



Full wwPDB NMR Structure Validation Report ⓘ

Mar 6, 2026 – 09:01 PM UTC

PDB ID : 1J6Y / pdb_00001j6y
Title : Solution structure of Pin1At from Arabidopsis thaliana
Authors : Landrieu, I.; Wieruszeski, J.M.; Wintjens, R.; Inze, D.; Lippens, G.
Deposited on : 2001-05-15

This is a Full wwPDB NMR Structure Validation Report for a publicly released PDB entry.

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

A user guide is available at

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

with specific help available everywhere you see the ⓘ symbol.

The types of validation reports are described at

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

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

MolProbity	:	4-5-2 with Phenix2.0
Percentile statistics	:	20250101.v01 (using entries in the PDB archive January 1st 2025)
wwPDB-RCI	:	v_1n_11_5_13_A (Berjanski et al., 2005)
PANAV	:	Wang et al. (2010)
wwPDB-ShiftChecker	:	v1.2
Ideal geometry (proteins)	:	Engh & Huber (2001)
Ideal geometry (DNA, RNA)	:	Parkinson et al. (1996)
Validation Pipeline (wwPDB-VP)	:	2.49

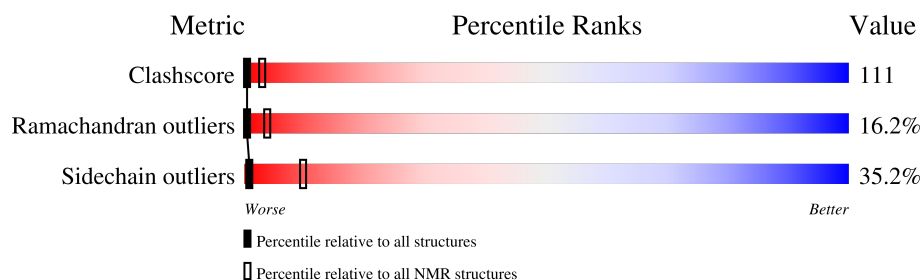
1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:

SOLUTION NMR

The overall completeness of chemical shifts assignment was not calculated.

Percentile scores (ranging between 0-100) for global validation metrics of the entry are shown in the following graphic. The table shows the number of entries on which the scores are based.



Metric	Whole archive (#Entries)	NMR archive (#Entries)
Clashscore	229148	14424
Ramachandran outliers	224038	12848
Sidechain outliers	223484	12823

The table below summarises the geometric issues observed across the polymeric chains and their fit to the experimental data. The red, orange, yellow and green segments indicate the fraction of residues that contain outliers for ≥ 3 , 2, 1 and 0 types of geometric quality criteria. A cyan segment indicates the fraction of residues that are not part of the well-defined cores, and a grey segment represents the fraction of residues that are not modelled. The numeric value for each fraction is indicated below the corresponding segment, with a dot representing fractions $\leq 5\%$

Mol	Chain	Length	Quality of chain
1	A	139	

2 Ensemble composition and analysis

This entry contains 20 models. Model 2 is the overall representative, medoid model (most similar to other models). The authors have identified model 1 as representative, based on the following criterion: *lowest energy*.

The following residues are included in the computation of the global validation metrics.

Well-defined (core) protein residues			
Well-defined core	Residue range (total)	Backbone RMSD (Å)	Medoid model
1	A:7-A:19, A:37-A:120 (97)	0.98	2

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

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

The models can be grouped into 3 clusters and 5 single-model clusters were found.

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

3 Entry composition

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 1855 atoms, of which 932 are hydrogens and 0 are deuteriums.

- Molecule 1 is a protein called peptidyl-prolyl cis-trans isomerase.

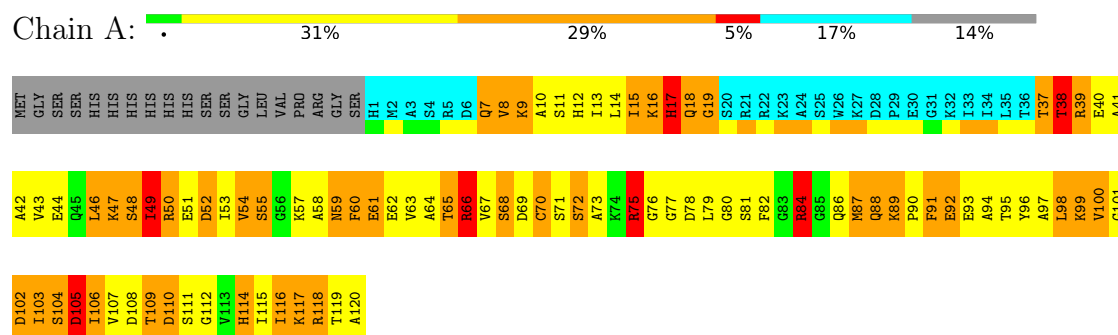
Mol	Chain	Residues	Atoms						Trace
1	A	120	Total	C	H	N	O	S	0
			1855	566	932	173	181	3	

There are 20 discrepancies between the modelled and reference sequences:

Chain	Residue	Modelled	Actual	Comment	Reference
A	-18	MET	-	expression tag	UNP Q9SL42
A	-17	GLY	-	expression tag	UNP Q9SL42
A	-16	SER	-	expression tag	UNP Q9SL42
A	-15	SER	-	expression tag	UNP Q9SL42
A	-14	HIS	-	expression tag	UNP Q9SL42
A	-13	HIS	-	expression tag	UNP Q9SL42
A	-12	HIS	-	expression tag	UNP Q9SL42
A	-11	HIS	-	expression tag	UNP Q9SL42
A	-10	HIS	-	expression tag	UNP Q9SL42
A	-9	HIS	-	expression tag	UNP Q9SL42
A	-8	SER	-	expression tag	UNP Q9SL42
A	-7	SER	-	expression tag	UNP Q9SL42
A	-6	GLY	-	expression tag	UNP Q9SL42
A	-5	LEU	-	expression tag	UNP Q9SL42
A	-4	VAL	-	expression tag	UNP Q9SL42
A	-3	PRO	-	expression tag	UNP Q9SL42
A	-2	ARG	-	expression tag	UNP Q9SL42
A	-1	GLY	-	expression tag	UNP Q9SL42
A	0	SER	-	expression tag	UNP Q9SL42
A	1	HIS	-	expression tag	UNP Q9SL42

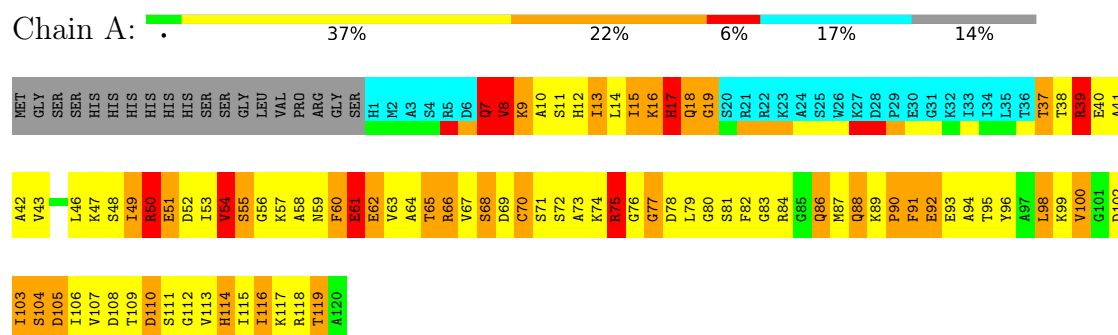
4.2.5 Score per residue for model 5

- Molecule 1: peptidyl-prolyl cis-trans isomerase



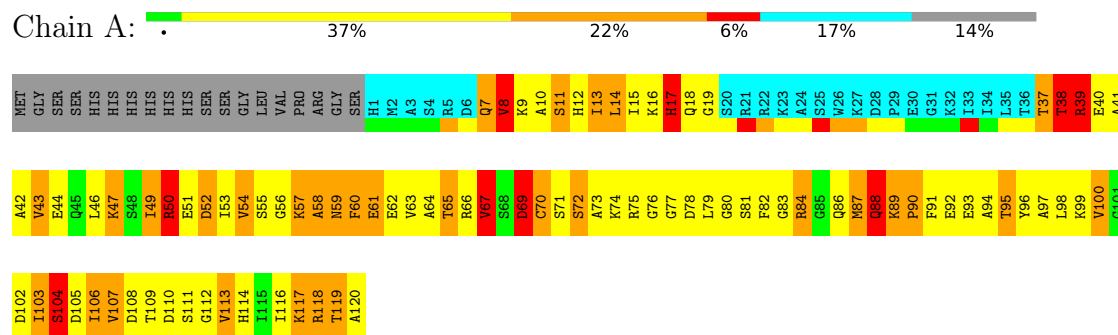
4.2.6 Score per residue for model 6

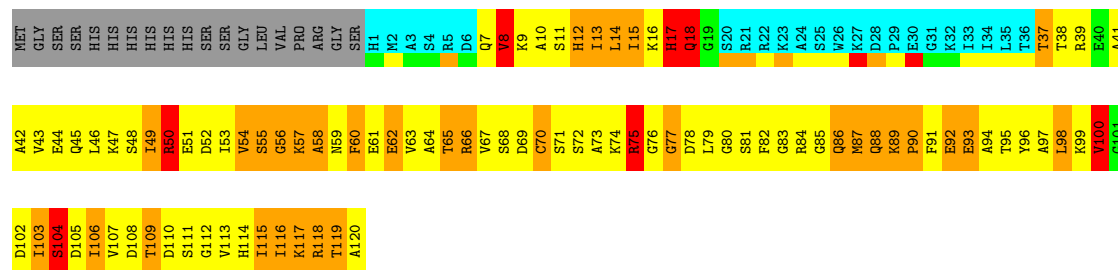
- Molecule 1: peptidyl-prolyl cis-trans isomerase



