



Full wwPDB X-ray Structure Validation Report ⓘ

Mar 8, 2026 – 04:43 PM UTC

PDB ID : 4I2Z / pdb_00004i2z
Title : Crystal structure of the myosin chaperone UNC-45 from C.elegans in complex with a Hsp90 peptide
Authors : Clausen, T.; Gazda, L.; Hellerschmied, D.
Deposited on : 2012-11-23
Resolution : 2.90 Å(reported)

This is a Full wwPDB X-ray Structure Validation Report for a publicly released PDB entry.

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

A user guide is available at

<https://www.wwpdb.org/validation/2017/XrayValidationReportHelp>

with specific help available everywhere you see the ⓘ symbol.

The types of validation reports are described at

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

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

MolProbity : 4-5-2 with Phenix2.0
Mogul : 2022.3.0, CSD as543be (2022)
Xtriage (Phenix) : 2.0
EDS : 3.0
Percentile statistics : 20250101.v01 (using entries in the PDB archive January 1st 2025)
CCP4 : 9.0.010 (Gargrove)
Density-Fitness : 1.0.12
Ideal geometry (proteins) : Engh & Huber (2001)
Ideal geometry (DNA, RNA) : Parkinson et al. (1996)
Validation Pipeline (wwPDB-VP) : 2.49

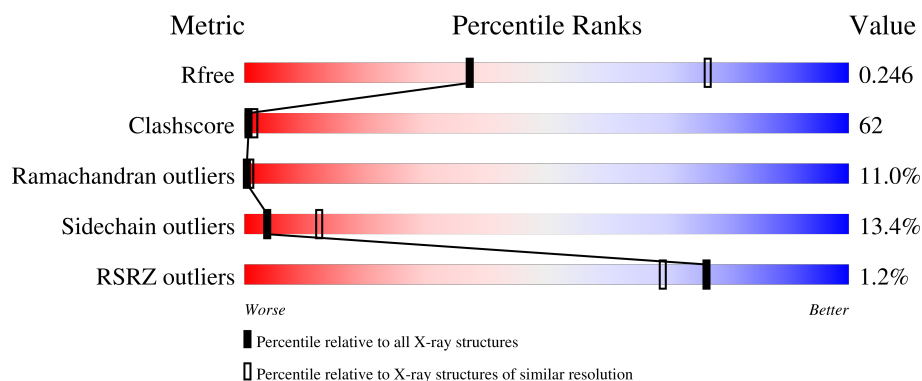
1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:

X-RAY DIFFRACTION

The reported resolution of this entry is 2.90 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)	Similar resolution (#Entries, resolution range(Å))
R_{free}	180053	2481 (2.90-2.90)
Clashscore	190562	2690 (2.90-2.90)
Ramachandran outliers	187476	2623 (2.90-2.90)
Sidechain outliers	187428	2625 (2.90-2.90)
RSRZ outliers	180081	2481 (2.90-2.90)

The table below summarises the geometric issues observed across the polymeric chains and their fit to the electron density. The red, orange, yellow and green segments of the lower 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 electron density. The numeric value is given above the bar.

Mol	Chain	Length	Quality of chain
1	A	961	24% 52% 16% • 6%
2	B	10	20% 40% 20% 20%

2 Entry composition

There are 3 unique types of molecules in this entry. The entry contains 7058 atoms, of which 0 are hydrogens and 0 are deuteriums.

In the tables below, the ZeroOcc column contains the number of atoms modelled with zero occupancy, 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 UNC-45.

Mol	Chain	Residues	Atoms						ZeroOcc	AltConf	Trace
1	A	899	Total	C	N	O	S	Se	0	0	0
			6951	4385	1204	1318	19	25			

- Molecule 2 is a protein called Heat shock protein 90.

Mol	Chain	Residues	Atoms					ZeroOcc	AltConf	Trace
2	B	8	Total	C	N	O	S	0	0	0
			64	36	11	16	1			

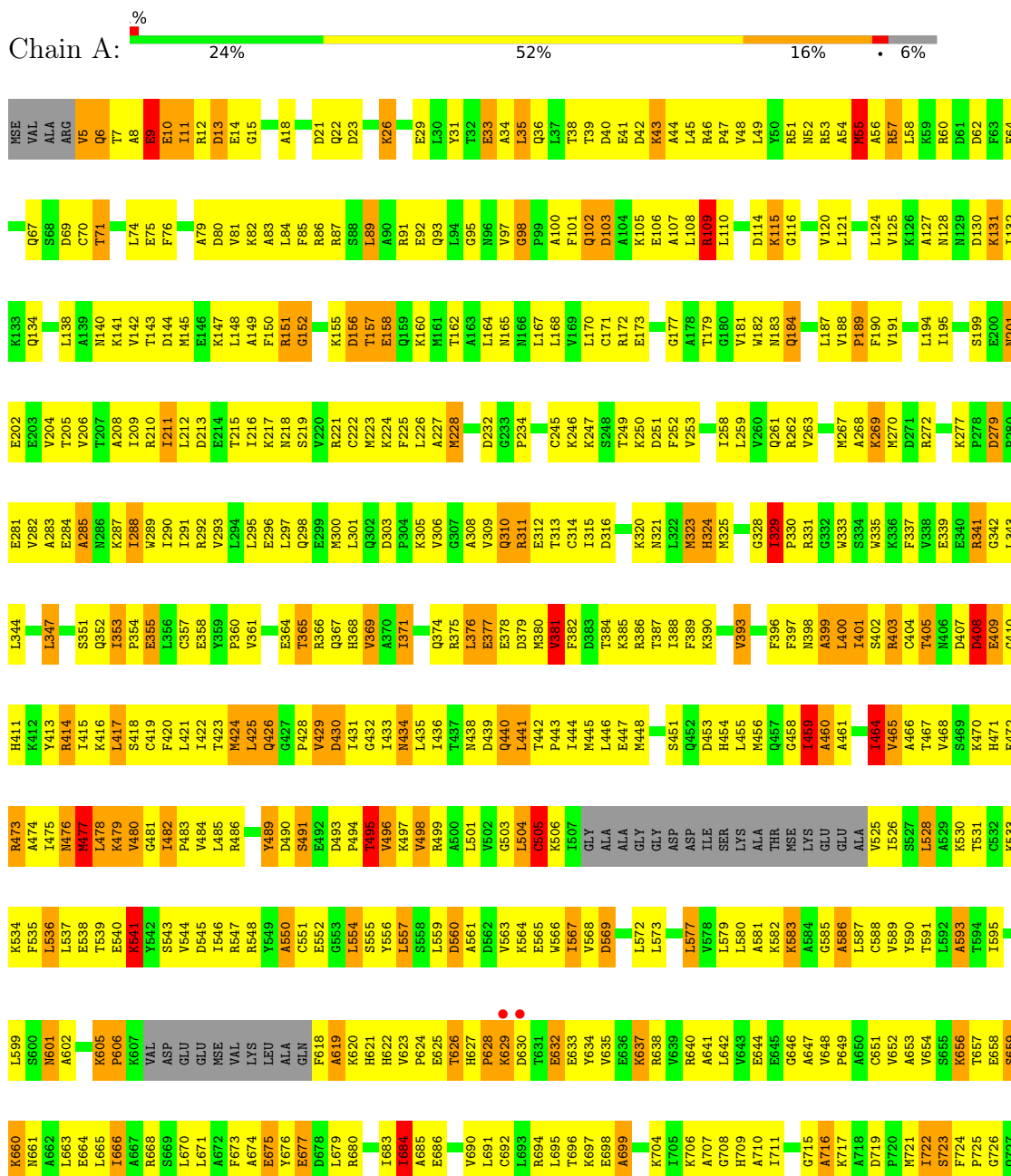
- Molecule 3 is water.

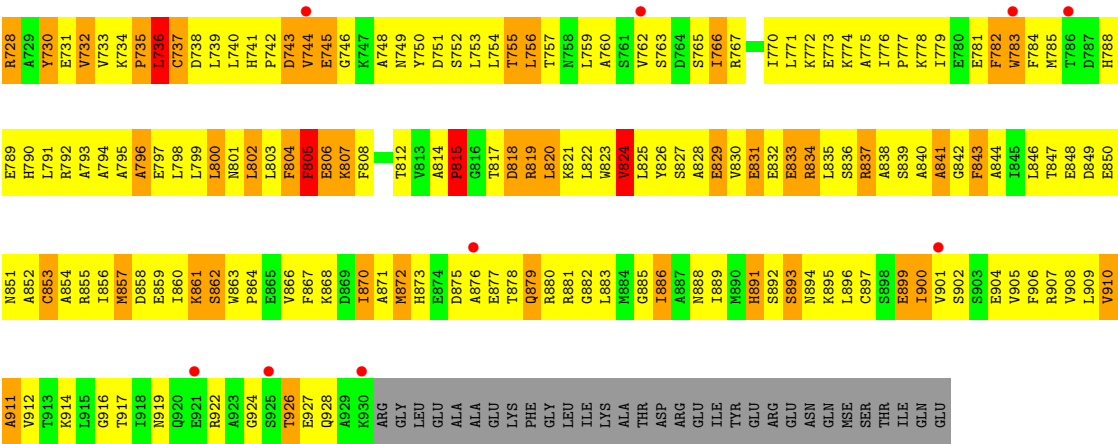
Mol	Chain	Residues	Atoms		ZeroOcc	AltConf
3	A	43	Total	O	0	0
			43	43		

3 Residue-property plots

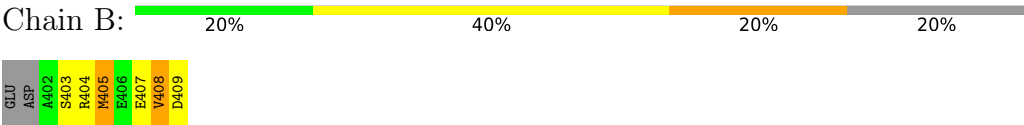
These plots are drawn for all protein, RNA, DNA and oligosaccharide chains in the entry. The first graphic for a chain summarises the proportions of the various outlier classes displayed in the second graphic. The second graphic shows the sequence view annotated by issues in geometry and electron density. Residues are color-coded according to the number of geometric quality criteria for which they contain at least one outlier: green = 0, yellow = 1, orange = 2 and red = 3 or more. A red dot above a residue indicates a poor fit to the electron density ($RSRZ > 2$). Stretches of 2 or more consecutive residues without any outlier are shown as a green connector. Residues present in the sample, but not in the model, are shown in grey.

• Molecule 1: Protein UNC-45





● Molecule 2: Heat shock protein 90



4 Data and refinement statistics

Property	Value	Source
Space group	P 61 2 2	Depositor
Cell constants a, b, c, α , β , γ	86.63Å 86.63Å 815.01Å 90.00° 90.00° 120.00°	Depositor
Resolution (Å)	19.93 – 2.90 19.93 – 2.90	Depositor EDS
% Data completeness (in resolution range)	93.9 (19.93-2.90) 93.4 (19.93-2.90)	Depositor EDS
R_{merge}	(Not available)	Depositor
R_{sym}	0.10	Depositor
$\langle I/\sigma(I) \rangle$ ¹	1.16 (at 2.90Å)	Xtriage
Refinement program	PHENIX (phenix.refine: 1.6_289)	Depositor
R, R_{free}	0.237 , 0.256 0.225 , 0.246	Depositor DCC
R_{free} test set	2013 reflections (4.76%)	wwPDB-VP
Wilson B-factor (Å ²)	71.4	Xtriage
Anisotropy	0.225	Xtriage
Bulk solvent k_{sol} (e/Å ³), B_{sol} (Å ²)	0.22 , 66.0	EDS
L-test for twinning ²	$\langle L \rangle = 0.43$, $\langle L^2 \rangle = 0.25$	Xtriage
Estimated twinning fraction	No twinning to report.	Xtriage
F_o, F_c correlation	0.94	EDS
Total number of atoms	7058	wwPDB-VP
Average B, all atoms (Å ²)	109.0	wwPDB-VP

Xtriage's analysis on translational NCS is as follows: *The largest off-origin peak in the Patterson function is 3.40% of the height of the origin peak. No significant pseudotranslation is detected.*

¹Intensities estimated from amplitudes.

