



Full wwPDB EM Validation Report ⓘ

Mar 25, 2026 – 02:44 AM UTC

PDB ID : 2IX8 / pdb_00002ix8
EMDB ID : EMD-1233
Title : MODEL FOR EEF3 BOUND TO AN 80S RIBOSOME
Authors : Andersen, C.B.F.; Becker, T.; Blau, M.; Anand, M.; Halic, M.; Balar, B.; Mielke, T.; Boesen, T.; Pedersen, J.S.; Spahn, C.M.T.; Kinzy, T.G.; Andersen, G.R.; Beckmann, R.
Deposited on : 2006-07-07
Resolution : 9.90 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
Mogul : 2022.3.0, CSD as543be (2022)
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

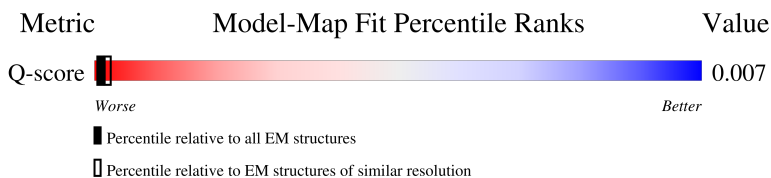
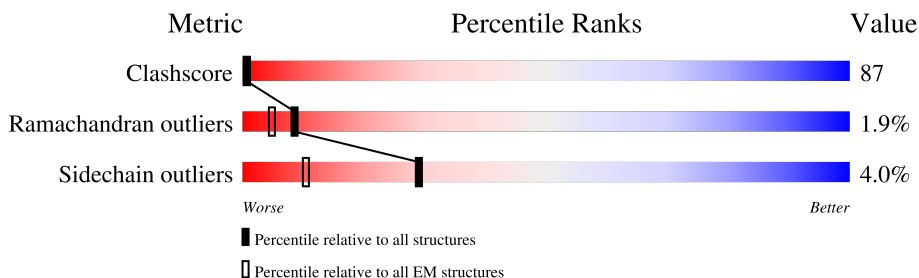
1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:

ELECTRON MICROSCOPY

The reported resolution of this entry is 9.90 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)	EM structures (#Entries)	Similar EM resolution (#Entries, resolution range(Å))
Clashscore	229148	23984	-
Ramachandran outliers	224038	23583	-
Sidechain outliers	223484	23102	-
Q-score	-	25397	149 (9.40 - 10.40)

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	976	

2 Entry composition

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 7599 atoms, of which 0 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.

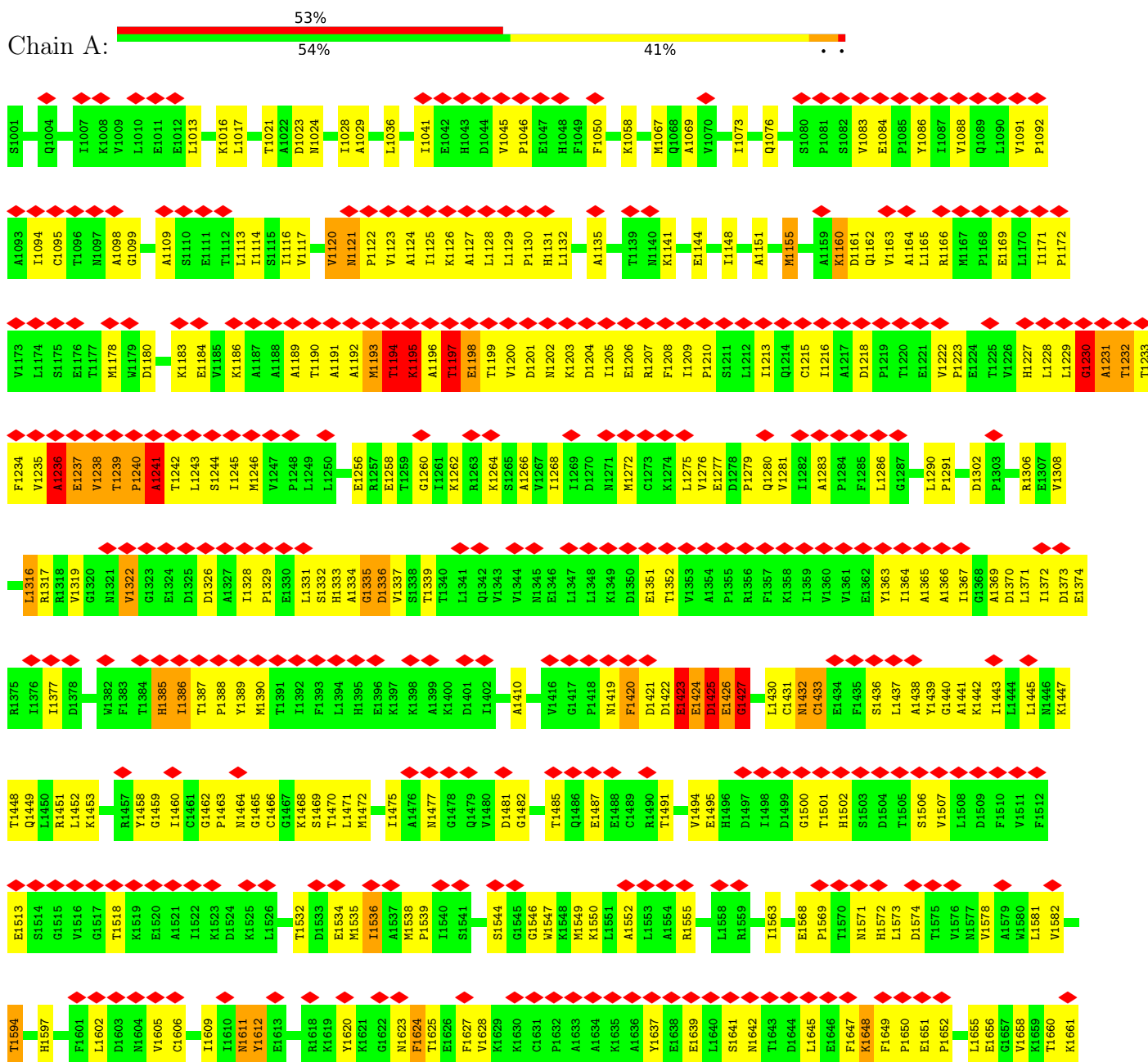
- Molecule 1 is a protein called ELONGATION FACTOR 3A.

Mol	Chain	Residues	Atoms						AltConf	Trace
			Total	C	N	O	S	Se		
1	A	976	7599	4800	1303	1459	15	22	0	1

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 atom inclusion in map 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 diamond above a residue indicates a poor fit to the EM map for this residue (all-atom inclusion < 40%). 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: ELONGATION FACTOR 3A





4 Experimental information

Property	Value	Source
EM reconstruction method	SINGLE PARTICLE	Depositor
Imposed symmetry	POINT, C1	Depositor
Number of particles used	37700	Depositor
Resolution determination method	FSC 0.5 CUT-OFF	Depositor
CTF correction method	Not provided	
Microscope	FEI TECNAI F30	Depositor
Voltage (kV)	300	Depositor
Electron dose ($e^-/\text{\AA}^2$)	20	Depositor
Minimum defocus (nm)	1200	Depositor
Maximum defocus (nm)	3500	Depositor
Magnification	38900	Depositor
Image detector	KODAK SO-163 FILM	Depositor
Maximum map value	0.002	Depositor
Minimum map value	-0.001	Depositor
Average map value	0.000	Depositor
Map value standard deviation	0.000	Depositor
Recommended contour level	0.0004	Depositor
Map size ($\text{\AA}$)	552, 552, 552	wwPDB
Map dimensions	276, 276, 276	wwPDB
Map angles ($^\circ$)	90, 90, 90	wwPDB
Pixel spacing ($\text{\AA}$)	2, 2, 2	Depositor

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	13.11	17/7693 (0.2%)	1.73	62/10348 (0.6%)

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	1	7

All (17) bond length outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(Å)	Ideal(Å)
1	A	1869	LEU	C-O	1143.64	16.79	1.23
1	A	1241	ALA	C-N	-57.14	0.62	1.33
1	A	1193	MSE	CB-CG	46.46	2.91	1.52
1	A	1239	THR	CB-OG1	34.75	1.99	1.43
1	A	1194	THR	CB-CG2	30.76	2.54	1.52
1	A	1197	THR	C-N	30.10	1.75	1.33
1	A	1197	THR	CB-CG2	27.53	2.43	1.52
1	A	1236	ALA	C-N	-24.84	0.98	1.33
1	A	1335	GLY	C-N	24.43	1.67	1.33
1	A	1197	THR	CB-OG1	23.23	1.80	1.43
1	A	1120	VAL	C-N	20.60	1.76	1.33
1	A	1239	THR	CB-CG2	11.41	1.90	1.52
1	A	1238	VAL	CB-CG1	11.20	1.89	1.52
1	A	1195	LYS	CB-CG	10.99	1.85	1.52
1	A	1240	PRO	N-CD	9.60	1.61	1.47
1	A	1237	GLU	CA-CB	-6.69	1.42	1.53
1	A	1768	MSE	C-N	6.48	1.42	1.33

All (62) bond angle outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
1	A	1230	GLY	O-C-N	-57.69	58.12	122.73
1	A	1427	GLY	CA-C-N	-51.40	34.17	122.07
1	A	1427	GLY	C-N-CA	-51.40	34.17	122.07
1	A	1230	GLY	CA-C-N	-35.69	53.37	121.54
1	A	1230	GLY	C-N-CA	-35.69	53.37	121.54
1	A	1869	LEU	O-C-N	-32.94	81.53	122.71
1	A	1197	THR	O-C-N	32.85	157.57	122.09
1	A	1662	GLN	CA-C-N	-28.51	70.38	121.70
1	A	1662	GLN	C-N-CA	-28.51	70.38	121.70
1	A	1662	GLN	O-C-N	-27.52	78.96	123.00
1	A	1236	ALA	O-C-N	-26.17	90.96	122.89
1	A	1237	GLU	N-CA-CB	24.22	151.43	110.49
1	A	1197	THR	OG1-CB-CG2	-20.81	67.68	109.30
1	A	1120	VAL	O-C-N	-20.73	99.42	122.64
1	A	1194	THR	OG1-CB-CG2	-20.50	68.30	109.30
1	A	1236	ALA	CA-C-N	19.61	159.00	121.54
1	A	1236	ALA	C-N-CA	19.61	159.00	121.54
1	A	1193	MSE	CA-CB-CG	-18.40	77.30	114.10
1	A	1195	LYS	N-CA-C	-18.12	91.57	111.14
1	A	1195	LYS	CA-CB-CG	16.62	147.33	114.10
1	A	1239	THR	OG1-CB-CG2	-16.46	76.38	109.30
1	A	1197	THR	CA-CB-OG1	15.76	133.24	109.60
1	A	1335	GLY	O-C-N	-15.38	102.71	122.70
1	A	1197	THR	CA-C-N	-14.11	94.59	121.54
1	A	1197	THR	C-N-CA	-14.11	94.59	121.54
1	A	1335	GLY	CA-C-N	13.74	147.78	121.54
1	A	1335	GLY	C-N-CA	13.74	147.78	121.54
1	A	1194	THR	CA-CB-OG1	-11.90	91.75	109.60
1	A	1194	THR	CA-CB-CG2	-10.84	92.07	110.50
1	A	1869	LEU	CA-C-O	9.84	135.32	122.63
1	A	1768	MSE	O-C-N	-9.75	114.53	123.50
1	A	1238	VAL	CG1-CB-CG2	-9.64	89.58	110.80
1	A	1386	ILE	N-CA-C	9.37	119.86	111.81
1	A	1240	PRO	N-CD-CG	-9.26	89.31	103.20
1	A	1427	GLY	O-C-N	-8.93	110.52	123.11
1	A	1230	GLY	N-CA-C	-8.29	105.20	114.40
1	A	1768	MSE	CA-C-N	7.26	135.40	121.54
1	A	1768	MSE	C-N-CA	7.26	135.40	121.54
1	A	1240	PRO	N-CA-CB	6.83	110.76	103.39
1	A	1237	GLU	CB-CA-C	-6.59	97.31	110.42
1	A	1424	GLU	N-CA-C	-6.48	103.45	111.75
1	A	1240	PRO	CA-CB-CG	-6.36	92.42	104.50
1	A	1076	GLN	N-CA-C	6.27	120.03	112.38

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
1	A	1714	THR	N-CA-C	-6.08	104.74	111.36
1	A	1425	ASP	N-CA-C	6.05	123.68	110.80
1	A	1377	ILE	N-CA-C	6.04	119.57	113.47
1	A	1240	PRO	CB-CG-CD	5.93	125.08	106.10
1	A	1624	PHE	N-CA-C	5.78	117.66	111.36
1	A	1639	GLU	N-CA-C	-5.67	103.74	111.56
1	A	1385	HIS	N-CA-C	5.60	120.24	112.45
1	A	1594	THR	N-CA-C	5.46	117.32	108.41
1	A	1884	ASP	CA-C-N	5.29	125.35	119.32
1	A	1884	ASP	C-N-CA	5.29	125.35	119.32
1	A	1433	CYS	N-CA-C	5.24	117.03	108.55
1	A	1029	ALA	N-CA-C	-5.21	105.60	111.28
1	A	1218	ASP	CA-C-N	5.15	124.87	119.82
1	A	1218	ASP	C-N-CA	5.15	124.87	119.82
1	A	1241	ALA	O-C-N	5.09	127.58	122.09
1	A	1715	GLY	N-CA-C	5.07	124.32	116.01
1	A	1536	ILE	N-CA-C	-5.07	107.81	112.83
1	A	1160	LYS	N-CA-C	5.03	116.45	111.07
1	A	1686	ILE	N-CA-C	5.01	114.49	106.88

All (1) chirality outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atom
1	A	1237	GLU	CA

All (7) planarity outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Group
1	A	1230	GLY	Mainchain
1	A	1236	ALA	Peptide
1	A	1241	ALA	Mainchain
1	A	1427	GLY	Mainchain
1	A	1768	MSE	Mainchain,Peptide
1	A	1869	LEU	Mainchain

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	7599	0	7561	1309	0
All	All	7599	0	7561	1309	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 87.

All (1309) 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:1171:ILE:CB	1:A:1241:ALA:HB1	1.20	1.64
1:A:1283:ALA:HB2	1:A:1328:ILE:CG2	1.22	1.61
1:A:1171:ILE:CG2	1:A:1241:ALA:HB1	1.15	1.61
1:A:1162:GLN:CG	1:A:1367:ILE:HG23	1.27	1.59
1:A:1126:LYS:HB2	1:A:1363:TYR:CA	1.14	1.57
1:A:1126:LYS:CB	1:A:1363:TYR:HA	1.11	1.57
1:A:1841:ARG:HA	1:A:1848:HIS:CD2	1.34	1.57
1:A:1193:MSE:CG	1:A:1197:THR:HG23	1.10	1.56
1:A:1286:LEU:HD12	1:A:1328:ILE:CG1	1.31	1.55
1:A:1161:ASP:CB	1:A:1371:LEU:HD23	1.32	1.54
1:A:1171:ILE:HG21	1:A:1241:ALA:CB	1.34	1.54
1:A:1091:VAL:CG1	1:A:1131:HIS:HB3	1.33	1.54
1:A:1126:LYS:CE	1:A:1366:ALA:N	1.70	1.53
1:A:1162:GLN:C	1:A:1370:ASP:CB	1.78	1.53
1:A:1162:GLN:CA	1:A:1370:ASP:HB3	1.39	1.52
1:A:1841:ARG:CG	1:A:1844:LEU:HB3	1.38	1.51
1:A:1195:LYS:CG	1:A:1195:LYS:CB	1.85	1.51
1:A:1238:VAL:CB	1:A:1238:VAL:CG1	1.89	1.51
1:A:1655:LEU:HD12	1:A:1665:ILE:CG2	1.42	1.50
1:A:1126:LYS:CE	1:A:1366:ALA:CA	1.87	1.50
1:A:1241:ALA:C	1:A:1242:THR:CA	1.82	1.49
1:A:1762:GLY:C	1:A:1765:ARG:H	1.19	1.49
1:A:1193:MSE:CG	1:A:1197:THR:CG2	1.91	1.49
1:A:1193:MSE:SE	1:A:1197:THR:HG23	1.63	1.49
1:A:1193:MSE:CE	1:A:1245:ILE:HD11	1.39	1.48
1:A:1842:GLY:N	1:A:1844:LEU:CD2	1.74	1.48
1:A:1464:ASN:HB2	1:A:1926:LEU:CD2	1.41	1.47
1:A:1207:ARG:NH2	1:A:1441:ALA:H	0.99	1.47
1:A:1126:LYS:HE3	1:A:1366:ALA:CA	1.03	1.47
1:A:1283:ALA:CB	1:A:1328:ILE:HG21	1.43	1.47
1:A:1763:GLU:N	1:A:1852:VAL:HG22	1.19	1.46
1:A:1842:GLY:HA2	1:A:1843:GLU:C	1.08	1.45
1:A:1335:GLY:C	1:A:1336:ASP:N	1.67	1.45

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1239:THR:CG2	1:A:1239:THR:CB	1.90	1.45
1:A:1655:LEU:CD2	1:A:1727:HIS:HD1	1.26	1.45
1:A:1197:THR:C	1:A:1198:GLU:N	1.75	1.44
1:A:1286:LEU:CD1	1:A:1328:ILE:HG12	1.47	1.44
1:A:1241:ALA:CA	1:A:1242:THR:N	1.75	1.44
1:A:1842:GLY:H	1:A:1844:LEU:CD2	1.26	1.44
1:A:1123:VAL:HG11	1:A:1386:ILE:CA	1.42	1.43
1:A:1193:MSE:CE	1:A:1245:ILE:CD1	1.96	1.43
1:A:1779:ASP:HA	1:A:1780:ALA:N	1.28	1.43
1:A:1126:LYS:CE	1:A:1366:ALA:CB	1.93	1.43
1:A:1124:ALA:HB2	1:A:1389:TYR:CD1	0.91	1.43
1:A:1193:MSE:HG2	1:A:1197:THR:CG2	1.47	1.42
1:A:1120:VAL:C	1:A:1121:ASN:N	1.76	1.42
1:A:1283:ALA:CB	1:A:1328:ILE:CG2	1.96	1.41
1:A:1126:LYS:CE	1:A:1366:ALA:HB2	1.46	1.41
1:A:1571:ASN:ND2	1:A:1924:ASN:ND2	1.63	1.41
1:A:1768:MSE:HE1	1:A:1856:ASP:CG	1.46	1.41
1:A:1778:ASN:HB2	1:A:1780:ALA:C	1.34	1.41
1:A:1163:VAL:C	1:A:1370:ASP:OD1	1.64	1.40
1:A:1652:PRO:CD	1:A:1942:GLU:O	1.69	1.40
1:A:1161:ASP:HB2	1:A:1371:LEU:CD2	1.51	1.40
1:A:1597:HIS:CD2	1:A:1923:THR:OG1	1.73	1.40
1:A:1207:ARG:HH21	1:A:1441:ALA:N	1.16	1.40
1:A:1171:ILE:CB	1:A:1241:ALA:CB	1.97	1.40
1:A:1841:ARG:HG2	1:A:1844:LEU:CB	1.51	1.39
1:A:1208:PHE:CD2	1:A:1232:THR:CG2	1.86	1.38
1:A:1161:ASP:CB	1:A:1371:LEU:CD2	2.02	1.37
1:A:1171:ILE:CG2	1:A:1241:ALA:CB	1.88	1.37
1:A:1208:PHE:CG	1:A:1232:THR:HG22	1.59	1.36
1:A:1123:VAL:CG1	1:A:1386:ILE:HA	1.28	1.35
1:A:1229:LEU:CD1	1:A:1232:THR:HG23	1.55	1.35
1:A:1662:GLN:HA	1:A:1693:SER:N	1.42	1.35
1:A:1193:MSE:HE3	1:A:1245:ILE:CD1	1.54	1.34
1:A:1208:PHE:CD2	1:A:1232:THR:HG22	1.22	1.34
1:A:1597:HIS:CB	1:A:1923:THR:O	1.74	1.34
1:A:1663:LYS:H	1:A:1692:LEU:CB	1.18	1.34
1:A:1663:LYS:C	1:A:1665:ILE:HD13	1.52	1.34
1:A:1126:LYS:CG	1:A:1366:ALA:CB	2.04	1.33
1:A:1124:ALA:CA	1:A:1389:TYR:CE1	2.08	1.33
1:A:1095:CYS:SG	1:A:1135:ALA:CB	2.15	1.33
1:A:1841:ARG:C	1:A:1844:LEU:HA	1.52	1.32