4.2.7 Score per residue for model 7

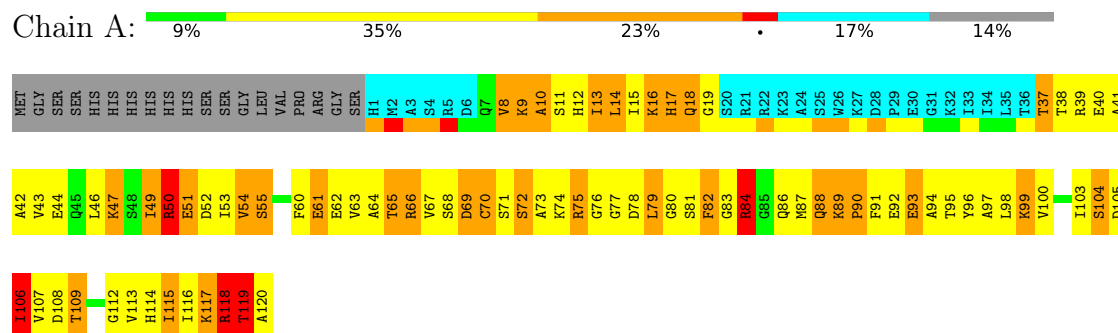
- Molecule 1: peptidyl-prolyl cis-trans isomerase





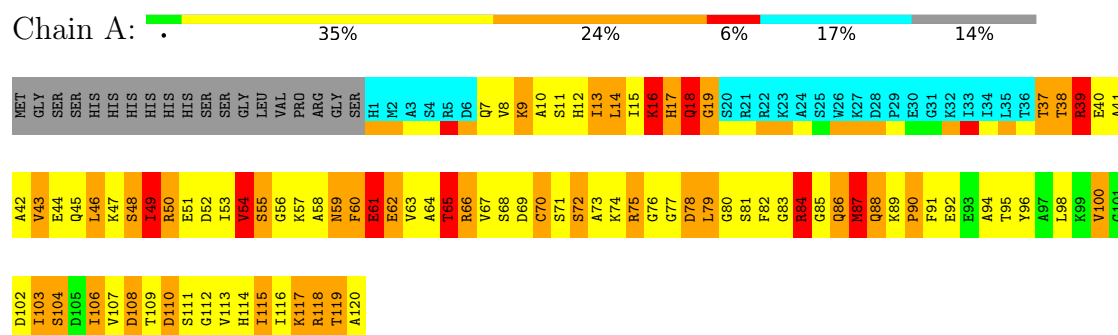
4.2.14 Score per residue for model 14

- Molecule 1: peptidyl-prolyl cis-trans isomerase



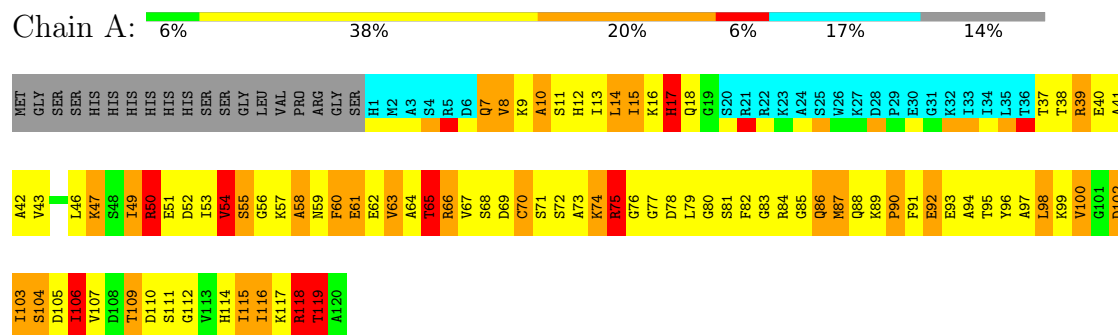
4.2.15 Score per residue for model 15

- Molecule 1: peptidyl-prolyl cis-trans isomerase



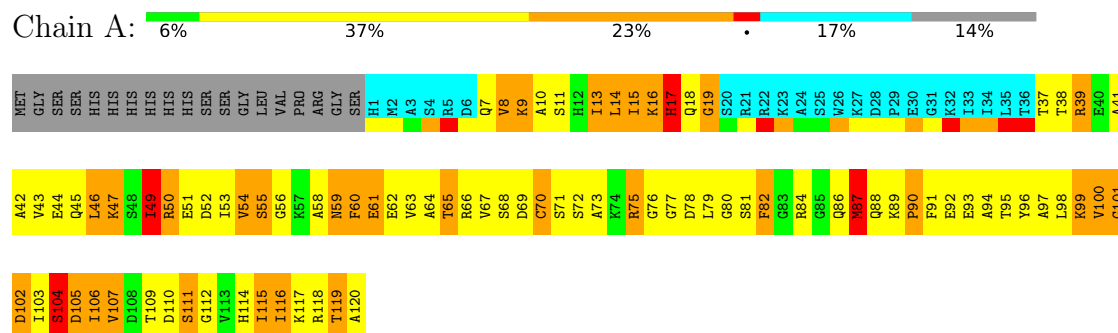
4.2.16 Score per residue for model 16

- Molecule 1: peptidyl-prolyl cis-trans isomerase



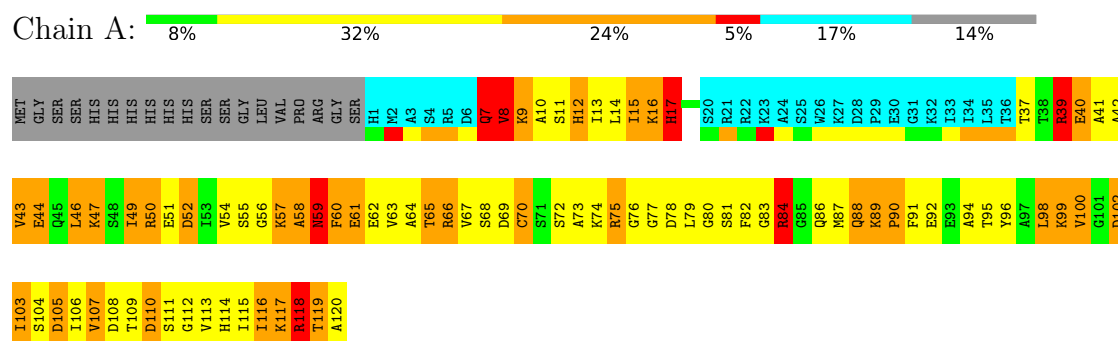
4.2.17 Score per residue for model 17

- Molecule 1: peptidyl-prolyl cis-trans isomerase



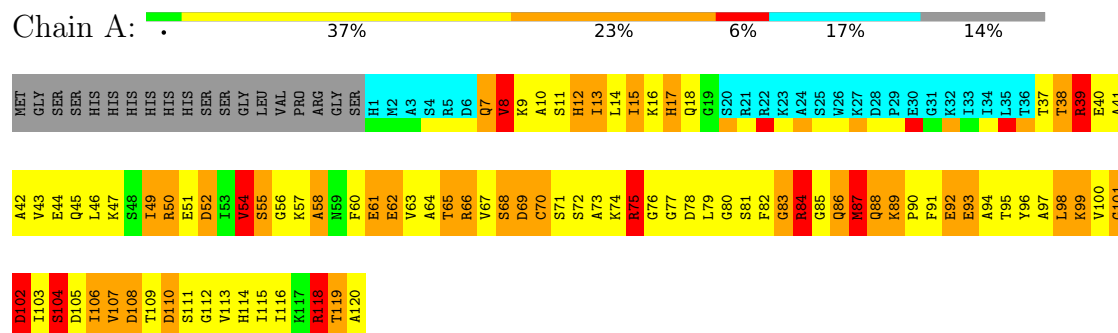
4.2.18 Score per residue for model 18

- Molecule 1: peptidyl-prolyl cis-trans isomerase



4.2.19 Score per residue for model 19

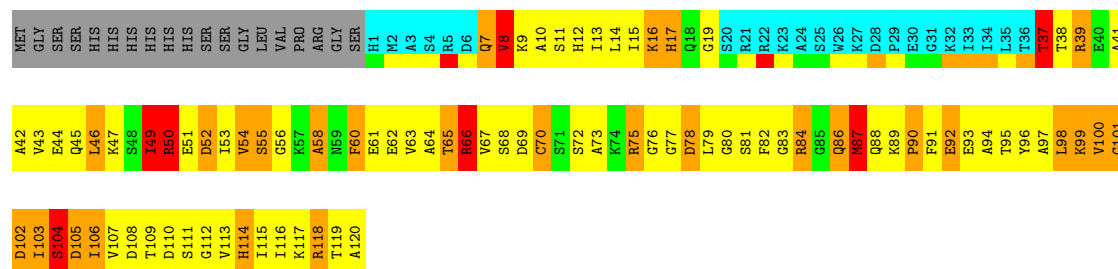
- Molecule 1: peptidyl-prolyl cis-trans isomerase



4.2.20 Score per residue for model 20

- Molecule 1: peptidyl-prolyl cis-trans isomerase

Chain A:



5 Refinement protocol and experimental data overview

The models were refined using the following method: *distance geometry simulated annealing*.

Of the 150 calculated structures, 20 were deposited, based on the following criterion: *structures with acceptable covalent geometry, structures with the least restraint violations, structures with the lowest energy*.

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

Software name	Classification	Version
X-PLOR	structure solution	3.851
X-PLOR	refinement	3.851

No chemical shift data was provided.

6 Model quality (i)

6.1 Standard geometry (i)

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

Mol	Chain	Bond lengths		Bond angles	
		RMSZ	#Z>5	RMSZ	#Z>5
1	A	1.49±0.01	0±0/743 (0.0± 0.0%)	1.58±0.02	3±2/994 (0.3± 0.2%)
All	All	1.49	0/14860 (0.0%)	1.58	56/19880 (0.3%)

Chiral center outliers are detected by calculating the chiral volume of a chiral center and verifying if the center is modelled as a planar moiety or with the opposite hand. A planarity outlier is detected by checking planarity of atoms in a peptide group, atoms in a mainchain group or atoms of a sidechain that are expected to be planar.