²Theoretical values of $\langle |L| \rangle$, $\langle L^2 \rangle$ for acentric reflections are 0.5, 0.333 respectively for untwinned datasets, and 0.375, 0.2 for perfectly twinned datasets.

5 Model quality

5.1 Standard geometry

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	0.50	0/7026	1.08	44/9447 (0.5%)
2	B	0.48	0/63	1.14	1/81 (1.2%)
All	All	0.50	0/7089	1.08	45/9528 (0.5%)

There are no bond length outliers.

All (45) bond angle outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
1	A	831	GLU	N-CA-C	-11.62	100.11	114.75
1	A	504	LEU	N-CA-C	-10.23	100.80	113.18
1	A	737	CYS	N-CA-C	-9.83	103.41	114.62
1	A	440	GLN	N-CA-C	-9.18	102.08	113.38
1	A	217	LYS	N-CA-C	-9.17	101.52	112.89
1	A	622	HIS	N-CA-C	-8.23	102.80	112.92
1	A	460	ALA	N-CA-C	-8.01	102.28	112.93
1	A	841	ALA	N-CA-C	-7.97	102.81	112.54
1	A	199	SER	N-CA-C	7.57	122.34	113.18
1	A	478	LEU	N-CA-C	-7.53	104.62	113.88
1	A	141	LYS	N-CA-C	-7.43	103.12	111.07
1	A	728	ARG	N-CA-C	-7.25	103.38	111.28
1	A	461	ALA	N-CA-C	-7.19	103.38	111.07
1	A	381	VAL	N-CA-C	6.79	123.47	109.34
1	A	414	ARG	N-CA-C	-6.71	105.22	113.41
1	A	843	PHE	N-CA-C	-6.70	104.74	113.12
1	A	464	ILE	N-CA-C	-6.66	104.52	111.58
1	A	211	ILE	N-CA-C	-6.48	104.33	110.42
1	A	827	SER	N-CA-C	-6.17	104.85	112.38
1	A	228	MSE	N-CA-C	6.12	120.61	113.20
1	A	303	ASP	CA-C-N	6.12	125.80	119.56
1	A	303	ASP	C-N-CA	6.12	125.80	119.56
1	A	684	ILE	N-CA-C	-5.96	104.70	110.72
1	A	277	LYS	CA-C-N	-5.92	114.17	120.03
1	A	277	LYS	C-N-CA	-5.92	114.17	120.03

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
1	A	550	ALA	N-CA-C	-5.82	104.93	111.28
1	A	505	CYS	N-CA-C	-5.77	106.28	113.55
1	A	782	PHE	N-CA-C	-5.76	106.48	112.93
1	A	630	ASP	N-CA-C	-5.70	105.25	114.09
1	A	824	VAL	N-CA-C	-5.55	106.29	111.45
1	A	426	GLN	N-CA-C	-5.54	106.53	113.28
1	A	528	LEU	N-CA-C	-5.52	105.18	111.14
1	A	279	ASP	N-CA-C	-5.46	100.73	109.04
1	A	738	ASP	N-CA-C	-5.46	106.46	113.23
2	B	408	VAL	N-CA-C	5.43	117.70	109.12
1	A	536	LEU	N-CA-C	5.38	116.83	111.07
1	A	793	ALA	N-CA-C	-5.34	106.03	112.54
1	A	593	ALA	N-CA-C	-5.29	105.16	111.03
1	A	103	ASP	N-CA-C	-5.16	107.04	113.55
1	A	879	GLN	N-CA-C	-5.16	106.76	113.16
1	A	55	MSE	N-CA-C	-5.15	105.58	111.14
1	A	765	SER	N-CA-C	-5.07	105.88	111.71
1	A	482	ILE	CB-CA-C	-5.04	108.92	113.70
1	A	717	LYS	N-CA-C	-5.03	107.43	113.21
1	A	376	LEU	N-CA-C	-5.01	105.90	111.36

There are no chirality outliers.

There are no planarity outliers.

5.2 Too-close contacts ⓘ

In the following table, the Non-H and H(model) columns list the number of non-hydrogen atoms and hydrogen atoms in 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	6951	0	6990	869	0
2	B	64	0	56	9	0
3	A	43	0	0	3	0
All	All	7058	0	7046	872	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 62.

All (872) 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:541:LYS:H	1:A:541:LYS:HD2	1.09	1.15
1:A:776:ILE:HA	1:A:779:ILE:HG22	1.23	1.14
1:A:188:VAL:HG21	1:A:228:MSE:HE1	1.17	1.13
1:A:288:ILE:HD12	1:A:288:ILE:H	1.15	1.10
1:A:223:MSE:HE1	1:A:267:MSE:HG2	1.27	1.08
1:A:464:ILE:HD11	1:A:485:LEU:HG	1.35	1.03
1:A:564:LYS:HD3	1:A:638:ARG:HH12	1.20	1.02
1:A:503:GLY:HA2	1:A:506:LYS:HG2	1.44	1.00
1:A:856:ILE:HG13	1:A:857:MSE:H	1.24	1.00
1:A:157:THR:HG23	1:A:158:GLU:H	1.28	0.96
1:A:448:MSE:HB3	1:A:456:MSE:HE2	1.48	0.96
1:A:472:GLU:HA	1:A:475:ILE:HG12	1.48	0.95
1:A:776:ILE:HA	1:A:779:ILE:CG2	2.00	0.92
1:A:419:CYS:HA	1:A:422:ILE:HD13	1.53	0.91
1:A:7:THR:HG22	1:A:10:GLU:HG2	1.53	0.90
1:A:483:PRO:HA	1:A:486:ARG:HD2	1.55	0.89
1:A:425:LEU:HD23	1:A:466:ALA:O	1.74	0.88
1:A:832:GLU:HG3	1:A:833:GLU:H	1.36	0.88
1:A:626:THR:HG23	1:A:627:HIS:H	1.39	0.87
1:A:351:SER:HB3	1:A:420:PHE:HB2	1.57	0.87
1:A:724:PHE:HD2	1:A:732:VAL:HG21	1.40	0.87
1:A:464:ILE:CD1	1:A:485:LEU:HG	2.05	0.86
1:A:601:ASN:HD21	1:A:638:ARG:HH22	1.22	0.86
1:A:564:LYS:HD3	1:A:638:ARG:NH1	1.89	0.86
1:A:741:HIS:HB3	1:A:742:PRO:HD3	1.55	0.86
1:A:35:LEU:HD13	1:A:53:ARG:HH21	1.41	0.86
1:A:380:MSE:HG3	1:A:385:LYS:HB3	1.58	0.86
1:A:188:VAL:HB	1:A:189:PRO:HD3	1.58	0.85
1:A:288:ILE:H	1:A:288:ILE:CD1	1.89	0.85
1:A:538:GLU:HB3	1:A:541:LYS:HG2	1.57	0.84
1:A:724:PHE:CE2	1:A:732:VAL:HG11	2.13	0.84
1:A:803:LEU:HD21	1:A:812:THR:HG21	1.59	0.84
1:A:538:GLU:HB3	1:A:541:LYS:CG	2.06	0.84
1:A:272:ARG:HD2	1:A:320:LYS:O	1.78	0.84
1:A:417:LEU:O	1:A:417:LEU:HG	1.80	0.82
1:A:736:LEU:HA	1:A:739:LEU:HG	1.60	0.82
1:A:478:LEU:O	1:A:482:ILE:HG13	1.80	0.82
1:A:232:ASP:OD1	1:A:234:PRO:HG2	1.78	0.82
1:A:472:GLU:O	1:A:473:ARG:HB3	1.79	0.82
1:A:812:THR:HG22	1:A:819:ARG:HD3	1.61	0.82
1:A:71:THR:O	1:A:75:GLU:HG2	1.79	0.81
1:A:145:MSE:HE1	1:A:170:LEU:HD13	1.62	0.81

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:329:ILE:HG13	1:A:330:PRO:HD2	1.63	0.81
1:A:626:THR:HG23	1:A:627:HIS:N	1.94	0.81
1:A:101:PHE:HA	1:A:124:LEU:HD13	1.61	0.81
1:A:288:ILE:HD12	1:A:288:ILE:N	1.96	0.81
1:A:55:MSE:HG3	1:A:86:ARG:NH1	1.96	0.80
1:A:541:LYS:HD2	1:A:541:LYS:N	1.94	0.80
1:A:709:HIS:CE1	1:A:748:ALA:HB2	2.16	0.80
1:A:7:THR:CG2	1:A:10:GLU:HG2	2.11	0.80
1:A:541:LYS:H	1:A:541:LYS:CD	1.89	0.80
1:A:601:ASN:HD21	1:A:638:ARG:NH2	1.78	0.80
1:A:871:ALA:HB3	1:A:872:MSE:HE2	1.62	0.79
1:A:709:HIS:NE2	1:A:748:ALA:HB2	1.98	0.79
1:A:856:ILE:O	1:A:860:ILE:HG22	1.83	0.78
1:A:525:VAL:N	1:A:528:LEU:HD13	1.99	0.77
1:A:155:LYS:O	1:A:156:ASP:HB3	1.83	0.77
1:A:822:LEU:HD22	1:A:826:TYR:HE1	1.47	0.77
1:A:85:PHE:HB2	2:B:405:MET:HE3	1.67	0.77
1:A:601:ASN:HD22	1:A:635:VAL:HG22	1.49	0.77
1:A:474:ALA:C	1:A:476:ASN:H	1.89	0.77
1:A:724:PHE:CD2	1:A:732:VAL:HG21	2.20	0.77
1:A:46:ARG:HB2	1:A:47:PRO:HD3	1.67	0.77
1:A:544:VAL:HG23	1:A:545:ASP:H	1.50	0.77
1:A:744:VAL:O	1:A:745:GLU:HB2	1.85	0.77
1:A:750:TYR:HB2	1:A:791:LEU:CD2	2.15	0.76
1:A:188:VAL:HG21	1:A:228:MSE:CE	2.09	0.76
1:A:560:ASP:O	1:A:564:LYS:HG3	1.85	0.76
1:A:85:PHE:CB	2:B:405:MET:HE3	2.14	0.76
1:A:900:ILE:HD13	1:A:900:ILE:H	1.49	0.76
1:A:732:VAL:O	1:A:736:LEU:HD11	1.86	0.75
1:A:130:ASP:O	1:A:134:GLN:HB2	1.86	0.75
1:A:269:LYS:HB2	1:A:282:VAL:HG11	1.69	0.75
1:A:602:ALA:HB1	1:A:668:ARG:HB3	1.69	0.75
1:A:470:LYS:HG3	1:A:471:HIS:H	1.51	0.75
1:A:795:ALA:O	1:A:799:LEU:HD23	1.87	0.75
1:A:864:PRO:HB2	1:A:868:LYS:HE3	1.69	0.75
1:A:85:PHE:HE2	1:A:120:VAL:HG21	1.52	0.74
1:A:465:VAL:HG22	1:A:503:GLY:HA3	1.67	0.74
1:A:202:GLU:OE1	1:A:251:ASP:HB2	1.87	0.74
1:A:677:GLU:HA	1:A:680:ARG:HH11	1.50	0.74
1:A:170:LEU:HD23	1:A:170:LEU:O	1.88	0.74
1:A:475:ILE:HA	1:A:478:LEU:HD12	1.70	0.74

