



Full wwPDB EM Validation Report ⓘ

Mar 6, 2026 – 03:29 AM UTC

PDB ID : 6H3I / pdb_00006h3i
EMDB ID : EMD-0133
Title : Structural snapshots of the Type 9 protein translocon
Authors : Deme, J.C.; Lea, S.M.
Deposited on : 2018-07-18
Resolution : 3.50 Å(reported)

This is a Full wwPDB EM 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/EMValidationReportHelp>

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:

EMDB validation analysis : 0.0.1.dev132
MolProbity : 4-5-2 with Phenix2.0
Percentile statistics : 20250101.v01 (using entries in the PDB archive January 1st 2025)
EM percentile statistics : 202505.v01 (Using data in the EMDB archive up until May 2025)
MapQ : 1.9.13
Ideal geometry (proteins) : Engh & Huber (2001)
Ideal geometry (DNA, RNA) : Parkinson et al. (1996)
Validation Pipeline (wwPDB-VP) : 2.49

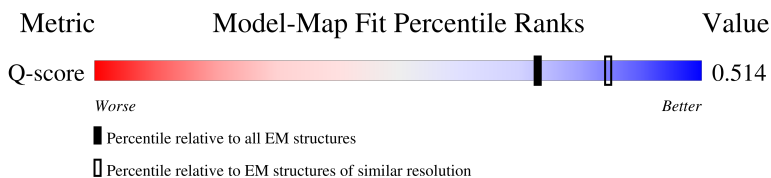
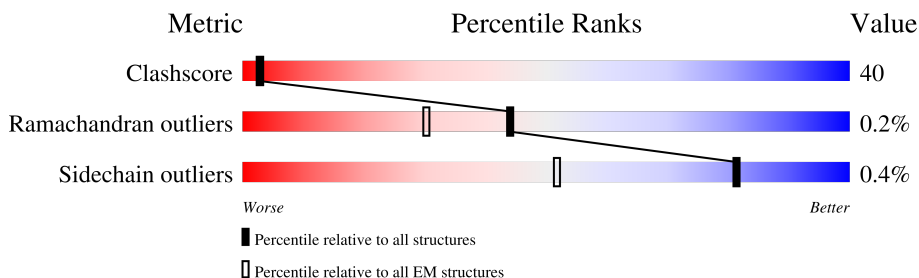
1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:

ELECTRON MICROSCOPY

The reported resolution of this entry is 3.50 Å.

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)	EM structures (#Entries)	Similar EM resolution (#Entries, resolution range(Å))
Clashscore	229148	23984	-
Ramachandran outliers	224038	23583	-
Sidechain outliers	223484	23102	-
Q-score	-	25397	13950 (3.00 - 4.00)

The table below summarises the geometric issues observed across the polymeric chains and their fit to the map. The red, orange, yellow and green segments of the bar indicate the fraction of residues that contain outliers for ≥ 3 , 2, 1 and 0 types of geometric quality criteria respectively. 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 $\leq 5\%$. The upper red bar (where present) indicates the fraction of residues that have poor fit to the EM map (all-atom inclusion $< 40\%$). The numeric value is given above the bar.

Mol	Chain	Length	Quality of chain
1	A	2403	 11% 37% 51% 12%
2	B	176	 11% 36% 37% 27%
3	F	402	 11% 35% 50% 14%

2 Entry composition

There are 3 unique types of molecules in this entry. The entry contains 20599 atoms, of which 53 are hydrogens and 0 are deuteriums.

In the tables below, the AltConf column contains the number of residues with at least one atom in alternate conformation and the Trace column contains the number of residues modelled with at most 2 atoms.

- Molecule 1 is a protein called Protein involved in gliding motility SprA.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
1	A	2124	Total	C	N	O	S	0	0
			16848	10614	2865	3328	41		

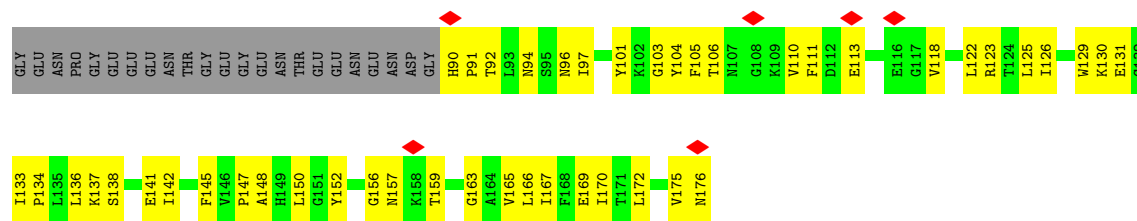
- Molecule 2 is a protein called Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
2	B	128	Total	C	H	N	O	0	0
			1043	633	53	160	197		

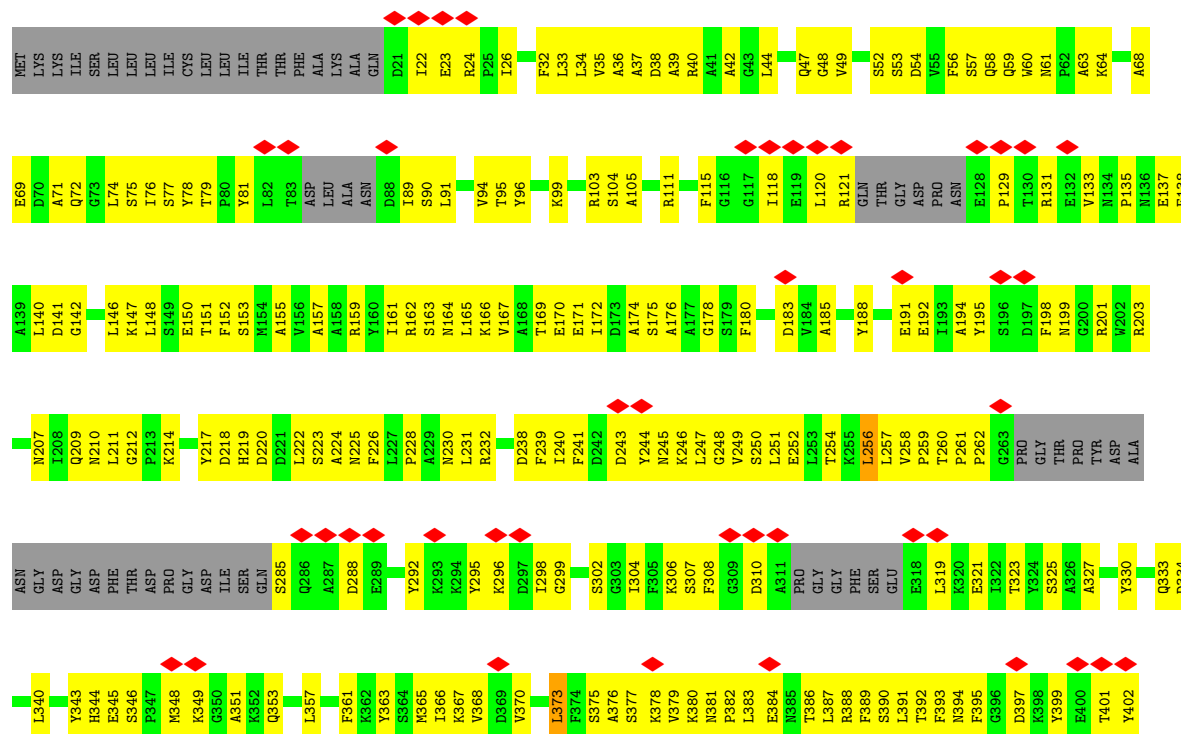
- Molecule 3 is a protein called PorV.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
3	F	345	Total	C	N	O	S	0	0
			2708	1743	436	524	5		

I1624	R1625	T1626	R1627	A1628	T1629	G1630	Y1631	T1632	R1633	R1634	T1637	M1638	F1639	T1640	G1641	V1642	D1645	R1646	ALA	PRO	GLU	GLN	LYS	PRO	HIS	VAL	TYR	D1656	I1657	E1658	F1662	S1665	Y1666	F1667	N1668	Q1668	V1669	E1670	I1671	D1672	G1673	Y1674	E1675	L1676	A1677	T1678	E1679	D1681	E1682	Q1683	S1684	A1687	Y1690					
Q1563	Y1564	I1565	I1566	V1567	T1568	N1569	L1570	N1571	L1572	G1573	K1574	L1575	L1576	N1577	K1578	R1579	N1580	G1581	I1582	N1583	L1584	P1585	F1586	N1587	Y1588	A1589	I1590	G1591	E1592	E1593	N1594	I1595	T1596	Y1599	D1600	F1601	F1602	N1603	Q1604	T1605	I1606	K1607	L1608	D1609	Q1610	L1611	L1612	R1613	E1614	T1615	T1616	D1617	Q1618	Q1619	E1620	K1621	D1622	N1623
V1490	K1491	R1492	R1493	A1494	D1495	H1496	I1497	I1499	V1503	W1504	F1505	N1506	E1507	L1508	R1509	L1510	A1511	D1512	L1513	E1514	G1518	M1519	I1522	T1527	N1528	M1529	D1530	A1531	T1534	T1538	T1539	Q1391	F1393	Y1394	Q1395	V1396	E1397	P1399	L1400	K1401	V1402	K1404	T1405	G1406	G1407	I1411	S1412	P1413	V1416									
D1420	I1423	L1424	L1425	A1426	L1429	L1430	T1431	M1432	M1433	K1434	I1435	K1436	A1437	M1438	D1441	I1442	R1447	D1448	G1451	T1452	Y1453	Y1454	P1455	D1456	ASN	ASP	PRO	ASP	LEU	GLU	GLY	GLY	ASP	GLY	ASP	L1472	G1473	I1474	K1475	N1479	G1481	L1482	V1483	R1484	N1485	L1486	M1487	V1488	G1489									
V1490	K1491	R1492	R1493	A1494	D1495	H1496	I1497	I1499	V1503	W1504	F1505	N1506	E1507	L1508	R1509	L1510	A1511	D1512	L1513	E1514	G1518	M1519	I1522	T1527	N1528	M1529	D1530	A1531	T1534	T1538	T1539	Q1391	F1393	Y1394	Q1395	V1396	E1397	P1399	L1400	K1401	V1402	K1404	T1405	G1406	G1407	I1411	S1412	P1413	V1416									
Q1563	Y1564	I1565	I1566	V1567	T1568	N1569	L1570	N1571	L1572	G1573	K1574	L1575	L1576	N1577	K1578	R1579	N1580	G1581	I1582	N1583	L1584	P1585	F1586	N1587	Y1588	A1589	I1590	G1591	E1592	E1593	N1594	I1595	T1596	Y1599	D1600	F1601	F1602	N1603	Q1604	T1605	I1606	K1607	L1608	D1609	Q1610	L1611	L1612	R1613	E1614	T1615	T1616	D1617	Q1618	Q1619	E1620	K1621	D1622	N1623
T1209	N1210	A1211	R1212	W1213	W1214	Q1215	F1216	K1217	L1218	P1219	N1295	G1296	T1297	K1298	C1299	P1300	V1301	N1302	Y1303	V1304	M1305	P1306	V1309	Q1310	R1311	E1312	Q1313	L1314	Y1315	M1316	V1320	I1321	N1322	G1323	N1324	E1325	Q1326	A1327	L1328	V1329	R1330	R1331	I1332	L1337	Q1338	Y1339	Q1340	D1341	S1342	R1343	A1344	V1345	F1346	V1349	S1350			
N1141	S1142	A1143	Y1144	S1145	T1146	N1147	D1148	P1149	N1150	R1151	G1152	S1153	D1158	V1159	E1160	L1161	L1162	N1163	R1164	N1165	T1167	M1168	I1171	M1172	Y1173	Y1174	E1175	E1176	Y1177	S1178	A1179	D1180	P1181	K1182	M1185	Q1186	V1187	G1188	E1189	N1190	Y1191	I1192	T1193	D1194	I1195	A1196	E1197	V1198	V1201	D1202	L1203	P1204	T1208					
T1209	N1210	A1211	R1212	W1213	W1214	Q1215	F1216	K1217	L1218	P1219	N1295	G1296	T1297	K1298	C1299	P1300	V1301	N1302	Y1303	V1304	M1305	P1306	V1309	Q1310	R1311	E1312	Q1313	L1314	Y1315	M1316	V1320	I1321	N1322	G1323	N1324	E1325	Q1326	A1327	L1328	V1329	R1330	R1331	I1332	L1337	Q1338	Y1339	Q1340	D1341	S1342	R1343	A1344	V1345	F1346	V1349	S1350			
T1209	N1210	A1211	R1212	W1213	W1214	Q1215	F1216	K1217	L1218	P1219	N1295	G1296	T1297	K1298	C1299	P1300	V1301	N1302	Y1303	V1304	M1305	P1306	V1309	Q1310	R1311	E1312	Q1313	L1314	Y1315	M1316	V1320	I1321	N1322	G1323	N1324	E1325	Q1326	A1327	L1328	V1329	R1330	R1331	I1332	L1337	Q1338	Y1339	Q1340	D1341	S1342	R1343	A1344	V1345	F1346	V1349	S1350			
V1351	D1352	M1353	R1354	Q1355	L1356	K1357	K1358	L1359	M1360	M1361	F1362	L1363	H1364	A1365	E1366	S1367	L1368	P1369	M1370	Q1371	P1372	T1373	L1374	E1375	E1378	M1379	Q1380	G1381	F1382	I1383	R1384	D1388	F1389	T1390	Q1391	N1392	F1393	Y1394	Q1395	V1396	E1397	P1399	L1400	K1401	V1402	K1404	T1405	G1406	G1407	I1411	S1412	P1413	V1416					
D1420	I1423	L1424	L1425	A1426	L1429	L1430	T1431	M1432	M1433	K1434	I1435	K1436	A1437	M1438	D1441	I1442	R1447	D1448	G1451	T1452	Y1453	Y1454	P1455	D1456	ASN	ASP	PRO	ASP	LEU	GLU	GLY	GLY	ASP	GLY	ASP	L1472	G1473	I1474	K1475	N1479	G1481	L1482	V1483	R1484	N1485	L1486	M1487	V1488	G1489									
V1490	K1491	R1492	R1493	A1494	D1495	H1496	I1497	I1499	V1503	W1504	F1505	N1506	E1507	L1508	R1509	L1510	A1511	D1512	L1513	E1514	G1518	M1519	I1522	T1527	N1528	M1529	D1530	A1531	T1534	T1538	T1539	Q1391	F1393	Y1394	Q1395	V1396	E1397	P1399	L1400	K1401	V1402	K1404	T1405	G1406	G1407	I1411	S1412	P1413	V1416									
Q1563	Y1564	I1565	I1566	V1567	T1568	N1569	L1570	N1571	L1572	G1573	K1574	L1575	L1576	N1577	K1578	R1579	N1580	G1581	I1582	N1583	L1584	P1585	F1586	N1587	Y1588	A1589	I1590	G1591	E1592	E1593	N1594	I1595	T1596	Y1599	D1600	F1601	F1602	N1603	Q1604	T1605	I1606	K1607	L1608	D1609	Q1610	L1611	L1612	R1613	E1614	T1615	T1616	D1617	Q1618	Q1619	E1620	K1621	D1622	N1623
I1624	R1625	T1626	R1627	A1628	T1629	G1630	Y1631	T1632	R1633	R1634	T1637	M1638	F1639	T1640	G1641	V1642	D1645	R1646	ALA	PRO	GLU	GLN	LYS	PRO	HIS	VAL	TYR	D1656	I1657	E1658	F1662	S1665	Y1666	F1667	N1668	Q1668	V1669	E1670	I1671	D1672	G1673	Y1674	E1675	L1676	A1677	T1678	E1679	D1681	E1682	Q1683	S1684	A1687	Y1690					
G593	V697	P698	S701	V702	V703	V704	T705	A706	V710	L711	V712	E713	G714	I715	D716	S717	V718	V719	D720	Y721	Q726	Q727	I728	L729	D730	F731	S732	Q733	Q734	A735	S736	I740	E741	V742	S743	L744	E745	N746	I749	F750	G751	T754	R755	G758	S759	F760	I761	I762	E763	H764	K765							
I766	S767	D768	K769	F770	G773	G774	T775	K778	M779	L780	R781	R782	Q786	Q792	E793	S794	V795	N796	Q797	Q798	I799	F800	N803	G804	N805	Y806	E809	V810	N811	F812	L813	T814	R815	L816	A817	N818	K819	L820	P821	N822	I823	D824	T825	V827	P828	S829	N830	L831	R834	A838								
P845	F850	T855	I856	Y857	V858	D859	Q860	F861	E862	Q865	D1013	T867	I868	D869	M870	R871	S872	A873	Y874	Q875	W876	A879	Y880	T881	I884	T885	D889	Y890	Y891	F892	N895	L899	E900	Y901	G902	F903	A906	K907	L908	S909	W910	Y911	T912	P1061	I913	F917	P922											
I925	S926	N927	L930	S931	L932	N933	R936	Q937	I938	R941	E942	L943	Y944	T947	D948	I949	A950	Q951	G952	I954	N958	T959	L960	D961	L962	Y964	Y965	P966	G967	E968	R969	G970	P971	Y972	N973	N974	N975	F978	G979	A980	P983	V1059	N1060	P1061	F987	I990	M991	R992	L1064	G1065	D1067							
T997	H998	F999	E1000	Q1001	V1004	E1005	I1006	Q1008	R1009	F1009	V1010	V1011	L1012	D1013	Y1014	Y1015	V1016	G1017	M1018	G1019	E1020	A1026	G1027	K1028	I1029	ASN	F1031	N1032	L1033	G1034	I1035	ASP	S1037	E1038	D1039	V1040	L1041	K1042	D1043	Q1047	Y1048	E1049	N1050	G1051	L1052	M1058	V1059	N1060	P1061	R1131	N1134	T1138	E1139	G1140				
V1068	P1069	Q1072	S1073	L1074	L1075	Y1076	A1077	D1078	D1079	T1080	R1085	V1090	L1091	G1092	D1093	G1094	L1095	P1096	E1100	I1103	Y1104	THR	ASN	TYR	ALA	GLY	GLU	ALA	ASP	PRO	ALA	G1115	D1116	D1117	Y1118	Y1119	Y1120	Y1121	L1122	N1123	A1124	D1125	G1126	G1127	V1128	L1129	E1130	R1131	N1134	T1138	E1139	G1140						
N1141	S1142	A1143	Y1144	S1145	T1146	N1147	D1148	P1149	N1150	R1151	G1152	S1153	D1158	V1159	E1160	L1161	L1162	N1163	R1164	N1165	T1167	M1168	I1171	M1172	Y1173	Y1174	E1175	E1176	Y1177	S1178	A1179	D1180	P1181	K1182	M1185	Q1186	V1187	G1188	E1189	N1190	Y1191	I1192	T1193	D1194	I1195	A1196	E1197	V1198	V1201	D1202	L1203	P1204	T1208					
T1209	N1210	A1211	R1212	W1213	W1214	Q1215	F1216	K1217	L1218	P1219	N1295	G1296	T1297	K1298	C1299	P1300	V1301	N1302	Y1303	V1304	M1305	P1306	V1309	Q1310	R1311	E1312	Q1313	L1314	Y1315	M1316	V1320	I1321	N1322	G1323	N1324	E1325	Q1326	A1327	L1328	V1329	R1330	R1331	I1332	L1337	Q1338	Y1339	Q1340	D1341	S1342	R1343	A1344	V1345	F1346	V1349	S1350			
T1209	N1210	A1211	R1212	W1213	W1214	Q1215	F1216	K1217	L1218	P1219	N1295	G1296	T1297	K1298	C1299	P1300	V1301	N1302	Y1303	V1304	M1305	P1306	V1309	Q1310	R1311	E1312	Q1313	L1314	Y1315	M1316	V1320	I1321	N1322	G1323	N1324	E1325	Q1326	A1327	L1328	V1329	R1330	R1331	I1332	L1337	Q1338	Y1339	Q1340	D1341	S1342	R1343	A1344	V1345	F1346	V1349	S1350			
V1351	D1352	M1353	R1354	Q1355	L1356	K1357	K1358	L1359	M1360	M1361	F1362	L1363	H1364	A1365	E1366	S1367	L1368	P1369	M1370	Q1371	P1372	T1373	L1374	E1375	E1378	M1379	Q1380	G1381	F1382	I1383	R1384	D1388	F1389	T1390	Q1391	N1392	F1393	Y1394	Q1395	V1396	E1397	P1399	L1400	K1401	V1402	K1404	T1405	G1406	G1407	I1411	S1412	P1413	V1416					
D1420	I1423	L1424	L1425	A1426	L1429	L1430	T1431	M1432	M1433	K1434	I1435	K1436	A1437	M1438	D1441	I1442	R1447	D1448	G1451	T1452	Y1453	Y1454	P1455	D1456	ASN																																	



• Molecule 3: PorV



4 Experimental information

Property	Value	Source
EM reconstruction method	SINGLE PARTICLE	Depositor
Imposed symmetry	POINT, C1	Depositor
Number of particles used	210000	Depositor
Resolution determination method	FSC 0.143 CUT-OFF	Depositor
CTF correction method	PHASE FLIPPING AND AMPLITUDE CORRECTION	Depositor
Microscope	FEI TITAN KRIOS	Depositor
Voltage (kV)	300	Depositor
Electron dose ($e^-/\text{\AA}^2$)	52	Depositor
Minimum defocus (nm)	Not provided	
Maximum defocus (nm)	Not provided	
Magnification	Not provided	
Image detector	GATAN K2 QUANTUM (4k x 4k)	Depositor
Maximum map value	0.280	Depositor
Minimum map value	-0.116	Depositor
Average map value	0.002	Depositor
Map value standard deviation	0.014	Depositor
Recommended contour level	0.072	Depositor
Map size (Å)	246.0, 246.0, 246.0	wwPDB
Map dimensions	300, 300, 300	wwPDB
Map angles (°)	90.0, 90.0, 90.0	wwPDB
Pixel spacing (Å)	0.82, 0.82, 0.82	Depositor

5 Model quality [i](#)

5.1 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 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	0.42	0/17201	0.55	0/23347
2	B	0.30	0/1009	0.42	0/1370
3	F	0.34	0/2774	0.56	0/3749
All	All	0.40	0/20984	0.54	0/28466

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 outliers	#Planarity outliers
1	A	0	3

There are no bond length outliers.

There are no bond angle outliers.

There are no chirality outliers.

All (3) planarity outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Group
1	A	1563	GLN	Peptide
1	A	308	ASN	Peptide
1	A	501	GLN	Peptide

5.2 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 the 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 within the asymmetric unit, whereas Symm-Clashes lists symmetry-related clashes.

Mol	Chain	Non-H	H(model)	H(added)	Clashes	Symm-Clashes
1	A	16848	0	16259	1347	0
2	B	990	53	976	75	0
3	F	2708	0	2581	226	0
All	All	20546	53	19816	1609	0

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 40.

All (1609) close contacts within the same asymmetric unit are listed below, sorted by their clash magnitude.