Mol	Chain	Chirality	Planarity
1	A	0.0±0.0	5.7±0.5
All	All	0	114

There are no bond-length outliers.

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

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)	Models	
								Worst	Total
1	A	8	VAL	N-CA-CB	-7.89	104.76	112.65	2	8
1	A	107	VAL	N-CA-CB	-7.16	104.02	112.40	18	6
1	A	15	ILE	N-CA-CB	-6.50	105.06	112.21	10	5
1	A	13	ILE	N-CA-CB	-6.17	105.23	112.32	1	2
1	A	86	GLN	CB-CA-C	-5.96	109.72	116.63	6	1
1	A	87	MET	N-CA-CB	-5.64	102.64	110.65	16	5
1	A	91	PHE	CA-CB-CG	-5.58	108.22	113.80	4	4
1	A	54	VAL	N-CA-CB	-5.52	104.41	110.65	15	9
1	A	115	ILE	N-CA-CB	-5.43	105.28	112.34	17	1
1	A	49	ILE	N-CA-CB	-5.41	104.94	110.62	15	7
1	A	103	ILE	N-CA-CB	-5.26	105.50	112.34	12	1
1	A	82	PHE	N-CA-CB	-5.21	104.19	109.51	13	1
1	A	43	VAL	N-CA-CB	-5.10	104.85	110.51	15	1
1	A	63	VAL	N-CA-CB	-5.10	104.85	110.51	16	1
1	A	78	ASP	N-CA-CB	-5.09	103.52	111.56	15	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)	Models	
								Worst	Total
1	A	69	ASP	N-CA-C	-5.07	105.93	112.68	7	1
1	A	57	LYS	N-CA-CB	-5.03	102.00	110.49	4	1
1	A	75	ARG	N-CA-CB	-5.02	104.00	111.43	17	1

There are no chirality outliers.

All unique planar outliers are listed below. They are sorted by the frequency of occurrence in the ensemble.

Mol	Chain	Res	Type	Group	Models (Total)
1	A	50	ARG	Sidechain	20
1	A	84	ARG	Sidechain	20
1	A	39	ARG	Sidechain	19
1	A	66	ARG	Sidechain	19
1	A	75	ARG	Sidechain	19
1	A	118	ARG	Sidechain	17

6.2 Too-close contacts

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

Mol	Chain	Non-H	H(model)	H(added)	Clashes
1	A	736	739	739	163±11
All	All	14720	14780	14780	3267

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 111.

