:A:72:GLN:HA	1:A:83:ILE:HD12	0.65	1.67	1	1
1:A:55:PHE:CZ	1:A:92:ILE:CG2	0.65	2.79	4	2
1:A:16:LEU:CD1	1:A:76:PHE:CD1	0.65	2.79	25	3
1:A:39:ILE:CD1	1:A:58:PHE:CE2	0.65	2.79	17	20
1:A:40:LEU:N	1:A:40:LEU:CD1	0.65	2.60	17	5
1:A:29:LEU:HD11	1:A:44:VAL:HG11	0.65	1.68	7	1
1:A:25:LEU:HD11	1:A:52:GLY:HA2	0.65	1.68	23	1
1:A:33:PHE:CB	1:A:39:ILE:CD1	0.65	2.75	28	14
1:A:87:LYS:O	1:A:88:THR:CB	0.64	2.44	6	33
1:A:13:ILE:HD11	1:A:33:PHE:CZ	0.64	2.27	14	4
1:A:43:LEU:HD21	1:A:57:ILE:CG1	0.64	2.22	23	1
1:A:58:PHE:CD2	1:A:63:SER:CB	0.64	2.80	16	10
1:A:10:THR:HG21	1:A:55:PHE:HB3	0.64	1.70	31	5
1:A:56:VAL:CG1	1:A:58:PHE:CE2	0.64	2.81	20	7
1:A:50:MET:HE1	1:A:53:GLN:HB2	0.64	1.70	16	3
1:A:43:LEU:HD12	1:A:43:LEU:O	0.64	1.93	43	1
1:A:36:PHE:CE1	1:A:70:SER:CB	0.64	2.81	39	12
1:A:16:LEU:CD1	1:A:76:PHE:CD2	0.64	2.80	36	9
1:A:76:PHE:CD2	1:A:81:MET:CE	0.64	2.80	29	3
1:A:11:ILE:HD11	1:A:33:PHE:CE2	0.64	2.28	22	4
1:A:68:LEU:CD1	1:A:85:TYR:CZ	0.63	2.81	17	37
1:A:32:ILE:CD1	1:A:33:PHE:CE1	0.63	2.80	43	4
1:A:25:LEU:CD1	1:A:77:TYR:CE2	0.63	2.80	32	6
1:A:43:LEU:HD21	1:A:93:ILE:HG23	0.63	1.70	11	2
1:A:32:ILE:HG23	1:A:33:PHE:CD1	0.63	2.28	19	9
1:A:43:LEU:CD1	1:A:57:ILE:HD11	0.63	2.24	19	5
1:A:45:SER:H	1:A:50:MET:HE2	0.63	1.53	38	7
1:A:76:PHE:CD2	1:A:81:MET:HE2	0.63	2.28	25	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:38:GLN:HG2	1:A:40:LEU:HD12	0.63	1.69	17	1
1:A:50:MET:HE2	1:A:50:MET:N	0.63	2.08	21	1
1:A:32:ILE:CG2	1:A:33:PHE:CE1	0.63	2.81	2	8
1:A:58:PHE:CD1	1:A:63:SER:CB	0.63	2.82	11	4
1:A:29:LEU:CD2	1:A:76:PHE:CZ	0.63	2.81	43	4
1:A:44:VAL:HG13	1:A:54:ALA:HB2	0.63	1.69	1	1
1:A:56:VAL:CG1	1:A:58:PHE:CZ	0.63	2.81	13	4
1:A:32:ILE:CD1	1:A:33:PHE:CD1	0.63	2.81	16	4
1:A:9:HIS:O	1:A:9:HIS:CD2	0.62	2.52	26	35
1:A:71:MET:HE1	1:A:81:MET:HE1	0.62	1.70	1	1
1:A:40:LEU:H	1:A:40:LEU:HD22	0.62	1.53	19	1
1:A:7:PRO:HA	1:A:85:TYR:CD1	0.62	2.29	31	16
1:A:43:LEU:N	1:A:43:LEU:CD2	0.62	2.63	8	2
1:A:50:MET:HE1	1:A:53:GLN:H	0.62	1.50	14	2
1:A:16:LEU:HD12	1:A:76:PHE:CE1	0.62	2.29	25	3
1:A:45:SER:HA	1:A:50:MET:HB2	0.62	1.71	3	3
1:A:13:ILE:HD13	1:A:29:LEU:CD2	0.62	2.23	14	1
1:A:32:ILE:HD12	1:A:76:PHE:CE1	0.62	2.29	37	2
1:A:11:ILE:CG2	1:A:64:ALA:HB1	0.62	2.24	34	28
1:A:42:ILE:C	1:A:43:LEU:HD23	0.62	2.18	15	4
1:A:55:PHE:CG	1:A:89:ASP:CG	0.62	2.78	1	2
1:A:76:PHE:CG	1:A:81:MET:HE3	0.62	2.30	4	3
1:A:16:LEU:HD12	1:A:76:PHE:CE2	0.62	2.30	30	7
1:A:68:LEU:CD1	1:A:69:ARG:N	0.62	2.63	36	25
1:A:30:TYR:CE2	1:A:39:ILE:HG22	0.62	2.29	6	8
1:A:43:LEU:O	1:A:54:ALA:HB1	0.62	1.93	26	6
1:A:32:ILE:O	1:A:36:PHE:CD1	0.62	2.53	21	18
1:A:32:ILE:CG2	1:A:33:PHE:CD1	0.62	2.83	33	8
1:A:111:LYS:N	1:A:112:PRO:CD	0.62	2.63	6	5
1:A:16:LEU:CD1	1:A:76:PHE:CE2	0.62	2.82	36	7
1:A:30:TYR:HA	1:A:42:ILE:HD11	0.61	1.72	31	6
1:A:32:ILE:HG22	1:A:33:PHE:CD1	0.61	2.30	37	3
1:A:6:ARG:O	1:A:85:TYR:CG	0.61	2.53	5	27
1:A:55:PHE:HE1	1:A:92:ILE:HG21	0.61	1.55	40	1
1:A:39:ILE:CG2	1:A:42:ILE:CG1	0.61	2.79	43	25
1:A:15:ASN:O	1:A:16:LEU:O	0.61	2.18	21	3
1:A:44:VAL:CG1	1:A:54:ALA:HB2	0.61	2.23	27	4
1:A:40:LEU:HD21	1:A:59:LYS:CA	0.61	2.26	19	1
1:A:32:ILE:CD1	1:A:33:PHE:CZ	0.61	2.83	6	3
1:A:16:LEU:CD1	1:A:77:TYR:CD2	0.61	2.84	23	1
1:A:16:LEU:O	1:A:17:ASN:C	0.61	2.44	35	17

