



Full wwPDB NMR Structure Validation Report ⓘ

Mar 25, 2026 – 02:13 AM UTC

PDB ID : 2GT3 / pdb_00002gt3
Title : Solution structure and dynamics of the reduced form of Methionine Sulfoxide Reductase A from Escherichia coli, a 23 kDa protein
Authors : Coudeville, N.; Cung, M.T.
Deposited on : 2006-04-27

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

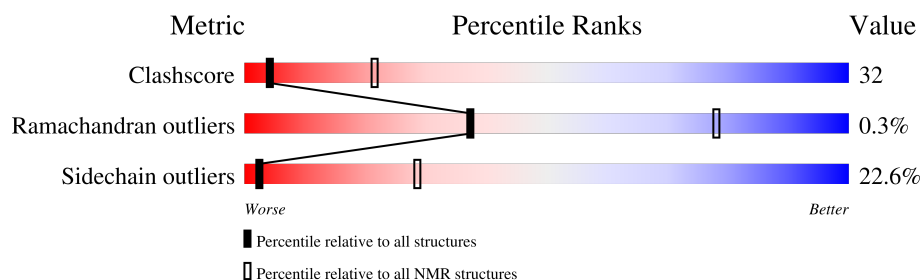
1 Overall quality at a glance

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	212	

2 Ensemble composition and analysis

This entry contains 20 models. Model 14 is the overall representative, medoid model (most similar to other models). The authors have identified model 1 as representative, based on the following criterion: *fewest violations*.

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:22-A:197 (176)	0.72	14

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

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

The models can be grouped into 4 clusters and 7 single-model clusters were found.

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

3 Entry composition

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 2949 atoms, of which 1316 are hydrogens and 0 are deuteriums.

- Molecule 1 is a protein called Methionine Sulfoxide Reductase A.

Mol	Chain	Residues	Atoms						Trace
1	A	211	Total	C	H	N	O	S	0
			2949	1031	1316	280	312	10	

There is a discrepancy between the modelled and reference sequences:

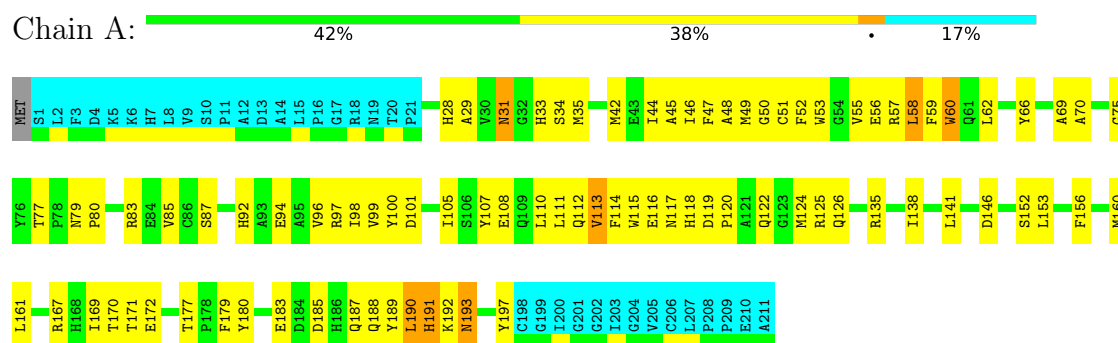
Chain	Residue	Modelled	Actual	Comment	Reference
A	0	MET	-	initiating methionine	UNP P0A744

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: Methionine Sulfoxide Reductase A

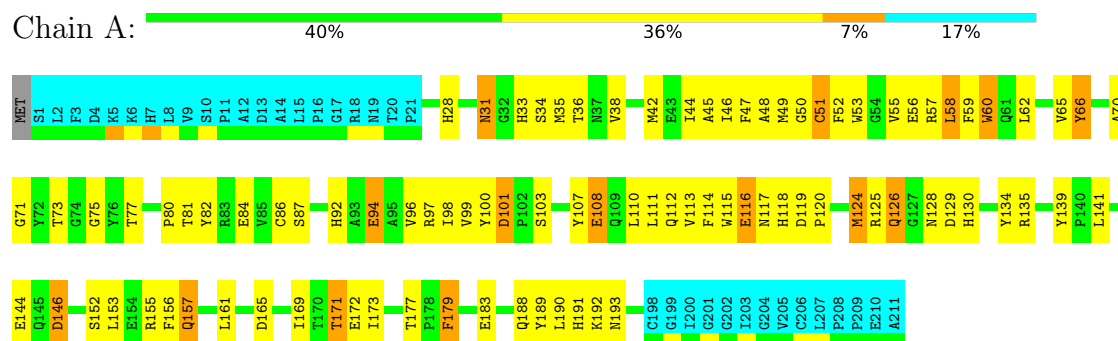


4.2 Scores per residue for each member of the ensemble

Colouring as in section 4.1 above.