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

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:79:LEU:HD12	1:A:80:GLY:N	1.02	1.68	5	1
1:A:43:VAL:HG13	1:A:106:ILE:HG21	0.99	1.32	8	12
1:A:14:LEU:HD13	1:A:114:HIS:CE1	0.99	1.92	3	18
1:A:63:VAL:O	1:A:67:VAL:HG12	0.97	1.59	18	19
1:A:100:VAL:CG1	1:A:120:ALA:HB2	0.97	1.88	12	2
1:A:100:VAL:HG21	1:A:119:THR:C	0.95	1.85	16	3
1:A:100:VAL:HG13	1:A:120:ALA:HB2	0.95	1.34	12	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:14:LEU:HD13	1:A:114:HIS:NE2	0.93	1.76	3	6
1:A:98:LEU:HD23	1:A:99:LYS:N	0.93	1.78	7	3
1:A:14:LEU:O	1:A:67:VAL:HG22	0.93	1.62	6	14
1:A:98:LEU:HD11	1:A:102:ASP:HB3	0.91	1.40	20	8
1:A:10:ALA:O	1:A:79:LEU:HD12	0.90	1.64	14	4
1:A:15:ILE:HD12	1:A:46:LEU:HD12	0.89	1.43	18	5
1:A:46:LEU:HD12	1:A:105:ASP:O	0.88	1.68	6	2
1:A:46:LEU:HD21	1:A:115:ILE:HG22	0.88	1.45	17	2
1:A:15:ILE:HD12	1:A:46:LEU:CD1	0.86	2.00	20	4
1:A:79:LEU:HD23	1:A:87:MET:HE1	0.85	1.45	8	3
1:A:98:LEU:HD11	1:A:102:ASP:CB	0.84	2.02	7	4
1:A:42:ALA:HB1	1:A:113:VAL:HG21	0.84	1.46	2	5
1:A:63:VAL:O	1:A:67:VAL:HG22	0.83	1.71	9	1
1:A:14:LEU:HD23	1:A:69:ASP:N	0.83	1.87	7	1
1:A:60:PHE:CE2	1:A:115:ILE:HD11	0.83	2.08	4	1
1:A:91:PHE:CE2	1:A:116:ILE:HD11	0.82	2.09	1	11
1:A:43:VAL:HG23	1:A:106:ILE:HG21	0.81	1.50	14	3
1:A:43:VAL:HG13	1:A:106:ILE:CG2	0.81	2.04	8	1
1:A:99:LYS:O	1:A:100:VAL:HG23	0.81	1.74	10	5
1:A:8:VAL:HG11	1:A:96:TYR:CE2	0.81	2.11	19	18
1:A:91:PHE:O	1:A:94:ALA:HB3	0.81	1.76	2	20
1:A:14:LEU:HD22	1:A:69:ASP:HA	0.80	1.54	2	17
1:A:46:LEU:HD21	1:A:115:ILE:HG23	0.80	1.54	5	2
1:A:98:LEU:HD11	1:A:102:ASP:HB2	0.79	1.53	13	5
1:A:100:VAL:HG22	1:A:119:THR:HB	0.79	1.55	8	4
1:A:100:VAL:HG13	1:A:119:THR:O	0.79	1.78	18	3
1:A:91:PHE:CD2	1:A:116:ILE:HD11	0.79	2.11	1	6
1:A:82:PHE:CD2	1:A:87:MET:HE3	0.78	2.14	13	6
1:A:10:ALA:HB2	1:A:95:THR:HG21	0.77	1.55	12	15
1:A:38:THR:O	1:A:42:ALA:HB2	0.77	1.78	5	5
1:A:37:THR:HG22	1:A:38:THR:N	0.77	1.93	4	2
1:A:37:THR:O	1:A:41:ALA:HB3	0.76	1.80	7	2
1:A:67:VAL:O	1:A:67:VAL:HG13	0.75	1.82	7	8
1:A:46:LEU:HD11	1:A:115:ILE:HG22	0.75	1.55	5	2
1:A:67:VAL:O	1:A:67:VAL:HG23	0.75	1.81	9	1
1:A:40:GLU:O	1:A:43:VAL:HG12	0.74	1.80	3	3
1:A:13:ILE:HG23	1:A:67:VAL:HG23	0.74	1.59	9	1
1:A:65:THR:HG22	1:A:73:ALA:O	0.74	1.82	5	15
1:A:119:THR:O	1:A:120:ALA:HB2	0.74	1.82	7	3
1:A:67:VAL:HG22	1:A:67:VAL:O	0.74	1.83	16	9
1:A:43:VAL:HG22	1:A:106:ILE:HG21	0.73	1.59	2	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:13:ILE:HG23	1:A:67:VAL:O	0.73	1.82	5	9
1:A:46:LEU:HD13	1:A:113:VAL:HB	0.72	1.58	4	2
1:A:79:LEU:HD12	1:A:79:LEU:N	0.72	2.00	16	15
1:A:37:THR:O	1:A:38:THR:HG23	0.72	1.84	4	1
1:A:10:ALA:C	1:A:79:LEU:HD12	0.72	2.09	14	2
1:A:47:LYS:HE3	1:A:106:ILE:HD11	0.72	1.61	11	1
1:A:18:GLN:HG2	1:A:38:THR:HG22	0.72	1.60	15	2
1:A:37:THR:HG23	1:A:41:ALA:C	0.72	2.10	14	1
1:A:82:PHE:CE2	1:A:87:MET:HE3	0.71	2.19	13	5
1:A:70:CYS:O	1:A:73:ALA:HB3	0.71	1.85	3	19
1:A:46:LEU:HD11	1:A:115:ILE:CG2	0.71	2.15	5	1
1:A:46:LEU:HD22	1:A:106:ILE:HA	0.71	1.63	19	3
1:A:14:LEU:HD21	1:A:69:ASP:HB2	0.70	1.62	7	2
1:A:100:VAL:HG22	1:A:119:THR:CB	0.70	2.15	8	4
1:A:64:ALA:HB1	1:A:76:GLY:O	0.70	1.86	1	2
1:A:107:VAL:HG12	1:A:107:VAL:O	0.70	1.84	6	1
1:A:98:LEU:HD11	1:A:104:SER:H	0.70	1.47	8	5
1:A:59:ASN:O	1:A:60:PHE:CB	0.70	2.40	18	1
1:A:43:VAL:HG13	1:A:106:ILE:HD12	0.70	1.64	10	5
1:A:46:LEU:HD21	1:A:115:ILE:CG2	0.70	2.16	17	2
1:A:79:LEU:CD2	1:A:87:MET:HE3	0.70	2.17	17	1
1:A:53:ILE:HG22	1:A:103:ILE:HD13	0.69	1.64	16	9
1:A:89:LYS:N	1:A:90:PRO:CD	0.69	2.55	16	16
1:A:46:LEU:HB3	1:A:106:ILE:HG23	0.69	1.62	13	1
1:A:14:LEU:HD23	1:A:69:ASP:H	0.69	1.46	7	1
1:A:107:VAL:HG21	1:A:116:ILE:HD12	0.69	1.64	9	9
1:A:13:ILE:CG2	1:A:67:VAL:HG23	0.69	2.17	9	1
1:A:119:THR:O	1:A:120:ALA:HB3	0.68	1.88	12	8
1:A:9:LYS:O	1:A:10:ALA:HB2	0.68	1.88	9	19
1:A:53:ILE:HG21	1:A:103:ILE:HD13	0.68	1.66	6	4
1:A:8:VAL:HG21	1:A:95:THR:HB	0.68	1.64	8	7
1:A:10:ALA:HB2	1:A:95:THR:CG2	0.68	2.19	5	8
1:A:90:PRO:HB2	1:A:109:THR:HG22	0.68	1.66	6	3
1:A:91:PHE:CE2	1:A:116:ILE:CD1	0.68	2.77	2	7
1:A:49:ILE:HG21	1:A:115:ILE:HG21	0.68	1.65	5	4
1:A:100:VAL:O	1:A:100:VAL:HG13	0.67	1.90	14	1
1:A:14:LEU:HD21	1:A:69:ASP:CB	0.67	2.18	7	2
1:A:13:ILE:HB	1:A:115:ILE:HG23	0.67	1.65	2	1
1:A:100:VAL:HG22	1:A:119:THR:OG1	0.67	1.90	9	2
1:A:100:VAL:HG13	1:A:120:ALA:CB	0.67	2.16	12	1
1:A:98:LEU:HD11	1:A:104:SER:N	0.67	2.05	8	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:14:LEU:HD23	1:A:16:LYS:NZ	0.67	2.04	14	1
1:A:38:THR:H	1:A:41:ALA:HB3	0.67	1.48	19	15
1:A:100:VAL:HG13	1:A:120:ALA:N	0.67	2.05	5	3
1:A:79:LEU:HD12	1:A:80:GLY:H	0.67	1.49	5	1
1:A:100:VAL:HG13	1:A:120:ALA:H	0.67	1.48	3	1
1:A:103:ILE:HG22	1:A:103:ILE:O	0.66	1.90	2	7
1:A:18:GLN:CG	1:A:38:THR:HG22	0.66	2.21	14	1
1:A:49:ILE:HG22	1:A:50:ARG:N	0.66	2.05	5	13
1:A:43:VAL:HG12	1:A:47:LYS:HE2	0.66	1.66	16	2
1:A:42:ALA:HB1	1:A:113:VAL:HG11	0.66	1.66	7	3
1:A:8:VAL:HG12	1:A:82:PHE:O	0.66	1.91	17	7
1:A:14:LEU:CD1	1:A:114:HIS:CE1	0.66	2.79	19	18
1:A:86:GLN:HB2	1:A:87:MET:HE2	0.66	1.66	19	7
1:A:8:VAL:HG11	1:A:96:TYR:CE1	0.66	2.26	9	1
1:A:47:LYS:CE	1:A:106:ILE:HD11	0.66	2.20	11	1
1:A:100:VAL:HG12	1:A:100:VAL:O	0.65	1.90	11	7
1:A:46:LEU:HD23	1:A:106:ILE:HA	0.65	1.66	8	2
1:A:114:HIS:N	1:A:114:HIS:CD2	0.65	2.64	12	11
1:A:15:ILE:HG22	1:A:113:VAL:CG2	0.65	2.20	9	4
1:A:53:ILE:CG2	1:A:103:ILE:HD13	0.65	2.22	5	6
1:A:109:THR:HG23	1:A:110:ASP:N	0.65	2.06	9	1
1:A:98:LEU:HD13	1:A:104:SER:CA	0.65	2.22	20	5
1:A:82:PHE:CD2	1:A:87:MET:CE	0.64	2.80	19	7
1:A:8:VAL:CG1	1:A:96:TYR:CE2	0.64	2.80	19	16
1:A:13:ILE:CB	1:A:115:ILE:HG23	0.64	2.21	2	1
1:A:37:THR:HG23	1:A:42:ALA:N	0.64	2.08	14	2
1:A:98:LEU:HD13	1:A:104:SER:N	0.64	2.07	20	3
1:A:79:LEU:HD13	1:A:82:PHE:CE1	0.64	2.28	15	2
1:A:91:PHE:CD1	1:A:91:PHE:C	0.64	2.75	5	20