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:2199:ARG:HB2	1:A:2258:GLU:HB3	1.45	0.99
1:A:174:ARG:HA	1:A:195:THR:HG21	1.50	0.94
1:A:2257:PHE:HB3	1:A:2265:VAL:HB	1.49	0.94
1:A:2329:LEU:HD23	1:A:2353:TRP:HB3	1.50	0.91
1:A:825:THR:HG22	1:A:827:VAL:H	1.36	0.91
1:A:1447:ARG:HB3	1:A:1451:GLY:HA2	1.52	0.90
1:A:1041:LEU:HD23	1:A:1065:TRP:HB3	1.52	0.89
1:A:706:ALA:HB2	1:A:711:LEU:HD11	1.54	0.88
1:A:342:ARG:HH21	1:A:485:ALA:HA	1.37	0.88
2:B:35:ILE:HD12	2:B:145:PHE:HB3	1.56	0.88
1:A:1965:PRO:HD3	1:A:1996:TRP:HB2	1.54	0.87
1:A:2351:ASN:HB2	1:A:2379:LYS:HB3	1.55	0.87
1:A:353:ALA:HB2	1:A:385:ASN:HB3	1.57	0.87
1:A:1840:VAL:HG12	1:A:1888:LEU:HA	1.56	0.87
1:A:999:PHE:HE2	1:A:1033:LEU:HD11	1.39	0.87
1:A:922:PRO:HD2	1:A:925:ILE:HD11	1.55	0.86
3:F:71:ALA:HB2	3:F:397:ASP:HB2	1.55	0.86
3:F:351:ALA:HB1	3:F:378:LYS:HG2	1.56	0.86
1:A:248:GLN:HG2	1:A:253:THR:HG22	1.57	0.85
2:B:152:TYR:HB3	2:B:156:GLY:HA2	1.55	0.85
1:A:233:LEU:HG	1:A:1522:ILE:HD12	1.59	0.85
1:A:326:THR:HG22	1:A:428:LEU:HD21	1.58	0.84
3:F:353:GLN:HG3	3:F:376:ALA:HB3	1.57	0.84
1:A:2349:GLY:HA3	1:A:2381:VAL:HG11	1.58	0.84
1:A:1368:LEU:HD23	1:A:1371:GLN:HG3	1.60	0.83
1:A:937:ARG:HH21	3:F:218:ASP:HB2	1.44	0.82
3:F:231:LEU:HB2	3:F:257:LEU:HD11	1.61	0.82
1:A:1074:LEU:HD13	1:A:1075:ILE:HG13	1.60	0.81
1:A:1358:LYS:HB2	1:A:1511:ALA:HB3	1.62	0.81
1:A:234:ILE:HD11	1:A:838:ALA:HB2	1.62	0.81
1:A:1320:VAL:HG11	3:F:22:ILE:HD11	1.62	0.81

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:291:HIS:HB3	1:A:524:MET:HE2	1.62	0.80
1:A:1012:LEU:HD23	1:A:1253:ARG:HB2	1.62	0.80
2:B:39:LEU:HG	2:B:44:LEU:HB2	1.62	0.80
1:A:145:MET:HE3	3:F:94:VAL:HG21	1.63	0.80
1:A:2123:PRO:HD3	1:A:2133:TYR:HD2	1.44	0.80
1:A:1060:ASN:HB3	1:A:1061:PRO:HD3	1.64	0.80
1:A:879:ALA:HA	1:A:991:MET:HE3	1.63	0.79
1:A:1642:VAL:HG13	1:A:1662:PHE:HB2	1.61	0.79
1:A:146:ASP:HA	1:A:2396:THR:HG22	1.63	0.79
1:A:1028:LYS:HE2	1:A:1178:SER:HB2	1.65	0.79
1:A:702:VAL:HG21	1:A:719:VAL:HG21	1.62	0.79
1:A:1038:GLU:OE2	1:A:1162:ILE:N	2.13	0.79
1:A:917:PHE:HD1	1:A:925:ILE:HD13	1.48	0.78
1:A:943:LEU:O	1:A:1196:ARG:NH1	2.16	0.78
3:F:26:ILE:HD12	3:F:256:LEU:HD12	1.64	0.78
1:A:2030:ASP:OD1	1:A:2181:SER:OG	2.01	0.78
1:A:2122:ILE:HD11	1:A:2134:THR:HG22	1.65	0.78
1:A:692:ILE:HD11	1:A:726:VAL:HG23	1.66	0.77
3:F:157:ALA:HB3	3:F:183:ASP:HB2	1.66	0.77
1:A:1338:GLN:O	1:A:1492:SER:OG	2.02	0.77
2:B:142:ILE:HG22	2:B:170:ILE:HB	1.67	0.77
1:A:2029:VAL:HG12	1:A:2182:ILE:HG12	1.67	0.76
1:A:382:SER:N	1:A:385:ASN:OD1	2.18	0.76
1:A:485:ALA:HB2	1:A:2281:ASN:HA	1.67	0.76
3:F:26:ILE:HG22	3:F:261:PRO:HD3	1.65	0.76
1:A:1059:VAL:HG21	1:A:1063:PRO:HG3	1.68	0.76
3:F:256:LEU:HD12	3:F:258:VAL:HG22	1.68	0.76
1:A:1078:PHE:N	1:A:2383:SER:OG	2.18	0.75
1:A:1344:ALA:HB2	1:A:1382:PHE:HE2	1.51	0.75
1:A:546:LEU:HD23	1:A:554:ASN:HB3	1.68	0.75
1:A:375:ASN:HD22	1:A:385:ASN:HA	1.52	0.75
1:A:1494:ALA:HB3	1:A:1499:ILE:HD11	1.68	0.75
1:A:993:ALA:HB1	1:A:1163:ASN:HB3	1.69	0.75
1:A:1187:VAL:HG21	1:A:1299:CYS:HB2	1.68	0.75
1:A:1182:LYS:H	1:A:1185:MET:HE3	1.50	0.75
1:A:1492:SER:HB2	1:A:1499:ILE:HD13	1.69	0.75
1:A:429:GLU:O	1:A:1072:GLN:NE2	2.20	0.74
2:B:133:ILE:HD13	2:B:170:ILE:HG21	1.69	0.74
1:A:1863:GLU:HB3	1:A:1869:VAL:HG22	1.68	0.74
1:A:704:VAL:HG22	1:A:742:VAL:HG22	1.68	0.74
1:A:1959:VAL:HB	1:A:2008:THR:HG22	1.70	0.74

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1600:ASP:HB3	1:A:1608:LEU:HD23	1.70	0.73
1:A:448:ILE:HD11	1:A:462:VAL:HG11	1.69	0.73
1:A:1559:GLU:HB3	1:A:1595:ILE:HG23	1.70	0.73
3:F:209:GLN:HB2	3:F:230:ASN:HB2	1.70	0.73
1:A:400:LEU:HD22	1:A:404:ILE:HD13	1.69	0.73
1:A:797:ASN:ND2	1:A:1549:LEU:O	2.18	0.73
1:A:1264:TRP:HB3	1:A:1345:VAL:CG1	2.19	0.73
1:A:1048:TYR:HB2	1:A:1159:VAL:HG12	1.71	0.73
1:A:1877:GLN:HG2	1:A:1959:VAL:HG22	1.69	0.73
1:A:879:ALA:HB1	1:A:1240:ARG:HD2	1.70	0.72
1:A:1380:VAL:HA	1:A:1398:ILE:O	1.88	0.72
3:F:161:ILE:O	3:F:178:GLY:HA3	1.89	0.72
1:A:1315:TYR:HD2	3:F:382:PRO:HD3	1.55	0.72
3:F:146:LEU:O	3:F:153:SER:OG	2.04	0.72
1:A:454:LEU:CD1	1:A:509:LYS:HD3	2.20	0.72
1:A:728:ILE:HD13	1:A:734:GLN:HA	1.72	0.72
1:A:344:ILE:HD12	1:A:431:ALA:HB3	1.70	0.71
1:A:1788:ASN:HB3	1:A:1816:PRO:HA	1.71	0.71
1:A:1847:THR:OG1	1:A:1881:SER:OG	2.01	0.71
1:A:817:ALA:HB2	1:A:1529:MET:HG2	1.73	0.71
1:A:1374:LEU:HB2	1:A:1402:VAL:HG21	1.72	0.71
1:A:146:ASP:OD2	1:A:174:ARG:NH1	2.24	0.71
1:A:705:THR:HG22	1:A:710:VAL:HG22	1.73	0.71
1:A:1036:ILE:HD13	1:A:1238:PHE:O	1.90	0.71
1:A:2067:ILE:HG22	1:A:2210:TYR:HB3	1.72	0.71
1:A:701:SER:HB2	1:A:745:GLU:HB3	1.72	0.71
1:A:823:ILE:HD11	1:A:1575:LEU:HD23	1.73	0.71
1:A:1243:MET:HE2	1:A:1246:PHE:HE2	1.54	0.71
1:A:488:VAL:O	1:A:2135:ALA:HB2	1.91	0.71
1:A:1551:GLN:NE2	1:A:1555:GLU:O	2.24	0.71
1:A:1358:LYS:HB2	1:A:1511:ALA:CB	2.21	0.71
1:A:332:VAL:HG11	1:A:1074:LEU:HD11	1.71	0.71
1:A:146:ASP:HB2	1:A:172:ASP:HB2	1.71	0.70
1:A:692:ILE:HD13	1:A:744:LEU:HD23	1.72	0.70
1:A:1049:GLU:HG2	1:A:1158:ASP:H	1.54	0.70
1:A:1353:MET:HE3	1:A:1483:VAL:HG11	1.72	0.70
3:F:232:ARG:NH1	3:F:252:GLU:OE2	2.23	0.70
1:A:1834:ILE:HG22	1:A:1836:ILE:HG22	1.73	0.70
1:A:2276:SER:OG	1:A:2285:THR:OG1	2.05	0.70
1:A:1768:TYR:HD2	1:A:1784:ALA:HB3	1.57	0.70
1:A:781:GLU:HG2	1:A:795:VAL:HG22	1.72	0.69

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:820:LEU:HB3	1:A:821:PRO:HD2	1.74	0.69
1:A:855:THR:HA	1:A:1510:LEU:O	1.92	0.69
1:A:1965:PRO:CD	1:A:1996:TRP:HB2	2.22	0.69
3:F:40:ARG:NH1	3:F:52:SER:OG	2.25	0.69
3:F:378:LYS:HG3	3:F:379:VAL:H	1.56	0.69
1:A:730:ASP:O	1:A:734:GLN:N	2.25	0.69
1:A:1009:PHE:HA	1:A:1256:ALA:O	1.93	0.69
1:A:1195:ILE:HD12	1:A:1214:ILE:HG22	1.74	0.69
1:A:1821:GLN:HB2	1:A:1850:TYR:HB3	1.74	0.69
3:F:81:TYR:HE1	3:F:383:LEU:HD23	1.55	0.69
1:A:148:GLY:HA2	1:A:2394:GLY:HA3	1.73	0.69
1:A:526:ASN:ND2	1:A:621:THR:O	2.21	0.69
1:A:761:ASN:HA	1:A:775:THR:H	1.56	0.69
1:A:1374:LEU:HD21	1:A:1499:ILE:HG23	1.73	0.69
1:A:321:LEU:HD23	1:A:464:PHE:HB3	1.72	0.69
1:A:1433:MET:HE3	1:A:1455:PRO:HD3	1.75	0.69
1:A:1737:ARG:HH21	1:A:1810:TYR:HA	1.58	0.69
1:A:290:ARG:NH2	1:A:529:GLN:OE1	2.25	0.69
1:A:1726:PRO:HB3	1:A:1772:PHE:HE1	1.57	0.69
1:A:1824:VAL:HG13	1:A:1847:THR:HG22	1.73	0.69
3:F:60:TRP:O	3:F:207:ASN:ND2	2.22	0.69
1:A:972:TYR:CE1	1:A:1116:ASP:HB3	2.28	0.68
3:F:238:ASP:HA	3:F:248:GLY:HA2	1.74	0.68
1:A:576:GLN:HB3	1:A:1754:LEU:HD11	1.73	0.68
3:F:99:LYS:HA	3:F:105:ALA:HA	1.75	0.68
1:A:323:VAL:HG22	1:A:462:VAL:HG12	1.74	0.68
1:A:2259:LEU:HB3	1:A:2263:LEU:HB3	1.73	0.68
1:A:558:PRO:HB2	1:A:562:SER:HB2	1.76	0.68
1:A:810:VAL:HG22	1:A:813:LEU:H	1.57	0.68
1:A:527:VAL:HG22	1:A:618:ILE:HG12	1.76	0.68
1:A:1197:GLU:HG2	1:A:1212:ARG:HG2	1.75	0.68
1:A:342:ARG:HH12	1:A:503:LEU:HB2	1.59	0.68
1:A:2048:ASP:OD1	1:A:2053:GLU:N	2.25	0.68
1:A:2325:ALA:HB2	1:A:2357:LEU:HD23	1.76	0.68
3:F:135:PRO:HG3	3:F:167:VAL:HG12	1.76	0.67
1:A:1435:ILE:HA	1:A:1438:MET:HE2	1.75	0.67
1:A:334:THR:HG23	1:A:2276:SER:HB3	1.76	0.67
1:A:1179:ILE:HD11	1:A:1218:ILE:HD11	1.76	0.67
1:A:2094:ARG:NH1	1:A:2145:LYS:HB2	2.10	0.67
1:A:2350:GLN:HB3	1:A:2352:ILE:HD12	1.75	0.67
3:F:218:ASP:OD2	3:F:223:SER:OG	2.11	0.67

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1394:TYR:OH	1:A:1434:LYS:HD2	1.95	0.67
1:A:1047:GLN:HB3	1:A:1160:GLU:HG3	1.76	0.67
3:F:257:LEU:HB3	3:F:304:ILE:HD12	1.75	0.67
1:A:1380:VAL:CG2	1:A:1491:LYS:HB3	2.25	0.67
1:A:821:PRO:O	1:A:823:ILE:N	2.28	0.67
1:A:546:LEU:HB2	1:A:677:LEU:HD21	1.76	0.66
1:A:2270:LYS:HB2	1:A:2291:GLU:HB2	1.77	0.66
1:A:251:ARG:HB3	1:A:765:LYS:HB3	1.77	0.66
1:A:365:VAL:HG22	1:A:518:PRO:HD2	1.77	0.66
1:A:426:SER:HB2	1:A:459:ILE:HD13	1.75	0.66
1:A:2300:PHE:HB2	1:A:2321:ILE:HB	1.77	0.66
1:A:272:ASN:O	1:A:683:LYS:NZ	2.21	0.66
2:B:136:LEU:HD23	2:B:142:ILE:HB	1.77	0.66
3:F:257:LEU:HD13	3:F:304:ILE:HD11	1.77	0.66
1:A:157:PRO:HB2	1:A:1153:SER:H	1.61	0.66
3:F:247:LEU:HD23	3:F:330:TYR:HB2	1.78	0.66
1:A:1095:LEU:HD13	1:A:1103:ILE:HD13	1.78	0.66
1:A:207:LEU:HB3	1:A:222:VAL:HG22	1.77	0.65
1:A:227:MET:HE3	1:A:229:LEU:HD12	1.76	0.65
1:A:634:GLN:NE2	1:A:636:GLY:O	2.29	0.65
1:A:1447:ARG:HD3	1:A:1453:TYR:HB2	1.78	0.65
1:A:1738:GLN:HB2	1:A:1761:ASN:HB3	1.79	0.65
1:A:641:TYR:O	1:A:657:ARG:NH1	2.29	0.65
1:A:1124:ALA:O	1:A:1131:ARG:NH1	2.30	0.65
1:A:1680:GLU:O	1:A:1740:ASN:HA	1.97	0.65
1:A:2136:ASN:HD21	1:A:2144:THR:HA	1.61	0.65
1:A:2243:VAL:HG23	1:A:2279:PHE:HE2	1.62	0.65
2:B:51:SER:OG	2:B:131:GLU:OE1	2.10	0.65
1:A:1313:GLN:NE2	1:A:1322:ASN:OD1	2.29	0.65
1:A:1576:LEU:HB2	1:A:1577:PRO:HD2	1.78	0.65
3:F:47:GLN:NE2	3:F:250:SER:OG	2.29	0.65
1:A:151:TYR:CE1	1:A:165:SER:HB2	2.32	0.65
1:A:1013:ASP:OD2	1:A:1212:ARG:NH1	2.29	0.65
3:F:231:LEU:HD12	3:F:257:LEU:HD11	1.79	0.65
1:A:512:LEU:HD21	1:A:1035:GLU:HG3	1.79	0.65
1:A:1351:VAL:HG13	1:A:1483:VAL:HB	1.79	0.65
3:F:381:ASN:OD1	3:F:382:PRO:HD2	1.97	0.65
1:A:339:ASN:HD22	1:A:2285:THR:HG21	1.62	0.64
1:A:2213:ASN:OD1	1:A:2244:ASN:ND2	2.30	0.64
1:A:2259:LEU:HD13	1:A:2260:LYS:H	1.61	0.64
3:F:285:SER:HB2	3:F:288:ASP:HB3	1.78	0.64

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:543:LEU:HD21	1:A:678:LEU:HD12	1.79	0.64
1:A:1181:VAL:HA	1:A:1185:MET:HE1	1.78	0.64
1:A:1204:PRO:HA	3:F:222:LEU:HD11	1.79	0.64
1:A:546:LEU:CD2	1:A:554:ASN:HB3	2.28	0.64
1:A:931:SER:HB2	1:A:1203:LEU:HB3	1.78	0.64
1:A:1036:ILE:HG13	1:A:1174:TYR:CE1	2.33	0.64
1:A:1563:GLN:HG3	1:A:1593:GLU:OE2	1.98	0.64
1:A:1737:ARG:NH2	1:A:1810:TYR:HA	2.13	0.64
1:A:659:MET:HE3	1:A:660:TYR:CZ	2.33	0.64
1:A:2123:PRO:HD3	1:A:2133:TYR:CD2	2.31	0.64
1:A:1367:SER:OG	1:A:1373:THR:HA	1.98	0.64
1:A:1052:LEU:HD13	1:A:1094:GLY:HA2	1.80	0.64
1:A:2218:ASN:HB2	1:A:2239:ILE:HG13	1.79	0.64
1:A:325:VAL:HG22	1:A:460:LEU:HD23	1.79	0.64
1:A:309:TYR:HB2	1:A:310:PRO:HD3	1.79	0.63
1:A:1027:GLY:HA3	1:A:1246:PHE:CE1	2.33	0.63
1:A:1615:THR:O	1:A:1621:LYS:HD2	1.98	0.63
1:A:1785:THR:CG2	1:A:1820:ALA:HB3	2.29	0.63
1:A:2139:TYR:CE2	1:A:2145:LYS:HB3	2.33	0.63
1:A:2303:VAL:HG21	1:A:2321:ILE:HD11	1.81	0.63
1:A:937:ARG:NE	3:F:220:ASP:OD2	2.31	0.63
1:A:2033:MET:SD	1:A:2176:PRO:HG2	2.38	0.63
1:A:454:LEU:HD11	1:A:509:LYS:HD3	1.80	0.63
1:A:326:THR:HG22	1:A:428:LEU:CD2	2.29	0.63
1:A:2155:PHE:HE2	1:A:2245:LEU:HD13	1.62	0.63
1:A:2227:VAL:O	1:A:2228:GLN:HG3	1.99	0.63
1:A:318:ILE:HD13	1:A:466:TYR:HB3	1.80	0.63
1:A:2349:GLY:HA3	1:A:2381:VAL:CG1	2.28	0.63
3:F:120:LEU:HD21	3:F:133:VAL:HG22	1.81	0.63
3:F:373:LEU:HG	3:F:383:LEU:HD12	1.80	0.63
1:A:1357:LYS:NZ	1:A:1513:LEU:O	2.32	0.63
1:A:2071:MET:HE1	1:A:2245:LEU:HB3	1.80	0.63
1:A:2095:LEU:HD13	1:A:2139:TYR:CD1	2.34	0.63
1:A:289:ASP:HA	1:A:523:MET:HE3	1.80	0.63
1:A:868:ILE:HG22	1:A:1259:LEU:O	1.97	0.63
1:A:1767:GLN:OE1	1:A:1785:THR:OG1	2.06	0.63
1:A:1883:THR:HG23	1:A:1953:THR:HG22	1.80	0.63
1:A:876:TRP:HB3	1:A:990:ILE:CG2	2.28	0.63
1:A:1195:ILE:HD12	1:A:1212:ARG:HH21	1.64	0.63
1:A:401:ASN:HB3	1:A:413:GLY:HA2	1.81	0.63
1:A:1063:PRO:HG2	1:A:1068:VAL:HB	1.79	0.63

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1299:CYS:HB3	1:A:1300:PRO:HD3	1.79	0.63
1:A:2155:PHE:CE2	1:A:2245:LEU:HD13	2.34	0.63
1:A:850:PHE:HB3	1:A:855:THR:HG21	1.81	0.62
1:A:1187:VAL:HG22	1:A:1195:ILE:HG12	1.81	0.62
1:A:2283:LEU:HD22	1:A:2338:TYR:CE1	2.33	0.62
1:A:280:ASP:OD1	1:A:677:LEU:HD12	1.98	0.62
1:A:287:ASP:OD1	1:A:453:ARG:NH2	2.32	0.62
1:A:782:ARG:NH2	3:F:375:SER:O	2.32	0.62
1:A:938:ILE:HG12	1:A:1213:TRP:CZ2	2.34	0.62
1:A:1016:VAL:HB	1:A:1210:ASN:O	1.99	0.62
1:A:1050:ASN:OD1	1:A:1077:ALA:N	2.32	0.62
1:A:2108:SER:HB3	2:B:24:VAL:HG12	1.80	0.62
1:A:1789:ILE:HG23	1:A:1817:ASN:HB2	1.80	0.62
1:A:1095:LEU:CD1	1:A:1103:ILE:HD13	2.30	0.62
1:A:1997:LEU:HD12	1:A:2047:VAL:CG2	2.29	0.62
1:A:873:ALA:HA	1:A:960:LEU:HD21	1.82	0.62
1:A:1788:ASN:CB	1:A:1816:PRO:HA	2.30	0.62
1:A:2070:VAL:CG1	1:A:2177:ILE:HG21	2.30	0.62
1:A:2250:SER:O	1:A:2270:LYS:HG2	1.99	0.62
1:A:2283:LEU:HD13	1:A:2336:VAL:HG13	1.81	0.62
1:A:268:VAL:HG22	1:A:742:VAL:HB	1.80	0.62
1:A:420:SER:OG	1:A:423:THR:HG22	2.00	0.62
3:F:194:ALA:HA	3:F:199:ASN:CB	2.30	0.62
1:A:2032:SER:O	1:A:2178:PRO:HA	1.99	0.61
1:A:2081:GLU:HB3	1:A:2335:LEU:CD2	2.29	0.61
1:A:2322:ASN:HB2	1:A:2360:ASP:OD1	2.00	0.61
1:A:179:LEU:HD11	3:F:368:VAL:HG11	1.81	0.61
1:A:348:GLN:HG3	1:A:519:VAL:HG23	1.82	0.61
1:A:1161:ASP:O	1:A:1164:ARG:NH1	2.34	0.61
1:A:1679:TYR:HE1	1:A:1742:GLN:HE21	1.46	0.61
3:F:381:ASN:HB3	3:F:384:GLU:HG3	1.81	0.61
1:A:2094:ARG:HH12	1:A:2145:LYS:HE3	1.65	0.61
1:A:692:ILE:HD11	1:A:726:VAL:CG2	2.31	0.61
1:A:867:THR:HG22	1:A:1260:VAL:HG23	1.82	0.61
1:A:2341:TYR:CE2	1:A:2343:ASN:HB2	2.36	0.61
3:F:365:MET:HE3	3:F:394:ASN:HB2	1.81	0.61
1:A:1540:ARG:HG2	1:A:1563:GLN:HB2	1.83	0.61
1:A:2228:GLN:HA	1:A:2233:ASN:O	1.99	0.61
1:A:773:GLY:N	1:A:803:ASN:HB2	2.15	0.61
1:A:1945:ILE:HG13	1:A:2021:ILE:HG12	1.82	0.61
1:A:744:LEU:HD12	1:A:746:ASN:HB3	1.81	0.61

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1052:LEU:HD23	1:A:1058:MET:HE3	1.81	0.61
1:A:1684:SER:OG	1:A:1737:ARG:HB2	2.01	0.61
1:A:1006:TYR:HB2	1:A:1260:VAL:CG1	2.30	0.61
1:A:2380:ALA:HA	1:A:2385:SER:OG	2.01	0.61
1:A:944:TYR:HE1	1:A:1294:GLU:HG2	1.65	0.61
1:A:1291:ASN:HD21	1:A:1324:ASN:HD21	1.49	0.61
1:A:1389:PHE:CE1	1:A:1485:ASN:HB3	2.36	0.61
3:F:26:ILE:HD12	3:F:258:VAL:HG22	1.83	0.61
1:A:992:ARG:O	1:A:1238:PHE:HA	2.01	0.60
1:A:2258:GLU:OE1	1:A:2264:ARG:HG2	2.01	0.60
1:A:2112:ILE:H	1:A:2112:ILE:HD12	1.67	0.60
1:A:375:ASN:ND2	1:A:385:ASN:HA	2.16	0.60
1:A:1961:PRO:O	1:A:2045:TYR:OH	2.14	0.60
1:A:547:TYR:CE2	1:A:549:ASP:HB2	2.37	0.60
1:A:1624:ILE:O	1:A:1625:ARG:HG3	2.01	0.60
1:A:868:ILE:CG2	1:A:1259:LEU:HB2	2.31	0.60
1:A:1079:ASP:O	1:A:1085:ARG:NH2	2.33	0.60
1:A:1179:ILE:HG22	1:A:1180:ASP:O	2.00	0.60
1:A:1690:TYR:CE2	1:A:1692:TYR:HB2	2.37	0.60
1:A:1726:PRO:HB3	1:A:1772:PHE:CE1	2.36	0.60
1:A:1013:ASP:HB2	1:A:1212:ARG:HB2	1.84	0.60
1:A:1203:LEU:HD11	1:A:1209:THR:CG2	2.31	0.60
1:A:1959:VAL:HB	1:A:2008:THR:CG2	2.31	0.60
1:A:906:ALA:HB1	1:A:965:TYR:O	2.02	0.60
2:B:148:ALA:HB2	2:B:163:GLY:HA2	1.83	0.60
3:F:344:HIS:ND1	3:F:353:GLN:OE1	2.25	0.60
1:A:266:LYS:NZ	1:A:692:ILE:HG22	2.16	0.60
1:A:278:ASN:OD1	1:A:681:LYS:HG2	2.02	0.60
1:A:298:PHE:HE1	1:A:316:VAL:HG11	1.67	0.60
1:A:340:ASN:HB3	1:A:2278:SER:HB2	1.82	0.60
1:A:625:PHE:HD2	1:A:659:MET:HE1	1.66	0.60
1:A:876:TRP:CE3	1:A:990:ILE:HG22	2.36	0.60
1:A:1292:ILE:HD12	1:A:1305:MET:HG3	1.83	0.60
1:A:1380:VAL:HG22	1:A:1491:LYS:O	2.01	0.60
1:A:2377:PHE:HD1	1:A:2389:THR:HB	1.66	0.60
1:A:348:GLN:CD	1:A:365:VAL:HG21	2.27	0.60
1:A:827:VAL:HG11	1:A:1531:ASP:HB2	1.83	0.60
3:F:254:THR:HB	3:F:323:THR:OG1	2.01	0.60
1:A:960:LEU:O	1:A:962:LEU:HD23	2.02	0.59
1:A:1358:LYS:HG2	1:A:1426:ALA:HA	1.83	0.59
1:A:1479:ASN:OD1	1:A:1604:GLN:HB2	2.02	0.59