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:68:LEU:HD22	1:A:68:LEU:O	0.61	1.96	33	11
1:A:12:TYR:CZ	1:A:53:GLN:CD	0.61	2.79	28	4
1:A:56:VAL:HG11	1:A:58:PHE:CE2	0.60	2.31	20	5
1:A:84:GLN:O	1:A:85:TYR:C	0.60	2.44	35	43
1:A:81:MET:HA	1:A:81:MET:HE2	0.60	1.72	39	1
1:A:9:HIS:O	1:A:9:HIS:CG	0.60	2.55	4	20
1:A:9:HIS:CB	1:A:61:VAL:HG22	0.60	2.26	9	8
1:A:21:LYS:O	1:A:23:ASP:N	0.60	2.35	14	1
1:A:25:LEU:HD22	1:A:77:TYR:CE2	0.60	2.32	1	2
1:A:50:MET:HA	1:A:50:MET:CE	0.60	2.26	21	4
1:A:43:LEU:CD1	1:A:93:ILE:CG1	0.60	2.80	8	8
1:A:32:ILE:HD11	1:A:71:MET:HE1	0.60	1.74	32	1
1:A:33:PHE:HB2	1:A:39:ILE:CD1	0.60	2.27	13	35
1:A:33:PHE:HB2	1:A:39:ILE:CG1	0.60	2.27	27	28
1:A:39:ILE:CG2	1:A:42:ILE:CD1	0.60	2.80	4	10
1:A:33:PHE:HD2	1:A:42:ILE:HD11	0.60	1.57	10	2
1:A:20:ILE:CD1	1:A:77:TYR:CD2	0.60	2.85	35	6
1:A:16:LEU:N	1:A:16:LEU:CD2	0.60	2.65	39	31
1:A:39:ILE:HG21	1:A:42:ILE:CG1	0.59	2.27	38	16
1:A:43:LEU:CD1	1:A:93:ILE:HD12	0.59	2.26	3	3
1:A:29:LEU:HD23	1:A:76:PHE:CE1	0.59	2.32	43	2
1:A:13:ILE:HG22	1:A:16:LEU:CD2	0.59	2.27	1	6
1:A:33:PHE:HA	1:A:36:PHE:CD2	0.59	2.33	12	20
1:A:16:LEU:HD22	1:A:16:LEU:H	0.59	1.57	14	1
1:A:48:LEU:O	1:A:48:LEU:HD13	0.59	1.96	29	1
1:A:49:LYS:O	1:A:50:MET:C	0.59	2.45	3	3
1:A:20:ILE:HG21	1:A:25:LEU:HB2	0.59	1.73	29	3
1:A:55:PHE:CD1	1:A:89:ASP:CG	0.59	2.81	1	2
1:A:13:ILE:HG23	1:A:16:LEU:HD21	0.59	1.73	26	5
1:A:43:LEU:CD1	1:A:93:ILE:CD1	0.59	2.80	18	8
1:A:67:ALA:O	1:A:83:ILE:HD12	0.59	1.98	41	8
1:A:10:THR:HG21	1:A:55:PHE:HB2	0.59	1.74	19	1
1:A:40:LEU:CD1	1:A:59:LYS:N	0.59	2.65	27	1
1:A:9:HIS:HB2	1:A:61:VAL:HG22	0.59	1.73	37	11
1:A:20:ILE:HG21	1:A:25:LEU:HD22	0.59	1.73	10	1
1:A:55:PHE:CE1	1:A:89:ASP:OD2	0.59	2.56	10	1
1:A:44:VAL:HG23	1:A:53:GLN:O	0.59	1.97	21	1
1:A:12:TYR:CD1	1:A:13:ILE:N	0.59	2.71	5	18
1:A:12:TYR:CB	1:A:84:GLN:O	0.59	2.51	8	22
1:A:58:PHE:CD1	1:A:63:SER:HB2	0.59	2.33	11	4
1:A:41:ASP:O	1:A:43:LEU:HD23	0.59	1.98	25	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:64:ALA:O	1:A:68:LEU:HB3	0.59	1.97	29	43
1:A:55:PHE:CD1	1:A:55:PHE:N	0.59	2.70	24	20
1:A:12:TYR:CE1	1:A:53:GLN:OE1	0.59	2.56	10	3
1:A:78:ASP:O	1:A:79:LYS:CB	0.59	2.51	35	4
1:A:9:HIS:CE1	1:A:57:ILE:HG23	0.59	2.33	42	4
1:A:22:LYS:O	1:A:23:ASP:CB	0.59	2.51	4	28
1:A:44:VAL:HB	1:A:54:ALA:HB2	0.59	1.74	9	1
1:A:40:LEU:N	1:A:40:LEU:CD2	0.58	2.62	33	5
1:A:25:LEU:HD21	1:A:52:GLY:O	0.58	1.98	36	1
1:A:68:LEU:HD12	1:A:85:TYR:CZ	0.58	2.32	17	27
1:A:29:LEU:CD1	1:A:76:PHE:CZ	0.58	2.85	20	1
1:A:55:PHE:CD1	1:A:89:ASP:OD1	0.58	2.56	35	2
1:A:43:LEU:HD22	1:A:93:ILE:HG13	0.58	1.76	4	5
1:A:30:TYR:CE1	1:A:39:ILE:O	0.58	2.56	13	2
1:A:11:ILE:CG1	1:A:56:VAL:CG2	0.58	2.80	28	2
1:A:22:LYS:HE3	1:A:44:VAL:HG23	0.58	1.75	27	1
1:A:48:LEU:N	1:A:48:LEU:CD2	0.58	2.66	18	1
1:A:71:MET:SD	1:A:74:PHE:CD2	0.58	2.97	42	3
1:A:9:HIS:CD2	1:A:58:PHE:O	0.58	2.56	21	17
1:A:32:ILE:HG22	1:A:33:PHE:CG	0.58	2.34	2	2
1:A:17:ASN:HB3	1:A:20:ILE:HD11	0.58	1.76	17	5
1:A:50:MET:CE	1:A:53:GLN:HB2	0.58	2.28	3	11
1:A:32:ILE:HD12	1:A:33:PHE:CE1	0.58	2.34	43	2
1:A:32:ILE:HD12	1:A:33:PHE:CG	0.58	2.33	18	3
1:A:20:ILE:HG21	1:A:25:LEU:HG	0.58	1.74	21	1
1:A:33:PHE:CD1	1:A:67:ALA:CB	0.58	2.87	20	5
1:A:32:ILE:HG22	1:A:33:PHE:N	0.58	2.13	23	3
1:A:44:VAL:O	1:A:45:SER:C	0.58	2.47	3	1
1:A:55:PHE:HE2	1:A:92:ILE:HD13	0.58	1.54	28	3
1:A:38:GLN:CG	1:A:40:LEU:HD11	0.58	2.29	40	1
1:A:89:ASP:O	1:A:93:ILE:HD12	0.58	1.98	1	3
1:A:77:TYR:O	1:A:78:ASP:CB	0.58	2.50	35	21
1:A:12:TYR:CD1	1:A:84:GLN:NE2	0.58	2.72	15	2
1:A:74:PHE:CE1	1:A:75:PRO:O	0.58	2.57	36	1
1:A:36:PHE:CE1	1:A:70:SER:HB3	0.57	2.34	32	4
1:A:12:TYR:CZ	1:A:53:GLN:OE1	0.57	2.57	42	4
1:A:55:PHE:CD2	1:A:89:ASP:OD2	0.57	2.57	21	6
1:A:45:SER:HB2	1:A:50:MET:HE2	0.57	1.76	32	5
1:A:47:SER:O	1:A:50:MET:CE	0.57	2.52	21	1
1:A:45:SER:N	1:A:50:MET:HE2	0.57	2.14	32	6
1:A:36:PHE:CZ	1:A:71:MET:SD	0.57	2.97	16	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:48:LEU:O	1:A:48:LEU:HD23	0.57	1.98	7	2
1:A:36:PHE:CE2	1:A:71:MET:CG	0.57	2.87	26	4
1:A:40:LEU:HD21	1:A:59:LYS:H	0.57	1.58	36	1
1:A:14:ASN:O	1:A:15:ASN:CB	0.57	2.53	33	19
1:A:58:PHE:CD2	1:A:63:SER:HB2	0.57	2.35	43	7
1:A:17:ASN:HB2	1:A:20:ILE:HD11	0.57	1.75	15	3
1:A:32:ILE:CG2	1:A:33:PHE:N	0.57	2.67	33	12
1:A:32:ILE:CD1	1:A:76:PHE:CE1	0.57	2.87	41	3
1:A:30:TYR:CG	1:A:42:ILE:HD11	0.57	2.34	8	2
1:A:68:LEU:CG	1:A:85:TYR:CE1	0.57	2.88	42	26
1:A:76:PHE:CD2	1:A:81:MET:SD	0.57	2.98	22	6
1:A:11:ILE:CD1	1:A:56:VAL:CG2	0.57	2.83	5	8
1:A:25:LEU:O	1:A:29:LEU:HD22	0.57	2.00	20	1
1:A:28:SER:CB	1:A:76:PHE:CZ	0.57	2.88	43	4
1:A:76:PHE:CG	1:A:81:MET:SD	0.57	2.97	41	1
1:A:68:LEU:HD13	1:A:68:LEU:O	0.57	2.00	8	9
1:A:33:PHE:CE1	1:A:67:ALA:HB1	0.57	2.33	7	4
1:A:44:VAL:HG22	1:A:54:ALA:HB2	0.57	1.77	19	3
1:A:55:PHE:CE2	1:A:89:ASP:CG	0.57	2.83	36	2
1:A:7:PRO:HA	1:A:85:TYR:CD2	0.57	2.35	11	26
1:A:92:ILE:HG22	1:A:93:ILE:HD12	0.57	1.77	23	2
1:A:44:VAL:O	1:A:44:VAL:HG23	0.57	1.99	29	4
1:A:42:ILE:N	1:A:42:ILE:CD1	0.56	2.65	12	8
1:A:67:ALA:O	1:A:83:ILE:CD1	0.56	2.52	7	17
1:A:71:MET:CE	1:A:81:MET:CE	0.56	2.83	19	3
1:A:58:PHE:CD2	1:A:63:SER:HB3	0.56	2.36	16	13
1:A:58:PHE:CD1	1:A:63:SER:HB3	0.56	2.35	2	4
1:A:40:LEU:HD13	1:A:59:LYS:HB2	0.56	1.77	7	1
1:A:66:ASN:O	1:A:70:SER:CB	0.56	2.53	19	20
1:A:57:ILE:HD11	1:A:93:ILE:CG1	0.56	2.29	23	3
1:A:16:LEU:CD1	1:A:76:PHE:CE1	0.56	2.88	25	3
1:A:71:MET:O	1:A:72:GLN:C	0.56	2.48	1	14
1:A:16:LEU:HD12	1:A:77:TYR:CE2	0.56	2.34	23	2
1:A:106:LYS:O	1:A:107:ARG:C	0.56	2.49	41	2
1:A:29:LEU:HB3	1:A:33:PHE:CE2	0.56	2.35	33	18
1:A:25:LEU:HB3	1:A:44:VAL:HG21	0.56	1.78	7	1
1:A:16:LEU:HD12	1:A:77:TYR:HD2	0.56	1.60	8	1
1:A:20:ILE:HD12	1:A:77:TYR:CD2	0.56	2.35	29	4
1:A:32:ILE:HD11	1:A:33:PHE:CZ	0.56	2.36	8	4
1:A:9:HIS:NE2	1:A:57:ILE:CG2	0.56	2.68	23	11
1:A:44:VAL:CG2	1:A:45:SER:N	0.56	2.69	20	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:22:LYS:HB2	1:A:44:VAL:HG21	0.56	1.76	33	1
1:A:8:ASN:O	1:A:9:HIS:CB	0.56	2.53	33	20
1:A:43:LEU:HD13	1:A:93:ILE:HA	0.56	1.78	5	1
1:A:28:SER:O	1:A:32:ILE:CG1	0.56	2.54	39	7
1:A:50:MET:CE	1:A:53:GLN:CB	0.56	2.84	30	4
1:A:50:MET:CE	1:A:50:MET:O	0.56	2.54	22	1
1:A:6:ARG:O	1:A:85:TYR:CD2	0.56	2.59	31	4
1:A:50:MET:HE1	1:A:53:GLN:CB	0.56	2.31	30	3
1:A:9:HIS:NE2	1:A:57:ILE:HG22	0.55	2.16	3	2
1:A:68:LEU:CG	1:A:85:TYR:CE2	0.55	2.89	26	17
1:A:16:LEU:O	1:A:20:ILE:CD1	0.55	2.55	6	12
1:A:71:MET:HE3	1:A:74:PHE:CD2	0.55	2.36	25	2
1:A:77:TYR:C	1:A:80:PRO:HD3	0.55	2.26	35	1
1:A:42:ILE:C	1:A:43:LEU:CD2	0.55	2.79	8	1
1:A:16:LEU:N	1:A:16:LEU:HD13	0.55	2.16	21	2
1:A:90:SER:HA	1:A:93:ILE:HD13	0.55	1.78	25	3
1:A:28:SER:HB2	1:A:76:PHE:CE2	0.55	2.37	42	1
1:A:40:LEU:HD21	1:A:59:LYS:HB2	0.55	1.77	20	5
1:A:56:VAL:HG11	1:A:58:PHE:CE1	0.55	2.37	40	25
1:A:8:ASN:CG	1:A:8:ASN:O	0.55	2.50	16	5
1:A:48:LEU:C	1:A:48:LEU:CD1	0.55	2.80	35	6
1:A:10:THR:CG2	1:A:57:ILE:HD13	0.55	2.31	32	6
1:A:32:ILE:CG1	1:A:71:MET:HE2	0.55	2.31	38	1
1:A:48:LEU:CD2	1:A:48:LEU:C	0.55	2.80	26	6
1:A:36:PHE:CE2	1:A:71:MET:HG2	0.55	2.37	11	6
1:A:112:PRO:O	1:A:113:LYS:CG	0.55	2.54	26	1
1:A:17:ASN:OD1	1:A:17:ASN:N	0.55	2.40	43	1
1:A:36:PHE:CZ	1:A:70:SER:CB	0.55	2.89	6	5
1:A:36:PHE:CE1	1:A:70:SER:OG	0.55	2.57	6	1
1:A:13:ILE:CG2	1:A:16:LEU:CD2	0.55	2.84	25	7
1:A:17:ASN:CB	1:A:20:ILE:CD1	0.55	2.84	17	2
1:A:45:SER:CB	1:A:50:MET:HE2	0.55	2.31	32	5
1:A:28:SER:HB2	1:A:76:PHE:CZ	0.55	2.37	42	3
1:A:89:ASP:OD2	1:A:93:ILE:CD1	0.55	2.55	41	1
1:A:68:LEU:CD1	1:A:69:ARG:CG	0.55	2.84	10	7
1:A:43:LEU:CD2	1:A:57:ILE:CG1	0.55	2.84	20	1
1:A:26:LYS:CG	1:A:44:VAL:HG13	0.55	2.31	37	1
1:A:40:LEU:HD11	1:A:59:LYS:CB	0.54	2.31	24	2
1:A:9:HIS:NE2	1:A:58:PHE:O	0.54	2.40	13	14
1:A:36:PHE:CE2	1:A:70:SER:HB3	0.54	2.37	18	3
1:A:44:VAL:HG12	1:A:45:SER:N	0.54	2.16	19	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:82:ARG:O	1:A:82:ARG:CG	0.54	2.55	31	3
1:A:32:ILE:HD13	1:A:71:MET:HE1	0.54	1.78	36	1
1:A:32:ILE:CD1	1:A:76:PHE:CD1	0.54	2.90	41	1
1:A:28:SER:CB	1:A:77:TYR:OH	0.54	2.55	10	18
1:A:51:ARG:O	1:A:53:GLN:N	0.54	2.39	11	5
1:A:13:ILE:HG23	1:A:16:LEU:CD2	0.54	2.32	35	2
1:A:55:PHE:CD2	1:A:89:ASP:HB2	0.54	2.38	41	1
1:A:20:ILE:HD13	1:A:25:LEU:CD2	0.54	2.33	22	4
1:A:39:ILE:CD1	1:A:56:VAL:HG13	0.54	2.32	20	4
1:A:33:PHE:CD2	1:A:42:ILE:HD11	0.54	2.38	10	2
1:A:16:LEU:O	1:A:20:ILE:HD11	0.54	2.01	12	2
1:A:50:MET:O	1:A:50:MET:CG	0.54	2.55	14	2
1:A:46:ARG:N	1:A:46:ARG:CD	0.54	2.70	39	1
1:A:46:ARG:N	1:A:50:MET:SD	0.54	2.80	22	1
1:A:15:ASN:O	1:A:16:LEU:HD22	0.54	2.03	38	4
1:A:10:THR:OG1	1:A:57:ILE:CD1	0.54	2.55	27	8
1:A:33:PHE:HB3	1:A:39:ILE:CD1	0.54	2.33	25	3
1:A:22:LYS:HE3	1:A:44:VAL:HG11	0.54	1.79	28	2
1:A:38:GLN:HG2	1:A:40:LEU:HD11	0.54	1.77	40	1
1:A:71:MET:O	1:A:73:GLY:N	0.54	2.40	28	21
1:A:17:ASN:O	1:A:18:GLU:C	0.54	2.51	4	1
1:A:17:ASN:O	1:A:19:LYS:N	0.54	2.40	4	1
1:A:7:PRO:HA	1:A:85:TYR:CE1	0.54	2.38	31	11
1:A:8:ASN:O	1:A:9:HIS:HB3	0.54	2.03	6	30
1:A:37:GLY:O	1:A:38:GLN:CB	0.54	2.56	21	16
1:A:68:LEU:CD2	1:A:83:ILE:O	0.54	2.55	1	4
1:A:33:PHE:HA	1:A:36:PHE:CD1	0.54	2.38	20	11
1:A:40:LEU:O	1:A:41:ASP:CB	0.54	2.56	9	32
1:A:45:SER:O	1:A:46:ARG:CD	0.54	2.56	7	1
1:A:16:LEU:HD13	1:A:16:LEU:N	0.54	2.17	14	1
1:A:35:GLN:OE1	1:A:36:PHE:CE1	0.54	2.61	14	1
1:A:78:ASP:O	1:A:79:LYS:CG	0.54	2.56	28	2
1:A:68:LEU:O	1:A:72:GLN:CB	0.54	2.56	34	1
1:A:40:LEU:C	1:A:40:LEU:CD2	0.54	2.80	38	1
1:A:51:ARG:O	1:A:52:GLY:C	0.54	2.50	3	16
1:A:65:THR:O	1:A:69:ARG:CG	0.54	2.56	19	23
1:A:55:PHE:CZ	1:A:92:ILE:HD12	0.54	2.37	31	6
1:A:92:ILE:CG2	1:A:93:ILE:N	0.54	2.71	42	6
1:A:20:ILE:HD13	1:A:25:LEU:HD11	0.54	1.79	20	1
1:A:36:PHE:CZ	1:A:70:SER:HB3	0.54	2.38	6	4
1:A:41:ASP:O	1:A:57:ILE:CG1	0.54	2.56	34	8