1:A:64:ALA:HB1	1:A:76:GLY:CA	0.64	2.23	7	5
1:A:82:PHE:N	1:A:82:PHE:CD1	0.64	2.65	10	17
1:A:14:LEU:CD2	1:A:69:ASP:CB	0.63	2.77	7	2
1:A:43:VAL:HG13	1:A:106:ILE:HD13	0.63	1.68	11	3
1:A:46:LEU:HB3	1:A:106:ILE:HD13	0.63	1.71	18	1
1:A:100:VAL:HG21	1:A:119:THR:HB	0.63	1.70	1	1
1:A:42:ALA:HB1	1:A:113:VAL:CG2	0.63	2.24	2	2
1:A:13:ILE:CG2	1:A:67:VAL:HG13	0.63	2.23	11	4
1:A:100:VAL:CG2	1:A:120:ALA:HB2	0.63	2.23	4	1
1:A:79:LEU:HD22	1:A:87:MET:SD	0.63	2.34	15	1
1:A:54:VAL:HG12	1:A:55:SER:N	0.63	2.09	3	14
1:A:60:PHE:CE2	1:A:115:ILE:CD1	0.63	2.80	4	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:108:ASP:OD2	1:A:113:VAL:HG12	0.62	1.94	1	1
1:A:105:ASP:O	1:A:106:ILE:C	0.62	2.42	16	7
1:A:87:MET:CG	1:A:91:PHE:CD1	0.62	2.83	3	9
1:A:13:ILE:HG23	1:A:67:VAL:HG13	0.62	1.71	4	7
1:A:37:THR:HG22	1:A:38:THR:H	0.62	1.53	4	1
1:A:89:LYS:N	1:A:90:PRO:HD2	0.62	2.09	4	20
1:A:46:LEU:CB	1:A:106:ILE:HG22	0.62	2.25	6	2
1:A:56:GLY:O	1:A:57:LYS:C	0.61	2.43	4	2
1:A:11:SER:CB	1:A:78:ASP:CB	0.61	2.79	18	15
1:A:46:LEU:HD11	1:A:114:HIS:O	0.61	1.95	19	1
1:A:14:LEU:HD22	1:A:69:ASP:CA	0.61	2.24	8	11
1:A:87:MET:CG	1:A:91:PHE:CG	0.61	2.84	17	11
1:A:50:ARG:O	1:A:54:VAL:HG23	0.61	1.95	9	8
1:A:53:ILE:HG21	1:A:103:ILE:HG21	0.61	1.71	5	1
1:A:91:PHE:CE2	1:A:116:ILE:HG12	0.61	2.31	15	6
1:A:9:LYS:CB	1:A:80:GLY:O	0.61	2.48	6	20
1:A:79:LEU:N	1:A:79:LEU:CD1	0.61	2.64	2	14
1:A:107:VAL:HG11	1:A:116:ILE:HD11	0.61	1.71	2	2
1:A:8:VAL:HG13	1:A:82:PHE:CD2	0.61	2.30	15	2
1:A:87:MET:N	1:A:87:MET:CE	0.60	2.64	11	1
1:A:8:VAL:CG2	1:A:95:THR:CG2	0.60	2.80	14	16
1:A:91:PHE:CE1	1:A:95:THR:OG1	0.60	2.54	2	14
1:A:119:THR:O	1:A:120:ALA:CB	0.60	2.49	7	9
1:A:17:HIS:CE1	1:A:112:GLY:CA	0.60	2.84	19	6
1:A:56:GLY:O	1:A:58:ALA:N	0.60	2.35	4	18
1:A:10:ALA:CB	1:A:95:THR:CG2	0.60	2.79	2	1
1:A:16:LYS:O	1:A:37:THR:HG21	0.60	1.96	11	4
1:A:15:ILE:HD13	1:A:45:GLN:NE2	0.60	2.12	13	1
1:A:60:PHE:CD1	1:A:60:PHE:O	0.60	2.55	12	2
1:A:105:ASP:O	1:A:107:VAL:HG23	0.60	1.96	12	2
1:A:86:GLN:HB3	1:A:87:MET:HE2	0.60	1.72	4	4
1:A:113:VAL:C	1:A:114:HIS:CD2	0.59	2.80	15	8
1:A:12:HIS:CG	1:A:79:LEU:HD11	0.59	2.32	2	2
1:A:17:HIS:CE1	1:A:19:GLY:CA	0.59	2.85	6	6
1:A:110:ASP:O	1:A:114:HIS:CD2	0.59	2.56	4	1
1:A:8:VAL:O	1:A:82:PHE:CE1	0.59	2.54	5	13
1:A:12:HIS:CD2	1:A:79:LEU:HD11	0.59	2.32	2	6
1:A:69:ASP:O	1:A:70:CYS:C	0.59	2.45	20	14
1:A:12:HIS:CD2	1:A:13:ILE:N	0.59	2.71	9	1
1:A:37:THR:CG2	1:A:38:THR:N	0.59	2.64	4	3
1:A:82:PHE:CE2	1:A:87:MET:SD	0.59	2.96	12	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:87:MET:HG2	1:A:91:PHE:CD1	0.58	2.34	19	15
1:A:98:LEU:HD22	1:A:103:ILE:O	0.58	1.98	3	1
1:A:67:VAL:O	1:A:67:VAL:HG22	0.58	1.97	5	2
1:A:14:LEU:CD1	1:A:114:HIS:NE2	0.58	2.67	4	6
1:A:49:ILE:CG2	1:A:50:ARG:N	0.58	2.66	19	19
1:A:11:SER:O	1:A:116:ILE:HG23	0.58	1.98	14	3
1:A:79:LEU:HD23	1:A:87:MET:CE	0.58	2.28	1	5
1:A:84:ARG:N	1:A:84:ARG:CD	0.58	2.66	19	3
1:A:87:MET:HG2	1:A:91:PHE:CG	0.58	2.33	17	8
1:A:53:ILE:HG21	1:A:103:ILE:CD1	0.58	2.28	6	1
1:A:100:VAL:HG21	1:A:119:THR:O	0.58	1.98	16	1
1:A:13:ILE:CG2	1:A:14:LEU:N	0.58	2.67	9	16
1:A:91:PHE:CE2	1:A:116:ILE:HD12	0.58	2.34	2	1
1:A:100:VAL:HG22	1:A:119:THR:CG2	0.58	2.29	8	1
1:A:91:PHE:CZ	1:A:116:ILE:HG12	0.58	2.34	1	16
1:A:12:HIS:CE1	1:A:72:SER:OG	0.58	2.57	2	1
1:A:8:VAL:HG23	1:A:95:THR:CG2	0.58	2.28	4	3
1:A:87:MET:HG3	1:A:91:PHE:CG	0.58	2.33	3	9
1:A:91:PHE:CE2	1:A:116:ILE:CG1	0.58	2.87	1	9
1:A:98:LEU:HD23	1:A:99:LYS:C	0.58	2.24	7	1
1:A:12:HIS:CD2	1:A:79:LEU:CD1	0.57	2.87	6	3
1:A:13:ILE:CG1	1:A:64:ALA:CB	0.57	2.82	13	3
1:A:8:VAL:HG13	1:A:82:PHE:CE2	0.57	2.34	15	2
1:A:98:LEU:HD23	1:A:98:LEU:C	0.57	2.23	7	1
1:A:90:PRO:HB2	1:A:109:THR:HG23	0.57	1.75	16	1
1:A:37:THR:O	1:A:38:THR:CG2	0.57	2.53	4	1
1:A:91:PHE:O	1:A:94:ALA:CB	0.57	2.53	14	20
1:A:54:VAL:HG23	1:A:103:ILE:HD12	0.57	1.76	4	3
1:A:68:SER:OG	1:A:73:ALA:CA	0.57	2.52	15	7
1:A:42:ALA:CB	1:A:113:VAL:HG11	0.57	2.29	4	1
1:A:82:PHE:CD2	1:A:82:PHE:O	0.57	2.57	8	1
1:A:112:GLY:O	1:A:114:HIS:CD2	0.57	2.57	16	5
1:A:91:PHE:O	1:A:94:ALA:N	0.57	2.38	18	20
1:A:106:ILE:HG22	1:A:108:ASP:OD1	0.57	2.00	1	1
1:A:114:HIS:CD2	1:A:114:HIS:N	0.57	2.73	15	1
1:A:116:ILE:CG2	1:A:117:LYS:N	0.56	2.68	3	7
1:A:10:ALA:CB	1:A:95:THR:HG22	0.56	2.29	2	1
1:A:87:MET:SD	1:A:91:PHE:CE1	0.56	2.98	15	3
1:A:79:LEU:CD2	1:A:82:PHE:CE1	0.56	2.88	5	1
1:A:103:ILE:O	1:A:105:ASP:N	0.56	2.39	8	3
1:A:46:LEU:CD2	1:A:115:ILE:HG22	0.56	2.30	19	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:63:VAL:O	1:A:67:VAL:CG1	0.56	2.53	7	10
1:A:67:VAL:O	1:A:67:VAL:CG2	0.56	2.54	9	5
1:A:107:VAL:HG23	1:A:114:HIS:O	0.56	2.00	2	4
1:A:46:LEU:HB3	1:A:106:ILE:HG22	0.56	1.76	6	3
1:A:17:HIS:CD2	1:A:112:GLY:CA	0.56	2.88	15	1
1:A:67:VAL:O	1:A:67:VAL:CG1	0.56	2.53	7	5
1:A:17:HIS:CE1	1:A:112:GLY:HA2	0.56	2.35	19	7
1:A:13:ILE:HG22	1:A:14:LEU:N	0.56	2.15	12	10
1:A:79:LEU:HD12	1:A:79:LEU:H	0.56	1.60	3	4
1:A:99:LYS:O	1:A:100:VAL:HG12	0.56	2.00	4	1
1:A:92:GLU:OE2	1:A:96:TYR:CD2	0.56	2.58	18	1
1:A:64:ALA:O	1:A:68:SER:CB	0.56	2.54	1	14
1:A:100:VAL:O	1:A:100:VAL:CG1	0.56	2.53	11	7
1:A:8:VAL:CG1	1:A:83:GLY:CA	0.56	2.83	2	1
1:A:79:LEU:HD21	1:A:82:PHE:CE1	0.56	2.35	5	1
1:A:69:ASP:N	1:A:72:SER:OG	0.56	2.39	15	1
1:A:9:LYS:CG	1:A:80:GLY:O	0.55	2.54	17	20
1:A:60:PHE:C	1:A:60:PHE:CD1	0.55	2.84	8	10
1:A:69:ASP:O	1:A:71:SER:N	0.55	2.39	4	13
1:A:46:LEU:HD22	1:A:113:VAL:HB	0.55	1.78	14	4
1:A:91:PHE:CZ	1:A:116:ILE:CG1	0.55	2.89	1	1
1:A:17:HIS:CE1	1:A:112:GLY:HA3	0.55	2.36	14	5
1:A:105:ASP:HB2	1:A:106:ILE:HD13	0.55	1.77	10	1
1:A:105:ASP:C	1:A:106:ILE:CG1	0.55	2.80	14	3
1:A:65:THR:CG2	1:A:73:ALA:O	0.55	2.55	4	4
1:A:72:SER:O	1:A:75:ARG:C	0.55	2.50	14	19
1:A:38:THR:OG1	1:A:41:ALA:HB3	0.55	2.02	5	1
1:A:98:LEU:HD21	1:A:103:ILE:N	0.55	2.16	16	2
1:A:72:SER:O	1:A:76:GLY:N	0.55	2.40	9	20