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:324:HIS:CD2	1:A:331:ARG:HA	2.22	0.74
1:A:626:THR:OG1	1:A:628:PRO:HD3	1.88	0.74
1:A:218:ASN:HD22	1:A:221:ARG:H	1.35	0.73
1:A:415:ILE:HD13	1:A:455:LEU:HD23	1.69	0.73
1:A:627:HIS:O	1:A:629:LYS:N	2.22	0.73
1:A:150:PHE:CD2	1:A:190:PHE:HD1	2.06	0.73
1:A:862:SER:C	1:A:864:PRO:HD2	2.14	0.73
1:A:743:ASP:C	1:A:745:GLU:H	1.97	0.73
1:A:384:THR:HG23	1:A:385:LYS:HD3	1.70	0.73
1:A:282:VAL:HG13	1:A:283:ALA:N	2.04	0.72
1:A:352:GLN:HE22	1:A:358:GLU:H	1.37	0.72
1:A:282:VAL:HG13	1:A:283:ALA:H	1.52	0.72
1:A:539:THR:HA	1:A:547:ARG:HH11	1.54	0.72
1:A:213:ASP:OD1	1:A:262:ARG:NH1	2.22	0.72
1:A:677:GLU:HA	1:A:680:ARG:NH1	2.04	0.72
1:A:8:ALA:O	1:A:11:ILE:HG22	1.90	0.72
1:A:188:VAL:CG2	1:A:228:MSE:HE1	2.08	0.72
1:A:856:ILE:HG13	1:A:857:MSE:N	2.01	0.72
1:A:749:ASN:O	1:A:753:LEU:HG	1.90	0.71
1:A:195:ILE:O	1:A:247:LYS:HE3	1.90	0.71
1:A:444:ILE:O	1:A:448:MSE:HG2	1.89	0.71
1:A:5:VAL:HG23	1:A:6:GLN:N	2.05	0.71
1:A:568:VAL:HG11	1:A:638:ARG:HA	1.71	0.71
1:A:632:GLU:CD	1:A:633:GLU:H	1.99	0.71
1:A:6:GLN:HE21	1:A:6:GLN:HA	1.54	0.71
1:A:779:ILE:HG12	1:A:798:LEU:HD23	1.73	0.71
1:A:321:ASN:O	1:A:329:ILE:HB	1.89	0.71
1:A:733:VAL:HA	1:A:736:LEU:HD11	1.73	0.71
1:A:445:MSE:HE1	1:A:484:VAL:HG21	1.72	0.71
1:A:53:ARG:HH11	1:A:57:ARG:NH2	1.89	0.70
1:A:125:VAL:C	1:A:127:ALA:H	1.99	0.70
1:A:353:ILE:HD13	1:A:353:ILE:H	1.56	0.70
1:A:202:GLU:O	1:A:206:VAL:HG23	1.91	0.70
1:A:308:ALA:O	1:A:312:GLU:HG3	1.91	0.70
1:A:365:THR:O	1:A:369:VAL:HG23	1.91	0.70
1:A:470:LYS:HG3	1:A:471:HIS:N	2.07	0.70
1:A:468:VAL:CG1	1:A:506:LYS:HE2	2.21	0.69
1:A:85:PHE:CD1	2:B:405:MET:HG3	2.27	0.69
1:A:733:VAL:C	1:A:735:PRO:HD2	2.17	0.69
1:A:187:LEU:HD21	1:A:212:LEU:HA	1.74	0.69
1:A:300:MSE:HE2	1:A:314:CYS:SG	2.32	0.69

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:649:PRO:HD3	1:A:686:GLU:OE1	1.92	0.69
1:A:867:PHE:CE1	1:A:886:ILE:HD13	2.26	0.69
1:A:386:ARG:HH11	1:A:386:ARG:HG2	1.58	0.69
1:A:505:CYS:HA	1:A:528:LEU:HD23	1.75	0.69
1:A:822:LEU:HD22	1:A:826:TYR:CE1	2.27	0.69
1:A:863:TRP:N	1:A:864:PRO:HD2	2.08	0.69
1:A:259:LEU:O	1:A:263:VAL:HG23	1.93	0.68
1:A:472:GLU:HA	1:A:475:ILE:CG1	2.23	0.68
1:A:498:VAL:HG23	1:A:535:PHE:CE2	2.28	0.68
1:A:867:PHE:CE1	1:A:886:ILE:HB	2.28	0.68
1:A:914:LYS:C	1:A:916:GLY:H	2.02	0.68
1:A:419:CYS:HA	1:A:422:ILE:CD1	2.22	0.68
1:A:11:ILE:HD13	1:A:11:ILE:O	1.94	0.67
1:A:400:LEU:HD22	1:A:417:LEU:HB2	1.76	0.67
1:A:417:LEU:HD21	1:A:441:LEU:HD21	1.75	0.67
1:A:480:VAL:O	1:A:483:PRO:HD2	1.93	0.67
1:A:312:GLU:HA	1:A:315:ILE:HD12	1.77	0.67
1:A:799:LEU:O	1:A:803:LEU:HD13	1.95	0.67
1:A:54:ALA:O	1:A:58:LEU:HB2	1.95	0.66
1:A:734:LYS:N	1:A:735:PRO:HD2	2.10	0.66
1:A:479:LYS:HE2	1:A:479:LYS:HA	1.76	0.66
1:A:7:THR:HG22	1:A:10:GLU:OE2	1.96	0.66
1:A:674:ALA:HB2	1:A:683:ILE:CD1	2.26	0.66
1:A:817:THR:O	1:A:819:ARG:N	2.28	0.66
1:A:664:GLU:O	1:A:668:ARG:HG3	1.96	0.66
1:A:150:PHE:HD2	1:A:190:PHE:HD1	1.44	0.66
1:A:564:LYS:HB3	1:A:638:ARG:HH11	1.59	0.66
1:A:736:LEU:N	1:A:736:LEU:HD12	2.10	0.66
1:A:623:VAL:O	1:A:626:THR:HG22	1.95	0.66
1:A:341:ARG:HG2	1:A:341:ARG:HH11	1.61	0.66
1:A:418:SER:O	1:A:422:ILE:HD12	1.95	0.66
1:A:660:LYS:CG	1:A:661:ASN:H	2.10	0.66
1:A:728:ARG:HE	1:A:728:ARG:HA	1.61	0.66
1:A:225:PHE:HD2	1:A:228:MSE:HE3	1.60	0.65
1:A:774:LYS:O	1:A:774:LYS:HG2	1.97	0.65
1:A:533:LYS:HD2	1:A:566:TRP:CH2	2.31	0.65
1:A:474:ALA:C	1:A:476:ASN:N	2.54	0.65
1:A:739:LEU:HD11	1:A:752:SER:HB2	1.79	0.65
1:A:7:THR:HG22	1:A:10:GLU:CG	2.25	0.65
1:A:733:VAL:O	1:A:736:LEU:HD12	1.97	0.65
1:A:663:LEU:HD22	1:A:663:LEU:H	1.59	0.65

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:210:ARG:O	1:A:213:ASP:HB3	1.97	0.65
1:A:74:LEU:HD11	1:A:84:LEU:HG	1.80	0.64
1:A:674:ALA:HB2	1:A:683:ILE:HD11	1.79	0.64
1:A:822:LEU:HA	1:A:825:LEU:HB2	1.79	0.64
1:A:503:GLY:CA	1:A:506:LYS:HG2	2.22	0.64
1:A:605:LYS:HE3	1:A:606:PRO:HD2	1.79	0.64
1:A:279:ASP:OD1	1:A:281:GLU:HB2	1.98	0.64
1:A:544:VAL:HG23	1:A:545:ASP:N	2.12	0.64
1:A:649:PRO:O	1:A:652:VAL:HG22	1.97	0.64
1:A:468:VAL:HG21	1:A:506:LYS:HG3	1.78	0.64
1:A:660:LYS:HG3	1:A:661:ASN:ND2	2.13	0.64
1:A:459:ILE:HG13	1:A:459:ILE:O	1.97	0.64
1:A:493:ASP:HB3	1:A:496:VAL:HG23	1.79	0.64
1:A:403:ARG:HD2	1:A:413:TYR:CE1	2.31	0.64
1:A:422:ILE:HD12	1:A:422:ILE:H	1.62	0.64
1:A:745:GLU:CD	1:A:746:GLY:H	2.06	0.63
1:A:109:ARG:HG3	1:A:109:ARG:HH11	1.63	0.63
1:A:125:VAL:C	1:A:127:ALA:N	2.54	0.63
1:A:225:PHE:HA	1:A:228:MSE:HE2	1.80	0.63
1:A:861:LYS:O	1:A:862:SER:HB3	1.99	0.63
1:A:98:GLY:C	1:A:100:ALA:H	2.07	0.63
1:A:329:ILE:HG12	1:A:333:TRP:CD1	2.34	0.63
1:A:468:VAL:HG11	1:A:506:LYS:HE2	1.82	0.62
1:A:860:ILE:CG2	1:A:863:TRP:HB3	2.28	0.62
1:A:390:LYS:HA	1:A:393:VAL:CG1	2.28	0.62
1:A:157:THR:HG23	1:A:158:GLU:N	2.09	0.62
1:A:694:ARG:HB3	1:A:698:GLU:OE2	1.98	0.62
1:A:656:LYS:NZ	1:A:656:LYS:HB3	2.13	0.62
1:A:150:PHE:C	1:A:152:GLY:H	2.07	0.62
1:A:415:ILE:CD1	1:A:455:LEU:HD23	2.29	0.62
1:A:820:LEU:O	1:A:824:VAL:HG23	1.99	0.62
1:A:167:LEU:HD22	1:A:181:VAL:HG13	1.82	0.62
1:A:552:GLU:O	1:A:555:SER:HB3	2.00	0.62
1:A:245:CYS:HA	1:A:310:GLN:HE21	1.65	0.62
1:A:748:ALA:HB1	1:A:751:ASP:HB2	1.81	0.62
1:A:748:ALA:HA	3:A:1009:HOH:O	1.99	0.61
1:A:882:GLY:O	1:A:886:ILE:HG22	2.00	0.61
1:A:489:TYR:HD1	1:A:489:TYR:C	2.08	0.61
1:A:296:GLU:O	1:A:300:MSE:HG2	2.00	0.61
1:A:393:VAL:HG21	1:A:424:MSE:CE	2.31	0.61
1:A:853:CYS:HB3	1:A:896:LEU:CD2	2.30	0.61

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:860:ILE:HG23	1:A:863:TRP:HB3	1.81	0.61
1:A:660:LYS:HG3	1:A:661:ASN:H	1.65	0.61
1:A:806:GLU:O	1:A:808:PHE:N	2.33	0.61
1:A:11:ILE:HD12	1:A:34:ALA:HB2	1.83	0.61
1:A:566:TRP:O	1:A:569:ASP:HB2	2.01	0.61
1:A:589:VAL:HG22	1:A:654:VAL:HB	1.83	0.61
1:A:803:LEU:C	1:A:805:PHE:H	2.08	0.61
1:A:696:THR:O	1:A:704:LYS:HG2	2.01	0.61
1:A:732:VAL:O	1:A:732:VAL:HG12	1.99	0.61
1:A:792:ARG:HH12	1:A:835:LEU:CD2	2.13	0.61
1:A:812:THR:HG22	1:A:819:ARG:CD	2.30	0.61
1:A:35:LEU:CD1	1:A:53:ARG:HH21	2.10	0.60
1:A:442:THR:N	1:A:443:PRO:HD2	2.16	0.60
1:A:366:ARG:HH12	1:A:419:CYS:HB3	1.66	0.60
1:A:601:ASN:ND2	1:A:635:VAL:HG22	2.14	0.60
1:A:623:VAL:H	1:A:624:PRO:HD2	1.66	0.60
1:A:629:LYS:HA	1:A:634:TYR:CD2	2.36	0.60
1:A:828:ALA:O	1:A:830:VAL:N	2.31	0.60
2:B:403:SER:HB3	2:B:407:GLU:OE2	2.00	0.60
1:A:109:ARG:HG3	1:A:109:ARG:NH1	2.15	0.60
1:A:464:ILE:HD11	1:A:485:LEU:CG	2.21	0.60
1:A:832:GLU:O	1:A:833:GLU:HB2	2.00	0.60
1:A:498:VAL:HG23	1:A:535:PHE:CZ	2.37	0.60
1:A:581:ALA:C	1:A:583:LYS:H	2.09	0.60
1:A:586:ALA:HA	1:A:589:VAL:CG2	2.32	0.60
1:A:205:THR:O	1:A:209:ILE:HG13	2.00	0.60
1:A:552:GLU:HG2	1:A:556:TYR:HE1	1.67	0.60
1:A:853:CYS:SG	1:A:889:ILE:HG23	2.42	0.60
1:A:867:PHE:HE1	1:A:886:ILE:HB	1.66	0.60
1:A:743:ASP:C	1:A:745:GLU:N	2.60	0.60
1:A:23:ASP:OD2	1:A:26:LYS:HG2	2.01	0.60
1:A:618:PHE:O	1:A:619:ALA:HB2	2.02	0.60
1:A:489:TYR:C	1:A:489:TYR:CD1	2.79	0.59
1:A:85:PHE:CE2	1:A:120:VAL:HG21	2.35	0.59
1:A:425:LEU:O	1:A:429:VAL:HG23	2.02	0.59
1:A:438:ASN:C	1:A:440:GLN:H	2.10	0.59
1:A:828:ALA:HA	1:A:870:ILE:HG22	1.82	0.59
1:A:539:THR:HA	1:A:547:ARG:NH1	2.18	0.59
1:A:728:ARG:O	1:A:732:VAL:HG23	2.02	0.59
1:A:381:VAL:HG23	1:A:382:PHE:N	2.18	0.59
1:A:67:GLN:O	1:A:71:THR:HG22	2.02	0.59