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
3:F:63:ALA:HA	3:F:155:ALA:HB2	1.83	0.59
1:A:2240:MET:HE2	1:A:2243:VAL:HG22	1.84	0.59
3:F:36:ALA:HB3	3:F:42:ALA:HB2	1.84	0.59
1:A:1362:PHE:O	1:A:1363:LEU:HD12	2.01	0.59
1:A:2060:TYR:HB3	1:A:2219:PHE:CE1	2.37	0.59
2:B:97:ILE:HD11	2:B:125:LEU:HD11	1.85	0.59
1:A:1853:GLN:O	1:A:1874:ASN:HB2	2.02	0.59
1:A:235:ARG:CD	1:A:703:VAL:HG21	2.32	0.59
1:A:258:PHE:HD1	1:A:758:MET:HG2	1.68	0.59
1:A:375:ASN:HB3	1:A:376:PRO:HD2	1.85	0.59
1:A:858:VAL:HG12	1:A:1508:LEU:O	2.02	0.59
1:A:941:ARG:NH1	3:F:292:TYR:OH	2.35	0.59
1:A:1494:ALA:CB	1:A:1499:ILE:HD11	2.32	0.59
3:F:36:ALA:CB	3:F:42:ALA:HB2	2.32	0.59
3:F:141:ASP:HB2	3:F:159:ARG:HG2	1.85	0.59
1:A:1737:ARG:NH2	1:A:1809:ASP:O	2.35	0.59
3:F:118:ILE:HG21	3:F:133:VAL:C	2.28	0.59
1:A:1819:HIS:NE2	1:A:1971:GLY:HA2	2.17	0.59
1:A:1849:ASP:HB2	1:A:1879:SER:OG	2.02	0.59
1:A:271:GLU:HG2	1:A:272:ASN:H	1.67	0.59
1:A:857:TYR:HA	1:A:1509:ARG:HA	1.85	0.59
1:A:1394:TYR:HD1	1:A:1474:ILE:HG22	1.68	0.59
1:A:1588:TYR:HD1	1:A:1637:ILE:HG13	1.68	0.59
1:A:2152:LEU:CD2	1:A:2243:VAL:HG21	2.32	0.59
2:B:148:ALA:CB	2:B:163:GLY:HA2	2.33	0.59
1:A:157:PRO:HA	1:A:1151:ARG:HH21	1.67	0.58
1:A:912:THR:OG1	3:F:171:GLU:OE2	2.17	0.58
1:A:1337:LEU:HD22	1:A:1341:ASP:O	2.02	0.58
3:F:24:ARG:HD2	3:F:261:PRO:O	2.02	0.58
1:A:489:THR:OG1	1:A:497:ALA:HB3	2.03	0.58
1:A:2036:SER:OG	1:A:2066:SER:HB2	2.03	0.58
1:A:2122:ILE:HD11	1:A:2134:THR:CG2	2.32	0.58
1:A:2302:ASP:HA	1:A:2319:SER:HA	1.84	0.58
1:A:2329:LEU:CD2	1:A:2353:TRP:HB3	2.29	0.58
1:A:728:ILE:HD12	1:A:728:ILE:O	2.02	0.58
1:A:773:GLY:HA3	1:A:803:ASN:OD1	2.03	0.58
1:A:992:ARG:HG2	1:A:993:ALA:H	1.67	0.58
1:A:999:PHE:HB2	1:A:1233:PHE:HB3	1.84	0.58
1:A:1030:TYR:O	1:A:1241:MET:HA	2.03	0.58
3:F:40:ARG:HB3	3:F:56:PHE:HD2	1.69	0.58
1:A:187:LEU:HD12	1:A:208:ALA:O	2.03	0.58

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:548:THR:HG23	1:A:677:LEU:HD22	1.85	0.58
1:A:871:ARG:HH12	1:A:958:ASN:HB2	1.67	0.58
1:A:1534:THR:OG1	1:A:1569:ASN:HB2	2.03	0.58
1:A:1822:GLN:HG3	1:A:1849:ASP:OD1	2.03	0.58
1:A:1839:PHE:HB2	1:A:1889:ASN:O	2.03	0.58
1:A:2024:LEU:HD12	1:A:2027:LEU:HD23	1.85	0.58
2:B:129:TRP:O	2:B:133:ILE:HG22	2.03	0.58
1:A:168:THR:HG22	3:F:164:ASN:ND2	2.19	0.58
1:A:1947:ASN:O	1:A:2019:ALA:HA	2.03	0.58
1:A:2208:ALA:HA	1:A:2246:VAL:O	2.04	0.58
1:A:2283:LEU:HD13	1:A:2336:VAL:CG1	2.33	0.58
3:F:115:PHE:HE2	3:F:165:LEU:HD22	1.69	0.58
3:F:373:LEU:HG	3:F:383:LEU:CD1	2.34	0.58
1:A:879:ALA:HA	1:A:991:MET:CE	2.33	0.58
1:A:1120:TYR:CE2	1:A:1122:LEU:HB3	2.38	0.58
3:F:138:PHE:CZ	3:F:162:ARG:HD3	2.38	0.58
1:A:139:PRO:HG3	3:F:366:ILE:HD11	1.84	0.58
1:A:400:LEU:HD22	1:A:404:ILE:CD1	2.34	0.58
1:A:492:ASN:O	1:A:496:GLN:HG3	2.03	0.58
2:B:39:LEU:HG	2:B:44:LEU:CB	2.33	0.58
1:A:399:PHE:O	1:A:415:ASN:ND2	2.36	0.58
1:A:503:LEU:HD23	1:A:503:LEU:O	2.04	0.58
1:A:966:PRO:O	1:A:983:PRO:HB3	2.02	0.58
1:A:1388:ASP:OD1	1:A:1389:PHE:N	2.34	0.58
1:A:2015:LEU:O	1:A:2034:ASP:HA	2.03	0.58
1:A:2188:MET:HE1	1:A:2197:PHE:O	2.04	0.58
1:A:175:ILE:HG21	3:F:389:PHE:CE2	2.39	0.58
1:A:922:PRO:HB3	1:A:1122:LEU:HD11	1.85	0.58
1:A:658:ASN:ND2	1:A:670:ASP:OD2	2.28	0.57
1:A:1013:ASP:CB	1:A:1212:ARG:HB2	2.34	0.57
1:A:1146:ILE:HD12	1:A:1146:ILE:O	2.03	0.57
1:A:1433:MET:HE1	1:A:1473:GLY:HA2	1.84	0.57
1:A:1563:GLN:HG3	1:A:1593:GLU:CD	2.29	0.57
1:A:2024:LEU:HB3	1:A:2025:PRO:HD2	1.85	0.57
1:A:2069:THR:O	1:A:2208:ALA:HB3	2.03	0.57
1:A:781:GLU:CG	1:A:795:VAL:HG22	2.34	0.57
1:A:1587:ASN:HB3	1:A:1638:ASN:OD1	2.04	0.57
1:A:1592:GLU:HB2	1:A:1632:THR:O	2.05	0.57
1:A:1666:TYR:OH	1:A:1668:GLN:NE2	2.23	0.57
1:A:2001:GLN:HE22	1:A:2049:PRO:HD3	1.69	0.57
1:A:2029:VAL:CG1	1:A:2182:ILE:HG12	2.33	0.57

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:329:GLN:O	1:A:329:GLN:HG2	2.05	0.57
1:A:831:LEU:HG	1:A:1527:THR:HG22	1.86	0.57
1:A:1583:ASN:O	1:A:1642:VAL:HA	2.05	0.57
1:A:2009:GLN:HB2	1:A:2041:THR:CG2	2.35	0.57
3:F:241:PHE:O	3:F:245:ASN:HB3	2.03	0.57
1:A:1048:TYR:CB	1:A:1159:VAL:HG12	2.33	0.57
1:A:1368:LEU:HB3	1:A:1371:GLN:HG3	1.85	0.57
1:A:1618:GLN:HA	1:A:1621:LYS:HB2	1.87	0.57
3:F:133:VAL:HB	3:F:167:VAL:HG21	1.87	0.57
3:F:137:GLU:HG2	3:F:163:SER:CB	2.35	0.57
1:A:297:TYR:CB	1:A:381:THR:HG23	2.35	0.57
1:A:428:LEU:HD13	1:A:431:ALA:HB2	1.87	0.57
1:A:778:LYS:HG3	1:A:798:THR:HG22	1.85	0.57
1:A:1018:ASN:OD1	1:A:1209:THR:HG22	2.04	0.57
1:A:1606:ILE:HG21	1:A:1611:LEU:HG	1.84	0.57
1:A:2129:ASN:OD1	1:A:2132:VAL:HB	2.04	0.57
3:F:306:LYS:O	3:F:308:PHE:N	2.37	0.57
1:A:1194:ASP:OD2	1:A:1295:ASN:ND2	2.36	0.57
1:A:1203:LEU:HD11	1:A:1209:THR:HG23	1.85	0.57
1:A:1306:PRO:HG2	1:A:1309:VAL:CG2	2.35	0.57
1:A:1855:SER:OG	1:A:1874:ASN:HB3	2.04	0.57
1:A:144:GLU:OE1	1:A:174:ARG:HD2	2.03	0.57
1:A:209:TYR:CE2	1:A:211:PRO:HG3	2.40	0.57
1:A:1352:ASP:HB2	1:A:1481:GLY:HA2	1.87	0.57
1:A:1960:LEU:HD23	1:A:2007:PHE:CD1	2.40	0.57
3:F:79:THR:OG1	3:F:91:LEU:HB3	2.05	0.57
1:A:1824:VAL:HG22	1:A:1847:THR:HG22	1.85	0.57
1:A:2108:SER:HB3	2:B:24:VAL:CG1	2.34	0.57
3:F:231:LEU:O	3:F:231:LEU:HD23	2.05	0.57
1:A:857:TYR:HE1	1:A:1507:GLU:HB3	1.68	0.57
1:A:899:LEU:HD13	1:A:899:LEU:O	2.05	0.57
1:A:1765:ASN:HB3	1:A:1787:ASN:HA	1.85	0.57
3:F:72:GLN:HG3	3:F:395:PHE:CD2	2.40	0.57
1:A:207:LEU:HB3	1:A:222:VAL:CG2	2.34	0.57
1:A:321:LEU:CD2	1:A:464:PHE:HB3	2.34	0.57
1:A:557:THR:O	1:A:654:TYR:OH	2.22	0.57
1:A:572:SER:HA	1:A:632:LYS:NZ	2.20	0.57
1:A:2109:GLY:H	2:B:26:ASP:HB3	1.70	0.57
1:A:2127:ASP:OD1	1:A:2128:PRO:HD2	2.05	0.57
1:A:2181:SER:HB2	1:A:2205:ASN:OD1	2.05	0.57
3:F:370:VAL:HG21	3:F:387:LEU:HD23	1.86	0.57

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
3:F:381:ASN:HB3	3:F:384:GLU:CG	2.35	0.57
1:A:1008:GLN:NE2	1:A:1217:LYS:HE2	2.20	0.56
1:A:2001:GLN:NE2	1:A:2049:PRO:HD3	2.20	0.56
1:A:2223:SER:HA	2:B:157:ASN:ND2	2.19	0.56
3:F:194:ALA:HA	3:F:199:ASN:HA	1.86	0.56
1:A:151:TYR:OH	1:A:153:LYS:HD2	2.05	0.56
1:A:330:ASN:OD1	1:A:1166:ASN:ND2	2.32	0.56
1:A:324:TRP:CE3	1:A:344:ILE:HD11	2.40	0.56
1:A:880:SER:OG	1:A:901:TYR:OH	2.23	0.56
1:A:943:LEU:HD21	1:A:1213:TRP:CH2	2.40	0.56
1:A:1006:TYR:HE2	1:A:1288:ALA:HB2	1.70	0.56
1:A:1364:HIS:CE1	1:A:1416:VAL:HG13	2.40	0.56
1:A:1379:MET:SD	1:A:1499:ILE:HG21	2.46	0.56
1:A:1630:ASP:OD1	1:A:1673:ASP:HB3	2.05	0.56
1:A:2113:PRO:HB2	1:A:2120:ASN:HD21	1.70	0.56
1:A:2252:LEU:HD23	1:A:2253:ILE:HG23	1.87	0.56
2:B:31:ASN:HD22	2:B:165:VAL:HG23	1.69	0.56
1:A:572:SER:HB2	1:A:632:LYS:HG3	1.87	0.56
1:A:1195:ILE:CD1	1:A:1214:ILE:HG22	2.35	0.56
1:A:1631:TYR:OH	1:A:1633:LYS:HE3	2.05	0.56
1:A:268:VAL:CG2	1:A:742:VAL:HB	2.34	0.56
1:A:351:GLY:O	1:A:386:ASN:ND2	2.38	0.56
1:A:459:ILE:HD11	1:A:511:ASN:ND2	2.21	0.56
1:A:944:TYR:O	1:A:947:THR:HG22	2.04	0.56
1:A:2227:VAL:HG22	2:B:126:ILE:HG22	1.87	0.56
1:A:2275:LEU:HD12	1:A:2284:LEU:HD13	1.86	0.56
3:F:383:LEU:HD12	3:F:383:LEU:O	2.05	0.56
1:A:246:GLN:HG3	1:A:255:THR:HG22	1.87	0.56
1:A:342:ARG:NH1	1:A:503:LEU:HB2	2.19	0.56
1:A:713:GLU:HA	1:A:717:TYR:CZ	2.41	0.56
1:A:1301:VAL:HG11	1:A:1416:VAL:HG22	1.86	0.56
1:A:1360:LYS:HB2	1:A:1423:ILE:O	2.06	0.56
1:A:1622:ASP:O	1:A:1626:THR:OG1	2.24	0.56
2:B:92:THR:O	2:B:122:LEU:HD23	2.06	0.56
3:F:353:GLN:NE2	3:F:377:SER:OG	2.35	0.56
1:A:326:THR:HG23	1:A:459:ILE:H	1.71	0.56
1:A:447:TYR:CD2	1:A:524:MET:HE1	2.41	0.56
1:A:719:VAL:HG22	1:A:726:VAL:HG22	1.88	0.56
3:F:209:GLN:CB	3:F:230:ASN:HB2	2.35	0.56
3:F:366:ILE:HG22	3:F:393:PHE:CD1	2.40	0.56
1:A:1320:VAL:HG11	3:F:22:ILE:CD1	2.36	0.56

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1432:ARG:O	1:A:1436:LYS:HG2	2.05	0.56
1:A:1610:GLN:O	1:A:1614:GLU:HB2	2.06	0.56
1:A:2090:PHE:HB2	1:A:2158:ALA:CB	2.36	0.56
1:A:1006:TYR:OH	1:A:1286:ASP:HB3	2.05	0.56
1:A:1857:THR:HB	1:A:1861:GLU:OE2	2.06	0.56
1:A:2021:ILE:HB	1:A:2029:VAL:CG2	2.36	0.56
3:F:231:LEU:HB2	3:F:257:LEU:CD1	2.34	0.56
1:A:728:ILE:CD1	1:A:734:GLN:HA	2.34	0.56
1:A:900:GLU:HG2	1:A:903:PHE:CE2	2.41	0.56
1:A:907:LYS:HA	1:A:970:GLY:HA2	1.88	0.56
1:A:1014:PRO:CG	1:A:1250:MET:HE1	2.36	0.56
1:A:1363:LEU:HD21	1:A:1381:GLY:HA2	1.87	0.56
1:A:2259:LEU:HD13	1:A:2260:LYS:N	2.20	0.56
2:B:172:LEU:HD21	2:B:175:VAL:CG2	2.35	0.56
3:F:323:THR:CG2	3:F:345:GLU:HG2	2.36	0.56
3:F:370:VAL:CG2	3:F:387:LEU:HD23	2.36	0.56
1:A:488:VAL:HG12	1:A:498:ILE:CD1	2.36	0.55
1:A:604:TYR:CE1	1:A:610:VAL:HG11	2.41	0.55
1:A:876:TRP:CH2	1:A:1241:MET:HE3	2.41	0.55
1:A:907:LYS:HB3	1:A:965:TYR:HB2	1.88	0.55
1:A:1381:GLY:HA3	1:A:1398:ILE:HG22	1.88	0.55
1:A:1592:GLU:HB3	1:A:1633:LYS:HA	1.88	0.55
2:B:111:PHE:CZ	2:B:166:LEU:HD22	2.41	0.55
2:B:133:ILE:HD12	2:B:136:LEU:HD21	1.88	0.55
1:A:488:VAL:HG12	1:A:498:ILE:HD13	1.88	0.55
1:A:879:ALA:HB1	1:A:1240:ARG:CD	2.35	0.55
1:A:1396:VAL:HG21	1:A:1425:LEU:HG	1.87	0.55
1:A:2375:HIS:ND1	1:A:2391:ILE:HG12	2.22	0.55
1:A:227:MET:CE	1:A:229:LEU:HD12	2.36	0.55
1:A:548:THR:HG22	1:A:552:PRO:HA	1.88	0.55
1:A:931:SER:HB3	1:A:1204:PRO:HD2	1.88	0.55
1:A:1361:MET:HB3	1:A:1508:LEU:HA	1.89	0.55
1:A:1548:SER:H	1:A:1551:GLN:HG3	1.71	0.55
1:A:1613:ARG:HD2	1:A:1613:ARG:O	2.07	0.55
1:A:1946:LYS:HD2	1:A:2022:ASP:OD2	2.06	0.55
1:A:2157:ALA:HA	1:A:2162:SER:OG	2.06	0.55
3:F:118:ILE:HG21	3:F:133:VAL:O	2.06	0.55
3:F:210:ASN:HD22	3:F:228:PRO:HG2	1.71	0.55
1:A:535:GLN:HA	1:A:612:VAL:O	2.07	0.55
1:A:658:ASN:O	1:A:667:ALA:HB2	2.07	0.55
1:A:856:ILE:HD12	1:A:1356:TYR:OH	2.05	0.55

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1301:VAL:HG22	1:A:1411:ILE:HD13	1.89	0.55
1:A:2290:MET:HE1	1:A:2292:TYR:OH	2.06	0.55
3:F:47:GLN:NE2	3:F:327:ALA:HB3	2.22	0.55
1:A:345:ILE:HD13	1:A:404:ILE:HG12	1.89	0.55
1:A:524:MET:HE3	1:A:527:VAL:CG2	2.37	0.55
1:A:640:SER:OG	1:A:643:ASP:OD1	2.24	0.55
1:A:1594:VAL:HG22	1:A:1631:TYR:HD1	1.72	0.55
1:A:152:THR:HG22	1:A:2390:ASN:CB	2.37	0.55
1:A:421:GLU:CG	1:A:1171:ILE:HD11	2.36	0.55
1:A:749:ILE:HD12	1:A:749:ILE:O	2.06	0.55
1:A:810:VAL:HG13	1:A:813:LEU:HB3	1.89	0.55
1:A:943:LEU:HD21	1:A:1213:TRP:CZ3	2.41	0.55
1:A:1433:MET:HE1	1:A:1473:GLY:CA	2.37	0.55
1:A:648:ASN:CB	1:A:651:GLN:HG2	2.36	0.55
1:A:969:ARG:HD2	1:A:969:ARG:O	2.07	0.55
1:A:1028:LYS:HE2	1:A:1178:SER:CB	2.34	0.55
1:A:2041:THR:CB	1:A:2061:THR:HG22	2.36	0.55
2:B:110:VAL:HG21	2:B:113:GLU:OE2	2.07	0.55
1:A:344:ILE:CG2	1:A:505:LEU:HD12	2.37	0.55
1:A:349:ASP:O	1:A:386:ASN:ND2	2.34	0.55
1:A:574:VAL:HG22	1:A:582:VAL:HG13	1.88	0.55
1:A:732:SER:HB2	1:A:1638:ASN:HD21	1.72	0.55
1:A:870:MET:HE1	1:A:1259:LEU:CD1	2.37	0.55
1:A:1027:GLY:HA3	1:A:1246:PHE:CD1	2.42	0.55
1:A:1827:TYR:CE2	1:A:1829:ILE:HA	2.41	0.55
1:A:2187:LEU:O	1:A:2187:LEU:HD13	2.07	0.55
3:F:33:LEU:HD11	3:F:161:ILE:HD13	1.88	0.55
1:A:138:LYS:HG2	3:F:363:TYR:CE1	2.42	0.55
1:A:793:GLU:OE1	1:A:856:ILE:HG13	2.06	0.55
1:A:873:ALA:HB2	1:A:912:THR:HG23	1.87	0.55
1:A:2037:TYR:OH	1:A:2039:GLU:OE2	2.13	0.55
1:A:2099:ASN:OD1	1:A:2114:ARG:NH1	2.34	0.55
3:F:260:THR:HG21	3:F:310:ASP:HA	1.88	0.55
1:A:282:TYR:OH	1:A:1484:ARG:NH2	2.40	0.55
1:A:1011:VAL:HG12	1:A:1012:LEU:O	2.07	0.55
1:A:1138:THR:HA	1:A:1141:ASN:ND2	2.22	0.55
1:A:1364:HIS:HB3	1:A:1504:TRP:HB2	1.88	0.55
2:B:136:LEU:HD12	2:B:172:LEU:HD22	1.89	0.55
3:F:209:GLN:O	3:F:211:LEU:HD23	2.08	0.55
1:A:572:SER:HA	1:A:632:LYS:HZ2	1.71	0.54
1:A:1359:LEU:HD23	1:A:1510:LEU:CD2	2.37	0.54

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:252:THR:O	1:A:254:ILE:HG13	2.07	0.54
1:A:1380:VAL:HB	1:A:1397:GLU:HG3	1.89	0.54
1:A:1607:LYS:HB2	1:A:1610:GLN:OE1	2.07	0.54
1:A:2026:ASP:OD2	1:A:2186:GLY:N	2.40	0.54
3:F:40:ARG:HG2	3:F:54:ASP:OD2	2.07	0.54
1:A:1695:GLN:OE1	1:A:1696:PRO:HD2	2.07	0.54
1:A:1036:ILE:HG22	1:A:1037:SER:O	2.07	0.54
1:A:1351:VAL:CG1	1:A:1483:VAL:HB	2.38	0.54
1:A:1298:LYS:HG2	1:A:1300:PRO:HD2	1.89	0.54
1:A:827:VAL:CG2	1:A:828:PRO:HD2	2.38	0.54
1:A:881:THR:HG22	1:A:987:PHE:HZ	1.72	0.54
1:A:1085:ARG:HD2	1:A:1144:VAL:HG23	1.90	0.54
1:A:1673:ASP:OD1	1:A:1676:VAL:HG12	2.07	0.54
1:A:2277:MET:HE1	1:A:2339:LEU:HD11	1.90	0.54
1:A:288:ASN:O	1:A:290:ARG:N	2.40	0.54
1:A:344:ILE:HD12	1:A:431:ALA:CB	2.37	0.54
1:A:348:GLN:NE2	1:A:365:VAL:HG21	2.22	0.54
1:A:812:PHE:HA	1:A:815:ARG:HE	1.72	0.54
1:A:950:ALA:HB2	1:A:1316:ASN:HD22	1.73	0.54
1:A:997:THR:HG22	1:A:1236:ILE:O	2.08	0.54
1:A:1014:PRO:HG3	1:A:1250:MET:HE1	1.88	0.54
1:A:1095:LEU:HB2	1:A:1100:GLU:HG2	1.90	0.54
1:A:1119:THR:OG1	1:A:1134:ASN:HB2	2.07	0.54
1:A:1246:PHE:CE2	1:A:1250:MET:HG2	2.42	0.54
1:A:1352:ASP:HA	1:A:1481:GLY:HA2	1.89	0.54
1:A:2275:LEU:CD1	1:A:2284:LEU:HD13	2.37	0.54
2:B:90:HIS:N	2:B:137:LYS:HD2	2.23	0.54
1:A:460:LEU:HD12	1:A:508:LEU:HB2	1.89	0.54
1:A:548:THR:HG22	1:A:552:PRO:CA	2.38	0.54
1:A:604:TYR:CD1	1:A:610:VAL:HG21	2.42	0.54
1:A:1809:ASP:OD2	1:A:1812:ASP:HB2	2.08	0.54
1:A:2152:LEU:HD21	1:A:2243:VAL:HG21	1.88	0.54
1:A:2334:THR:OG1	1:A:2348:ALA:HB3	2.08	0.54
3:F:79:THR:HG22	3:F:388:ARG:HG2	1.89	0.54
1:A:2346:LEU:HD21	1:A:2381:VAL:HG12	1.90	0.54
3:F:47:GLN:HA	3:F:252:GLU:OE1	2.08	0.54
1:A:884:ILE:HA	1:A:1176:GLU:OE2	2.08	0.54
1:A:1306:PRO:HG2	1:A:1309:VAL:HG21	1.89	0.54
1:A:1438:MET:HE1	1:A:1611:LEU:HD21	1.88	0.54
1:A:2151:LEU:HD13	1:A:2277:MET:CE	2.37	0.54
1:A:2229:ASP:CG	1:A:2233:ASN:HB2	2.33	0.54