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:45:SER:CB	1:A:50:MET:SD	0.53	2.97	15	6
1:A:24:GLU:O	1:A:27:LYS:CG	0.53	2.56	9	7
1:A:33:PHE:CE2	1:A:56:VAL:CG2	0.53	2.91	17	5
1:A:108:GLU:O	1:A:109:LYS:CG	0.53	2.56	6	2
1:A:26:LYS:CG	1:A:44:VAL:HG23	0.53	2.33	12	2
1:A:40:LEU:CB	1:A:57:ILE:O	0.53	2.56	16	2
1:A:71:MET:HE3	1:A:81:MET:HE1	0.53	1.80	38	1
1:A:50:MET:O	1:A:51:ARG:C	0.53	2.50	25	13
1:A:50:MET:O	1:A:50:MET:CE	0.53	2.56	31	9
1:A:76:PHE:HB2	1:A:81:MET:HE2	0.53	1.80	15	4
1:A:12:TYR:CE2	1:A:89:ASP:OD2	0.53	2.61	21	1
1:A:45:SER:O	1:A:50:MET:CE	0.53	2.56	25	3
1:A:74:PHE:CG	1:A:75:PRO:HD2	0.53	2.38	19	10
1:A:74:PHE:CD2	1:A:75:PRO:HD2	0.53	2.39	43	9
1:A:33:PHE:CE1	1:A:71:MET:SD	0.53	3.02	32	3
1:A:43:LEU:HD21	1:A:93:ILE:CG2	0.53	2.33	11	2
1:A:17:ASN:O	1:A:20:ILE:CD1	0.53	2.57	23	14
1:A:111:LYS:N	1:A:112:PRO:HD2	0.53	2.19	6	5
1:A:15:ASN:C	1:A:16:LEU:CD2	0.53	2.81	36	3
1:A:36:PHE:CZ	1:A:71:MET:HG2	0.53	2.38	26	3
1:A:20:ILE:CG2	1:A:25:LEU:HD12	0.53	2.32	12	1
1:A:43:LEU:O	1:A:54:ALA:CB	0.53	2.57	26	3
1:A:12:TYR:CZ	1:A:55:PHE:CZ	0.53	2.95	33	1
1:A:17:ASN:CB	1:A:77:TYR:O	0.53	2.56	35	1
1:A:44:VAL:HG23	1:A:44:VAL:O	0.53	2.01	36	1
1:A:29:LEU:H	1:A:29:LEU:HD22	0.53	1.63	42	1
1:A:40:LEU:CD2	1:A:58:PHE:C	0.53	2.81	19	3
1:A:76:PHE:HB2	1:A:81:MET:HE3	0.53	1.80	4	1
1:A:30:TYR:CD2	1:A:42:ILE:HG13	0.53	2.38	34	14
1:A:81:MET:O	1:A:83:ILE:N	0.53	2.42	18	5
1:A:46:ARG:O	1:A:47:SER:CB	0.53	2.56	15	4
1:A:71:MET:HG2	1:A:81:MET:HE1	0.53	1.75	18	1
1:A:76:PHE:CE1	1:A:77:TYR:CD1	0.53	2.97	29	2
1:A:43:LEU:CD2	1:A:57:ILE:HD11	0.53	2.31	20	1
1:A:66:ASN:O	1:A:70:SER:N	0.53	2.42	9	8
1:A:69:ARG:O	1:A:70:SER:C	0.53	2.52	1	2
1:A:10:THR:HG23	1:A:56:VAL:C	0.53	2.28	42	7
1:A:12:TYR:O	1:A:84:GLN:NE2	0.53	2.42	10	5
1:A:20:ILE:HD11	1:A:77:TYR:HD2	0.53	1.64	10	5
1:A:82:ARG:CG	1:A:82:ARG:O	0.53	2.56	19	1
1:A:43:LEU:HD21	1:A:57:ILE:CD1	0.53	2.34	20	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:22:LYS:O	1:A:24:GLU:N	0.53	2.42	14	5
1:A:107:ARG:O	1:A:108:GLU:C	0.53	2.52	35	6
1:A:44:VAL:CG1	1:A:53:GLN:O	0.53	2.56	43	2
1:A:71:MET:HB3	1:A:74:PHE:CG	0.53	2.39	23	5
1:A:31:ALA:O	1:A:32:ILE:CG2	0.53	2.57	34	6
1:A:44:VAL:HG12	1:A:54:ALA:HB1	0.53	1.76	7	2
1:A:39:ILE:CG2	1:A:42:ILE:HG13	0.53	2.34	27	13
1:A:55:PHE:CD2	1:A:89:ASP:CB	0.53	2.92	41	1
1:A:82:ARG:O	1:A:84:GLN:NE2	0.53	2.42	17	8
1:A:28:SER:O	1:A:32:ILE:CD1	0.53	2.57	40	2
1:A:109:LYS:C	1:A:110:ARG:CG	0.53	2.82	25	1
1:A:15:ASN:O	1:A:15:ASN:ND2	0.53	2.41	35	1
1:A:39:ILE:C	1:A:40:LEU:HD22	0.52	2.29	40	4
1:A:42:ILE:O	1:A:43:LEU:CD2	0.52	2.57	18	3
1:A:65:THR:O	1:A:69:ARG:CD	0.52	2.57	36	3
1:A:43:LEU:CD1	1:A:57:ILE:CG1	0.52	2.88	4	2
1:A:14:ASN:OD1	1:A:53:GLN:CG	0.52	2.57	36	5
1:A:45:SER:OG	1:A:50:MET:CB	0.52	2.57	42	1
1:A:21:LYS:O	1:A:22:LYS:O	0.52	2.27	1	30
1:A:18:GLU:O	1:A:19:LYS:CG	0.52	2.57	4	2
1:A:40:LEU:CD2	1:A:57:ILE:O	0.52	2.56	17	3
1:A:71:MET:O	1:A:81:MET:CG	0.52	2.58	5	3
1:A:83:ILE:C	1:A:84:GLN:CG	0.52	2.83	18	12
1:A:43:LEU:CD1	1:A:93:ILE:HG12	0.52	2.34	8	4
1:A:55:PHE:CE2	1:A:89:ASP:OD2	0.52	2.62	21	2
1:A:6:ARG:O	1:A:85:TYR:CB	0.52	2.57	9	5
1:A:48:LEU:C	1:A:48:LEU:CD2	0.52	2.81	13	2
1:A:28:SER:OG	1:A:76:PHE:CZ	0.52	2.60	20	3
1:A:16:LEU:HD13	1:A:16:LEU:H	0.52	1.62	21	1
1:A:22:LYS:CE	1:A:44:VAL:CG2	0.52	2.87	22	2
1:A:20:ILE:HB	1:A:25:LEU:HD11	0.52	1.81	35	1
1:A:36:PHE:CE1	1:A:70:SER:HB2	0.52	2.39	35	2
1:A:36:PHE:CD2	1:A:67:ALA:CA	0.52	2.91	4	13
1:A:28:SER:HB3	1:A:76:PHE:CZ	0.52	2.39	43	10
1:A:16:LEU:HD12	1:A:77:TYR:CG	0.52	2.40	42	5
1:A:44:VAL:HG22	1:A:54:ALA:CB	0.52	2.34	17	2
1:A:17:ASN:HB3	1:A:20:ILE:CD1	0.52	2.35	17	2
1:A:113:LYS:CD	1:A:113:LYS:N	0.52	2.71	31	1
1:A:66:ASN:CG	1:A:67:ALA:N	0.52	2.68	36	1
1:A:112:PRO:O	1:A:113:LYS:CB	0.52	2.57	36	1
1:A:43:LEU:HD11	1:A:57:ILE:CD1	0.52	2.34	39	5

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:73:GLY:O	1:A:74:PHE:C	0.52	2.53	5	23
1:A:22:LYS:O	1:A:23:ASP:C	0.52	2.52	17	9
1:A:26:LYS:CG	1:A:44:VAL:CG2	0.52	2.87	12	1
1:A:39:ILE:N	1:A:39:ILE:HD13	0.52	2.17	13	2
1:A:89:ASP:N	1:A:89:ASP:OD1	0.52	2.43	13	2
1:A:71:MET:CG	1:A:83:ILE:HD11	0.52	2.34	27	1
1:A:10:THR:HA	1:A:56:VAL:O	0.52	2.04	25	34
1:A:20:ILE:HG21	1:A:25:LEU:CD2	0.52	2.35	10	1
1:A:52:GLY:O	1:A:53:GLN:CG	0.52	2.57	14	1
1:A:68:LEU:CG	1:A:85:TYR:CZ	0.52	2.93	17	36
1:A:12:TYR:OH	1:A:53:GLN:NE2	0.52	2.43	28	9
1:A:68:LEU:CD1	1:A:69:ARG:HG2	0.52	2.35	10	6
1:A:57:ILE:CD1	1:A:93:ILE:HD11	0.52	2.33	32	6
1:A:36:PHE:CE2	1:A:71:MET:SD	0.52	3.03	31	1
1:A:71:MET:HB3	1:A:81:MET:HE2	0.52	1.82	5	1
1:A:39:ILE:HG23	1:A:42:ILE:CG1	0.52	2.35	41	5
1:A:13:ILE:HD12	1:A:54:ALA:O	0.52	2.05	23	1
1:A:68:LEU:HA	1:A:83:ILE:HD12	0.52	1.81	31	4
1:A:14:ASN:O	1:A:16:LEU:CD2	0.52	2.58	13	1
1:A:69:ARG:O	1:A:72:GLN:CB	0.52	2.57	26	2
1:A:68:LEU:O	1:A:72:GLN:NE2	0.52	2.42	16	10
1:A:71:MET:SD	1:A:74:PHE:CB	0.52	2.98	1	3
1:A:43:LEU:C	1:A:44:VAL:HG13	0.52	2.29	3	1
1:A:43:LEU:O	1:A:44:VAL:CG1	0.52	2.58	3	1
1:A:72:GLN:HE21	1:A:83:ILE:HD12	0.52	1.64	5	2
1:A:32:ILE:O	1:A:35:GLN:CG	0.52	2.58	32	3
1:A:14:ASN:OD1	1:A:14:ASN:N	0.52	2.43	19	2
1:A:88:THR:HG22	1:A:88:THR:O	0.52	2.03	19	1
1:A:43:LEU:O	1:A:55:PHE:CD1	0.52	2.62	22	1
1:A:63:SER:O	1:A:66:ASN:ND2	0.52	2.42	36	1
1:A:106:LYS:O	1:A:106:LYS:CG	0.51	2.57	1	3
1:A:42:ILE:CG1	1:A:56:VAL:HG13	0.51	2.35	24	2
1:A:16:LEU:O	1:A:20:ILE:CG1	0.51	2.58	36	2
1:A:26:LYS:HG2	1:A:44:VAL:CG2	0.51	2.35	12	1
1:A:48:LEU:O	1:A:51:ARG:CG	0.51	2.59	35	2
1:A:21:LYS:O	1:A:22:LYS:C	0.51	2.54	4	23
1:A:43:LEU:CD1	1:A:93:ILE:HG13	0.51	2.35	2	13
1:A:7:PRO:HA	1:A:85:TYR:CE2	0.51	2.41	11	16
1:A:13:ILE:CG2	1:A:14:ASN:N	0.51	2.73	13	6
1:A:80:PRO:O	1:A:82:ARG:N	0.51	2.43	14	3
1:A:70:SER:O	1:A:74:PHE:CD1	0.51	2.64	41	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:36:PHE:CD2	1:A:66:ASN:OD1	0.51	2.63	36	1
1:A:17:ASN:ND2	1:A:77:TYR:O	0.51	2.43	39	4
1:A:9:HIS:CD2	1:A:9:HIS:O	0.51	2.63	13	2
1:A:40:LEU:CD1	1:A:59:LYS:HA	0.51	2.35	5	2
1:A:71:MET:HG2	1:A:74:PHE:CG	0.51	2.40	42	2
1:A:77:TYR:CD1	1:A:77:TYR:N	0.51	2.77	23	27
1:A:37:GLY:O	1:A:38:GLN:CG	0.51	2.59	15	6
1:A:20:ILE:HD13	1:A:77:TYR:CE2	0.51	2.41	7	4
1:A:22:LYS:HE2	1:A:44:VAL:CG2	0.51	2.36	22	1
1:A:14:ASN:ND2	1:A:53:GLN:CG	0.51	2.73	35	1
1:A:71:MET:HE2	1:A:74:PHE:CB	0.51	2.35	41	1
1:A:33:PHE:O	1:A:34:SER:C	0.51	2.53	20	21
1:A:55:PHE:CZ	1:A:92:ILE:HG22	0.51	2.40	1	2
1:A:87:LYS:O	1:A:88:THR:HB	0.51	2.05	13	35
1:A:36:PHE:CE2	1:A:70:SER:CB	0.51	2.94	18	3
1:A:39:ILE:HG23	1:A:42:ILE:HG13	0.51	1.82	24	1
1:A:33:PHE:CB	1:A:58:PHE:CZ	0.51	2.94	31	1
1:A:16:LEU:O	1:A:17:ASN:O	0.51	2.28	20	15
1:A:58:PHE:CG	1:A:63:SER:HB2	0.51	2.40	42	6
1:A:21:LYS:O	1:A:21:LYS:CG	0.51	2.58	41	2
1:A:27:LYS:CD	1:A:27:LYS:C	0.51	2.83	18	1
1:A:71:MET:HE2	1:A:74:PHE:HB3	0.51	1.82	41	1
1:A:32:ILE:HD12	1:A:71:MET:HE2	0.51	1.82	43	1
1:A:36:PHE:CE2	1:A:70:SER:HB2	0.51	2.41	26	4
1:A:55:PHE:CD1	1:A:89:ASP:OD2	0.51	2.63	1	1
1:A:68:LEU:HD13	1:A:69:ARG:CA	0.51	2.36	33	7
1:A:50:MET:C	1:A:50:MET:SD	0.51	2.94	31	7
1:A:25:LEU:HD23	1:A:76:PHE:CE2	0.51	2.40	21	1
1:A:68:LEU:CD1	1:A:69:ARG:HG3	0.51	2.35	37	1
1:A:91:ASP:O	1:A:94:ALA:HB3	0.51	2.06	43	1
1:A:68:LEU:CD1	1:A:85:TYR:CE2	0.51	2.94	17	17
1:A:89:ASP:HA	1:A:92:ILE:HD12	0.51	1.81	1	3
1:A:43:LEU:CD1	1:A:55:PHE:CD1	0.51	2.94	14	2
1:A:33:PHE:CB	1:A:58:PHE:CE1	0.51	2.94	31	1
1:A:30:TYR:CE2	1:A:42:ILE:HG13	0.51	2.41	28	18
1:A:71:MET:HG2	1:A:74:PHE:CD2	0.51	2.40	36	2
1:A:50:MET:CE	1:A:53:GLN:O	0.51	2.56	3	3
1:A:76:PHE:CB	1:A:81:MET:HE3	0.51	2.36	4	1
1:A:39:ILE:O	1:A:40:LEU:HD23	0.51	2.06	5	1
1:A:32:ILE:HD12	1:A:33:PHE:CZ	0.51	2.41	6	1
1:A:49:LYS:C	1:A:51:ARG:N	0.51	2.66	7	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:30:TYR:CZ	1:A:39:ILE:CG2	0.51	2.91	29	4
1:A:71:MET:SD	1:A:71:MET:N	0.51	2.83	15	1
1:A:43:LEU:HD23	1:A:55:PHE:C	0.51	2.31	23	1
1:A:105:ARG:O	1:A:105:ARG:CG	0.51	2.58	42	1
1:A:50:MET:HE2	1:A:50:MET:CA	0.50	2.36	4	1
1:A:105:ARG:O	1:A:107:ARG:N	0.50	2.44	9	1
1:A:33:PHE:O	1:A:36:PHE:N	0.50	2.44	36	9
1:A:8:ASN:ND2	1:A:88:THR:OG1	0.50	2.44	39	2
1:A:36:PHE:CE2	1:A:71:MET:HG3	0.50	2.41	2	4
1:A:40:LEU:N	1:A:40:LEU:HD22	0.50	2.21	8	3
1:A:39:ILE:CD1	1:A:56:VAL:HG11	0.50	2.36	22	7
1:A:9:HIS:CE1	1:A:57:ILE:CG2	0.50	2.95	40	2
1:A:109:LYS:O	1:A:110:ARG:C	0.50	2.55	25	5
1:A:28:SER:HB3	1:A:76:PHE:CE1	0.50	2.41	36	3
1:A:29:LEU:HB3	1:A:42:ILE:HG21	0.50	1.80	19	1
1:A:40:LEU:CD2	1:A:59:LYS:N	0.50	2.72	21	3
1:A:43:LEU:HD13	1:A:93:ILE:HD12	0.50	1.83	39	3
1:A:10:THR:OG1	1:A:57:ILE:HD12	0.50	2.06	27	3
1:A:30:TYR:CE2	1:A:39:ILE:CG2	0.50	2.95	11	5
1:A:14:ASN:OD1	1:A:15:ASN:N	0.50	2.44	25	2
1:A:76:PHE:CB	1:A:81:MET:SD	0.50	2.99	37	2
1:A:43:LEU:HD23	1:A:43:LEU:N	0.50	2.22	26	4
1:A:71:MET:O	1:A:74:PHE:N	0.50	2.45	36	8
1:A:89:ASP:O	1:A:92:ILE:CG2	0.50	2.57	24	6
1:A:15:ASN:H	1:A:16:LEU:HD22	0.50	1.67	27	3
1:A:52:GLY:O	1:A:53:GLN:O	0.50	2.30	7	6
1:A:74:PHE:CB	1:A:81:MET:SD	0.50	2.99	6	3
1:A:33:PHE:HB3	1:A:67:ALA:HB2	0.50	1.83	12	3
1:A:22:LYS:CE	1:A:44:VAL:CG1	0.50	2.89	19	1
1:A:71:MET:O	1:A:81:MET:HB3	0.50	2.07	35	1
1:A:40:LEU:HD23	1:A:40:LEU:N	0.50	2.22	36	1
1:A:83:ILE:C	1:A:84:GLN:HG3	0.50	2.32	25	32
1:A:26:LYS:O	1:A:27:LYS:C	0.50	2.55	23	4
1:A:58:PHE:N	1:A:58:PHE:CD1	0.50	2.79	13	1
1:A:38:GLN:C	1:A:39:ILE:HD13	0.50	2.31	17	2
1:A:109:LYS:O	1:A:109:LYS:CG	0.50	2.58	11	3
1:A:16:LEU:CB	1:A:25:LEU:CD2	0.50	2.87	24	1
1:A:33:PHE:CZ	1:A:67:ALA:HB1	0.50	2.42	42	1
1:A:36:PHE:HB3	1:A:66:ASN:CB	0.50	2.36	4	19
1:A:16:LEU:CD2	1:A:52:GLY:O	0.50	2.53	7	2
1:A:41:ASP:CB	1:A:57:ILE:HB	0.50	2.37	25	17