1:A:100:VAL:HG22	1:A:119:THR:O	0.55	2.02	10	1
1:A:8:VAL:CG1	1:A:82:PHE:O	0.55	2.55	8	9
1:A:115:ILE:CG1	1:A:115:ILE:O	0.55	2.55	9	2
1:A:92:GLU:CD	1:A:96:TYR:CE2	0.55	2.85	16	2
1:A:9:LYS:CD	1:A:80:GLY:O	0.55	2.55	17	11
1:A:8:VAL:HG23	1:A:118:ARG:NH2	0.55	2.16	6	1
1:A:99:LYS:C	1:A:100:VAL:HG12	0.55	2.26	4	1
1:A:13:ILE:CG2	1:A:67:VAL:O	0.55	2.55	11	2
1:A:103:ILE:O	1:A:103:ILE:HG22	0.55	2.01	8	1
1:A:13:ILE:HB	1:A:115:ILE:HD12	0.55	1.77	18	1
1:A:49:ILE:CG2	1:A:105:ASP:OD1	0.55	2.55	18	1
1:A:8:VAL:HG22	1:A:8:VAL:O	0.55	2.01	10	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:98:LEU:HD21	1:A:102:ASP:O	0.55	2.02	9	1
1:A:51:GLU:O	1:A:54:VAL:N	0.54	2.40	15	10
1:A:64:ALA:CB	1:A:76:GLY:O	0.54	2.55	1	13
1:A:100:VAL:HG11	1:A:120:ALA:H	0.54	1.62	1	1
1:A:104:SER:OG	1:A:107:VAL:CG2	0.54	2.56	1	5
1:A:70:CYS:O	1:A:73:ALA:N	0.54	2.41	14	16
1:A:98:LEU:CD2	1:A:103:ILE:O	0.54	2.56	3	1
1:A:13:ILE:HG22	1:A:115:ILE:HG12	0.54	1.79	13	1
1:A:93:GLU:O	1:A:97:ALA:HB2	0.54	2.02	20	14
1:A:103:ILE:O	1:A:104:SER:CB	0.54	2.54	3	2
1:A:82:PHE:CE2	1:A:91:PHE:CE1	0.54	2.96	17	1
1:A:82:PHE:CZ	1:A:91:PHE:CE1	0.54	2.96	17	1
1:A:92:GLU:OE2	1:A:96:TYR:CE2	0.54	2.61	20	1
1:A:14:LEU:O	1:A:67:VAL:CG2	0.54	2.56	5	10
1:A:100:VAL:HA	1:A:120:ALA:HB2	0.54	1.78	2	2
1:A:70:CYS:O	1:A:73:ALA:CB	0.54	2.56	3	14
1:A:87:MET:N	1:A:87:MET:HE3	0.54	2.17	11	1
1:A:108:ASP:OD1	1:A:108:ASP:N	0.54	2.41	5	9
1:A:16:LYS:O	1:A:37:THR:CG2	0.54	2.56	19	4
1:A:13:ILE:CG1	1:A:64:ALA:HB2	0.54	2.32	19	3
1:A:79:LEU:CD2	1:A:87:MET:SD	0.54	2.96	15	3
1:A:72:SER:O	1:A:75:ARG:N	0.54	2.41	10	19
1:A:11:SER:OG	1:A:117:LYS:CG	0.54	2.56	8	1
1:A:12:HIS:ND1	1:A:12:HIS:C	0.54	2.65	11	1
1:A:51:GLU:O	1:A:54:VAL:HB	0.54	2.03	14	20
1:A:87:MET:CE	1:A:87:MET:CA	0.54	2.86	11	1
1:A:69:ASP:O	1:A:72:SER:N	0.54	2.40	18	6
1:A:17:HIS:CE1	1:A:19:GLY:N	0.54	2.76	6	2
1:A:90:PRO:CB	1:A:109:THR:OG1	0.54	2.56	9	1
1:A:86:GLN:O	1:A:87:MET:C	0.54	2.50	15	8
1:A:99:LYS:O	1:A:100:VAL:CG1	0.54	2.55	4	1
1:A:92:GLU:OE1	1:A:96:TYR:CD2	0.54	2.60	5	2
1:A:79:LEU:HD23	1:A:87:MET:HE3	0.54	1.79	7	4
1:A:64:ALA:CB	1:A:76:GLY:CA	0.54	2.86	7	3
1:A:9:LYS:O	1:A:10:ALA:CB	0.54	2.56	9	14
1:A:13:ILE:O	1:A:114:HIS:CA	0.54	2.56	2	2
1:A:65:THR:O	1:A:73:ALA:CA	0.54	2.56	16	2
1:A:110:ASP:O	1:A:111:SER:CB	0.53	2.55	4	14
1:A:17:HIS:CA	1:A:37:THR:O	0.53	2.55	14	1
1:A:50:ARG:O	1:A:54:VAL:CG2	0.53	2.56	9	5
1:A:43:VAL:O	1:A:47:LYS:CB	0.53	2.56	4	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:57:LYS:O	1:A:57:LYS:CG	0.53	2.55	4	3
1:A:46:LEU:CD1	1:A:113:VAL:HG23	0.53	2.34	11	1
1:A:83:GLY:C	1:A:84:ARG:CD	0.53	2.81	14	1
1:A:14:LEU:HD23	1:A:16:LYS:HZ1	0.53	1.64	14	1
1:A:18:GLN:N	1:A:37:THR:O	0.53	2.41	14	1
1:A:15:ILE:CG2	1:A:16:LYS:N	0.53	2.72	4	2
1:A:13:ILE:HG12	1:A:64:ALA:CB	0.53	2.34	9	15
1:A:79:LEU:HD22	1:A:82:PHE:CZ	0.53	2.38	2	2
1:A:92:GLU:HG3	1:A:96:TYR:CD2	0.53	2.39	14	2
1:A:37:THR:O	1:A:38:THR:CB	0.53	2.57	4	1
1:A:8:VAL:HG22	1:A:82:PHE:CZ	0.53	2.38	5	1
1:A:52:ASP:O	1:A:56:GLY:N	0.53	2.42	7	2
1:A:9:LYS:HG2	1:A:81:SER:CB	0.53	2.33	12	20
1:A:11:SER:CB	1:A:78:ASP:HB3	0.53	2.34	11	16
1:A:107:VAL:CG2	1:A:114:HIS:O	0.53	2.57	2	5
1:A:43:VAL:CG1	1:A:44:GLU:N	0.53	2.71	18	2
1:A:100:VAL:O	1:A:119:THR:N	0.53	2.41	12	1
1:A:83:GLY:O	1:A:86:GLN:CG	0.53	2.57	19	1
1:A:68:SER:OG	1:A:73:ALA:N	0.53	2.42	3	3
1:A:85:GLY:O	1:A:87:MET:N	0.53	2.42	16	3
1:A:43:VAL:O	1:A:47:LYS:CG	0.53	2.56	10	1
1:A:99:LYS:O	1:A:100:VAL:CG2	0.53	2.56	13	5
1:A:64:ALA:CA	1:A:68:SER:OG	0.53	2.57	18	2
1:A:13:ILE:O	1:A:114:HIS:ND1	0.52	2.42	4	2
1:A:51:GLU:CD	1:A:55:SER:HG	0.52	2.12	14	2
1:A:11:SER:CB	1:A:78:ASP:OD2	0.52	2.57	20	1
1:A:93:GLU:O	1:A:97:ALA:CB	0.52	2.57	10	14
1:A:49:ILE:O	1:A:53:ILE:CG1	0.52	2.58	6	2
1:A:69:ASP:OD1	1:A:111:SER:CB	0.52	2.58	13	1
1:A:39:ARG:O	1:A:42:ALA:HB3	0.52	2.05	1	5
1:A:69:ASP:O	1:A:73:ALA:N	0.52	2.41	20	3
1:A:46:LEU:HD21	1:A:114:HIS:O	0.52	2.03	2	2
1:A:87:MET:O	1:A:88:GLN:C	0.52	2.53	10	5
1:A:100:VAL:HB	1:A:119:THR:O	0.52	2.04	7	1
1:A:62:GLU:HA	1:A:65:THR:OG1	0.52	2.05	13	14
1:A:58:ALA:O	1:A:59:ASN:CB	0.52	2.56	5	4
1:A:46:LEU:HD23	1:A:106:ILE:CA	0.52	2.33	8	2
1:A:12:HIS:CD2	1:A:114:HIS:HB3	0.52	2.39	11	1
1:A:10:ALA:C	1:A:79:LEU:CD1	0.52	2.82	14	2
1:A:78:ASP:OD1	1:A:78:ASP:N	0.52	2.41	20	4
1:A:100:VAL:O	1:A:118:ARG:CB	0.52	2.57	12	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:51:GLU:CD	1:A:51:GLU:C	0.52	2.77	17	12
1:A:61:GLU:O	1:A:64:ALA:N	0.52	2.43	5	12
1:A:17:HIS:CE1	1:A:19:GLY:HA3	0.52	2.39	12	4
1:A:7:GLN:NE2	1:A:81:SER:OG	0.52	2.43	10	1
1:A:82:PHE:CB	1:A:86:GLN:CD	0.52	2.82	13	1
1:A:11:SER:OG	1:A:117:LYS:CB	0.52	2.58	18	3
1:A:88:GLN:CB	1:A:90:PRO:HD2	0.52	2.35	16	7
1:A:110:ASP:O	1:A:114:HIS:NE2	0.52	2.41	6	5
1:A:14:LEU:CD2	1:A:69:ASP:HB3	0.52	2.35	3	2
1:A:59:ASN:O	1:A:60:PHE:HB3	0.52	2.04	18	2
1:A:15:ILE:HD12	1:A:46:LEU:HD22	0.52	1.81	13	1
1:A:8:VAL:HG23	1:A:95:THR:HG22	0.52	1.81	4	9
1:A:100:VAL:CG2	1:A:119:THR:OG1	0.52	2.57	3	2
1:A:103:ILE:O	1:A:104:SER:O	0.52	2.28	17	5
1:A:109:THR:O	1:A:110:ASP:C	0.52	2.53	9	17
1:A:53:ILE:CG2	1:A:103:ILE:CD1	0.52	2.87	6	3
1:A:43:VAL:HA	1:A:106:ILE:HG23	0.52	1.82	8	1
1:A:98:LEU:HD13	1:A:104:SER:HA	0.52	1.80	20	3
1:A:100:VAL:CG2	1:A:118:ARG:O	0.52	2.57	4	1
1:A:104:SER:OG	1:A:105:ASP:N	0.52	2.43	7	4
1:A:86:GLN:O	1:A:88:GLN:N	0.52	2.43	7	3
1:A:104:SER:O	1:A:105:ASP:CB	0.52	2.56	8	1
1:A:87:MET:SD	1:A:87:MET:N	0.51	2.83	17	3
1:A:68:SER:O	1:A:70:CYS:N	0.51	2.43	8	5
1:A:104:SER:O	1:A:107:VAL:CG2	0.51	2.58	14	1
1:A:100:VAL:HG13	1:A:119:THR:C	0.51	2.29	18	1
1:A:64:ALA:O	1:A:65:THR:C	0.51	2.52	18	16
1:A:90:PRO:CG	1:A:109:THR:OG1	0.51	2.58	9	3
1:A:39:ARG:O	1:A:42:ALA:N	0.51	2.42	7	1
1:A:65:THR:HA	1:A:73:ALA:O	0.51	2.05	16	3
1:A:107:VAL:O	1:A:114:HIS:N	0.51	2.43	11	2