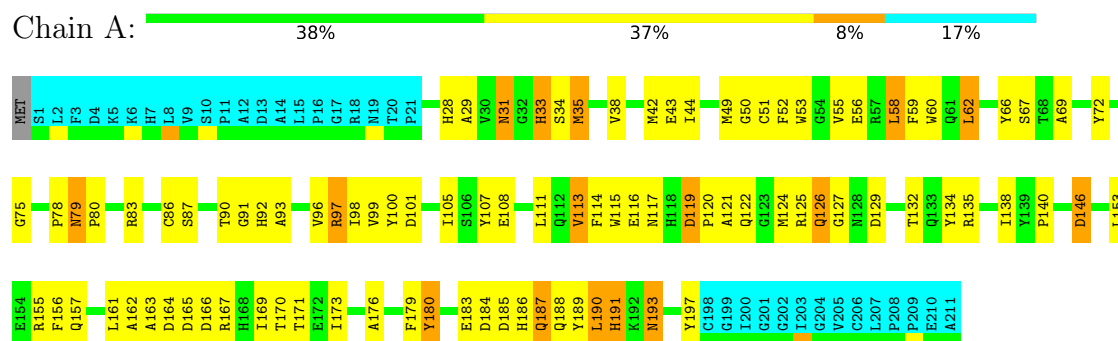
4.2.1 Score per residue for model 1

• Molecule 1: Methionine Sulfoxide Reductase A



4.2.2 Score per residue for model 2

• Molecule 1: Methionine Sulfoxide Reductase A



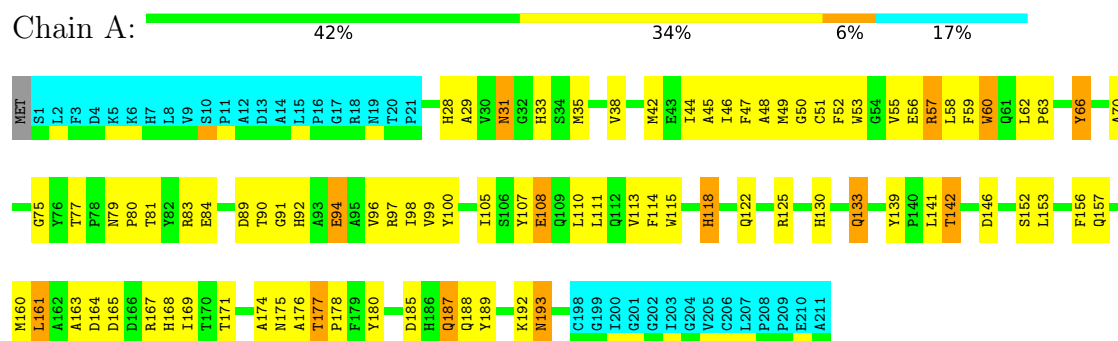
4.2.3 Score per residue for model 3

• Molecule 1: Methionine Sulfoxide Reductase A



4.2.5 Score per residue for model 5

• Molecule 1: Methionine Sulfoxide Reductase A



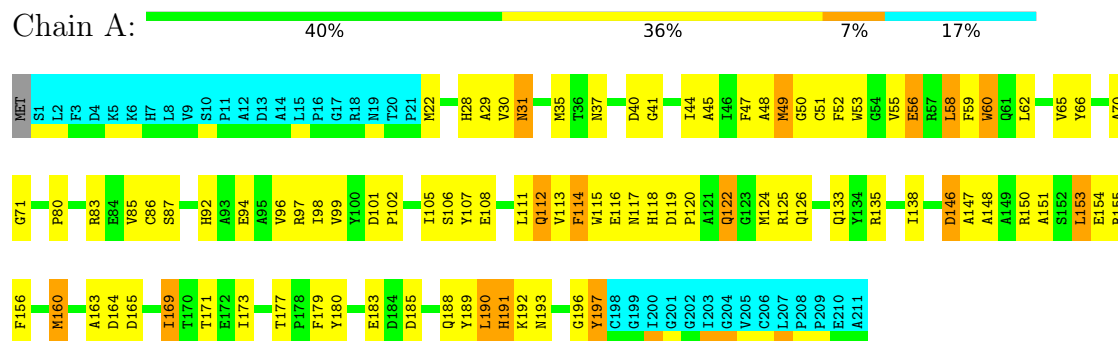
4.2.6 Score per residue for model 6

• Molecule 1: Methionine Sulfoxide Reductase A



4.2.7 Score per residue for model 7

• Molecule 1: Methionine Sulfoxide Reductase A



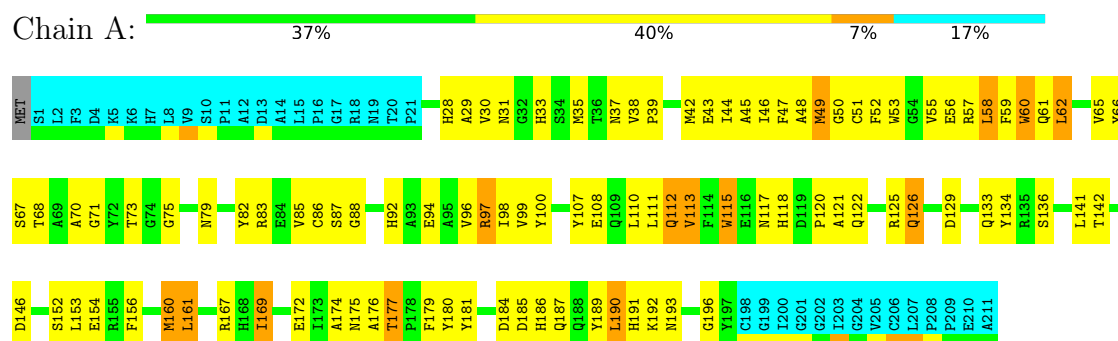
4.2.8 Score per residue for model 8

• Molecule 1: Methionine Sulfoxide Reductase A



4.2.9 Score per residue for model 9

• Molecule 1: Methionine Sulfoxide Reductase A



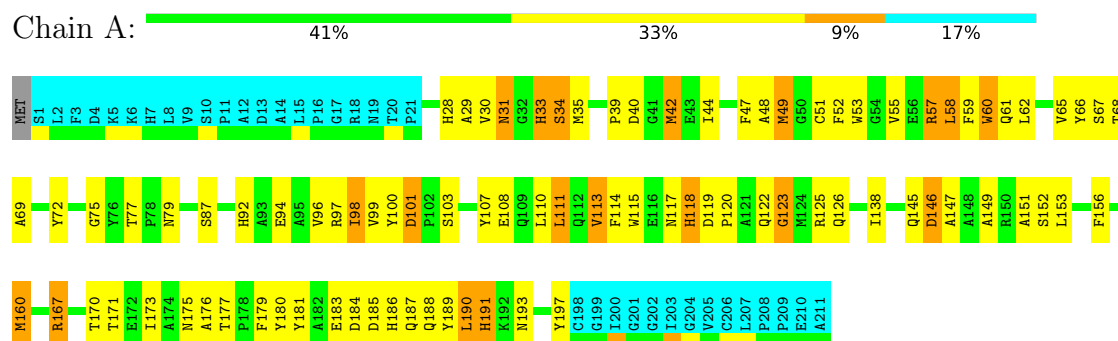
4.2.10 Score per residue for model 10

• Molecule 1: Methionine Sulfoxide Reductase A



4.2.14 Score per residue for model 14 (medoid)

- Molecule 1: Methionine Sulfoxide Reductase A



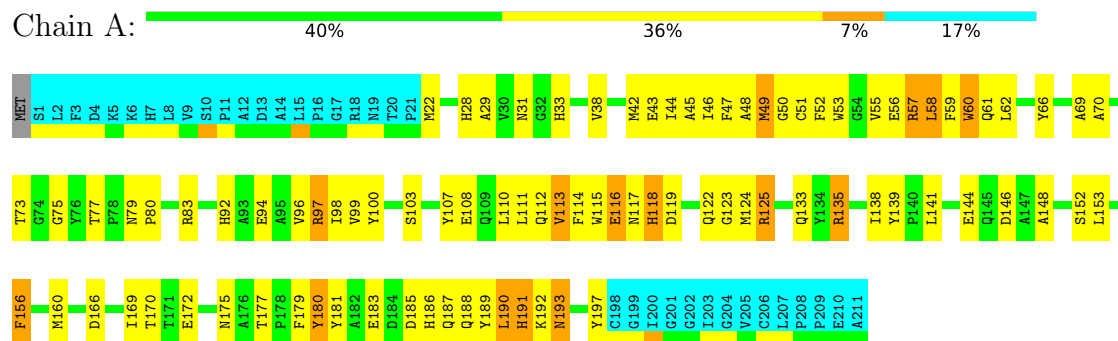
4.2.15 Score per residue for model 15

- Molecule 1: Methionine Sulfoxide Reductase A



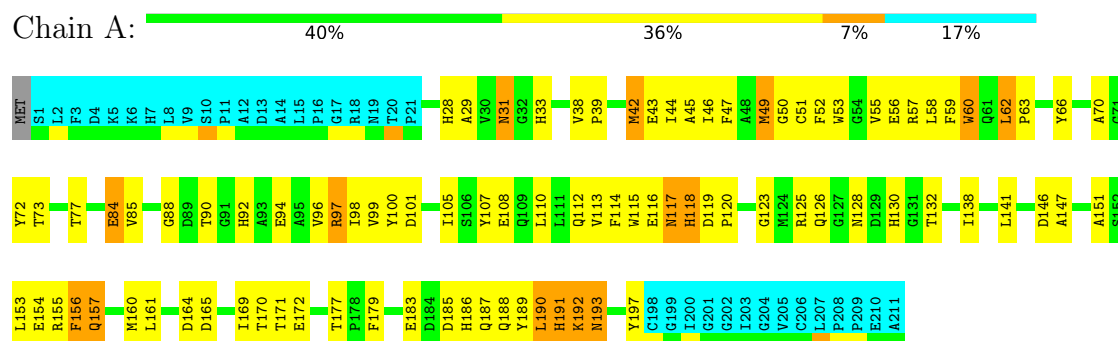
4.2.16 Score per residue for model 16

- Molecule 1: Methionine Sulfoxide Reductase A



4.2.17 Score per residue for model 17

• Molecule 1: Methionine Sulfoxide Reductase A



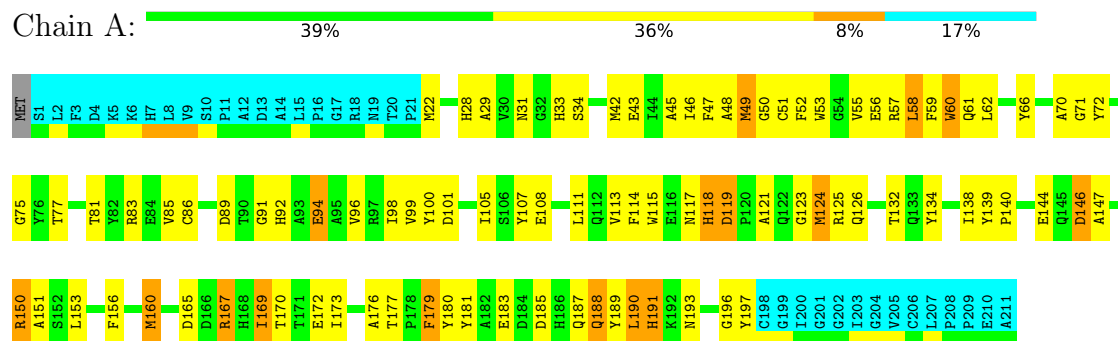
4.2.18 Score per residue for model 18

• Molecule 1: Methionine Sulfoxide Reductase A



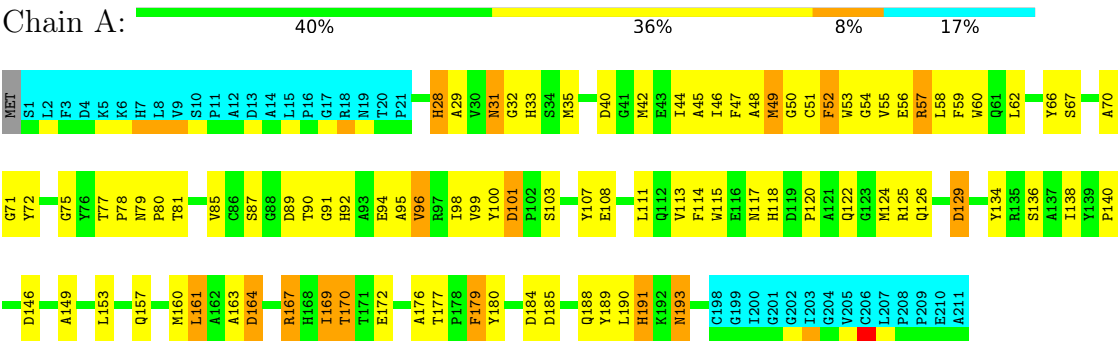
4.2.19 Score per residue for model 19

• Molecule 1: Methionine Sulfoxide Reductase A



4.2.20 Score per residue for model 20

● Molecule 1: Methionine Sulfoxide Reductase A



5 Refinement protocol and experimental data overview

Of the 1000 calculated structures, 20 were deposited, based on the following criterion: *target function*.

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

Software name	Classification	Version
DYANA	structure solution	2
DYANA	refinement	2

No chemical shift data was provided.

6 Model quality [i](#)

6.1 Standard geometry [i](#)

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

Mol	Chain	Bond lengths		Bond angles	
		RMSZ	#Z>5	RMSZ	#Z>5
1	A	0.84±0.00	0±0/1431 (0.0± 0.0%)	1.18±0.01	0±0/1957 (0.0± 0.0%)
All	All	0.84	0/28620 (0.0%)	1.18	5/39140 (0.0%)

There are no bond-length outliers.

All unique angle outliers are listed below.

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)	Models	
								Worst	Total
1	A	79	ASN	O-C-N	6.46	124.50	121.53	14	5

There are no chirality outliers.

There are no planarity outliers.

6.2 Too-close contacts [i](#)

In the following table, the Non-H and H(model) columns list the number of non-hydrogen atoms and hydrogen atoms in each chain respectively. The H(added) column lists the number of hydrogen atoms added and optimized by MolProbity. The Clashes column lists the number of clashes averaged over the ensemble.

Mol	Chain	Non-H	H(model)	H(added)	Clashes
1	A	1387	1107	1273	86±10
All	All	27740	22140	25460	1729

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 32.

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

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:46:ILE:HG21	1:A:179:PHE:CE1	1.09	1.81	8	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:62:LEU:HD11	1:A:113:VAL:HG11	1.04	1.15	7	10
1:A:46:ILE:HG21	1:A:179:PHE:CE2	1.04	1.86	9	1
1:A:46:ILE:HD13	1:A:179:PHE:CE2	1.02	1.90	12	2
1:A:35:MET:HE1	1:A:69:ALA:HB2	1.00	1.30	18	1
1:A:47:PHE:CZ	1:A:98:ILE:HD13	0.96	1.96	16	1
1:A:97:ARG:C	1:A:98:ILE:HD13	0.94	1.88	14	1
1:A:46:ILE:HD13	1:A:179:PHE:CE1	0.89	2.02	9	1
1:A:62:LEU:HD11	1:A:113:VAL:HG21	0.88	1.43	17	8
1:A:38:VAL:HG21	1:A:44:ILE:HD11	0.86	1.46	9	4
1:A:52:PHE:CD2	1:A:70:ALA:HB1	0.85	2.07	20	1
1:A:62:LEU:HD21	1:A:113:VAL:HG21	0.84	1.50	12	1
1:A:58:LEU:HD11	1:A:113:VAL:HG13	0.83	1.51	8	1
1:A:35:MET:CE	1:A:69:ALA:HB2	0.83	2.04	18	1
1:A:35:MET:HE1	1:A:69:ALA:CB	0.83	2.04	18	1
1:A:62:LEU:CD1	1:A:113:VAL:HG11	0.82	2.02	7	6
1:A:59:PHE:CE2	1:A:114:PHE:CE1	0.81	2.68	1	3
1:A:47:PHE:CZ	1:A:59:PHE:CE1	0.81	2.69	16	1
1:A:47:PHE:CE1	1:A:59:PHE:CZ	0.81	2.69	16	1
1:A:59:PHE:CD2	1:A:98:ILE:HD11	0.81	2.11	17	5
1:A:115:TRP:CZ2	1:A:156:PHE:CD2	0.81	2.69	13	1
1:A:55:VAL:HG13	1:A:59:PHE:CE1	0.80	2.10	15	1
1:A:111:LEU:HD22	1:A:152:SER:OG	0.80	1.75	18	1
1:A:53:TRP:CZ2	1:A:189:TYR:CD2	0.80	2.69	19	6
1:A:53:TRP:CZ3	1:A:189:TYR:CE2	0.80	2.69	12	1
1:A:72:TYR:CD1	1:A:85:VAL:HG21	0.80	2.12	17	1
1:A:107:TYR:O	1:A:111:LEU:HD12	0.80	1.76	12	2
1:A:46:ILE:HD11	1:A:179:PHE:CE1	0.79	2.12	18	1
1:A:59:PHE:CZ	1:A:114:PHE:CE1	0.79	2.70	5	4
1:A:169:ILE:HG23	1:A:171:THR:HG22	0.79	1.53	15	6
1:A:51:CYS:O	1:A:55:VAL:HG23	0.78	1.78	10	20
1:A:111:LEU:HD21	1:A:115:TRP:CZ2	0.78	2.14	3	1
1:A:46:ILE:HD12	1:A:141:LEU:HD21	0.77	1.55	15	2
1:A:70:ALA:HA	1:A:96:VAL:HG12	0.77	1.54	18	9
1:A:44:ILE:HG12	1:A:99:VAL:HG22	0.77	1.57	11	17
1:A:169:ILE:CG2	1:A:171:THR:HG22	0.76	2.09	17	5
1:A:59:PHE:CZ	1:A:114:PHE:CD1	0.76	2.74	5	3
1:A:47:PHE:CZ	1:A:59:PHE:CZ	0.76	2.74	16	1
1:A:111:LEU:HD21	1:A:115:TRP:CH2	0.76	2.15	3	1
1:A:69:ALA:O	1:A:96:VAL:HG13	0.75	1.81	12	8
1:A:29:ALA:HB1	1:A:191:HIS:NE2	0.75	1.97	8	2
1:A:160:MET:HE1	1:A:167:ARG:O	0.75	1.81	10	5