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1658:VAL:HG13	1:A:1663:LYS:NZ	1.31	1.32
1:A:1124:ALA:CB	1:A:1389:TYR:CZ	1.85	1.31
1:A:1651:GLU:O	1:A:1863:SER:HB2	1.20	1.31
1:A:1186:LYS:NZ	1:A:1216:ILE:O	1.62	1.31
1:A:1206:GLU:HG2	1:A:1210:PRO:CD	1.60	1.31
1:A:1283:ALA:CA	1:A:1328:ILE:HG21	1.59	1.31
1:A:1663:LYS:O	1:A:1665:ILE:HD13	1.19	1.31
1:A:1763:GLU:N	1:A:1841:ARG:NE	1.74	1.31
1:A:1172:PRO:HA	1:A:1244:SER:OG	1.27	1.30
1:A:1776:ASN:HB3	1:A:1779:ASP:CG	1.27	1.30
1:A:1778:ASN:CB	1:A:1780:ALA:C	1.91	1.30
1:A:1203:LYS:O	1:A:1207:ARG:N	1.65	1.29
1:A:1164:ALA:N	1:A:1370:ASP:CG	1.90	1.29
1:A:1648:LYS:HD2	1:A:1940:GLU:OE1	1.22	1.29
1:A:1442:LYS:CD	1:A:1887:ILE:CG2	2.10	1.28
1:A:1238:VAL:HG11	1:A:1272:MSE:CG	1.61	1.28
1:A:1655:LEU:CD1	1:A:1665:ILE:CG2	2.11	1.28
1:A:1162:GLN:O	1:A:1370:ASP:HB2	1.20	1.28
1:A:1088:VAL:O	1:A:1131:HIS:NE2	1.67	1.27
1:A:1206:GLU:CG	1:A:1209:ILE:HB	1.39	1.27
1:A:1464:ASN:C	1:A:1903:LYS:NZ	1.91	1.27
1:A:1126:LYS:HE3	1:A:1366:ALA:N	0.94	1.27
1:A:1197:THR:OG1	1:A:1197:THR:CB	1.80	1.26
1:A:1229:LEU:CD1	1:A:1232:THR:CG2	2.13	1.26
1:A:1568:GLU:CD	1:A:1924:ASN:O	1.75	1.26
1:A:1865:GLN:OE1	1:A:1866:PHE:HA	1.30	1.26
1:A:1463:PRO:HD3	1:A:1929:ASP:OD1	1.24	1.26
1:A:1122:PRO:CG	1:A:1385:HIS:ND1	1.98	1.26
1:A:1572:HIS:HA	1:A:1950:HIS:NE2	1.48	1.25
1:A:1161:ASP:CB	1:A:1371:LEU:HA	1.67	1.25
1:A:1126:LYS:NZ	1:A:1337:VAL:HG13	1.48	1.25
1:A:1162:GLN:HG3	1:A:1367:ILE:CG2	1.65	1.25
1:A:1236:ALA:O	1:A:1275:LEU:HD13	1.35	1.25
1:A:1768:MSE:HE1	1:A:1856:ASP:OD2	1.28	1.24
1:A:1777:GLU:OE1	1:A:1783:MSE:HG2	1.12	1.24
1:A:1189:ALA:O	1:A:1193:MSE:CB	1.85	1.24
1:A:1442:LYS:HD2	1:A:1887:ILE:CG2	1.53	1.23
1:A:1663:LYS:O	1:A:1692:LEU:CD2	1.85	1.23
1:A:1091:VAL:CG1	1:A:1131:HIS:CB	2.17	1.23
1:A:1126:LYS:CG	1:A:1366:ALA:HB3	1.64	1.23
1:A:1171:ILE:HG21	1:A:1241:ALA:CA	1.66	1.23

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1165:LEU:H	1:A:1370:ASP:CA	1.52	1.22
1:A:1776:ASN:HB3	1:A:1779:ASP:OD1	1.05	1.22
1:A:1842:GLY:N	1:A:1844:LEU:HD23	0.91	1.22
1:A:1164:ALA:H	1:A:1370:ASP:CG	1.44	1.22
1:A:1464:ASN:C	1:A:1903:LYS:HZ2	1.47	1.22
1:A:1241:ALA:O	1:A:1242:THR:N	1.71	1.22
1:A:1095:CYS:SG	1:A:1135:ALA:HB2	1.78	1.21
1:A:1099:GLY:CA	1:A:1141:LYS:HG3	1.70	1.21
1:A:1161:ASP:HB3	1:A:1371:LEU:CA	1.70	1.21
1:A:1162:GLN:C	1:A:1370:ASP:CG	2.05	1.21
1:A:1663:LYS:HG3	1:A:1665:ILE:CG2	1.71	1.21
1:A:1568:GLU:CG	1:A:1924:ASN:O	1.89	1.21
1:A:1763:GLU:N	1:A:1852:VAL:CG2	2.02	1.21
1:A:1164:ALA:CA	1:A:1370:ASP:OD1	1.86	1.21
1:A:1597:HIS:HB3	1:A:1923:THR:O	1.06	1.20
1:A:1463:PRO:CD	1:A:1929:ASP:OD1	1.88	1.20
1:A:1469:SER:CB	1:A:1898:GLY:H	1.50	1.20
1:A:1778:ASN:HB2	1:A:1780:ALA:CA	1.72	1.20
1:A:1808:THR:OG1	1:A:1844:LEU:CD1	1.88	1.20
1:A:1776:ASN:CB	1:A:1779:ASP:CG	1.95	1.20
1:A:1171:ILE:CG2	1:A:1241:ALA:O	1.91	1.19
1:A:1764:ASP:N	1:A:1857:MSE:CE	2.05	1.19
1:A:1091:VAL:HG11	1:A:1131:HIS:CB	1.71	1.19
1:A:1165:LEU:N	1:A:1370:ASP:HA	1.40	1.19
1:A:1650:PRO:O	1:A:1941:PHE:HE1	1.26	1.19
1:A:1658:VAL:N	1:A:1663:LYS:NZ	1.89	1.19
1:A:1841:ARG:CA	1:A:1848:HIS:CD2	2.26	1.18
1:A:1762:GLY:C	1:A:1765:ARG:N	2.01	1.18
1:A:1240:PRO:CG	1:A:1281:VAL:HG13	1.72	1.18
1:A:1597:HIS:CD2	1:A:1923:THR:CB	2.26	1.18
1:A:1842:GLY:CA	1:A:1844:LEU:HD23	1.74	1.17
1:A:1163:VAL:N	1:A:1370:ASP:CG	1.99	1.17
1:A:1197:THR:C	1:A:1199:THR:N	2.02	1.17
1:A:1464:ASN:HB2	1:A:1926:LEU:HD21	1.20	1.17
1:A:1091:VAL:HB	1:A:1131:HIS:CG	1.79	1.17
1:A:1161:ASP:HB3	1:A:1371:LEU:HD23	1.19	1.17
1:A:1652:PRO:HD2	1:A:1942:GLU:O	1.45	1.17
1:A:1658:VAL:CG1	1:A:1663:LYS:NZ	1.77	1.17
1:A:1768:MSE:HE1	1:A:1856:ASP:CB	1.73	1.17
1:A:1663:LYS:N	1:A:1692:LEU:CG	1.94	1.17
1:A:1283:ALA:CB	1:A:1328:ILE:CB	2.20	1.16

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1861:LEU:HD21	1:A:1865:GLN:CA	1.66	1.16
1:A:1125:ILE:HG22	1:A:1367:ILE:HG13	1.16	1.16
1:A:1283:ALA:HB2	1:A:1328:ILE:HG22	1.28	1.16
1:A:1663:LYS:H	1:A:1692:LEU:CG	1.54	1.16
1:A:1842:GLY:C	1:A:1843:GLU:O	1.89	1.16
1:A:1171:ILE:HB	1:A:1241:ALA:CB	1.74	1.15
1:A:1568:GLU:OE1	1:A:1924:ASN:O	1.60	1.15
1:A:1088:VAL:HG11	1:A:1127:ALA:O	1.44	1.15
1:A:1171:ILE:CG2	1:A:1241:ALA:CA	2.21	1.15
1:A:1763:GLU:N	1:A:1841:ARG:CD	2.10	1.15
1:A:1237:GLU:HG3	1:A:1275:LEU:O	1.46	1.15
1:A:1240:PRO:HG3	1:A:1281:VAL:CG1	1.77	1.15
1:A:1470:THR:N	1:A:1897:SER:CB	2.09	1.15
1:A:1088:VAL:O	1:A:1131:HIS:CD2	1.99	1.14
1:A:1609:ILE:HG13	1:A:1624:PHE:HB2	1.15	1.14
1:A:1861:LEU:HD21	1:A:1865:GLN:HA	1.29	1.14
1:A:1162:GLN:CG	1:A:1367:ILE:CG2	2.22	1.14
1:A:1099:GLY:HA3	1:A:1141:LYS:HG3	1.14	1.13
1:A:1334:ALA:HA	1:A:1339:THR:HG21	1.19	1.13
1:A:1171:ILE:HG21	1:A:1241:ALA:C	1.72	1.12
1:A:1841:ARG:O	1:A:1844:LEU:HA	1.45	1.12
1:A:1091:VAL:HB	1:A:1131:HIS:CD2	1.83	1.12
1:A:1334:ALA:CA	1:A:1339:THR:HG21	1.77	1.12
1:A:1655:LEU:CD1	1:A:1665:ILE:HG21	1.74	1.12
1:A:1663:LYS:HG3	1:A:1665:ILE:HG21	1.20	1.12
1:A:1126:LYS:CG	1:A:1366:ALA:HB2	1.72	1.12
1:A:1171:ILE:CG1	1:A:1241:ALA:HB1	1.78	1.12
1:A:1663:LYS:C	1:A:1692:LEU:HG	1.44	1.11
1:A:1768:MSE:CE	1:A:1856:ASP:CB	2.28	1.11
1:A:1162:GLN:O	1:A:1370:ASP:CB	1.86	1.11
1:A:1655:LEU:CD2	1:A:1727:HIS:ND1	2.10	1.11
1:A:1768:MSE:CE	1:A:1856:ASP:HB2	1.79	1.11
1:A:1779:ASP:CA	1:A:1780:ALA:N	2.12	1.11
1:A:1663:LYS:CG	1:A:1665:ILE:CG2	2.28	1.11
1:A:1764:ASP:N	1:A:1857:MSE:SE	2.34	1.11
1:A:1842:GLY:HA2	1:A:1844:LEU:N	1.65	1.11
1:A:1774:GLN:HE22	1:A:1849:SER:CB	1.62	1.11
1:A:1124:ALA:HB1	1:A:1389:TYR:CE1	1.66	1.10
1:A:1469:SER:OG	1:A:1898:GLY:N	1.85	1.10
1:A:1658:VAL:H	1:A:1663:LYS:NZ	1.42	1.10
1:A:1658:VAL:HG12	1:A:1664:ALA:C	1.76	1.10

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1166:ARG:NH2	1:A:1366:ALA:HA	1.65	1.10
1:A:1193:MSE:HE1	1:A:1245:ILE:CD1	1.71	1.10
1:A:1286:LEU:CD1	1:A:1328:ILE:CG1	2.15	1.10
1:A:1655:LEU:HD12	1:A:1663:LYS:HG3	1.18	1.10
1:A:1162:GLN:HG2	1:A:1367:ILE:HG23	1.22	1.10
1:A:1469:SER:CB	1:A:1898:GLY:N	1.92	1.10
1:A:1197:THR:CA	1:A:1198:GLU:N	2.14	1.10
1:A:1207:ARG:NH2	1:A:1441:ALA:N	1.82	1.10
1:A:1229:LEU:HD12	1:A:1232:THR:CG2	1.75	1.10
1:A:1776:ASN:CB	1:A:1779:ASP:OD1	1.93	1.10
1:A:1171:ILE:CG2	1:A:1241:ALA:C	2.25	1.09
1:A:1236:ALA:O	1:A:1275:LEU:CD1	2.00	1.09
1:A:1841:ARG:HB3	1:A:1844:LEU:HD22	1.25	1.09
1:A:1088:VAL:CG1	1:A:1127:ALA:O	1.99	1.09
1:A:1190:THR:HG21	1:A:1213:ILE:HD13	1.26	1.09
1:A:1239:THR:CB	1:A:1239:THR:OG1	1.99	1.09
1:A:1648:LYS:HB3	1:A:1940:GLU:HB2	1.17	1.09
1:A:1763:GLU:N	1:A:1841:ARG:HE	1.38	1.09
1:A:1237:GLU:N	1:A:1275:LEU:HD13	1.67	1.08
1:A:1469:SER:HB3	1:A:1898:GLY:H	0.98	1.08
1:A:1652:PRO:HD3	1:A:1942:GLU:O	1.52	1.08
1:A:1777:GLU:OE1	1:A:1783:MSE:CB	2.01	1.08
1:A:1206:GLU:HG2	1:A:1210:PRO:HD3	1.24	1.08
1:A:1662:GLN:HA	1:A:1692:LEU:C	1.63	1.08
1:A:1091:VAL:HG12	1:A:1131:HIS:HB3	1.14	1.08
1:A:1126:LYS:HG2	1:A:1366:ALA:CB	1.83	1.08
1:A:1162:GLN:C	1:A:1370:ASP:HB3	1.58	1.08
1:A:1280:GLN:O	1:A:1331:LEU:CD1	2.01	1.08
1:A:1647:PHE:CZ	1:A:1937:ALA:HB2	1.88	1.08
1:A:1126:LYS:HE2	1:A:1366:ALA:CB	1.71	1.08
1:A:1656:GLU:O	1:A:1727:HIS:CD2	2.06	1.08
1:A:1663:LYS:HE3	1:A:1665:ILE:HG22	1.34	1.08
1:A:1464:ASN:CB	1:A:1926:LEU:HD21	1.82	1.08
1:A:1841:ARG:HG3	1:A:1848:HIS:HB2	1.35	1.08
1:A:1162:GLN:CA	1:A:1370:ASP:CB	2.21	1.07
1:A:1193:MSE:SE	1:A:1197:THR:CG2	2.43	1.07
1:A:1239:THR:HB	1:A:1240:PRO:CD	1.83	1.07
1:A:1283:ALA:CB	1:A:1328:ILE:HB	1.81	1.07
1:A:1442:LYS:HD2	1:A:1887:ILE:HG23	1.14	1.07
1:A:1650:PRO:O	1:A:1941:PHE:CE1	2.06	1.07
1:A:1842:GLY:CA	1:A:1843:GLU:O	0.78	1.07

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1124:ALA:HB3	1:A:1389:TYR:CZ	1.66	1.07
1:A:1190:THR:HG21	1:A:1213:ILE:CD1	1.83	1.07
1:A:1240:PRO:O	1:A:1243:LEU:HB2	1.53	1.07
1:A:1764:ASP:HA	1:A:1857:MSE:HE1	1.35	1.07
1:A:1280:GLN:O	1:A:1331:LEU:HD11	1.29	1.07
1:A:1764:ASP:CA	1:A:1857:MSE:HE1	1.84	1.07
1:A:1126:LYS:CD	1:A:1366:ALA:HB2	1.84	1.07
1:A:1193:MSE:HG2	1:A:1197:THR:HG21	1.33	1.07
1:A:1658:VAL:CA	1:A:1663:LYS:HZ2	1.29	1.07
1:A:1662:GLN:CA	1:A:1692:LEU:C	2.26	1.07
1:A:1122:PRO:CB	1:A:1385:HIS:ND1	2.18	1.06
1:A:1235:VAL:HG21	1:A:1436:SER:O	1.55	1.06
1:A:1655:LEU:HD22	1:A:1727:HIS:ND1	1.67	1.06
1:A:1162:GLN:NE2	1:A:1371:LEU:HD21	1.69	1.06
1:A:1186:LYS:HD3	1:A:1216:ILE:HG22	1.33	1.06
1:A:1206:GLU:HG3	1:A:1209:ILE:HB	1.29	1.06
1:A:1238:VAL:HG21	1:A:1272:MSE:CA	1.85	1.06
1:A:1332:SER:O	1:A:1336:ASP:OD2	1.74	1.06
1:A:1464:ASN:CB	1:A:1926:LEU:CD2	2.33	1.06
1:A:1609:ILE:CG1	1:A:1624:PHE:HB2	1.85	1.06
1:A:1655:LEU:HD13	1:A:1665:ILE:HB	1.34	1.06
1:A:1099:GLY:O	1:A:1141:LYS:NZ	1.88	1.06
1:A:1658:VAL:HG12	1:A:1664:ALA:O	1.56	1.06
1:A:1470:THR:N	1:A:1897:SER:HB3	1.14	1.05
1:A:1655:LEU:CD2	1:A:1728:GLU:O	2.04	1.05
1:A:1238:VAL:HG11	1:A:1272:MSE:HG2	1.12	1.05
1:A:1572:HIS:HA	1:A:1950:HIS:CE1	1.90	1.05
1:A:1658:VAL:CG1	1:A:1663:LYS:HZ1	1.47	1.05
1:A:1238:VAL:HG21	1:A:1272:MSE:HA	1.39	1.05
1:A:1238:VAL:CG1	1:A:1272:MSE:CG	2.35	1.04
1:A:1125:ILE:HG22	1:A:1367:ILE:CG1	1.87	1.04
1:A:1334:ALA:HA	1:A:1339:THR:CG2	1.86	1.04
1:A:1469:SER:HB3	1:A:1898:GLY:N	1.60	1.04
1:A:1662:GLN:N	1:A:1692:LEU:HB2	1.70	1.04
1:A:1811:TYR:CZ	1:A:1848:HIS:HB3	1.88	1.04
1:A:1571:ASN:CG	1:A:1924:ASN:ND2	2.16	1.04
1:A:1663:LYS:CE	1:A:1665:ILE:HG22	1.87	1.04
1:A:1841:ARG:CB	1:A:1844:LEU:HD22	1.88	1.04
1:A:1206:GLU:CG	1:A:1209:ILE:CB	2.35	1.03
1:A:1240:PRO:HA	1:A:1243:LEU:CG	1.88	1.03
1:A:1663:LYS:CD	1:A:1665:ILE:HG22	1.88	1.03

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1238:VAL:CG1	1:A:1272:MSE:HG3	1.88	1.03
1:A:1126:LYS:HE3	1:A:1366:ALA:CB	1.68	1.03
1:A:1663:LYS:CD	1:A:1665:ILE:CG2	2.36	1.03
1:A:1117:VAL:HA	1:A:1128:LEU:HD21	1.35	1.03
1:A:1162:GLN:HA	1:A:1370:ASP:HB3	1.07	1.03
1:A:1178:MSE:O	1:A:1216:ILE:HG21	1.58	1.03
1:A:1286:LEU:HD12	1:A:1328:ILE:HG13	1.11	1.03
1:A:1165:LEU:H	1:A:1370:ASP:CB	1.72	1.02
1:A:1206:GLU:CG	1:A:1210:PRO:HD3	1.88	1.02
1:A:1229:LEU:HD11	1:A:1232:THR:CG2	1.90	1.02
1:A:1126:LYS:HE2	1:A:1366:ALA:HB2	1.05	1.02
1:A:1597:HIS:HB2	1:A:1923:THR:HB	1.37	1.02
1:A:1655:LEU:HD23	1:A:1728:GLU:O	1.56	1.02
1:A:1729:ASN:HA	1:A:1856:ASP:HA	1.41	1.02
1:A:1283:ALA:N	1:A:1328:ILE:HG21	1.74	1.02
1:A:1655:LEU:HD22	1:A:1727:HIS:HD1	0.88	1.02
1:A:1663:LYS:C	1:A:1665:ILE:CD1	2.31	1.02
1:A:1206:GLU:HG2	1:A:1209:ILE:HB	1.35	1.02
1:A:1808:THR:OG1	1:A:1844:LEU:HD13	1.53	1.02
1:A:1283:ALA:HB1	1:A:1328:ILE:HB	1.38	1.01
1:A:1427:GLY:H	1:A:1453:LYS:HG3	1.25	1.01
1:A:1442:LYS:CD	1:A:1887:ILE:HG23	1.80	1.01
1:A:1648:LYS:HB3	1:A:1940:GLU:CB	1.89	1.01
1:A:1809:TYR:CZ	1:A:1855:VAL:HG21	1.95	1.01
1:A:1126:LYS:CG	1:A:1363:TYR:HA	1.91	1.01
1:A:1597:HIS:CG	1:A:1923:THR:O	2.12	1.01
1:A:1193:MSE:HE3	1:A:1245:ILE:HD13	1.43	1.01
1:A:1126:LYS:NZ	1:A:1337:VAL:CG1	2.22	1.01
1:A:1161:ASP:HB3	1:A:1371:LEU:CD2	1.78	1.01
1:A:1240:PRO:HG3	1:A:1281:VAL:HG13	1.03	1.00
1:A:1161:ASP:HB2	1:A:1371:LEU:HD23	1.01	1.00
1:A:1663:LYS:O	1:A:1692:LEU:CG	2.09	1.00
1:A:1774:GLN:NE2	1:A:1849:SER:CB	2.23	1.00
1:A:1178:MSE:O	1:A:1216:ILE:CG2	2.10	1.00
1:A:1465:GLY:N	1:A:1903:LYS:HZ2	1.60	1.00
1:A:1776:ASN:CB	1:A:1779:ASP:OD2	2.10	1.00
1:A:1572:HIS:HB3	1:A:1702:ASN:HB2	1.43	1.00
1:A:1841:ARG:CG	1:A:1844:LEU:O	2.10	1.00
1:A:1091:VAL:HG11	1:A:1131:HIS:HB3	1.22	0.99
1:A:1842:GLY:CA	1:A:1843:GLU:C	1.86	0.99
1:A:1172:PRO:HA	1:A:1244:SER:CB	1.90	0.99