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:298:GLN:O	1:A:301:LEU:HB2	2.02	0.59
1:A:446:LEU:HD21	1:A:480:VAL:CG2	2.32	0.59
1:A:431:ILE:N	1:A:431:ILE:HD12	2.16	0.59
1:A:623:VAL:N	1:A:624:PRO:HD2	2.16	0.59
1:A:79:ALA:O	1:A:81:VAL:N	2.36	0.59
1:A:355:GLU:CD	1:A:355:GLU:H	2.11	0.59
1:A:438:ASN:HD21	1:A:440:GLN:HE21	1.50	0.59
1:A:62:ASP:OD1	1:A:269:LYS:NZ	2.35	0.59
1:A:438:ASN:O	1:A:440:GLN:N	2.33	0.58
1:A:601:ASN:ND2	1:A:638:ARG:NH2	2.51	0.58
1:A:817:THR:C	1:A:819:ARG:H	2.11	0.58
1:A:341:ARG:HH11	1:A:341:ARG:CG	2.16	0.58
1:A:352:GLN:NE2	1:A:357:CYS:HA	2.18	0.58
1:A:375:ARG:HH21	1:A:660:LYS:NZ	2.01	0.58
1:A:853:CYS:SG	1:A:889:ILE:HA	2.44	0.58
1:A:489:TYR:HD1	1:A:489:TYR:O	1.85	0.58
1:A:595:ILE:O	1:A:599:LEU:HB2	2.03	0.58
1:A:48:VAL:O	1:A:52:ASN:ND2	2.37	0.58
1:A:328:GLY:O	1:A:329:ILE:O	2.22	0.58
1:A:629:LYS:HA	1:A:634:TYR:CG	2.38	0.58
1:A:788:HIS:O	1:A:790:HIS:N	2.37	0.58
1:A:323:MSE:HA	1:A:379:ASP:OD1	2.03	0.58
1:A:868:LYS:O	1:A:871:ALA:HB3	2.03	0.58
1:A:398:ASN:O	1:A:400:LEU:N	2.37	0.58
1:A:826:TYR:CD2	1:A:835:LEU:HG	2.39	0.58
1:A:124:LEU:O	1:A:127:ALA:HB3	2.03	0.58
1:A:301:LEU:C	1:A:311:ARG:HH21	2.12	0.58
1:A:658:GLU:H	1:A:658:GLU:CD	2.11	0.58
1:A:97:VAL:O	1:A:100:ALA:HB3	2.04	0.57
1:A:443:PRO:HG2	1:A:444:ILE:H	1.69	0.57
1:A:480:VAL:C	1:A:483:PRO:HD2	2.29	0.57
1:A:814:ALA:HB3	1:A:815:PRO:HD3	1.85	0.57
1:A:745:GLU:CD	1:A:746:GLY:N	2.62	0.57
1:A:776:ILE:N	1:A:777:PRO:HD2	2.19	0.57
1:A:308:ALA:O	1:A:311:ARG:HB3	2.05	0.57
1:A:324:HIS:HE1	1:A:325:MSE:SE	2.37	0.57
1:A:836:SER:O	1:A:838:ALA:N	2.37	0.57
1:A:23:ASP:O	1:A:26:LYS:HG3	2.04	0.57
1:A:177:GLY:O	1:A:181:VAL:HG23	2.04	0.57
1:A:472:GLU:HG2	1:A:475:ILE:HG13	1.86	0.57
1:A:605:LYS:CE	1:A:606:PRO:HD2	2.33	0.57

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:375:ARG:NH2	1:A:660:LYS:HZ1	2.03	0.57
1:A:498:VAL:CG1	1:A:499:ARG:N	2.68	0.57
1:A:57:ARG:NE	1:A:69:ASP:OD2	2.37	0.57
1:A:398:ASN:O	1:A:399:ALA:C	2.46	0.57
1:A:401:ILE:HG12	1:A:417:LEU:CD2	2.35	0.57
1:A:46:ARG:CB	1:A:47:PRO:HD3	2.33	0.57
1:A:476:ASN:C	1:A:478:LEU:H	2.12	0.57
1:A:250:LYS:NZ	3:A:1010:HOH:O	2.38	0.57
1:A:397:PHE:CE1	1:A:417:LEU:HD11	2.39	0.57
1:A:282:VAL:CG1	1:A:283:ALA:H	2.18	0.56
1:A:677:GLU:O	1:A:680:ARG:HG2	2.05	0.56
1:A:74:LEU:HD22	1:A:83:ALA:HB1	1.86	0.56
1:A:690:VAL:O	1:A:694:ARG:HG3	2.06	0.56
1:A:46:ARG:O	1:A:49:LEU:N	2.36	0.56
1:A:560:ASP:HB3	1:A:563:VAL:HG12	1.87	0.56
1:A:680:ARG:HA	1:A:683:ILE:HG12	1.86	0.56
1:A:867:PHE:O	1:A:870:ILE:HG13	2.06	0.56
1:A:886:ILE:HD12	1:A:886:ILE:O	2.05	0.56
1:A:375:ARG:NH2	1:A:660:LYS:NZ	2.54	0.56
1:A:695:LEU:O	1:A:699:ALA:HB3	2.05	0.56
1:A:475:ILE:O	1:A:475:ILE:HG22	2.05	0.56
1:A:621:HIS:C	1:A:624:PRO:HD2	2.30	0.56
1:A:657:THR:C	1:A:659:SER:H	2.13	0.56
1:A:775:ALA:C	1:A:777:PRO:HD2	2.31	0.56
1:A:853:CYS:HB3	1:A:896:LEU:HD21	1.88	0.56
1:A:629:LYS:HA	1:A:634:TYR:HB3	1.88	0.56
1:A:750:TYR:HB2	1:A:791:LEU:HD23	1.88	0.56
1:A:564:LYS:HB3	1:A:638:ARG:NH1	2.21	0.56
1:A:108:LEU:C	1:A:110:LEU:H	2.14	0.55
1:A:245:CYS:HA	1:A:310:GLN:NE2	2.21	0.55
1:A:385:LYS:C	1:A:387:THR:N	2.62	0.55
1:A:436:ILE:C	1:A:438:ASN:H	2.15	0.55
1:A:401:ILE:HG22	1:A:402:SER:N	2.21	0.55
1:A:673:PHE:O	1:A:679:LEU:HD23	2.07	0.55
1:A:589:VAL:O	1:A:590:TYR:C	2.48	0.55
1:A:803:LEU:HD11	1:A:808:PHE:CE2	2.41	0.55
1:A:883:LEU:HA	1:A:886:ILE:CG2	2.36	0.55
1:A:895:LYS:O	1:A:895:LYS:HG2	2.06	0.55
1:A:64:GLU:OE1	1:A:219:SER:HB2	2.06	0.55
1:A:70:CYS:CB	1:A:87:ARG:HB2	2.36	0.55
1:A:305:LYS:HE2	1:A:305:LYS:HA	1.87	0.55

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:167:LEU:O	1:A:171:CYS:HB2	2.07	0.55
1:A:215:THR:O	1:A:221:ARG:HD2	2.07	0.55
1:A:580:LEU:HD11	1:A:588:CYS:SG	2.46	0.55
1:A:323:MSE:HA	1:A:323:MSE:HE3	1.88	0.55
1:A:468:VAL:HG21	1:A:506:LYS:CG	2.37	0.55
1:A:386:ARG:HG2	1:A:386:ARG:NH1	2.19	0.54
1:A:646:GLY:O	1:A:648:VAL:N	2.36	0.54
1:A:736:LEU:HA	1:A:739:LEU:CG	2.35	0.54
1:A:864:PRO:O	1:A:868:LYS:HG3	2.07	0.54
1:A:74:LEU:CD2	1:A:83:ALA:HB1	2.36	0.54
1:A:150:PHE:CE1	1:A:164:LEU:HD21	2.41	0.54
1:A:417:LEU:HD21	1:A:441:LEU:CD2	2.35	0.54
1:A:659:SER:OG	1:A:660:LYS:N	2.35	0.54
1:A:707:ALA:O	1:A:710:ALA:HB3	2.07	0.54
1:A:892:SER:O	1:A:893:SER:CB	2.56	0.54
1:A:226:LEU:HD22	1:A:263:VAL:CG1	2.37	0.54
1:A:253:VAL:HG11	1:A:309:VAL:HG12	1.89	0.54
1:A:646:GLY:C	1:A:649:PRO:HD2	2.32	0.54
1:A:589:VAL:C	1:A:591:THR:N	2.64	0.54
1:A:792:ARG:NH2	1:A:826:TYR:OH	2.40	0.54
1:A:648:VAL:HB	1:A:649:PRO:HD3	1.89	0.54
1:A:752:SER:O	1:A:756:LEU:HB2	2.07	0.54
1:A:847:THR:C	1:A:849:ASP:H	2.15	0.54
1:A:892:SER:O	1:A:893:SER:HB2	2.07	0.54
1:A:573:LEU:O	1:A:577:LEU:HB2	2.08	0.54
1:A:98:GLY:C	1:A:100:ALA:N	2.64	0.54
1:A:267:MSE:HE1	1:A:293:VAL:HG21	1.88	0.54
1:A:364:GLU:OE2	1:A:368:HIS:HE1	1.89	0.54
1:A:755:THR:CG2	1:A:756:LEU:N	2.70	0.54
1:A:900:ILE:H	1:A:900:ILE:CD1	2.19	0.54
1:A:404:CYS:HB3	1:A:414:ARG:HG2	1.90	0.54
1:A:468:VAL:HG11	1:A:506:LYS:HG3	1.88	0.54
1:A:501:LEU:O	1:A:505:CYS:HB2	2.08	0.54
1:A:743:ASP:O	1:A:745:GLU:N	2.41	0.54
1:A:757:THR:HA	1:A:798:LEU:HD12	1.89	0.54
1:A:801:ASN:HA	1:A:804:PHE:HB2	1.89	0.54
1:A:838:ALA:C	1:A:840:ALA:H	2.15	0.54
1:A:70:CYS:HB3	1:A:87:ARG:HB2	1.89	0.54
1:A:150:PHE:O	1:A:152:GLY:N	2.39	0.54
1:A:629:LYS:HA	1:A:634:TYR:CB	2.38	0.54
1:A:684:ILE:HD11	1:A:723:SER:HA	1.90	0.54