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:881:THR:HG21	1:A:901:TYR:O	2.07	0.53
1:A:993:ALA:CB	1:A:1163:ASN:HB3	2.36	0.53
1:A:2259:LEU:CB	1:A:2263:LEU:HB3	2.36	0.53
1:A:241:PHE:O	1:A:259:SER:HB2	2.09	0.53
1:A:537:LYS:H	1:A:537:LYS:HD2	1.72	0.53
1:A:1192:ILE:HG21	1:A:1195:ILE:HD11	1.90	0.53
1:A:2125:GLU:HA	1:A:2130:TYR:CG	2.42	0.53
1:A:345:ILE:HD11	1:A:410:ALA:HB1	1.91	0.53
1:A:440:THR:OG1	1:A:449:SER:HB3	2.07	0.53
1:A:564:PHE:HB3	1:A:565:PRO:HD2	1.90	0.53
1:A:619:PHE:HD2	1:A:624:PRO:HG3	1.73	0.53
1:A:885:THR:HB	1:A:889:ASP:OD2	2.07	0.53
1:A:1177:TYR:OH	1:A:1220:VAL:O	2.22	0.53
1:A:1179:ILE:HD12	1:A:1216:PHE:CD1	2.43	0.53
1:A:1948:VAL:O	1:A:1950:ILE:HG13	2.09	0.53
2:B:133:ILE:HG22	2:B:134:PRO:HD3	1.91	0.53
3:F:209:GLN:CG	3:F:230:ASN:HB2	2.38	0.53
1:A:549:ASP:HB3	1:A:550:PRO:CD	2.39	0.53
1:A:1032:ASN:ND2	1:A:1176:GLU:HG2	2.23	0.53
1:A:1588:TYR:CD1	1:A:1637:ILE:HG13	2.43	0.53
1:A:1829:ILE:HD12	1:A:1842:ALA:C	2.33	0.53
1:A:2064:MET:HG3	1:A:2213:ASN:O	2.07	0.53
1:A:2231:ASN:O	1:A:2232:THR:OG1	2.18	0.53
3:F:22:ILE:CG2	3:F:351:ALA:HB2	2.38	0.53
1:A:665:ALA:O	1:A:668:LEU:HD23	2.09	0.53
1:A:952:GLY:HA2	3:F:217:TYR:CD1	2.43	0.53
1:A:964:TYR:CE2	1:A:966:PRO:HB3	2.43	0.53
1:A:1872:LEU:HD21	1:A:2000:TYR:CG	2.43	0.53
1:A:1958:THR:HG22	1:A:2009:GLN:HG2	1.89	0.53
1:A:2021:ILE:HB	1:A:2029:VAL:HG23	1.91	0.53
2:B:48:ARG:HB3	2:B:54:TYR:CE1	2.44	0.53
3:F:226:PHE:CE2	3:F:259:PRO:HD2	2.44	0.53
1:A:383:ASN:HB3	1:A:390:PRO:HD2	1.90	0.53
1:A:576:GLN:HB3	1:A:1754:LEU:CD1	2.38	0.53
1:A:774:GLY:O	1:A:775:THR:OG1	2.26	0.53
1:A:1241:MET:HE1	1:A:1257:LEU:CD1	2.39	0.53
1:A:1363:LEU:HD22	1:A:1400:LEU:HD21	1.91	0.53
1:A:1563:GLN:HG3	1:A:1593:GLU:OE1	2.09	0.53
1:A:2081:GLU:HB3	1:A:2335:LEU:HD21	1.90	0.53
1:A:187:LEU:HD11	1:A:207:LEU:CD1	2.38	0.53
1:A:281:LEU:HD13	1:A:528:TYR:HB3	1.89	0.53

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:865:GLN:HG3	1:A:1289:ALA:HB3	1.90	0.53
1:A:1388:ASP:OD2	1:A:1391:GLN:HB2	2.08	0.53
1:A:1492:SER:CB	1:A:1499:ILE:HD13	2.38	0.53
1:A:2211:THR:OG1	1:A:2244:ASN:HB2	2.09	0.53
3:F:325:SER:HB3	3:F:343:TYR:HD1	1.73	0.53
1:A:159:PHE:CE1	3:F:169:THR:HB	2.44	0.53
1:A:716:ASP:HB2	1:A:730:ASP:HB2	1.90	0.53
1:A:1080:THR:HG21	1:A:2380:ALA:O	2.08	0.53
1:A:1352:ASP:CB	1:A:1481:GLY:HA2	2.38	0.53
1:A:1568:THR:OG1	1:A:1588:TYR:HB3	2.08	0.53
3:F:39:ALA:HB2	3:F:388:ARG:O	2.09	0.53
1:A:907:LYS:HB3	1:A:968:GLU:HB2	1.91	0.53
1:A:1246:PHE:CZ	1:A:1250:MET:HG2	2.44	0.53
1:A:1358:LYS:HE2	1:A:1511:ALA:CB	2.38	0.53
1:A:2227:VAL:CG2	2:B:126:ILE:HG22	2.39	0.53
3:F:120:LEU:HD21	3:F:133:VAL:CG2	2.38	0.53
3:F:351:ALA:HB1	3:F:378:LYS:CG	2.35	0.53
1:A:733:LEU:HD13	1:A:733:LEU:O	2.09	0.53
1:A:1064:LEU:HD13	1:A:1064:LEU:O	2.09	0.53
1:A:1612:ILE:O	1:A:1621:LYS:HE3	2.09	0.53
1:A:2350:GLN:HB3	1:A:2352:ILE:CD1	2.37	0.53
3:F:61:ASN:OD1	3:F:185:ALA:HB1	2.08	0.53
1:A:153:LYS:HB3	1:A:165:SER:HA	1.91	0.52
1:A:1412:SER:HB2	1:A:1413:PRO:HD2	1.90	0.52
1:A:2205:ASN:HD22	1:A:2251:PRO:HD2	1.73	0.52
3:F:22:ILE:HG23	3:F:351:ALA:HB2	1.90	0.52
3:F:133:VAL:O	3:F:135:PRO:HD3	2.08	0.52
3:F:375:SER:HB2	3:F:384:GLU:HG2	1.91	0.52
1:A:1285:PHE:HE1	1:A:1330:VAL:HG13	1.74	0.52
1:A:157:PRO:HG3	1:A:1146:ILE:CG2	2.40	0.52
1:A:1041:LEU:HD23	1:A:1065:TRP:CB	2.33	0.52
1:A:1118:TYR:HB3	1:A:1139:GLU:O	2.08	0.52
1:A:1304:VAL:CG1	1:A:1413:PRO:HB3	2.39	0.52
1:A:1513:LEU:HD23	1:A:1513:LEU:H	1.74	0.52
1:A:1552:GLY:O	1:A:1556:ARG:HG3	2.09	0.52
1:A:1581:GLY:O	1:A:1582:ILE:HD13	2.08	0.52
1:A:1733:THR:HG22	1:A:1766:TYR:HB3	1.90	0.52
2:B:53:LEU:HB3	2:B:150:LEU:CD1	2.39	0.52
1:A:348:GLN:HG3	1:A:519:VAL:CG2	2.38	0.52
1:A:624:PRO:O	1:A:628:LEU:HB3	2.10	0.52
1:A:876:TRP:HE3	1:A:990:ILE:HG22	1.74	0.52

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1009:PHE:HZ	1:A:1179:ILE:HG13	1.75	0.52
1:A:1359:LEU:HD23	1:A:1510:LEU:HD23	1.91	0.52
1:A:260:GLU:HG3	1:A:755:ARG:O	2.09	0.52
1:A:732:SER:CB	1:A:1587:ASN:HD22	2.22	0.52
1:A:827:VAL:HG22	1:A:828:PRO:HD2	1.91	0.52
1:A:1368:LEU:HD12	1:A:1369:PRO:HD2	1.91	0.52
1:A:1666:TYR:HA	1:A:1683:GLN:O	2.09	0.52
1:A:2147:ASN:O	1:A:2151:LEU:HG	2.09	0.52
3:F:74:LEU:HB3	3:F:96:TYR:HD1	1.74	0.52
3:F:137:GLU:HG2	3:F:163:SER:HB2	1.92	0.52
1:A:344:ILE:HG23	1:A:505:LEU:HD12	1.91	0.52
1:A:405:ARG:HD2	1:A:483:VAL:HG21	1.90	0.52
1:A:1198:VAL:CG2	1:A:1211:ALA:HB3	2.40	0.52
1:A:1854:ARG:HD2	1:A:1854:ARG:O	2.10	0.52
2:B:103:GLY:HA2	2:B:167:ILE:O	2.09	0.52
1:A:209:TYR:HE2	1:A:211:PRO:HG3	1.73	0.52
1:A:546:LEU:HB2	1:A:677:LEU:CD2	2.40	0.52
1:A:600:GLY:HA2	1:A:1757:LEU:HD13	1.92	0.52
1:A:732:SER:HA	1:A:1640:ILE:HD12	1.92	0.52
1:A:1036:ILE:HA	1:A:1174:TYR:HE1	1.73	0.52
1:A:1285:PHE:CE1	1:A:1330:VAL:HG13	2.45	0.52
1:A:1378:GLU:HB2	1:A:1494:ALA:HB2	1.90	0.52
1:A:1760:ARG:HD2	1:A:1793:PHE:CD2	2.45	0.52
1:A:1769:GLY:HA2	1:A:1782:TYR:O	2.09	0.52
3:F:367:LYS:HB2	3:F:392:THR:OG1	2.10	0.52
1:A:938:ILE:HG12	1:A:1213:TRP:CH2	2.45	0.52
1:A:1180:ASP:OD2	1:A:1190:ASN:ND2	2.42	0.52
1:A:329:GLN:OE1	1:A:329:GLN:N	2.42	0.52
1:A:247:LEU:O	1:A:253:THR:HA	2.09	0.52
1:A:255:THR:OG1	1:A:761:ASN:OD1	2.27	0.52
1:A:697:VAL:HG21	1:A:744:LEU:HD21	1.91	0.52
1:A:1006:TYR:CD1	1:A:1219:PRO:HA	2.45	0.52
3:F:81:TYR:CE1	3:F:383:LEU:HD23	2.42	0.52
1:A:235:ARG:HD2	1:A:703:VAL:HG21	1.92	0.51
1:A:931:SER:CB	1:A:1204:PRO:HD2	2.40	0.51
1:A:558:PRO:CB	1:A:562:SER:HB2	2.39	0.51
1:A:626:GLY:O	1:A:655:VAL:HG13	2.10	0.51
1:A:930:LEU:HD23	1:A:1128:VAL:HG21	1.92	0.51
1:A:954:ILE:CD1	3:F:166:LYS:HD3	2.39	0.51
1:A:1290:VAL:HG21	1:A:1504:TRP:CE2	2.46	0.51
1:A:1304:VAL:HG12	1:A:1413:PRO:HB3	1.91	0.51

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:2139:TYR:HB3	1:A:2140:PRO:HD2	1.92	0.51
1:A:2148:GLN:NE2	1:A:2240:MET:SD	2.84	0.51
2:B:133:ILE:HD11	2:B:136:LEU:HD11	1.92	0.51
1:A:548:THR:HA	1:A:551:SER:O	2.11	0.51
1:A:711:LEU:HD22	1:A:716:ASP:OD2	2.10	0.51
1:A:754:THR:HG23	3:F:380:LYS:HE3	1.93	0.51
1:A:884:ILE:HD11	1:A:892:PHE:HE2	1.75	0.51
1:A:1038:GLU:HB3	1:A:1168:MET:O	2.11	0.51
1:A:1355:GLN:HG2	1:A:1558:ARG:HH21	1.75	0.51
1:A:2229:ASP:HB3	1:A:2235:TYR:CE1	2.46	0.51
1:A:242:GLY:HA3	1:A:259:SER:CB	2.40	0.51
1:A:2087:PHE:CZ	1:A:2339:LEU:HD23	2.45	0.51
3:F:180:PHE:O	3:F:212:GLY:HA3	2.10	0.51
3:F:386:THR:C	3:F:387:LEU:HD12	2.36	0.51
1:A:252:THR:HG22	1:A:764:HIS:ND1	2.26	0.51
1:A:298:PHE:CE1	1:A:316:VAL:HG11	2.45	0.51
1:A:364:VAL:HG12	1:A:366:ILE:HG22	1.92	0.51
1:A:419:VAL:HG13	1:A:424:ASP:HB3	1.92	0.51
1:A:463:ALA:HB2	1:A:505:LEU:HD22	1.92	0.51
1:A:1341:ASP:OD2	1:A:1343:ARG:NH1	2.43	0.51
1:A:1363:LEU:CD2	1:A:1400:LEU:HD21	2.40	0.51
1:A:1872:LEU:HD22	1:A:2003:PHE:HD1	1.75	0.51
1:A:1962:GLY:O	1:A:1998:THR:OG1	2.20	0.51
2:B:104:TYR:HB3	2:B:110:VAL:HA	1.93	0.51
1:A:556:ILE:HG22	1:A:564:PHE:HZ	1.75	0.51
1:A:1314:LEU:HD13	1:A:1315:TYR:N	2.25	0.51
1:A:1437:ALA:CB	1:A:1474:ILE:HD11	2.41	0.51
1:A:1548:SER:OG	1:A:1551:GLN:HG2	2.11	0.51
1:A:2027:LEU:CB	1:A:2184:TYR:HB3	2.40	0.51
2:B:61:GLY:HA3	2:B:138:SER:O	2.11	0.51
3:F:201:ARG:HG2	3:F:238:ASP:OD1	2.11	0.51
3:F:368:VAL:HG22	3:F:391:LEU:HD23	1.91	0.51
1:A:133:ASN:O	1:A:134:THR:OG1	2.24	0.51
1:A:463:ALA:HB2	1:A:505:LEU:CD2	2.41	0.51
1:A:1947:ASN:HB2	1:A:2020:ASN:OD1	2.10	0.51
3:F:167:VAL:HA	3:F:174:ALA:HB2	1.93	0.51
1:A:611:ASP:HB2	1:A:616:ARG:HB2	1.93	0.51
1:A:229:LEU:HD22	1:A:234:ILE:O	2.10	0.51
1:A:266:LYS:HZ1	1:A:692:ILE:HG22	1.74	0.51
1:A:428:LEU:HA	1:A:1167:THR:HG21	1.91	0.51
1:A:556:ILE:HG22	1:A:564:PHE:CZ	2.45	0.51

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1371:GLN:HB3	1:A:1372:PRO:HD2	1.93	0.51
1:A:1599:TYR:HA	1:A:1607:LYS:HA	1.92	0.51
1:A:1642:VAL:CG1	1:A:1662:PHE:HB2	2.35	0.51
1:A:2151:LEU:HD13	1:A:2277:MET:HE1	1.93	0.51
3:F:176:ALA:HA	3:F:219:HIS:NE2	2.26	0.51
1:A:545:ILE:HG21	1:A:583:PHE:CE2	2.46	0.50
1:A:1864:ASP:OD1	1:A:1865:PRO:HD2	2.10	0.50
3:F:59:GLN:CB	3:F:111:ARG:HH21	2.24	0.50
1:A:483:VAL:HB	1:A:501:GLN:OE1	2.11	0.50
1:A:536:ILE:O	1:A:604:TYR:OH	2.25	0.50
1:A:766:ILE:HD12	1:A:770:PHE:CE2	2.46	0.50
1:A:881:THR:HG22	1:A:987:PHE:CZ	2.46	0.50
1:A:1179:ILE:CD1	1:A:1218:ILE:HD11	2.41	0.50
1:A:1202:ASP:O	3:F:222:LEU:HD13	2.10	0.50
2:B:101:TYR:HE1	2:B:118:VAL:HG21	1.76	0.50
1:A:283:ALA:HA	1:A:625:PHE:CE2	2.47	0.50
1:A:365:VAL:HG11	1:A:423:THR:O	2.10	0.50
1:A:639:GLU:HG2	1:A:651:GLN:NE2	2.26	0.50
1:A:908:LEU:HD11	1:A:962:LEU:HD13	1.93	0.50
1:A:925:ILE:O	1:A:925:ILE:HG13	2.11	0.50
1:A:1006:TYR:HD1	1:A:1219:PRO:HA	1.76	0.50
1:A:1561:VAL:HG22	1:A:1595:ILE:HG12	1.93	0.50
1:A:1872:LEU:HD23	1:A:1998:THR:HG21	1.93	0.50
2:B:133:ILE:CD1	2:B:170:ILE:HG21	2.41	0.50
3:F:120:LEU:HD23	3:F:131:ARG:O	2.11	0.50
1:A:161:PRO:HD3	1:A:1121:TYR:OH	2.12	0.50
1:A:2277:MET:CE	1:A:2339:LEU:HD11	2.41	0.50
3:F:48:GLY:O	3:F:64:LYS:NZ	2.35	0.50
3:F:152:PHE:HB3	3:F:188:TYR:HA	1.92	0.50
1:A:454:LEU:HD12	1:A:454:LEU:O	2.11	0.50
1:A:823:ILE:HD13	1:A:1574:LYS:O	2.11	0.50
1:A:930:LEU:CD2	1:A:1128:VAL:HG21	2.40	0.50
1:A:1189:GLU:HG2	1:A:1190:ASN:H	1.76	0.50
1:A:1361:MET:HE1	1:A:1505:PHE:HB3	1.93	0.50
2:B:137:LYS:O	2:B:172:LEU:HD23	2.10	0.50
1:A:132:SER:O	1:A:184:GLY:HA2	2.10	0.50
1:A:150:ARG:NH2	1:A:170:ASP:OD2	2.44	0.50
1:A:152:THR:HG22	1:A:2390:ASN:HB2	1.93	0.50
1:A:219:LYS:HE3	1:A:221:GLU:OE2	2.12	0.50
1:A:334:THR:CG2	1:A:2276:SER:HB3	2.41	0.50
1:A:619:PHE:CD2	1:A:624:PRO:HG3	2.46	0.50

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:692:ILE:HG21	1:A:744:LEU:HD23	1.93	0.50
1:A:1585:PRO:HG3	1:A:1640:ILE:O	2.11	0.50
1:A:1683:GLN:HE22	1:A:1738:GLN:HE21	1.60	0.50
1:A:1768:TYR:CD2	1:A:1784:ALA:HB3	2.44	0.50
1:A:2119:ASN:C	1:A:2121:PRO:HD3	2.36	0.50
3:F:79:THR:HG21	3:F:388:ARG:NH1	2.27	0.50
3:F:133:VAL:HB	3:F:167:VAL:CG2	2.42	0.50
1:A:146:ASP:CA	1:A:2396:THR:HG22	2.40	0.50
1:A:366:ILE:CG2	1:A:369:THR:HG22	2.42	0.50
1:A:1997:LEU:HD12	1:A:2047:VAL:HG21	1.94	0.50
1:A:2067:ILE:HD11	1:A:2176:PRO:HB3	1.93	0.50
1:A:2325:ALA:CB	1:A:2357:LEU:HD23	2.42	0.50
3:F:141:ASP:OD1	3:F:142:GLY:N	2.45	0.50
3:F:319:LEU:HD23	3:F:319:LEU:O	2.10	0.50
1:A:861:PHE:O	1:A:1326:GLN:HB2	2.12	0.50
1:A:1679:TYR:HD1	1:A:1742:GLN:HG2	1.77	0.50
1:A:1852:TRP:CZ2	1:A:1966:SER:HA	2.47	0.50
1:A:1963:TYR:CZ	1:A:1965:PRO:HG2	2.46	0.50
2:B:90:HIS:HA	2:B:137:LYS:HE3	1.94	0.50
3:F:365:MET:HE3	3:F:394:ASN:CB	2.41	0.50
1:A:545:ILE:HG21	1:A:583:PHE:HE2	1.76	0.50
1:A:574:VAL:CG2	1:A:582:VAL:HG13	2.42	0.50
1:A:1181:VAL:HG11	1:A:1250:MET:HE2	1.94	0.50
1:A:1287:VAL:HG21	1:A:1345:VAL:HG21	1.93	0.50
1:A:1327:ALA:HB1	1:A:1505:PHE:O	2.12	0.50
1:A:1788:ASN:HB2	1:A:1815:THR:O	2.11	0.50
1:A:2070:VAL:HG23	1:A:2206:TYR:CE2	2.47	0.50
1:A:2130:TYR:O	1:A:2134:THR:HG23	2.12	0.50
1:A:2299:ARG:HG2	1:A:2322:ASN:OD1	2.12	0.50
1:A:334:THR:HG23	1:A:2276:SER:CB	2.40	0.49
1:A:540:ASP:O	1:A:682:TYR:HA	2.11	0.49
1:A:556:ILE:HG23	1:A:654:TYR:CZ	2.47	0.49
1:A:855:THR:CG2	1:A:1509:ARG:HG3	2.42	0.49
1:A:907:LYS:CB	1:A:968:GLU:HB2	2.42	0.49
1:A:1787:ASN:O	1:A:1817:ASN:HB3	2.11	0.49
1:A:289:ASP:CA	1:A:523:MET:HE3	2.42	0.49
1:A:405:ARG:O	1:A:502:SER:OG	2.21	0.49
1:A:827:VAL:HG13	1:A:1530:ALA:HA	1.94	0.49
1:A:1588:TYR:OH	1:A:1590:ILE:HD11	2.13	0.49
1:A:1876:ILE:HD11	1:A:1963:TYR:CD2	2.47	0.49
1:A:1880:ASN:OD1	1:A:1982:GLY:HA3	2.11	0.49

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:2067:ILE:CG2	1:A:2210:TYR:HB3	2.40	0.49
1:A:2156:LEU:HD21	1:A:2210:TYR:CE1	2.47	0.49
2:B:101:TYR:HA	2:B:169:GLU:O	2.12	0.49
3:F:103:ARG:NH2	3:F:148:LEU:O	2.45	0.49
1:A:538:GLN:HB2	1:A:604:TYR:CE2	2.47	0.49
1:A:702:VAL:HA	1:A:743:SER:O	2.12	0.49
1:A:817:ALA:HB2	1:A:1529:MET:CG	2.42	0.49
1:A:829:SER:HB2	1:A:1528:ASN:O	2.13	0.49
1:A:999:PHE:CE2	1:A:1033:LEU:HD11	2.31	0.49
1:A:1039:ASP:CG	1:A:1168:MET:HE1	2.37	0.49
1:A:866:SER:O	1:A:1261:ARG:HG2	2.13	0.49
1:A:1066:GLY:HA3	1:A:1093:ASP:O	2.12	0.49
1:A:2081:GLU:HB3	1:A:2335:LEU:HD22	1.95	0.49
2:B:96:ASN:HB2	2:B:176:ASN:HB2	1.94	0.49
1:A:713:GLU:HG2	1:A:717:TYR:OH	2.11	0.49
1:A:1026:ALA:HA	1:A:1181:VAL:O	2.12	0.49
1:A:1036:ILE:HG13	1:A:1174:TYR:CD1	2.47	0.49
1:A:2103:GLU:OE2	1:A:2112:ILE:HD13	2.12	0.49
1:A:265:THR:HG22	1:A:745:GLU:OE1	2.12	0.49
1:A:341:LEU:HD12	1:A:341:LEU:O	2.12	0.49
1:A:867:THR:HB	1:A:1258:ASP:OD2	2.12	0.49
1:A:999:PHE:CE2	1:A:1236:ILE:HG21	2.48	0.49
1:A:1314:LEU:O	1:A:1321:ILE:N	2.45	0.49
1:A:1617:ASP:O	1:A:1620:GLU:N	2.37	0.49
3:F:298:ILE:HG22	3:F:299:GLY:O	2.12	0.49
1:A:770:PHE:HD1	1:A:806:TYR:HB2	1.78	0.49
1:A:1035:GLU:OE1	1:A:1171:ILE:HB	2.12	0.49
1:A:1043:ASP:OD2	1:A:1063:PRO:HB3	2.13	0.49
1:A:1090:VAL:HG11	1:A:1094:GLY:HA2	1.95	0.49
1:A:1378:GLU:CB	1:A:1494:ALA:HB2	2.43	0.49
1:A:1509:ARG:H	1:A:1509:ARG:HD3	1.78	0.49
1:A:1548:SER:H	1:A:1551:GLN:CG	2.26	0.49
1:A:1560:ASP:O	1:A:1595:ILE:HA	2.13	0.49
1:A:1831:ILE:HG21	1:A:1840:VAL:HG23	1.95	0.49
3:F:231:LEU:CD1	3:F:257:LEU:HD11	2.42	0.49
1:A:937:ARG:NH2	3:F:218:ASP:O	2.46	0.49
1:A:2363:PHE:HB2	1:A:2367:LEU:HD12	1.95	0.49
3:F:174:ALA:O	3:F:175:SER:OG	2.22	0.49
1:A:332:VAL:HG21	1:A:2347:ALA:CB	2.43	0.49
1:A:766:ILE:HB	1:A:770:PHE:HD2	1.78	0.49
1:A:823:ILE:CG1	1:A:1575:LEU:HD23	2.42	0.49