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:153:LEU:C	1:A:153:LEU:HD23	0.75	2.07	7	15
1:A:58:LEU:HD21	1:A:113:VAL:CG1	0.75	2.12	8	1
1:A:46:ILE:CD1	1:A:179:PHE:CE1	0.74	2.70	9	2
1:A:29:ALA:HB2	1:A:188:GLN:OE1	0.74	1.80	5	5
1:A:115:TRP:CH2	1:A:138:ILE:HD11	0.74	2.17	7	4
1:A:44:ILE:O	1:A:141:LEU:HD12	0.74	1.82	4	1
1:A:53:TRP:CZ3	1:A:189:TYR:CE1	0.73	2.76	20	4
1:A:53:TRP:CH2	1:A:189:TYR:CE2	0.73	2.75	20	5
1:A:115:TRP:CZ2	1:A:138:ILE:HD11	0.73	2.19	7	4
1:A:29:ALA:HB1	1:A:191:HIS:CE1	0.73	2.17	17	7
1:A:52:PHE:CE1	1:A:53:TRP:CD1	0.72	2.77	7	13
1:A:72:TYR:CD1	1:A:180:TYR:CE2	0.72	2.77	14	1
1:A:46:ILE:CD1	1:A:179:PHE:CE2	0.72	2.71	8	3
1:A:140:PRO:O	1:A:176:ALA:HB2	0.72	1.85	13	5
1:A:114:PHE:CE2	1:A:138:ILE:HD11	0.71	2.20	10	1
1:A:47:PHE:CE1	1:A:138:ILE:HG23	0.71	2.21	17	3
1:A:100:TYR:CE2	1:A:110:LEU:CD1	0.71	2.73	14	4
1:A:58:LEU:HD22	1:A:117:ASN:ND2	0.71	2.01	12	2
1:A:98:ILE:HD13	1:A:98:ILE:N	0.70	1.96	14	1
1:A:45:ALA:HB1	1:A:47:PHE:CE2	0.70	2.21	8	4
1:A:53:TRP:CE3	1:A:189:TYR:CD2	0.69	2.79	12	1
1:A:60:TRP:C	1:A:60:TRP:CD1	0.69	2.70	17	11
1:A:97:ARG:CZ	1:A:179:PHE:CD1	0.69	2.74	15	1
1:A:115:TRP:CE2	1:A:156:PHE:CD2	0.69	2.80	13	2
1:A:59:PHE:CE2	1:A:114:PHE:CZ	0.68	2.81	5	1
1:A:115:TRP:CD2	1:A:156:PHE:CE2	0.68	2.81	13	2
1:A:47:PHE:CG	1:A:114:PHE:CZ	0.68	2.81	20	1
1:A:72:TYR:CE1	1:A:85:VAL:HG11	0.67	2.25	20	1
1:A:179:PHE:C	1:A:179:PHE:CD1	0.67	2.73	1	3
1:A:190:LEU:HD23	1:A:193:ASN:O	0.67	1.89	20	1
1:A:33:HIS:CE1	1:A:66:TYR:CD2	0.67	2.83	14	1
1:A:59:PHE:CD2	1:A:98:ILE:HD13	0.67	2.25	5	1
1:A:111:LEU:CD2	1:A:115:TRP:CZ2	0.66	2.78	3	1
1:A:100:TYR:CZ	1:A:110:LEU:CD1	0.66	2.78	10	1
1:A:72:TYR:CE1	1:A:180:TYR:CB	0.66	2.79	3	2
1:A:59:PHE:CE2	1:A:98:ILE:HD11	0.66	2.26	4	4
1:A:46:ILE:HD13	1:A:179:PHE:CZ	0.66	2.26	12	2
1:A:62:LEU:HD23	1:A:63:PRO:HD2	0.66	1.68	6	7
1:A:115:TRP:CE2	1:A:156:PHE:CE2	0.66	2.84	13	2
1:A:58:LEU:HD13	1:A:117:ASN:ND2	0.66	2.05	10	6
1:A:47:PHE:CE1	1:A:59:PHE:CE2	0.66	2.83	16	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:62:LEU:HD13	1:A:110:LEU:HD23	0.65	1.68	12	1
1:A:53:TRP:CE2	1:A:189:TYR:CD2	0.65	2.85	19	4
1:A:62:LEU:HD11	1:A:113:VAL:CG2	0.65	2.19	17	1
1:A:100:TYR:CD2	1:A:110:LEU:HD11	0.65	2.26	14	7
1:A:53:TRP:CD2	1:A:189:TYR:CD2	0.65	2.85	12	3
1:A:107:TYR:C	1:A:107:TYR:CD1	0.65	2.74	3	1
1:A:115:TRP:CH2	1:A:156:PHE:CG	0.65	2.85	13	1
1:A:53:TRP:CZ3	1:A:189:TYR:CZ	0.65	2.84	20	3
1:A:84:GLU:HB3	1:A:90:THR:HG21	0.65	1.68	17	1
1:A:69:ALA:HB3	1:A:97:ARG:CG	0.65	2.22	16	1
1:A:107:TYR:CD1	1:A:108:GLU:N	0.64	2.65	12	16
1:A:53:TRP:CE2	1:A:189:TYR:CG	0.64	2.85	20	7
1:A:157:GLN:O	1:A:161:LEU:HD13	0.64	1.92	17	1
1:A:59:PHE:O	1:A:65:VAL:HG21	0.64	1.92	1	5
1:A:30:VAL:HG22	1:A:191:HIS:ND1	0.64	2.07	9	2
1:A:118:HIS:CE1	1:A:126:GLN:NE2	0.64	2.65	7	1
1:A:62:LEU:HD12	1:A:113:VAL:HG11	0.64	1.68	5	1
1:A:47:PHE:CE1	1:A:98:ILE:HD13	0.64	2.27	16	1
1:A:47:PHE:CD2	1:A:114:PHE:CZ	0.63	2.84	20	3
1:A:113:VAL:HG22	1:A:117:ASN:OD1	0.63	1.93	4	2
1:A:58:LEU:HD22	1:A:117:ASN:CG	0.63	2.18	6	4
1:A:55:VAL:CG1	1:A:59:PHE:CZ	0.63	2.81	14	3
1:A:30:VAL:HG11	1:A:60:TRP:CZ2	0.63	2.28	7	3
1:A:53:TRP:CZ2	1:A:189:TYR:CE2	0.63	2.87	18	4
1:A:53:TRP:CH2	1:A:189:TYR:CZ	0.63	2.86	20	4
1:A:190:LEU:HD21	1:A:197:TYR:O	0.62	1.94	6	9
1:A:81:THR:O	1:A:85:VAL:HG23	0.62	1.94	8	5
1:A:33:HIS:CE1	1:A:66:TYR:CE2	0.62	2.86	14	1
1:A:44:ILE:CG1	1:A:99:VAL:HG22	0.62	2.24	14	8
1:A:53:TRP:CE3	1:A:189:TYR:CE1	0.62	2.87	7	5
1:A:46:ILE:HG21	1:A:179:PHE:CD2	0.62	2.28	9	1
1:A:68:THR:HG23	1:A:98:ILE:HG13	0.62	1.70	15	1
1:A:53:TRP:HB3	1:A:190:LEU:HD23	0.62	1.71	19	8
1:A:70:ALA:HB3	1:A:187:GLN:HG2	0.62	1.71	16	1
1:A:177:THR:O	1:A:179:PHE:CE1	0.62	2.52	9	1
1:A:58:LEU:O	1:A:62:LEU:HD12	0.62	1.95	9	1
1:A:72:TYR:CD1	1:A:180:TYR:CZ	0.62	2.87	14	1
1:A:53:TRP:CE3	1:A:189:TYR:CD1	0.62	2.87	20	2
1:A:179:PHE:CD1	1:A:179:PHE:O	0.61	2.53	13	5
1:A:44:ILE:HG21	1:A:97:ARG:NE	0.61	2.10	7	1
1:A:30:VAL:CG1	1:A:60:TRP:CZ2	0.61	2.82	13	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:52:PHE:CE2	1:A:53:TRP:CD1	0.61	2.89	8	3
1:A:46:ILE:HD12	1:A:176:ALA:HB1	0.61	1.73	13	1
1:A:49:MET:HE2	1:A:117:ASN:OD1	0.61	1.96	2	1
1:A:100:TYR:CD2	1:A:110:LEU:CD1	0.61	2.83	14	7
1:A:49:MET:HE1	1:A:117:ASN:HB3	0.61	1.72	9	3
1:A:111:LEU:O	1:A:115:TRP:CD1	0.61	2.54	12	7
1:A:49:MET:SD	1:A:114:PHE:CE2	0.61	2.94	3	2
1:A:57:ARG:HA	1:A:60:TRP:CE3	0.61	2.31	17	10
1:A:57:ARG:CZ	1:A:190:LEU:HD12	0.61	2.26	13	2
1:A:46:ILE:O	1:A:47:PHE:CD1	0.60	2.54	17	5
1:A:49:MET:SD	1:A:114:PHE:CE1	0.60	2.94	4	1
1:A:153:LEU:HD12	1:A:171:THR:CG2	0.60	2.26	10	2
1:A:69:ALA:HB3	1:A:97:ARG:HB3	0.60	1.71	2	1
1:A:49:MET:HE1	1:A:114:PHE:HA	0.60	1.72	6	3
1:A:44:ILE:CG2	1:A:97:ARG:CG	0.60	2.80	9	1
1:A:181:TYR:CD1	1:A:181:TYR:O	0.60	2.55	18	1
1:A:108:GLU:HA	1:A:111:LEU:HD12	0.60	1.73	7	2
1:A:58:LEU:HD22	1:A:117:ASN:OD1	0.60	1.97	19	4
1:A:46:ILE:HG21	1:A:179:PHE:CD1	0.60	2.31	8	2
1:A:56:GLU:O	1:A:60:TRP:CE3	0.60	2.55	11	2
1:A:156:PHE:CE2	1:A:160:MET:SD	0.60	2.95	7	1
1:A:114:PHE:C	1:A:114:PHE:CD1	0.60	2.78	6	2
1:A:68:THR:HG22	1:A:98:ILE:HG23	0.60	1.73	14	1
1:A:53:TRP:CD2	1:A:189:TYR:CD1	0.60	2.90	7	7
1:A:110:LEU:O	1:A:114:PHE:CD2	0.60	2.55	15	2
1:A:112:GLN:O	1:A:116:GLU:CB	0.60	2.50	18	1
1:A:72:TYR:CD1	1:A:85:VAL:HG11	0.60	2.32	20	1
1:A:52:PHE:CZ	1:A:53:TRP:CD1	0.59	2.90	8	2
1:A:139:TYR:CE1	1:A:174:ALA:HB3	0.59	2.32	13	2
1:A:46:ILE:CG2	1:A:179:PHE:CE1	0.59	2.74	8	1
1:A:191:HIS:N	1:A:191:HIS:ND1	0.59	2.50	19	1
1:A:59:PHE:CD2	1:A:98:ILE:CD1	0.59	2.85	5	4
1:A:33:HIS:CD2	1:A:34:SER:O	0.59	2.56	3	2
1:A:153:LEU:HD12	1:A:171:THR:HG23	0.59	1.73	4	2
1:A:49:MET:O	1:A:118:HIS:CE1	0.59	2.55	6	1
1:A:120:PRO:O	1:A:170:THR:HG22	0.59	1.97	12	2
1:A:100:TYR:OH	1:A:107:TYR:CE1	0.59	2.55	15	1
1:A:59:PHE:HA	1:A:62:LEU:HD12	0.59	1.75	12	3
1:A:49:MET:CG	1:A:114:PHE:CZ	0.59	2.85	2	2
1:A:65:VAL:HG13	1:A:98:ILE:HG23	0.59	1.74	1	2
1:A:33:HIS:CG	1:A:34:SER:N	0.58	2.70	3	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:42:MET:HE1	1:A:66:TYR:CD1	0.58	2.32	3	3
1:A:124:MET:HE2	1:A:132:THR:HB	0.58	1.75	11	1
1:A:46:ILE:CG2	1:A:179:PHE:CE2	0.58	2.78	9	1
1:A:79:ASN:OD1	1:A:180:TYR:CE1	0.58	2.56	5	1
1:A:60:TRP:HA	1:A:65:VAL:HG11	0.58	1.75	9	2
1:A:114:PHE:CD2	1:A:138:ILE:HD11	0.58	2.32	10	1
1:A:30:VAL:HG22	1:A:191:HIS:CD2	0.58	2.34	6	2
1:A:72:TYR:CE1	1:A:80:PRO:O	0.58	2.56	11	1
1:A:52:PHE:HB2	1:A:96:VAL:HG11	0.58	1.75	19	5
1:A:120:PRO:CD	1:A:156:PHE:CE2	0.58	2.87	13	1
1:A:58:LEU:HD21	1:A:117:ASN:OD1	0.57	1.99	4	1
1:A:189:TYR:CE1	1:A:193:ASN:OD1	0.57	2.57	2	1
1:A:62:LEU:HD11	1:A:113:VAL:CG1	0.57	2.10	7	1
1:A:60:TRP:CE3	1:A:191:HIS:ND1	0.57	2.72	19	1
1:A:47:PHE:CZ	1:A:98:ILE:CD1	0.57	2.83	16	1
1:A:111:LEU:CG	1:A:115:TRP:CZ2	0.57	2.88	3	1
1:A:147:ALA:O	1:A:151:ALA:HB2	0.57	2.00	13	7
1:A:31:ASN:O	1:A:33:HIS:CD2	0.57	2.57	13	2
1:A:59:PHE:CE1	1:A:114:PHE:CE1	0.57	2.93	14	3
1:A:97:ARG:NH1	1:A:181:TYR:CD2	0.56	2.74	15	1
1:A:110:LEU:O	1:A:114:PHE:CG	0.56	2.59	14	3
1:A:65:VAL:CG1	1:A:68:THR:CG2	0.56	2.83	18	3
1:A:62:LEU:CD1	1:A:113:VAL:HG21	0.56	2.27	17	1
1:A:110:LEU:O	1:A:114:PHE:CD1	0.56	2.59	1	4
1:A:75:GLY:O	1:A:92:HIS:CE1	0.56	2.59	9	2