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:873:HIS:CD2	1:A:875:ASP:HB3	2.43	0.54
1:A:886:ILE:HA	1:A:889:ILE:HD12	1.89	0.54
1:A:52:ASN:OD1	2:B:408:VAL:HB	2.08	0.53
1:A:114:ASP:O	1:A:116:GLY:N	2.41	0.53
1:A:876:ALA:O	1:A:877:GLU:HB2	2.07	0.53
1:A:279:ASP:O	1:A:282:VAL:HG12	2.09	0.53
1:A:335:TRP:O	1:A:339:GLU:HG3	2.07	0.53
1:A:526:ILE:O	1:A:530:LYS:HD3	2.08	0.53
1:A:602:ALA:HB1	1:A:668:ARG:CB	2.37	0.53
1:A:625:GLU:O	1:A:625:GLU:HG2	2.08	0.53
1:A:739:LEU:HD11	1:A:752:SER:CB	2.38	0.53
1:A:593:ALA:HB1	1:A:665:LEU:CB	2.38	0.53
1:A:735:PRO:C	1:A:737:CYS:H	2.16	0.53
1:A:926:THR:O	1:A:928:GLN:N	2.41	0.53
1:A:857:MSE:HG3	1:A:896:LEU:HG	1.89	0.53
1:A:87:ARG:HE	1:A:91:ARG:CZ	2.22	0.53
1:A:593:ALA:HB1	1:A:665:LEU:HB2	1.91	0.53
1:A:740:LEU:HD21	1:A:752:SER:OG	2.08	0.53
1:A:150:PHE:CD2	1:A:190:PHE:CD1	2.93	0.53
1:A:739:LEU:HD12	1:A:740:LEU:HD22	1.89	0.53
1:A:506:LYS:HG3	1:A:506:LYS:O	2.09	0.53
1:A:843:PHE:CD1	1:A:885:GLY:HA3	2.44	0.53
1:A:401:ILE:HG12	1:A:417:LEU:HD22	1.91	0.52
1:A:866:VAL:O	1:A:870:ILE:HG23	2.09	0.52
1:A:468:VAL:HB	1:A:506:LYS:HE2	1.90	0.52
1:A:888:ASN:HA	1:A:891:HIS:HB2	1.90	0.52
1:A:422:ILE:O	1:A:426:GLN:HG3	2.09	0.52
1:A:475:ILE:HD13	1:A:478:LEU:CD1	2.40	0.52
1:A:831:GLU:N	1:A:831:GLU:OE1	2.43	0.52
1:A:830:VAL:HG22	1:A:836:SER:HB3	1.91	0.52
1:A:755:THR:O	1:A:759:LEU:N	2.43	0.52
1:A:291:ILE:HG22	1:A:292:ARG:N	2.23	0.52
1:A:730:TYR:N	1:A:730:TYR:HD2	2.07	0.52
1:A:105:LYS:O	1:A:107:ALA:N	2.42	0.52
1:A:404:CYS:HB3	1:A:414:ARG:CG	2.40	0.52
1:A:629:LYS:O	1:A:638:ARG:NH2	2.43	0.52
1:A:730:TYR:N	1:A:730:TYR:CD2	2.78	0.52
1:A:762:VAL:O	1:A:763:SER:HB3	2.10	0.52
1:A:863:TRP:N	1:A:864:PRO:CD	2.73	0.52
1:A:670:LEU:HD11	1:A:691:LEU:HD23	1.92	0.52
1:A:897:CYS:SG	1:A:928:GLN:O	2.67	0.52

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:677:GLU:H	1:A:680:ARG:HH12	1.58	0.52
1:A:804:PHE:O	1:A:805:PHE:HB2	2.10	0.52
1:A:150:PHE:CG	1:A:190:PHE:HB3	2.45	0.51
1:A:188:VAL:HB	1:A:189:PRO:CD	2.33	0.51
1:A:561:ALA:CB	1:A:627:HIS:HB3	2.40	0.51
1:A:885:GLY:O	1:A:889:ILE:HG13	2.11	0.51
1:A:86:ARG:HD3	3:A:1007:HOH:O	2.09	0.51
1:A:489:TYR:O	1:A:497:LYS:HG3	2.10	0.51
1:A:627:HIS:N	1:A:628:PRO:HD3	2.26	0.51
1:A:767:ARG:NH1	1:A:805:PHE:HB2	2.25	0.51
1:A:830:VAL:HG11	1:A:873:HIS:NE2	2.25	0.51
1:A:856:ILE:C	1:A:860:ILE:HG22	2.35	0.51
1:A:856:ILE:CG1	1:A:857:MSE:H	2.11	0.51
1:A:776:ILE:CA	1:A:779:ILE:HG22	2.17	0.51
1:A:852:ALA:C	1:A:854:ALA:H	2.19	0.51
1:A:53:ARG:HD2	1:A:57:ARG:NE	2.25	0.51
1:A:343:LEU:HG	1:A:347:LEU:HD22	1.92	0.51
1:A:429:VAL:CG1	1:A:430:ASP:N	2.74	0.51
1:A:432:GLY:O	1:A:435:LEU:HB2	2.11	0.51
1:A:850:GLU:C	1:A:852:ALA:N	2.67	0.51
1:A:525:VAL:N	1:A:528:LEU:CD1	2.73	0.51
1:A:539:THR:HG23	1:A:540:GLU:H	1.75	0.51
1:A:733:VAL:O	1:A:734:LYS:C	2.53	0.51
1:A:788:HIS:ND1	1:A:791:LEU:HD12	2.26	0.51
1:A:860:ILE:HG12	1:A:860:ILE:O	2.09	0.51
1:A:38:THR:OG1	1:A:42:ASP:HB2	2.11	0.51
1:A:201:ASN:OD1	1:A:204:VAL:N	2.35	0.51
1:A:324:HIS:CE1	1:A:325:MSE:SE	3.13	0.51
1:A:465:VAL:HG22	1:A:503:GLY:CA	2.39	0.51
1:A:733:VAL:HA	1:A:736:LEU:CD1	2.40	0.51
1:A:561:ALA:O	1:A:564:LYS:HB2	2.11	0.51
1:A:876:ALA:C	1:A:878:THR:H	2.19	0.51
1:A:98:GLY:O	1:A:100:ALA:N	2.44	0.51
1:A:188:VAL:HG11	1:A:228:MSE:CE	2.41	0.51
1:A:602:ALA:O	1:A:668:ARG:HD3	2.11	0.51
1:A:744:VAL:O	1:A:745:GLU:CB	2.58	0.51
1:A:814:ALA:O	1:A:815:PRO:C	2.54	0.51
1:A:182:TRP:CD2	1:A:221:ARG:HD3	2.46	0.50
1:A:446:LEU:HD21	1:A:480:VAL:HG21	1.91	0.50
1:A:715:GLY:O	1:A:716:ALA:HB2	2.10	0.50
1:A:893:SER:HB3	1:A:896:LEU:HD22	1.93	0.50

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:917:THR:C	1:A:919:ASN:H	2.19	0.50
1:A:212:LEU:O	1:A:216:ILE:HG23	2.11	0.50
1:A:429:VAL:HG13	1:A:430:ASP:N	2.25	0.50
1:A:677:GLU:C	1:A:679:LEU:H	2.17	0.50
1:A:42:ASP:O	1:A:43:LYS:C	2.53	0.50
1:A:138:LEU:HD11	1:A:170:LEU:HD21	1.92	0.50
1:A:224:LYS:O	1:A:228:MSE:HB3	2.11	0.50
1:A:534:LYS:O	1:A:538:GLU:HG2	2.12	0.50
1:A:389:PHE:O	1:A:393:VAL:HG12	2.12	0.50
1:A:401:ILE:CG2	1:A:402:SER:N	2.74	0.50
1:A:407:ASP:O	1:A:409:GLU:N	2.45	0.50
1:A:640:ARG:NH1	1:A:640:ARG:HG2	2.25	0.50
1:A:757:THR:HA	1:A:798:LEU:CD1	2.42	0.50
1:A:316:ASP:OD1	1:A:368:HIS:HD2	1.94	0.50
1:A:651:CYS:HB3	1:A:666:ILE:CG2	2.42	0.50
1:A:860:ILE:HG23	1:A:860:ILE:O	2.12	0.50
1:A:867:PHE:O	1:A:871:ALA:N	2.44	0.50
1:A:225:PHE:HD2	1:A:228:MSE:CE	2.24	0.50
1:A:489:TYR:HE1	1:A:497:LYS:HE3	1.75	0.50
1:A:105:LYS:C	1:A:107:ALA:N	2.69	0.50
1:A:131:LYS:HG2	1:A:132:ILE:N	2.27	0.50
1:A:194:LEU:HD12	1:A:208:ALA:CB	2.41	0.50
1:A:589:VAL:O	1:A:591:THR:N	2.44	0.50
1:A:624:PRO:C	1:A:626:THR:H	2.19	0.50
1:A:800:LEU:HD23	1:A:800:LEU:O	2.11	0.50
1:A:188:VAL:HG11	1:A:228:MSE:HE3	1.94	0.50
1:A:263:VAL:HG12	1:A:267:MSE:HE2	1.93	0.50
1:A:464:ILE:CD1	1:A:485:LEU:CG	2.86	0.50
1:A:353:ILE:O	1:A:357:CYS:HB3	2.12	0.49
1:A:872:MSE:O	1:A:873:HIS:C	2.54	0.49
1:A:376:LEU:CD2	1:A:380:MSE:HE1	2.43	0.49
1:A:458:GLY:C	1:A:460:ALA:H	2.20	0.49
1:A:864:PRO:HB2	1:A:868:LYS:CE	2.41	0.49
1:A:868:LYS:HE2	1:A:902:SER:CB	2.42	0.49
1:A:53:ARG:NH1	1:A:57:ARG:NH2	2.59	0.49
1:A:428:PRO:O	1:A:430:ASP:N	2.46	0.49
1:A:533:LYS:HG2	1:A:537:LEU:HD11	1.95	0.49
1:A:692:CYS:O	1:A:695:LEU:HB2	2.12	0.49
1:A:39:THR:HG22	1:A:40:ASP:H	1.78	0.49
1:A:290:ILE:HD12	1:A:329:ILE:HD11	1.95	0.49
1:A:486:ARG:HG2	1:A:486:ARG:HH11	1.78	0.49

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:564:LYS:HA	1:A:599:LEU:CD2	2.43	0.49
1:A:853:CYS:HA	1:A:856:ILE:HD11	1.94	0.49
1:A:35:LEU:HG	1:A:49:LEU:HD13	1.94	0.49
1:A:89:LEU:O	1:A:93:GLN:HG2	2.12	0.49
1:A:663:LEU:HD22	1:A:663:LEU:N	2.27	0.49
1:A:894:ASN:C	1:A:896:LEU:H	2.20	0.49
1:A:396:PHE:CE1	1:A:400:LEU:HD12	2.47	0.49
1:A:506:LYS:HD2	1:A:556:TYR:CZ	2.47	0.49
1:A:741:HIS:O	1:A:743:ASP:N	2.44	0.49
1:A:267:MSE:HB3	1:A:290:ILE:HD11	1.95	0.49
1:A:579:LEU:O	1:A:579:LEU:HD23	2.12	0.49
1:A:249:THR:O	1:A:253:VAL:HG23	2.13	0.49
1:A:287:LYS:HG2	1:A:288:ILE:HD12	1.94	0.49
1:A:468:VAL:CB	1:A:506:LYS:HE2	2.42	0.49
1:A:623:VAL:O	1:A:626:THR:CG2	2.61	0.49
1:A:776:ILE:C	1:A:778:LYS:N	2.71	0.49
1:A:896:LEU:HD12	1:A:896:LEU:N	2.28	0.49
1:A:585:GLY:O	1:A:587:LEU:N	2.46	0.49
1:A:618:PHE:O	1:A:619:ALA:CB	2.61	0.49
1:A:652:VAL:HG12	1:A:691:LEU:HD22	1.94	0.49
1:A:374:GLN:O	1:A:377:GLU:HG3	2.13	0.48
1:A:464:ILE:O	1:A:467:THR:N	2.42	0.48
1:A:560:ASP:HB3	1:A:563:VAL:CG1	2.42	0.48
1:A:745:GLU:OE1	1:A:746:GLY:N	2.46	0.48
1:A:749:ASN:HB3	1:A:782:PHE:CZ	2.48	0.48
1:A:883:LEU:HA	1:A:886:ILE:HG23	1.95	0.48
1:A:93:GLN:C	1:A:95:GLY:H	2.20	0.48
1:A:328:GLY:C	1:A:329:ILE:O	2.56	0.48
1:A:352:GLN:HE22	1:A:358:GLU:N	2.10	0.48
1:A:400:LEU:HD13	1:A:417:LEU:HA	1.95	0.48
1:A:572:LEU:HD22	1:A:572:LEU:H	1.78	0.48
1:A:743:ASP:OD2	1:A:782:PHE:CE1	2.66	0.48
1:A:760:ALA:HB2	1:A:770:ILE:CD1	2.43	0.48
1:A:416:LYS:O	1:A:418:SER:N	2.47	0.48
1:A:494:PRO:HG2	1:A:495:THR:H	1.78	0.48
1:A:565:GLU:OE1	1:A:637:LYS:NZ	2.46	0.48
1:A:743:ASP:O	1:A:743:ASP:CG	2.55	0.48
1:A:538:GLU:HB3	1:A:541:LYS:HG3	1.91	0.48
1:A:121:LEU:O	1:A:125:VAL:HG23	2.13	0.48
1:A:415:ILE:HD13	1:A:455:LEU:CD2	2.42	0.48
1:A:482:ILE:HB	1:A:483:PRO:HD3	1.95	0.48