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1655:LEU:CD1	1:A:1665:ILE:CB	2.41	0.99
1:A:1193:MSE:HG3	1:A:1197:THR:HG23	1.41	0.99
1:A:1233:THR:H	1:A:1441:ALA:HA	1.27	0.99
1:A:1126:LYS:HG2	1:A:1366:ALA:HB2	1.37	0.99
1:A:1126:LYS:HG3	1:A:1366:ALA:HB3	1.00	0.98
1:A:1201:ASP:OD2	1:A:1481:ASP:OD1	1.79	0.98
1:A:1729:ASN:OD1	1:A:1855:VAL:HG12	1.63	0.98
1:A:1126:LYS:CD	1:A:1366:ALA:CB	2.41	0.98
1:A:1126:LYS:HZ3	1:A:1337:VAL:CG1	1.76	0.98
1:A:1655:LEU:HB2	1:A:1663:LYS:CE	1.93	0.98
1:A:1237:GLU:O	1:A:1237:GLU:HG2	1.63	0.98
1:A:1808:THR:OG1	1:A:1844:LEU:HD11	1.60	0.98
1:A:1124:ALA:CB	1:A:1389:TYR:CD1	1.76	0.98
1:A:1229:LEU:HD11	1:A:1232:THR:HG21	1.44	0.98
1:A:1240:PRO:C	1:A:1243:LEU:H	1.72	0.98
1:A:1126:LYS:HZ2	1:A:1365:ALA:HB3	1.26	0.97
1:A:1572:HIS:HB3	1:A:1702:ASN:CB	1.94	0.97
1:A:1235:VAL:HG11	1:A:1436:SER:O	1.56	0.97
1:A:1240:PRO:HA	1:A:1243:LEU:HD12	1.43	0.97
1:A:1663:LYS:O	1:A:1692:LEU:HG	1.64	0.97
1:A:1197:THR:CG2	1:A:1197:THR:CB	2.43	0.97
1:A:1197:THR:N	1:A:1198:GLU:N	2.13	0.97
1:A:1463:PRO:HA	1:A:1929:ASP:HB2	1.44	0.97
1:A:1663:LYS:O	1:A:1665:ILE:CD1	2.12	0.97
1:A:1663:LYS:O	1:A:1692:LEU:HD23	1.62	0.97
1:A:1197:THR:C	1:A:1198:GLU:CA	2.37	0.97
1:A:1663:LYS:H	1:A:1692:LEU:HB2	0.88	0.97
1:A:1774:GLN:NE2	1:A:1849:SER:HB3	1.78	0.97
1:A:1240:PRO:HA	1:A:1243:LEU:CD1	1.93	0.97
1:A:1283:ALA:HB2	1:A:1328:ILE:CB	1.90	0.97
1:A:1655:LEU:CD1	1:A:1665:ILE:HB	1.94	0.97
1:A:1171:ILE:HG22	1:A:1241:ALA:O	1.61	0.97
1:A:1427:GLY:N	1:A:1453:LYS:HG3	1.80	0.96
1:A:1442:LYS:HB2	1:A:1891:SER:OG	1.64	0.96
1:A:1333:HIS:HA	1:A:1336:ASP:HB2	1.46	0.96
1:A:1620:TYR:HB3	1:A:1627:PHE:HB2	1.44	0.96
1:A:1764:ASP:N	1:A:1857:MSE:HE2	1.79	0.96
1:A:1206:GLU:HG2	1:A:1210:PRO:HD2	1.46	0.96
1:A:1464:ASN:C	1:A:1903:LYS:HZ1	1.68	0.96
1:A:1197:THR:C	1:A:1198:GLU:C	2.33	0.96
1:A:1571:ASN:CG	1:A:1924:ASN:HD22	1.73	0.96

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1171:ILE:HB	1:A:1241:ALA:HB2	1.45	0.95
1:A:1122:PRO:HB2	1:A:1385:HIS:ND1	1.79	0.95
1:A:1568:GLU:HG3	1:A:1924:ASN:O	1.63	0.95
1:A:1841:ARG:CA	1:A:1848:HIS:HD2	1.70	0.95
1:A:1841:ARG:HG3	1:A:1844:LEU:O	1.66	0.95
1:A:1240:PRO:O	1:A:1243:LEU:N	1.99	0.95
1:A:1317:ARG:O	1:A:1322:VAL:N	2.00	0.95
1:A:1233:THR:N	1:A:1441:ALA:HA	1.81	0.95
1:A:1334:ALA:C	1:A:1339:THR:HG21	1.92	0.95
1:A:1572:HIS:HB3	1:A:1702:ASN:CG	1.90	0.95
1:A:1597:HIS:CD2	1:A:1923:THR:HB	2.00	0.94
1:A:1841:ARG:HG2	1:A:1844:LEU:CA	1.97	0.94
1:A:1126:LYS:HE3	1:A:1366:ALA:HA	1.48	0.94
1:A:1067:MSE:CE	1:A:1094:ILE:HG23	1.98	0.94
1:A:1809:TYR:OH	1:A:1855:VAL:HG21	1.68	0.94
1:A:1126:LYS:HG3	1:A:1366:ALA:CB	1.80	0.94
1:A:1841:ARG:C	1:A:1844:LEU:CA	2.40	0.94
1:A:1464:ASN:HB2	1:A:1926:LEU:HD22	1.47	0.94
1:A:1283:ALA:CA	1:A:1328:ILE:CG2	2.29	0.93
1:A:1099:GLY:O	1:A:1141:LYS:CE	2.15	0.93
1:A:1860:ALA:O	1:A:1912:GLN:O	1.86	0.93
1:A:1126:LYS:HB2	1:A:1363:TYR:CB	1.97	0.93
1:A:1801:SER:C	1:A:1851:MSE:HE3	1.93	0.93
1:A:1283:ALA:HB2	1:A:1328:ILE:HG21	1.05	0.93
1:A:1126:LYS:HZ1	1:A:1337:VAL:HG13	1.01	0.93
1:A:1233:THR:OG1	1:A:1438:ALA:O	1.84	0.93
1:A:1246:MSE:HE2	1:A:1246:MSE:HA	1.51	0.93
1:A:1333:HIS:HA	1:A:1336:ASP:CB	1.98	0.93
1:A:1597:HIS:CG	1:A:1923:THR:C	2.47	0.93
1:A:1228:LEU:HD22	1:A:1892:ARG:NH2	1.83	0.93
1:A:1651:GLU:O	1:A:1863:SER:CB	2.15	0.93
1:A:1193:MSE:HE1	1:A:1245:ILE:HD11	0.93	0.93
1:A:1189:ALA:O	1:A:1193:MSE:HB3	1.68	0.92
1:A:1286:LEU:HD11	1:A:1328:ILE:HG12	1.51	0.92
1:A:1648:LYS:CB	1:A:1940:GLU:HB2	1.97	0.92
1:A:1658:VAL:N	1:A:1663:LYS:HZ2	1.54	0.92
1:A:1122:PRO:HG3	1:A:1385:HIS:ND1	1.83	0.92
1:A:1197:THR:C	1:A:1199:THR:H	1.75	0.92
1:A:1186:LYS:CD	1:A:1216:ILE:HG22	1.98	0.92
1:A:1655:LEU:HD13	1:A:1665:ILE:CB	1.98	0.92
1:A:1842:GLY:N	1:A:1844:LEU:HA	1.83	0.92

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1656:GLU:O	1:A:1727:HIS:HD2	1.50	0.92
1:A:1778:ASN:HB3	1:A:1780:ALA:C	1.95	0.92
1:A:1609:ILE:HG13	1:A:1624:PHE:CB	1.99	0.91
1:A:1655:LEU:HB3	1:A:1727:HIS:CG	1.60	0.91
1:A:1162:GLN:HG3	1:A:1367:ILE:HG23	0.92	0.91
1:A:1572:HIS:HA	1:A:1950:HIS:HE2	1.33	0.91
1:A:1764:ASP:CA	1:A:1857:MSE:CE	2.44	0.91
1:A:1161:ASP:HB3	1:A:1371:LEU:HA	0.93	0.91
1:A:1811:TYR:OH	1:A:1851:MSE:HB2	1.49	0.91
1:A:1123:VAL:HG22	1:A:1386:ILE:HG13	1.51	0.91
1:A:1171:ILE:HG13	1:A:1241:ALA:CB	2.00	0.91
1:A:1228:LEU:HD22	1:A:1892:ARG:HH21	1.34	0.91
1:A:1655:LEU:HB2	1:A:1663:LYS:HE2	1.49	0.90
1:A:1662:GLN:N	1:A:1692:LEU:C	2.29	0.90
1:A:1861:LEU:HB3	1:A:1866:PHE:N	1.86	0.90
1:A:1240:PRO:O	1:A:1243:LEU:CB	2.19	0.90
1:A:1597:HIS:HD2	1:A:1923:THR:OG1	1.21	0.90
1:A:1648:LYS:CD	1:A:1940:GLU:OE1	2.16	0.90
1:A:1464:ASN:O	1:A:1903:LYS:NZ	2.02	0.90
1:A:1597:HIS:CB	1:A:1923:THR:HB	2.02	0.90
1:A:1663:LYS:C	1:A:1692:LEU:CG	2.33	0.90
1:A:1663:LYS:C	1:A:1665:ILE:CG2	2.43	0.90
1:A:1811:TYR:OH	1:A:1848:HIS:HB3	1.69	0.90
1:A:1655:LEU:CD1	1:A:1663:LYS:HG3	2.01	0.90
1:A:1091:VAL:HG11	1:A:1131:HIS:HB2	1.53	0.90
1:A:1171:ILE:CG1	1:A:1241:ALA:CB	2.41	0.90
1:A:1655:LEU:CB	1:A:1663:LYS:HE2	2.00	0.90
1:A:1098:ALA:HB3	1:A:1144:GLU:HG3	1.51	0.90
1:A:1861:LEU:CD2	1:A:1865:GLN:HA	2.01	0.90
1:A:1651:GLU:HG2	1:A:1942:GLU:CB	2.02	0.89
1:A:1802:ARG:HH12	1:A:1854:GLU:HB2	1.37	0.89
1:A:1125:ILE:H	1:A:1367:ILE:HD11	1.37	0.89
1:A:1239:THR:HB	1:A:1240:PRO:HD2	1.51	0.89
1:A:1655:LEU:HB2	1:A:1663:LYS:CG	2.02	0.89
1:A:1123:VAL:HA	1:A:1367:ILE:HG21	1.54	0.89
1:A:1161:ASP:CB	1:A:1371:LEU:HD22	2.03	0.89
1:A:1597:HIS:HD2	1:A:1923:THR:CB	1.73	0.89
1:A:1470:THR:H	1:A:1897:SER:HB3	1.06	0.89
1:A:1231:ALA:HB1	1:A:1441:ALA:O	1.70	0.89
1:A:1317:ARG:HA	1:A:1322:VAL:CG1	2.03	0.89
1:A:1841:ARG:HB3	1:A:1844:LEU:CD2	2.01	0.89

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1123:VAL:HG12	1:A:1389:TYR:CD2	2.08	0.88
1:A:1333:HIS:CA	1:A:1336:ASP:HB2	2.03	0.88
1:A:1777:GLU:CD	1:A:1783:MSE:HG2	1.98	0.88
1:A:1067:MSE:HE1	1:A:1094:ILE:HG23	1.55	0.88
1:A:1088:VAL:HG11	1:A:1127:ALA:C	1.99	0.88
1:A:1164:ALA:HB2	1:A:1374:GLU:HG3	1.54	0.88
1:A:1166:ARG:HH21	1:A:1366:ALA:HA	1.32	0.88
1:A:1463:PRO:HB3	1:A:1929:ASP:HB3	1.56	0.88
1:A:1655:LEU:CB	1:A:1663:LYS:CE	2.51	0.88
1:A:1841:ARG:HA	1:A:1848:HIS:CG	2.08	0.88
1:A:1235:VAL:CG2	1:A:1436:SER:O	2.21	0.88
1:A:1229:LEU:HD12	1:A:1232:THR:HG23	0.89	0.88
1:A:1098:ALA:CB	1:A:1144:GLU:HG3	2.04	0.88
1:A:1124:ALA:HB2	1:A:1389:TYR:CE1	0.52	0.88
1:A:1190:THR:HA	1:A:1193:MSE:HB3	1.54	0.88
1:A:1238:VAL:CG1	1:A:1238:VAL:CG2	2.51	0.88
1:A:1652:PRO:CB	1:A:1692:LEU:HD22	2.04	0.88
1:A:1099:GLY:O	1:A:1141:LYS:CD	2.21	0.88
1:A:1126:LYS:CE	1:A:1366:ALA:HA	2.01	0.88
1:A:1658:VAL:CG1	1:A:1664:ALA:C	2.46	0.88
1:A:1776:ASN:HB3	1:A:1779:ASP:OD2	1.69	0.88
1:A:1663:LYS:HD2	1:A:1665:ILE:CG2	2.03	0.87
1:A:1841:ARG:CA	1:A:1844:LEU:HD22	2.03	0.87
1:A:1204:ASP:HB3	1:A:1233:THR:O	1.75	0.87
1:A:1372:ILE:HD11	1:A:1410:ALA:HB1	1.57	0.87
1:A:1652:PRO:HB2	1:A:1692:LEU:HD22	1.54	0.87
1:A:1095:CYS:SG	1:A:1135:ALA:HB1	2.14	0.87
1:A:1207:ARG:HH21	1:A:1440:GLY:C	1.81	0.87
1:A:1442:LYS:CD	1:A:1887:ILE:HG21	2.03	0.87
1:A:1205:ILE:HG21	1:A:1234:PHE:CD1	2.10	0.87
1:A:1648:LYS:CB	1:A:1940:GLU:CB	2.52	0.87
1:A:1206:GLU:CG	1:A:1210:PRO:CD	2.46	0.87
1:A:1801:SER:O	1:A:1851:MSE:CE	2.23	0.87
1:A:1161:ASP:HB2	1:A:1371:LEU:HD22	1.57	0.86
1:A:1841:ARG:HG2	1:A:1844:LEU:C	2.00	0.86
1:A:1317:ARG:O	1:A:1322:VAL:HG13	1.73	0.86
1:A:1190:THR:CA	1:A:1193:MSE:HB3	2.05	0.86
1:A:1124:ALA:CB	1:A:1389:TYR:CE1	0.89	0.86
1:A:1464:ASN:ND2	1:A:1899:GLY:O	2.08	0.86
1:A:1662:GLN:N	1:A:1692:LEU:CB	2.38	0.86
1:A:1178:MSE:HE2	1:A:1216:ILE:CD1	2.06	0.85

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1317:ARG:C	1:A:1322:VAL:HG13	2.00	0.85
1:A:1841:ARG:C	1:A:1844:LEU:CD2	2.49	0.85
1:A:1207:ARG:HH12	1:A:1233:THR:HB	1.41	0.85
1:A:1663:LYS:C	1:A:1665:ILE:HG21	2.01	0.85
1:A:1663:LYS:HD2	1:A:1665:ILE:HG23	1.55	0.85
1:A:1801:SER:O	1:A:1851:MSE:HE3	1.77	0.85
1:A:1841:ARG:O	1:A:1844:LEU:CA	2.24	0.85
1:A:1171:ILE:HG21	1:A:1242:THR:N	1.89	0.85
1:A:1658:VAL:H	1:A:1663:LYS:HZ3	0.86	0.85
1:A:1238:VAL:HG21	1:A:1272:MSE:C	2.01	0.84
1:A:1122:PRO:HG2	1:A:1385:HIS:ND1	1.91	0.84
1:A:1194:THR:CB	1:A:1194:THR:CG2	2.54	0.84
1:A:1195:LYS:CA	1:A:1198:GLU:HB2	2.07	0.84
1:A:1597:HIS:CG	1:A:1923:THR:HB	2.11	0.84
1:A:1842:GLY:HA2	1:A:1844:LEU:CA	2.07	0.84
1:A:1655:LEU:CG	1:A:1727:HIS:HD1	1.77	0.84
1:A:1166:ARG:CZ	1:A:1366:ALA:HA	2.08	0.83
1:A:1763:GLU:N	1:A:1841:ARG:HD3	1.93	0.83
1:A:1841:ARG:CD	1:A:1844:LEU:HB3	2.08	0.83
1:A:1123:VAL:CG2	1:A:1386:ILE:HG13	2.08	0.83
1:A:1647:PHE:CZ	1:A:1937:ALA:CB	2.60	0.83
1:A:1235:VAL:CG1	1:A:1436:SER:O	2.21	0.83
1:A:1280:GLN:CD	1:A:1331:LEU:HG	1.94	0.83
1:A:1652:PRO:CG	1:A:1692:LEU:HD22	2.08	0.83
1:A:1469:SER:OG	1:A:1899:GLY:N	2.11	0.83
1:A:1123:VAL:N	1:A:1389:TYR:HE2	1.77	0.83
1:A:1207:ARG:NH1	1:A:1232:THR:O	2.12	0.83
1:A:1240:PRO:O	1:A:1243:LEU:CA	2.26	0.83
1:A:1231:ALA:O	1:A:1233:THR:N	2.11	0.82
1:A:1237:GLU:OE1	1:A:1277:GLU:HG3	1.77	0.82
1:A:1658:VAL:N	1:A:1663:LYS:HZ3	1.59	0.82
1:A:1238:VAL:HG21	1:A:1272:MSE:O	1.79	0.82
1:A:1126:LYS:N	1:A:1363:TYR:CG	2.30	0.82
1:A:1189:ALA:O	1:A:1193:MSE:HB2	1.76	0.82
1:A:1190:THR:CG2	1:A:1213:ILE:CD1	2.56	0.82
1:A:1658:VAL:CG1	1:A:1664:ALA:O	2.26	0.82
1:A:1197:THR:O	1:A:1199:THR:N	2.09	0.82
1:A:1237:GLU:CD	1:A:1277:GLU:OE2	2.23	0.82
1:A:1470:THR:H	1:A:1897:SER:CB	1.83	0.82
1:A:1861:LEU:HB3	1:A:1866:PHE:HA	1.59	0.82
1:A:1280:GLN:NE2	1:A:1329:PRO:O	2.11	0.82