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:26:LYS:HG2	1:A:44:VAL:HG23	0.50	1.84	12	2
1:A:10:THR:CG2	1:A:55:PHE:HB2	0.50	2.36	19	1
1:A:107:ARG:C	1:A:107:ARG:CD	0.50	2.85	19	1
1:A:37:GLY:HA3	1:A:63:SER:CB	0.49	2.37	31	28
1:A:111:LYS:CB	1:A:112:PRO:HD3	0.49	2.37	2	4
1:A:68:LEU:CD1	1:A:85:TYR:CE1	0.49	2.95	28	23
1:A:39:ILE:O	1:A:40:LEU:CD2	0.49	2.57	31	3
1:A:44:VAL:HG22	1:A:45:SER:H	0.49	1.65	21	1
1:A:50:MET:HE1	1:A:53:GLN:HB3	0.49	1.84	30	2
1:A:24:GLU:O	1:A:25:LEU:C	0.49	2.55	38	10
1:A:74:PHE:CB	1:A:75:PRO:HD2	0.49	2.37	19	3
1:A:48:LEU:HD23	1:A:48:LEU:C	0.49	2.32	15	1
1:A:22:LYS:CA	1:A:22:LYS:CE	0.49	2.90	26	1
1:A:12:TYR:CZ	1:A:55:PHE:CE2	0.49	2.99	33	1
1:A:13:ILE:O	1:A:53:GLN:CB	0.49	2.60	7	1
1:A:13:ILE:CD1	1:A:33:PHE:CZ	0.49	2.95	10	1
1:A:55:PHE:HE2	1:A:92:ILE:HG21	0.49	1.60	32	1
1:A:50:MET:O	1:A:51:ARG:O	0.49	2.30	8	6
1:A:66:ASN:O	1:A:70:SER:HB3	0.49	2.07	7	4
1:A:22:LYS:CE	1:A:44:VAL:O	0.49	2.60	11	1
1:A:12:TYR:CE1	1:A:53:GLN:HG2	0.49	2.42	30	1
1:A:17:ASN:OD1	1:A:77:TYR:CB	0.49	2.60	43	1
1:A:52:GLY:O	1:A:53:GLN:C	0.49	2.54	6	11
1:A:55:PHE:CE2	1:A:92:ILE:CG2	0.49	2.91	32	3
1:A:44:VAL:C	1:A:50:MET:SD	0.49	2.95	3	1
1:A:45:SER:O	1:A:46:ARG:HD2	0.49	2.08	7	1
1:A:16:LEU:CD2	1:A:16:LEU:N	0.49	2.74	34	5
1:A:26:LYS:HA	1:A:29:LEU:CD2	0.49	2.37	42	2
1:A:65:THR:HA	1:A:85:TYR:OH	0.49	2.08	33	37
1:A:34:SER:N	1:A:39:ILE:HG12	0.49	2.23	2	4
1:A:40:LEU:HD22	1:A:59:LYS:HA	0.49	1.85	7	1
1:A:45:SER:C	1:A:50:MET:HE3	0.49	2.33	10	2
1:A:46:ARG:O	1:A:50:MET:CB	0.49	2.60	15	1
1:A:108:GLU:CG	1:A:108:GLU:O	0.49	2.61	29	2
1:A:76:PHE:HB2	1:A:81:MET:CG	0.49	2.37	42	3
1:A:76:PHE:CZ	1:A:77:TYR:OH	0.49	2.65	35	1
1:A:40:LEU:C	1:A:40:LEU:HD22	0.49	2.32	38	1
1:A:32:ILE:HG13	1:A:33:PHE:N	0.49	2.23	42	6
1:A:50:MET:CE	1:A:50:MET:HA	0.49	2.38	13	1
1:A:22:LYS:CE	1:A:44:VAL:HG21	0.49	2.38	20	1
1:A:11:ILE:CG1	1:A:56:VAL:HB	0.49	2.37	28	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:17:ASN:HB2	1:A:77:TYR:O	0.49	2.08	35	1
1:A:15:ASN:O	1:A:79:LYS:CB	0.49	2.60	39	1
1:A:16:LEU:HG	1:A:25:LEU:CD2	0.49	2.38	2	2
1:A:55:PHE:CZ	1:A:92:ILE:HG23	0.49	2.42	4	1
1:A:89:ASP:OD2	1:A:92:ILE:CD1	0.49	2.60	8	1
1:A:84:GLN:N	1:A:84:GLN:CD	0.49	2.71	11	1
1:A:42:ILE:CG2	1:A:56:VAL:HG22	0.49	2.37	20	1
1:A:39:ILE:C	1:A:40:LEU:HD12	0.49	2.33	25	1
1:A:11:ILE:CG1	1:A:11:ILE:O	0.49	2.61	31	1
1:A:72:GLN:NE2	1:A:83:ILE:O	0.49	2.45	41	1
1:A:45:SER:OG	1:A:55:PHE:CE1	0.49	2.66	43	1
1:A:15:ASN:CG	1:A:80:PRO:O	0.49	2.56	4	1
1:A:26:LYS:CG	1:A:27:LYS:N	0.49	2.75	7	3
1:A:106:LYS:O	1:A:107:ARG:CB	0.49	2.61	25	1
1:A:18:GLU:OE2	1:A:51:ARG:CB	0.49	2.60	36	1
1:A:20:ILE:HD12	1:A:77:TYR:HD2	0.49	1.67	14	3
1:A:110:ARG:O	1:A:111:LYS:C	0.49	2.56	14	10
1:A:11:ILE:HG12	1:A:56:VAL:HB	0.49	1.85	28	6
1:A:89:ASP:O	1:A:90:SER:C	0.49	2.55	41	8
1:A:43:LEU:HG	1:A:93:ILE:CG1	0.49	2.37	8	1
1:A:45:SER:O	1:A:46:ARG:C	0.49	2.55	16	4
1:A:76:PHE:CB	1:A:81:MET:HE2	0.49	2.38	15	2
1:A:13:ILE:C	1:A:14:ASN:OD1	0.49	2.56	35	1
1:A:43:LEU:HD12	1:A:93:ILE:CG1	0.48	2.38	8	1
1:A:84:GLN:O	1:A:85:TYR:O	0.48	2.31	38	10
1:A:58:PHE:CE2	1:A:64:ALA:HA	0.48	2.42	11	3
1:A:10:THR:HG23	1:A:57:ILE:CD1	0.48	2.35	12	1
1:A:50:MET:HE1	1:A:53:GLN:CA	0.48	2.38	16	1
1:A:28:SER:CB	1:A:77:TYR:HH	0.48	2.20	20	1
1:A:74:PHE:HB3	1:A:81:MET:HE3	0.48	1.84	21	1
1:A:14:ASN:ND2	1:A:53:GLN:CD	0.48	2.72	35	1
1:A:74:PHE:CD1	1:A:74:PHE:C	0.48	2.91	36	1
1:A:71:MET:SD	1:A:81:MET:HE1	0.48	2.48	37	1
1:A:30:TYR:CZ	1:A:39:ILE:O	0.48	2.66	13	2
1:A:51:ARG:O	1:A:51:ARG:HD3	0.48	2.07	21	1
1:A:46:ARG:N	1:A:46:ARG:HD3	0.48	2.23	39	2
1:A:79:LYS:CG	1:A:80:PRO:HD2	0.48	2.39	24	2
1:A:112:PRO:O	1:A:113:LYS:O	0.48	2.31	26	5
1:A:25:LEU:HD23	1:A:25:LEU:O	0.48	2.08	5	1
1:A:38:GLN:O	1:A:39:ILE:C	0.48	2.56	34	7
1:A:45:SER:O	1:A:50:MET:HB3	0.48	2.07	16	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:8:ASN:O	1:A:8:ASN:CG	0.48	2.56	13	3
1:A:12:TYR:HB2	1:A:84:GLN:O	0.48	2.08	9	7
1:A:83:ILE:HG22	1:A:84:GLN:H	0.48	1.68	15	4
1:A:70:SER:O	1:A:74:PHE:CE1	0.48	2.66	41	3
1:A:50:MET:HE3	1:A:50:MET:CA	0.48	2.39	24	2
1:A:30:TYR:HA	1:A:42:ILE:CD1	0.48	2.39	33	4
1:A:65:THR:O	1:A:69:ARG:HG2	0.48	2.09	9	20
1:A:29:LEU:O	1:A:32:ILE:CG1	0.48	2.62	24	5
1:A:74:PHE:CB	1:A:75:PRO:CD	0.48	2.91	19	3
1:A:46:ARG:O	1:A:50:MET:HB3	0.48	2.08	15	1
1:A:20:ILE:HG21	1:A:25:LEU:CG	0.48	2.38	21	1
1:A:46:ARG:O	1:A:51:ARG:NH2	0.48	2.46	6	1
1:A:108:GLU:O	1:A:109:LYS:C	0.48	2.56	21	3
1:A:71:MET:HA	1:A:74:PHE:CG	0.48	2.43	29	3
1:A:48:LEU:HD22	1:A:51:ARG:HD2	0.48	1.84	24	1
1:A:50:MET:O	1:A:50:MET:SD	0.48	2.72	25	2
1:A:71:MET:O	1:A:81:MET:HB2	0.48	2.09	39	1
1:A:43:LEU:CD1	1:A:93:ILE:HD11	0.48	2.39	1	3
1:A:30:TYR:OH	1:A:40:LEU:C	0.48	2.57	4	6
1:A:12:TYR:O	1:A:84:GLN:OE1	0.48	2.32	11	1
1:A:50:MET:HE2	1:A:50:MET:O	0.48	2.08	36	1
1:A:15:ASN:O	1:A:16:LEU:C	0.48	2.56	21	5
1:A:20:ILE:CG2	1:A:24:GLU:HB2	0.48	2.38	10	1
1:A:29:LEU:CB	1:A:42:ILE:HD13	0.48	2.39	14	2
1:A:70:SER:O	1:A:71:MET:C	0.48	2.56	18	2
1:A:29:LEU:O	1:A:30:TYR:C	0.48	2.56	23	1
1:A:16:LEU:HD12	1:A:25:LEU:CD1	0.48	2.39	36	1
1:A:76:PHE:O	1:A:77:TYR:HB2	0.48	2.09	19	21
1:A:76:PHE:O	1:A:79:LYS:O	0.48	2.32	3	2
1:A:43:LEU:CD2	1:A:93:ILE:HG13	0.48	2.38	10	6
1:A:105:ARG:CG	1:A:106:LYS:N	0.48	2.75	18	1
1:A:88:THR:O	1:A:88:THR:CG2	0.48	2.61	31	2
1:A:50:MET:CE	1:A:50:MET:CA	0.48	2.92	36	1
1:A:66:ASN:O	1:A:70:SER:OG	0.47	2.32	35	10
1:A:73:GLY:O	1:A:74:PHE:O	0.47	2.32	25	14
1:A:58:PHE:CZ	1:A:67:ALA:CB	0.47	2.97	36	5
1:A:15:ASN:O	1:A:16:LEU:HD13	0.47	2.08	24	1
1:A:13:ILE:HD11	1:A:33:PHE:HZ	0.47	1.69	28	2
1:A:33:PHE:O	1:A:35:GLN:N	0.47	2.47	40	10
1:A:61:VAL:CG1	1:A:62:SER:N	0.47	2.77	6	1
1:A:30:TYR:CD2	1:A:39:ILE:HG21	0.47	2.44	11	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:66:ASN:O	1:A:70:SER:HB2	0.47	2.09	37	23
1:A:89:ASP:CG	1:A:89:ASP:O	0.47	2.57	1	1
1:A:58:PHE:CB	1:A:63:SER:HB2	0.47	2.39	13	3
1:A:17:ASN:ND2	1:A:78:ASP:OD2	0.47	2.47	16	1
1:A:70:SER:C	1:A:72:GLN:N	0.47	2.72	18	2
1:A:58:PHE:CE1	1:A:64:ALA:HA	0.47	2.44	41	1
1:A:19:LYS:O	1:A:20:ILE:C	0.47	2.57	42	1
1:A:71:MET:HE1	1:A:81:MET:HE3	0.47	1.85	42	1
1:A:37:GLY:O	1:A:38:GLN:CD	0.47	2.56	43	1
1:A:25:LEU:HD23	1:A:44:VAL:HG11	0.47	1.86	4	1
1:A:43:LEU:HD13	1:A:93:ILE:HD11	0.47	1.86	12	2
1:A:108:GLU:O	1:A:110:ARG:N	0.47	2.47	33	1
1:A:72:GLN:NE2	1:A:72:GLN:HA	0.47	2.24	6	5
1:A:26:LYS:HG3	1:A:27:LYS:N	0.47	2.24	20	4
1:A:45:SER:O	1:A:46:ARG:HB2	0.47	2.09	7	2
1:A:45:SER:CB	1:A:50:MET:HG2	0.47	2.40	43	8
1:A:22:LYS:HD2	1:A:44:VAL:CG1	0.47	2.39	12	1
1:A:28:SER:O	1:A:32:ILE:HG12	0.47	2.09	36	8
1:A:85:TYR:O	1:A:86:ALA:C	0.47	2.57	26	2
1:A:83:ILE:HG22	1:A:84:GLN:N	0.47	2.24	33	4
1:A:32:ILE:CD1	1:A:33:PHE:N	0.47	2.73	16	1
1:A:16:LEU:HD12	1:A:76:PHE:CD1	0.47	2.43	18	1
1:A:16:LEU:HB3	1:A:25:LEU:CD1	0.47	2.40	37	2
1:A:16:LEU:HA	1:A:80:PRO:CB	0.47	2.40	35	1
1:A:11:ILE:HA	1:A:85:TYR:HA	0.47	1.86	13	20
1:A:45:SER:O	1:A:46:ARG:CG	0.47	2.62	3	1
1:A:29:LEU:CD1	1:A:44:VAL:HG11	0.47	2.39	7	1
1:A:45:SER:O	1:A:46:ARG:CB	0.47	2.62	7	2
1:A:112:PRO:O	1:A:113:LYS:HG3	0.47	2.09	26	1
1:A:71:MET:HE3	1:A:81:MET:CE	0.47	2.39	36	1
1:A:15:ASN:ND2	1:A:79:LYS:NZ	0.47	2.63	38	1
1:A:45:SER:HA	1:A:50:MET:CB	0.47	2.39	3	2
1:A:45:SER:O	1:A:46:ARG:HG2	0.47	2.08	3	1
1:A:48:LEU:C	1:A:50:MET:N	0.47	2.72	7	3
1:A:82:ARG:O	1:A:82:ARG:HG3	0.47	2.10	19	3
1:A:22:LYS:N	1:A:22:LYS:HD2	0.47	2.24	32	9
1:A:10:THR:CG2	1:A:55:PHE:HB3	0.47	2.39	6	5
1:A:28:SER:HB2	1:A:77:TYR:OH	0.47	2.10	35	8
1:A:46:ARG:O	1:A:47:SER:O	0.47	2.33	6	2
1:A:87:LYS:O	1:A:88:THR:OG1	0.47	2.33	6	2
1:A:12:TYR:HB3	1:A:84:GLN:O	0.47	2.09	28	12