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:543:SER:H	1:A:546:ILE:HD12	1.78	0.48
1:A:671:LEU:C	1:A:671:LEU:HD23	2.38	0.48
1:A:707:ALA:O	1:A:711:ILE:HG13	2.13	0.48
1:A:776:ILE:C	1:A:778:LYS:H	2.21	0.48
1:A:847:THR:C	1:A:849:ASP:N	2.71	0.48
1:A:875:ASP:OD2	1:A:878:THR:OG1	2.22	0.48
1:A:877:GLU:OE1	1:A:880:ARG:CZ	2.62	0.48
1:A:101:PHE:C	1:A:103:ASP:H	2.21	0.48
1:A:779:ILE:HG13	1:A:799:LEU:HD21	1.96	0.48
1:A:841:ALA:HB2	1:A:881:ARG:HD3	1.95	0.48
1:A:376:LEU:O	1:A:380:MSE:CE	2.62	0.48
1:A:731:GLU:C	1:A:733:VAL:H	2.22	0.48
1:A:803:LEU:O	1:A:805:PHE:N	2.46	0.48
1:A:870:ILE:HD12	1:A:870:ILE:C	2.38	0.48
1:A:144:ASP:O	1:A:148:LEU:HD12	2.14	0.48
1:A:390:LYS:O	1:A:393:VAL:HG13	2.13	0.48
1:A:684:ILE:CG2	1:A:685:ALA:N	2.76	0.47
1:A:817:THR:C	1:A:819:ARG:N	2.71	0.47
1:A:170:LEU:HD23	1:A:170:LEU:C	2.38	0.47
1:A:629:LYS:O	1:A:638:ARG:CZ	2.62	0.47
1:A:448:MSE:HE2	1:A:460:ALA:HB2	1.97	0.47
1:A:489:TYR:CD1	1:A:489:TYR:O	2.67	0.47
1:A:740:LEU:O	1:A:741:HIS:C	2.57	0.47
1:A:103:ASP:O	1:A:107:ALA:HB2	2.15	0.47
1:A:408:ASP:HA	1:A:411:HIS:HD2	1.80	0.47
1:A:472:GLU:O	1:A:473:ARG:CB	2.53	0.47
1:A:733:VAL:C	1:A:735:PRO:CD	2.86	0.47
1:A:812:THR:CG2	1:A:819:ARG:HD3	2.39	0.47
1:A:826:TYR:CE2	1:A:835:LEU:HD11	2.50	0.47
1:A:53:ARG:HH11	1:A:57:ARG:CZ	2.27	0.47
1:A:740:LEU:O	1:A:743:ASP:HB2	2.15	0.47
1:A:861:LYS:O	1:A:862:SER:CB	2.63	0.47
1:A:894:ASN:C	1:A:896:LEU:N	2.71	0.47
1:A:125:VAL:O	1:A:127:ALA:N	2.47	0.47
1:A:652:VAL:HG23	1:A:653:ALA:N	2.29	0.47
1:A:722:ILE:O	1:A:722:ILE:HG22	2.14	0.47
1:A:836:SER:O	1:A:837:ARG:C	2.57	0.47
1:A:157:THR:O	1:A:158:GLU:C	2.57	0.47
1:A:393:VAL:HG21	1:A:424:MSE:HE2	1.97	0.47
1:A:405:THR:OG1	1:A:407:ASP:OD1	2.31	0.47
1:A:752:SER:O	1:A:755:THR:HG22	2.15	0.47

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:852:ALA:C	1:A:854:ALA:N	2.71	0.47
1:A:788:HIS:C	1:A:790:HIS:N	2.72	0.47
1:A:551:CYS:O	1:A:552:GLU:C	2.57	0.47
1:A:581:ALA:C	1:A:583:LYS:N	2.73	0.47
1:A:324:HIS:ND1	1:A:324:HIS:C	2.72	0.47
1:A:677:GLU:C	1:A:679:LEU:N	2.73	0.47
1:A:828:ALA:CA	1:A:870:ILE:HG22	2.45	0.47
1:A:114:ASP:C	1:A:116:GLY:N	2.70	0.46
1:A:526:ILE:O	1:A:530:LYS:CD	2.63	0.46
1:A:580:LEU:CD1	1:A:588:CYS:SG	3.04	0.46
1:A:640:ARG:HG2	1:A:640:ARG:HH11	1.79	0.46
1:A:784:PHE:N	1:A:784:PHE:CD2	2.83	0.46
1:A:803:LEU:C	1:A:805:PHE:N	2.73	0.46
1:A:821:LYS:NZ	1:A:821:LYS:HB3	2.30	0.46
1:A:860:ILE:CG1	1:A:863:TRP:HB3	2.45	0.46
1:A:867:PHE:CD1	1:A:886:ILE:HB	2.50	0.46
1:A:105:LYS:C	1:A:107:ALA:H	2.24	0.46
1:A:824:VAL:HG13	1:A:843:PHE:CE2	2.50	0.46
1:A:834:ARG:C	1:A:836:SER:N	2.71	0.46
1:A:917:THR:C	1:A:919:ASN:N	2.71	0.46
1:A:376:LEU:O	1:A:376:LEU:HD23	2.15	0.46
1:A:442:THR:N	1:A:443:PRO:CD	2.78	0.46
1:A:475:ILE:HD13	1:A:478:LEU:HD12	1.97	0.46
1:A:486:ARG:HG2	1:A:486:ARG:NH1	2.31	0.46
1:A:740:LEU:HD22	1:A:740:LEU:N	2.31	0.46
1:A:187:LEU:O	1:A:191:VAL:HG23	2.16	0.46
1:A:626:THR:CG2	1:A:627:HIS:H	2.03	0.46
1:A:676:TYR:HB2	1:A:679:LEU:HD22	1.97	0.46
1:A:684:ILE:HD13	1:A:684:ILE:O	2.16	0.46
1:A:695:LEU:O	1:A:699:ALA:CB	2.64	0.46
1:A:734:LYS:N	1:A:735:PRO:CD	2.79	0.46
1:A:829:GLU:O	1:A:831:GLU:OE1	2.34	0.46
1:A:108:LEU:O	1:A:110:LEU:N	2.49	0.46
1:A:385:LYS:C	1:A:387:THR:H	2.24	0.46
1:A:416:LYS:C	1:A:418:SER:N	2.73	0.46
1:A:471:HIS:O	1:A:475:ILE:HD11	2.15	0.46
1:A:53:ARG:O	1:A:56:ALA:HB3	2.16	0.46
1:A:560:ASP:O	1:A:563:VAL:HG13	2.16	0.46
1:A:922:ARG:C	1:A:924:GLY:H	2.23	0.46
1:A:376:LEU:O	1:A:380:MSE:HE2	2.16	0.46
1:A:860:ILE:HD13	1:A:863:TRP:HB3	1.98	0.46

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:46:ARG:CB	1:A:47:PRO:CD	2.94	0.46
1:A:201:ASN:OD1	1:A:204:VAL:HG23	2.16	0.46
1:A:830:VAL:HB	1:A:873:HIS:CE1	2.51	0.46
1:A:908:VAL:O	1:A:909:LEU:C	2.58	0.46
1:A:52:ASN:O	1:A:53:ARG:C	2.59	0.45
1:A:741:HIS:CB	1:A:742:PRO:HD3	2.39	0.45
1:A:805:PHE:O	1:A:806:GLU:O	2.34	0.45
1:A:339:GLU:OE1	1:A:385:LYS:HE3	2.16	0.45
1:A:850:GLU:C	1:A:852:ALA:H	2.24	0.45
1:A:914:LYS:O	1:A:916:GLY:N	2.42	0.45
1:A:407:ASP:O	1:A:408:ASP:C	2.59	0.45
1:A:660:LYS:CG	1:A:661:ASN:N	2.78	0.45
1:A:384:THR:O	1:A:388:ILE:HG13	2.17	0.45
1:A:423:THR:C	1:A:425:LEU:H	2.24	0.45
1:A:433:ILE:C	1:A:435:LEU:H	2.25	0.45
1:A:552:GLU:O	1:A:556:TYR:CD1	2.69	0.45
1:A:794:ALA:C	1:A:796:ALA:N	2.72	0.45
2:B:403:SER:O	2:B:404:ARG:C	2.60	0.45
1:A:47:PRO:HG2	1:A:76:PHE:CG	2.51	0.45
1:A:168:LEU:O	1:A:171:CYS:HB3	2.16	0.45
1:A:407:ASP:O	1:A:410:GLY:N	2.49	0.45
1:A:605:LYS:HG3	1:A:606:PRO:HD2	1.98	0.45
1:A:836:SER:OG	1:A:837:ARG:N	2.47	0.45
1:A:855:ARG:O	1:A:859:GLU:HB3	2.17	0.45
1:A:906:PHE:O	1:A:907:ARG:C	2.60	0.45
1:A:361:VAL:HG13	1:A:365:THR:HB	1.97	0.45
1:A:781:GLU:C	1:A:783:TRP:H	2.23	0.45
1:A:13:ASP:OD2	1:A:13:ASP:N	2.43	0.45
1:A:337:PHE:CD1	1:A:342:GLY:HA3	2.51	0.45
1:A:467:THR:HG22	1:A:467:THR:O	2.16	0.45
1:A:736:LEU:HD12	1:A:736:LEU:H	1.79	0.45
1:A:828:ALA:HB2	1:A:870:ILE:CG2	2.47	0.45
1:A:31:TYR:HD1	1:A:49:LEU:CD2	2.30	0.45
1:A:128:ASN:HA	1:A:131:LYS:HB2	1.99	0.45
1:A:352:GLN:HE22	1:A:357:CYS:HA	1.82	0.45
1:A:560:ASP:CB	1:A:563:VAL:HG12	2.45	0.45
1:A:728:ARG:HA	1:A:728:ARG:NE	2.29	0.45
1:A:785:MSE:O	1:A:792:ARG:NE	2.50	0.45
1:A:860:ILE:HG23	1:A:863:TRP:CD1	2.52	0.45
1:A:900:ILE:HD13	1:A:900:ILE:N	2.25	0.45
1:A:157:THR:O	1:A:160:LYS:N	2.49	0.45