1:A:61:GLU:O	1:A:62:GLU:C	0.51	2.54	4	20
1:A:92:GLU:HG2	1:A:96:TYR:CD2	0.51	2.41	17	4
1:A:46:LEU:CD1	1:A:105:ASP:O	0.51	2.58	5	2
1:A:79:LEU:HD22	1:A:82:PHE:CD1	0.51	2.40	5	1
1:A:98:LEU:O	1:A:100:VAL:N	0.51	2.44	14	1
1:A:13:ILE:O	1:A:114:HIS:HA	0.51	2.05	2	5
1:A:39:ARG:O	1:A:40:GLU:C	0.51	2.54	7	4
1:A:119:THR:O	1:A:120:ALA:C	0.51	2.53	3	2
1:A:100:VAL:O	1:A:100:VAL:HG22	0.51	2.05	4	1
1:A:46:LEU:CD1	1:A:115:ILE:CG2	0.51	2.89	5	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:17:HIS:CG	1:A:18:GLN:N	0.51	2.76	6	8
1:A:107:VAL:O	1:A:107:VAL:CG1	0.51	2.57	6	1
1:A:65:THR:O	1:A:73:ALA:HA	0.51	2.06	16	2
1:A:17:HIS:ND1	1:A:17:HIS:C	0.51	2.67	8	15
1:A:68:SER:OG	1:A:73:ALA:HA	0.51	2.06	19	11
1:A:79:LEU:CD2	1:A:87:MET:HE1	0.51	2.27	8	1
1:A:100:VAL:HG22	1:A:120:ALA:H	0.51	1.66	17	1
1:A:13:ILE:HD11	1:A:64:ALA:HB2	0.51	1.83	13	3
1:A:52:ASP:O	1:A:56:GLY:C	0.51	2.54	7	1
1:A:18:GLN:O	1:A:19:GLY:C	0.51	2.53	12	7
1:A:70:CYS:O	1:A:71:SER:C	0.51	2.54	9	16
1:A:103:ILE:O	1:A:104:SER:C	0.51	2.54	12	9
1:A:37:THR:C	1:A:38:THR:OG1	0.51	2.54	7	3
1:A:8:VAL:CG1	1:A:96:TYR:CE1	0.51	2.93	9	1
1:A:100:VAL:HG12	1:A:120:ALA:HB2	0.51	1.79	12	1
1:A:52:ASP:O	1:A:55:SER:O	0.50	2.29	11	13
1:A:7:GLN:CG	1:A:82:PHE:O	0.50	2.59	11	3
1:A:15:ILE:O	1:A:16:LYS:CB	0.50	2.58	18	3
1:A:47:LYS:CE	1:A:106:ILE:CD1	0.50	2.90	11	1
1:A:46:LEU:HD11	1:A:114:HIS:C	0.50	2.31	19	1
1:A:68:SER:O	1:A:69:ASP:C	0.50	2.54	18	4
1:A:98:LEU:CD1	1:A:104:SER:CA	0.50	2.89	5	3
1:A:37:THR:O	1:A:41:ALA:CB	0.50	2.58	7	1
1:A:104:SER:OG	1:A:107:VAL:HG23	0.50	2.07	7	2
1:A:111:SER:HB2	1:A:114:HIS:CE1	0.50	2.41	9	1
1:A:14:LEU:O	1:A:67:VAL:O	0.50	2.28	18	18
1:A:90:PRO:HG2	1:A:109:THR:CG2	0.50	2.36	16	2
1:A:87:MET:HE2	1:A:87:MET:N	0.50	2.20	16	1
1:A:11:SER:HA	1:A:78:ASP:HA	0.50	1.84	20	18
1:A:88:GLN:HB3	1:A:90:PRO:HD2	0.50	1.83	9	6
1:A:15:ILE:CG2	1:A:46:LEU:CD1	0.50	2.89	8	1
1:A:15:ILE:HD13	1:A:46:LEU:HD13	0.50	1.84	8	1
1:A:83:GLY:O	1:A:85:GLY:N	0.50	2.44	10	2
1:A:65:THR:O	1:A:73:ALA:HB1	0.50	2.07	14	2
1:A:72:SER:O	1:A:73:ALA:C	0.50	2.55	2	18
1:A:104:SER:O	1:A:105:ASP:C	0.50	2.54	20	4
1:A:62:GLU:C	1:A:65:THR:HG1	0.50	2.14	10	2
1:A:91:PHE:O	1:A:92:GLU:C	0.50	2.53	14	20
1:A:8:VAL:N	1:A:82:PHE:O	0.50	2.44	15	4
1:A:9:LYS:CE	1:A:81:SER:HB3	0.50	2.37	10	7
1:A:59:ASN:OD1	1:A:59:ASN:N	0.50	2.43	7	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:43:VAL:O	1:A:47:LYS:N	0.50	2.44	15	3
1:A:49:ILE:CD1	1:A:53:ILE:CD1	0.50	2.89	13	1
1:A:46:LEU:CD2	1:A:105:ASP:O	0.50	2.60	17	1
1:A:12:HIS:C	1:A:12:HIS:CD2	0.50	2.89	19	2
1:A:86:GLN:O	1:A:86:GLN:NE2	0.50	2.45	19	1
1:A:11:SER:HB3	1:A:78:ASP:CB	0.50	2.37	3	3
1:A:13:ILE:CG2	1:A:67:VAL:CG2	0.50	2.90	9	1
1:A:102:ASP:OD1	1:A:102:ASP:N	0.50	2.43	12	1
1:A:82:PHE:O	1:A:82:PHE:CD2	0.50	2.65	1	1
1:A:14:LEU:HB2	1:A:114:HIS:CE1	0.50	2.42	18	4
1:A:110:ASP:O	1:A:112:GLY:N	0.50	2.43	5	8
1:A:8:VAL:HG11	1:A:96:TYR:HE2	0.50	1.65	10	2
1:A:118:ARG:O	1:A:119:THR:O	0.50	2.30	14	3
1:A:85:GLY:O	1:A:86:GLN:C	0.50	2.55	4	2
1:A:64:ALA:O	1:A:66:ARG:N	0.50	2.45	15	8
1:A:60:PHE:CE2	1:A:117:LYS:HG3	0.50	2.41	10	1
1:A:11:SER:CA	1:A:78:ASP:HB2	0.49	2.37	1	9
1:A:38:THR:O	1:A:42:ALA:N	0.49	2.38	14	3
1:A:54:VAL:CG1	1:A:55:SER:N	0.49	2.76	3	3
1:A:51:GLU:O	1:A:55:SER:N	0.49	2.45	17	4
1:A:9:LYS:HA	1:A:80:GLY:O	0.49	2.06	6	13
1:A:14:LEU:HD12	1:A:114:HIS:CE1	0.49	2.42	2	4
1:A:8:VAL:O	1:A:82:PHE:CD1	0.49	2.65	5	1
1:A:37:THR:O	1:A:38:THR:O	0.49	2.29	5	2
1:A:103:ILE:C	1:A:116:ILE:O	0.49	2.55	5	1
1:A:69:ASP:O	1:A:69:ASP:CG	0.49	2.55	19	3
1:A:87:MET:SD	1:A:91:PHE:CD1	0.49	3.06	15	4
1:A:12:HIS:NE2	1:A:75:ARG:O	0.49	2.45	14	1
1:A:87:MET:HG2	1:A:91:PHE:CB	0.49	2.38	8	2
1:A:101:GLY:O	1:A:102:ASP:O	0.49	2.30	12	1
1:A:13:ILE:HG23	1:A:14:LEU:N	0.49	2.22	13	1
1:A:105:ASP:N	1:A:105:ASP:OD1	0.49	2.44	13	3
1:A:13:ILE:HG13	1:A:60:PHE:CZ	0.49	2.42	8	8
1:A:87:MET:SD	1:A:91:PHE:CD2	0.49	3.05	8	1
1:A:17:HIS:CB	1:A:37:THR:HG22	0.49	2.38	15	1
1:A:40:GLU:O	1:A:41:ALA:C	0.49	2.56	3	10
1:A:82:PHE:CD1	1:A:82:PHE:N	0.49	2.80	15	3
1:A:10:ALA:HB2	1:A:95:THR:HG23	0.49	1.84	5	1
1:A:10:ALA:O	1:A:79:LEU:HG	0.49	2.07	5	1
1:A:101:GLY:O	1:A:102:ASP:CG	0.49	2.55	20	3
1:A:100:VAL:CG1	1:A:119:THR:O	0.49	2.58	18	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:92:GLU:HG2	1:A:96:TYR:CE2	0.49	2.42	19	3
1:A:99:LYS:O	1:A:100:VAL:CB	0.49	2.58	13	1
1:A:102:ASP:O	1:A:103:ILE:O	0.49	2.31	15	1
1:A:99:LYS:O	1:A:100:VAL:C	0.49	2.55	14	3
1:A:43:VAL:HA	1:A:106:ILE:HG21	0.49	1.84	10	1
1:A:85:GLY:O	1:A:86:GLN:O	0.49	2.30	19	1
1:A:49:ILE:O	1:A:50:ARG:C	0.49	2.56	5	4
1:A:11:SER:OG	1:A:77:GLY:O	0.49	2.31	10	2
1:A:46:LEU:HD12	1:A:105:ASP:C	0.49	2.31	6	1
1:A:107:VAL:C	1:A:108:ASP:OD1	0.49	2.56	7	1
1:A:11:SER:O	1:A:12:HIS:CB	0.49	2.61	11	3
1:A:18:GLN:O	1:A:18:GLN:CG	0.49	2.59	9	1
1:A:47:LYS:HA	1:A:106:ILE:HD11	0.49	1.83	18	1
1:A:50:ARG:CD	1:A:102:ASP:O	0.49	2.60	20	1
1:A:9:LYS:CA	1:A:80:GLY:O	0.49	2.61	6	11
1:A:38:THR:O	1:A:39:ARG:C	0.49	2.56	17	8
1:A:39:ARG:HG3	1:A:40:GLU:N	0.49	2.23	5	2
1:A:114:HIS:C	1:A:115:ILE:HG22	0.49	2.31	14	2
1:A:46:LEU:CD2	1:A:115:ILE:CG2	0.49	2.90	17	1
1:A:91:PHE:CE1	1:A:95:THR:CG2	0.48	2.96	2	1
1:A:92:GLU:O	1:A:93:GLU:C	0.48	2.56	9	9
1:A:9:LYS:HE3	1:A:81:SER:CB	0.48	2.38	16	6
1:A:99:LYS:O	1:A:101:GLY:N	0.48	2.46	4	1
1:A:46:LEU:CD1	1:A:115:ILE:HG22	0.48	2.38	6	2
1:A:105:ASP:O	1:A:106:ILE:O	0.48	2.31	13	3
1:A:50:ARG:CG	1:A:51:GLU:N	0.48	2.76	15	2
1:A:60:PHE:CE1	1:A:117:LYS:HD3	0.48	2.43	1	1
1:A:64:ALA:O	1:A:68:SER:OG	0.48	2.31	14	12
1:A:88:GLN:O	1:A:92:GLU:CB	0.48	2.61	17	2
1:A:100:VAL:HG13	1:A:120:ALA:CA	0.48	2.38	5	2
1:A:46:LEU:HB3	1:A:106:ILE:CG2	0.48	2.38	6	1
1:A:38:THR:N	1:A:41:ALA:HB3	0.48	2.23	14	2
1:A:101:GLY:CA	1:A:120:ALA:HB3	0.48	2.39	12	1
1:A:10:ALA:HB2	1:A:95:THR:HG22	0.48	1.84	2	1