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:15:ASN:OD1	1:A:80:PRO:O	0.47	2.33	14	2
1:A:33:PHE:HB3	1:A:58:PHE:CZ	0.47	2.44	14	3
1:A:29:LEU:HA	1:A:32:ILE:CG1	0.47	2.40	36	4
1:A:28:SER:OG	1:A:76:PHE:CE1	0.47	2.62	21	1
1:A:55:PHE:HB2	1:A:89:ASP:OD2	0.47	2.10	41	1
1:A:36:PHE:CZ	1:A:71:MET:HG3	0.47	2.45	42	2
1:A:65:THR:HG22	1:A:69:ARG:CD	0.47	2.39	27	4
1:A:16:LEU:O	1:A:20:ILE:HD12	0.47	2.09	31	4
1:A:9:HIS:CA	1:A:61:VAL:HG22	0.47	2.40	9	1
1:A:50:MET:SD	1:A:53:GLN:CB	0.47	3.03	12	3
1:A:89:ASP:O	1:A:92:ILE:N	0.47	2.48	41	3
1:A:57:ILE:HD11	1:A:93:ILE:HG12	0.47	1.87	14	1
1:A:29:LEU:HD22	1:A:29:LEU:H	0.47	1.69	20	1
1:A:44:VAL:HG13	1:A:45:SER:H	0.47	1.69	21	1
1:A:87:LYS:O	1:A:87:LYS:CG	0.47	2.60	21	1
1:A:6:ARG:CG	1:A:7:PRO:HD2	0.47	2.40	30	1
1:A:45:SER:O	1:A:50:MET:O	0.47	2.33	13	6
1:A:68:LEU:CD2	1:A:83:ILE:C	0.47	2.88	2	2
1:A:108:GLU:O	1:A:108:GLU:CG	0.47	2.63	4	2
1:A:44:VAL:O	1:A:45:SER:O	0.47	2.33	7	1
1:A:49:LYS:O	1:A:51:ARG:N	0.47	2.48	7	1
1:A:91:ASP:CG	1:A:92:ILE:N	0.47	2.73	40	2
1:A:33:PHE:C	1:A:39:ILE:HD11	0.47	2.34	17	4
1:A:56:VAL:HG12	1:A:58:PHE:CE1	0.47	2.44	41	2
1:A:81:MET:CE	1:A:81:MET:HA	0.47	2.40	26	2
1:A:48:LEU:HD23	1:A:48:LEU:N	0.47	2.22	16	1
1:A:39:ILE:CG2	1:A:42:ILE:HG12	0.47	2.39	18	1
1:A:22:LYS:CE	1:A:44:VAL:HG12	0.47	2.40	19	1
1:A:71:MET:CB	1:A:74:PHE:HB2	0.47	2.40	19	1
1:A:45:SER:O	1:A:50:MET:SD	0.47	2.73	43	3
1:A:8:ASN:CA	1:A:61:VAL:HG13	0.47	2.40	29	1
1:A:43:LEU:HD12	1:A:55:PHE:HD2	0.47	1.70	42	1
1:A:110:ARG:O	1:A:110:ARG:CG	0.47	2.63	26	2
1:A:22:LYS:HE3	1:A:44:VAL:HG21	0.47	1.87	37	2
1:A:109:LYS:C	1:A:110:ARG:HG2	0.47	2.35	25	1
1:A:81:MET:HA	1:A:81:MET:CE	0.47	2.39	35	1
1:A:55:PHE:CD2	1:A:89:ASP:CG	0.47	2.93	37	2
1:A:14:ASN:O	1:A:14:ASN:CG	0.46	2.57	15	3
1:A:89:ASP:O	1:A:89:ASP:OD1	0.46	2.34	1	1
1:A:20:ILE:CG2	1:A:25:LEU:HB2	0.46	2.40	36	3
1:A:24:GLU:O	1:A:27:LYS:HG2	0.46	2.10	4	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:28:SER:HB3	1:A:77:TYR:OH	0.46	2.11	8	5
1:A:16:LEU:HD13	1:A:76:PHE:CD1	0.46	2.45	25	1
1:A:68:LEU:O	1:A:72:GLN:HB3	0.46	2.11	34	1
1:A:41:ASP:HB3	1:A:57:ILE:CG1	0.46	2.40	36	3
1:A:61:VAL:HG13	1:A:62:SER:N	0.46	2.26	6	1
1:A:25:LEU:O	1:A:29:LEU:CD1	0.46	2.62	21	3
1:A:43:LEU:HD22	1:A:93:ILE:HG23	0.46	1.87	42	2
1:A:45:SER:O	1:A:50:MET:CB	0.46	2.63	16	1
1:A:22:LYS:HE3	1:A:44:VAL:CG1	0.46	2.41	28	2
1:A:46:ARG:O	1:A:47:SER:C	0.46	2.59	6	1
1:A:16:LEU:HD11	1:A:81:MET:SD	0.46	2.50	7	2
1:A:71:MET:CB	1:A:81:MET:SD	0.46	3.03	10	3
1:A:12:TYR:CE1	1:A:53:GLN:CD	0.46	2.94	14	3
1:A:105:ARG:O	1:A:106:LYS:O	0.46	2.33	14	5
1:A:45:SER:N	1:A:50:MET:HG2	0.46	2.25	16	2
1:A:55:PHE:CE2	1:A:92:ILE:CD1	0.46	2.94	39	2
1:A:40:LEU:HD13	1:A:59:LYS:N	0.46	2.24	27	1
1:A:33:PHE:HB3	1:A:58:PHE:CE1	0.46	2.45	31	1
1:A:26:LYS:HG2	1:A:44:VAL:HG13	0.46	1.86	36	1
1:A:29:LEU:HA	1:A:32:ILE:CD1	0.46	2.41	4	12
1:A:81:MET:O	1:A:82:ARG:C	0.46	2.57	3	1
1:A:11:ILE:CD1	1:A:56:VAL:HG21	0.46	2.36	9	3
1:A:92:ILE:O	1:A:93:ILE:C	0.46	2.57	43	2
1:A:26:LYS:O	1:A:28:SER:N	0.46	2.49	23	2
1:A:20:ILE:HG12	1:A:77:TYR:CD2	0.46	2.45	35	1
1:A:90:SER:HA	1:A:93:ILE:HD12	0.46	1.88	42	1
1:A:41:ASP:O	1:A:57:ILE:HG12	0.46	2.11	14	15
1:A:43:LEU:CD1	1:A:92:ILE:CG2	0.46	2.93	5	1
1:A:29:LEU:O	1:A:32:ILE:HG12	0.46	2.11	8	4
1:A:16:LEU:O	1:A:20:ILE:HG13	0.46	2.11	36	2
1:A:78:ASP:OD1	1:A:78:ASP:O	0.46	2.32	19	2
1:A:50:MET:SD	1:A:50:MET:C	0.46	2.98	25	2
1:A:30:TYR:OH	1:A:40:LEU:O	0.46	2.34	20	1
1:A:38:GLN:O	1:A:40:LEU:CD1	0.46	2.64	27	2
1:A:31:ALA:C	1:A:32:ILE:CG1	0.46	2.88	39	2
1:A:33:PHE:CE1	1:A:67:ALA:HA	0.46	2.45	42	1
1:A:48:LEU:O	1:A:51:ARG:HG2	0.46	2.11	35	2
1:A:8:ASN:O	1:A:8:ASN:OD1	0.46	2.34	12	1
1:A:45:SER:HB3	1:A:50:MET:CB	0.46	2.41	20	3
1:A:32:ILE:CD1	1:A:33:PHE:CG	0.46	2.98	18	2
1:A:33:PHE:CE1	1:A:67:ALA:CA	0.46	2.99	42	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:32:ILE:O	1:A:36:PHE:CE1	0.46	2.69	30	4
1:A:37:GLY:O	1:A:38:GLN:HB2	0.46	2.11	36	8
1:A:71:MET:CB	1:A:81:MET:HG3	0.46	2.41	12	3
1:A:43:LEU:HD22	1:A:93:ILE:HA	0.46	1.87	6	2
1:A:76:PHE:HB2	1:A:81:MET:CE	0.46	2.41	12	3
1:A:12:TYR:CE2	1:A:55:PHE:CE1	0.46	3.03	10	3
1:A:50:MET:O	1:A:50:MET:HG3	0.46	2.10	14	1
1:A:39:ILE:HD13	1:A:39:ILE:N	0.46	2.25	17	2
1:A:27:LYS:HG3	1:A:28:SER:N	0.46	2.25	42	2
1:A:22:LYS:HE3	1:A:46:ARG:CD	0.46	2.41	34	1
1:A:68:LEU:HA	1:A:83:ILE:CB	0.46	2.41	22	2
1:A:43:LEU:C	1:A:44:VAL:CG1	0.46	2.89	3	1
1:A:46:ARG:N	1:A:50:MET:HG3	0.46	2.26	3	1
1:A:71:MET:HB3	1:A:81:MET:HE1	0.46	1.87	3	1
1:A:90:SER:O	1:A:93:ILE:HB	0.46	2.11	21	17
1:A:76:PHE:CG	1:A:81:MET:CE	0.46	2.98	41	2
1:A:49:LYS:O	1:A:53:GLN:OE1	0.46	2.34	24	3
1:A:44:VAL:CG1	1:A:45:SER:N	0.46	2.79	19	2
1:A:15:ASN:ND2	1:A:80:PRO:O	0.46	2.48	20	2
1:A:51:ARG:O	1:A:51:ARG:CD	0.46	2.64	21	1
1:A:22:LYS:N	1:A:22:LYS:HE3	0.46	2.24	26	1
1:A:26:LYS:C	1:A:28:SER:N	0.46	2.74	20	5
1:A:58:PHE:HB3	1:A:63:SER:HB2	0.46	1.88	13	13
1:A:44:VAL:O	1:A:50:MET:SD	0.46	2.73	3	1
1:A:11:ILE:O	1:A:55:PHE:HA	0.46	2.11	8	6
1:A:22:LYS:C	1:A:24:GLU:N	0.46	2.73	6	3
1:A:71:MET:CG	1:A:71:MET:O	0.46	2.64	7	1
1:A:71:MET:O	1:A:71:MET:HG3	0.46	2.11	41	3
1:A:72:GLN:NE2	1:A:83:ILE:N	0.46	2.64	18	1
1:A:33:PHE:CD1	1:A:33:PHE:N	0.46	2.84	21	1
1:A:69:ARG:O	1:A:72:GLN:HB3	0.46	2.11	26	1
1:A:50:MET:HE2	1:A:50:MET:C	0.46	2.36	36	1
1:A:40:LEU:CD2	1:A:59:LYS:HB2	0.45	2.41	20	9
1:A:45:SER:O	1:A:46:ARG:HD3	0.45	2.11	3	1
1:A:90:SER:HA	1:A:93:ILE:CD1	0.45	2.41	8	1
1:A:23:ASP:OD1	1:A:24:GLU:N	0.45	2.49	9	1
1:A:71:MET:HB3	1:A:74:PHE:HB2	0.45	1.89	9	4
1:A:43:LEU:HD12	1:A:55:PHE:CD1	0.45	2.46	15	1
1:A:38:GLN:OE1	1:A:59:LYS:CB	0.45	2.64	20	1
1:A:25:LEU:HD13	1:A:25:LEU:O	0.45	2.10	30	2
1:A:14:ASN:CG	1:A:53:GLN:HG2	0.45	2.36	35	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:38:GLN:O	1:A:40:LEU:CD2	0.45	2.64	36	1
1:A:16:LEU:CB	1:A:25:LEU:CD1	0.45	2.90	37	1
1:A:50:MET:SD	1:A:50:MET:O	0.45	2.74	37	1
1:A:18:GLU:C	1:A:19:LYS:HG3	0.45	2.36	4	2
1:A:68:LEU:HA	1:A:83:ILE:CG2	0.45	2.38	15	11
1:A:68:LEU:HA	1:A:83:ILE:CD1	0.45	2.42	19	5
1:A:110:ARG:CZ	1:A:110:ARG:CB	0.45	2.94	10	1
1:A:46:ARG:HD2	1:A:46:ARG:N	0.45	2.26	16	1
1:A:59:LYS:O	1:A:60:GLU:OE1	0.45	2.33	22	1
1:A:74:PHE:O	1:A:81:MET:HG3	0.45	2.12	35	1
1:A:33:PHE:C	1:A:35:GLN:N	0.45	2.74	42	16
1:A:57:ILE:CD1	1:A:93:ILE:HG12	0.45	2.42	23	2
1:A:42:ILE:HG12	1:A:56:VAL:HG13	0.45	1.87	16	1
1:A:43:LEU:O	1:A:43:LEU:HG	0.45	2.11	20	1
1:A:30:TYR:O	1:A:34:SER:CB	0.45	2.65	24	1
1:A:11:ILE:HB	1:A:83:ILE:CG2	0.45	2.41	41	1
1:A:105:ARG:O	1:A:105:ARG:HG3	0.45	2.12	42	1
1:A:107:ARG:O	1:A:108:GLU:O	0.45	2.33	43	1
1:A:7:PRO:HB2	1:A:61:VAL:CG1	0.45	2.41	17	8
1:A:71:MET:HB3	1:A:81:MET:SD	0.45	2.51	31	4
1:A:14:ASN:O	1:A:15:ASN:HB2	0.45	2.11	40	9
1:A:16:LEU:HD11	1:A:76:PHE:HE2	0.45	1.72	11	1
1:A:90:SER:O	1:A:91:ASP:C	0.45	2.59	43	3
1:A:35:GLN:O	1:A:36:PHE:C	0.45	2.57	20	2
1:A:75:PRO:O	1:A:81:MET:CE	0.45	2.64	21	1
1:A:14:ASN:OD1	1:A:53:GLN:CD	0.45	2.59	22	1
1:A:86:ALA:HB1	1:A:89:ASP:CG	0.45	2.36	22	1
1:A:16:LEU:HA	1:A:80:PRO:HB2	0.45	1.89	35	1
1:A:17:ASN:OD1	1:A:77:TYR:HB3	0.45	2.11	43	1
1:A:22:LYS:HD3	1:A:46:ARG:CD	0.45	2.42	4	1
1:A:22:LYS:HE2	1:A:44:VAL:O	0.45	2.12	11	1
1:A:50:MET:SD	1:A:53:GLN:HB2	0.45	2.51	12	6
1:A:28:SER:OG	1:A:77:TYR:OH	0.45	2.34	26	4
1:A:76:PHE:HD2	1:A:81:MET:HE3	0.45	1.60	18	1
1:A:20:ILE:HB	1:A:25:LEU:CD2	0.45	2.40	22	1
1:A:31:ALA:C	1:A:32:ILE:HG12	0.45	2.37	29	1
1:A:43:LEU:CD1	1:A:57:ILE:CD1	0.45	2.94	4	1
1:A:31:ALA:C	1:A:32:ILE:HG23	0.45	2.37	34	2
1:A:45:SER:HB2	1:A:50:MET:CB	0.45	2.42	10	3
1:A:12:TYR:OH	1:A:50:MET:HE1	0.45	2.12	19	1
1:A:30:TYR:CD2	1:A:42:ILE:HG12	0.45	2.47	20	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:15:ASN:O	1:A:15:ASN:CG	0.45	2.58	35	1
1:A:15:ASN:OD1	1:A:80:PRO:HA	0.45	2.11	35	1
1:A:22:LYS:O	1:A:23:ASP:HB2	0.45	2.12	1	3
1:A:89:ASP:HB3	1:A:92:ILE:CG2	0.45	2.42	2	9
1:A:48:LEU:C	1:A:50:MET:H	0.45	2.20	7	3
1:A:32:ILE:HD11	1:A:76:PHE:CE1	0.45	2.47	10	1
1:A:39:ILE:C	1:A:40:LEU:HG	0.45	2.37	10	1
1:A:71:MET:CA	1:A:74:PHE:HB2	0.45	2.41	19	1
1:A:14:ASN:OD1	1:A:53:GLN:HG3	0.45	2.12	43	3
1:A:33:PHE:CD2	1:A:56:VAL:HG11	0.45	2.47	31	1
1:A:22:LYS:O	1:A:23:ASP:HB3	0.45	2.12	19	8
1:A:48:LEU:CD2	1:A:48:LEU:O	0.45	2.65	6	1
1:A:41:ASP:O	1:A:43:LEU:CD2	0.45	2.64	25	2
1:A:22:LYS:N	1:A:22:LYS:HE2	0.45	2.27	12	2
1:A:16:LEU:HB2	1:A:52:GLY:CA	0.45	2.41	21	3
1:A:39:ILE:HG23	1:A:42:ILE:HG12	0.45	1.88	18	1
1:A:13:ILE:N	1:A:54:ALA:O	0.45	2.50	23	1
1:A:84:GLN:O	1:A:86:ALA:N	0.45	2.50	26	1
1:A:30:TYR:CE1	1:A:39:ILE:CG2	0.45	2.98	38	1
1:A:25:LEU:HD21	1:A:52:GLY:HA2	0.45	1.88	42	1
1:A:51:ARG:C	1:A:53:GLN:N	0.45	2.74	6	5
1:A:24:GLU:HA	1:A:27:LYS:CG	0.45	2.42	18	2
1:A:14:ASN:CG	1:A:53:GLN:CG	0.45	2.90	35	1
1:A:106:LYS:O	1:A:107:ARG:CG	0.45	2.65	35	1
1:A:71:MET:O	1:A:81:MET:CB	0.45	2.65	39	1
1:A:43:LEU:H	1:A:43:LEU:HD23	0.45	1.71	20	1
1:A:71:MET:SD	1:A:74:PHE:HB2	0.45	2.51	27	1
1:A:44:VAL:O	1:A:44:VAL:CG2	0.45	2.65	36	2
1:A:47:SER:OG	1:A:48:LEU:N	0.45	2.50	40	1
1:A:32:ILE:HD13	1:A:76:PHE:CD1	0.45	2.47	41	1
1:A:29:LEU:O	1:A:32:ILE:HG13	0.44	2.12	3	3
1:A:25:LEU:O	1:A:29:LEU:HG	0.44	2.12	21	12
1:A:32:ILE:HD12	1:A:71:MET:SD	0.44	2.51	4	1
1:A:24:GLU:O	1:A:27:LYS:HG3	0.44	2.13	25	8
1:A:26:LYS:HG3	1:A:44:VAL:HG13	0.44	1.90	10	1
1:A:65:THR:O	1:A:69:ARG:HG3	0.44	2.12	19	2
1:A:47:SER:C	1:A:49:LYS:N	0.44	2.74	21	1
1:A:12:TYR:C	1:A:84:GLN:NE2	0.44	2.76	25	1
1:A:39:ILE:HG21	1:A:42:ILE:HG13	0.44	1.87	38	3
1:A:10:THR:HG21	1:A:89:ASP:HB2	0.44	1.82	35	1
1:A:14:ASN:OD1	1:A:14:ASN:C	0.44	2.60	37	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:9:HIS:CA	1:A:61:VAL:HG13	0.44	2.42	41	1
1:A:16:LEU:HB3	1:A:25:LEU:CD2	0.44	2.42	31	2
1:A:13:ILE:O	1:A:53:GLN:HA	0.44	2.12	5	13
1:A:42:ILE:O	1:A:43:LEU:HD22	0.44	2.11	8	1
1:A:71:MET:HA	1:A:74:PHE:CB	0.44	2.42	15	1
1:A:77:TYR:N	1:A:77:TYR:CD1	0.44	2.83	25	1
1:A:35:GLN:N	1:A:35:GLN:CD	0.44	2.74	29	1
1:A:38:GLN:OE1	1:A:40:LEU:HD12	0.44	2.11	38	1
1:A:43:LEU:CD1	1:A:93:ILE:HG23	0.44	2.43	38	1
1:A:43:LEU:CD1	1:A:55:PHE:HB2	0.44	2.42	2	2
1:A:22:LYS:HD3	1:A:46:ARG:NH1	0.44	2.28	3	1
1:A:47:SER:O	1:A:48:LEU:C	0.44	2.60	4	1
1:A:52:GLY:O	1:A:53:GLN:HG3	0.44	2.13	14	3
1:A:14:ASN:O	1:A:15:ASN:HB3	0.44	2.12	10	2
1:A:12:TYR:CD1	1:A:12:TYR:C	0.44	2.95	17	2
1:A:10:THR:CG2	1:A:55:PHE:CB	0.44	2.95	19	1
1:A:25:LEU:HD22	1:A:77:TYR:HE2	0.44	1.71	27	1
1:A:7:PRO:O	1:A:61:VAL:CG1	0.44	2.65	8	1
1:A:17:ASN:ND2	1:A:77:TYR:HB3	0.44	2.27	8	1
1:A:71:MET:HB3	1:A:74:PHE:CB	0.44	2.42	43	3
1:A:77:TYR:O	1:A:78:ASP:HB2	0.44	2.11	30	6
1:A:71:MET:O	1:A:81:MET:HG2	0.44	2.13	12	1
1:A:39:ILE:HG22	1:A:42:ILE:CD1	0.44	2.42	13	1
1:A:14:ASN:ND2	1:A:84:GLN:NE2	0.44	2.64	16	2
1:A:71:MET:HA	1:A:74:PHE:CD1	0.44	2.48	24	2
1:A:36:PHE:CZ	1:A:71:MET:CG	0.44	3.01	37	2
1:A:76:PHE:CD1	1:A:81:MET:HE3	0.44	2.47	33	1
1:A:69:ARG:NH1	1:A:69:ARG:HG2	0.44	2.26	34	1
1:A:43:LEU:HD22	1:A:93:ILE:HG12	0.44	1.89	1	1
1:A:33:PHE:HB3	1:A:58:PHE:CE2	0.44	2.47	14	6
1:A:12:TYR:OH	1:A:53:GLN:CD	0.44	2.61	28	1
1:A:37:GLY:O	1:A:63:SER:OG	0.44	2.33	31	1
1:A:49:LYS:O	1:A:53:GLN:NE2	0.44	2.51	35	1
1:A:87:LYS:N	1:A:87:LYS:CD	0.44	2.80	35	2
1:A:12:TYR:HB3	1:A:84:GLN:NE2	0.44	2.28	15	1
1:A:107:ARG:O	1:A:107:ARG:CG	0.44	2.65	30	2
1:A:68:LEU:C	1:A:68:LEU:HD22	0.44	2.38	33	1
1:A:87:LYS:HD2	1:A:87:LYS:N	0.44	2.27	35	1
1:A:10:THR:HG21	1:A:89:ASP:OD1	0.44	2.13	41	1
1:A:105:ARG:O	1:A:106:LYS:C	0.44	2.58	8	2
1:A:26:LYS:HA	1:A:29:LEU:CD1	0.44	2.41	34	6