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:954:ILE:HD13	3:F:166:LYS:HD3	1.94	0.49
1:A:2068:SER:OG	1:A:2179:ASN:OD1	2.27	0.49
1:A:2123:PRO:HB3	1:A:2127:ASP:OD2	2.13	0.49
2:B:97:ILE:HG13	2:B:97:ILE:O	2.13	0.49
3:F:207:ASN:ND2	3:F:209:GLN:OE1	2.46	0.49
1:A:509:LYS:HA	1:A:519:VAL:CG1	2.42	0.49
1:A:560:GLN:NE2	1:A:1442:ILE:HD12	2.27	0.49
1:A:562:SER:HB3	1:A:650:ASN:ND2	2.28	0.49
1:A:571:ASP:OD1	1:A:572:SER:N	2.46	0.49
1:A:965:TYR:HB3	1:A:968:GLU:CG	2.43	0.49
1:A:1090:VAL:HG23	1:A:1096:PRO:HA	1.95	0.49
1:A:1479:ASN:OD1	1:A:1480:PHE:N	2.46	0.49
1:A:1596:THR:HG22	1:A:1629:ILE:HG12	1.95	0.49
1:A:2100:ARG:HH22	1:A:2167:SER:N	2.10	0.49
1:A:2119:ASN:O	1:A:2121:PRO:HD3	2.12	0.49
2:B:110:VAL:HG21	2:B:113:GLU:CD	2.37	0.49
1:A:692:ILE:HG21	1:A:744:LEU:CD2	2.43	0.48
1:A:769:LYS:NZ	1:A:809:GLU:OE2	2.44	0.48
1:A:2285:THR:HG22	1:A:2336:VAL:HG22	1.95	0.48
3:F:47:GLN:HG3	3:F:48:GLY:H	1.78	0.48
3:F:246:LYS:NZ	3:F:334:ASP:OD1	2.46	0.48
1:A:297:TYR:HB2	1:A:381:THR:HG23	1.94	0.48
1:A:870:MET:HE1	1:A:1259:LEU:HD12	1.95	0.48
1:A:1085:ARG:CZ	1:A:1144:VAL:HG22	2.43	0.48
1:A:1129:LEU:HD13	1:A:1129:LEU:O	2.13	0.48
1:A:1479:ASN:CG	1:A:1604:GLN:HB2	2.38	0.48
1:A:189:VAL:HG22	1:A:207:LEU:CD2	2.43	0.48
1:A:309:TYR:HB2	1:A:310:PRO:CD	2.43	0.48
1:A:812:PHE:HA	1:A:815:ARG:HH11	1.78	0.48
1:A:861:PHE:CD1	1:A:1328:LEU:HD13	2.48	0.48
1:A:2023:LEU:HB2	1:A:2027:LEU:HD11	1.95	0.48
1:A:2031:LEU:HB3	1:A:2178:PRO:HB3	1.95	0.48
3:F:52:SER:HB3	3:F:203:ARG:NH1	2.28	0.48
3:F:135:PRO:HG3	3:F:167:VAL:CG1	2.42	0.48
3:F:140:LEU:HD13	3:F:141:ASP:N	2.28	0.48
1:A:264:GLN:HB3	1:A:746:ASN:OD1	2.12	0.48
1:A:435:THR:OG1	1:A:438:GLU:HG3	2.13	0.48
1:A:665:ALA:HB2	1:A:1001:GLN:HB2	1.95	0.48
1:A:692:ILE:HG21	1:A:744:LEU:HG	1.96	0.48
1:A:943:LEU:HD11	1:A:1213:TRP:CE3	2.48	0.48
1:A:1876:ILE:HD11	1:A:1963:TYR:CE2	2.49	0.48

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:2115:TYR:HB2	1:A:2137:GLN:O	2.14	0.48
2:B:106:THR:HG22	2:B:167:ILE:HD11	1.96	0.48
3:F:152:PHE:CB	3:F:188:TYR:HA	2.43	0.48
1:A:339:ASN:ND2	1:A:2285:THR:HG21	2.27	0.48
1:A:538:GLN:HB2	1:A:604:TYR:CD2	2.48	0.48
1:A:1177:TYR:CE1	1:A:1223:PRO:HA	2.48	0.48
1:A:1425:LEU:HD11	1:A:1430:LEU:HD11	1.94	0.48
1:A:1768:TYR:OH	1:A:1970:LEU:HD23	2.14	0.48
1:A:2113:PRO:HB2	1:A:2120:ASN:ND2	2.28	0.48
1:A:2197:PHE:HB3	1:A:2199:ARG:O	2.13	0.48
1:A:2259:LEU:HD22	1:A:2260:LYS:H	1.78	0.48
1:A:421:GLU:HB3	1:A:1171:ILE:HD11	1.96	0.48
1:A:611:ASP:OD2	1:A:618:ILE:HD11	2.13	0.48
1:A:1085:ARG:HD3	1:A:1142:SER:O	2.14	0.48
1:A:1433:MET:HE1	1:A:1472:LEU:C	2.39	0.48
1:A:1812:ASP:O	1:A:1813:ILE:HD13	2.14	0.48
1:A:2240:MET:HE2	1:A:2243:VAL:CG2	2.44	0.48
2:B:136:LEU:CD2	2:B:142:ILE:HB	2.41	0.48
1:A:364:VAL:HG21	1:A:373:PHE:CZ	2.49	0.48
1:A:662:ASN:OD1	1:A:663:THR:N	2.47	0.48
1:A:1066:GLY:HA2	1:A:1095:LEU:HD11	1.95	0.48
1:A:1314:LEU:O	1:A:1321:ILE:HG22	2.14	0.48
1:A:1579:LYS:HE2	1:A:1579:LYS:HA	1.95	0.48
1:A:1789:ILE:HD11	1:A:1854:ARG:HH12	1.77	0.48
1:A:697:VAL:HG22	1:A:744:LEU:HD11	1.96	0.48
1:A:786:GLN:NE2	1:A:1310:GLN:HB2	2.28	0.48
2:B:35:ILE:CD1	2:B:145:PHE:HB3	2.37	0.48
3:F:57:SER:HB3	3:F:64:LYS:HE3	1.95	0.48
1:A:183:ILE:HB	1:A:187:LEU:HD23	1.96	0.48
1:A:234:ILE:CD1	1:A:838:ALA:HB2	2.41	0.48
1:A:350:LEU:HD21	1:A:390:PRO:HD3	1.96	0.48
1:A:593:ASP:HB2	1:A:1857:THR:OG1	2.14	0.48
1:A:1090:VAL:C	1:A:1139:GLU:HG2	2.39	0.48
1:A:1355:GLN:HG3	1:A:1553:ALA:O	2.14	0.48
1:A:1394:TYR:CD1	1:A:1474:ILE:HG22	2.48	0.48
1:A:1411:ILE:HD12	1:A:1411:ILE:H	1.77	0.48
1:A:2043:GLU:OE1	1:A:2056:PRO:HB3	2.14	0.48
1:A:2070:VAL:HG12	1:A:2177:ILE:HG21	1.94	0.48
1:A:2097:ILE:O	1:A:2101:LEU:HG	2.13	0.48
2:B:32:GLU:O	2:B:36:VAL:HG23	2.13	0.48
2:B:105:PHE:O	2:B:167:ILE:HD12	2.14	0.48

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
2:B:141:GLU:HG3	2:B:170:ILE:O	2.13	0.48
3:F:77:SER:HA	3:F:390:SER:HA	1.94	0.48
1:A:249:PHE:CE2	1:A:254:ILE:HD12	2.49	0.48
1:A:270:ALA:CB	1:A:275:THR:H	2.27	0.48
1:A:284:LEU:O	1:A:284:LEU:HD22	2.13	0.48
1:A:463:ALA:CB	1:A:476:GLY:HA3	2.44	0.48
1:A:813:LEU:CD2	1:A:1529:MET:HA	2.43	0.48
1:A:1179:ILE:CG1	1:A:1218:ILE:HD11	2.43	0.48
1:A:1794:LEU:HB3	1:A:1797:ASP:O	2.14	0.48
2:B:133:ILE:CD1	2:B:136:LEU:HD11	2.44	0.48
3:F:47:GLN:O	3:F:49:VAL:HG23	2.13	0.48
1:A:249:PHE:HB2	1:A:252:THR:OG1	2.14	0.47
1:A:297:TYR:HB3	1:A:381:THR:HG23	1.95	0.47
1:A:491:ASN:OD1	1:A:495:ASN:ND2	2.43	0.47
1:A:823:ILE:HD13	1:A:1574:LYS:HG3	1.96	0.47
3:F:72:GLN:HG3	3:F:395:PHE:HD2	1.78	0.47
3:F:226:PHE:CD2	3:F:259:PRO:HD2	2.49	0.47
1:A:145:MET:HE1	3:F:94:VAL:HG11	1.95	0.47
1:A:350:LEU:HD12	1:A:475:VAL:O	2.15	0.47
1:A:536:ILE:O	1:A:536:ILE:HG13	2.13	0.47
1:A:1572:LEU:HB2	1:A:1584:LEU:HB2	1.95	0.47
1:A:1631:TYR:O	1:A:1671:ARG:HA	2.14	0.47
1:A:2084:SER:OG	1:A:2087:PHE:HB3	2.13	0.47
3:F:33:LEU:HD11	3:F:161:ILE:CD1	2.44	0.47
1:A:364:VAL:HG21	1:A:373:PHE:HZ	1.78	0.47
1:A:583:PHE:CE1	1:A:629:ILE:HD11	2.50	0.47
1:A:584:ASN:OD1	1:A:628:LEU:HD11	2.14	0.47
1:A:1018:ASN:CG	1:A:1209:THR:HG22	2.39	0.47
1:A:1339:TYR:CD2	1:A:1340:GLN:HG3	2.50	0.47
1:A:1401:LYS:NZ	1:A:1420:ASP:HB3	2.28	0.47
1:A:1544:ILE:HG12	1:A:1560:ASP:OD1	2.13	0.47
1:A:1972:THR:O	1:A:1980:VAL:HG11	2.14	0.47
1:A:2063:GLY:O	1:A:2214:GLN:HA	2.13	0.47
1:A:2151:LEU:HD12	1:A:2279:PHE:HE1	1.79	0.47
2:B:37:ASP:O	2:B:41:GLN:HG3	2.15	0.47
3:F:262:PRO:HD3	3:F:295:TYR:HB2	1.96	0.47
1:A:150:ARG:HH21	1:A:2392:ARG:HE	1.62	0.47
1:A:460:LEU:CD1	1:A:508:LEU:HD12	2.45	0.47
1:A:823:ILE:CD1	1:A:1575:LEU:HD23	2.40	0.47
1:A:965:TYR:HB3	1:A:968:GLU:HG3	1.96	0.47
1:A:1666:TYR:CE2	1:A:1668:GLN:HG3	2.50	0.47

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1945:ILE:HD12	1:A:1945:ILE:H	1.80	0.47
1:A:2036:SER:HG	1:A:2066:SER:HB2	1.79	0.47
1:A:938:ILE:HG12	1:A:1213:TRP:HZ2	1.78	0.47
1:A:1091:GLY:HA2	1:A:1138:THR:OG1	2.14	0.47
1:A:1195:ILE:CG2	1:A:1212:ARG:HE	2.26	0.47
1:A:2045:TYR:HA	1:A:2055:LYS:O	2.14	0.47
1:A:2078:PRO:HB2	1:A:2083:GLN:HE22	1.80	0.47
1:A:2283:LEU:HD12	1:A:2283:LEU:O	2.14	0.47
2:B:136:LEU:CD1	2:B:172:LEU:HD22	2.45	0.47
3:F:69:GLU:HB3	3:F:401:THR:OG1	2.14	0.47
3:F:78:TYR:CE1	3:F:90:SER:HB2	2.49	0.47
3:F:368:VAL:HG22	3:F:391:LEU:CD2	2.45	0.47
1:A:189:VAL:HG21	3:F:361:PHE:CE1	2.49	0.47
1:A:282:TYR:HA	1:A:677:LEU:HA	1.96	0.47
1:A:315:ARG:HB3	1:A:468:VAL:HG13	1.97	0.47
1:A:1679:TYR:CD1	1:A:1742:GLN:HG2	2.49	0.47
3:F:52:SER:HB3	3:F:203:ARG:HH12	1.79	0.47
3:F:159:ARG:NH2	3:F:210:ASN:OD1	2.39	0.47
1:A:569:ALA:HB3	1:A:571:ASP:OD1	2.15	0.47
1:A:604:TYR:HE1	1:A:610:VAL:HG11	1.79	0.47
1:A:779:MET:CE	1:A:1550:GLU:HA	2.45	0.47
1:A:786:GLN:HE21	1:A:1310:GLN:HB2	1.78	0.47
1:A:1173:ALA:HB1	1:A:1230:ILE:HB	1.97	0.47
1:A:1315:TYR:HE1	1:A:1320:VAL:HG12	1.80	0.47
1:A:1364:HIS:NE2	1:A:1366:GLU:OE2	2.47	0.47
1:A:1374:LEU:CB	1:A:1402:VAL:HG21	2.42	0.47
1:A:1378:GLU:HA	1:A:1493:ARG:HG2	1.96	0.47
1:A:1380:VAL:HG21	1:A:1491:LYS:HB3	1.96	0.47
1:A:1592:GLU:CB	1:A:1633:LYS:HA	2.44	0.47
1:A:1960:LEU:HD23	1:A:2007:PHE:HD1	1.78	0.47
1:A:2038:SER:OG	1:A:2064:MET:HB2	2.14	0.47
1:A:2356:LYS:HG3	1:A:2374:ASP:OD1	2.15	0.47
3:F:44:LEU:HD12	3:F:327:ALA:HB1	1.96	0.47
3:F:302:SER:O	3:F:306:LYS:HG2	2.15	0.47
1:A:258:PHE:CD1	1:A:758:MET:HG2	2.49	0.47
1:A:794:SER:HB3	1:A:845:PRO:HG3	1.97	0.47
1:A:1121:TYR:O	1:A:1131:ARG:HB3	2.14	0.47
3:F:194:ALA:HA	3:F:199:ASN:CA	2.45	0.47
1:A:157:PRO:HG3	1:A:1146:ILE:HG21	1.97	0.47
1:A:276:VAL:HG22	1:A:683:LYS:CG	2.45	0.47
1:A:364:VAL:HG12	1:A:366:ILE:H	1.79	0.47

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:805:ASN:H	1:A:834:ARG:HA	1.80	0.47
1:A:933:ASN:ND2	1:A:1016:VAL:HG23	2.29	0.47
1:A:1121:TYR:O	1:A:1131:ARG:HD3	2.15	0.47
1:A:1201:VAL:O	1:A:1208:THR:HA	2.15	0.47
1:A:1393:PHE:HE1	1:A:1475:LYS:HD3	1.79	0.47
1:A:2152:LEU:HD11	1:A:2210:TYR:OH	2.14	0.47
1:A:2354:SER:OG	1:A:2356:LYS:NZ	2.44	0.47
2:B:35:ILE:HD11	2:B:165:VAL:HG13	1.97	0.47
1:A:582:VAL:O	1:A:632:LYS:HE3	2.15	0.47
1:A:604:TYR:HD1	1:A:610:VAL:HG21	1.80	0.47
1:A:906:ALA:HB1	1:A:966:PRO:HA	1.97	0.47
1:A:992:ARG:HG2	1:A:993:ALA:N	2.29	0.47
1:A:1264:TRP:HB3	1:A:1345:VAL:HG12	1.94	0.47
1:A:2094:ARG:HH12	1:A:2145:LYS:CE	2.27	0.47
1:A:2263:LEU:O	1:A:2265:VAL:HG23	2.15	0.47
2:B:104:TYR:CB	2:B:110:VAL:HA	2.45	0.47
1:A:209:TYR:O	1:A:219:LYS:HA	2.15	0.46
1:A:253:THR:OG1	1:A:763:GLU:HB3	2.15	0.46
1:A:890:ASN:OD1	1:A:895:ASN:ND2	2.48	0.46
1:A:1048:TYR:HA	1:A:1159:VAL:HA	1.95	0.46
1:A:648:ASN:HB3	1:A:651:GLN:HG2	1.97	0.46
1:A:1008:GLN:HE21	1:A:1217:LYS:HE2	1.80	0.46
1:A:1085:ARG:HD2	1:A:1144:VAL:CG2	2.45	0.46
1:A:1085:ARG:NH1	1:A:1144:VAL:HG22	2.29	0.46
1:A:1492:SER:HB2	1:A:1499:ILE:CD1	2.44	0.46
3:F:79:THR:HG1	3:F:91:LEU:HB3	1.80	0.46
1:A:348:GLN:NE2	1:A:519:VAL:HG23	2.30	0.46
1:A:454:LEU:HD12	1:A:509:LYS:HD3	1.97	0.46
1:A:907:LYS:O	1:A:907:LYS:HG3	2.16	0.46
1:A:1182:LYS:N	1:A:1185:MET:HE3	2.27	0.46
1:A:1196:ARG:NH2	1:A:1294:GLU:O	2.48	0.46
1:A:1997:LEU:HD12	1:A:2047:VAL:HG23	1.96	0.46
3:F:232:ARG:HB2	3:F:252:GLU:OE2	2.15	0.46
1:A:148:GLY:CA	1:A:2394:GLY:HA3	2.43	0.46
1:A:551:SER:HB2	1:A:552:PRO:HD2	1.96	0.46
1:A:1433:MET:HE3	1:A:1455:PRO:CD	2.45	0.46
1:A:1623:ASN:OD1	1:A:1750:GLU:HB2	2.16	0.46
2:B:23:GLU:O	2:B:23:GLU:HG2	2.15	0.46
1:A:144:GLU:HB2	1:A:174:ARG:HB2	1.97	0.46
1:A:302:TYR:CE1	1:A:445:LEU:HD13	2.50	0.46
1:A:364:VAL:CG1	1:A:366:ILE:HG22	2.45	0.46

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:416:ASN:O	1:A:417:THR:OG1	2.26	0.46
1:A:534:TYR:O	1:A:536:ILE:HG23	2.15	0.46
1:A:831:LEU:HD23	1:A:831:LEU:O	2.15	0.46
1:A:1570:LEU:HD12	1:A:1586:PHE:CD2	2.50	0.46
1:A:1863:GLU:HA	1:A:1869:VAL:HA	1.96	0.46
3:F:54:ASP:OD1	3:F:57:SER:HB3	2.16	0.46
3:F:346:SER:HB3	3:F:349:LYS:HB3	1.97	0.46
3:F:386:THR:O	3:F:387:LEU:HD12	2.16	0.46
1:A:344:ILE:HA	1:A:502:SER:O	2.15	0.46
1:A:749:ILE:H	1:A:749:ILE:HG13	1.60	0.46
1:A:860:ASP:O	1:A:862:GLU:N	2.45	0.46
1:A:871:ARG:HB2	1:A:960:LEU:HB2	1.97	0.46
1:A:1291:ASN:ND2	1:A:1324:ASN:HD21	2.12	0.46
1:A:1483:VAL:HG12	1:A:1483:VAL:O	2.16	0.46
3:F:58:GLN:NE2	3:F:141:ASP:OD2	2.45	0.46
3:F:240:ILE:CG2	3:F:243:ASP:HA	2.46	0.46
1:A:865:GLN:HG3	1:A:1289:ALA:CB	2.46	0.46
1:A:1368:LEU:CD1	1:A:1369:PRO:HD2	2.46	0.46
1:A:1538:THR:OG1	1:A:1565:ASN:HB2	2.15	0.46
1:A:1764:PHE:CE2	1:A:1813:ILE:HD12	2.51	0.46
1:A:2060:TYR:HB3	1:A:2219:PHE:HE1	1.80	0.46
2:B:152:TYR:CB	2:B:156:GLY:HA2	2.37	0.46
3:F:23:GLU:N	3:F:348:MET:SD	2.84	0.46
1:A:286:TYR:HA	1:A:528:TYR:CD1	2.51	0.46
1:A:820:LEU:HB3	1:A:821:PRO:CD	2.46	0.46
1:A:1189:GLU:HG2	1:A:1190:ASN:N	2.30	0.46
1:A:1285:PHE:HZ	1:A:1345:VAL:HG23	1.80	0.46
1:A:1963:TYR:CE2	1:A:1965:PRO:HG2	2.50	0.46
1:A:1997:LEU:HD11	1:A:2045:TYR:CE2	2.51	0.46
1:A:2156:LEU:HD11	1:A:2210:TYR:CZ	2.50	0.46
1:A:2352:ILE:HG12	3:F:129:PRO:HG2	1.98	0.46
3:F:32:PHE:O	3:F:35:VAL:HG12	2.15	0.46
1:A:270:ALA:HB3	1:A:690:ILE:HD13	1.98	0.46
1:A:299:ARG:O	1:A:622:LYS:HD3	2.16	0.46
1:A:548:THR:HG23	1:A:677:LEU:CD2	2.46	0.46
1:A:659:MET:HE3	1:A:660:TYR:OH	2.16	0.46
1:A:755:ARG:NE	1:A:781:GLU:OE2	2.49	0.46
1:A:1011:VAL:HG13	1:A:1252:VAL:HG13	1.98	0.46
1:A:1187:VAL:CG2	1:A:1299:CYS:HB2	2.42	0.46
2:B:31:ASN:O	2:B:35:ILE:HG12	2.16	0.46
3:F:210:ASN:ND2	3:F:228:PRO:HG2	2.31	0.46

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
3:F:214:LYS:CD	3:F:224:ALA:HB3	2.45	0.46
1:A:279:PHE:CE2	1:A:530:ILE:HD12	2.50	0.46
1:A:1058:MET:HG3	1:A:1069:PRO:HA	1.98	0.46
1:A:1683:GLN:OE1	1:A:1738:GLN:HG2	2.15	0.46
1:A:2198:LYS:HD2	1:A:2260:LYS:O	2.16	0.46
1:A:159:PHE:HE1	3:F:170:GLU:HG3	1.80	0.45
1:A:448:ILE:CD1	1:A:462:VAL:HG11	2.42	0.45
1:A:540:ASP:HB3	1:A:683:LYS:HB2	1.98	0.45
1:A:1429:LEU:O	1:A:1432:ARG:HG2	2.16	0.45
1:A:1785:THR:HG22	1:A:1820:ALA:HB3	1.98	0.45
1:A:2041:THR:HB	1:A:2061:THR:HG22	1.98	0.45
1:A:2050:SER:O	1:A:2051:THR:OG1	2.28	0.45
1:A:2224:SER:OG	1:A:2225:PRO:HD2	2.16	0.45
2:B:152:TYR:CD2	2:B:166:LEU:HD11	2.51	0.45
1:A:256:GLY:HA2	1:A:760:PHE:HA	1.97	0.45
1:A:345:ILE:HD13	1:A:404:ILE:CG1	2.47	0.45
1:A:390:PRO:O	1:A:393:ILE:HG13	2.15	0.45
1:A:770:PHE:HB2	1:A:806:TYR:HD1	1.81	0.45
1:A:858:VAL:CG1	1:A:1508:LEU:HD22	2.46	0.45
1:A:960:LEU:O	1:A:960:LEU:HD13	2.16	0.45
1:A:1534:THR:HG1	1:A:1569:ASN:HB2	1.80	0.45
1:A:1765:ASN:OD1	1:A:1765:ASN:N	2.50	0.45
1:A:1829:ILE:O	1:A:1831:ILE:N	2.49	0.45
1:A:1884:LEU:O	1:A:1884:LEU:HD12	2.16	0.45
1:A:2201:SER:HB3	1:A:2256:ASP:HB2	1.97	0.45
1:A:2350:GLN:N	1:A:2381:VAL:HG21	2.31	0.45
2:B:125:LEU:O	2:B:130:LYS:HE2	2.15	0.45
2:B:142:ILE:CG2	2:B:170:ILE:HB	2.41	0.45
3:F:38:ASP:OD2	3:F:56:PHE:HB3	2.17	0.45
1:A:144:GLU:O	1:A:173:GLN:HA	2.16	0.45
1:A:269:VAL:HG12	1:A:269:VAL:O	2.16	0.45
1:A:419:VAL:HG13	1:A:424:ASP:OD2	2.16	0.45
1:A:1036:ILE:H	1:A:1036:ILE:HD12	1.81	0.45
1:A:1665:SER:O	1:A:1684:SER:HA	2.17	0.45
1:A:2337:ARG:NH1	1:A:2344:ASN:HD22	2.14	0.45
1:A:343:ASN:OD1	1:A:429:GLU:HA	2.16	0.45
1:A:441:PHE:CE2	1:A:443:PRO:HB3	2.51	0.45
1:A:542:ARG:NH2	1:A:1759:ARG:HH12	2.15	0.45
1:A:933:ASN:HA	1:A:936:ARG:CD	2.46	0.45
1:A:975:ASN:HD22	1:A:978:PHE:HD1	1.63	0.45
1:A:1264:TRP:HE3	1:A:1345:VAL:HG12	1.81	0.45