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1801:SER:C	1:A:1851:MSE:CE	2.53	0.82
1:A:1202:ASN:HB3	1:A:1481:ASP:OD2	1.80	0.82
1:A:1236:ALA:C	1:A:1275:LEU:HD13	2.03	0.81
1:A:1092:PRO:HD3	1:A:1131:HIS:ND1	1.95	0.81
1:A:1123:VAL:HG12	1:A:1389:TYR:HD2	1.43	0.81
1:A:1193:MSE:CE	1:A:1245:ILE:HD12	2.10	0.81
1:A:1861:LEU:HB3	1:A:1866:PHE:CA	2.10	0.81
1:A:1092:PRO:HD3	1:A:1131:HIS:CE1	2.16	0.81
1:A:1442:LYS:HD3	1:A:1887:ILE:CG2	2.08	0.81
1:A:1464:ASN:HB2	1:A:1926:LEU:HD23	1.59	0.81
1:A:1122:PRO:HG3	1:A:1385:HIS:CE1	2.14	0.81
1:A:1597:HIS:CB	1:A:1923:THR:C	2.53	0.81
1:A:1655:LEU:HD12	1:A:1665:ILE:HG22	1.61	0.81
1:A:1655:LEU:HD12	1:A:1665:ILE:HG21	0.83	0.81
1:A:1463:PRO:HA	1:A:1929:ASP:CB	2.11	0.81
1:A:1842:GLY:N	1:A:1844:LEU:HD22	1.96	0.81
1:A:1095:CYS:HB3	1:A:1135:ALA:HB1	1.63	0.80
1:A:1663:LYS:CG	1:A:1665:ILE:HG21	1.99	0.80
1:A:1193:MSE:HG3	1:A:1197:THR:CG2	2.03	0.80
1:A:1290:LEU:HD13	1:A:1326:ASP:CG	2.06	0.80
1:A:1655:LEU:CD1	1:A:1665:ILE:HG22	2.11	0.80
1:A:1099:GLY:CA	1:A:1141:LYS:CG	2.58	0.80
1:A:1099:GLY:C	1:A:1141:LYS:HZ3	1.89	0.80
1:A:1164:ALA:N	1:A:1370:ASP:OD1	0.65	0.80
1:A:1237:GLU:OE1	1:A:1277:GLU:CG	2.30	0.80
1:A:1279:PRO:O	1:A:1328:ILE:CG2	2.29	0.80
1:A:1442:LYS:NZ	1:A:1887:ILE:HG21	1.96	0.80
1:A:1841:ARG:CB	1:A:1844:LEU:HB3	2.11	0.80
1:A:1099:GLY:O	1:A:1141:LYS:HD2	1.81	0.80
1:A:1123:VAL:CG1	1:A:1386:ILE:CA	2.17	0.80
1:A:1240:PRO:CB	1:A:1281:VAL:HG13	2.12	0.80
1:A:1841:ARG:HG2	1:A:1844:LEU:O	1.76	0.80
1:A:1098:ALA:HB3	1:A:1144:GLU:CG	2.12	0.80
1:A:1808:THR:CB	1:A:1844:LEU:HD11	2.10	0.80
1:A:1658:VAL:HG11	1:A:1665:ILE:CG2	2.12	0.79
1:A:1162:GLN:HG2	1:A:1367:ILE:CG2	2.02	0.79
1:A:1193:MSE:HE3	1:A:1245:ILE:HD12	1.63	0.79
1:A:1463:PRO:N	1:A:1929:ASP:OD1	2.16	0.79
1:A:1126:LYS:NZ	1:A:1366:ALA:N	2.30	0.79
1:A:1171:ILE:HG22	1:A:1241:ALA:CA	2.11	0.79
1:A:1572:HIS:CB	1:A:1702:ASN:CG	2.43	0.79

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1165:LEU:HD21	1:A:1372:ILE:HB	1.64	0.79
1:A:1572:HIS:CA	1:A:1950:HIS:NE2	2.41	0.79
1:A:1239:THR:O	1:A:1242:THR:HB	1.83	0.79
1:A:1647:PHE:CE2	1:A:1937:ALA:HB2	2.17	0.79
1:A:1126:LYS:CD	1:A:1366:ALA:N	2.46	0.78
1:A:1841:ARG:CG	1:A:1844:LEU:CB	2.31	0.78
1:A:1597:HIS:CG	1:A:1923:THR:CB	2.67	0.78
1:A:1808:THR:HG1	1:A:1844:LEU:HD13	1.46	0.78
1:A:1840:PRO:O	1:A:1848:HIS:NE2	2.17	0.78
1:A:1238:VAL:CG2	1:A:1272:MSE:HG3	2.14	0.78
1:A:1651:GLU:HG2	1:A:1942:GLU:HB2	1.63	0.78
1:A:1655:LEU:HD13	1:A:1665:ILE:CG2	2.09	0.78
1:A:1809:TYR:OH	1:A:1855:VAL:HG11	1.84	0.78
1:A:1095:CYS:SG	1:A:1135:ALA:HB3	2.23	0.78
1:A:1729:ASN:CG	1:A:1855:VAL:HG12	2.08	0.78
1:A:1229:LEU:C	1:A:1231:ALA:N	2.42	0.77
1:A:1238:VAL:N	1:A:1275:LEU:HB3	1.98	0.77
1:A:1768:MSE:HE3	1:A:1856:ASP:OD2	1.79	0.77
1:A:1128:LEU:N	1:A:1363:TYR:CE1	2.51	0.77
1:A:1241:ALA:C	1:A:1242:THR:C	2.53	0.77
1:A:1648:LYS:HB2	1:A:1940:GLU:O	1.85	0.77
1:A:1427:GLY:H	1:A:1453:LYS:CG	1.98	0.77
1:A:1123:VAL:CG1	1:A:1389:TYR:HD2	1.98	0.77
1:A:1126:LYS:HZ2	1:A:1365:ALA:CB	1.96	0.76
1:A:1233:THR:O	1:A:1235:VAL:HG23	1.84	0.76
1:A:1842:GLY:CA	1:A:1844:LEU:HA	2.11	0.76
1:A:1160:LYS:O	1:A:1370:ASP:OD2	2.03	0.76
1:A:1239:THR:CB	1:A:1240:PRO:CD	2.56	0.76
1:A:1462:GLY:N	1:A:1927:ASP:OD2	2.19	0.76
1:A:1091:VAL:CB	1:A:1131:HIS:CG	2.64	0.76
1:A:1663:LYS:N	1:A:1692:LEU:CB	1.80	0.76
1:A:1921:GLU:HB3	1:A:1924:ASN:HB2	1.67	0.76
1:A:1663:LYS:O	1:A:1692:LEU:HD21	1.86	0.76
1:A:1240:PRO:CG	1:A:1281:VAL:CG1	2.47	0.76
1:A:1658:VAL:HG11	1:A:1665:ILE:CA	2.15	0.76
1:A:1861:LEU:HD21	1:A:1865:GLN:N	2.00	0.76
1:A:1122:PRO:HG2	1:A:1385:HIS:HA	1.67	0.76
1:A:1239:THR:HB	1:A:1240:PRO:HD3	1.65	0.76
1:A:1768:MSE:C	1:A:1770:ARG:H	1.94	0.76
1:A:1238:VAL:H	1:A:1275:LEU:HB3	1.51	0.76
1:A:1609:ILE:HG21	1:A:1624:PHE:CD1	2.21	0.76

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1164:ALA:CB	1:A:1374:GLU:HG3	2.16	0.76
1:A:1655:LEU:HB3	1:A:1727:HIS:CD2	2.09	0.76
1:A:1117:VAL:HA	1:A:1128:LEU:CD2	2.16	0.75
1:A:1172:PRO:HB3	1:A:1244:SER:HB3	1.68	0.75
1:A:1240:PRO:HA	1:A:1243:LEU:HG	1.67	0.75
1:A:1464:ASN:CG	1:A:1926:LEU:HD21	2.11	0.75
1:A:1768:MSE:SE	1:A:1856:ASP:OD2	2.54	0.75
1:A:1162:GLN:NE2	1:A:1385:HIS:CG	2.54	0.75
1:A:1172:PRO:CA	1:A:1244:SER:OG	2.22	0.75
1:A:1334:ALA:CA	1:A:1339:THR:CG2	2.57	0.75
1:A:1095:CYS:CB	1:A:1135:ALA:CB	2.64	0.75
1:A:1778:ASN:HB2	1:A:1780:ALA:N	2.02	0.75
1:A:1799:ILE:HG12	1:A:1813:CYS:SG	2.26	0.75
1:A:1067:MSE:HE1	1:A:1109:ALA:HA	1.69	0.75
1:A:1095:CYS:CB	1:A:1135:ALA:HB1	2.17	0.75
1:A:1317:ARG:HA	1:A:1322:VAL:HG13	1.68	0.75
1:A:1464:ASN:HD21	1:A:1903:LYS:HB2	1.50	0.75
1:A:1172:PRO:HA	1:A:1244:SER:HG	1.52	0.74
1:A:1178:MSE:HB3	1:A:1216:ILE:HD13	1.68	0.74
1:A:1865:GLN:OE1	1:A:1866:PHE:CA	2.25	0.74
1:A:1117:VAL:HG21	1:A:1151:ALA:HB1	1.69	0.74
1:A:1204:ASP:O	1:A:1232:THR:O	2.05	0.74
1:A:1123:VAL:HG11	1:A:1386:ILE:CB	2.17	0.74
1:A:1233:THR:CB	1:A:1438:ALA:O	2.31	0.74
1:A:1470:THR:OG1	1:A:1895:GLY:O	2.04	0.74
1:A:1652:PRO:CG	1:A:1942:GLU:O	2.34	0.74
1:A:1861:LEU:HD22	1:A:1866:PHE:HA	1.68	0.74
1:A:1123:VAL:HG11	1:A:1386:ILE:C	2.12	0.74
1:A:1123:VAL:HG22	1:A:1386:ILE:CG1	2.17	0.74
1:A:1774:GLN:NE2	1:A:1849:SER:HB2	2.02	0.74
1:A:1740:PHE:HE2	1:A:1920:ASP:HB3	1.53	0.74
1:A:1780:ALA:O	1:A:1781:GLU:N	2.15	0.74
1:A:1091:VAL:CB	1:A:1131:HIS:HB3	2.16	0.74
1:A:1317:ARG:CA	1:A:1322:VAL:HG13	2.18	0.74
1:A:1122:PRO:CG	1:A:1385:HIS:CE1	2.71	0.74
1:A:1207:ARG:HE	1:A:1440:GLY:HA2	1.52	0.74
1:A:1465:GLY:HA2	1:A:1900:GLN:CG	2.18	0.73
1:A:1714:THR:HG21	1:A:1736:LYS:HD2	1.70	0.73
1:A:1238:VAL:CB	1:A:1272:MSE:O	2.35	0.73
1:A:1238:VAL:CG2	1:A:1272:MSE:O	2.35	0.73
1:A:1125:ILE:CG2	1:A:1367:ILE:HG13	2.10	0.73

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1164:ALA:HB1	1:A:1373:ASP:CB	2.17	0.73
1:A:1652:PRO:HB2	1:A:1692:LEU:CD2	2.17	0.73
1:A:1238:VAL:CG2	1:A:1272:MSE:HA	2.18	0.73
1:A:1655:LEU:HB2	1:A:1663:LYS:HG2	1.69	0.73
1:A:1178:MSE:HE2	1:A:1216:ILE:HD12	1.71	0.73
1:A:1427:GLY:N	1:A:1453:LYS:CG	2.52	0.73
1:A:1240:PRO:CA	1:A:1243:LEU:HD12	2.16	0.73
1:A:1768:MSE:HE3	1:A:1856:ASP:HB2	1.70	0.73
1:A:1841:ARG:HA	1:A:1848:HIS:HD2	0.93	0.73
1:A:1067:MSE:CE	1:A:1109:ALA:HA	2.18	0.72
1:A:1121:ASN:HB3	1:A:1389:TYR:CZ	2.24	0.72
1:A:1494:VAL:HG11	1:A:1549:MSE:SE	2.39	0.72
1:A:1333:HIS:HB3	1:A:1339:THR:N	2.05	0.72
1:A:1465:GLY:HA2	1:A:1900:GLN:HG2	1.72	0.72
1:A:1091:VAL:CB	1:A:1131:HIS:CB	2.68	0.72
1:A:1190:THR:CG2	1:A:1213:ILE:HD13	2.11	0.72
1:A:1190:THR:O	1:A:1194:THR:N	2.23	0.72
1:A:1662:GLN:HA	1:A:1693:SER:H	1.53	0.72
1:A:1162:GLN:HE22	1:A:1371:LEU:HD21	1.52	0.71
1:A:1241:ALA:C	1:A:1242:THR:N	0.62	0.71
1:A:1165:LEU:H	1:A:1370:ASP:HA	1.02	0.71
1:A:1290:LEU:HD13	1:A:1326:ASP:OD2	1.90	0.71
1:A:1463:PRO:CA	1:A:1929:ASP:CB	2.68	0.71
1:A:1663:LYS:HG3	1:A:1665:ILE:HG22	1.67	0.71
1:A:1662:GLN:CA	1:A:1693:SER:N	2.37	0.71
1:A:1162:GLN:HB3	1:A:1367:ILE:HA	1.73	0.71
1:A:1334:ALA:O	1:A:1339:THR:HG21	1.89	0.71
1:A:1652:PRO:HD3	1:A:1942:GLU:C	2.15	0.71
1:A:1802:ARG:HD3	1:A:1851:MSE:HB3	1.72	0.71
1:A:1123:VAL:HG13	1:A:1386:ILE:HG12	1.71	0.71
1:A:1164:ALA:HB1	1:A:1373:ASP:HB3	1.72	0.71
1:A:1205:ILE:HG21	1:A:1234:PHE:CE1	2.24	0.71
1:A:1238:VAL:HG13	1:A:1272:MSE:HG3	1.71	0.71
1:A:1240:PRO:C	1:A:1243:LEU:HB2	2.15	0.71
1:A:1117:VAL:CG2	1:A:1132:LEU:HD11	2.20	0.71
1:A:1283:ALA:H	1:A:1328:ILE:HG21	1.54	0.71
1:A:1777:GLU:OE1	1:A:1783:MSE:CA	2.39	0.71
1:A:1194:THR:CB	1:A:1198:GLU:HG3	1.98	0.71
1:A:1123:VAL:CG2	1:A:1386:ILE:CG1	2.69	0.70
1:A:1229:LEU:C	1:A:1230:GLY:N	2.50	0.70
1:A:1229:LEU:C	1:A:1230:GLY:O	2.33	0.70

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1663:LYS:CA	1:A:1665:ILE:HG23	2.21	0.70
1:A:1333:HIS:HA	1:A:1336:ASP:CG	2.15	0.70
1:A:1091:VAL:CB	1:A:1131:HIS:CD2	2.71	0.70
1:A:1161:ASP:HB3	1:A:1371:LEU:CB	2.22	0.70
1:A:1163:VAL:CA	1:A:1370:ASP:OD1	2.39	0.70
1:A:1191:ALA:HA	1:A:1194:THR:HB	1.73	0.70
1:A:1067:MSE:HE3	1:A:1094:ILE:HG23	1.73	0.70
1:A:1597:HIS:HB2	1:A:1923:THR:CB	2.17	0.70
1:A:1194:THR:CG2	1:A:1194:THR:OG1	2.40	0.69
1:A:1663:LYS:N	1:A:1692:LEU:HB2	1.59	0.69
1:A:1121:ASN:OD1	1:A:1385:HIS:O	2.10	0.69
1:A:1172:PRO:CA	1:A:1244:SER:CB	2.69	0.69
1:A:1736:LYS:HG2	1:A:1738:HIS:H	1.56	0.69
1:A:1123:VAL:HG11	1:A:1386:ILE:HA	0.71	0.69
1:A:1237:GLU:OE1	1:A:1277:GLU:CD	2.35	0.69
1:A:1228:LEU:CD2	1:A:1892:ARG:HH21	2.06	0.69
1:A:1841:ARG:HG2	1:A:1844:LEU:HB3	0.78	0.69
1:A:1233:THR:HA	1:A:1438:ALA:HB1	1.72	0.69
1:A:1166:ARG:NE	1:A:1366:ALA:HB1	2.08	0.69
1:A:1426:GLU:HB3	1:A:1453:LYS:HG2	1.73	0.69
1:A:1768:MSE:O	1:A:1770:ARG:HG2	1.93	0.69
1:A:1099:GLY:HA2	1:A:1141:LYS:HG3	1.74	0.68
1:A:1231:ALA:C	1:A:1233:THR:H	2.01	0.68
1:A:1238:VAL:H	1:A:1275:LEU:CB	2.04	0.68
1:A:1658:VAL:HG11	1:A:1665:ILE:HA	1.72	0.68
1:A:1237:GLU:HA	1:A:1275:LEU:HD22	1.75	0.68
1:A:1239:THR:CG2	1:A:1239:THR:OG1	2.40	0.68
1:A:1800:HIS:HD2	1:A:1812:GLU:HG2	1.58	0.68
1:A:1227:HIS:HA	1:A:1264:LYS:NZ	2.09	0.68
1:A:1442:LYS:HD3	1:A:1887:ILE:HG21	1.73	0.68
1:A:1233:THR:CA	1:A:1438:ALA:HB1	1.93	0.68
1:A:1280:GLN:OE1	1:A:1331:LEU:HG	1.92	0.68
1:A:1465:GLY:HA2	1:A:1900:GLN:CD	2.19	0.68
1:A:1124:ALA:CA	1:A:1389:TYR:CD1	2.55	0.68
1:A:1768:MSE:CE	1:A:1856:ASP:CG	2.26	0.68
1:A:1197:THR:CG2	1:A:1197:THR:OG1	2.41	0.68
1:A:1317:ARG:HA	1:A:1322:VAL:HG11	1.75	0.68
1:A:1650:PRO:HG3	1:A:1913:ARG:HA	1.75	0.68
1:A:1809:TYR:OH	1:A:1855:VAL:CG2	2.41	0.68
1:A:1098:ALA:HB3	1:A:1144:GLU:CD	2.19	0.67
1:A:1194:THR:CB	1:A:1198:GLU:CG	2.70	0.67

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1125:ILE:CG2	1:A:1367:ILE:CG1	2.71	0.67
1:A:1663:LYS:CG	1:A:1665:ILE:HG22	2.12	0.67
1:A:1164:ALA:HB3	1:A:1370:ASP:O	1.94	0.67
1:A:1165:LEU:N	1:A:1370:ASP:CA	2.19	0.67
1:A:1658:VAL:HG13	1:A:1663:LYS:HZ1	0.61	0.67
1:A:1204:ASP:OD2	1:A:1235:VAL:HB	1.95	0.67
1:A:1238:VAL:HG22	1:A:1272:MSE:HG3	1.76	0.67
1:A:1171:ILE:HG22	1:A:1241:ALA:C	2.09	0.67
1:A:1186:LYS:CE	1:A:1216:ILE:O	2.43	0.67
1:A:1207:ARG:HH12	1:A:1233:THR:CB	2.07	0.67
1:A:1123:VAL:HA	1:A:1367:ILE:CG2	2.25	0.67
1:A:1189:ALA:O	1:A:1193:MSE:N	2.27	0.67
1:A:1237:GLU:OE2	1:A:1277:GLU:OE2	2.13	0.67
1:A:1205:ILE:CG2	1:A:1234:PHE:CD1	2.78	0.67
1:A:1206:GLU:CD	1:A:1210:PRO:HD3	2.20	0.67
1:A:1240:PRO:HA	1:A:1243:LEU:CB	2.24	0.66
1:A:1123:VAL:CB	1:A:1389:TYR:CD2	2.79	0.66
1:A:1229:LEU:HD23	1:A:1268:ILE:CD1	2.26	0.66
1:A:1655:LEU:HB3	1:A:1663:LYS:CE	2.24	0.66
1:A:1663:LYS:C	1:A:1665:ILE:CG1	2.68	0.66
1:A:1842:GLY:HA3	1:A:1843:GLU:O	0.84	0.66
1:A:1207:ARG:HH21	1:A:1440:GLY:CA	2.08	0.66
1:A:1648:LYS:CB	1:A:1940:GLU:HB3	2.24	0.66
1:A:1739:ALA:HA	1:A:1742:HIS:HB2	1.77	0.66
1:A:1128:LEU:HB3	1:A:1363:TYR:OH	1.96	0.66
1:A:1442:LYS:CB	1:A:1891:SER:OG	2.41	0.66
1:A:1655:LEU:CB	1:A:1663:LYS:HE3	2.24	0.66
1:A:1095:CYS:O	1:A:1144:GLU:OE2	2.14	0.66
1:A:1776:ASN:CG	1:A:1779:ASP:OD2	2.38	0.66
1:A:1162:GLN:HE22	1:A:1385:HIS:CG	2.14	0.66
1:A:1506:SER:HA	1:A:1539:PRO:HA	1.78	0.66
1:A:1163:VAL:N	1:A:1370:ASP:OD2	2.29	0.65
1:A:1777:GLU:OE1	1:A:1783:MSE:HA	1.96	0.65
1:A:1164:ALA:O	1:A:1373:ASP:OD2	2.14	0.65
1:A:1655:LEU:HB3	1:A:1663:LYS:HE3	1.77	0.65
1:A:1126:LYS:HZ3	1:A:1337:VAL:HG11	1.58	0.65
1:A:1206:GLU:HG3	1:A:1209:ILE:CB	2.14	0.65
1:A:1572:HIS:CA	1:A:1950:HIS:CE1	2.75	0.65
1:A:1122:PRO:CB	1:A:1385:HIS:CE1	2.80	0.65
1:A:1663:LYS:C	1:A:1665:ILE:HG23	2.18	0.65
1:A:1776:ASN:OD1	1:A:1779:ASP:OD2	2.15	0.65