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:74:PHE:O	1:A:80:PRO:HA	0.44	2.13	21	2
1:A:32:ILE:HG23	1:A:33:PHE:CE1	0.44	2.46	30	2
1:A:40:LEU:HB2	1:A:57:ILE:O	0.44	2.12	22	1
1:A:76:PHE:HB2	1:A:81:MET:HG2	0.44	1.90	24	1
1:A:79:LYS:HG3	1:A:80:PRO:HD2	0.44	1.89	24	1
1:A:44:VAL:HG12	1:A:45:SER:H	0.44	1.72	31	1
1:A:55:PHE:CB	1:A:89:ASP:OD2	0.44	2.66	41	1
1:A:33:PHE:C	1:A:39:ILE:HG12	0.44	2.38	2	1
1:A:69:ARG:O	1:A:69:ARG:CD	0.44	2.66	13	2
1:A:25:LEU:O	1:A:28:SER:OG	0.44	2.32	26	2
1:A:70:SER:O	1:A:72:GLN:N	0.44	2.50	18	1
1:A:55:PHE:CE1	1:A:89:ASP:CG	0.44	2.95	32	1
1:A:39:ILE:HD13	1:A:58:PHE:CE1	0.44	2.47	42	1
1:A:32:ILE:CG2	1:A:33:PHE:CZ	0.44	3.01	30	2
1:A:14:ASN:HA	1:A:53:GLN:CG	0.44	2.43	36	4
1:A:47:SER:O	1:A:49:LYS:N	0.44	2.50	7	1
1:A:11:ILE:HG12	1:A:56:VAL:CG2	0.44	2.43	9	2
1:A:74:PHE:HB2	1:A:81:MET:SD	0.44	2.53	9	1
1:A:68:LEU:HD23	1:A:83:ILE:HG22	0.44	1.89	21	1
1:A:71:MET:HG3	1:A:74:PHE:HB2	0.44	1.89	22	1
1:A:24:GLU:O	1:A:26:LYS:N	0.44	2.51	24	1
1:A:45:SER:N	1:A:50:MET:HE3	0.44	2.28	25	1
1:A:23:ASP:O	1:A:27:LYS:HG2	0.44	2.12	29	1
1:A:109:LYS:O	1:A:109:LYS:HG3	0.44	2.13	41	1
1:A:36:PHE:HB3	1:A:66:ASN:HB2	0.43	1.90	39	4
1:A:89:ASP:CB	1:A:92:ILE:HB	0.43	2.43	4	3
1:A:68:LEU:CD1	1:A:85:TYR:OH	0.43	2.64	28	8
1:A:47:SER:O	1:A:48:LEU:HB2	0.43	2.13	14	1
1:A:46:ARG:O	1:A:50:MET:O	0.43	2.36	15	1
1:A:46:ARG:C	1:A:50:MET:O	0.43	2.61	15	1
1:A:76:PHE:CE2	1:A:77:TYR:CD1	0.43	3.05	24	2
1:A:71:MET:HB3	1:A:83:ILE:CD1	0.43	2.42	41	2
1:A:30:TYR:N	1:A:42:ILE:HD12	0.43	2.28	33	1
1:A:25:LEU:CD2	1:A:77:TYR:CE2	0.43	3.00	1	1
1:A:20:ILE:HB	1:A:25:LEU:CD1	0.43	2.43	3	2
1:A:14:ASN:C	1:A:16:LEU:CD2	0.43	2.91	43	2
1:A:14:ASN:O	1:A:15:ASN:CG	0.43	2.61	37	1
1:A:58:PHE:CZ	1:A:67:ALA:HB2	0.43	2.49	42	1
1:A:68:LEU:HD12	1:A:69:ARG:CG	0.43	2.43	42	1
1:A:77:TYR:O	1:A:78:ASP:C	0.43	2.61	42	1
1:A:45:SER:HB3	1:A:50:MET:SD	0.43	2.52	11	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:17:ASN:O	1:A:20:ILE:HG12	0.43	2.13	12	3
1:A:44:VAL:HG23	1:A:45:SER:N	0.43	2.28	16	2
1:A:25:LEU:O	1:A:29:LEU:CD2	0.43	2.66	20	1
1:A:71:MET:CE	1:A:74:PHE:CD2	0.43	3.01	25	3
1:A:50:MET:HA	1:A:53:GLN:NE2	0.43	2.28	43	2
1:A:29:LEU:HD21	1:A:76:PHE:CE2	0.43	2.48	35	1
1:A:76:PHE:CG	1:A:81:MET:HE1	0.43	2.47	41	1
1:A:76:PHE:HB2	1:A:81:MET:SD	0.43	2.53	37	4
1:A:86:ALA:C	1:A:88:THR:N	0.43	2.75	6	2
1:A:22:LYS:CG	1:A:45:SER:HB3	0.43	2.43	7	1
1:A:68:LEU:HG	1:A:85:TYR:CD1	0.43	2.46	7	3
1:A:43:LEU:HB2	1:A:55:PHE:O	0.43	2.13	8	1
1:A:59:LYS:C	1:A:60:GLU:CG	0.43	2.92	8	1
1:A:45:SER:CB	1:A:50:MET:HB3	0.43	2.43	17	1
1:A:73:GLY:HA2	1:A:80:PRO:CB	0.43	2.44	30	1
1:A:55:PHE:CE1	1:A:89:ASP:OD1	0.43	2.71	32	1
1:A:17:ASN:ND2	1:A:19:LYS:HB2	0.43	2.28	35	1
1:A:77:TYR:O	1:A:80:PRO:HD3	0.43	2.13	35	1
1:A:36:PHE:HB3	1:A:66:ASN:OD1	0.43	2.13	36	1
1:A:17:ASN:CG	1:A:77:TYR:HB3	0.43	2.39	43	1
1:A:14:ASN:CB	1:A:53:GLN:HG2	0.43	2.43	10	4
1:A:12:TYR:CZ	1:A:55:PHE:CE1	0.43	3.06	42	3
1:A:43:LEU:CD2	1:A:57:ILE:CD1	0.43	2.97	20	1
1:A:18:GLU:CG	1:A:51:ARG:HG2	0.43	2.43	22	1
1:A:89:ASP:O	1:A:93:ILE:CD1	0.43	2.66	29	1
1:A:28:SER:HG	1:A:76:PHE:HE2	0.43	1.49	34	1
1:A:55:PHE:HB2	1:A:89:ASP:CG	0.43	2.37	35	1
1:A:38:GLN:O	1:A:40:LEU:HD23	0.43	2.14	6	2
1:A:40:LEU:O	1:A:41:ASP:CG	0.43	2.62	34	3
1:A:12:TYR:C	1:A:12:TYR:CD1	0.43	2.97	11	3
1:A:42:ILE:O	1:A:43:LEU:HD13	0.43	2.14	23	1
1:A:32:ILE:CD1	1:A:76:PHE:CE2	0.43	3.02	39	1
1:A:14:ASN:HA	1:A:53:GLN:HG2	0.43	1.89	7	1
1:A:57:ILE:CD1	1:A:93:ILE:CG1	0.43	2.96	23	1
1:A:109:LYS:O	1:A:110:ARG:HG3	0.43	2.14	25	1
1:A:10:THR:CG2	1:A:56:VAL:O	0.43	2.60	37	1
1:A:42:ILE:C	1:A:43:LEU:HG	0.43	2.38	4	5
1:A:25:LEU:HA	1:A:77:TYR:OH	0.43	2.13	4	1
1:A:68:LEU:HD12	1:A:69:ARG:HG3	0.43	1.90	16	4
1:A:43:LEU:CG	1:A:93:ILE:CG1	0.43	2.97	8	1
1:A:55:PHE:CZ	1:A:89:ASP:OD2	0.43	2.71	10	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:15:ASN:O	1:A:15:ASN:OD1	0.43	2.36	16	1
1:A:108:GLU:O	1:A:109:LYS:O	0.43	2.36	21	2
1:A:10:THR:CG2	1:A:89:ASP:CB	0.43	2.88	35	1
1:A:92:ILE:C	1:A:94:ALA:N	0.43	2.74	43	1
1:A:30:TYR:CA	1:A:42:ILE:HD11	0.43	2.43	1	2
1:A:55:PHE:CE1	1:A:92:ILE:CD1	0.43	3.02	26	3
1:A:16:LEU:CD2	1:A:25:LEU:HD21	0.43	2.44	14	1
1:A:24:GLU:C	1:A:26:LYS:N	0.43	2.76	24	1
1:A:76:PHE:CE1	1:A:77:TYR:CE2	0.43	3.07	28	2
1:A:14:ASN:ND2	1:A:53:GLN:HG2	0.43	2.29	35	1
1:A:77:TYR:C	1:A:80:PRO:CD	0.43	2.92	35	1
1:A:40:LEU:CG	1:A:59:LYS:HB2	0.43	2.44	39	1
1:A:10:THR:HG21	1:A:89:ASP:CG	0.43	2.39	41	1
1:A:81:MET:O	1:A:83:ILE:HG13	0.43	2.13	3	4
1:A:36:PHE:CE2	1:A:67:ALA:HA	0.43	2.48	4	4
1:A:111:LYS:HB2	1:A:112:PRO:HD3	0.43	1.90	36	3
1:A:39:ILE:HG23	1:A:42:ILE:CD1	0.43	2.43	20	2
1:A:22:LYS:HD2	1:A:46:ARG:CD	0.43	2.44	8	1
1:A:78:ASP:O	1:A:79:LYS:HB2	0.43	2.13	13	2
1:A:15:ASN:OD1	1:A:79:LYS:HB3	0.43	2.14	16	1
1:A:65:THR:HG23	1:A:69:ARG:HD2	0.43	1.91	43	2
1:A:30:TYR:CD1	1:A:39:ILE:HB	0.42	2.49	6	1
1:A:43:LEU:HB2	1:A:55:PHE:CD2	0.42	2.49	19	1
1:A:76:PHE:O	1:A:77:TYR:C	0.42	2.62	28	1
1:A:37:GLY:O	1:A:38:GLN:O	0.42	2.37	31	1
1:A:40:LEU:O	1:A:41:ASP:HB2	0.42	2.14	42	8
1:A:13:ILE:O	1:A:53:GLN:HG2	0.42	2.14	32	2
1:A:45:SER:O	1:A:46:ARG:O	0.42	2.37	26	1
1:A:84:GLN:O	1:A:84:GLN:HG2	0.42	2.14	28	1
1:A:17:ASN:C	1:A:19:LYS:N	0.42	2.77	4	1
1:A:30:TYR:OH	1:A:40:LEU:HA	0.42	2.14	29	6
1:A:71:MET:HA	1:A:74:PHE:HB2	0.42	1.91	27	3
1:A:15:ASN:C	1:A:17:ASN:N	0.42	2.77	20	1
1:A:77:TYR:O	1:A:78:ASP:HB3	0.42	2.13	35	4
1:A:89:ASP:OD1	1:A:92:ILE:CD1	0.42	2.66	40	2
1:A:25:LEU:HD22	1:A:52:GLY:HA2	0.42	1.90	34	1
1:A:65:THR:CG2	1:A:69:ARG:HD2	0.42	2.44	43	1
1:A:30:TYR:CA	1:A:42:ILE:CD1	0.42	2.97	31	1
1:A:13:ILE:O	1:A:14:ASN:OD1	0.42	2.37	35	1
1:A:9:HIS:CD2	1:A:9:HIS:C	0.42	2.97	19	1
1:A:71:MET:HB2	1:A:83:ILE:CD1	0.42	2.42	21	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:50:MET:HA	1:A:53:GLN:OE1	0.42	2.14	22	1
1:A:33:PHE:HB2	1:A:39:ILE:HG13	0.42	1.90	28	1
1:A:113:LYS:N	1:A:113:LYS:HD3	0.42	2.29	31	1
1:A:25:LEU:HD12	1:A:77:TYR:OH	0.42	2.15	32	1
1:A:25:LEU:CD1	1:A:77:TYR:CZ	0.42	3.01	32	1
1:A:38:GLN:HG2	1:A:63:SER:OG	0.42	2.14	42	1
1:A:40:LEU:HG	1:A:59:LYS:CG	0.42	2.45	43	1
1:A:7:PRO:HB3	1:A:65:THR:OG1	0.42	2.13	2	5
1:A:111:LYS:CB	1:A:112:PRO:CD	0.42	2.98	36	4
1:A:51:ARG:O	1:A:53:GLN:HG3	0.42	2.14	3	1
1:A:28:SER:HB2	1:A:76:PHE:CE1	0.42	2.50	13	1
1:A:48:LEU:O	1:A:51:ARG:HG3	0.42	2.14	13	1
1:A:68:LEU:HG	1:A:85:TYR:CD2	0.42	2.48	19	2
1:A:79:LYS:HG3	1:A:80:PRO:CD	0.42	2.44	24	1
1:A:28:SER:O	1:A:32:ILE:HG13	0.42	2.14	25	1
1:A:106:LYS:O	1:A:107:ARG:CD	0.42	2.68	25	1
1:A:11:ILE:O	1:A:11:ILE:CG1	0.42	2.67	41	2
1:A:11:ILE:CG1	1:A:56:VAL:HG23	0.42	2.45	9	1
1:A:22:LYS:N	1:A:22:LYS:CE	0.42	2.83	12	1
1:A:16:LEU:HD23	1:A:53:GLN:N	0.42	2.30	14	1
1:A:50:MET:HE2	1:A:50:MET:H	0.42	1.71	21	1
1:A:82:ARG:NH1	1:A:82:ARG:HG2	0.42	2.29	21	1
1:A:43:LEU:CD2	1:A:93:ILE:HG12	0.42	2.38	24	1
1:A:22:LYS:HE2	1:A:45:SER:O	0.42	2.15	25	1
1:A:44:VAL:HG12	1:A:50:MET:HE1	0.42	1.89	25	1
1:A:106:LYS:O	1:A:107:ARG:HB2	0.42	2.15	25	2