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:2171:ILE:HD11	1:A:2240:MET:SD	2.57	0.45
3:F:150:GLU:HG2	3:F:402:TYR:CE2	2.51	0.45
1:A:151:TYR:HE1	1:A:165:SER:HB2	1.80	0.45
1:A:419:VAL:HG13	1:A:424:ASP:CB	2.47	0.45
1:A:448:ILE:HG22	1:A:450:LEU:HD22	1.98	0.45
1:A:1360:LYS:HZ2	1:A:1511:ALA:HB2	1.81	0.45
1:A:1481:GLY:O	1:A:1482:LEU:HD23	2.17	0.45
1:A:1825:LEU:HD12	1:A:1825:LEU:O	2.16	0.45
1:A:2247:GLU:OE1	1:A:2273:ARG:NH2	2.47	0.45
1:A:2283:LEU:HD22	1:A:2338:TYR:HE1	1.79	0.45
2:B:137:LYS:C	2:B:172:LEU:HD23	2.42	0.45
3:F:111:ARG:O	3:F:138:PHE:HA	2.16	0.45
3:F:292:TYR:CE2	3:F:296:LYS:HE2	2.52	0.45
1:A:205:PHE:O	1:A:223:GLY:HA3	2.16	0.45
1:A:222:VAL:HG12	1:A:243:VAL:HG22	1.97	0.45
1:A:1185:MET:HA	1:A:1189:GLU:OE2	2.17	0.45
1:A:1793:PHE:C	1:A:1794:LEU:HD12	2.42	0.45
1:A:2199:ARG:HB2	1:A:2258:GLU:CB	2.31	0.45
1:A:233:LEU:HB2	1:A:234:ILE:HD12	1.98	0.45
1:A:509:LYS:HA	1:A:519:VAL:HG11	1.98	0.45
1:A:624:PRO:HD2	1:A:660:TYR:OH	2.16	0.45
1:A:927:ASN:OD1	1:A:1204:PRO:HB2	2.16	0.45
1:A:1349:VAL:O	1:A:1484:ARG:HA	2.16	0.45
1:A:1522:ILE:HG12	1:A:1540:ARG:HB3	1.99	0.45
1:A:1670:GLU:HG2	1:A:1680:GLU:OE2	2.16	0.45
1:A:1854:ARG:O	1:A:1855:SER:OG	2.35	0.45
1:A:2188:MET:C	1:A:2189:ARG:HD2	2.41	0.45
1:A:2229:ASP:OD1	1:A:2233:ASN:HB2	2.16	0.45
1:A:332:VAL:CG1	1:A:1074:LEU:HD11	2.45	0.45
1:A:589:ASN:HB3	1:A:593:ASP:OD1	2.17	0.45
1:A:858:VAL:CG2	1:A:1351:VAL:HG21	2.46	0.45
1:A:1009:PHE:HD2	1:A:1011:VAL:HG23	1.81	0.45
1:A:1379:MET:HE1	1:A:1490:VAL:CG1	2.47	0.45
1:A:1864:ASP:HB2	1:A:1870:TYR:HE2	1.81	0.45
1:A:1958:THR:HG23	1:A:1984:GLN:HG2	1.97	0.45
1:A:2109:GLY:H	2:B:26:ASP:CB	2.30	0.45
2:B:61:GLY:O	2:B:137:LYS:HB2	2.17	0.45
3:F:99:LYS:CB	3:F:105:ALA:HB2	2.47	0.45
1:A:323:VAL:HG11	1:A:434:LEU:HD12	1.98	0.45
1:A:343:ASN:OD1	1:A:1072:GLN:NE2	2.50	0.45
1:A:648:ASN:H	1:A:651:GLN:HG2	1.82	0.45

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:881:THR:HA	1:A:987:PHE:CZ	2.51	0.45
1:A:1004:VAL:HA	1:A:1261:ARG:HA	1.99	0.45
1:A:1364:HIS:CE1	1:A:1403:THR:HG21	2.52	0.45
1:A:1546:PHE:O	1:A:1557:ASP:HB2	2.17	0.45
1:A:1855:SER:HB3	1:A:1874:ASN:HA	1.98	0.45
1:A:2000:TYR:CE2	1:A:2002:ASP:HB2	2.52	0.45
1:A:2017:VAL:HB	1:A:2033:MET:HE3	1.97	0.45
3:F:34:LEU:HD21	3:F:228:PRO:HB2	1.98	0.45
3:F:53:SER:OG	3:F:68:ALA:HA	2.17	0.45
1:A:295:SER:CB	1:A:381:THR:HG21	2.47	0.45
1:A:309:TYR:HH	1:A:584:ASN:C	2.24	0.45
1:A:377:ILE:HG22	1:A:377:ILE:O	2.16	0.45
1:A:1008:GLN:HG2	1:A:1217:LYS:HG3	1.97	0.45
1:A:1145:SER:O	1:A:1147:ASN:N	2.50	0.45
1:A:1344:ALA:HB1	1:A:1487:MET:CG	2.47	0.45
1:A:2031:LEU:HD23	1:A:2180:TRP:HA	1.99	0.45
1:A:2371:PHE:HB2	1:A:2395:PHE:CE1	2.52	0.45
3:F:37:ALA:O	3:F:77:SER:OG	2.22	0.45
3:F:63:ALA:HA	3:F:155:ALA:CB	2.46	0.45
1:A:729:LEU:HD12	1:A:729:LEU:O	2.17	0.44
1:A:2034:ASP:O	1:A:2067:ILE:HD12	2.17	0.44
1:A:2231:ASN:N	1:A:2231:ASN:OD1	2.50	0.44
1:A:2331:ASN:OD1	1:A:2332:ASN:N	2.50	0.44
3:F:244:TYR:HD2	3:F:333:GLN:HA	1.82	0.44
1:A:890:ASN:OD1	1:A:895:ASN:HB2	2.18	0.44
1:A:1687:ALA:CB	1:A:1734:ASN:HB3	2.46	0.44
1:A:1437:ALA:HB1	1:A:1474:ILE:HD11	1.99	0.44
1:A:1561:VAL:HG11	1:A:1563:GLN:NE2	2.32	0.44
1:A:1683:GLN:HE22	1:A:1738:GLN:NE2	2.15	0.44
2:B:47:GLN:O	2:B:54:TYR:HA	2.16	0.44
3:F:40:ARG:HH12	3:F:52:SER:HG	1.61	0.44
1:A:156:ASN:HB3	1:A:2386:PHE:CG	2.52	0.44
1:A:157:PRO:HB2	1:A:1153:SER:N	2.30	0.44
1:A:284:LEU:HD23	1:A:659:MET:HB3	2.00	0.44
1:A:341:LEU:HD13	1:A:430:ASN:HB3	1.99	0.44
1:A:459:ILE:HD11	1:A:511:ASN:HD21	1.81	0.44
1:A:475:VAL:O	1:A:475:VAL:HG13	2.18	0.44
1:A:609:THR:HG22	1:A:620:THR:CG2	2.47	0.44
1:A:857:TYR:CE1	1:A:1507:GLU:HB3	2.51	0.44
1:A:2035:ARG:O	1:A:2035:ARG:HD3	2.18	0.44
1:A:2136:ASN:ND2	1:A:2144:THR:HG22	2.32	0.44

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
2:B:110:VAL:HG21	2:B:113:GLU:HG3	1.98	0.44
1:A:145:MET:O	1:A:2396:THR:HA	2.18	0.44
1:A:244:LYS:HG3	1:A:257:VAL:HG22	1.99	0.44
1:A:276:VAL:HG22	1:A:683:LYS:HG2	1.99	0.44
1:A:543:LEU:HD13	1:A:544:ASN:N	2.31	0.44
1:A:559:VAL:CG1	1:A:653:LYS:HE2	2.48	0.44
1:A:659:MET:HE3	1:A:660:TYR:CE2	2.52	0.44
1:A:913:ILE:HG12	1:A:1128:VAL:CG1	2.47	0.44
1:A:1013:ASP:O	1:A:1016:VAL:HG22	2.18	0.44
1:A:1016:VAL:O	1:A:1020:GLU:HB2	2.18	0.44
1:A:1764:PHE:CD2	1:A:1813:ILE:HD12	2.52	0.44
1:A:1880:ASN:ND2	1:A:1982:GLY:O	2.50	0.44
1:A:1987:VAL:HG12	1:A:1987:VAL:O	2.18	0.44
3:F:159:ARG:NH1	3:F:183:ASP:OD2	2.50	0.44
1:A:302:TYR:HE1	1:A:445:LEU:HD13	1.83	0.44
1:A:309:TYR:HE2	1:A:603:ASP:OD2	2.01	0.44
1:A:574:VAL:HG23	1:A:632:LYS:HG2	2.00	0.44
1:A:917:PHE:HB3	1:A:930:LEU:HD21	1.98	0.44
1:A:932:LEU:HB2	1:A:1018:ASN:O	2.16	0.44
1:A:933:ASN:HA	1:A:936:ARG:HG3	2.00	0.44
1:A:969:ARG:HA	1:A:978:PHE:CZ	2.53	0.44
1:A:1794:LEU:HD23	1:A:1797:ASP:O	2.17	0.44
1:A:1817:ASN:HA	1:A:1854:ARG:HB2	1.99	0.44
1:A:187:LEU:HD11	1:A:207:LEU:HD11	2.00	0.44
1:A:876:TRP:HB3	1:A:990:ILE:HG23	1.98	0.44
1:A:1834:ILE:CG2	1:A:1836:ILE:HG22	2.44	0.44
3:F:198:PHE:CD2	3:F:239:PHE:HD1	2.36	0.44
1:A:549:ASP:HB3	1:A:550:PRO:HD2	2.00	0.44
1:A:1232:ASP:OD1	1:A:1233:PHE:N	2.45	0.44
1:A:1602:PHE:O	1:A:1603:ASN:HB2	2.18	0.44
3:F:249:VAL:HA	3:F:327:ALA:O	2.18	0.44
1:A:421:GLU:HB3	1:A:1171:ILE:CD1	2.48	0.44
1:A:1006:TYR:CE2	1:A:1288:ALA:HB2	2.53	0.44
1:A:1187:VAL:HG12	1:A:1187:VAL:O	2.18	0.44
1:A:1539:GLY:HA2	1:A:1564:TYR:HA	2.00	0.44
1:A:1590:ILE:HG22	1:A:1591:GLY:N	2.33	0.44
1:A:1864:ASP:HB3	1:A:1868:THR:HG22	1.99	0.44
1:A:246:GLN:CG	1:A:255:THR:HG22	2.47	0.43
1:A:545:ILE:HD13	1:A:583:PHE:HD2	1.83	0.43
1:A:856:ILE:HG21	1:A:1510:LEU:HD12	1.99	0.43
1:A:1287:VAL:CG2	1:A:1345:VAL:HG21	2.48	0.43

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1694:PHE:CE2	1:A:1726:PRO:HG2	2.53	0.43
1:A:1744:PHE:O	1:A:1754:LEU:HD23	2.18	0.43
1:A:2067:ILE:CD1	1:A:2176:PRO:HB3	2.47	0.43
2:B:103:GLY:O	2:B:110:VAL:HG23	2.17	0.43
3:F:34:LEU:HD21	3:F:228:PRO:CB	2.48	0.43
3:F:75:SER:HG	3:F:95:THR:HG1	1.64	0.43
1:A:235:ARG:HD3	1:A:703:VAL:HG21	2.00	0.43
1:A:254:ILE:HG22	1:A:254:ILE:O	2.18	0.43
1:A:263:SER:OG	1:A:745:GLU:OE2	2.22	0.43
1:A:323:VAL:CG1	1:A:434:LEU:HD12	2.48	0.43
1:A:355:VAL:CG2	1:A:358:VAL:HG22	2.49	0.43
1:A:392:THR:O	1:A:392:THR:HG23	2.17	0.43
1:A:581:ASN:ND2	1:A:586:ASP:O	2.51	0.43
1:A:766:ILE:HG22	1:A:767:SER:H	1.83	0.43
1:A:1404:LYS:HA	1:A:1404:LYS:HE2	2.01	0.43
1:A:2156:LEU:HD21	1:A:2245:LEU:HD11	2.00	0.43
1:A:2156:LEU:HD11	1:A:2210:TYR:CE1	2.54	0.43
1:A:295:SER:OG	1:A:381:THR:HG21	2.19	0.43
1:A:345:ILE:CD1	1:A:410:ALA:HB1	2.48	0.43
1:A:850:PHE:HB3	1:A:855:THR:CG2	2.47	0.43
1:A:1361:MET:CE	1:A:1505:PHE:HB3	2.48	0.43
1:A:1429:LEU:HD22	1:A:1472:LEU:HD12	2.00	0.43
1:A:1519:MET:H	1:A:1546:PHE:HB2	1.83	0.43
1:A:2218:ASN:CG	1:A:2239:ILE:HD11	2.42	0.43
1:A:139:PRO:CG	3:F:366:ILE:HD11	2.47	0.43
1:A:429:GLU:HG2	1:A:1072:GLN:HE21	1.83	0.43
1:A:811:PRO:O	1:A:815:ARG:HG3	2.18	0.43
1:A:813:LEU:CD2	1:A:1529:MET:HG3	2.49	0.43
1:A:922:PRO:HD2	1:A:925:ILE:CD1	2.38	0.43
1:A:1013:ASP:OD2	1:A:1212:ARG:HD3	2.18	0.43
1:A:1287:VAL:HG21	1:A:1345:VAL:CG2	2.48	0.43
1:A:2204:HIS:HA	1:A:2251:PRO:O	2.19	0.43
1:A:247:LEU:HB3	1:A:249:PHE:CE2	2.54	0.43
1:A:315:ARG:HG3	1:A:315:ARG:O	2.19	0.43
1:A:449:SER:OG	1:A:616:ARG:NH1	2.51	0.43
1:A:538:GLN:O	1:A:539:ASP:HB2	2.19	0.43
1:A:692:ILE:HG21	1:A:744:LEU:CG	2.47	0.43
1:A:1352:ASP:CA	1:A:1481:GLY:HA2	2.48	0.43
1:A:1559:GLU:HB3	1:A:1595:ILE:CG2	2.44	0.43
1:A:1677:ALA:N	1:A:1743:GLN:O	2.45	0.43
1:A:2071:MET:CE	1:A:2245:LEU:HD23	2.49	0.43

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
3:F:47:GLN:HG3	3:F:48:GLY:N	2.33	0.43
3:F:99:LYS:HB3	3:F:105:ALA:HB2	1.99	0.43
1:A:383:ASN:HB3	1:A:389:ASP:OD1	2.19	0.43
1:A:720:ASP:O	1:A:721:TYR:HB2	2.18	0.43
1:A:736:SER:HA	1:A:1667:ASN:HD21	1.84	0.43
1:A:1362:PHE:C	1:A:1363:LEU:HD12	2.44	0.43
1:A:1393:PHE:CE1	1:A:1475:LYS:HD3	2.52	0.43
1:A:1670:GLU:HG2	1:A:1680:GLU:CD	2.43	0.43
1:A:1977:LEU:HD11	1:A:1981:PHE:HE2	1.83	0.43
1:A:2152:LEU:HD23	1:A:2243:VAL:HG21	2.00	0.43
1:A:799:ILE:HD12	1:A:1549:LEU:HG	2.00	0.43
1:A:1064:LEU:O	1:A:1064:LEU:HD22	2.18	0.43
1:A:1518:GLY:HA3	1:A:1546:PHE:HB2	2.01	0.43
1:A:2211:THR:HG1	1:A:2244:ASN:HB2	1.84	0.43
1:A:2324:LYS:O	1:A:2357:LEU:HD22	2.18	0.43
1:A:2382:ILE:HG13	1:A:2383:SER:H	1.84	0.43
3:F:44:LEU:CD1	3:F:327:ALA:HB1	2.48	0.43
3:F:170:GLU:O	3:F:171:GLU:HB2	2.19	0.43
1:A:152:THR:HG22	1:A:2390:ASN:HB3	1.98	0.43
1:A:309:TYR:OH	1:A:584:ASN:O	2.36	0.43
1:A:706:ALA:HB2	1:A:711:LEU:CD1	2.38	0.43
1:A:728:ILE:CD1	1:A:734:GLN:HG2	2.49	0.43
1:A:906:ALA:CB	1:A:966:PRO:HA	2.49	0.43
1:A:1074:LEU:CD1	1:A:1075:ILE:HG13	2.38	0.43
1:A:2123:PRO:HB2	1:A:2127:ASP:HB3	2.01	0.43
1:A:217:ILE:HD13	1:A:247:LEU:CD2	2.49	0.43
1:A:994:LEU:HD11	1:A:1239:MET:HB2	2.01	0.43
1:A:1805:ASN:OD1	1:A:1806:ILE:N	2.51	0.43
1:A:1872:LEU:HD22	1:A:2003:PHE:CD1	2.54	0.43
1:A:2100:ARG:NH1	1:A:2167:SER:O	2.52	0.43
1:A:2108:SER:N	2:B:26:ASP:HB3	2.34	0.43
3:F:89:ILE:HG12	3:F:115:PHE:CD1	2.53	0.43
1:A:218:GLN:HG3	1:A:248:GLN:HG3	2.00	0.43
1:A:360:ASP:OD2	1:A:369:THR:HG21	2.19	0.43
1:A:1380:VAL:HB	1:A:1397:GLU:CG	2.49	0.43
1:A:1576:LEU:HD12	1:A:1577:PRO:O	2.19	0.43
3:F:151:THR:HG22	3:F:191:GLU:OE2	2.18	0.43
1:A:548:THR:CG2	1:A:677:LEU:HD22	2.47	0.42
1:A:567:ASN:N	1:A:568:PRO:HD3	2.34	0.42
1:A:1290:VAL:HG21	1:A:1504:TRP:NE1	2.34	0.42
1:A:1368:LEU:HB3	1:A:1371:GLN:CG	2.48	0.42

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
3:F:120:LEU:O	3:F:121:ARG:HG2	2.18	0.42
1:A:545:ILE:HD13	1:A:583:PHE:CD2	2.53	0.42
1:A:944:TYR:CE1	1:A:1294:GLU:HG2	2.49	0.42
1:A:2152:LEU:HB3	1:A:2153:PRO:HD3	2.01	0.42
1:A:2227:VAL:O	1:A:2227:VAL:HG23	2.19	0.42
3:F:39:ALA:HB3	3:F:390:SER:OG	2.19	0.42
3:F:57:SER:CB	3:F:64:LYS:HE3	2.48	0.42
3:F:257:LEU:HD13	3:F:304:ILE:CD1	2.48	0.42
1:A:354:GLN:HG3	1:A:377:ILE:HG23	2.00	0.42
1:A:441:PHE:O	1:A:443:PRO:HD3	2.18	0.42
1:A:524:MET:HE3	1:A:527:VAL:HG23	2.01	0.42
1:A:810:VAL:HG13	1:A:810:VAL:O	2.20	0.42
1:A:932:LEU:HD12	1:A:932:LEU:O	2.18	0.42
1:A:974:ASN:ND2	1:A:1104:TYR:HA	2.34	0.42
1:A:1123:ASN:ND2	1:A:1149:PRO:O	2.52	0.42
1:A:1306:PRO:HD2	1:A:1325:GLU:OE2	2.19	0.42
1:A:1682:GLU:O	1:A:1738:GLN:HA	2.19	0.42
1:A:1817:ASN:O	1:A:1854:ARG:HB2	2.18	0.42
1:A:1952:TYR:CE2	1:A:1954:LYS:HG3	2.54	0.42
1:A:1963:TYR:OH	1:A:1974:LYS:HB2	2.18	0.42
1:A:2019:ALA:O	1:A:2030:ASP:HA	2.19	0.42
3:F:103:ARG:HG3	3:F:147:LYS:HB3	2.02	0.42
3:F:340:LEU:HD13	3:F:357:LEU:HD13	2.00	0.42
1:A:343:ASN:O	1:A:344:ILE:HG13	2.18	0.42
1:A:867:THR:HB	1:A:1258:ASP:CG	2.44	0.42
1:A:1052:LEU:HD13	1:A:1090:VAL:HG11	2.01	0.42
1:A:1384:ARG:HD2	1:A:1487:MET:SD	2.59	0.42
1:A:1434:LYS:O	1:A:1438:MET:HG3	2.19	0.42
1:A:1780:LEU:HD12	1:A:1780:LEU:O	2.20	0.42
1:A:2027:LEU:HB2	1:A:2184:TYR:HB3	2.00	0.42
1:A:2114:ARG:O	1:A:2141:ILE:HD13	2.19	0.42
2:B:94:ASN:HA	2:B:123:ARG:HG3	2.02	0.42
3:F:115:PHE:CD2	3:F:135:PRO:HB2	2.54	0.42
3:F:250:SER:C	3:F:251:LEU:HD12	2.45	0.42
1:A:348:GLN:HE21	1:A:519:VAL:HG23	1.84	0.42
1:A:444:GLN:NE2	1:A:2004:ASN:HB3	2.35	0.42
1:A:869:ASP:OD1	1:A:870:MET:N	2.52	0.42
1:A:1612:ILE:HD11	1:A:1625:ARG:HB3	2.02	0.42
1:A:1752:ILE:HG13	1:A:1753:GLY:N	2.35	0.42
1:A:2071:MET:HE1	1:A:2245:LEU:CB	2.47	0.42
3:F:33:LEU:HD12	3:F:228:PRO:CG	2.49	0.42

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:547:TYR:HE2	1:A:549:ASP:HB2	1.83	0.42
1:A:656:PHE:CE2	1:A:659:MET:HB3	2.55	0.42
1:A:775:THR:O	1:A:800:PHE:HA	2.19	0.42
1:A:1379:MET:HE1	1:A:1490:VAL:HG11	2.01	0.42
1:A:1732:ASN:OD1	1:A:1767:GLN:HB2	2.19	0.42
3:F:99:LYS:HB2	3:F:104:SER:O	2.20	0.42
3:F:120:LEU:CD2	3:F:133:VAL:HG22	2.50	0.42
1:A:625:PHE:HB2	1:A:659:MET:HE2	2.01	0.42
1:A:744:LEU:O	1:A:745:GLU:HB3	2.18	0.42
1:A:1241:MET:HE1	1:A:1257:LEU:HD13	2.01	0.42
1:A:1379:MET:O	1:A:1399:PRO:HA	2.20	0.42
1:A:1829:ILE:HB	1:A:1842:ALA:O	2.20	0.42
3:F:192:GLU:OE2	3:F:199:ASN:HB2	2.20	0.42
1:A:227:MET:HB2	1:A:257:VAL:HG21	2.01	0.42
1:A:289:ASP:OD1	1:A:455:ALA:HB2	2.19	0.42
1:A:770:PHE:CD1	1:A:806:TYR:HB2	2.55	0.42
1:A:1657:ILE:HG13	1:A:1658:GLU:N	2.34	0.42
1:A:1766:TYR:CZ	1:A:1786:SER:HB3	2.55	0.42
1:A:1812:ASP:OD1	1:A:1813:ILE:N	2.52	0.42
1:A:1857:THR:HB	1:A:1861:GLU:CD	2.45	0.42
3:F:321:GLU:N	3:F:321:GLU:OE1	2.53	0.42
1:A:294:LEU:HD21	1:A:448:ILE:HG13	2.02	0.42
1:A:601:PHE:CE2	1:A:1759:ARG:HD2	2.55	0.42
1:A:766:ILE:HG22	1:A:767:SER:N	2.34	0.42
1:A:1346:PHE:HB2	1:A:1389:PHE:CZ	2.55	0.42
2:B:23:GLU:N	2:B:23:GLU:OE1	2.53	0.42
3:F:323:THR:HG21	3:F:345:GLU:HG2	2.01	0.42
1:A:290:ARG:HD3	1:A:453:ARG:HB2	2.02	0.42
1:A:321:LEU:HD12	1:A:439:TYR:CE2	2.55	0.42
1:A:463:ALA:HB1	1:A:476:GLY:HA3	2.02	0.42
1:A:601:PHE:CD2	1:A:1759:ARG:HD2	2.55	0.42
1:A:689:GLY:O	1:A:691:PRO:HD3	2.20	0.42
1:A:1315:TYR:HE1	1:A:1320:VAL:CG1	2.33	0.42
3:F:195:TYR:H	3:F:199:ASN:HA	1.85	0.42
3:F:214:LYS:HB2	3:F:225:ASN:O	2.20	0.42
1:A:962:LEU:HD11	1:A:990:ILE:HD12	2.01	0.41
1:A:1332:ILE:HG21	1:A:1337:LEU:HG	2.01	0.41
1:A:1382:PHE:HD2	1:A:1489:GLY:HA3	1.84	0.41
1:A:1425:LEU:O	1:A:1425:LEU:HD13	2.19	0.41
1:A:2164:ALA:O	1:A:2165:SER:OG	2.36	0.41
1:A:2198:LYS:HB2	1:A:2258:GLU:HG3	2.01	0.41