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1095:CYS:O	1:A:1144:GLU:CD	2.39	0.65
1:A:1125:ILE:N	1:A:1367:ILE:HD11	2.08	0.65
1:A:1718:LEU:HB2	1:A:1772:ASN:HB3	1.78	0.65
1:A:1180:ASP:O	1:A:1186:LYS:HE3	1.95	0.65
1:A:1463:PRO:CB	1:A:1929:ASP:HB3	2.25	0.65
1:A:1620:TYR:HB3	1:A:1627:PHE:CB	2.20	0.65
1:A:1779:ASP:C	1:A:1780:ALA:N	2.55	0.65
1:A:1124:ALA:HB3	1:A:1389:TYR:OH	1.96	0.64
1:A:1238:VAL:HB	1:A:1275:LEU:HB2	1.79	0.64
1:A:1544:SER:HB2	1:A:1702:ASN:HD22	1.61	0.64
1:A:1735:ILE:HD12	1:A:1918:VAL:O	1.97	0.64
1:A:1276:VAL:HB	1:A:1319:VAL:HG11	1.80	0.64
1:A:1663:LYS:HA	1:A:1665:ILE:HG23	1.79	0.64
1:A:1238:VAL:CG1	1:A:1238:VAL:CA	2.74	0.64
1:A:1427:GLY:CA	1:A:1453:LYS:HG3	2.28	0.64
1:A:1206:GLU:HG2	1:A:1209:ILE:CB	2.16	0.64
1:A:1333:HIS:HA	1:A:1336:ASP:OD2	1.96	0.64
1:A:1732:ILE:HB	1:A:1767:THR:HG21	1.79	0.64
1:A:1651:GLU:CG	1:A:1942:GLU:HB2	2.28	0.64
1:A:1286:LEU:CG	1:A:1328:ILE:HG12	2.25	0.64
1:A:1067:MSE:HE3	1:A:1094:ILE:HG12	1.80	0.64
1:A:1861:LEU:HD13	1:A:1866:PHE:HB2	1.80	0.64
1:A:1881:LEU:O	1:A:1903:LYS:HE2	1.97	0.64
1:A:1779:ASP:HA	1:A:1780:ALA:CA	2.24	0.63
1:A:1809:TYR:O	1:A:1840:PRO:HA	1.98	0.63
1:A:1171:ILE:CG2	1:A:1242:THR:N	2.61	0.63
1:A:1658:VAL:CG1	1:A:1665:ILE:HA	2.28	0.63
1:A:1899:GLY:O	1:A:1903:LYS:HB2	1.98	0.63
1:A:1229:LEU:CD1	1:A:1232:THR:HG21	2.03	0.63
1:A:1810:GLU:HB3	1:A:1838:TRP:HB3	1.79	0.63
1:A:1164:ALA:CB	1:A:1373:ASP:HB2	2.29	0.63
1:A:1166:ARG:NH2	1:A:1369:ALA:HB3	2.14	0.63
1:A:1460:ILE:HD13	1:A:1471:LEU:HD23	1.81	0.63
1:A:1469:SER:N	1:A:1897:SER:OG	2.29	0.63
1:A:1123:VAL:N	1:A:1389:TYR:CE2	2.62	0.63
1:A:1655:LEU:HD22	1:A:1728:GLU:O	1.95	0.63
1:A:1861:LEU:CD2	1:A:1865:GLN:CA	2.48	0.63
1:A:1193:MSE:O	1:A:1196:ALA:HB3	1.99	0.63
1:A:1840:PRO:O	1:A:1848:HIS:CD2	2.51	0.63
1:A:1768:MSE:HE3	1:A:1853:ALA:HA	1.80	0.63
1:A:1240:PRO:CA	1:A:1243:LEU:HB2	2.29	0.62

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1550:LYS:HE2	1:A:1573:LEU:HG	1.80	0.62
1:A:1842:GLY:HA2	1:A:1844:LEU:HA	1.70	0.62
1:A:1124:ALA:HB3	1:A:1389:TYR:CE1	1.17	0.62
1:A:1237:GLU:CG	1:A:1275:LEU:O	2.36	0.62
1:A:1084:GLU:OE2	1:A:1389:TYR:CE1	2.52	0.62
1:A:1161:ASP:HA	1:A:1374:GLU:HB2	1.82	0.62
1:A:1863:SER:C	1:A:1913:ARG:CB	2.72	0.62
1:A:1178:MSE:O	1:A:1216:ILE:HG23	2.00	0.62
1:A:1776:ASN:CA	1:A:1779:ASP:OD2	2.41	0.62
1:A:1661:LYS:HA	1:A:1662:GLN:O	1.97	0.61
1:A:1671:MSE:HE1	1:A:1673:PHE:HB2	1.79	0.61
1:A:1651:GLU:HG2	1:A:1942:GLU:CG	2.29	0.61
1:A:1123:VAL:CG1	1:A:1389:TYR:CD2	2.76	0.61
1:A:1195:LYS:C	1:A:1198:GLU:HB2	2.25	0.61
1:A:1229:LEU:C	1:A:1230:GLY:C	2.67	0.61
1:A:1663:LYS:HE3	1:A:1727:HIS:CG	2.35	0.61
1:A:1623:ASN:OD1	1:A:1625:THR:HG22	2.00	0.61
1:A:1763:GLU:N	1:A:1852:VAL:HG13	2.15	0.61
1:A:1120:VAL:O	1:A:1121:ASN:N	2.31	0.61
1:A:1729:ASN:HA	1:A:1856:ASP:CA	2.25	0.61
1:A:1095:CYS:CB	1:A:1135:ALA:HB2	2.29	0.61
1:A:1162:GLN:C	1:A:1370:ASP:HB2	1.72	0.61
1:A:1240:PRO:HA	1:A:1243:LEU:HB2	1.83	0.61
1:A:1762:GLY:CA	1:A:1765:ARG:H	2.09	0.61
1:A:1123:VAL:HG22	1:A:1367:ILE:HG21	1.82	0.61
1:A:1241:ALA:N	1:A:1242:THR:N	2.47	0.61
1:A:1671:MSE:SE	1:A:1712:VAL:HG11	2.51	0.61
1:A:1863:SER:C	1:A:1913:ARG:HB2	2.26	0.61
1:A:1658:VAL:HG11	1:A:1665:ILE:HG22	1.80	0.60
1:A:1206:GLU:OE2	1:A:1210:PRO:CD	2.49	0.60
1:A:1464:ASN:HD21	1:A:1903:LYS:CB	2.10	0.60
1:A:1123:VAL:HB	1:A:1389:TYR:CD2	2.36	0.60
1:A:1126:LYS:CB	1:A:1363:TYR:CA	2.06	0.60
1:A:1197:THR:CB	1:A:1198:GLU:N	2.63	0.60
1:A:1233:THR:OG1	1:A:1438:ALA:C	2.44	0.60
1:A:1283:ALA:N	1:A:1328:ILE:CG2	2.58	0.60
1:A:1802:ARG:NH1	1:A:1854:GLU:HB2	2.12	0.60
1:A:1861:LEU:HD13	1:A:1866:PHE:CB	2.32	0.60
1:A:1808:THR:HB	1:A:1844:LEU:HD11	1.82	0.60
1:A:1189:ALA:O	1:A:1193:MSE:CA	2.48	0.59
1:A:1658:VAL:HG11	1:A:1665:ILE:N	2.17	0.59

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1841:ARG:HB3	1:A:1844:LEU:CG	2.32	0.59
1:A:1162:GLN:CB	1:A:1367:ILE:HA	2.32	0.59
1:A:1163:VAL:CA	1:A:1370:ASP:CG	2.75	0.59
1:A:1195:LYS:HA	1:A:1198:GLU:HB2	1.83	0.59
1:A:1663:LYS:CE	1:A:1727:HIS:CD2	2.85	0.59
1:A:1116:ILE:HG22	1:A:1128:LEU:HD13	1.82	0.59
1:A:1206:GLU:CG	1:A:1210:PRO:HD2	2.25	0.59
1:A:1649:PHE:HB2	1:A:1941:PHE:CD1	2.37	0.59
1:A:1768:MSE:HE2	1:A:1856:ASP:HB2	1.79	0.59
1:A:1471:LEU:O	1:A:1475:ILE:HG13	2.02	0.59
1:A:1204:ASP:CG	1:A:1235:VAL:CG2	2.75	0.59
1:A:1229:LEU:HD23	1:A:1268:ILE:HD11	1.85	0.59
1:A:1774:GLN:HE22	1:A:1849:SER:HB3	1.41	0.59
1:A:1729:ASN:OD1	1:A:1855:VAL:CG1	2.44	0.59
1:A:1239:THR:CB	1:A:1240:PRO:HD2	2.25	0.58
1:A:1656:GLU:O	1:A:1727:HIS:NE2	2.36	0.58
1:A:1117:VAL:HG13	1:A:1155:MSE:CG	2.34	0.58
1:A:1128:LEU:H	1:A:1363:TYR:HE1	1.45	0.58
1:A:1165:LEU:H	1:A:1370:ASP:HB2	1.67	0.58
1:A:1809:TYR:CE1	1:A:1855:VAL:HG21	2.38	0.58
1:A:1116:ILE:HG22	1:A:1128:LEU:CD1	2.33	0.58
1:A:1123:VAL:CB	1:A:1389:TYR:CE2	2.86	0.58
1:A:1335:GLY:O	1:A:1336:ASP:N	2.29	0.58
1:A:1124:ALA:HB1	1:A:1389:TYR:CD1	2.11	0.58
1:A:1204:ASP:CG	1:A:1235:VAL:HG23	2.28	0.58
1:A:1161:ASP:HB3	1:A:1371:LEU:CG	2.33	0.58
1:A:1841:ARG:HB3	1:A:1844:LEU:HD13	1.85	0.58
1:A:1420:PHE:CZ	1:A:1451:ARG:CZ	2.87	0.58
1:A:1422:ASP:H	1:A:1451:ARG:HH22	1.51	0.58
1:A:1017:LEU:CA	1:A:1028:ILE:HD13	2.34	0.57
1:A:1165:LEU:N	1:A:1370:ASP:CB	2.57	0.57
1:A:1160:LYS:C	1:A:1370:ASP:OD2	2.44	0.57
1:A:1013:LEU:O	1:A:1028:ILE:HD11	2.05	0.57
1:A:1809:TYR:OH	1:A:1855:VAL:CB	2.52	0.57
1:A:1193:MSE:HG3	1:A:1197:THR:OG1	2.04	0.57
1:A:1190:THR:HG21	1:A:1213:ILE:CG1	2.34	0.57
1:A:1464:ASN:ND2	1:A:1926:LEU:HD21	2.20	0.57
1:A:1809:TYR:OH	1:A:1855:VAL:CG1	2.52	0.57
1:A:1126:LYS:NZ	1:A:1365:ALA:C	2.63	0.57
1:A:1166:ARG:NE	1:A:1366:ALA:CB	2.68	0.57
1:A:1171:ILE:HG22	1:A:1241:ALA:HA	1.85	0.57

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1732:ILE:O	1:A:1767:THR:HG21	2.04	0.57
1:A:1091:VAL:HB	1:A:1131:HIS:CB	2.28	0.57
1:A:1651:GLU:HG2	1:A:1942:GLU:HG3	1.87	0.57
1:A:1120:VAL:C	1:A:1121:ASN:C	2.73	0.56
1:A:1240:PRO:HB3	1:A:1281:VAL:HG13	1.87	0.56
1:A:1279:PRO:O	1:A:1328:ILE:HG23	2.04	0.56
1:A:1333:HIS:C	1:A:1336:ASP:HB2	2.29	0.56
1:A:1439:TYR:HB2	1:A:1470:THR:HG21	1.86	0.56
1:A:1663:LYS:CA	1:A:1665:ILE:CG2	2.81	0.56
1:A:1335:GLY:CA	1:A:1336:ASP:N	2.61	0.56
1:A:1926:LEU:HD22	1:A:1930:SER:HB3	1.87	0.56
1:A:1098:ALA:HB1	1:A:1144:GLU:HG3	1.86	0.56
1:A:1162:GLN:HA	1:A:1367:ILE:O	2.05	0.56
1:A:1642:ASN:HD22	1:A:1645:LEU:HD12	1.70	0.56
1:A:1649:PHE:HB2	1:A:1941:PHE:CG	2.40	0.56
1:A:1084:GLU:OE2	1:A:1389:TYR:HE1	1.88	0.56
1:A:1164:ALA:HB2	1:A:1374:GLU:CG	2.30	0.56
1:A:1171:ILE:HG23	1:A:1241:ALA:O	1.99	0.56
1:A:1641:SER:OG	1:A:1642:ASN:HB3	2.05	0.56
1:A:1666:VAL:HB	1:A:1690:CYS:HB2	1.87	0.56
1:A:1121:ASN:CG	1:A:1389:TYR:CE2	2.84	0.56
1:A:1229:LEU:C	1:A:1230:GLY:CA	2.78	0.56
1:A:1841:ARG:O	1:A:1844:LEU:C	2.48	0.56
1:A:1193:MSE:CG	1:A:1197:THR:OG1	2.54	0.56
1:A:1655:LEU:HD13	1:A:1727:HIS:HB3	1.86	0.56
1:A:1662:GLN:N	1:A:1692:LEU:O	2.38	0.56
1:A:1116:ILE:CG2	1:A:1128:LEU:HD13	2.35	0.56
1:A:1092:PRO:HD3	1:A:1131:HIS:CG	2.41	0.56
1:A:1095:CYS:HB3	1:A:1135:ALA:CB	2.30	0.56
1:A:1651:GLU:CG	1:A:1942:GLU:HG3	2.36	0.56
1:A:1776:ASN:HA	1:A:1779:ASP:OD2	2.04	0.56
1:A:1863:SER:C	1:A:1913:ARG:HB3	2.30	0.56
1:A:1655:LEU:C	1:A:1663:LYS:HE2	2.31	0.56
1:A:1662:GLN:N	1:A:1692:LEU:CA	2.62	0.56
1:A:1729:ASN:CA	1:A:1856:ASP:HA	2.28	0.56
1:A:1117:VAL:CA	1:A:1128:LEU:HD21	2.24	0.56
1:A:1763:GLU:N	1:A:1852:VAL:CG1	2.69	0.56
1:A:1671:MSE:HE3	1:A:1719:PRO:HB3	1.87	0.55
1:A:1655:LEU:HB2	1:A:1663:LYS:CD	2.37	0.55
1:A:1161:ASP:HA	1:A:1374:GLU:CG	2.34	0.55
1:A:1172:PRO:CB	1:A:1244:SER:HB3	2.36	0.55

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1238:VAL:HG23	1:A:1275:LEU:HD12	1.88	0.55
1:A:1423:GLU:C	1:A:1425:ASP:N	2.61	0.55
1:A:1802:ARG:HG2	1:A:1803:ARG:N	2.21	0.55
1:A:1123:VAL:CG1	1:A:1386:ILE:CB	2.82	0.55
1:A:1195:LYS:CB	1:A:1195:LYS:CD	2.80	0.55
1:A:1841:ARG:N	1:A:1844:LEU:HD22	2.21	0.55
1:A:1861:LEU:CB	1:A:1866:PHE:HA	2.33	0.55
1:A:1117:VAL:HG22	1:A:1132:LEU:HD11	1.89	0.55
1:A:1191:ALA:C	1:A:1194:THR:H	2.14	0.55
1:A:1204:ASP:CB	1:A:1233:THR:O	2.51	0.55
1:A:1768:MSE:O	1:A:1770:ARG:CG	2.54	0.55
1:A:1092:PRO:CD	1:A:1131:HIS:CE1	2.88	0.55
1:A:1166:ARG:HH21	1:A:1366:ALA:CA	2.14	0.55
1:A:1276:VAL:HB	1:A:1319:VAL:CG1	2.36	0.55
1:A:1569:PRO:HB2	1:A:1581:LEU:HD21	1.88	0.55
1:A:1161:ASP:CG	1:A:1371:LEU:HA	2.29	0.55
1:A:1241:ALA:CB	1:A:1242:THR:N	2.63	0.55
1:A:1238:VAL:HB	1:A:1272:MSE:O	2.06	0.55
1:A:1469:SER:OG	1:A:1898:GLY:CA	2.53	0.55
1:A:1938:LEU:HD13	1:A:1947:ILE:HD11	1.89	0.55
1:A:1546:GLY:HA3	1:A:1572:HIS:HB2	1.89	0.54
1:A:1734:TYR:C	1:A:1909:GLY:HA3	2.33	0.54
1:A:1017:LEU:HA	1:A:1028:ILE:HD13	1.89	0.54
1:A:1420:PHE:CE2	1:A:1451:ARG:NH2	2.75	0.54
1:A:1463:PRO:HB3	1:A:1929:ASP:CB	2.34	0.54
1:A:1164:ALA:HB1	1:A:1373:ASP:HB2	1.86	0.54
1:A:1165:LEU:HD12	1:A:1367:ILE:O	2.07	0.54
1:A:1204:ASP:OD2	1:A:1235:VAL:CG2	2.55	0.54
1:A:1231:ALA:HB3	1:A:1440:GLY:O	2.07	0.54
1:A:1189:ALA:C	1:A:1193:MSE:HB3	2.31	0.54
1:A:1811:TYR:OH	1:A:1851:MSE:CB	2.39	0.54
1:A:1842:GLY:N	1:A:1844:LEU:CA	2.63	0.54
1:A:1925:TYR:CE1	1:A:1926:LEU:HG	2.43	0.54
1:A:1649:PHE:CB	1:A:1941:PHE:CD1	2.90	0.54
1:A:1651:GLU:HA	1:A:1942:GLU:HB2	1.90	0.54
1:A:1774:GLN:HE21	1:A:1849:SER:HB3	1.71	0.54
1:A:1729:ASN:N	1:A:1856:ASP:OD1	2.40	0.53
1:A:1764:ASP:HA	1:A:1857:MSE:CE	2.16	0.53
1:A:1195:LYS:CG	1:A:1195:LYS:HB2	2.23	0.53
1:A:1123:VAL:CB	1:A:1389:TYR:HD2	2.20	0.53
1:A:1092:PRO:CD	1:A:1131:HIS:ND1	2.69	0.53