1:A:55:PHE:CD1	1:A:92:ILE:HG21	0.42	2.48	37	1
1:A:43:LEU:O	1:A:54:ALA:HA	0.42	2.14	34	4
1:A:40:LEU:HG	1:A:59:LYS:CD	0.42	2.45	11	1
1:A:20:ILE:CB	1:A:25:LEU:HD13	0.42	2.45	20	1
1:A:110:ARG:NH1	1:A:110:ARG:HG2	0.42	2.30	23	1
1:A:12:TYR:O	1:A:84:GLN:HG2	0.42	2.14	28	1
1:A:16:LEU:HG	1:A:52:GLY:O	0.42	2.15	35	1
1:A:37:GLY:C	1:A:38:GLN:CG	0.42	2.90	43	1
1:A:40:LEU:O	1:A:41:ASP:OD1	0.42	2.38	11	1
1:A:86:ALA:CB	1:A:89:ASP:OD2	0.42	2.64	17	1
1:A:41:ASP:O	1:A:57:ILE:HB	0.42	2.14	18	1
1:A:11:ILE:HG13	1:A:56:VAL:CG2	0.42	2.43	28	1
1:A:29:LEU:O	1:A:33:PHE:CD2	0.42	2.73	38	1
1:A:25:LEU:CD2	1:A:52:GLY:HA2	0.42	2.44	42	2
1:A:13:ILE:HG22	1:A:14:ASN:N	0.42	2.30	7	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:47:SER:O	1:A:51:ARG:HG3	0.42	2.15	9	1
1:A:50:MET:C	1:A:51:ARG:O	0.42	2.63	11	1
1:A:14:ASN:O	1:A:16:LEU:HD22	0.42	2.14	13	1
1:A:71:MET:CE	1:A:81:MET:SD	0.42	3.03	19	1
1:A:108:GLU:O	1:A:109:LYS:HG3	0.42	2.15	21	1
1:A:41:ASP:HB3	1:A:57:ILE:HB	0.42	1.92	25	2
1:A:91:ASP:N	1:A:91:ASP:OD1	0.42	2.51	31	1
1:A:43:LEU:O	1:A:54:ALA:CA	0.42	2.68	34	1
1:A:89:ASP:C	1:A:93:ILE:HD12	0.42	2.39	35	1
1:A:66:ASN:C	1:A:68:LEU:N	0.42	2.76	36	1
1:A:71:MET:C	1:A:83:ILE:HD11	0.42	2.40	37	1
1:A:62:SER:O	1:A:66:ASN:ND2	0.42	2.53	41	1
1:A:76:PHE:CB	1:A:81:MET:CG	0.42	2.98	42	1
1:A:35:GLN:C	1:A:37:GLY:N	0.41	2.78	16	2
1:A:112:PRO:O	1:A:113:LYS:HG2	0.41	2.15	2	1
1:A:20:ILE:HB	1:A:25:LEU:HD23	0.41	1.91	22	1
1:A:48:LEU:HD13	1:A:51:ARG:HD3	0.41	1.92	27	1
1:A:68:LEU:O	1:A:68:LEU:HD22	0.41	2.15	32	1
1:A:77:TYR:C	1:A:78:ASP:OD1	0.41	2.63	39	1
1:A:78:ASP:O	1:A:79:LYS:HG3	0.41	2.15	42	1
1:A:91:ASP:OD1	1:A:91:ASP:C	0.41	2.62	12	1
1:A:36:PHE:CD1	1:A:36:PHE:N	0.41	2.85	15	1
1:A:32:ILE:HG23	1:A:71:MET:SD	0.41	2.55	33	1
1:A:112:PRO:O	1:A:113:LYS:HB2	0.41	2.14	36	1
1:A:16:LEU:HD12	1:A:76:PHE:HE2	0.41	1.73	38	1
1:A:44:VAL:O	1:A:45:SER:HB2	0.41	2.15	13	1
1:A:58:PHE:CD1	1:A:64:ALA:HA	0.41	2.50	32	1
1:A:16:LEU:HB2	1:A:52:GLY:HA3	0.41	1.92	33	1
1:A:89:ASP:O	1:A:93:ILE:N	0.41	2.54	35	1
1:A:32:ILE:HG21	1:A:33:PHE:CZ	0.41	2.50	2	1
1:A:30:TYR:O	1:A:34:SER:HB3	0.41	2.15	3	1
1:A:105:ARG:O	1:A:106:LYS:CB	0.41	2.66	7	1
1:A:72:GLN:NE2	1:A:83:ILE:HB	0.41	2.30	17	1
1:A:73:GLY:C	1:A:74:PHE:O	0.41	2.63	25	2
1:A:23:ASP:HA	1:A:26:LYS:CE	0.41	2.45	24	1
1:A:67:ALA:O	1:A:71:MET:HG3	0.41	2.16	33	1
1:A:69:ARG:O	1:A:72:GLN:HB2	0.41	2.16	42	2
1:A:32:ILE:HG22	1:A:33:PHE:CE1	0.41	2.48	2	1
1:A:18:GLU:C	1:A:19:LYS:CG	0.41	2.94	4	2
1:A:14:ASN:CG	1:A:15:ASN:N	0.41	2.77	18	1
1:A:58:PHE:O	1:A:59:LYS:C	0.41	2.61	25	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:34:SER:HB3	1:A:35:GLN:NE2	0.41	2.31	29	1
1:A:22:LYS:HG3	1:A:44:VAL:HG21	0.41	1.92	31	1
1:A:89:ASP:CG	1:A:92:ILE:HB	0.41	2.39	38	1
1:A:6:ARG:NH2	1:A:6:ARG:HB2	0.41	2.30	9	1
1:A:89:ASP:OD1	1:A:92:ILE:HB	0.41	2.15	10	1
1:A:105:ARG:O	1:A:106:LYS:HB2	0.41	2.16	10	1
1:A:45:SER:HB3	1:A:50:MET:HG2	0.41	1.92	19	1
1:A:47:SER:HB3	1:A:50:MET:CB	0.41	2.46	19	1
1:A:68:LEU:HA	1:A:83:ILE:HB	0.41	1.91	22	1
1:A:55:PHE:CG	1:A:89:ASP:OD1	0.41	2.74	35	1
1:A:77:TYR:N	1:A:80:PRO:HD2	0.41	2.30	35	1
1:A:30:TYR:OH	1:A:41:ASP:N	0.41	2.54	38	1
1:A:32:ILE:HG12	1:A:71:MET:CE	0.41	2.42	38	1
1:A:87:LYS:C	1:A:88:THR:OG1	0.41	2.63	38	1
1:A:106:LYS:O	1:A:107:ARG:HG3	0.41	2.15	41	1
1:A:43:LEU:HD11	1:A:55:PHE:HB2	0.41	1.92	43	1
1:A:6:ARG:O	1:A:85:TYR:CD1	0.41	2.73	27	1
1:A:29:LEU:HB3	1:A:33:PHE:CZ	0.41	2.50	38	2
1:A:32:ILE:CD1	1:A:71:MET:HE2	0.41	2.45	38	1
1:A:40:LEU:CD1	1:A:59:LYS:HB2	0.41	2.46	7	1
1:A:29:LEU:CD2	1:A:76:PHE:CE2	0.41	3.04	8	1
1:A:45:SER:C	1:A:50:MET:HG2	0.41	2.41	14	1
1:A:46:ARG:CD	1:A:46:ARG:N	0.41	2.84	19	1
1:A:25:LEU:O	1:A:25:LEU:HG	0.41	2.16	37	1
1:A:55:PHE:CG	1:A:89:ASP:OD2	0.41	2.74	41	1
1:A:15:ASN:C	1:A:16:LEU:O	0.41	2.64	4	1
1:A:108:GLU:C	1:A:109:LYS:CG	0.41	2.94	6	1
1:A:83:ILE:O	1:A:84:GLN:HG3	0.41	2.16	8	1
1:A:44:VAL:HB	1:A:54:ALA:CB	0.41	2.43	9	1
1:A:45:SER:HB2	1:A:50:MET:SD	0.41	2.56	36	3
1:A:50:MET:HE2	1:A:50:MET:HB3	0.41	1.70	15	1
1:A:65:THR:O	1:A:69:ARG:HB2	0.41	2.16	15	2
1:A:45:SER:O	1:A:50:MET:CG	0.41	2.68	16	1
1:A:36:PHE:N	1:A:36:PHE:CD1	0.41	2.85	19	1
1:A:40:LEU:O	1:A:41:ASP:OD2	0.41	2.38	20	1
1:A:53:GLN:O	1:A:54:ALA:HB2	0.41	2.16	21	1
1:A:30:TYR:O	1:A:34:SER:HB2	0.41	2.16	24	1
1:A:12:TYR:N	1:A:84:GLN:O	0.41	2.54	26	1
1:A:48:LEU:O	1:A:48:LEU:HG	0.41	2.16	31	1
1:A:32:ILE:HG23	1:A:33:PHE:N	0.41	2.30	32	1
1:A:32:ILE:O	1:A:35:GLN:HG3	0.41	2.16	35	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:68:LEU:O	1:A:72:GLN:HB2	0.41	2.16	34	1
1:A:32:ILE:HD11	1:A:33:PHE:CE2	0.41	2.50	36	1
1:A:21:LYS:NZ	1:A:21:LYS:CB	0.41	2.84	37	1
1:A:77:TYR:N	1:A:77:TYR:HD1	0.41	2.13	38	2
1:A:22:LYS:HE3	1:A:44:VAL:CG2	0.41	2.46	41	1
1:A:33:PHE:CE1	1:A:67:ALA:CB	0.41	3.04	42	1
1:A:30:TYR:CG	1:A:39:ILE:HG21	0.41	2.51	7	1
1:A:39:ILE:O	1:A:40:LEU:HD12	0.41	2.16	7	1
1:A:89:ASP:O	1:A:92:ILE:HB	0.41	2.16	8	1
1:A:82:ARG:HG3	1:A:82:ARG:O	0.41	2.16	20	1
1:A:26:LYS:HG3	1:A:44:VAL:HG11	0.41	1.92	21	1
1:A:45:SER:OG	1:A:46:ARG:N	0.41	2.53	21	1
1:A:111:LYS:N	1:A:111:LYS:CD	0.41	2.80	30	1
1:A:51:ARG:C	1:A:53:GLN:H	0.40	2.23	7	1
1:A:15:ASN:OD1	1:A:15:ASN:N	0.40	2.50	9	1
1:A:47:SER:HB2	1:A:50:MET:HB2	0.40	1.92	12	1
1:A:37:GLY:HA3	1:A:63:SER:OG	0.40	2.16	19	1
1:A:12:TYR:HB3	1:A:84:GLN:CD	0.40	2.42	25	1
1:A:109:LYS:O	1:A:110:ARG:CG	0.40	2.69	25	1
1:A:22:LYS:O	1:A:24:GLU:OE1	0.40	2.38	30	1
1:A:18:GLU:C	1:A:19:LYS:HG2	0.40	2.41	31	1
1:A:45:SER:O	1:A:50:MET:HG2	0.40	2.16	31	1
1:A:46:ARG:O	1:A:47:SER:HB2	0.40	2.16	31	1
1:A:33:PHE:CB	1:A:58:PHE:CE2	0.40	3.03	33	1
1:A:16:LEU:CD1	1:A:77:TYR:CG	0.40	3.05	34	1
1:A:32:ILE:HD11	1:A:76:PHE:CE2	0.40	2.51	39	1
1:A:16:LEU:CD2	1:A:16:LEU:H	0.40	2.29	41	1
1:A:26:LYS:O	1:A:30:TYR:HB2	0.40	2.16	8	1
1:A:71:MET:O	1:A:74:PHE:HB2	0.40	2.16	14	1
1:A:74:PHE:CG	1:A:75:PRO:CD	0.40	3.04	19	1
1:A:107:ARG:O	1:A:107:ARG:HD3	0.40	2.16	19	1
1:A:44:VAL:O	1:A:50:MET:HG2	0.40	2.15	21	1
1:A:68:LEU:CD2	1:A:83:ILE:HB	0.40	2.45	35	1
1:A:25:LEU:HD12	1:A:29:LEU:HD11	0.40	1.94	8	1
1:A:29:LEU:C	1:A:32:ILE:HG12	0.40	2.41	8	1
1:A:71:MET:CE	1:A:81:MET:HE3	0.40	2.45	19	1
1:A:43:LEU:CD2	1:A:57:ILE:HG12	0.40	2.46	20	1
1:A:69:ARG:O	1:A:69:ARG:HD3	0.40	2.17	22	1
1:A:16:LEU:CD2	1:A:52:GLY:C	0.40	2.90	4	1
1:A:28:SER:O	1:A:32:ILE:HG23	0.40	2.16	4	1
1:A:13:ILE:O	1:A:53:GLN:HB3	0.40	2.16	7	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:32:ILE:HG22	1:A:71:MET:HE2	0.40	1.93	10	1
1:A:40:LEU:HG	1:A:57:ILE:O	0.40	2.17	20	1
1:A:38:GLN:HE21	1:A:40:LEU:HD11	0.40	1.75	33	1
1:A:39:ILE:C	1:A:40:LEU:CD1	0.40	2.83	33	1
1:A:50:MET:C	1:A:52:GLY:N	0.40	2.79	7	1
1:A:13:ILE:HG21	1:A:16:LEU:HG	0.40	1.94	25	1
1:A:20:ILE:HD13	1:A:25:LEU:HD23	0.40	1.92	26	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	98/116 (84%)	68±4 (69±4%)	20±3 (20±3%)	11±2 (11±2%)	1	8
All	All	4214/4988 (84%)	2905 (69%)	855 (20%)	454 (11%)	1	8