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
3:F:209:GLN:HG3	3:F:230:ASN:HB2	2.01	0.41
1:A:348:GLN:HB2	1:A:507:MET:HE2	2.03	0.41
1:A:524:MET:HE3	1:A:527:VAL:HG21	2.02	0.41
1:A:711:LEU:HB3	1:A:716:ASP:OD2	2.19	0.41
1:A:1126:GLY:HA3	1:A:1130:GLU:OE1	2.19	0.41
1:A:1627:ARG:O	1:A:1674:TYR:HD1	2.04	0.41
1:A:1667:ASN:O	1:A:1682:GLU:HA	2.20	0.41
1:A:2139:TYR:HE2	1:A:2145:LYS:HB3	1.81	0.41
1:A:2155:PHE:HZ	1:A:2275:LEU:HB3	1.85	0.41
1:A:279:PHE:CZ	1:A:680:GLY:HA3	2.54	0.41
1:A:332:VAL:HG21	1:A:2347:ALA:HB3	2.03	0.41
1:A:348:GLN:HE22	1:A:517:ASN:HB3	1.86	0.41
1:A:355:VAL:HG22	1:A:363:VAL:HG21	2.02	0.41
1:A:1378:GLU:HA	1:A:1493:ARG:H	1.85	0.41
1:A:1566:ILE:O	1:A:1589:ALA:HA	2.20	0.41
1:A:2228:GLN:HG2	1:A:2233:ASN:O	2.21	0.41
1:A:2259:LEU:HB3	1:A:2263:LEU:CB	2.46	0.41
1:A:2376:SER:HB3	1:A:2390:ASN:OD1	2.20	0.41
3:F:244:TYR:O	3:F:333:GLN:HA	2.21	0.41
1:A:514:ASN:ND2	1:A:517:ASN:OD1	2.53	0.41
1:A:910:TRP:HB3	1:A:990:ILE:CD1	2.49	0.41
1:A:954:ILE:HG21	3:F:172:ILE:HG22	2.03	0.41
1:A:1173:ALA:HA	1:A:1227:ILE:O	2.20	0.41
1:A:1364:HIS:O	1:A:1503:VAL:HA	2.21	0.41
2:B:159:THR:HG22	2:B:159:THR:O	2.20	0.41
3:F:133:VAL:O	3:F:133:VAL:HG23	2.20	0.41
1:A:580:LEU:HB3	1:A:586:ASP:HB2	2.02	0.41
1:A:733:LEU:CD1	1:A:740:ILE:HD11	2.51	0.41
1:A:736:SER:HA	1:A:1667:ASN:ND2	2.36	0.41
1:A:1383:ILE:HG22	1:A:1383:ILE:O	2.19	0.41
2:B:147:PRO:HD2	2:B:150:LEU:HD12	2.03	0.41
3:F:26:ILE:HG22	3:F:260:THR:HA	2.01	0.41
3:F:33:LEU:HD12	3:F:228:PRO:HG3	2.02	0.41
1:A:537:LYS:HD2	1:A:537:LYS:N	2.35	0.41
1:A:576:GLN:O	1:A:1754:LEU:HD11	2.20	0.41
1:A:596:ALA:HB2	1:A:1799:SER:HA	2.02	0.41
1:A:773:GLY:HA3	1:A:803:ASN:HB2	2.03	0.41
1:A:867:THR:HG22	1:A:1260:VAL:CG2	2.50	0.41
1:A:1015:TYR:HA	1:A:1020:GLU:HG3	2.02	0.41
1:A:1687:ALA:HA	1:A:1734:ASN:HA	2.02	0.41
1:A:2115:TYR:CD1	1:A:2141:ILE:HD12	2.56	0.41

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:217:ILE:HD13	1:A:247:LEU:HD23	2.01	0.41
1:A:284:LEU:O	1:A:284:LEU:HD13	2.20	0.41
1:A:773:GLY:CA	1:A:803:ASN:HB2	2.51	0.41
1:A:823:ILE:CD1	1:A:1574:LYS:HG3	2.51	0.41
1:A:1013:ASP:HB3	1:A:1212:ARG:HB2	2.02	0.41
1:A:1264:TRP:CE3	1:A:1345:VAL:HG12	2.55	0.41
1:A:1311:ARG:O	1:A:1311:ARG:HG3	2.21	0.41
1:A:1687:ALA:HB2	1:A:1734:ASN:HB3	2.03	0.41
1:A:1831:ILE:HG21	1:A:1840:VAL:CG2	2.51	0.41
2:B:110:VAL:HG21	2:B:113:GLU:CG	2.51	0.41
3:F:118:ILE:HG21	3:F:133:VAL:H	1.84	0.41
3:F:214:LYS:HD2	3:F:224:ALA:HB3	2.01	0.41
3:F:232:ARG:HD3	3:F:252:GLU:OE2	2.21	0.41
1:A:231:SER:OG	1:A:234:ILE:N	2.40	0.41
1:A:240:LEU:HD12	1:A:259:SER:OG	2.21	0.41
1:A:270:ALA:HA	1:A:275:THR:H	1.85	0.41
1:A:559:VAL:O	1:A:559:VAL:HG23	2.21	0.41
1:A:564:PHE:CD1	1:A:633:LEU:HD22	2.56	0.41
1:A:805:ASN:HA	1:A:834:ARG:HG2	2.03	0.41
1:A:1349:VAL:HG22	1:A:1351:VAL:H	1.86	0.41
1:A:1396:VAL:CG2	1:A:1425:LEU:HG	2.50	0.41
1:A:2216:ARG:HG3	1:A:2217:SER:N	2.36	0.41
1:A:205:PHE:N	1:A:224:ASN:OD1	2.47	0.41
1:A:283:ALA:HB2	1:A:676:PHE:HB2	2.03	0.41
1:A:338:GLY:HA3	1:A:2242:ASN:ND2	2.36	0.41
1:A:755:ARG:HG2	1:A:781:GLU:CD	2.46	0.41
1:A:867:THR:HB	1:A:1258:ASP:OD1	2.21	0.41
1:A:1175:TYR:CD1	1:A:1226:THR:HG22	2.56	0.41
1:A:1181:VAL:HA	1:A:1185:MET:CE	2.46	0.41
1:A:1355:GLN:O	1:A:1514:GLU:HG2	2.20	0.41
1:A:1572:LEU:HB2	1:A:1584:LEU:CB	2.51	0.41
1:A:1624:ILE:C	1:A:1625:ARG:HG3	2.46	0.41
1:A:1634:ARG:HA	1:A:1668:GLN:O	2.21	0.41
1:A:1657:ILE:HG13	1:A:1658:GLU:H	1.86	0.41
1:A:1780:LEU:HA	1:A:1825:LEU:HA	2.03	0.41
1:A:2074:THR:O	1:A:2273:ARG:NH2	2.53	0.41
1:A:2163:ASP:O	1:A:2166:SER:OG	2.25	0.41
1:A:2288:LYS:HG2	1:A:2333:GLU:HB2	2.02	0.41
2:B:39:LEU:HD23	2:B:39:LEU:O	2.20	0.41
3:F:26:ILE:HD12	3:F:258:VAL:CG2	2.48	0.41
3:F:71:ALA:HB2	3:F:397:ASP:CB	2.39	0.41

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
3:F:308:PHE:HA	3:F:319:LEU:HD11	2.03	0.41
1:A:355:VAL:HG23	1:A:358:VAL:HG22	2.03	0.41
1:A:697:VAL:HG13	1:A:698:PRO:HD2	2.02	0.41
1:A:1321:ILE:HG23	1:A:1321:ILE:O	2.21	0.41
1:A:1401:LYS:HZ2	1:A:1420:ASP:HB3	1.85	0.41
1:A:1454:TYR:O	1:A:1456:ASP:N	2.55	0.41
1:A:1806:ILE:HD12	1:A:1806:ILE:H	1.86	0.41
1:A:1840:VAL:HG23	1:A:1840:VAL:O	2.21	0.41
1:A:2122:ILE:HA	1:A:2123:PRO:HD3	1.97	0.41
3:F:391:LEU:HD13	3:F:392:THR:N	2.36	0.41
1:A:145:MET:SD	3:F:76:ILE:HG12	2.61	0.40
1:A:340:ASN:HB3	1:A:2278:SER:CB	2.48	0.40
1:A:1328:LEU:O	1:A:1504:TRP:HA	2.21	0.40
1:A:1339:TYR:HD1	1:A:1494:ALA:O	2.04	0.40
1:A:1429:LEU:HD22	1:A:1472:LEU:CD1	2.51	0.40
1:A:1519:MET:N	1:A:1543:THR:HG22	2.35	0.40
3:F:99:LYS:HG3	3:F:399:TYR:HE2	1.87	0.40
1:A:157:PRO:CB	1:A:1153:SER:H	2.32	0.40
1:A:815:ARG:HA	1:A:818:ASN:OD1	2.21	0.40
1:A:931:SER:O	1:A:1203:LEU:HD13	2.21	0.40
1:A:1041:LEU:HD22	1:A:1092:LEU:O	2.20	0.40
1:A:1876:ILE:HD13	1:A:1876:ILE:HG21	1.79	0.40
1:A:1948:VAL:O	1:A:1948:VAL:HG12	2.20	0.40
1:A:2152:LEU:HD23	1:A:2279:PHE:HZ	1.85	0.40
1:A:2225:PRO:O	2:B:125:LEU:HA	2.21	0.40
3:F:246:LYS:O	3:F:330:TYR:HA	2.21	0.40
1:A:365:VAL:HG22	1:A:518:PRO:CD	2.49	0.40
1:A:656:PHE:CD1	1:A:673:LYS:HB2	2.56	0.40
1:A:952:GLY:HA3	3:F:165:LEU:HD12	2.03	0.40
1:A:1012:LEU:O	1:A:1014:PRO:HD3	2.22	0.40
1:A:1342:SER:HB3	1:A:1491:LYS:HG3	2.04	0.40
1:A:1447:ARG:HH12	1:A:1474:ILE:HD12	1.87	0.40
2:B:46:ALA:HB2	2:B:56:ILE:HG13	2.03	0.40
2:B:133:ILE:CG2	2:B:134:PRO:HD3	2.50	0.40
3:F:191:GLU:O	3:F:201:ARG:NH1	2.54	0.40
3:F:210:ASN:O	3:F:211:LEU:HD22	2.21	0.40
1:A:137:VAL:HA	1:A:180:MET:O	2.21	0.40
1:A:333:THR:O	1:A:339:ASN:HB2	2.22	0.40
1:A:875:ALA:HB3	1:A:992:ARG:NH1	2.36	0.40
1:A:964:TYR:CD2	1:A:1246:PHE:HD2	2.39	0.40
1:A:1297:THR:HA	1:A:1302:ASN:OD1	2.21	0.40

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1479:ASN:ND2	1:A:1604:GLN:HB2	2.37	0.40
1:A:1855:SER:OG	1:A:1855:SER:O	2.31	0.40
1:A:2030:ASP:OD1	1:A:2030:ASP:N	2.52	0.40
1:A:2038:SER:O	1:A:2063:GLY:HA3	2.22	0.40
2:B:91:PRO:HG2	2:B:134:PRO:HA	2.04	0.40
3:F:172:ILE:O	3:F:172:ILE:HG13	2.20	0.40
1:A:271:GLU:HB3	1:A:683:LYS:HD3	2.04	0.40
1:A:324:TRP:HB3	1:A:344:ILE:CD1	2.51	0.40
1:A:332:VAL:HG23	1:A:2334:THR:HG21	2.03	0.40
1:A:340:ASN:HB2	1:A:2280:ASP:HB2	2.03	0.40
1:A:342:ARG:HH11	1:A:503:LEU:HD13	1.86	0.40
1:A:779:MET:HE1	1:A:795:VAL:HG21	2.04	0.40
1:A:858:VAL:HG23	1:A:1351:VAL:HG21	2.03	0.40
1:A:1116:ASP:CG	1:A:1139:GLU:HG3	2.47	0.40
1:A:1600:ASP:OD2	1:A:1611:LEU:HD12	2.21	0.40
1:A:1614:GLU:O	1:A:1614:GLU:HG3	2.21	0.40
1:A:2152:LEU:HB3	1:A:2153:PRO:CD	2.52	0.40
3:F:89:ILE:HG22	3:F:90:SER:N	2.37	0.40
3:F:366:ILE:O	3:F:366:ILE:HG13	2.21	0.40
3:F:367:LYS:O	3:F:391:LEU:HD22	2.22	0.40

There are no symmetry-related clashes.

5.3 Torsion angles ⓘ

5.3.1 Protein backbone ⓘ

In the following table, the Percentiles column shows the percent Ramachandran outliers of the chain as a percentile score with respect to all PDB entries followed by that with respect to all EM 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	2100/2403 (87%)	1623 (77%)	474 (23%)	3 (0%)	48	79
2	B	124/176 (70%)	114 (92%)	10 (8%)	0	100	100
3	F	335/402 (83%)	270 (81%)	64 (19%)	1 (0%)	36	67
All	All	2559/2981 (86%)	2007 (78%)	548 (21%)	4 (0%)	44	74

All (4) Ramachandran outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	822	ASN
3	F	307	SER
1	A	1190	ASN
1	A	821	PRO

5.3.2 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 EM 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	1869/2114 (88%)	1862 (100%)	7 (0%)	84	81
2	B	109/151 (72%)	109 (100%)	0	100	100
3	F	279/325 (86%)	277 (99%)	2 (1%)	76	78
All	All	2257/2590 (87%)	2248 (100%)	9 (0%)	81	81

All (9) residues with a non-rotameric sidechain are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	728	ILE
1	A	749	ILE
1	A	960	LEU
1	A	962	LEU
1	A	1146	ILE
1	A	1394	TYR
1	A	2187	LEU
3	F	256	LEU
3	F	373	LEU

Sometimes sidechains can be flipped to improve hydrogen bonding and reduce clashes. All (29) such sidechains are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	317	GLN
1	A	339	ASN
1	A	348	GLN

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	375	ASN
1	A	511	ASN
1	A	581	ASN
1	A	650	ASN
1	A	727	GLN
1	A	953	GLN
1	A	1056	GLN
1	A	1072	GLN
1	A	1215	GLN
1	A	1295	ASN
1	A	1302	ASN
1	A	1316	ASN
1	A	1324	ASN
1	A	1395	GLN
1	A	1477	ASN
1	A	1668	GLN
1	A	1738	GLN
1	A	1742	GLN
1	A	2001	GLN
1	A	2120	ASN
1	A	2213	ASN
1	A	2244	ASN
2	B	31	ASN
2	B	42	ASN
3	F	47	GLN
3	F	58	GLN

5.3.3 RNA ⓘ

There are no RNA molecules in this entry.

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

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

5.5 Carbohydrates ⓘ

There are no oligosaccharides in this entry.

5.6 Ligand geometry [i](#)

There are no ligands in this entry.

5.7 Other polymers [i](#)

There are no such residues in this entry.

5.8 Polymer linkage issues [i](#)

There are no chain breaks in this entry.

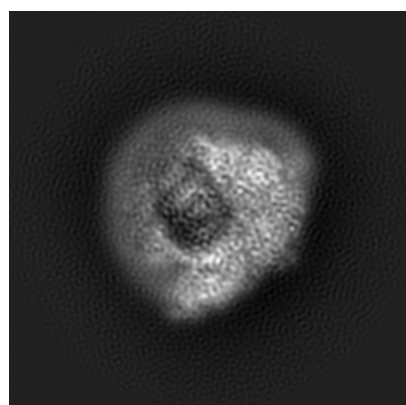
6 Map visualisation [i](#)

This section contains visualisations of the EMDB entry EMD-0133. These allow visual inspection of the internal detail of the map and identification of artifacts.

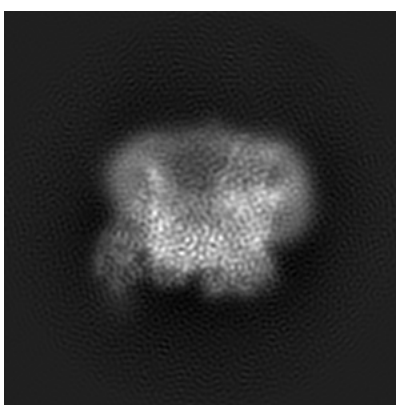
No raw map or half-maps were deposited for this entry and therefore no images, graphs, etc. pertaining to the raw map can be shown.

6.1 Orthogonal projections [i](#)

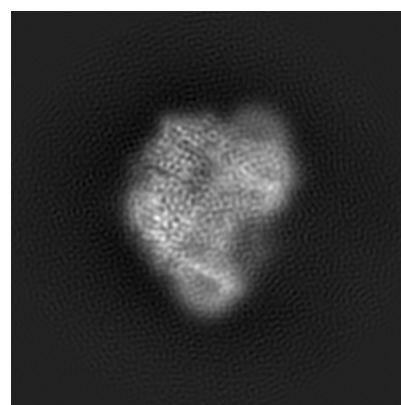
6.1.1 Primary map



X



Y

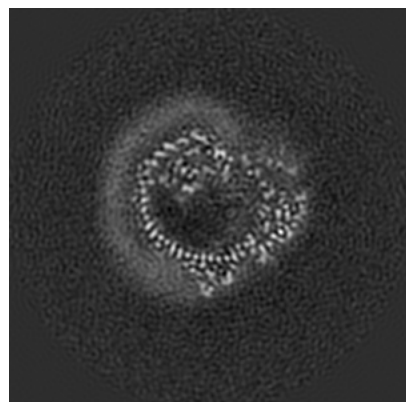


Z

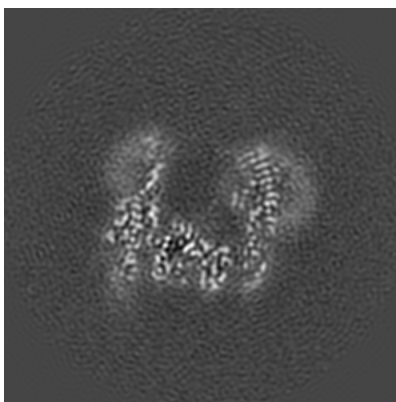
The images above show the map projected in three orthogonal directions.

6.2 Central slices [i](#)

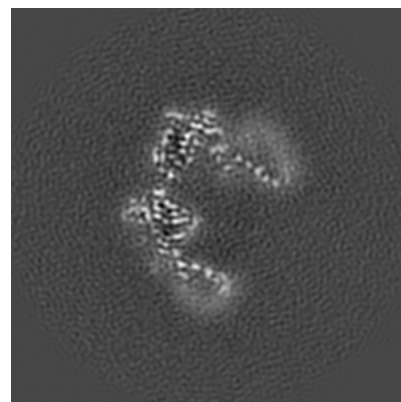
6.2.1 Primary map



X Index: 150



Y Index: 150

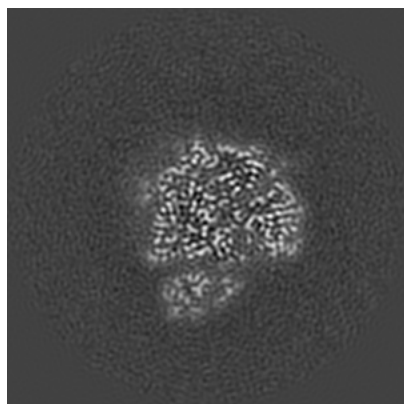


Z Index: 150

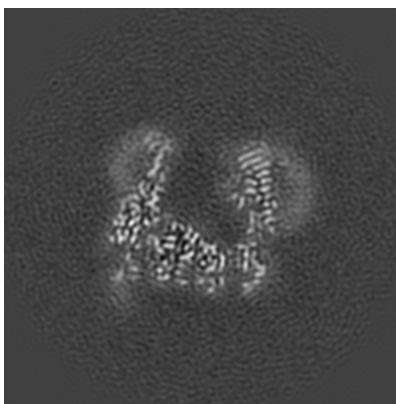
The images above show central slices of the map in three orthogonal directions.

6.3 Largest variance slices [i](#)

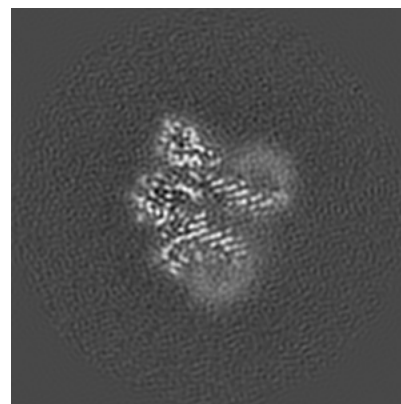
6.3.1 Primary map



X Index: 116



Y Index: 152

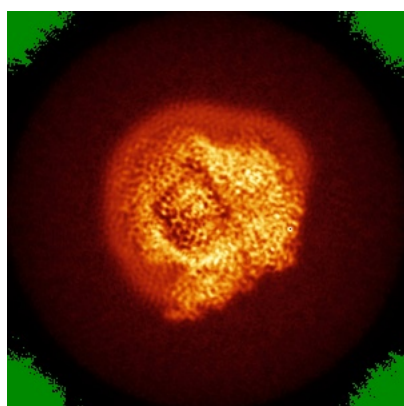


Z Index: 117

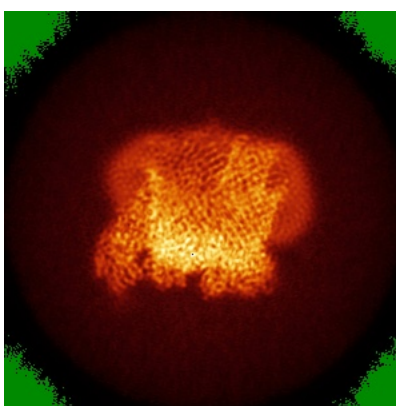
The images above show the largest variance slices of the map in three orthogonal directions.

6.4 Orthogonal standard-deviation projections (False-color) [i](#)

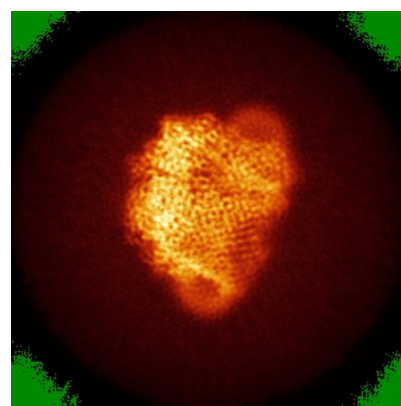
6.4.1 Primary map



X



Y



Z

The images above show the map standard deviation projections with false color in three orthogonal directions. Minimum values are shown in green, max in blue, and dark to light orange shades represent small to large values respectively.

6.5 Orthogonal surface views [i](#)

6.5.1 Primary map



The images above show the 3D surface view of the map at the recommended contour level 0.072. These images, in conjunction with the slice images, may facilitate assessment of whether an appropriate contour level has been provided.

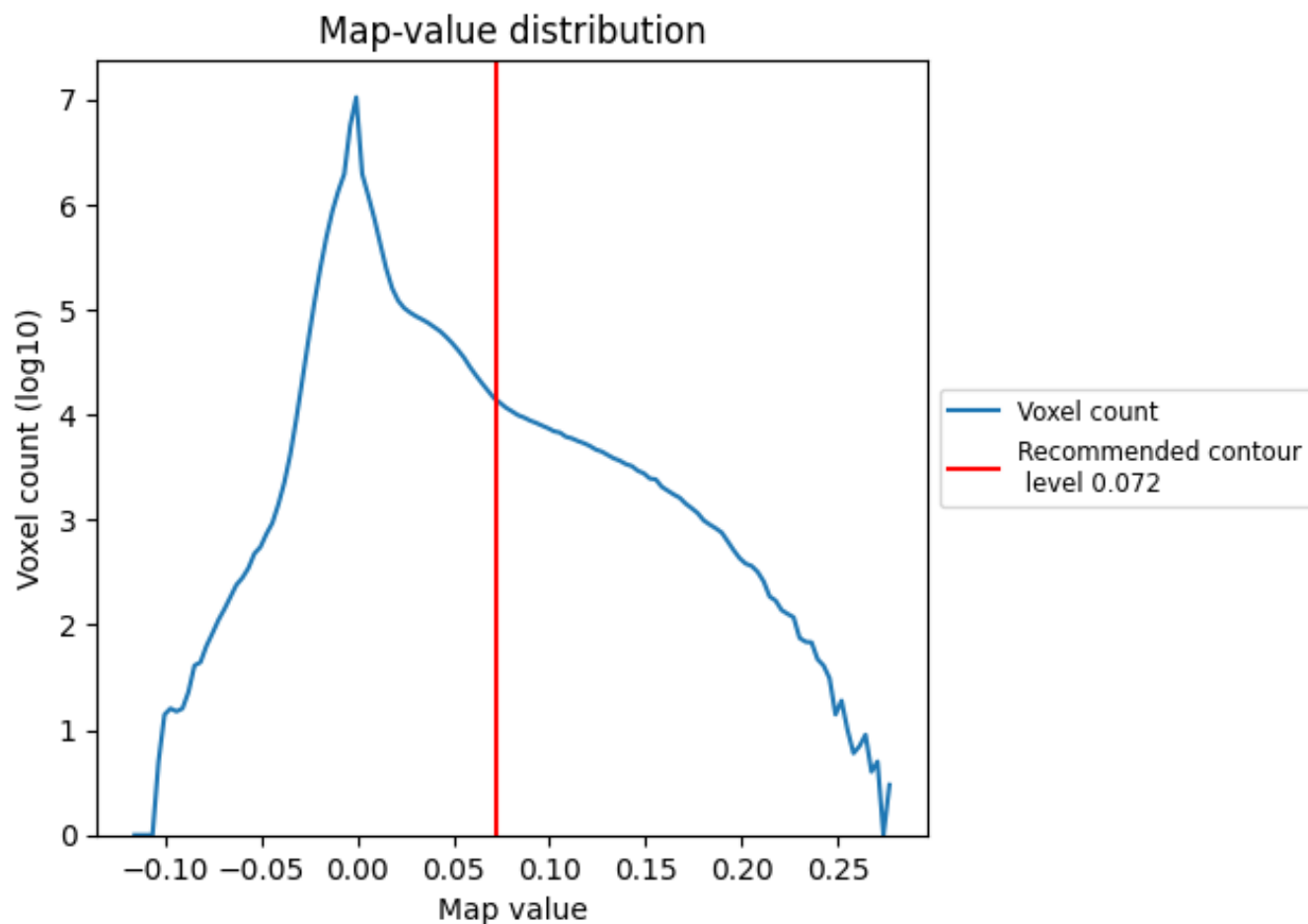
6.6 Mask visualisation [i](#)

This section was not generated. No masks/segmentation were deposited.