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1123:VAL:HB	1:A:1389:TYR:CE2	2.42	0.53
1:A:1205:ILE:CG2	1:A:1234:PHE:CE1	2.92	0.53
1:A:1655:LEU:O	1:A:1663:LYS:HE2	2.08	0.53
1:A:1768:MSE:C	1:A:1770:ARG:N	2.57	0.53
1:A:1777:GLU:O	1:A:1779:ASP:O	2.08	0.53
1:A:1811:TYR:CZ	1:A:1848:HIS:CB	2.65	0.53
1:A:1166:ARG:NE	1:A:1366:ALA:HA	2.23	0.53
1:A:1171:ILE:CG2	1:A:1241:ALA:HA	2.29	0.53
1:A:1571:ASN:OD1	1:A:1924:ASN:ND2	2.41	0.53
1:A:1840:PRO:C	1:A:1848:HIS:NE2	2.67	0.53
1:A:1122:PRO:O	1:A:1367:ILE:CD1	2.57	0.53
1:A:1609:ILE:HG12	1:A:1624:PHE:HB2	1.86	0.53
1:A:1206:GLU:OE2	1:A:1210:PRO:HD3	2.10	0.52
1:A:1208:PHE:CG	1:A:1232:THR:CG2	2.54	0.52
1:A:1234:PHE:O	1:A:1443:ILE:HD11	2.09	0.52
1:A:1928:ARG:HB3	1:A:1928:ARG:NH1	2.24	0.52
1:A:1648:LYS:HB2	1:A:1940:GLU:CB	2.38	0.52
1:A:1162:GLN:HE22	1:A:1385:HIS:CD2	2.27	0.52
1:A:1190:THR:O	1:A:1194:THR:CB	2.57	0.52
1:A:1290:LEU:CD1	1:A:1326:ASP:CG	2.80	0.52
1:A:1290:LEU:CD1	1:A:1326:ASP:HB3	2.40	0.52
1:A:1334:ALA:C	1:A:1339:THR:CG2	2.77	0.52
1:A:1768:MSE:O	1:A:1770:ARG:CB	2.57	0.52
1:A:1777:GLU:CD	1:A:1783:MSE:HE3	2.35	0.52
1:A:1841:ARG:CG	1:A:1848:HIS:HB2	2.25	0.52
1:A:1863:SER:O	1:A:1913:ARG:HB3	2.10	0.52
1:A:1098:ALA:O	1:A:1144:GLU:HB2	2.10	0.52
1:A:1190:THR:C	1:A:1193:MSE:HB3	2.35	0.52
1:A:1193:MSE:SE	1:A:1197:THR:HG22	2.50	0.52
1:A:1222:VAL:HB	1:A:1223:PRO:HD3	1.92	0.52
1:A:1420:PHE:HZ	1:A:1451:ARG:CZ	2.23	0.52
1:A:1582:VAL:HG13	1:A:1605:VAL:HG22	1.92	0.52
1:A:1240:PRO:CB	1:A:1281:VAL:CG1	2.85	0.52
1:A:1164:ALA:CB	1:A:1370:ASP:OD1	2.56	0.52
1:A:1609:ILE:HG13	1:A:1624:PHE:CG	2.44	0.52
1:A:1171:ILE:HG13	1:A:1241:ALA:HB3	1.89	0.52
1:A:1238:VAL:CB	1:A:1275:LEU:HB2	2.40	0.52
1:A:1841:ARG:CB	1:A:1844:LEU:CD2	2.72	0.52
1:A:1240:PRO:CB	1:A:1243:LEU:HD12	2.40	0.51
1:A:1098:ALA:CB	1:A:1144:GLU:CG	2.79	0.51
1:A:1237:GLU:CD	1:A:1277:GLU:CD	2.78	0.51

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1238:VAL:HG21	1:A:1272:MSE:CG	2.40	0.51
1:A:1258:GLU:HG2	1:A:1260:GLY:H	1.75	0.51
1:A:1463:PRO:CA	1:A:1929:ASP:HB2	2.23	0.51
1:A:1777:GLU:N	1:A:1779:ASP:N	2.56	0.51
1:A:1840:PRO:C	1:A:1848:HIS:CD2	2.88	0.51
1:A:1861:LEU:HD13	1:A:1866:PHE:CD1	2.45	0.51
1:A:1193:MSE:C	1:A:1196:ALA:HB3	2.35	0.51
1:A:1647:PHE:CE1	1:A:1937:ALA:CB	2.94	0.51
1:A:1246:MSE:HE2	1:A:1246:MSE:CA	2.33	0.51
1:A:1427:GLY:HA3	1:A:1453:LYS:HG3	1.91	0.51
1:A:1045:VAL:HG11	1:A:1086:TYR:CE2	2.44	0.51
1:A:1124:ALA:CB	1:A:1389:TYR:HE1	0.98	0.51
1:A:1841:ARG:HD3	1:A:1844:LEU:HD13	1.93	0.51
1:A:1333:HIS:HB3	1:A:1339:THR:H	1.73	0.51
1:A:1129:LEU:HB3	1:A:1130:PRO:HD3	1.93	0.51
1:A:1235:VAL:CB	1:A:1436:SER:O	2.58	0.51
1:A:1241:ALA:O	1:A:1242:THR:CA	2.40	0.51
1:A:1442:LYS:HD3	1:A:1887:ILE:HG23	1.78	0.51
1:A:1663:LYS:CD	1:A:1665:ILE:HG23	2.20	0.51
1:A:1698:VAL:HG22	1:A:1963:TRP:HE3	1.75	0.51
1:A:1658:VAL:HG11	1:A:1665:ILE:HG23	1.93	0.50
1:A:1117:VAL:HG13	1:A:1155:MSE:HG3	1.92	0.50
1:A:1501:THR:HG22	1:A:1502:HIS:N	2.26	0.50
1:A:1117:VAL:HG13	1:A:1155:MSE:HG2	1.93	0.50
1:A:1266:ALA:HB3	1:A:1308:VAL:HG12	1.92	0.50
1:A:1122:PRO:HG2	1:A:1385:HIS:CG	2.46	0.50
1:A:1256:GLU:O	1:A:1262:LYS:HE3	2.12	0.50
1:A:1275:LEU:CD2	1:A:1447:LYS:HE3	2.42	0.50
1:A:1387:THR:N	1:A:1388:PRO:HD2	2.26	0.50
1:A:1658:VAL:CG1	1:A:1665:ILE:N	2.73	0.50
1:A:1762:GLY:C	1:A:1765:ARG:CA	2.77	0.50
1:A:1777:GLU:OE1	1:A:1783:MSE:HB3	2.04	0.50
1:A:1122:PRO:HG2	1:A:1385:HIS:CA	2.38	0.50
1:A:1686:ILE:HG22	1:A:1688:PHE:HD2	1.76	0.50
1:A:1190:THR:CG2	1:A:1213:ILE:HD11	2.40	0.50
1:A:1126:LYS:HB2	1:A:1363:TYR:N	2.10	0.50
1:A:1166:ARG:HH21	1:A:1369:ALA:HB3	1.76	0.50
1:A:1842:GLY:H	1:A:1844:LEU:HD23	0.71	0.50
1:A:1050:PHE:HZ	1:A:1083:VAL:HG13	1.77	0.50
1:A:1426:GLU:HB3	1:A:1453:LYS:HE2	1.94	0.50
1:A:1655:LEU:CG	1:A:1727:HIS:ND1	2.24	0.49

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1861:LEU:HD13	1:A:1866:PHE:HD1	1.76	0.49
1:A:1466:CYS:SG	1:A:1468:LYS:HG3	2.52	0.49
1:A:1841:ARG:C	1:A:1848:HIS:HD2	2.20	0.49
1:A:1927:ASP:O	1:A:1931:LEU:HG	2.11	0.49
1:A:1432:ASN:C	1:A:1433:CYS:SG	2.95	0.49
1:A:1811:TYR:HH	1:A:1851:MSE:HB2	1.64	0.49
1:A:1532:THR:HG23	1:A:1534:GLU:H	1.77	0.49
1:A:1842:GLY:CA	1:A:1844:LEU:CA	2.74	0.49
1:A:1777:GLU:OE1	1:A:1783:MSE:CE	2.59	0.49
1:A:1439:TYR:CE2	1:A:1892:ARG:O	2.65	0.49
1:A:1124:ALA:HB1	1:A:1389:TYR:HE1	1.31	0.49
1:A:1841:ARG:HB3	1:A:1844:LEU:CD1	2.43	0.49
1:A:1126:LYS:HB2	1:A:1363:TYR:CG	2.36	0.49
1:A:1183:LYS:HD3	1:A:1183:LYS:H	1.78	0.49
1:A:1442:LYS:NZ	1:A:1887:ILE:CG2	2.39	0.49
1:A:1736:LYS:HD2	1:A:1736:LYS:H	1.78	0.49
1:A:1114:ILE:HD13	1:A:1151:ALA:HB2	1.94	0.49
1:A:1166:ARG:NE	1:A:1366:ALA:CA	2.76	0.49
1:A:1161:ASP:CA	1:A:1371:LEU:HA	2.41	0.49
1:A:1229:LEU:CA	1:A:1230:GLY:N	2.76	0.49
1:A:1925:TYR:H	1:A:1925:TYR:HD2	1.58	0.49
1:A:1058:LYS:O	1:A:1058:LYS:HG2	2.12	0.48
1:A:1286:LEU:HB2	1:A:1328:ILE:HD11	1.95	0.48
1:A:1507:VAL:HG23	1:A:1538:MSE:O	2.13	0.48
1:A:1768:MSE:O	1:A:1770:ARG:CA	2.59	0.48
1:A:1193:MSE:CG	1:A:1193:MSE:CB	2.91	0.48
1:A:1763:GLU:N	1:A:1852:VAL:CB	2.72	0.48
1:A:1227:HIS:HA	1:A:1264:LYS:HZ3	1.79	0.48
1:A:1463:PRO:N	1:A:1929:ASP:CG	2.71	0.48
1:A:1652:PRO:HG3	1:A:1692:LEU:HD22	1.94	0.48
1:A:1663:LYS:C	1:A:1691:SER:C	2.81	0.48
1:A:1736:LYS:H	1:A:1736:LYS:CD	2.26	0.48
1:A:1861:LEU:CD1	1:A:1866:PHE:HD1	2.27	0.48
1:A:1494:VAL:CG1	1:A:1549:MSE:SE	3.10	0.48
1:A:1574:ASP:O	1:A:1578:VAL:HG23	2.14	0.48
1:A:1970:MSE:SE	1:A:1970:MSE:C	3.06	0.48
1:A:1624:PHE:O	1:A:1628:VAL:HG23	2.13	0.48
1:A:1780:ALA:C	1:A:1781:GLU:HB3	2.38	0.48
1:A:1918:VAL:HG22	1:A:1946:ILE:HB	1.95	0.48
1:A:1463:PRO:CB	1:A:1929:ASP:CB	2.90	0.48
1:A:1718:LEU:HD12	1:A:1719:PRO:HD2	1.95	0.48

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1778:ASN:CB	1:A:1780:ALA:N	2.76	0.48
1:A:1238:VAL:HG21	1:A:1272:MSE:HG3	1.95	0.48
1:A:1016:LYS:HB3	1:A:1028:ILE:HD12	1.95	0.48
1:A:1166:ARG:HH22	1:A:1337:VAL:HA	1.79	0.48
1:A:1124:ALA:HB3	1:A:1389:TYR:HE1	0.84	0.47
1:A:1162:GLN:NE2	1:A:1371:LEU:CD2	2.60	0.47
1:A:1194:THR:CB	1:A:1198:GLU:OE2	2.62	0.47
1:A:1229:LEU:HD23	1:A:1268:ILE:HD13	1.96	0.47
1:A:1609:ILE:HG21	1:A:1624:PHE:HD1	1.77	0.47
1:A:1648:LYS:HB2	1:A:1940:GLU:C	2.39	0.47
1:A:1735:ILE:HG13	1:A:1918:VAL:HB	1.95	0.47
1:A:1857:MSE:O	1:A:1865:GLN:HG3	2.14	0.47
1:A:1865:GLN:HB3	1:A:1912:GLN:HB3	1.97	0.47
1:A:1092:PRO:HG3	1:A:1131:HIS:HD1	1.78	0.47
1:A:1178:MSE:HE2	1:A:1216:ILE:HD11	1.90	0.47
1:A:1239:THR:CG2	1:A:1239:THR:CA	2.86	0.47
1:A:1777:GLU:CD	1:A:1783:MSE:CE	2.87	0.47
1:A:1204:ASP:OD2	1:A:1235:VAL:CB	2.61	0.47
1:A:1099:GLY:HA2	1:A:1141:LYS:CG	2.38	0.47
1:A:1165:LEU:HD22	1:A:1335:GLY:O	2.15	0.47
1:A:1186:LYS:CE	1:A:1216:ILE:HG22	2.45	0.47
1:A:1240:PRO:HB3	1:A:1243:LEU:HD12	1.97	0.47
1:A:1286:LEU:CG	1:A:1328:ILE:CG1	2.88	0.47
1:A:1532:THR:HG22	1:A:1535:MSE:HG3	1.96	0.47
1:A:1841:ARG:N	1:A:1848:HIS:CD2	2.80	0.47
1:A:1099:GLY:N	1:A:1144:GLU:OE1	2.48	0.47
1:A:1661:LYS:HA	1:A:1662:GLN:C	2.40	0.47
1:A:1879:SER:HA	1:A:1883:LEU:O	2.15	0.47
1:A:1088:VAL:CG1	1:A:1131:HIS:CD2	2.98	0.47
1:A:1161:ASP:HA	1:A:1374:GLU:CB	2.43	0.47
1:A:1204:ASP:O	1:A:1232:THR:HB	2.14	0.47
1:A:1240:PRO:O	1:A:1244:SER:N	2.48	0.47
1:A:1069:ALA:O	1:A:1073:ILE:HG13	2.15	0.47
1:A:1166:ARG:NH2	1:A:1369:ALA:CB	2.78	0.47
1:A:1207:ARG:NH2	1:A:1440:GLY:N	2.63	0.47
1:A:1611:ASN:CG	1:A:1612:TYR:H	2.22	0.47
1:A:1708:THR:O	1:A:1712:VAL:HG23	2.15	0.47
1:A:1195:LYS:CG	1:A:1195:LYS:HB3	2.23	0.46
1:A:1123:VAL:CG1	1:A:1386:ILE:HG12	2.42	0.46
1:A:1799:ILE:HG23	1:A:1813:CYS:SG	2.55	0.46
1:A:1113:LEU:HD13	1:A:1148:ILE:HG12	1.97	0.46

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1768:MSE:H	1:A:1770:ARG:HG2	1.80	0.46
1:A:1123:VAL:HG11	1:A:1386:ILE:CG2	2.45	0.46
1:A:1433:CYS:SG	1:A:1482:GLY:C	2.99	0.46
1:A:1671:MSE:CE	1:A:1673:PHE:HB2	2.46	0.46
1:A:1784:ASN:HB3	1:A:1795:ARG:CZ	2.46	0.46
1:A:1861:LEU:HD22	1:A:1867:ARG:H	1.80	0.46
1:A:1423:GLU:OE2	1:A:1424:GLU:HG3	2.15	0.46
1:A:1698:VAL:HA	1:A:1963:TRP:HB2	1.98	0.46
1:A:1731:ARG:HH21	1:A:1914:PRO:HA	1.80	0.46
1:A:1099:GLY:C	1:A:1141:LYS:NZ	2.62	0.46
1:A:1237:GLU:OE1	1:A:1277:GLU:OE2	2.32	0.46
1:A:1240:PRO:CA	1:A:1243:LEU:HG	2.43	0.46
1:A:1799:ILE:HG22	1:A:1800:HIS:N	2.31	0.46
1:A:1125:ILE:CG2	1:A:1367:ILE:HG12	2.45	0.46
1:A:1172:PRO:CB	1:A:1244:SER:CB	2.92	0.46
1:A:1437:LEU:HD11	1:A:1470:THR:HG22	1.98	0.46
1:A:1660:THR:O	1:A:1664:ALA:N	2.48	0.46
1:A:1602:LEU:HD22	1:A:1606:CYS:SG	2.56	0.46
1:A:1729:ASN:HB3	1:A:1859:GLU:HB2	1.96	0.46
1:A:1126:LYS:NZ	1:A:1365:ALA:CB	2.74	0.45
1:A:1420:PHE:CG	1:A:1421:ASP:N	2.84	0.45
1:A:1794:ARG:HH21	1:A:1831:MSE:HE1	1.81	0.45
1:A:1841:ARG:HH21	1:A:1852:VAL:HG11	1.81	0.45
1:A:1128:LEU:N	1:A:1363:TYR:HE1	2.04	0.45
1:A:1729:ASN:ND2	1:A:1855:VAL:HG12	2.31	0.45
1:A:1808:THR:HG1	1:A:1844:LEU:CD1	2.09	0.45
1:A:1841:ARG:CB	1:A:1844:LEU:CB	2.82	0.45
1:A:1237:GLU:CA	1:A:1275:LEU:HD13	2.41	0.45
1:A:1736:LYS:CG	1:A:1738:HIS:HB2	2.46	0.45
1:A:1088:VAL:C	1:A:1131:HIS:NE2	2.60	0.45
1:A:1970:MSE:SE	1:A:1972:PRO:HG3	2.66	0.45
1:A:1229:LEU:HD12	1:A:1229:LEU:HA	1.87	0.45
1:A:1661:LYS:HA	1:A:1691:SER:HB3	1.55	0.45
1:A:1178:MSE:HE3	1:A:1190:THR:OG1	2.16	0.45
1:A:1197:THR:O	1:A:1200:VAL:HG23	2.17	0.45
1:A:1238:VAL:CG2	1:A:1272:MSE:CG	2.88	0.45
1:A:1546:GLY:CA	1:A:1572:HIS:HB2	2.47	0.45
1:A:1016:LYS:CG	1:A:1028:ILE:HD12	2.47	0.45
1:A:1166:ARG:CD	1:A:1366:ALA:HB1	2.47	0.45
1:A:1431:CYS:SG	1:A:1452:LEU:HD12	2.55	0.45
1:A:1126:LYS:CG	1:A:1363:TYR:CA	2.72	0.45

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1491:THR:HG22	1:A:1563:ILE:HB	1.99	0.45
1:A:1572:HIS:CG	1:A:1702:ASN:ND2	2.60	0.45
1:A:1919:LEU:HD13	1:A:1947:ILE:HG12	1.99	0.45
1:A:1568:GLU:CB	1:A:1924:ASN:O	2.59	0.45
1:A:1777:GLU:OE1	1:A:1783:MSE:SE	2.83	0.45
1:A:1857:MSE:SE	1:A:1865:GLN:HB2	2.67	0.45
1:A:1125:ILE:HG23	1:A:1126:LYS:N	2.32	0.45
1:A:1432:ASN:C	1:A:1433:CYS:HG	2.25	0.44
1:A:1663:LYS:CG	1:A:1665:ILE:HG23	2.39	0.44
1:A:1162:GLN:NE2	1:A:1385:HIS:CB	2.80	0.44
1:A:1163:VAL:C	1:A:1370:ASP:CG	2.55	0.44
1:A:1234:PHE:O	1:A:1443:ILE:CD1	2.66	0.44
1:A:1469:SER:OG	1:A:1897:SER:C	2.51	0.44
1:A:1764:ASP:CA	1:A:1857:MSE:SE	3.12	0.44
1:A:1126:LYS:HG3	1:A:1363:TYR:O	2.18	0.44
1:A:1364:ILE:HD13	1:A:1390:MSE:HG2	1.99	0.44
1:A:1656:GLU:C	1:A:1727:HIS:CD2	2.92	0.44
1:A:1663:LYS:CE	1:A:1727:HIS:CG	3.00	0.44
1:A:1123:VAL:CG1	1:A:1386:ILE:CG1	2.96	0.44
1:A:1126:LYS:HD2	1:A:1363:TYR:C	2.42	0.44
1:A:1166:ARG:HE	1:A:1366:ALA:CA	2.30	0.44
1:A:1184:GLU:OE1	1:A:1184:GLU:N	2.49	0.44
1:A:1546:GLY:HA2	1:A:1571:ASN:O	2.17	0.44
1:A:1842:GLY:HA3	1:A:1843:GLU:C	1.99	0.44
1:A:1430:LEU:HB2	1:A:1452:LEU:O	2.18	0.44
1:A:1774:GLN:HE22	1:A:1849:SER:HB2	1.58	0.44
1:A:1036:LEU:HG	1:A:1083:VAL:HG21	2.00	0.44
1:A:1240:PRO:HB3	1:A:1281:VAL:CG1	2.48	0.44
1:A:1041:ILE:HD12	1:A:1046:PRO:HD3	2.00	0.44
1:A:1092:PRO:CG	1:A:1131:HIS:ND1	2.81	0.44
1:A:1206:GLU:HB2	1:A:1209:ILE:HD12	1.76	0.44
1:A:1650:PRO:O	1:A:1941:PHE:CD1	2.65	0.44
1:A:1705:GLY:O	1:A:1965:VAL:HG11	2.18	0.44
1:A:1841:ARG:C	1:A:1844:LEU:HD22	2.22	0.44
1:A:1191:ALA:CA	1:A:1194:THR:HB	2.43	0.44
1:A:1126:LYS:N	1:A:1363:TYR:CD2	2.73	0.43
1:A:1237:GLU:CA	1:A:1275:LEU:HB3	2.47	0.43
1:A:1729:ASN:HD22	1:A:1859:GLU:HG2	1.83	0.43
1:A:1017:LEU:N	1:A:1028:ILE:CD1	2.81	0.43
1:A:1839:ILE:O	1:A:1848:HIS:CE1	2.71	0.43
1:A:1901:LYS:O	1:A:1905:VAL:HG23	2.18	0.43