All 39 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	37	GLY	42
1	A	41	ASP	42
1	A	38	GLN	40
1	A	22	LYS	36
1	A	72	GLN	32
1	A	88	THR	21
1	A	85	TYR	19
1	A	17	ASN	18
1	A	112	PRO	18
1	A	32	ILE	18
1	A	15	ASN	16
1	A	6	ARG	14
1	A	106	LYS	12
1	A	51	ARG	11
1	A	53	GLN	11

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	52	GLY	9
1	A	81	MET	9
1	A	113	LYS	8
1	A	109	LYS	7
1	A	105	ARG	6
1	A	47	SER	6
1	A	82	ARG	6
1	A	46	ARG	5
1	A	74	PHE	5
1	A	44	VAL	4
1	A	45	SER	4
1	A	48	LEU	4
1	A	23	ASP	4
1	A	79	LYS	4
1	A	107	ARG	3
1	A	16	LEU	3
1	A	110	ARG	3
1	A	78	ASP	3
1	A	34	SER	3
1	A	70	SER	2
1	A	84	GLN	2
1	A	108	GLU	2
1	A	18	GLU	1
1	A	20	ILE	1

6.3.2 Protein sidechains ⓘ

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

Mol	Chain	Analysed	Rotameric	Outliers	Percentiles	
1	A	89/105 (85%)	55±4 (62±5%)	34±4 (38±5%)	0	7
All	All	3827/4515 (85%)	2384 (62%)	1443 (38%)	0	7

All 72 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	68	LEU	43

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	30	TYR	42
1	A	84	GLN	40
1	A	93	ILE	40
1	A	40	LEU	39
1	A	29	LEU	38
1	A	41	ASP	38
1	A	35	GLN	36
1	A	43	LEU	34
1	A	92	ILE	34
1	A	20	ILE	32
1	A	72	GLN	32
1	A	111	LYS	31
1	A	25	LEU	30
1	A	113	LYS	30
1	A	38	GLN	29
1	A	81	MET	28
1	A	6	ARG	25
1	A	87	LYS	25
1	A	45	SER	25
1	A	109	LYS	25
1	A	46	ARG	24
1	A	106	LYS	23
1	A	21	LYS	23
1	A	107	ARG	23
1	A	51	ARG	23
1	A	55	PHE	22
1	A	32	ILE	22
1	A	48	LEU	22
1	A	105	ARG	22
1	A	79	LYS	21
1	A	90	SER	21
1	A	69	ARG	21
1	A	60	GLU	20
1	A	22	LYS	20
1	A	27	LYS	19
1	A	62	SER	19
1	A	89	ASP	19
1	A	47	SER	19
1	A	26	LYS	18
1	A	50	MET	18
1	A	74	PHE	18
1	A	49	LYS	18

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	9	HIS	17
1	A	24	GLU	16
1	A	19	LYS	16
1	A	59	LYS	16
1	A	23	ASP	16
1	A	71	MET	16
1	A	110	ARG	16
1	A	78	ASP	15
1	A	82	ARG	15
1	A	17	ASN	13
1	A	44	VAL	13
1	A	108	GLU	13
1	A	42	ILE	12
1	A	83	ILE	11
1	A	15	ASN	11
1	A	13	ILE	10
1	A	28	SER	9
1	A	91	ASP	9
1	A	34	SER	8
1	A	18	GLU	8
1	A	16	LEU	6
1	A	11	ILE	5
1	A	53	GLN	5
1	A	70	SER	5
1	A	61	VAL	4
1	A	33	PHE	3
1	A	65	THR	2
1	A	14	ASN	1
1	A	88	THR	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 [i](#)

There are no ligands in this entry.

6.7 Other polymers [i](#)

There are no such molecules in this entry.

6.8 Polymer linkage issues [i](#)

There are no chain breaks in this entry.

7 Chemical shift validation

No chemical shift data were provided