7 Map analysis [i](#)

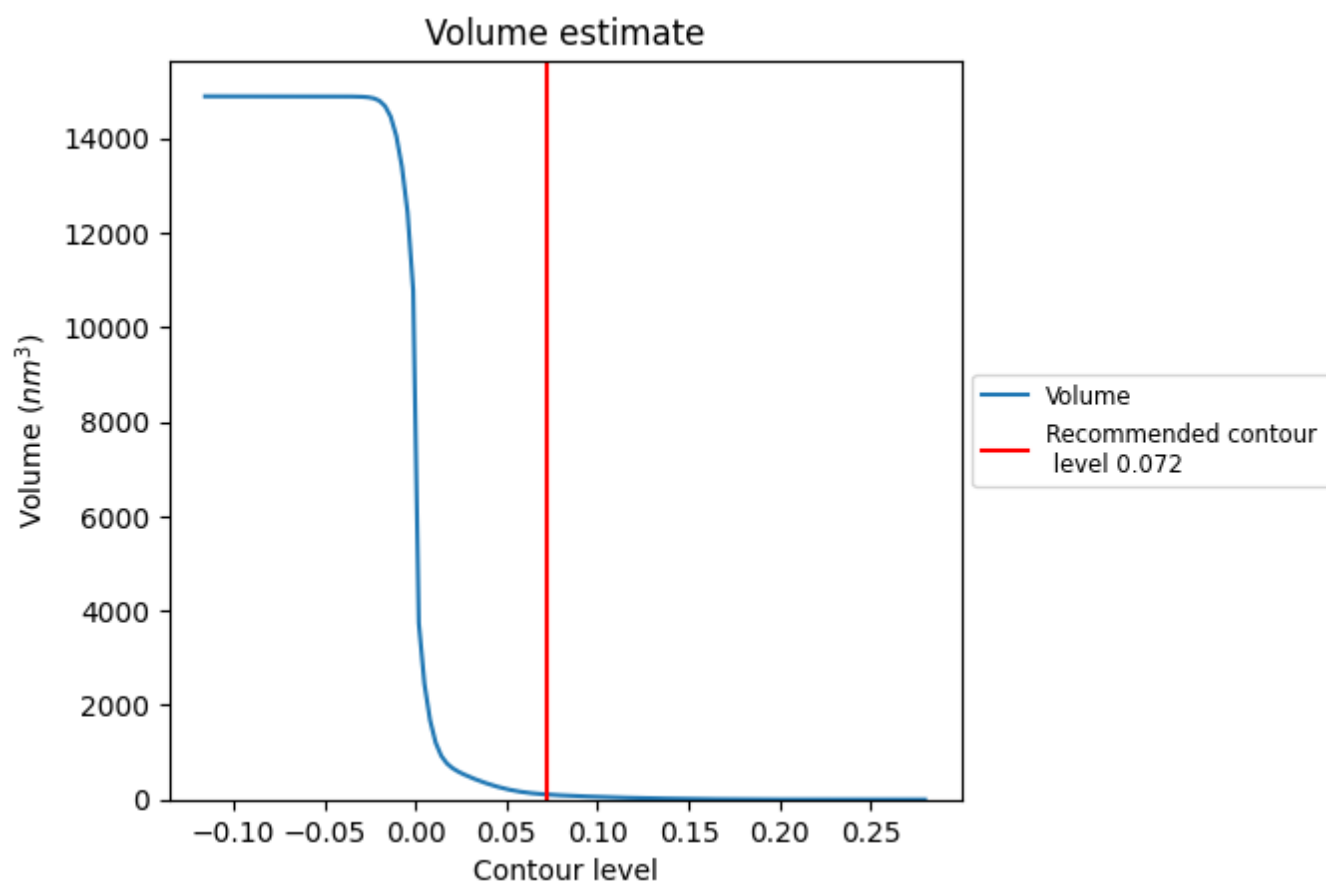
This section contains the results of statistical analysis of the map.

7.1 Map-value distribution [i](#)



The map-value distribution is plotted in 128 intervals along the x-axis. The y-axis is logarithmic. A spike in this graph at zero usually indicates that the volume has been masked.

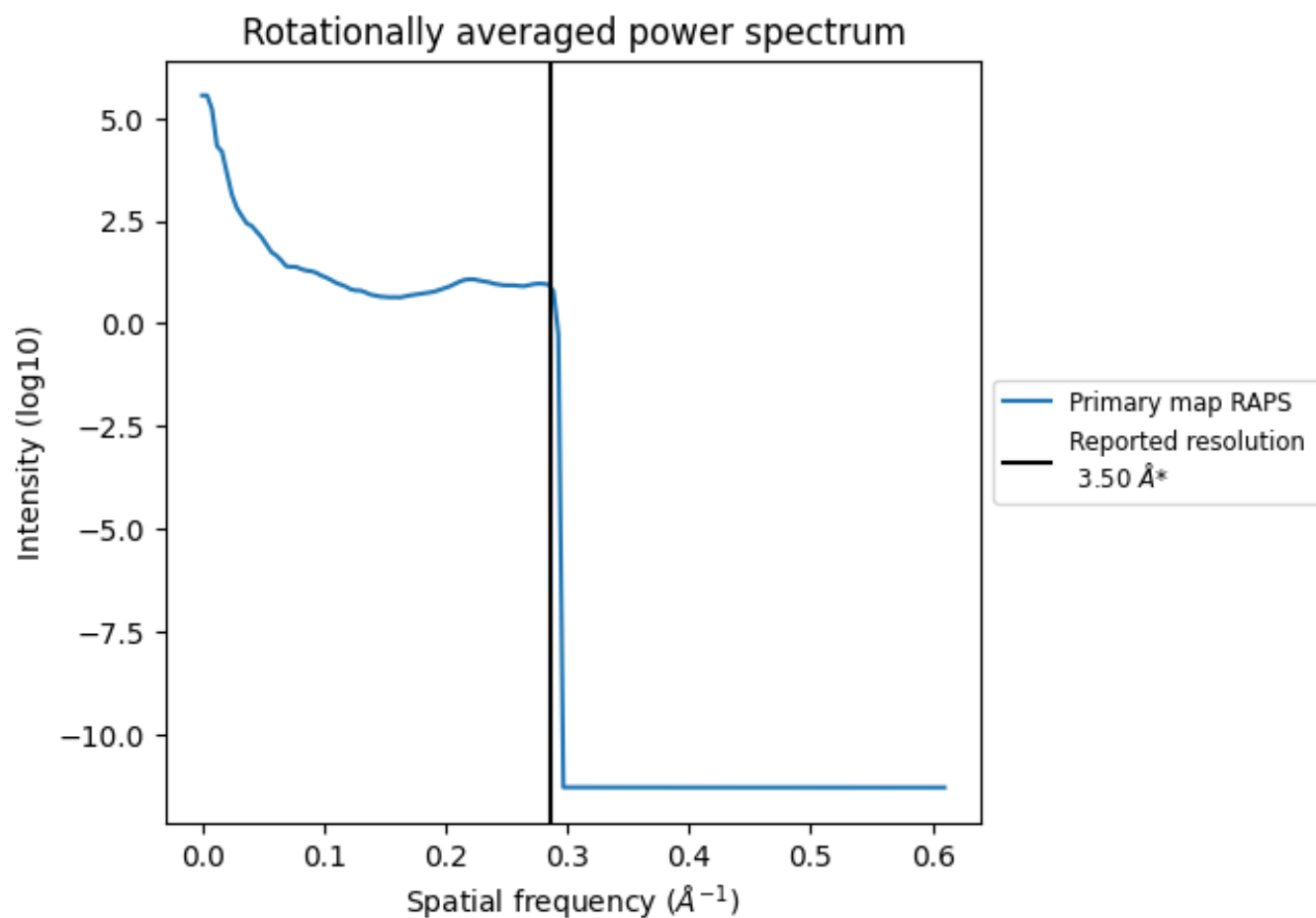
7.2 Volume estimate [i](#)



The volume at the recommended contour level is 108 nm³; this corresponds to an approximate mass of 98 kDa.

The volume estimate graph shows how the enclosed volume varies with the contour level. The recommended contour level is shown as a vertical line and the intersection between the line and the curve gives the volume of the enclosed surface at the given level.

7.3 Rotationally averaged power spectrum ⓘ

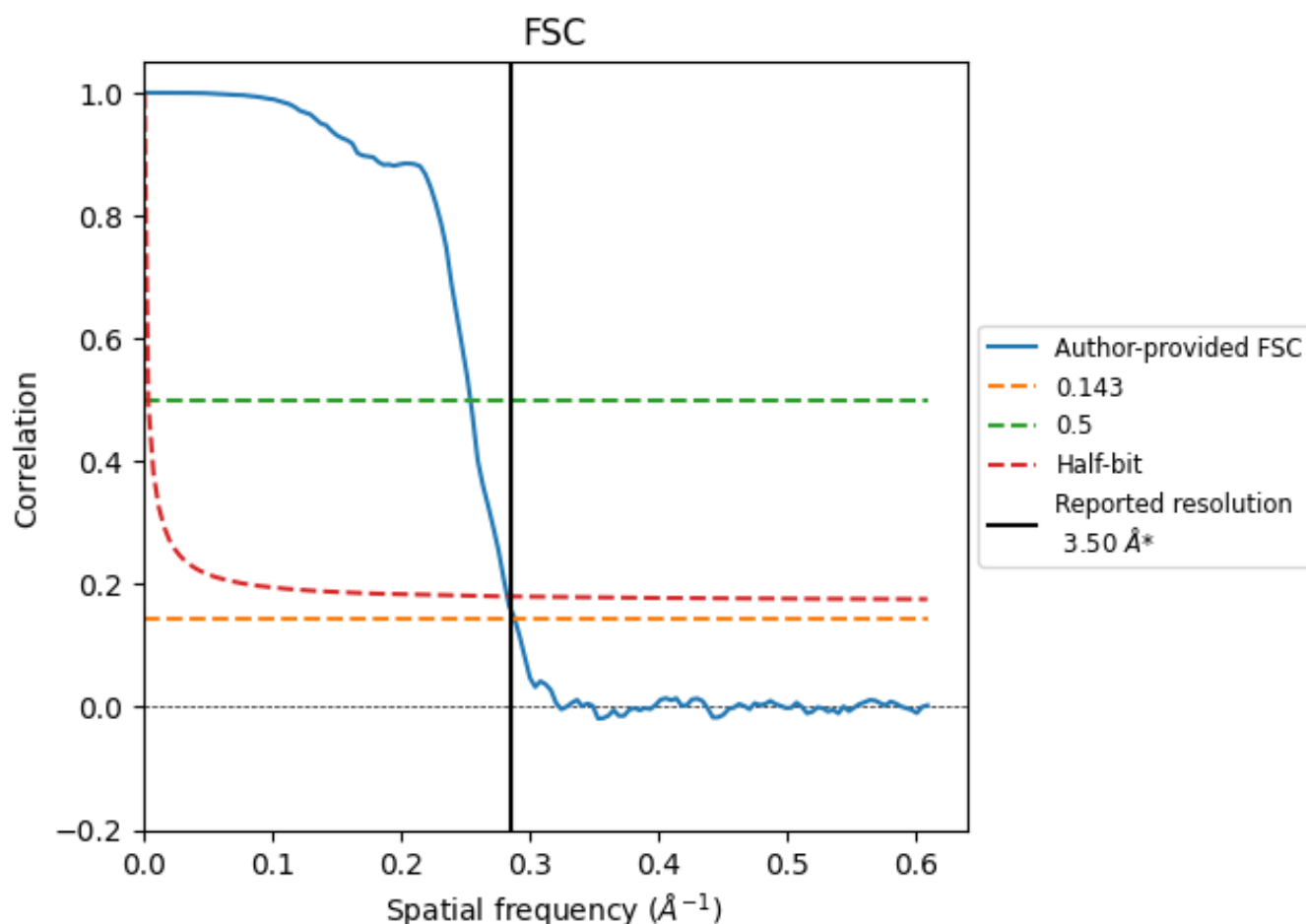


*Reported resolution corresponds to spatial frequency of 0.286 $\text{\AA}^{-1}$

8 Fourier-Shell correlation [i](#)

Fourier-Shell Correlation (FSC) is the most commonly used method to estimate the resolution of single-particle and subtomogram-averaged maps. The shape of the curve depends on the imposed symmetry, mask and whether or not the two 3D reconstructions used were processed from a common reference. The reported resolution is shown as a black line. A curve is displayed for the half-bit criterion in addition to lines showing the 0.143 gold standard cut-off and 0.5 cut-off.

8.1 FSC [i](#)



*Reported resolution corresponds to spatial frequency of 0.286 Å⁻¹

8.2 Resolution estimates [i](#)

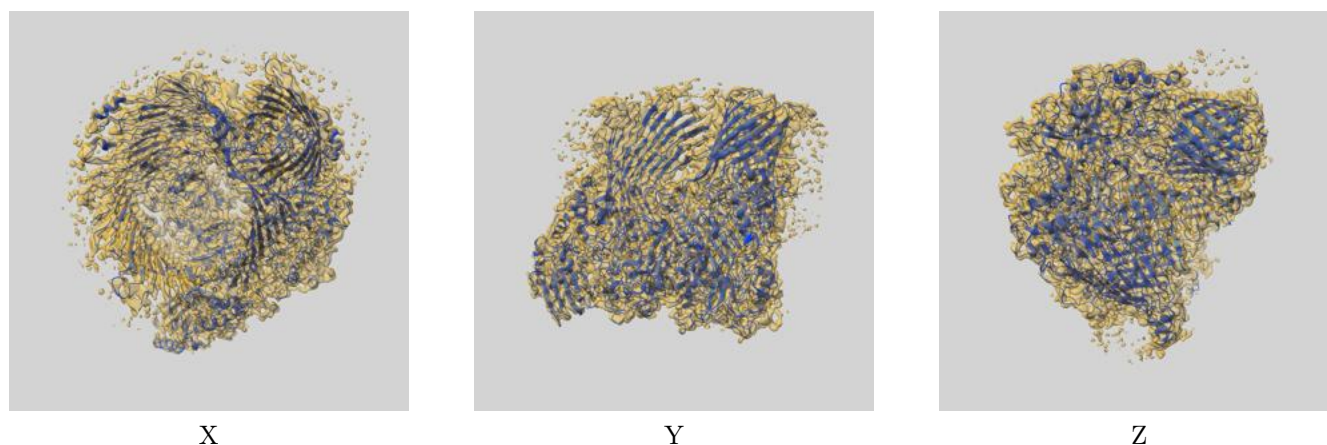
Resolution estimate (Å)	Estimation criterion (FSC cut-off)		
	0.143	0.5	Half-bit
Reported by author	3.50	-	-
Author-provided FSC curve	3.46	3.93	3.53
Unmasked-calculated*	-	-	-

*Resolution estimate based on FSC curve calculated by comparison of deposited half-maps.

9 Map-model fit [i](#)

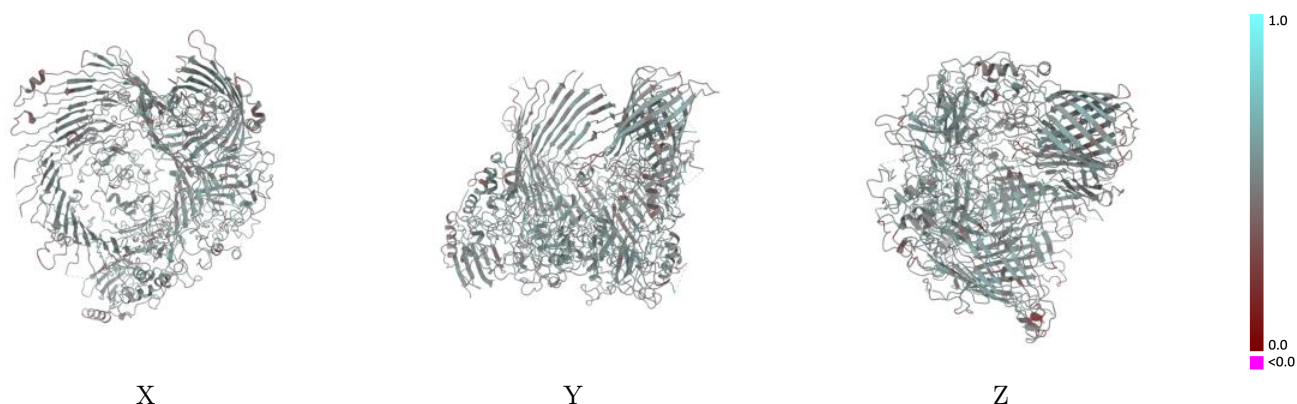
This section contains information regarding the fit between EMDB map EMD-0133 and PDB model 6H3I. Per-residue inclusion information can be found in [section 3](#) on [page 4](#).

9.1 Map-model overlay [i](#)



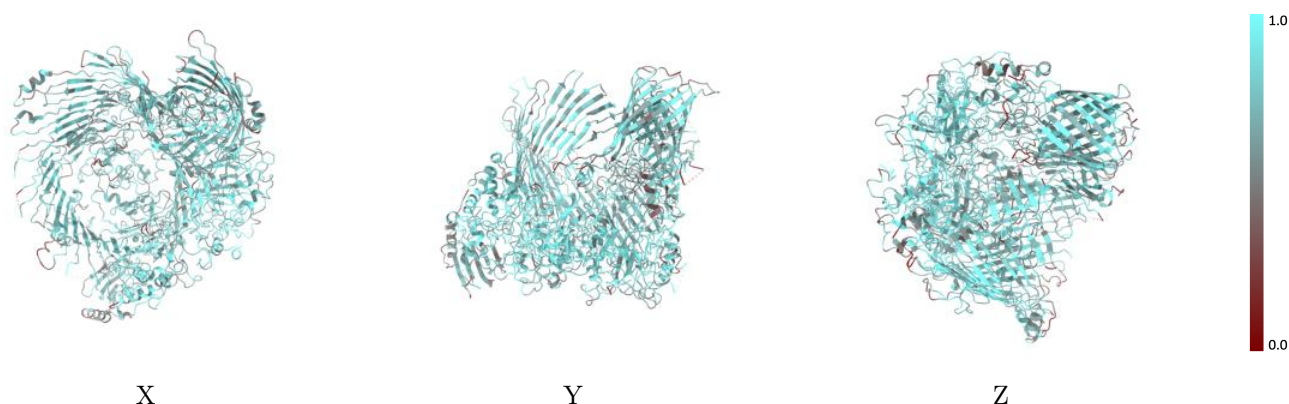
The images above show the 3D surface view of the map at the recommended contour level 0.072 at 50% transparency in yellow overlaid with a ribbon representation of the model coloured in blue. These images allow for the visual assessment of the quality of fit between the atomic model and the map.

9.2 Q-score mapped to coordinate model [i](#)



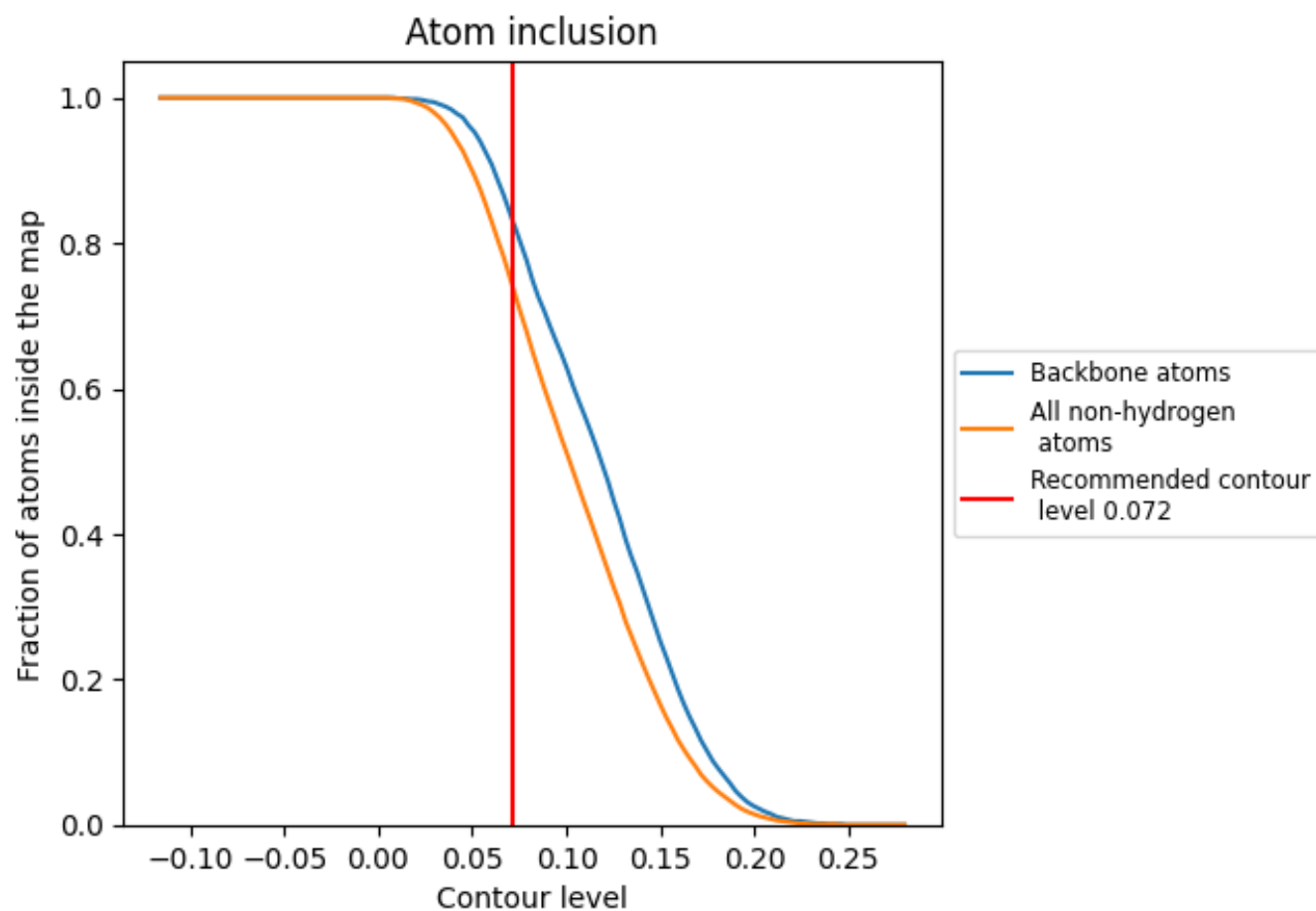
The images above show the model with each residue coloured according its Q-score. This shows their resolvability in the map with higher Q-score values reflecting better resolvability. Please note: Q-score is calculating the resolvability of atoms, and thus high values are only expected at resolutions at which atoms can be resolved. Low Q-score values may therefore be expected for many entries.

9.3 Atom inclusion mapped to coordinate model [i](#)



The images above show the model with each residue coloured according to its atom inclusion. This shows to what extent they are inside the map at the recommended contour level (0.072).

9.4 Atom inclusion ⓘ



At the recommended contour level, 83% of all backbone atoms, 74% of all non-hydrogen atoms, are inside the map.

9.5 Map-model fit summary ⓘ

The table lists the average atom inclusion at the recommended contour level (0.072) and Q-score for the entire model and for each chain.

Chain	Atom inclusion	Q-score
All	0.7360	0.5140
A	0.7560	0.5180
B	0.6460	0.5010
F	0.6560	0.4930