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1088:VAL:HG12	1:A:1131:HIS:CD2	2.54	0.43
1:A:1671:MSE:SE	1:A:1683:ILE:HD11	2.69	0.43
1:A:1302:ASP:O	1:A:1306:ARG:HG3	2.18	0.43
1:A:1922:PRO:HD2	1:A:1949:THR:HB	2.00	0.43
1:A:1423:GLU:O	1:A:1424:GLU:C	2.62	0.43
1:A:1655:LEU:CG	1:A:1663:LYS:HG3	2.47	0.43
1:A:1710:ILE:HD13	1:A:1948:ILE:HD13	1.99	0.43
1:A:1067:MSE:HE3	1:A:1094:ILE:CG2	2.47	0.43
1:A:1863:SER:OG	1:A:1913:ARG:O	2.28	0.43
1:A:1423:GLU:OE2	1:A:1424:GLU:N	2.51	0.43
1:A:1845:VAL:C	1:A:1847:SER:H	2.27	0.43
1:A:1124:ALA:HA	1:A:1389:TYR:CD1	2.50	0.43
1:A:1658:VAL:CA	1:A:1663:LYS:NZ	2.15	0.43
1:A:1808:THR:OG1	1:A:1844:LEU:CD2	2.67	0.43
1:A:1116:ILE:CG2	1:A:1128:LEU:CD1	2.97	0.42
1:A:1841:ARG:HG3	1:A:1841:ARG:NH1	2.34	0.42
1:A:1126:LYS:HE2	1:A:1366:ALA:CA	2.04	0.42
1:A:1535:MSE:SE	1:A:1547:TRP:CZ2	3.22	0.42
1:A:1536:ILE:HG22	1:A:1536:ILE:O	2.19	0.42
1:A:1067:MSE:HE1	1:A:1109:ALA:CA	2.44	0.42
1:A:1162:GLN:CG	1:A:1367:ILE:CB	2.95	0.42
1:A:1552:ALA:HA	1:A:1555:ARG:HD3	2.02	0.42
1:A:1620:TYR:CD2	1:A:1627:PHE:CD2	2.53	0.42
1:A:1857:MSE:O	1:A:1865:GLN:CG	2.68	0.42
1:A:1178:MSE:SE	1:A:1245:ILE:HD13	2.69	0.42
1:A:1458:TYR:O	1:A:1606:CYS:SG	2.76	0.42
1:A:1710:ILE:O	1:A:1713:LEU:HB3	2.20	0.42
1:A:1121:ASN:CB	1:A:1389:TYR:CZ	3.00	0.42
1:A:1164:ALA:CB	1:A:1373:ASP:CB	2.89	0.42
1:A:1207:ARG:NH2	1:A:1232:THR:C	2.78	0.42
1:A:1238:VAL:HG21	1:A:1272:MSE:CB	2.47	0.42
1:A:1841:ARG:NH1	1:A:1848:HIS:CB	2.83	0.42
1:A:1192:ALA:C	1:A:1194:THR:N	2.77	0.42
1:A:1609:ILE:HG13	1:A:1624:PHE:CD1	2.55	0.42
1:A:1655:LEU:HD21	1:A:1730:CYS:HB2	2.01	0.42
1:A:1655:LEU:HB2	1:A:1663:LYS:HG3	1.95	0.42
1:A:1734:TYR:CZ	1:A:1739:ALA:HB3	2.54	0.42
1:A:1816:LEU:HB3	1:A:1828:TRP:HB3	2.01	0.42
1:A:1316:LEU:HD12	1:A:1316:LEU:HA	1.90	0.42
1:A:1194:THR:HA	1:A:1197:THR:OG1	2.20	0.42
1:A:1239:THR:O	1:A:1243:LEU:HG	2.19	0.42

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1647:PHE:CE1	1:A:1937:ALA:HB1	2.55	0.42
1:A:1655:LEU:CD2	1:A:1727:HIS:CE1	2.93	0.42
1:A:1021:THR:HG23	1:A:1023:ASP:HB2	2.01	0.41
1:A:1472:MSE:HA	1:A:1475:ILE:HD12	2.02	0.41
1:A:1597:HIS:CB	1:A:1923:THR:CA	2.98	0.41
1:A:1731:ARG:H	1:A:1915:HIS:HD2	1.67	0.41
1:A:1935:SER:O	1:A:1939:LYS:HG3	2.20	0.41
1:A:1162:GLN:HG2	1:A:1367:ILE:HG12	2.03	0.41
1:A:1201:ASP:CG	1:A:1201:ASP:O	2.63	0.41
1:A:1206:GLU:CD	1:A:1210:PRO:CD	2.86	0.41
1:A:1232:THR:O	1:A:1233:THR:HB	2.20	0.41
1:A:1568:GLU:HG3	1:A:1924:ASN:C	2.40	0.41
1:A:1733:ALA:HB2	1:A:1914:PRO:HB3	2.03	0.41
1:A:1535:MSE:SE	1:A:1547:TRP:CE2	3.23	0.41
1:A:1124:ALA:CA	1:A:1389:TYR:CG	3.02	0.41
1:A:1652:PRO:CB	1:A:1692:LEU:CD2	2.83	0.41
1:A:1879:SER:HB3	1:A:1885:PRO:HG3	2.02	0.41
1:A:1207:ARG:NH2	1:A:1440:GLY:CA	2.78	0.41
1:A:1238:VAL:CG1	1:A:1238:VAL:HG22	2.44	0.41
1:A:1420:PHE:CZ	1:A:1451:ARG:NH2	2.88	0.41
1:A:1445:LEU:HD13	1:A:1448:THR:HG21	2.03	0.41
1:A:1465:GLY:CA	1:A:1903:LYS:HZ2	2.28	0.41
1:A:1759:PHE:HA	1:A:1761:THR:C	2.45	0.41
1:A:1162:GLN:CD	1:A:1371:LEU:HD21	2.40	0.41
1:A:1228:LEU:CD2	1:A:1892:ARG:NH2	2.66	0.41
1:A:1459:GLY:HA2	1:A:1594:THR:O	2.20	0.41
1:A:1464:ASN:CA	1:A:1903:LYS:HZ1	2.18	0.41
1:A:1647:PHE:HB2	1:A:1880:MSE:HE2	2.03	0.41
1:A:1842:GLY:HA3	1:A:1844:LEU:HD23	1.86	0.41
1:A:1021:THR:HG22	1:A:1024:ASN:ND2	2.37	0.41
1:A:1123:VAL:CA	1:A:1367:ILE:HG21	2.39	0.41
1:A:1732:ILE:HB	1:A:1767:THR:CG2	2.51	0.41
1:A:1240:PRO:CD	1:A:1281:VAL:HG11	2.51	0.40
1:A:1021:THR:C	1:A:1023:ASP:N	2.78	0.40
1:A:1207:ARG:CZ	1:A:1232:THR:O	2.70	0.40
1:A:1647:PHE:CE1	1:A:1937:ALA:HB2	2.48	0.40
1:A:1684:THR:HG23	1:A:1969:ARG:HG2	2.03	0.40
1:A:1120:VAL:HG21	1:A:1128:LEU:CD2	2.51	0.40
1:A:1195:LYS:N	1:A:1198:GLU:CD	2.78	0.40
1:A:1290:LEU:N	1:A:1291:PRO:HD2	2.37	0.40
1:A:1597:HIS:HB2	1:A:1923:THR:CA	2.50	0.40

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1662:GLN:HB3	1:A:1691:SER:HB2	2.03	0.40
1:A:1686:ILE:HG22	1:A:1688:PHE:CD2	2.55	0.40
1:A:1067:MSE:HE2	1:A:1109:ALA:HA	2.02	0.40
1:A:1190:THR:O	1:A:1194:THR:HB	2.21	0.40
1:A:1372:ILE:HD11	1:A:1410:ALA:CB	2.39	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 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	936/976 (96%)	831 (89%)	87 (9%)	18 (2%)	6 32

All (18) Ramachandran outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	1198	GLU
1	A	1231	ALA
1	A	1232	THR
1	A	1336	ASP
1	A	1425	ASP
1	A	1769	ASP
1	A	1423	GLU
1	A	1847	SER
1	A	1419	ASN
1	A	1426	GLU
1	A	1495	GLU
1	A	1806	LYS
1	A	1121	ASN
1	A	1500	GLY
1	A	1611	ASN
1	A	1912	GLN

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	1676	PRO
1	A	1775	ILE

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	833/812 (103%)	800 (96%)	33 (4%)	28	49

All (33) residues with a non-rotameric sidechain are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	1155	MSE
1	A	1169	GLU
1	A	1194	THR
1	A	1195	LYS
1	A	1197	THR
1	A	1215	CYS
1	A	1316	LEU
1	A	1322	VAL
1	A	1351	GLU
1	A	1352	THR
1	A	1420	PHE
1	A	1423	GLU
1	A	1432	ASN
1	A	1449	GLN
1	A	1477	ASN
1	A	1485	THR
1	A	1487	GLU
1	A	1513	GLU
1	A	1518	THR
1	A	1612	TYR
1	A	1637	TYR
1	A	1648	LYS
1	A	1675	TYR
1	A	1685	ASP

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	1702	ASN
1	A	1714	THR
1	A	1723	GLU
1	A	1736	LYS
1	A	1737	GLN
1	A	1792	THR
1	A	1870	THR
1	A	1872	LYS
1	A	1928	ARG

Sometimes sidechains can be flipped to improve hydrogen bonding and reduce clashes. All (22) such sidechains are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	1015	GLN
1	A	1076	GLN
1	A	1162	GLN
1	A	1271	ASN
1	A	1321	ASN
1	A	1342	GLN
1	A	1380	GLN
1	A	1413	ASN
1	A	1419	ASN
1	A	1572	HIS
1	A	1577	ASN
1	A	1597	HIS
1	A	1642	ASN
1	A	1682	GLN
1	A	1687	ASN
1	A	1702	ASN
1	A	1711	ASN
1	A	1742	HIS
1	A	1774	GLN
1	A	1776	ASN
1	A	1800	HIS
1	A	1915	HIS

5.3.3 RNA ⓘ

There are no RNA molecules in this entry.

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

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](#)

The following chains have linkage breaks:

Mol	Chain	Number of breaks
1	A	27

All chain breaks are listed below:

Model	Chain	Residue-1	Atom-1	Residue-2	Atom-2	Distance (Å)
1	A	1762:GLY	C	1763:GLU	N	15.90
1	A	1863:SER	C	1864:GLY	N	9.14
1	A	1865:GLN	C	1866:PHE	N	8.02
1	A	1734:TYR	C	1735:ILE	N	7.06
1	A	1641:SER	C	1642:ASN	N	6.69
1	A	1760:GLN	C	1761:THR	N	6.22
1	A	1417:GLY	C	1418:PRO	N	6.08
1	A	1663:LYS	C	1664:ALA	N	5.96
1	A	1661:LYS	C	1662:GLN	N	5.43
1	A	1842:GLY	C	1843:GLU	N	4.98
1	A	1206:GLU	C	1207:ARG	N	4.72
1	A	1620:TYR	C	1621:LYS	N	4.65
1	A	1864:GLY	C	1865:GLN	N	4.49
1	A	1416:VAL	C	1417:GLY	N	4.05
1	A	1778:ASN	C	1779:ASP	N	3.42
1	A	1492:VAL	C	1493:TYR	N	3.20

Continued on next page...

Continued from previous page...

Model	Chain	Residue-1	Atom-1	Residue-2	Atom-2	Distance (Å)
1	A	1761:THR	C	1762:GLY	N	3.15
1	A	1914:PRO	C	1915:HIS	N	3.02
1	A	1780:ALA	C	1781:GLU	N	2.84
1	A	1319:VAL	C	1320:GLY	N	2.75
1	A	1779:ASP	C	1780:ALA	N	2.55
1	A	1229:LEU	C	1230:GLY	N	2.50
1	A	1120:VAL	C	1121:ASN	N	1.76
1	A	1197:THR	C	1198:GLU	N	1.75
1	A	1335:GLY	C	1336:ASP	N	1.67
1	A	1236:ALA	C	1237:GLU	N	0.98
1	A	1241:ALA	C	1242:THR	N	0.62

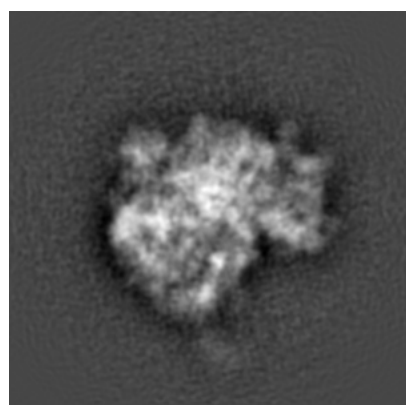
6 Map visualisation [i](#)

This section contains visualisations of the EMDB entry EMD-1233. These allow visual inspection of the internal detail of the map and identification of artifacts.

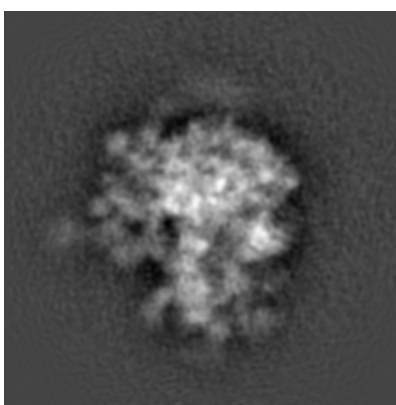
No raw map or half-maps were deposited for this entry and therefore no images, graphs, etc. pertaining to the raw map can be shown.

6.1 Orthogonal projections [i](#)

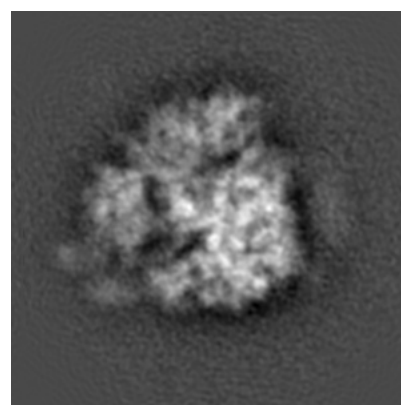
6.1.1 Primary map



X



Y

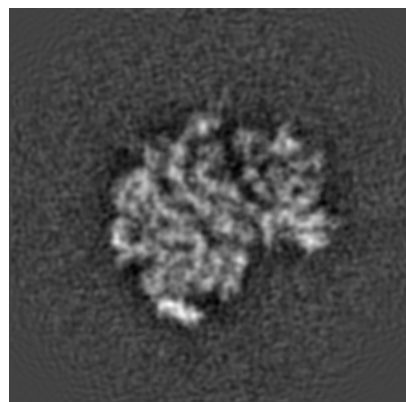


Z

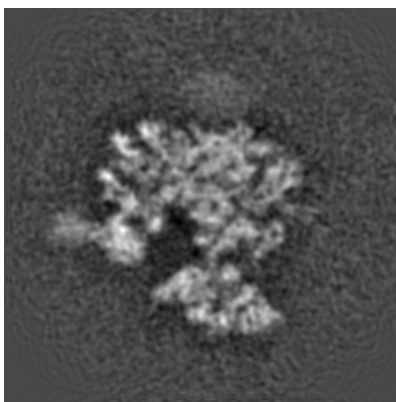
The images above show the map projected in three orthogonal directions.

6.2 Central slices [i](#)

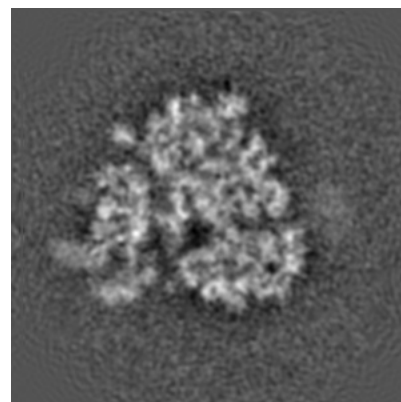
6.2.1 Primary map



X Index: 138



Y Index: 138

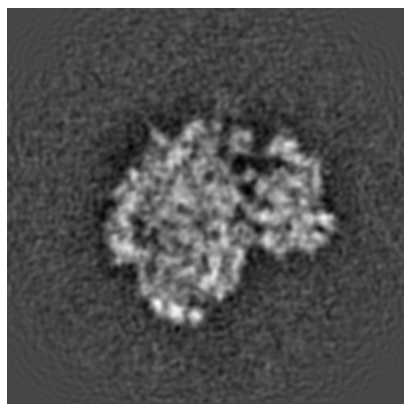


Z Index: 138

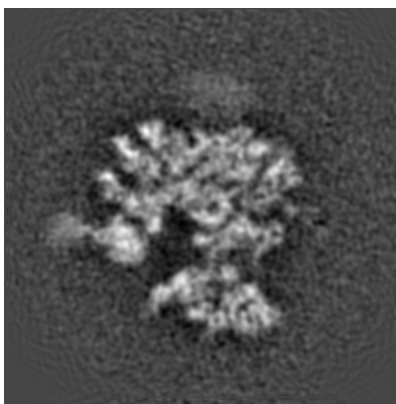
The images above show central slices of the map in three orthogonal directions.

6.3 Largest variance slices [i](#)

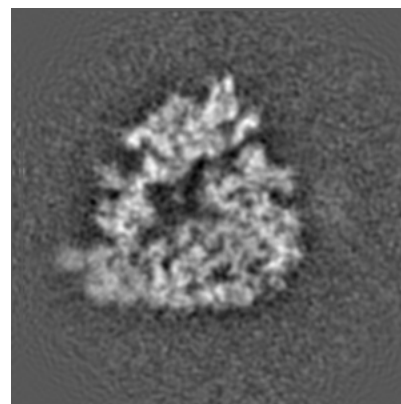
6.3.1 Primary map



X Index: 142



Y Index: 140

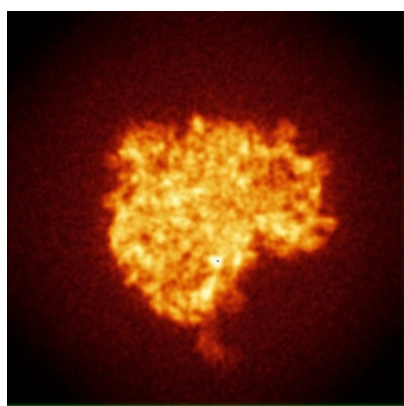


Z Index: 127

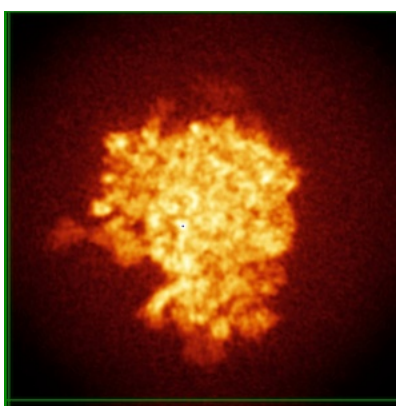
The images above show the largest variance slices of the map in three orthogonal directions.

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

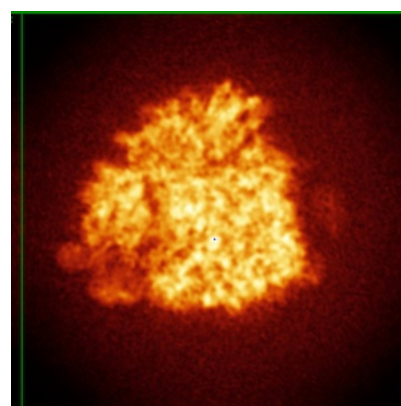
6.4.1 Primary map



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 0.0004. These images, in conjunction with the slice images, may facilitate assessment of whether an appropriate contour level has been provided.