1:A:181:TYR:CD1	1:A:181:TYR:C	0.56	2.82	18	1
1:A:62:LEU:HD13	1:A:110:LEU:CD2	0.56	2.29	12	1
1:A:85:VAL:HG11	1:A:94:GLU:OE1	0.56	2.01	6	1
1:A:48:ALA:HB1	1:A:94:GLU:O	0.56	2.00	7	6
1:A:113:VAL:O	1:A:117:ASN:CB	0.56	2.54	18	1
1:A:153:LEU:CD1	1:A:171:THR:HG23	0.56	2.31	4	2
1:A:52:PHE:CE1	1:A:53:TRP:NE1	0.55	2.73	10	10
1:A:29:ALA:HB1	1:A:191:HIS:CD2	0.55	2.35	8	6
1:A:115:TRP:CZ2	1:A:152:SER:CB	0.55	2.90	3	2
1:A:46:ILE:HD11	1:A:179:PHE:CE2	0.55	2.36	17	1
1:A:47:PHE:CD2	1:A:114:PHE:CE2	0.55	2.94	1	3
1:A:60:TRP:CE3	1:A:60:TRP:O	0.55	2.59	5	1
1:A:28:HIS:CD2	1:A:68:THR:O	0.55	2.60	11	1
1:A:180:TYR:CD1	1:A:180:TYR:C	0.55	2.84	13	2
1:A:153:LEU:HD23	1:A:154:GLU:N	0.55	2.15	7	1
1:A:45:ALA:HB1	1:A:47:PHE:CZ	0.55	2.36	8	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:47:PHE:CD1	1:A:138:ILE:HG23	0.55	2.35	17	1
1:A:52:PHE:O	1:A:56:GLU:CG	0.55	2.55	7	3
1:A:107:TYR:CD1	1:A:107:TYR:C	0.55	2.84	8	6
1:A:118:HIS:CD2	1:A:119:ASP:O	0.55	2.60	11	2
1:A:35:MET:HE1	1:A:187:GLN:HG2	0.55	1.75	2	1
1:A:189:TYR:CD1	1:A:193:ASN:ND2	0.55	2.74	4	1
1:A:98:ILE:HD12	1:A:98:ILE:N	0.55	2.16	15	1
1:A:49:MET:HE3	1:A:114:PHE:O	0.55	2.02	18	1
1:A:52:PHE:CD2	1:A:94:GLU:CD	0.55	2.85	20	1
1:A:85:VAL:HG12	1:A:133:GLN:OE1	0.55	2.02	9	1
1:A:100:TYR:C	1:A:100:TYR:CD1	0.54	2.84	15	8
1:A:114:PHE:CD1	1:A:114:PHE:N	0.54	2.71	5	4
1:A:52:PHE:CZ	1:A:53:TRP:NE1	0.54	2.75	15	2
1:A:79:ASN:CG	1:A:180:TYR:CZ	0.54	2.85	9	1
1:A:153:LEU:C	1:A:153:LEU:CD2	0.54	2.81	7	5
1:A:120:PRO:CG	1:A:156:PHE:CE2	0.54	2.91	13	1
1:A:120:PRO:HD3	1:A:156:PHE:CE2	0.54	2.37	13	4
1:A:111:LEU:HG	1:A:115:TRP:CZ2	0.54	2.38	3	1
1:A:49:MET:HE3	1:A:118:HIS:CB	0.54	2.33	4	1
1:A:118:HIS:CE1	1:A:122:GLN:OE1	0.54	2.61	7	3
1:A:57:ARG:CD	1:A:57:ARG:C	0.54	2.81	10	2
1:A:49:MET:SD	1:A:114:PHE:CD2	0.54	3.00	11	1
1:A:98:ILE:N	1:A:98:ILE:CD1	0.54	2.65	14	2
1:A:177:THR:CB	1:A:178:PRO:CD	0.54	2.86	5	4
1:A:123:GLY:H	1:A:170:THR:HG21	0.54	1.63	17	3
1:A:58:LEU:HD13	1:A:117:ASN:HD21	0.54	1.63	13	1
1:A:42:MET:HE1	1:A:66:TYR:CE1	0.53	2.38	3	2
1:A:82:TYR:C	1:A:82:TYR:CD1	0.53	2.86	11	3
1:A:114:PHE:CD1	1:A:114:PHE:O	0.53	2.62	6	1
1:A:115:TRP:CZ2	1:A:152:SER:HB2	0.53	2.39	3	5
1:A:111:LEU:HD22	1:A:149:ALA:HA	0.53	1.80	12	1
1:A:51:CYS:O	1:A:55:VAL:CG2	0.53	2.57	17	15
1:A:97:ARG:CZ	1:A:179:PHE:CZ	0.53	2.91	7	1
1:A:98:ILE:HG22	1:A:100:TYR:CD1	0.53	2.39	10	1
1:A:111:LEU:O	1:A:115:TRP:CE2	0.53	2.60	9	2
1:A:189:TYR:CE1	1:A:193:ASN:ND2	0.53	2.77	4	2
1:A:114:PHE:CD1	1:A:115:TRP:CZ3	0.53	2.96	2	1
1:A:69:ALA:HB3	1:A:97:ARG:NE	0.53	2.19	3	1
1:A:179:PHE:CD1	1:A:179:PHE:C	0.53	2.84	13	3
1:A:153:LEU:HD11	1:A:171:THR:HG23	0.53	1.79	15	1
1:A:59:PHE:CD1	1:A:110:LEU:HD22	0.53	2.38	3	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:72:TYR:CE1	1:A:180:TYR:HB2	0.53	2.38	3	2
1:A:157:GLN:HA	1:A:169:ILE:HD11	0.53	1.81	15	1
1:A:177:THR:O	1:A:179:PHE:CE2	0.52	2.62	8	2
1:A:67:SER:C	1:A:68:THR:CG2	0.52	2.82	18	1
1:A:52:PHE:N	1:A:52:PHE:CD1	0.52	2.73	20	1
1:A:120:PRO:HG3	1:A:156:PHE:CE2	0.52	2.40	13	3
1:A:100:TYR:CE2	1:A:110:LEU:HD12	0.52	2.38	14	3
1:A:113:VAL:HG13	1:A:117:ASN:ND2	0.52	2.18	11	1
1:A:141:LEU:HD22	1:A:176:ALA:CB	0.52	2.34	13	1
1:A:48:ALA:CB	1:A:94:GLU:O	0.52	2.58	19	11
1:A:65:VAL:HG11	1:A:68:THR:CG2	0.52	2.34	18	2
1:A:26:THR:HG22	1:A:27:LEU:HG	0.52	1.81	10	1
1:A:52:PHE:O	1:A:56:GLU:CB	0.52	2.57	16	15
1:A:100:TYR:CD1	1:A:105:ILE:HG23	0.52	2.39	15	3
1:A:129:ASP:CG	1:A:134:TYR:CZ	0.52	2.87	20	1
1:A:97:ARG:HG3	1:A:179:PHE:CZ	0.52	2.40	4	1
1:A:141:LEU:HD12	1:A:176:ALA:HB2	0.52	1.81	5	1
1:A:197:TYR:O	1:A:197:TYR:CG	0.52	2.61	8	2
1:A:53:TRP:CD1	1:A:189:TYR:HB3	0.52	2.40	19	19
1:A:153:LEU:HD23	1:A:153:LEU:O	0.52	2.05	19	2
1:A:121:ALA:HB2	1:A:169:ILE:HA	0.52	1.81	9	1
1:A:55:VAL:HG12	1:A:59:PHE:CE2	0.52	2.39	19	3
1:A:52:PHE:CE2	1:A:53:TRP:NE1	0.52	2.78	8	1
1:A:124:MET:HE2	1:A:132:THR:HG23	0.52	1.82	19	2
1:A:169:ILE:CG2	1:A:171:THR:CG2	0.52	2.88	15	1
1:A:188:GLN:HB3	1:A:191:HIS:CD2	0.52	2.40	19	1
1:A:147:ALA:O	1:A:151:ALA:CB	0.52	2.58	7	5
1:A:118:HIS:CE1	1:A:126:GLN:OE1	0.52	2.62	9	1
1:A:75:GLY:HA3	1:A:92:HIS:CD2	0.51	2.40	4	14
1:A:120:PRO:CD	1:A:156:PHE:CZ	0.51	2.93	3	3
1:A:29:ALA:HB3	1:A:188:GLN:OE1	0.51	2.04	12	1
1:A:180:TYR:CG	1:A:180:TYR:O	0.51	2.63	14	2
1:A:29:ALA:HB2	1:A:188:GLN:HG3	0.51	1.80	10	1
1:A:42:MET:HE3	1:A:66:TYR:CD2	0.51	2.41	10	1
1:A:114:PHE:O	1:A:118:HIS:N	0.51	2.43	17	4
1:A:29:ALA:HB2	1:A:188:GLN:CD	0.51	2.30	11	2
1:A:54:GLY:O	1:A:58:LEU:CB	0.51	2.58	10	2
1:A:120:PRO:CG	1:A:156:PHE:CD2	0.51	2.94	13	1
1:A:80:PRO:HG3	1:A:92:HIS:CD2	0.51	2.41	10	9
1:A:113:VAL:O	1:A:117:ASN:N	0.51	2.42	18	14
1:A:189:TYR:CD1	1:A:189:TYR:C	0.51	2.88	18	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:183:GLU:OE2	1:A:186:HIS:CD2	0.51	2.63	3	1
1:A:112:GLN:HA	1:A:115:TRP:CZ3	0.51	2.40	11	3
1:A:120:PRO:HD2	1:A:156:PHE:CZ	0.51	2.40	9	3
1:A:79:ASN:OD1	1:A:180:TYR:CZ	0.51	2.63	9	1
1:A:120:PRO:HG3	1:A:156:PHE:CD2	0.51	2.41	13	3
1:A:124:MET:CE	1:A:132:THR:HG23	0.51	2.35	6	1
1:A:49:MET:HE2	1:A:117:ASN:ND2	0.51	2.21	8	1
1:A:69:ALA:HB1	1:A:181:TYR:CE1	0.51	2.40	15	1
1:A:58:LEU:CD1	1:A:117:ASN:OD1	0.51	2.59	20	1
1:A:35:MET:HE1	1:A:187:GLN:CG	0.51	2.34	2	1
1:A:49:MET:O	1:A:118:HIS:CD2	0.51	2.63	3	1
1:A:71:GLY:O	1:A:72:TYR:CD1	0.51	2.63	19	2
1:A:100:TYR:CZ	1:A:110:LEU:HD12	0.51	2.41	10	1
1:A:84:GLU:OE2	1:A:90:THR:HG22	0.51	2.06	11	1
1:A:57:ARG:HD2	1:A:190:LEU:HD12	0.51	1.83	19	1
1:A:170:THR:HG23	1:A:170:THR:O	0.51	2.06	20	1
1:A:71:GLY:HA3	1:A:179:PHE:CE2	0.51	2.41	1	3
1:A:120:PRO:HG2	1:A:156:PHE:CD1	0.51	2.41	11	1
1:A:197:TYR:C	1:A:197:TYR:CD1	0.51	2.89	18	2
1:A:112:GLN:O	1:A:116:GLU:N	0.50	2.40	18	4
1:A:111:LEU:CD2	1:A:115:TRP:CH2	0.50	2.94	3	1
1:A:57:ARG:HA	1:A:60:TRP:CD2	0.50	2.41	16	5
1:A:56:GLU:CG	1:A:57:ARG:N	0.50	2.74	20	3
1:A:179:PHE:CZ	1:A:181:TYR:CE1	0.50	2.99	16	2
1:A:114:PHE:C	1:A:116:GLU:N	0.50	2.67	17	2
1:A:42:MET:CE	1:A:66:TYR:CE1	0.50	2.94	17	1
1:A:97:ARG:HB2	1:A:179:PHE:CZ	0.50	2.41	4	5
1:A:107:TYR:CG	1:A:108:GLU:N	0.50	2.78	17	4
1:A:100:TYR:CD2	1:A:105:ILE:HG23	0.50	2.41	6	3
1:A:163:ALA:O	1:A:164:ASP:CB	0.50	2.59	6	7
1:A:122:GLN:CD	1:A:122:GLN:C	0.50	2.79	8	1
1:A:100:TYR:CE1	1:A:110:LEU:CD1	0.50	2.95	10	2
1:A:84:GLU:OE2	1:A:90:THR:CG2	0.50	2.60	11	1
1:A:187:GLN:O	1:A:188:GLN:C	0.50	2.54	12	2
1:A:58:LEU:HD11	1:A:113:VAL:HG11	0.50	1.83	6	1
1:A:55:VAL:HG13	1:A:59:PHE:CZ	0.50	2.41	14	2
1:A:72:TYR:CG	1:A:85:VAL:HG21	0.50	2.40	17	1
1:A:58:LEU:CD2	1:A:117:ASN:OD1	0.50	2.60	1	3
1:A:107:TYR:CE1	1:A:148:ALA:CB	0.50	2.95	7	4
1:A:49:MET:SD	1:A:114:PHE:CZ	0.50	3.05	4	1
1:A:187:GLN:C	1:A:188:GLN:CG	0.50	2.84	5	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:140:PRO:C	1:A:141:LEU:HD22	0.50	2.32	15	1
1:A:62:LEU:CD2	1:A:105:ILE:CD1	0.50	2.90	19	1
1:A:146:ASP:OD1	1:A:173:ILE:CG2	0.50	2.60	2	5
1:A:60:TRP:C	1:A:60:TRP:CD2	0.50	2.90	5	1
1:A:63:PRO:O	1:A:105:ILE:HD12	0.50	2.07	12	2
1:A:113:VAL:HG12	1:A:114:PHE:CD1	0.50	2.41	15	1
1:A:143:PRO:C	1:A:146:ASP:OD1	0.50	2.54	15	1
1:A:153:LEU:HD21	1:A:169:ILE:HG21	0.50	1.84	20	1
1:A:28:HIS:ND1	1:A:31:ASN:N	0.50	2.60	8	17
1:A:69:ALA:C	1:A:96:VAL:HG13	0.50	2.31	3	2