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:213:ASP:OD1	1:A:213:ASP:C	2.59	0.45
1:A:675:GLU:C	1:A:676:TYR:CD1	2.95	0.45
1:A:223:MSE:CE	1:A:267:MSE:HG2	2.20	0.45
1:A:498:VAL:HG12	1:A:499:ARG:N	2.31	0.45
1:A:664:GLU:OE1	1:A:668:ARG:NH2	2.50	0.45
1:A:803:LEU:HD11	1:A:808:PHE:HE2	1.82	0.45
1:A:433:ILE:HG22	1:A:434:ASN:N	2.32	0.44
1:A:547:ARG:HA	1:A:550:ALA:CB	2.47	0.44
1:A:12:ARG:HG2	1:A:13:ASP:OD2	2.17	0.44
1:A:632:GLU:CD	1:A:633:GLU:N	2.72	0.44
1:A:642:LEU:O	1:A:647:ALA:HB2	2.17	0.44
1:A:832:GLU:CG	1:A:833:GLU:H	2.13	0.44
1:A:868:LYS:HA	1:A:871:ALA:HB2	1.98	0.44
1:A:44:ALA:O	1:A:47:PRO:HD2	2.17	0.44
1:A:53:ARG:HG2	1:A:57:ARG:HD2	1.98	0.44
1:A:282:VAL:O	1:A:285:ALA:HB3	2.17	0.44
1:A:438:ASN:C	1:A:440:GLN:N	2.76	0.44
1:A:440:GLN:C	1:A:443:PRO:HD2	2.42	0.44
1:A:300:MSE:HB2	1:A:306:VAL:HG21	2.00	0.44
1:A:367:GLN:O	1:A:371:ILE:HG12	2.18	0.44
1:A:448:MSE:HB2	1:A:456:MSE:HB3	2.00	0.44
1:A:7:THR:HG22	1:A:10:GLU:CD	2.42	0.44
1:A:29:GLU:O	1:A:33:GLU:HB2	2.18	0.44
1:A:267:MSE:CE	1:A:293:VAL:HG21	2.48	0.44
1:A:493:ASP:O	1:A:494:PRO:C	2.61	0.44
1:A:803:LEU:HG	1:A:808:PHE:CD2	2.53	0.44
1:A:218:ASN:ND2	1:A:221:ARG:H	2.11	0.44
1:A:581:ALA:HB1	1:A:654:VAL:HG13	2.00	0.44
1:A:853:CYS:HA	1:A:856:ILE:CD1	2.47	0.44
1:A:341:ARG:CG	1:A:341:ARG:NH1	2.77	0.44
1:A:476:ASN:C	1:A:478:LEU:N	2.76	0.44
1:A:481:GLY:O	1:A:484:VAL:HB	2.18	0.44
1:A:691:LEU:HG	1:A:695:LEU:CD2	2.47	0.44
1:A:833:GLU:O	1:A:834:ARG:C	2.60	0.44
1:A:875:ASP:O	1:A:878:THR:HB	2.18	0.44
1:A:190:PHE:N	1:A:190:PHE:CD2	2.85	0.44
1:A:364:GLU:N	1:A:587:LEU:HD21	2.33	0.44
1:A:627:HIS:O	1:A:628:PRO:C	2.58	0.44
1:A:719:ASP:OD1	1:A:721:MSE:HB2	2.18	0.44
1:A:910:VAL:O	1:A:911:ALA:HB2	2.17	0.44
1:A:374:GLN:HG2	1:A:378:GLU:OE2	2.18	0.44

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:490:ASP:O	1:A:491:SER:O	2.36	0.44
1:A:564:LYS:HA	1:A:599:LEU:HD21	1.98	0.44
1:A:11:ILE:HG23	1:A:34:ALA:CB	2.48	0.43
1:A:190:PHE:N	1:A:190:PHE:HD2	2.15	0.43
1:A:270:MSE:HE1	1:A:328:GLY:HA2	2.00	0.43
1:A:534:LYS:O	1:A:538:GLU:CG	2.66	0.43
1:A:709:HIS:CE1	1:A:748:ALA:CB	2.96	0.43
1:A:15:GLY:O	1:A:18:ALA:HB3	2.18	0.43
1:A:560:ASP:O	1:A:563:VAL:CG1	2.66	0.43
1:A:640:ARG:O	1:A:644:GLU:HG2	2.18	0.43
1:A:840:ALA:O	1:A:843:PHE:HB3	2.18	0.43
1:A:863:TRP:CH2	1:A:899:GLU:HB3	2.53	0.43
1:A:329:ILE:HG23	1:A:333:TRP:HD1	1.84	0.43
1:A:838:ALA:C	1:A:840:ALA:N	2.74	0.43
1:A:143:THR:O	1:A:147:LYS:HB2	2.18	0.43
1:A:396:PHE:CE1	1:A:420:PHE:CD1	3.07	0.43
1:A:11:ILE:HG21	1:A:34:ALA:HA	1.98	0.43
1:A:39:THR:HG22	1:A:40:ASP:N	2.33	0.43
1:A:101:PHE:C	1:A:103:ASP:N	2.77	0.43
1:A:105:LYS:O	1:A:108:LEU:N	2.52	0.43
1:A:414:ARG:O	1:A:418:SER:HB2	2.19	0.43
1:A:440:GLN:O	1:A:440:GLN:HG2	2.19	0.43
1:A:652:VAL:CG2	1:A:653:ALA:N	2.81	0.43
1:A:763:SER:HB3	1:A:766:ILE:HG12	2.00	0.43
1:A:836:SER:C	1:A:838:ALA:N	2.76	0.43
1:A:852:ALA:O	1:A:854:ALA:N	2.51	0.43
1:A:860:ILE:HG12	1:A:863:TRP:HB3	2.01	0.43
1:A:893:SER:OG	1:A:896:LEU:HD13	2.19	0.43
1:A:9:GLU:HB3	1:A:10:GLU:H	1.59	0.43
1:A:396:PHE:HE1	1:A:420:PHE:CD1	2.36	0.43
1:A:708:GLY:O	1:A:709:HIS:C	2.61	0.43
1:A:776:ILE:HG21	1:A:808:PHE:CZ	2.54	0.43
1:A:819:ARG:O	1:A:820:LEU:C	2.61	0.43
1:A:11:ILE:HD13	1:A:11:ILE:C	2.43	0.43
1:A:216:ILE:HG13	1:A:216:ILE:O	2.17	0.43
1:A:533:LYS:O	1:A:537:LEU:HG	2.18	0.43
1:A:671:LEU:HD13	1:A:706:LYS:HD2	1.99	0.43
1:A:51:ARG:HD3	1:A:82:LYS:HB2	2.01	0.43
1:A:71:THR:HA	1:A:74:LEU:HD23	2.00	0.43
1:A:245:CYS:O	1:A:246:LYS:C	2.61	0.43
1:A:555:SER:HA	1:A:595:ILE:HG12	1.99	0.43

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:211:ILE:O	1:A:215:THR:HG23	2.19	0.43
1:A:531:THR:C	1:A:533:LYS:N	2.73	0.43
1:A:568:VAL:CG1	1:A:641:ALA:HB3	2.49	0.43
1:A:657:THR:C	1:A:659:SER:N	2.75	0.43
1:A:896:LEU:N	1:A:896:LEU:CD1	2.82	0.43
1:A:329:ILE:HG21	1:A:333:TRP:HB2	2.01	0.43
1:A:441:LEU:C	1:A:443:PRO:HD2	2.44	0.43
1:A:448:MSE:HE3	1:A:456:MSE:O	2.19	0.43
1:A:850:GLU:O	1:A:852:ALA:N	2.52	0.43
1:A:67:GLN:O	1:A:71:THR:CG2	2.67	0.42
1:A:375:ARG:HH21	1:A:660:LYS:HZ2	1.65	0.42
1:A:580:LEU:HD13	1:A:580:LEU:O	2.18	0.42
1:A:21:ASP:O	1:A:22:GLN:HB2	2.19	0.42
1:A:581:ALA:O	1:A:583:LYS:N	2.46	0.42
1:A:663:LEU:H	1:A:663:LEU:CD2	2.29	0.42
1:A:684:ILE:HG23	1:A:685:ALA:N	2.33	0.42
1:A:691:LEU:HA	1:A:694:ARG:HD3	2.02	0.42
1:A:851:ASN:O	1:A:854:ALA:HB3	2.19	0.42
1:A:909:LEU:O	1:A:911:ALA:N	2.53	0.42
1:A:39:THR:HB	1:A:41:GLU:OE1	2.19	0.42
1:A:818:ASP:O	1:A:819:ARG:C	2.62	0.42
1:A:114:ASP:O	1:A:115:LYS:C	2.62	0.42
1:A:393:VAL:CG2	1:A:424:MSE:HE2	2.49	0.42
1:A:407:ASP:C	1:A:409:GLU:N	2.78	0.42
1:A:659:SER:O	1:A:660:LYS:HB3	2.19	0.42
1:A:779:ILE:HG12	1:A:798:LEU:CD2	2.47	0.42
1:A:792:ARG:HH12	1:A:835:LEU:HD22	1.85	0.42
1:A:792:ARG:NH1	1:A:835:LEU:CD2	2.82	0.42
1:A:847:THR:O	1:A:847:THR:HG22	2.18	0.42
1:A:480:VAL:O	1:A:484:VAL:HG23	2.19	0.42
1:A:601:ASN:ND2	1:A:638:ARG:HH22	2.01	0.42
1:A:35:LEU:HD13	1:A:53:ARG:NH2	2.21	0.42
2:B:404:ARG:O	2:B:405:MET:O	2.38	0.42
1:A:150:PHE:C	1:A:152:GLY:N	2.75	0.42
1:A:164:LEU:O	1:A:211:ILE:HD11	2.20	0.42
1:A:806:GLU:HB2	1:A:807:LYS:HD2	2.02	0.42
1:A:627:HIS:N	1:A:628:PRO:CD	2.83	0.42
1:A:877:GLU:OE1	1:A:877:GLU:HA	2.19	0.42
1:A:423:THR:O	1:A:425:LEU:N	2.53	0.42
1:A:442:THR:O	1:A:445:MSE:HB3	2.20	0.42
1:A:453:ASP:OD2	1:A:456:MSE:HG3	2.20	0.42

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:544:VAL:CG2	1:A:545:ASP:N	2.83	0.42
1:A:85:PHE:HB2	2:B:405:MET:CE	2.44	0.41
1:A:351:SER:C	1:A:352:GLN:HG2	2.45	0.41
1:A:381:VAL:HG23	1:A:382:PHE:H	1.84	0.41
1:A:401:ILE:O	1:A:403:ARG:N	2.47	0.41
1:A:792:ARG:NH1	1:A:835:LEU:HD22	2.35	0.41
1:A:218:ASN:HD22	1:A:221:ARG:N	2.11	0.41
1:A:776:ILE:HD11	1:A:802:LEU:HD21	2.03	0.41
1:A:849:ASP:O	1:A:852:ALA:HB3	2.20	0.41
1:A:875:ASP:O	1:A:876:ALA:C	2.63	0.41
1:A:124:LEU:C	1:A:127:ALA:HB3	2.46	0.41
1:A:428:PRO:HB2	1:A:431:ILE:HD13	2.01	0.41
1:A:433:ILE:C	1:A:435:LEU:N	2.78	0.41
1:A:621:HIS:ND1	1:A:624:PRO:HG3	2.36	0.41
1:A:832:GLU:HG3	1:A:833:GLU:N	2.17	0.41
1:A:834:ARG:C	1:A:836:SER:H	2.28	0.41
1:A:856:ILE:O	1:A:858:ASP:N	2.53	0.41
1:A:11:ILE:O	1:A:14:GLU:HB3	2.20	0.41
1:A:107:ALA:O	1:A:110:LEU:HB2	2.21	0.41
1:A:258:ILE:O	1:A:261:GLN:HB3	2.20	0.41
1:A:364:GLU:OE2	1:A:368:HIS:CE1	2.72	0.41
1:A:428:PRO:O	1:A:429:VAL:C	2.63	0.41
1:A:560:ASP:OD1	1:A:563:VAL:HG12	2.20	0.41
1:A:586:ALA:HA	1:A:589:VAL:HG23	2.01	0.41
1:A:659:SER:O	1:A:660:LYS:CB	2.68	0.41
1:A:680:ARG:HH11	1:A:680:ARG:HG2	1.85	0.41
1:A:922:ARG:C	1:A:924:GLY:N	2.78	0.41
1:A:441:LEU:HD22	1:A:441:LEU:HA	1.88	0.41
1:A:554:LEU:HD21	1:A:567:ILE:HD11	2.02	0.41
1:A:656:LYS:HB3	1:A:656:LYS:HZ2	1.81	0.41
1:A:721:MSE:HE1	1:A:762:VAL:HG21	2.01	0.41
1:A:735:PRO:O	1:A:737:CYS:N	2.41	0.41
1:A:803:LEU:N	1:A:803:LEU:HD12	2.36	0.41
1:A:822:LEU:HD23	1:A:825:LEU:HD12	2.03	0.41
1:A:182:TRP:O	1:A:183:ASN:C	2.63	0.41
1:A:557:LEU:O	1:A:563:VAL:HG11	2.20	0.41
1:A:33:GLU:O	1:A:36:GLN:HB2	2.21	0.41
1:A:149:ALA:O	1:A:160:LYS:HE3	2.21	0.41
1:A:184:GLN:HE21	1:A:184:GLN:HB3	1.54	0.41
1:A:222:CYS:O	1:A:225:PHE:HB3	2.21	0.41
1:A:324:HIS:CD2	1:A:331:ARG:CA	2.99	0.41