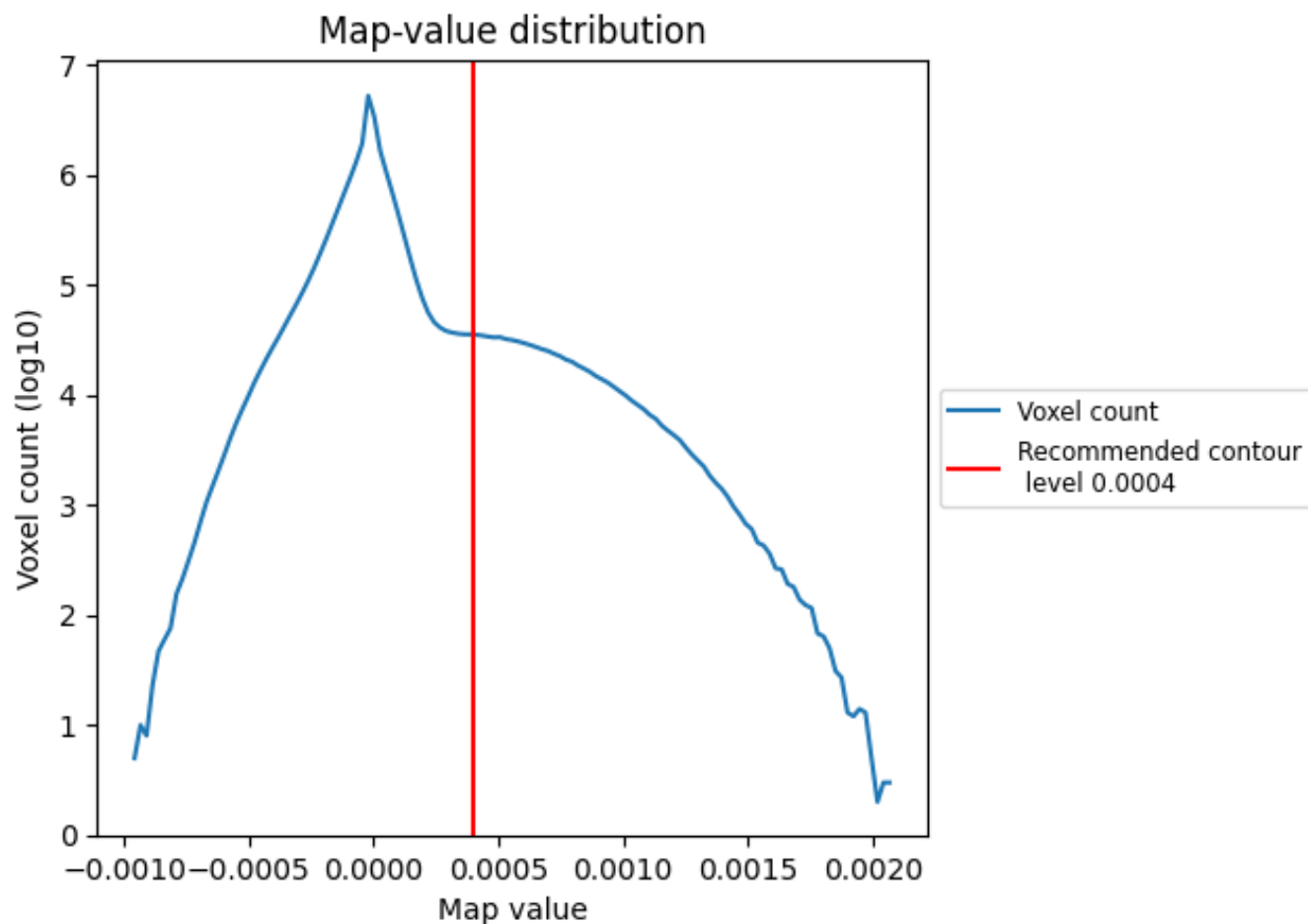
6.6 Mask visualisation [i](#)

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

7 Map analysis [i](#)

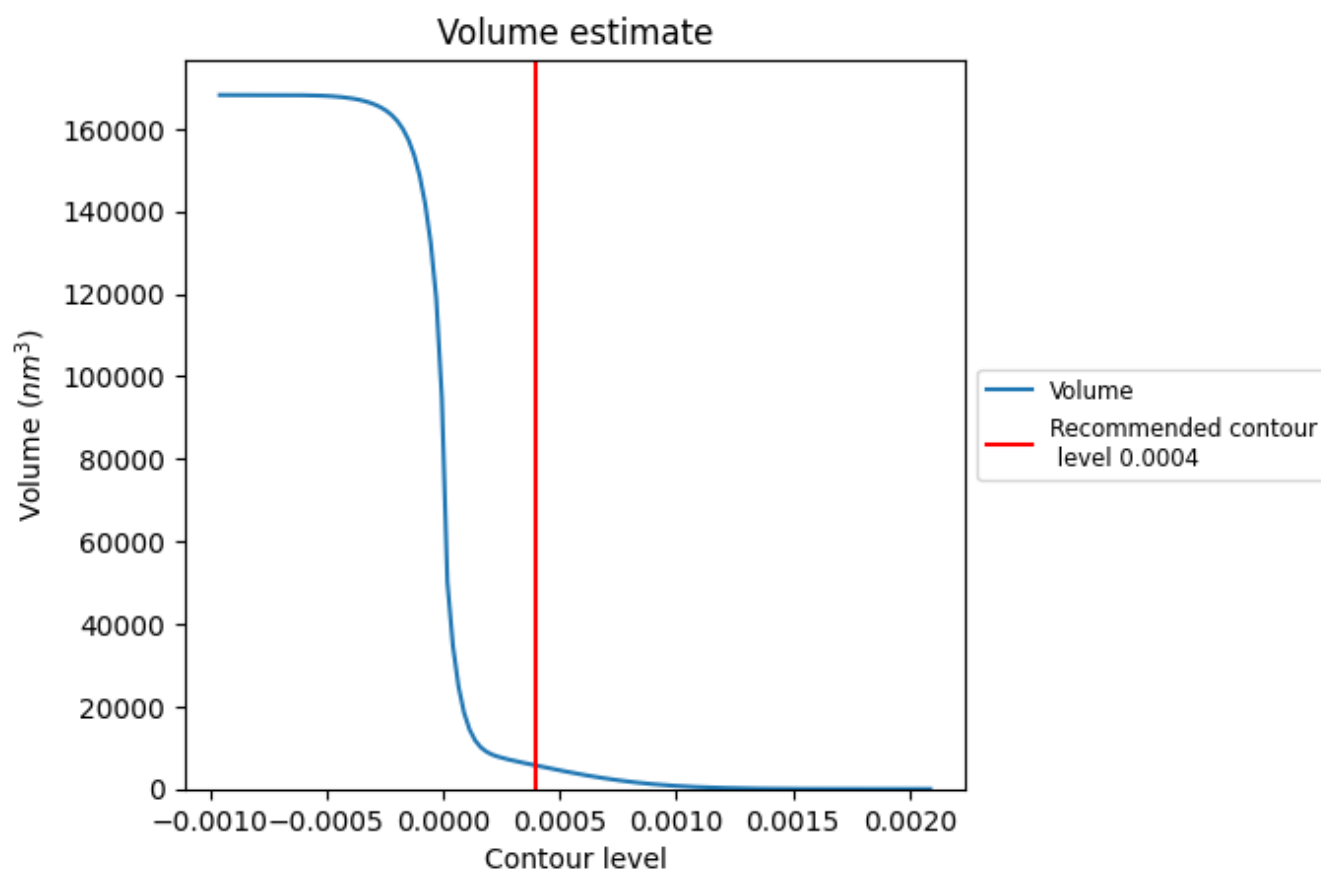
This section contains the results of statistical analysis of the map.

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.

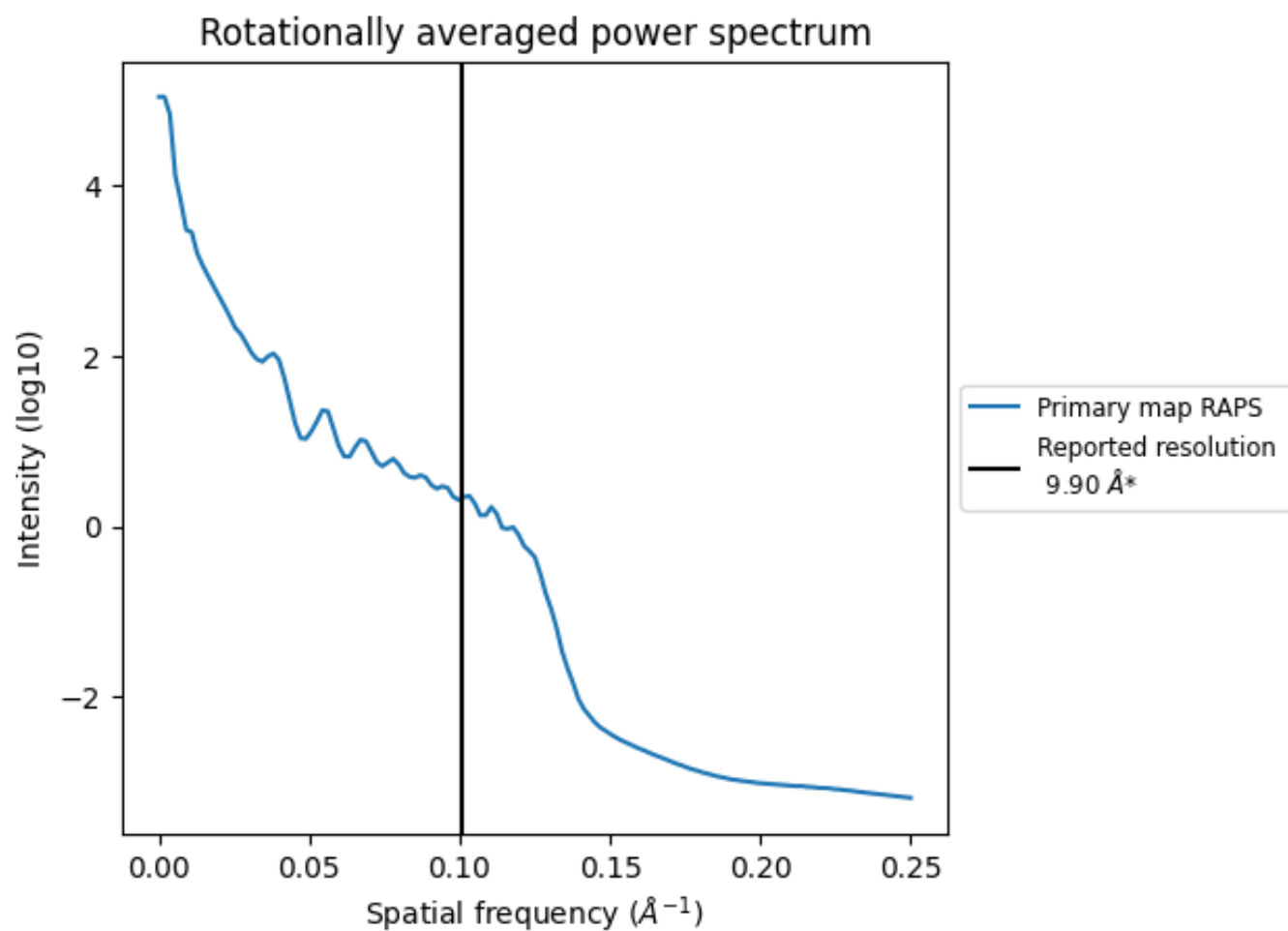
7.2 Volume estimate [i](#)



The volume at the recommended contour level is 5676 nm^3 ; this corresponds to an approximate mass of 5127 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 0.101 Å⁻¹

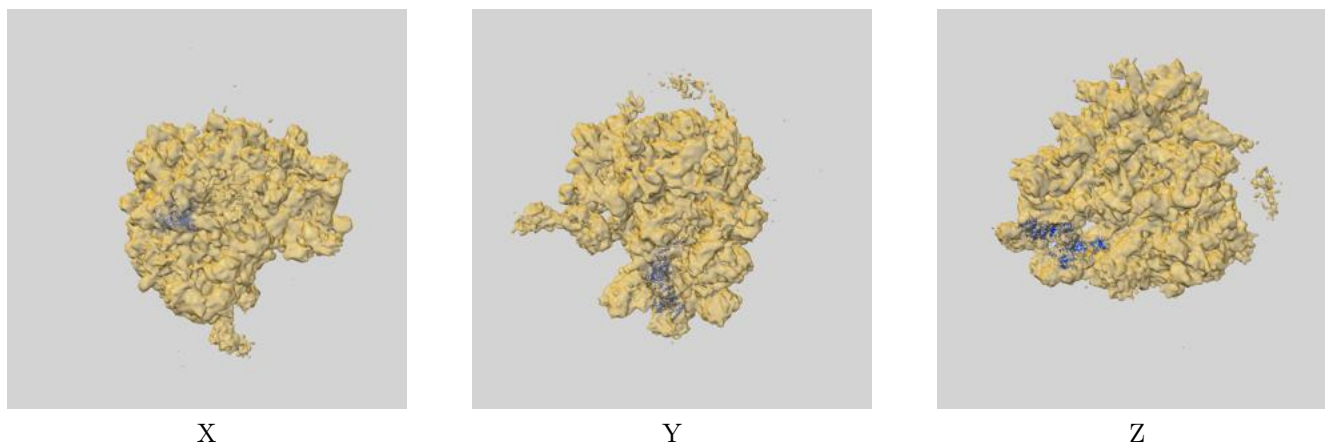
8 Fourier-Shell correlation ⓘ

This section was not generated. No FSC curve or half-maps provided.

9 Map-model fit [i](#)

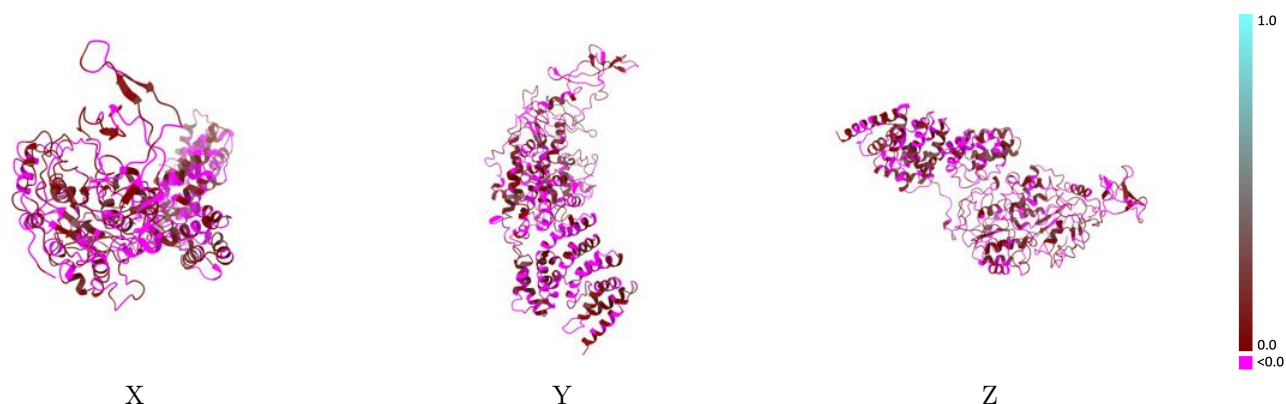
This section contains information regarding the fit between EMDB map EMD-1233 and PDB model 2IX8. Per-residue inclusion information can be found in [section 3](#) on [page 4](#).

9.1 Map-model overlay [i](#)



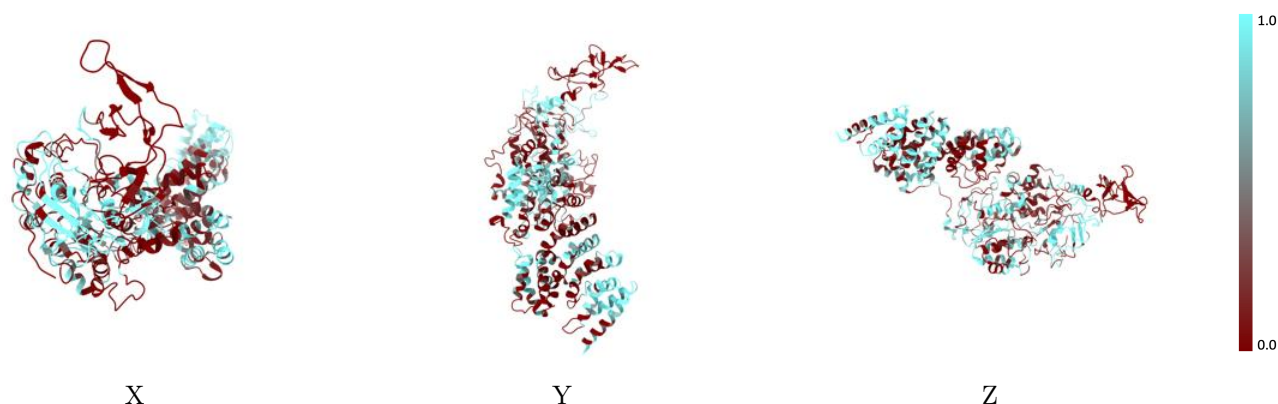
The images above show the 3D surface view of the map at the recommended contour level 0.0004 at 50% transparency in yellow overlaid with a ribbon representation of the model coloured in blue. These images allow for the visual assessment of the quality of fit between the atomic model and the map.

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



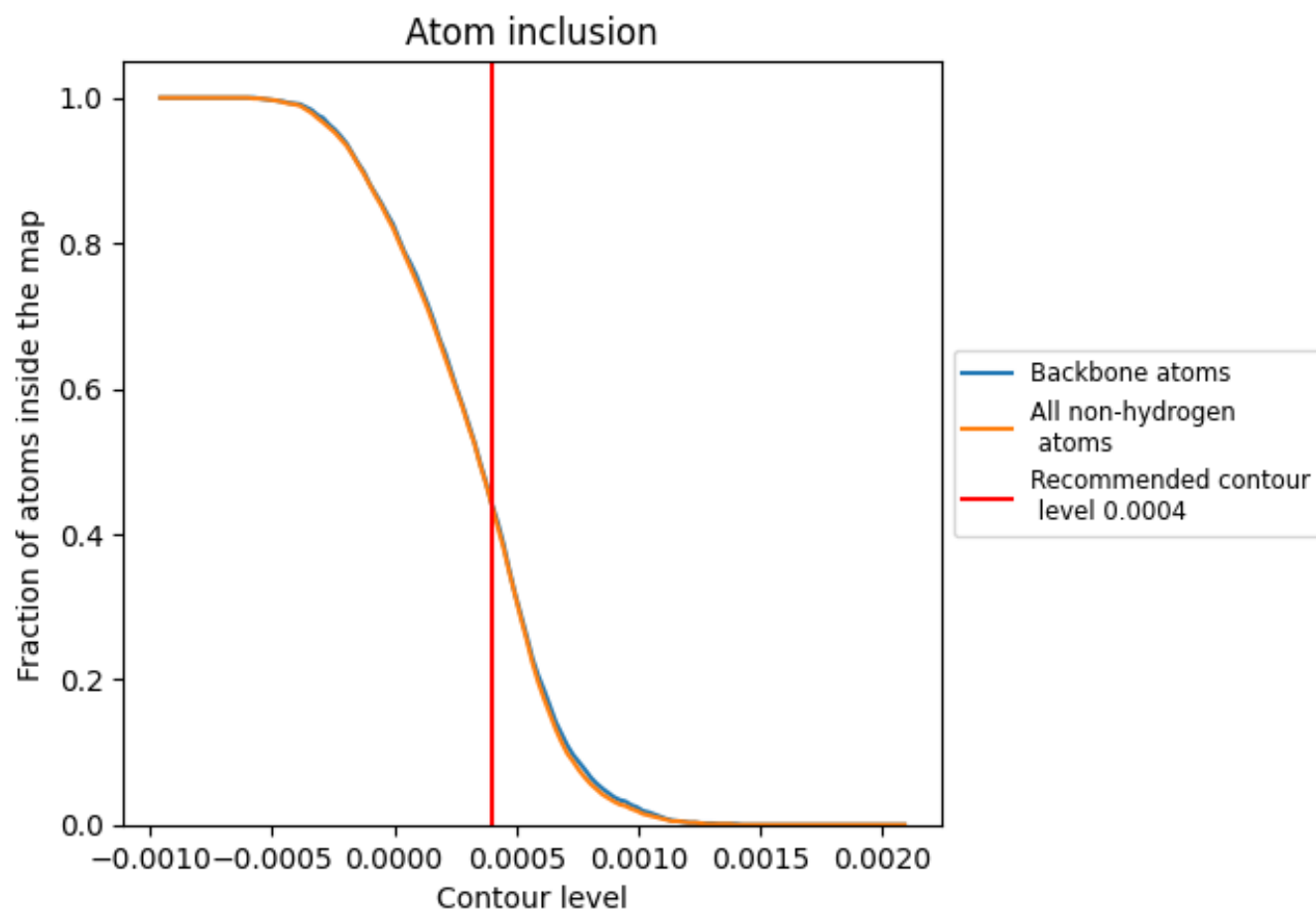
The images above show the model with each residue coloured according to its Q-score. This shows their resolvability in the map with higher Q-score values reflecting better resolvability. Please note: Q-score is calculating the resolvability of atoms, and thus high values are only expected at resolutions 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 (0.0004).

9.4 Atom inclusion [i](#)



At the recommended contour level, 44% of all backbone atoms, 44% 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 (0.0004) and Q-score for the entire model and for each chain.

Chain	Atom inclusion	Q-score
All	0.4390	0.0070
A	0.4390	0.0070