1:A:97:ARG:HD3	1:A:179:PHE:CE1	0.50	2.41	3	2
1:A:97:ARG:CZ	1:A:181:TYR:OH	0.50	2.60	10	1
1:A:55:VAL:CG1	1:A:59:PHE:CE1	0.50	2.89	15	1
1:A:57:ARG:HA	1:A:60:TRP:CZ3	0.49	2.42	11	5
1:A:47:PHE:CD1	1:A:114:PHE:CE1	0.49	3.00	10	1
1:A:49:MET:HE2	1:A:59:PHE:CE1	0.49	2.42	15	1
1:A:97:ARG:CZ	1:A:179:PHE:CE1	0.49	2.94	15	1
1:A:193:ASN:ND2	1:A:193:ASN:N	0.49	2.60	20	3
1:A:66:TYR:N	1:A:99:VAL:O	0.49	2.45	11	17
1:A:160:MET:SD	1:A:161:LEU:HD22	0.49	2.47	9	1
1:A:78:PRO:C	1:A:79:ASN:CG	0.49	2.81	10	1
1:A:111:LEU:HD13	1:A:149:ALA:HA	0.49	1.85	20	1
1:A:93:ALA:HB2	1:A:135:ARG:NH2	0.49	2.21	2	1
1:A:124:MET:HG3	1:A:132:THR:HG22	0.49	1.85	6	1
1:A:58:LEU:C	1:A:58:LEU:HD12	0.49	2.33	6	1
1:A:69:ALA:O	1:A:96:VAL:CG1	0.49	2.61	14	6
1:A:53:TRP:CE3	1:A:189:TYR:CE2	0.49	3.01	12	1
1:A:75:GLY:N	1:A:92:HIS:ND1	0.49	2.59	2	1
1:A:111:LEU:CD2	1:A:138:ILE:HD13	0.49	2.37	2	5
1:A:70:ALA:N	1:A:187:GLN:OE1	0.49	2.46	18	2
1:A:107:TYR:CD1	1:A:145:GLN:HG3	0.49	2.43	10	2
1:A:169:ILE:HG23	1:A:171:THR:CG2	0.49	2.33	15	1
1:A:97:ARG:HG2	1:A:179:PHE:CE1	0.49	2.43	17	1
1:A:53:TRP:CD1	1:A:189:TYR:CB	0.49	2.96	8	8
1:A:81:THR:HG22	1:A:84:GLU:CD	0.49	2.33	8	1
1:A:45:ALA:N	1:A:98:ILE:O	0.48	2.46	1	13
1:A:100:TYR:CG	1:A:110:LEU:HD11	0.48	2.43	5	1
1:A:59:PHE:CD1	1:A:98:ILE:HG12	0.48	2.43	8	2
1:A:43:GLU:OE1	1:A:142:THR:CG2	0.48	2.61	9	1
1:A:56:GLU:C	1:A:60:TRP:CE3	0.48	2.91	11	1
1:A:139:TYR:HE1	1:A:174:ALA:HB3	0.48	1.68	13	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:153:LEU:HD23	1:A:153:LEU:C	0.48	2.33	19	1
1:A:156:PHE:CZ	1:A:160:MET:SD	0.48	3.06	7	1
1:A:111:LEU:O	1:A:115:TRP:NE1	0.48	2.47	11	3
1:A:77:THR:O	1:A:92:HIS:NE2	0.48	2.46	20	15
1:A:69:ALA:HB1	1:A:187:GLN:OE1	0.48	2.09	8	1
1:A:49:MET:HG3	1:A:114:PHE:CE2	0.48	2.44	16	1
1:A:69:ALA:HB3	1:A:97:ARG:HG3	0.48	1.85	16	1
1:A:71:GLY:HA3	1:A:179:PHE:CZ	0.48	2.43	1	1
1:A:114:PHE:CE2	1:A:138:ILE:CD1	0.48	2.96	10	1
1:A:70:ALA:HA	1:A:96:VAL:HG22	0.48	1.86	20	1
1:A:42:MET:SD	1:A:66:TYR:CG	0.48	3.07	2	1
1:A:72:TYR:CE1	1:A:180:TYR:HB3	0.48	2.44	11	3
1:A:46:ILE:HG22	1:A:139:TYR:CD2	0.48	2.44	5	2
1:A:118:HIS:CE1	1:A:122:GLN:CD	0.48	2.92	7	1
1:A:169:ILE:O	1:A:169:ILE:CG2	0.48	2.61	7	3
1:A:71:GLY:HA3	1:A:179:PHE:CD2	0.48	2.43	13	1
1:A:79:ASN:OD1	1:A:180:TYR:CE2	0.48	2.67	15	1
1:A:49:MET:HE2	1:A:59:PHE:CZ	0.48	2.44	15	1
1:A:55:VAL:O	1:A:59:PHE:CD1	0.48	2.67	15	1
1:A:75:GLY:C	1:A:92:HIS:NE2	0.48	2.72	9	2
1:A:177:THR:O	1:A:179:PHE:CD2	0.48	2.67	8	2
1:A:30:VAL:HG22	1:A:191:HIS:CE1	0.48	2.44	9	1
1:A:121:ALA:HA	1:A:170:THR:HG23	0.48	1.86	15	1
1:A:58:LEU:O	1:A:62:LEU:N	0.48	2.47	19	1
1:A:72:TYR:CZ	1:A:80:PRO:O	0.47	2.67	11	1
1:A:141:LEU:HD22	1:A:176:ALA:HB2	0.47	1.85	13	1
1:A:49:MET:CE	1:A:117:ASN:O	0.47	2.62	17	1
1:A:97:ARG:HG2	1:A:179:PHE:CZ	0.47	2.44	17	1
1:A:49:MET:HB2	1:A:55:VAL:HG11	0.47	1.84	1	2
1:A:44:ILE:O	1:A:141:LEU:HD23	0.47	2.08	12	1
1:A:110:LEU:HB3	1:A:114:PHE:CZ	0.47	2.44	5	2
1:A:112:GLN:HA	1:A:115:TRP:CZ2	0.47	2.44	18	2
1:A:42:MET:CE	1:A:66:TYR:CD1	0.47	2.96	17	1
1:A:75:GLY:CA	1:A:91:GLY:C	0.47	2.88	19	5
1:A:113:VAL:CG1	1:A:114:PHE:N	0.47	2.77	6	2
1:A:79:ASN:HA	1:A:180:TYR:CD2	0.47	2.43	10	2
1:A:188:GLN:CD	1:A:188:GLN:N	0.47	2.70	20	1
1:A:112:GLN:HA	1:A:115:TRP:CH2	0.47	2.44	11	2
1:A:197:TYR:CD1	1:A:197:TYR:O	0.47	2.67	18	1
1:A:59:PHE:O	1:A:62:LEU:CB	0.47	2.61	19	1
1:A:97:ARG:HD2	1:A:179:PHE:CZ	0.47	2.45	7	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:115:TRP:CH2	1:A:156:PHE:CD2	0.47	3.03	13	1
1:A:72:TYR:CD1	1:A:72:TYR:N	0.47	2.83	14	1
1:A:115:TRP:CZ3	1:A:120:PRO:HB3	0.47	2.44	20	3
1:A:28:HIS:CG	1:A:31:ASN:HB2	0.47	2.44	4	17
1:A:79:ASN:N	1:A:80:PRO:HD3	0.47	2.25	20	3
1:A:115:TRP:CE3	1:A:120:PRO:HG3	0.47	2.44	12	3
1:A:118:HIS:ND1	1:A:118:HIS:C	0.47	2.73	5	2
1:A:141:LEU:HD12	1:A:176:ALA:CB	0.47	2.40	9	2
1:A:113:VAL:HG12	1:A:114:PHE:N	0.47	2.25	6	1
1:A:118:HIS:NE2	1:A:126:GLN:NE2	0.47	2.62	8	1
1:A:160:MET:SD	1:A:161:LEU:N	0.47	2.88	9	1
1:A:39:PRO:HG3	1:A:66:TYR:CE2	0.47	2.45	17	3
1:A:60:TRP:CH2	1:A:191:HIS:HA	0.47	2.45	19	1
1:A:50:GLY:O	1:A:51:CYS:C	0.47	2.58	19	19
1:A:139:TYR:CE1	1:A:177:THR:HG23	0.47	2.44	1	2
1:A:146:ASP:O	1:A:150:ARG:CG	0.47	2.63	19	1
1:A:60:TRP:CE3	1:A:60:TRP:C	0.47	2.93	5	1
1:A:105:ILE:HD13	1:A:110:LEU:CD2	0.47	2.40	5	1
1:A:97:ARG:HD2	1:A:179:PHE:CE1	0.47	2.45	7	1
1:A:35:MET:HE3	1:A:181:TYR:HE1	0.47	1.69	15	1
1:A:47:PHE:CB	1:A:114:PHE:CZ	0.47	2.98	20	1
1:A:28:HIS:N	1:A:33:HIS:O	0.47	2.48	16	8
1:A:22:MET:SD	1:A:22:MET:N	0.47	2.88	10	1
1:A:97:ARG:HG3	1:A:179:PHE:CE1	0.47	2.44	13	1
1:A:60:TRP:CZ3	1:A:191:HIS:HA	0.47	2.45	19	1
1:A:31:ASN:CG	1:A:66:TYR:O	0.46	2.58	12	15
1:A:59:PHE:CE2	1:A:98:ILE:CD1	0.46	2.96	4	1
1:A:70:ALA:HB3	1:A:187:GLN:NE2	0.46	2.25	6	1
1:A:101:ASP:OD1	1:A:101:ASP:N	0.46	2.48	15	3
1:A:82:TYR:CD1	1:A:82:TYR:C	0.46	2.93	9	1
1:A:28:HIS:CD2	1:A:188:GLN:OE1	0.46	2.69	4	1
1:A:46:ILE:C	1:A:47:PHE:CD1	0.46	2.94	20	2
1:A:73:THR:HG1	1:A:177:THR:CB	0.46	2.23	15	1
1:A:181:TYR:CE2	1:A:182:ALA:O	0.46	2.69	18	1
1:A:197:TYR:O	1:A:197:TYR:CD2	0.46	2.68	8	1
1:A:47:PHE:CE1	1:A:114:PHE:CD1	0.46	3.03	10	1
1:A:107:TYR:CE2	1:A:111:LEU:HD12	0.46	2.45	18	1
1:A:28:HIS:ND1	1:A:29:ALA:N	0.46	2.64	2	6
1:A:100:TYR:CD1	1:A:100:TYR:C	0.46	2.94	9	2
1:A:117:ASN:OD1	1:A:117:ASN:C	0.46	2.59	8	1
1:A:55:VAL:HG12	1:A:59:PHE:CD2	0.46	2.45	9	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:29:ALA:HB2	1:A:188:GLN:CG	0.46	2.40	10	1
1:A:149:ALA:HB1	1:A:173:ILE:HG12	0.46	1.87	18	1
1:A:189:TYR:C	1:A:189:TYR:CD1	0.46	2.94	3	4
1:A:118:HIS:ND1	1:A:119:ASP:O	0.46	2.48	13	1
1:A:29:ALA:HB1	1:A:191:HIS:ND1	0.46	2.26	17	1
1:A:111:LEU:HA	1:A:114:PHE:CD2	0.46	2.46	8	3
1:A:129:ASP:HB3	1:A:134:TYR:CE2	0.46	2.45	20	6
1:A:119:ASP:C	1:A:121:ALA:H	0.46	2.19	19	3
1:A:113:VAL:C	1:A:117:ASN:OD1	0.46	2.58	13	2
1:A:97:ARG:NE	1:A:97:ARG:N	0.46	2.63	5	1
1:A:112:GLN:HA	1:A:115:TRP:CE3	0.46	2.46	8	3
1:A:52:PHE:CE2	1:A:94:GLU:OE2	0.46	2.69	20	1
1:A:115:TRP:NE1	1:A:152:SER:OG	0.46	2.49	16	3
1:A:31:ASN:ND2	1:A:66:TYR:O	0.46	2.49	12	5
1:A:49:MET:HB2	1:A:55:VAL:HG21	0.46	1.88	6	1
1:A:183:GLU:HB2	1:A:186:HIS:CD2	0.46	2.46	11	4
1:A:72:TYR:CE1	1:A:80:PRO:HD2	0.46	2.46	18	1
1:A:36:THR:O	1:A:38:VAL:HG23	0.46	2.11	1	1
1:A:28:HIS:CE1	1:A:188:GLN:OE1	0.46	2.69	12	2
1:A:120:PRO:HG2	1:A:156:PHE:CE2	0.46	2.46	7	1
1:A:156:PHE:CE2	1:A:160:MET:HG3	0.46	2.46	18	1
1:A:42:MET:SD	1:A:100:TYR:C	0.45	3.00	1	7
1:A:28:HIS:CG	1:A:29:ALA:N	0.45	2.85	8	7
1:A:100:TYR:HD2	1:A:105:ILE:HG23	0.45	1.71	2	1
1:A:42:MET:CE	1:A:101:ASP:OD1	0.45	2.64	6	1
1:A:179:PHE:CE2	1:A:181:TYR:CE1	0.45	3.04	14	1
1:A:79:ASN:CG	1:A:180:TYR:CE2	0.45	2.94	15	1
1:A:117:ASN:O	1:A:117:ASN:ND2	0.45	2.48	18	1
1:A:59:PHE:CG	1:A:98:ILE:HG12	0.45	2.47	18	8
1:A:78:PRO:O	1:A:79:ASN:C	0.45	2.59	10	4
1:A:189:TYR:O	1:A:193:ASN:ND2	0.45	2.50	11	5
1:A:122:GLN:OE1	1:A:136:SER:N	0.45	2.49	6	1
1:A:97:ARG:NH2	1:A:181:TYR:OH	0.45	2.50	16	2
1:A:57:ARG:HA	1:A:60:TRP:CH2	0.45	2.46	11	1
1:A:80:PRO:HG3	1:A:92:HIS:CE1	0.45	2.46	16	2
1:A:31:ASN:C	1:A:33:HIS:N	0.45	2.72	15	8
1:A:97:ARG:HD2	1:A:179:PHE:CD1	0.45	2.45	1	1
1:A:97:ARG:O	1:A:97:ARG:CG	0.45	2.65	15	2
1:A:53:TRP:CD2	1:A:189:TYR:CG	0.45	3.04	20	1