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:416:LYS:C	1:A:418:SER:H	2.29	0.41
1:A:605:LYS:NZ	1:A:605:LYS:HA	2.36	0.41
1:A:708:GLY:HA2	1:A:711:ILE:HD12	2.01	0.41
1:A:840:ALA:C	1:A:842:GLY:N	2.75	0.41
1:A:844:ALA:HA	1:A:885:GLY:HA2	2.03	0.41
1:A:419:CYS:C	1:A:421:LEU:N	2.76	0.41
1:A:431:ILE:HD12	1:A:431:ILE:H	1.86	0.41
1:A:536:LEU:CD1	1:A:554:LEU:HD12	2.51	0.41
1:A:754:LEU:HD12	1:A:754:LEU:O	2.20	0.41
1:A:853:CYS:HA	1:A:856:ILE:HG12	2.03	0.41
1:A:7:THR:HG23	1:A:10:GLU:HG2	2.00	0.41
1:A:187:LEU:CD2	1:A:215:THR:HG21	2.51	0.41
1:A:252:PHE:CD2	1:A:252:PHE:C	2.99	0.41
1:A:267:MSE:SE	1:A:290:ILE:HD13	2.70	0.41
1:A:385:LYS:O	1:A:387:THR:N	2.54	0.41
1:A:489:TYR:HD2	1:A:504:LEU:HD13	1.86	0.41
1:A:788:HIS:C	1:A:790:HIS:H	2.29	0.41
1:A:842:GLY:O	1:A:846:LEU:HB2	2.21	0.41
1:A:70:CYS:O	1:A:74:LEU:HD22	2.21	0.41
1:A:150:PHE:HB2	1:A:190:PHE:CD1	2.56	0.41
1:A:293:VAL:HG12	1:A:297:LEU:HD12	2.03	0.41
1:A:400:LEU:HD21	1:A:416:LYS:CB	2.51	0.41
1:A:467:THR:O	1:A:468:VAL:C	2.64	0.41
1:A:482:ILE:HG13	1:A:482:ILE:H	1.71	0.41
1:A:23:ASP:OD2	1:A:26:LYS:CG	2.66	0.40
1:A:58:LEU:HD22	1:A:86:ARG:HB3	2.03	0.40
1:A:353:ILE:HD13	1:A:353:ILE:N	2.29	0.40
1:A:482:ILE:O	1:A:485:LEU:HB2	2.21	0.40
1:A:767:ARG:H	1:A:767:ARG:HG3	1.49	0.40
1:A:838:ALA:O	1:A:840:ALA:N	2.55	0.40
1:A:847:THR:O	1:A:849:ASP:N	2.54	0.40
1:A:167:LEU:CD2	1:A:181:VAL:HG13	2.50	0.40
1:A:205:THR:O	1:A:206:VAL:C	2.64	0.40
1:A:268:ALA:HB1	1:A:283:ALA:HB2	2.04	0.40
1:A:329:ILE:HG23	1:A:333:TRP:CD1	2.56	0.40
1:A:656:LYS:H	1:A:656:LYS:HG2	1.53	0.40
1:A:735:PRO:HG2	1:A:736:LEU:H	1.85	0.40
1:A:771:LEU:O	1:A:773:GLU:N	2.55	0.40
1:A:914:LYS:C	1:A:916:GLY:N	2.69	0.40
1:A:45:LEU:O	1:A:48:VAL:CG1	2.70	0.40
1:A:433:ILE:HD13	1:A:433:ILE:HA	1.96	0.40

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:490:ASP:O	1:A:491:SER:C	2.64	0.40
1:A:835:LEU:HD12	1:A:835:LEU:HA	1.87	0.40
1:A:13:ASP:C	1:A:15:GLY:N	2.78	0.40
1:A:227:ALA:HB2	1:A:289:TRP:CH2	2.57	0.40
1:A:474:ALA:O	1:A:476:ASN:N	2.55	0.40
1:A:81:VAL:HG22	2:B:405:MET:HE1	2.03	0.40
1:A:441:LEU:HD12	1:A:477:MSE:CE	2.51	0.40
1:A:537:LEU:C	1:A:539:THR:H	2.30	0.40
1:A:750:TYR:HB2	1:A:791:LEU:HD21	2.01	0.40
1:A:826:TYR:CD2	1:A:835:LEU:CG	3.04	0.40

There are no symmetry-related clashes.

5.3 Torsion angles [i](#)

5.3.1 Protein backbone [i](#)

In the following table, the Percentiles column shows the percent Ramachandran outliers of the chain as a percentile score with respect to all X-ray entries followed by that with respect to entries of similar resolution.

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	893/961 (93%)	615 (69%)	180 (20%)	98 (11%)	0	1
2	B	6/10 (60%)	3 (50%)	2 (33%)	1 (17%)	0	0
All	All	899/971 (93%)	618 (69%)	182 (20%)	99 (11%)	0	1

All (99) Ramachandran outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	9	GLU
1	A	80	ASP
1	A	131	LYS
1	A	429	VAL
1	A	439	ASP
1	A	491	SER
1	A	541	LYS
1	A	619	ALA

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	629	LYS
1	A	632	GLU
1	A	660	LYS
1	A	699	ALA
1	A	716	ALA
1	A	745	GLU
1	A	789	GLU
1	A	806	GLU
1	A	818	ASP
1	A	833	GLU
1	A	893	SER
1	A	911	ALA
1	A	927	GLU
2	B	405	MET
1	A	10	GLU
1	A	43	LYS
1	A	98	GLY
1	A	106	GLU
1	A	109	ARG
1	A	115	LYS
1	A	142	VAL
1	A	151	ARG
1	A	152	GLY
1	A	157	THR
1	A	285	ALA
1	A	381	VAL
1	A	399	ALA
1	A	403	ARG
1	A	405	THR
1	A	408	ASP
1	A	417	LEU
1	A	424	MSE
1	A	459	ILE
1	A	559	LEU
1	A	586	ALA
1	A	620	LYS
1	A	626	THR
1	A	628	PRO
1	A	659	SER
1	A	675	GLU
1	A	726	GLY
1	A	736	LEU

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	804	PHE
1	A	805	PHE
1	A	815	PRO
1	A	819	ARG
1	A	829	GLU
1	A	834	ARG
1	A	837	ARG
1	A	857	MSE
1	A	901	VAL
1	A	912	VAL
1	A	102	GLN
1	A	158	GLU
1	A	355	GLU
1	A	360	PRO
1	A	451	SER
1	A	473	ARG
1	A	582	LYS
1	A	583	LYS
1	A	732	VAL
1	A	735	PRO
1	A	744	VAL
1	A	772	LYS
1	A	807	LYS
1	A	329	ILE
1	A	365	THR
1	A	434	ASN
1	A	723	SER
1	A	725	PRO
1	A	839	SER
1	A	853	CYS
1	A	862	SER
1	A	905	VAL
1	A	156	ASP
1	A	354	PRO
1	A	477	MSE
1	A	495	THR
1	A	677	GLU
1	A	722	ILE
1	A	796	ALA
1	A	797	GLU
1	A	904	GLU
1	A	173	GLU

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	601	ASN
1	A	820	LEU
1	A	926	THR
1	A	766	ILE
1	A	910	VAL
1	A	567	ILE
1	A	606	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 X-ray entries followed by that with respect to entries of similar resolution.

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	734/783 (94%)	636 (87%)	98 (13%)	4	12
2	B	7/9 (78%)	6 (86%)	1 (14%)	3	11
All	All	741/792 (94%)	642 (87%)	99 (13%)	4	12

All (99) residues with a non-rotameric sidechain are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	5	VAL
1	A	6	GLN
1	A	9	GLU
1	A	11	ILE
1	A	13	ASP
1	A	26	LYS
1	A	33	GLU
1	A	35	LEU
1	A	55	MSE
1	A	57	ARG
1	A	60	ARG
1	A	71	THR
1	A	89	LEU
1	A	92	GLU
1	A	102	GLN
1	A	109	ARG

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	140	ASN
1	A	151	ARG
1	A	162	THR
1	A	165	ASN
1	A	172	ARG
1	A	179	THR
1	A	184	GLN
1	A	189	PRO
1	A	201	ASN
1	A	269	LYS
1	A	284	GLU
1	A	288	ILE
1	A	295	LEU
1	A	310	GLN
1	A	311	ARG
1	A	313	THR
1	A	323	MSE
1	A	324	HIS
1	A	329	ILE
1	A	341	ARG
1	A	344	LEU
1	A	347	LEU
1	A	353	ILE
1	A	369	VAL
1	A	371	ILE
1	A	377	GLU
1	A	393	VAL
1	A	400	LEU
1	A	401	ILE
1	A	408	ASP
1	A	409	GLU
1	A	425	LEU
1	A	430	ASP
1	A	441	LEU
1	A	447	GLU
1	A	454	HIS
1	A	459	ILE
1	A	464	ILE
1	A	465	VAL
1	A	476	ASN
1	A	477	MSE
1	A	479	LYS

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	480	VAL
1	A	489	TYR
1	A	495	THR
1	A	496	VAL
1	A	498	VAL
1	A	505	CYS
1	A	541	LYS
1	A	548	ARG
1	A	554	LEU
1	A	557	LEU
1	A	560	ASP
1	A	569	ASP
1	A	577	LEU
1	A	605	LYS
1	A	637	LYS
1	A	656	LYS
1	A	666	ILE
1	A	684	ILE
1	A	697	LYS
1	A	730	TYR
1	A	736	LEU
1	A	743	ASP
1	A	755	THR
1	A	756	LEU
1	A	783	TRP
1	A	800	LEU
1	A	802	LEU
1	A	805	PHE
1	A	815	PRO
1	A	823	TRP
1	A	824	VAL
1	A	848	GLU
1	A	861	LYS
1	A	870	ILE
1	A	872	MSE
1	A	879	GLN
1	A	886	ILE
1	A	891	HIS
1	A	899	GLU
1	A	900	ILE
2	B	409	ASP

Sometimes sidechains can be flipped to improve hydrogen bonding and reduce clashes. All (30)

such sidechains are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	6	GLN
1	A	52	ASN
1	A	67	GLN
1	A	93	GLN
1	A	113	ASN
1	A	166	ASN
1	A	184	GLN
1	A	218	ASN
1	A	229	HIS
1	A	286	ASN
1	A	298	GLN
1	A	302	GLN
1	A	321	ASN
1	A	324	HIS
1	A	352	GLN
1	A	368	HIS
1	A	398	ASN
1	A	411	HIS
1	A	434	ASN
1	A	438	ASN
1	A	440	GLN
1	A	454	HIS
1	A	457	GLN
1	A	476	ASN
1	A	598	ASN
1	A	601	ASN
1	A	661	ASN
1	A	709	HIS
1	A	741	HIS
1	A	851	ASN

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 [i](#)

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 Fit of model and data [i](#)

6.1 Protein, DNA and RNA chains [i](#)

In the following table, the column labelled ‘#RSRZ > 2’ contains the number (and percentage) of RSRZ outliers, followed by percent RSRZ outliers for the chain as percentile scores relative to all X-ray entries and entries of similar resolution. The OWAB column contains the minimum, median, 95th percentile and maximum values of the occupancy-weighted average B-factor per residue. The column labelled ‘Q < 0.9’ lists the number of (and percentage) of residues with an average occupancy less than 0.9.

Mol	Chain	Analysed	<RSRZ>	#RSRZ>2	OWAB(Å ²)	Q<0.9
1	A	874/961 (90%)	-0.27	11 (1%) 75 67	36, 96, 198, 262	0
2	B	8/10 (80%)	0.44	0 100 100	115, 135, 164, 173	0
All	All	882/971 (90%)	-0.26	11 (1%) 76 69	36, 97, 198, 262	0

All (11) RSRZ outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	RSRZ
1	A	630	ASP	4.5
1	A	930	LYS	4.5
1	A	876	ALA	3.8
1	A	629	LYS	3.7
1	A	921	GLU	3.0
1	A	744	VAL	2.8
1	A	925	SER	2.6
1	A	762	VAL	2.4
1	A	783	TRP	2.3
1	A	786	THR	2.1
1	A	901	VAL	2.0

6.2 Non-standard residues in protein, DNA, RNA chains [i](#)

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

6.3 Carbohydrates [i](#)

There are no oligosaccharides in this entry.

6.4 Ligands [i](#)

There are no ligands in this entry.

6.5 Other polymers [i](#)

There are no such residues in this entry.