1:A:33:HIS:NE2	1:A:34:SER:O	0.45	2.49	2	1
1:A:115:TRP:CZ3	1:A:120:PRO:HG3	0.45	2.46	2	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:97:ARG:CG	1:A:179:PHE:CZ	0.45	2.99	4	1
1:A:115:TRP:HB3	1:A:156:PHE:CE2	0.45	2.47	5	2
1:A:53:TRP:CG	1:A:189:TYR:CD1	0.45	3.04	7	1
1:A:169:ILE:HD13	1:A:169:ILE:H	0.45	1.71	9	1
1:A:180:TYR:CD1	1:A:181:TYR:O	0.45	2.70	19	1
1:A:120:PRO:CB	1:A:171:THR:HG21	0.45	2.42	3	1
1:A:28:HIS:CE1	1:A:188:GLN:HG2	0.45	2.47	6	2
1:A:51:CYS:N	1:A:126:GLN:OE1	0.45	2.50	15	2
1:A:146:ASP:OD1	1:A:146:ASP:N	0.45	2.49	15	1
1:A:52:PHE:CD2	1:A:94:GLU:OE2	0.45	2.70	20	1
1:A:75:GLY:C	1:A:92:HIS:CE1	0.45	2.95	2	3
1:A:75:GLY:CA	1:A:92:HIS:CD2	0.45	3.00	4	1
1:A:35:MET:O	1:A:97:ARG:NH1	0.45	2.50	10	1
1:A:47:PHE:CD2	1:A:138:ILE:HG12	0.45	2.46	20	3
1:A:190:LEU:HD13	1:A:193:ASN:O	0.45	2.11	12	2
1:A:49:MET:HG3	1:A:114:PHE:CZ	0.45	2.46	16	2
1:A:123:GLY:N	1:A:170:THR:HG21	0.45	2.27	4	1
1:A:189:TYR:O	1:A:192:LYS:N	0.45	2.50	13	4
1:A:44:ILE:CG2	1:A:97:ARG:HG3	0.45	2.42	9	1
1:A:75:GLY:HA3	1:A:92:HIS:CG	0.45	2.47	18	3
1:A:146:ASP:OD2	1:A:173:ILE:CG2	0.45	2.64	1	1
1:A:56:GLU:CD	1:A:188:GLN:OE1	0.45	2.60	2	1
1:A:160:MET:O	1:A:163:ALA:HB3	0.45	2.12	3	1
1:A:29:ALA:CB	1:A:188:GLN:CB	0.45	2.95	10	2
1:A:73:THR:HG21	1:A:179:PHE:CD2	0.45	2.46	9	1
1:A:120:PRO:HD2	1:A:156:PHE:CE1	0.45	2.47	9	2
1:A:107:TYR:CE1	1:A:145:GLN:HG3	0.45	2.47	15	1
1:A:72:TYR:CZ	1:A:85:VAL:HG11	0.45	2.46	20	1
1:A:81:THR:N	1:A:84:GLU:OE1	0.45	2.50	1	2
1:A:49:MET:O	1:A:118:HIS:NE2	0.45	2.49	3	1
1:A:187:GLN:C	1:A:188:GLN:OE1	0.45	2.60	3	1
1:A:49:MET:HE1	1:A:117:ASN:CB	0.45	2.42	20	1
1:A:52:PHE:CE1	1:A:186:HIS:HB3	0.44	2.46	11	4
1:A:41:GLY:O	1:A:102:PRO:CD	0.44	2.65	4	2
1:A:75:GLY:O	1:A:92:HIS:NE2	0.44	2.50	4	1
1:A:195:TYR:CD2	1:A:195:TYR:O	0.44	2.70	4	2
1:A:115:TRP:HB3	1:A:156:PHE:CZ	0.44	2.47	5	1
1:A:55:VAL:HA	1:A:58:LEU:HD23	0.44	1.88	6	1
1:A:43:GLU:OE1	1:A:142:THR:HG21	0.44	2.11	9	1
1:A:107:TYR:CD2	1:A:145:GLN:HG2	0.44	2.47	18	2
1:A:57:ARG:HG3	1:A:58:LEU:N	0.44	2.26	14	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:33:HIS:O	1:A:34:SER:C	0.44	2.60	15	1
1:A:81:THR:OG1	1:A:84:GLU:CD	0.44	2.60	15	1
1:A:183:GLU:HG2	1:A:186:HIS:CD2	0.44	2.47	3	1
1:A:69:ALA:O	1:A:97:ARG:N	0.44	2.50	6	6
1:A:29:ALA:CB	1:A:188:GLN:OE1	0.44	2.59	5	1
1:A:28:HIS:NE2	1:A:68:THR:O	0.44	2.50	11	1
1:A:112:GLN:HA	1:A:115:TRP:CE2	0.44	2.48	18	2
1:A:122:GLN:NE2	1:A:134:TYR:O	0.44	2.50	20	1
1:A:126:GLN:OE1	1:A:127:GLY:N	0.44	2.51	2	1
1:A:58:LEU:CD1	1:A:117:ASN:ND2	0.44	2.80	3	3
1:A:46:ILE:HG22	1:A:139:TYR:HB2	0.44	1.89	5	1
1:A:44:ILE:HG21	1:A:97:ARG:CG	0.44	2.42	9	1
1:A:188:GLN:OE1	1:A:188:GLN:CA	0.44	2.65	10	1
1:A:56:GLU:CG	1:A:68:THR:HG22	0.44	2.43	11	1
1:A:44:ILE:HG21	1:A:97:ARG:CD	0.44	2.42	13	1
1:A:73:THR:OG1	1:A:74:GLY:N	0.44	2.51	13	1
1:A:111:LEU:HD22	1:A:152:SER:CB	0.44	2.42	18	1
1:A:161:LEU:O	1:A:164:ASP:N	0.44	2.49	20	1
1:A:135:ARG:NH2	1:A:172:GLU:OE1	0.44	2.50	4	1
1:A:97:ARG:C	1:A:98:ILE:HD12	0.44	2.37	9	2
1:A:118:HIS:ND1	1:A:122:GLN:OE1	0.44	2.50	10	1
1:A:53:TRP:CZ3	1:A:189:TYR:CD2	0.44	3.04	12	1
1:A:153:LEU:HG	1:A:169:ILE:HD13	0.44	1.89	18	2
1:A:120:PRO:HG2	1:A:156:PHE:CD2	0.44	2.48	4	1
1:A:177:THR:CB	1:A:178:PRO:HD2	0.44	2.43	18	2
1:A:119:ASP:OD1	1:A:121:ALA:N	0.44	2.48	11	1
1:A:114:PHE:CE1	1:A:115:TRP:CZ3	0.44	3.05	16	1
1:A:126:GLN:HB3	1:A:134:TYR:CD1	0.44	2.48	20	1
1:A:52:PHE:CB	1:A:96:VAL:CG1	0.44	2.96	5	1
1:A:107:TYR:CE1	1:A:145:GLN:CG	0.44	3.01	15	1
1:A:114:PHE:O	1:A:117:ASN:N	0.44	2.50	15	1
1:A:46:ILE:O	1:A:139:TYR:N	0.44	2.50	16	1
1:A:70:ALA:O	1:A:187:GLN:NE2	0.44	2.49	17	1
1:A:49:MET:HG2	1:A:114:PHE:CZ	0.44	2.48	2	1
1:A:45:ALA:O	1:A:98:ILE:N	0.44	2.50	9	1
1:A:107:TYR:CZ	1:A:145:GLN:HB3	0.44	2.47	18	2
1:A:153:LEU:CD2	1:A:169:ILE:HD13	0.44	2.42	16	1
1:A:120:PRO:HG3	1:A:156:PHE:CG	0.44	2.48	17	1
1:A:49:MET:O	1:A:126:GLN:NE2	0.44	2.49	14	3
1:A:52:PHE:CZ	1:A:186:HIS:HB3	0.44	2.48	11	1
1:A:119:ASP:OD2	1:A:119:ASP:N	0.44	2.51	15	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:161:LEU:HD12	1:A:165:ASP:O	0.44	2.13	5	1
1:A:174:ALA:O	1:A:175:ASN:C	0.44	2.59	9	3
1:A:118:HIS:CE1	1:A:126:GLN:CD	0.44	2.96	7	1
1:A:57:ARG:HA	1:A:60:TRP:CE2	0.44	2.48	11	2
1:A:129:ASP:OD1	1:A:134:TYR:CG	0.44	2.70	9	1
1:A:182:ALA:O	1:A:187:GLN:NE2	0.44	2.51	12	1
1:A:156:PHE:O	1:A:160:MET:N	0.44	2.50	19	1
1:A:58:LEU:HD13	1:A:117:ASN:OD1	0.44	2.13	20	1
1:A:71:GLY:CA	1:A:179:PHE:CE2	0.43	3.01	1	1
1:A:157:GLN:O	1:A:161:LEU:HD22	0.43	2.13	1	1
1:A:55:VAL:O	1:A:59:PHE:CD2	0.43	2.71	2	1
1:A:28:HIS:CG	1:A:188:GLN:OE1	0.43	2.70	4	1
1:A:49:MET:HE2	1:A:117:ASN:CG	0.43	2.38	8	1
1:A:56:GLU:HB2	1:A:96:VAL:HG11	0.43	1.90	11	1
1:A:140:PRO:O	1:A:176:ALA:CB	0.43	2.63	13	1
1:A:115:TRP:O	1:A:118:HIS:O	0.43	2.35	18	1
1:A:29:ALA:CB	1:A:191:HIS:CD2	0.43	3.01	8	1
1:A:85:VAL:CG1	1:A:133:GLN:OE1	0.43	2.65	9	1
1:A:111:LEU:O	1:A:114:PHE:CB	0.43	2.67	11	1
1:A:114:PHE:O	1:A:115:TRP:C	0.43	2.59	17	1
1:A:119:ASP:CG	1:A:119:ASP:O	0.43	2.60	18	1
1:A:115:TRP:HB3	1:A:156:PHE:CE1	0.43	2.49	2	2
1:A:62:LEU:HD23	1:A:63:PRO:N	0.43	2.28	5	1
1:A:160:MET:CE	1:A:167:ARG:O	0.43	2.66	13	3
1:A:55:VAL:CG1	1:A:59:PHE:CE2	0.43	3.01	9	3
1:A:60:TRP:CE3	1:A:191:HIS:CG	0.43	3.07	19	1
1:A:125:ARG:C	1:A:134:TYR:O	0.43	2.61	19	1
1:A:62:LEU:HD23	1:A:63:PRO:CD	0.43	2.42	5	1
1:A:47:PHE:HB3	1:A:114:PHE:CZ	0.43	2.48	7	1
1:A:189:TYR:C	1:A:191:HIS:N	0.43	2.76	17	6
1:A:59:PHE:CE2	1:A:98:ILE:HD13	0.43	2.48	5	1
1:A:142:THR:O	1:A:146:ASP:OD1	0.43	2.36	15	4
1:A:160:MET:SD	1:A:169:ILE:CG2	0.43	3.07	6	1
1:A:121:ALA:CB	1:A:167:ARG:O	0.43	2.67	9	1
1:A:124:MET:CE	1:A:132:THR:HG22	0.43	2.43	13	1
1:A:49:MET:SD	1:A:117:ASN:O	0.43	2.76	17	1
1:A:107:TYR:CE2	1:A:145:GLN:HB3	0.43	2.49	18	1
1:A:56:GLU:HG3	1:A:57:ARG:N	0.43	2.29	20	1
1:A:188:GLN:O	1:A:191:HIS:ND1	0.43	2.49	17	3
1:A:59:PHE:HD1	1:A:110:LEU:HD22	0.43	1.73	3	1
1:A:72:TYR:CD1	1:A:180:TYR:HB2	0.43	2.48	3	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:52:PHE:CB	1:A:96:VAL:CG2	0.43	2.96	20	3
1:A:130:HIS:CD2	1:A:130:HIS:N	0.43	2.86	6	1
1:A:71:GLY:CA	1:A:180:TYR:O	0.43	2.66	7	2
1:A:79:ASN:ND2	1:A:180:TYR:OH	0.43	2.51	16	1
1:A:135:ARG:CG	1:A:136:SER:N	0.43	2.82	3	1
1:A:115:TRP:CE2	1:A:152:SER:HB2	0.43	2.47	9	3
1:A:47:PHE:HE1	1:A:138:ILE:HG23	0.43	1.67	8	1
1:A:169:ILE:HD13	1:A:169:ILE:N	0.43	2.29	9	1
1:A:118:HIS:CE1	1:A:119:ASP:C	0.43	2.97	15	1
1:A:49:MET:CG	1:A:114:PHE:CE2	0.43	3.02	3	1
1:A:120:PRO:HD3	1:A:156:PHE:CZ	0.43	2.49	8	2
1:A:42:MET:HE1	1:A:101:ASP:CG	0.43	2.38	10	1
1:A:28:HIS:CG	1:A:67:SER:OG	0.43	2.72	12	1
1:A:94:GLU:CD	1:A:94:GLU:C	0.43	2.87	16	1
1:A:119:ASP:OD1	1:A:122:GLN:CB	0.43	2.67	18	1
1:A:69:ALA:N	1:A:97:ARG:O	0.43	2.50	6	1
1:A:118:HIS:ND1	1:A:126:GLN:NE2	0.43	2.67	7	1
1:A:83:ARG:CG	1:A:84:GLU:N	0.43	2.81	10	1
1:A:59:PHE:CE1	1:A:98:ILE:HD13	0.43	2.49	11	1
1:A:49:MET:HG2	1:A:118:HIS:CD2	0.43	2.48	13	1
1:A:175:ASN:OD1	1:A:176:ALA:N	0.43	2.52	14	1
1:A:153:LEU:HD23	1:A:169:ILE:HD13	0.43	1.91	16	1
1:A:42:MET:HE2	1:A:101:ASP:CG	0.43	2.39	2	1
1:A:100:TYR:CD1	1:A:100:TYR:N	0.43	2.87	10	1
1:A:42:MET:HE2	1:A:66:TYR:CE1	0.43	2.48	11	1
1:A:53:TRP:CZ2	1:A:189:TYR:CG	0.43	3.07	14	1
1:A:122:GLN:O	1:A:123:GLY:C	0.43	2.60	14	1
1:A:113:VAL:CG1	1:A:114:PHE:CD1	0.43	3.01	15	1
1:A:49:MET:HE3	1:A:118:HIS:HB2	0.43	1.91	19	1
1:A:157:GLN:O	1:A:160:MET:CG	0.42	2.67	5	1
1:A:46:ILE:CG1	1:A:179:PHE:CE2	0.42	3.02	8	1
1:A:69:ALA:CB	1:A:181:TYR:CE1	0.42	3.02	15	1
1:A:152:SER:O	1:A:156:PHE:N	0.42	2.51	13	3
1:A:151:ALA:O	1:A:154:GLU:CG	0.42	2.67	6	1
1:A:26:THR:O	1:A:27:LEU:HD23	0.42	2.14	8	1
1:A:157:GLN:O	1:A:161:LEU:CD2	0.42	2.67	1	1
1:A:123:GLY:O	1:A:125:ARG:N	0.42	2.51	3	1
1:A:114:PHE:O	1:A:118:HIS:O	0.42	2.38	4	2
1:A:52:PHE:HB2	1:A:96:VAL:CG1	0.42	2.44	5	2
1:A:49:MET:HA	1:A:118:HIS:CD2	0.42	2.49	6	1
1:A:160:MET:O	1:A:165:ASP:CB	0.42	2.67	12	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:177:THR:O	1:A:179:PHE:CD1	0.42	2.73	9	1
1:A:187:GLN:C	1:A:188:GLN:HG2	0.42	2.37	12	1
1:A:35:MET:HE3	1:A:69:ALA:HB2	0.42	1.91	13	1
1:A:169:ILE:HG22	1:A:171:THR:HG22	0.42	1.88	17	1
1:A:70:ALA:O	1:A:182:ALA:N	0.42	2.46	18	1
1:A:188:GLN:HB3	1:A:191:HIS:CG	0.42	2.50	1	1
1:A:42:MET:HE3	1:A:66:TYR:CE2	0.42	2.49	10	1
1:A:53:TRP:CB	1:A:190:LEU:HD23	0.42	2.45	10	1
1:A:126:GLN:C	1:A:126:GLN:OE1	0.42	2.63	11	1
1:A:100:TYR:CD1	1:A:105:ILE:CG2	0.42	3.02	15	1
1:A:135:ARG:CZ	1:A:172:GLU:OE2	0.42	2.67	16	1
1:A:120:PRO:HG3	1:A:156:PHE:CD1	0.42	2.50	17	1
1:A:47:PHE:CE2	1:A:138:ILE:HG12	0.42	2.49	20	1
1:A:118:HIS:CD2	1:A:119:ASP:N	0.42	2.88	11	1
1:A:111:LEU:O	1:A:114:PHE:HB3	0.42	2.14	18	1
1:A:180:TYR:CD1	1:A:180:TYR:O	0.42	2.72	13	1
1:A:96:VAL:HG12	1:A:98:ILE:CD1	0.42	2.45	14	1
1:A:183:GLU:HB3	1:A:186:HIS:CD2	0.42	2.49	17	1
1:A:94:GLU:N	1:A:94:GLU:OE1	0.42	2.52	5	1
1:A:39:PRO:O	1:A:42:MET:SD	0.42	2.78	9	1
1:A:57:ARG:HG3	1:A:60:TRP:CZ2	0.42	2.49	9	1
1:A:124:MET:HE2	1:A:132:THR:CB	0.42	2.42	11	1
1:A:156:PHE:O	1:A:160:MET:CG	0.42	2.68	4	2
1:A:70:ALA:HB3	1:A:187:GLN:HE22	0.42	1.75	6	1
1:A:73:THR:HG21	1:A:179:PHE:CD1	0.42	2.49	8	1
1:A:114:PHE:CE2	1:A:138:ILE:CG1	0.42	3.03	10	1
1:A:107:TYR:CE2	1:A:145:GLN:CB	0.42	3.02	18	1
1:A:46:ILE:HG22	1:A:139:TYR:HD2	0.42	1.75	19	1
1:A:120:PRO:HB2	1:A:171:THR:CG2	0.42	2.45	3	1
1:A:85:VAL:HA	1:A:90:THR:HG21	0.42	1.92	4	1
1:A:49:MET:HE3	1:A:118:HIS:HB3	0.42	1.92	11	1
1:A:107:TYR:C	1:A:111:LEU:HD12	0.42	2.37	12	1
1:A:62:LEU:HD21	1:A:105:ILE:CD1	0.42	2.45	19	1
1:A:153:LEU:HD12	1:A:171:THR:HG22	0.41	1.90	1	1
1:A:129:ASP:CG	1:A:134:TYR:CE2	0.41	2.98	20	1
1:A:118:HIS:CE1	1:A:122:GLN:HG3	0.41	2.49	11	1
1:A:151:ALA:O	1:A:155:ARG:N	0.41	2.48	11	1
1:A:107:TYR:CE1	1:A:145:GLN:CD	0.41	2.98	15	1
1:A:122:GLN:NE2	1:A:125:ARG:O	0.41	2.52	16	1
1:A:157:GLN:O	1:A:161:LEU:HD12	0.41	2.15	20	1
1:A:163:ALA:O	1:A:164:ASP:OD1	0.41	2.38	20	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:97:ARG:NE	1:A:179:PHE:CE2	0.41	2.89	7	1
1:A:52:PHE:HB2	1:A:96:VAL:CG2	0.41	2.45	14	2
1:A:60:TRP:CE2	1:A:61:GLN:HG3	0.41	2.50	19	1
1:A:42:MET:SD	1:A:101:ASP:CG	0.41	3.04	20	1
1:A:126:GLN:O	1:A:126:GLN:CG	0.41	2.68	1	1
1:A:95:ALA:C	1:A:96:VAL:CG2	0.41	2.92	8	1
1:A:112:GLN:HA	1:A:115:TRP:CD2	0.41	2.51	11	1
1:A:53:TRP:CE2	1:A:189:TYR:CB	0.41	3.03	14	1
1:A:100:TYR:CD1	1:A:110:LEU:HD11	0.41	2.50	16	1
1:A:107:TYR:CZ	1:A:111:LEU:HD12	0.41	2.50	18	1
1:A:31:ASN:OD1	1:A:66:TYR:O	0.41	2.39	17	3
1:A:47:PHE:CE2	1:A:114:PHE:CE2	0.41	3.08	1	1
1:A:170:THR:O	1:A:171:THR:C	0.41	2.63	14	3
1:A:57:ARG:HA	1:A:60:TRP:CZ2	0.41	2.51	11	1
1:A:84:GLU:O	1:A:87:SER:CB	0.41	2.68	11	1
1:A:97:ARG:NH2	1:A:179:PHE:CD1	0.41	2.88	15	1
1:A:59:PHE:HD2	1:A:98:ILE:HD11	0.41	1.74	19	1
1:A:141:LEU:CD1	1:A:176:ALA:CB	0.41	2.98	5	1
1:A:189:TYR:CE2	1:A:193:ASN:OD1	0.41	2.73	12	1
1:A:100:TYR:CD1	1:A:110:LEU:CD1	0.41	3.04	16	1
1:A:70:ALA:CA	1:A:96:VAL:HG12	0.41	2.38	18	1
1:A:113:VAL:O	1:A:117:ASN:OD1	0.41	2.38	3	1
1:A:31:ASN:O	1:A:32:GLY:C	0.41	2.63	8	2
1:A:31:ASN:O	1:A:33:HIS:N	0.41	2.54	20	2
1:A:49:MET:CE	1:A:114:PHE:HA	0.41	2.45	16	2
1:A:97:ARG:CG	1:A:97:ARG:O	0.41	2.68	16	1
1:A:114:PHE:O	1:A:116:GLU:N	0.41	2.53	17	1
1:A:53:TRP:NE1	1:A:189:TYR:CB	0.41	2.84	5	1
1:A:46:ILE:HD13	1:A:179:PHE:HE2	0.41	1.65	8	1
1:A:22:MET:SD	1:A:180:TYR:CE1	0.41	3.14	11	1
1:A:24:VAL:CG1	1:A:25:ALA:N	0.41	2.83	11	1
1:A:118:HIS:CG	1:A:119:ASP:N	0.41	2.88	17	2
1:A:46:ILE:HD11	1:A:179:PHE:HE2	0.41	1.74	17	2
1:A:101:ASP:O	1:A:105:ILE:O	0.41	2.39	17	1
1:A:183:GLU:O	1:A:187:GLN:CG	0.41	2.68	17	1
1:A:49:MET:CE	1:A:117:ASN:OD1	0.41	2.67	2	1
1:A:113:VAL:HG13	1:A:117:ASN:OD1	0.41	2.15	3	1
1:A:123:GLY:CA	1:A:170:THR:HG21	0.41	2.45	4	1
1:A:168:HIS:CD2	1:A:169:ILE:O	0.41	2.74	5	1
1:A:114:PHE:CE1	1:A:136:SER:OG	0.41	2.74	6	1
1:A:118:HIS:CE1	1:A:122:GLN:NE2	0.41	2.88	7	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:111:LEU:HD23	1:A:114:PHE:CE2	0.41	2.51	8	1
1:A:84:GLU:O	1:A:87:SER:N	0.41	2.54	11	1
1:A:145:GLN:O	1:A:149:ALA:N	0.41	2.50	14	1
1:A:72:TYR:CE1	1:A:85:VAL:HG21	0.41	2.51	17	1
1:A:97:ARG:HD3	1:A:179:PHE:CD1	0.41	2.50	17	1
1:A:65:VAL:HG11	1:A:68:THR:HG21	0.41	1.93	18	1
1:A:65:VAL:CG1	1:A:98:ILE:HG23	0.41	2.43	1	1
1:A:29:ALA:CB	1:A:188:GLN:HG3	0.41	2.46	10	1
1:A:44:ILE:HG23	1:A:97:ARG:CG	0.41	2.46	11	1
1:A:94:GLU:OE1	1:A:133:GLN:O	0.41	2.39	13	1
1:A:72:TYR:CZ	1:A:80:PRO:HD2	0.41	2.51	18	1
1:A:135:ARG:HB2	1:A:135:ARG:CZ	0.40	2.45	2	1
1:A:153:LEU:HD13	1:A:173:ILE:HD12	0.40	1.93	3	1
1:A:49:MET:HB3	1:A:55:VAL:HG21	0.40	1.94	17	3
1:A:133:GLN:OE1	1:A:133:GLN:C	0.40	2.64	5	1
1:A:53:TRP:CH2	1:A:189:TYR:CD2	0.40	3.09	14	1
1:A:143:PRO:O	1:A:146:ASP:OD1	0.40	2.39	15	1
1:A:73:THR:OG1	1:A:177:THR:OG1	0.40	2.39	16	1
1:A:57:ARG:O	1:A:61:GLN:N	0.40	2.54	18	1
1:A:72:TYR:CZ	1:A:180:TYR:HB2	0.40	2.51	18	1
1:A:85:VAL:HG13	1:A:133:GLN:OE1	0.40	2.16	3	1
1:A:157:GLN:HB2	1:A:169:ILE:HD11	0.40	1.92	4	1
1:A:119:ASP:OD1	1:A:122:GLN:CD	0.40	2.64	10	1
1:A:44:ILE:HG21	1:A:97:ARG:HD2	0.40	1.93	13	1
1:A:35:MET:HE3	1:A:181:TYR:CE1	0.40	2.50	15	1
1:A:97:ARG:CZ	1:A:179:PHE:HB2	0.40	2.46	17	1
1:A:123:GLY:HA2	1:A:170:THR:HG21	0.40	1.93	19	1
1:A:60:TRP:CD1	1:A:191:HIS:NE2	0.40	2.90	1	1
1:A:85:VAL:HG12	1:A:133:GLN:HG2	0.40	1.92	7	1
1:A:79:ASN:OD1	1:A:79:ASN:N	0.40	2.53	8	1
1:A:49:MET:CE	1:A:117:ASN:HB2	0.40	2.45	13	1
1:A:156:PHE:CE2	1:A:160:MET:CG	0.40	3.05	14	1
1:A:42:MET:SD	1:A:101:ASP:OD2	0.40	2.80	1	1
1:A:47:PHE:CD1	1:A:114:PHE:CE2	0.40	3.09	3	1
1:A:84:GLU:HB3	1:A:90:THR:CG2	0.40	2.47	5	1
1:A:105:ILE:CG1	1:A:106:SER:N	0.40	2.85	7	1
1:A:42:MET:SD	1:A:101:ASP:OD1	0.40	2.79	10	1
1:A:79:ASN:HB3	1:A:180:TYR:CE2	0.40	2.51	10	1
1:A:57:ARG:O	1:A:61:GLN:CG	0.40	2.69	11	1
1:A:28:HIS:CD2	1:A:67:SER:OG	0.40	2.74	12	1
1:A:94:GLU:OE1	1:A:95:ALA:N	0.40	2.54	20	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:111:LEU:O	1:A:115:TRP:N	0.40	2.53	5	1
1:A:126:GLN:HG2	1:A:134:TYR:CD1	0.40	2.51	12	1
1:A:113:VAL:O	1:A:116:GLU:N	0.40	2.55	13	1
1:A:72:TYR:CE1	1:A:180:TYR:OH	0.40	2.67	14	1
1:A:100:TYR:CE1	1:A:110:LEU:HD12	0.40	2.51	16	1
1:A:97:ARG:CD	1:A:179:PHE:CE1	0.40	3.04	17	1
1:A:72:TYR:CZ	1:A:180:TYR:CB	0.40	3.04	18	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	176/212 (83%)	165±2 (94±1%)	10±2 (6±1%)	0±0 (0±0%)	37	78
All	All	3520/4240 (83%)	3307 (94%)	204 (6%)	9 (0%)	37	78

All 3 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	196	GLY	7
1	A	123	GLY	1
1	A	28	HIS	1

6.3.2 Protein sidechains [i](#)

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

Mol	Chain	Analysed	Rotameric	Outliers	Percentiles	
1	A	141/169 (83%)	109±4 (77±3%)	32±4 (23±3%)	2	28
All	All	2820/3380 (83%)	2182 (77%)	638 (23%)	2	28

All 95 unique residues with a non-rotameric sidechain are listed below. They are sorted by the frequency of occurrence in the ensemble.

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	60	TRP	20
1	A	193	ASN	20
1	A	58	LEU	19
1	A	146	ASP	18
1	A	190	LEU	16
1	A	185	ASP	16
1	A	125	ARG	14
1	A	191	HIS	14
1	A	101	ASP	13
1	A	31	ASN	12
1	A	87	SER	12
1	A	172	GLU	12
1	A	113	VAL	12
1	A	35	MET	11
1	A	118	HIS	11
1	A	192	LYS	11
1	A	161	LEU	11
1	A	167	ARG	11
1	A	177	THR	11
1	A	119	ASP	10
1	A	124	MET	10
1	A	183	GLU	10
1	A	83	ARG	10
1	A	49	MET	10
1	A	57	ARG	9
1	A	86	CYS	9
1	A	103	SER	9
1	A	155	ARG	9
1	A	62	LEU	9
1	A	97	ARG	9
1	A	160	MET	9
1	A	165	ASP	8
1	A	169	ILE	8
1	A	43	GLU	8
1	A	122	GLN	8
1	A	166	ASP	8
1	A	187	GLN	8
1	A	94	GLU	7
1	A	116	GLU	7
1	A	126	GLN	7
1	A	184	ASP	7

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	40	ASP	7
1	A	34	SER	6
1	A	51	CYS	6
1	A	130	HIS	6
1	A	135	ARG	6
1	A	144	GLU	6
1	A	33	HIS	6
1	A	112	GLN	6
1	A	37	ASN	6
1	A	22	MET	6
1	A	108	GLU	5
1	A	141	LEU	5
1	A	67	SER	5
1	A	180	TYR	5
1	A	89	ASP	5
1	A	115	TRP	5
1	A	128	ASN	4
1	A	171	THR	4
1	A	179	PHE	4
1	A	90	THR	4
1	A	96	VAL	4
1	A	197	TYR	4
1	A	61	GLN	4
1	A	133	GLN	4
1	A	188	GLN	4
1	A	42	MET	4
1	A	156	PHE	4
1	A	38	VAL	4
1	A	66	TYR	3
1	A	157	GLN	3
1	A	111	LEU	3
1	A	136	SER	3
1	A	154	GLU	3
1	A	170	THR	3
1	A	73	THR	2
1	A	84	GLU	2
1	A	114	PHE	2
1	A	173	ILE	2
1	A	56	GLU	2
1	A	150	ARG	2
1	A	117	ASN	2
1	A	164	ASP	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	68	THR	1
1	A	132	THR	1
1	A	142	THR	1
1	A	153	LEU	1
1	A	79	ASN	1
1	A	59	PHE	1
1	A	98	ILE	1
1	A	105	ILE	1
1	A	175	ASN	1
1	A	181	TYR	1
1	A	52	PHE	1
1	A	129	ASP	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