1:A:11:SER:HA	1:A:78:ASP:CB	0.48	2.38	14	11
1:A:58:ALA:O	1:A:59:ASN:HB3	0.48	2.07	5	4
1:A:100:VAL:O	1:A:101:GLY:C	0.48	2.55	13	1
1:A:11:SER:HB2	1:A:78:ASP:CB	0.48	2.39	18	7
1:A:12:HIS:CD2	1:A:12:HIS:O	0.48	2.66	5	3
1:A:12:HIS:HA	1:A:115:ILE:O	0.48	2.08	2	11
1:A:68:SER:HB2	1:A:72:SER:CB	0.48	2.39	2	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:110:ASP:OD1	1:A:110:ASP:N	0.48	2.46	2	1
1:A:105:ASP:O	1:A:114:HIS:O	0.48	2.30	6	1
1:A:38:THR:O	1:A:42:ALA:CB	0.48	2.61	12	1
1:A:98:LEU:HD13	1:A:104:SER:H	0.48	1.69	1	2
1:A:63:VAL:CG1	1:A:64:ALA:N	0.48	2.77	3	1
1:A:50:ARG:O	1:A:54:VAL:CB	0.48	2.61	2	3
1:A:41:ALA:O	1:A:42:ALA:C	0.48	2.56	4	7
1:A:86:GLN:O	1:A:87:MET:O	0.48	2.32	3	3
1:A:8:VAL:HG11	1:A:96:TYR:HE1	0.48	1.67	9	1
1:A:8:VAL:CG2	1:A:95:THR:HB	0.48	2.38	2	3
1:A:51:GLU:OE1	1:A:51:GLU:CA	0.48	2.60	3	5
1:A:92:GLU:HG3	1:A:96:TYR:CE2	0.48	2.44	14	2
1:A:17:HIS:NE2	1:A:112:GLY:HA2	0.48	2.24	5	7
1:A:79:LEU:HD12	1:A:79:LEU:C	0.48	2.30	5	1
1:A:87:MET:O	1:A:88:GLN:O	0.48	2.32	12	5
1:A:111:SER:HB2	1:A:114:HIS:NE2	0.48	2.24	18	3
1:A:51:GLU:OE2	1:A:55:SER:OG	0.48	2.32	5	7
1:A:110:ASP:O	1:A:111:SER:HB2	0.48	2.09	4	15
1:A:79:LEU:CD1	1:A:80:GLY:N	0.48	2.61	5	1
1:A:110:ASP:O	1:A:111:SER:C	0.48	2.54	7	1
1:A:104:SER:O	1:A:105:ASP:O	0.48	2.31	20	2
1:A:100:VAL:O	1:A:102:ASP:N	0.48	2.47	13	1
1:A:64:ALA:C	1:A:68:SER:OG	0.48	2.57	18	1
1:A:14:LEU:HB3	1:A:69:ASP:N	0.48	2.23	1	2
1:A:15:ILE:HG23	1:A:16:LYS:N	0.48	2.23	1	1
1:A:102:ASP:O	1:A:103:ILE:HB	0.48	2.08	20	9
1:A:51:GLU:O	1:A:52:ASP:C	0.48	2.57	15	10
1:A:57:LYS:O	1:A:58:ALA:C	0.48	2.57	12	1
1:A:115:ILE:O	1:A:115:ILE:CG1	0.48	2.62	19	2
1:A:9:LYS:HD2	1:A:80:GLY:O	0.47	2.09	11	10
1:A:90:PRO:O	1:A:91:PHE:C	0.47	2.57	16	8
1:A:13:ILE:CG2	1:A:115:ILE:HG23	0.47	2.38	2	1
1:A:107:VAL:CG2	1:A:116:ILE:HG12	0.47	2.39	2	1
1:A:43:VAL:CG2	1:A:106:ILE:HG23	0.47	2.39	18	1
1:A:18:GLN:OE1	1:A:19:GLY:O	0.47	2.32	12	1
1:A:15:ILE:HG22	1:A:15:ILE:O	0.47	2.09	5	1
1:A:107:VAL:O	1:A:109:THR:OG1	0.47	2.31	16	3
1:A:87:MET:N	1:A:87:MET:HE2	0.47	2.24	18	2
1:A:50:ARG:O	1:A:54:VAL:N	0.47	2.47	2	9
1:A:103:ILE:O	1:A:103:ILE:CG2	0.47	2.63	4	4
1:A:51:GLU:OE1	1:A:51:GLU:HA	0.47	2.08	3	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:14:LEU:CD1	1:A:114:HIS:CD2	0.47	2.98	14	1
1:A:11:SER:HA	1:A:78:ASP:CA	0.47	2.40	9	10
1:A:105:ASP:OD2	1:A:106:ILE:CD1	0.47	2.62	3	1
1:A:107:VAL:HB	1:A:114:HIS:O	0.47	2.10	6	8
1:A:98:LEU:HD11	1:A:104:SER:CA	0.47	2.40	5	3
1:A:51:GLU:HG3	1:A:52:ASP:N	0.47	2.25	6	2
1:A:8:VAL:HB	1:A:96:TYR:CZ	0.47	2.45	8	2
1:A:108:ASP:C	1:A:109:THR:HG23	0.47	2.34	15	2
1:A:50:ARG:HD3	1:A:102:ASP:O	0.47	2.08	20	1
1:A:87:MET:SD	1:A:91:PHE:CE2	0.47	3.08	8	1
1:A:105:ASP:C	1:A:106:ILE:HG13	0.47	2.34	8	1
1:A:98:LEU:CD2	1:A:103:ILE:N	0.47	2.77	16	1
1:A:57:LYS:O	1:A:58:ALA:O	0.47	2.33	18	6
1:A:8:VAL:O	1:A:8:VAL:HG22	0.47	2.10	16	3
1:A:42:ALA:O	1:A:43:VAL:C	0.47	2.57	4	9
1:A:90:PRO:HG2	1:A:109:THR:OG1	0.47	2.10	4	1
1:A:50:ARG:HG3	1:A:51:GLU:N	0.47	2.25	9	2
1:A:11:SER:O	1:A:12:HIS:HB3	0.47	2.09	6	7
1:A:99:LYS:O	1:A:100:VAL:O	0.47	2.33	1	3
1:A:102:ASP:O	1:A:103:ILE:CB	0.47	2.63	20	4
1:A:109:THR:N	1:A:112:GLY:O	0.47	2.47	12	4
1:A:51:GLU:O	1:A:51:GLU:OE2	0.47	2.33	7	1
1:A:79:LEU:HD13	1:A:82:PHE:HE1	0.47	1.65	15	1
1:A:103:ILE:C	1:A:104:SER:OG	0.47	2.55	2	1
1:A:65:THR:CA	1:A:73:ALA:O	0.47	2.63	9	2
1:A:50:ARG:NH1	1:A:50:ARG:CG	0.47	2.77	14	1
1:A:12:HIS:CE1	1:A:72:SER:HB3	0.47	2.44	15	1
1:A:10:ALA:HB1	1:A:116:ILE:CG2	0.47	2.40	19	2
1:A:12:HIS:CD2	1:A:12:HIS:C	0.47	2.91	5	3
1:A:69:ASP:N	1:A:72:SER:HB3	0.47	2.25	8	4
1:A:118:ARG:O	1:A:119:THR:C	0.47	2.57	10	3
1:A:13:ILE:HG13	1:A:60:PHE:CE1	0.47	2.45	10	3
1:A:47:LYS:HE3	1:A:106:ILE:CD1	0.47	2.36	11	1
1:A:47:LYS:HD2	1:A:106:ILE:CG2	0.47	2.40	15	1
1:A:11:SER:OG	1:A:117:LYS:HB3	0.46	2.09	2	2
1:A:107:VAL:HG21	1:A:116:ILE:HG12	0.46	1.86	2	1
1:A:87:MET:HG3	1:A:91:PHE:CB	0.46	2.41	7	2
1:A:100:VAL:HG11	1:A:119:THR:N	0.46	2.25	7	1
1:A:15:ILE:HG23	1:A:46:LEU:CD1	0.46	2.40	8	1
1:A:87:MET:SD	1:A:91:PHE:CG	0.46	3.08	8	1
1:A:108:ASP:O	1:A:108:ASP:OD1	0.46	2.33	10	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:118:ARG:C	1:A:119:THR:OG1	0.46	2.57	9	1
1:A:99:LYS:C	1:A:100:VAL:HG23	0.46	2.35	11	2
1:A:51:GLU:OE1	1:A:55:SER:OG	0.46	2.33	14	1
1:A:12:HIS:CD2	1:A:114:HIS:ND1	0.46	2.83	18	1
1:A:69:ASP:O	1:A:69:ASP:OD2	0.46	2.33	19	1
1:A:89:LYS:HB3	1:A:90:PRO:CD	0.46	2.41	19	1
1:A:15:ILE:CD1	1:A:46:LEU:CD1	0.46	2.86	20	1
1:A:11:SER:OG	1:A:117:LYS:O	0.46	2.34	2	3
1:A:64:ALA:O	1:A:68:SER:HB3	0.46	2.10	12	10
1:A:15:ILE:HG22	1:A:113:VAL:HG23	0.46	1.87	14	3
1:A:57:LYS:O	1:A:57:LYS:HG2	0.46	2.10	4	3
1:A:87:MET:C	1:A:92:GLU:OE1	0.46	2.59	4	1
1:A:46:LEU:HD13	1:A:106:ILE:HA	0.46	1.86	7	1
1:A:17:HIS:CB	1:A:42:ALA:HB2	0.46	2.41	8	2
1:A:46:LEU:CD1	1:A:113:VAL:CG2	0.46	2.92	11	1
1:A:11:SER:HB3	1:A:78:ASP:OD2	0.46	2.10	20	1
1:A:45:GLN:O	1:A:45:GLN:OE1	0.46	2.33	11	2
1:A:10:ALA:O	1:A:78:ASP:HB2	0.46	2.10	15	1
1:A:17:HIS:O	1:A:18:GLN:C	0.46	2.58	15	1
1:A:69:ASP:N	1:A:72:SER:HB2	0.46	2.26	11	6
1:A:18:GLN:HG3	1:A:38:THR:HG22	0.46	1.86	10	3
1:A:37:THR:O	1:A:38:THR:OG1	0.46	2.31	4	1
1:A:17:HIS:HB3	1:A:113:VAL:CG2	0.46	2.40	7	1
1:A:88:GLN:HB3	1:A:90:PRO:CD	0.46	2.40	10	4
1:A:87:MET:CA	1:A:87:MET:HE2	0.46	2.40	11	1
1:A:78:ASP:OD1	1:A:78:ASP:C	0.46	2.59	12	2
1:A:15:ILE:HG22	1:A:16:LYS:N	0.46	2.25	16	1
1:A:7:GLN:HG2	1:A:8:VAL:N	0.46	2.25	1	1
1:A:64:ALA:O	1:A:68:SER:HB2	0.46	2.09	1	5
1:A:108:ASP:HA	1:A:112:GLY:O	0.46	2.11	1	1
1:A:98:LEU:CD1	1:A:104:SER:HA	0.46	2.41	5	3
1:A:107:VAL:CB	1:A:114:HIS:O	0.46	2.63	16	2
1:A:13:ILE:HG23	1:A:67:VAL:CG2	0.46	2.38	9	1
1:A:87:MET:HG2	1:A:91:PHE:HB3	0.46	1.87	11	1
1:A:89:LYS:CB	1:A:90:PRO:CD	0.46	2.94	13	2
1:A:100:VAL:CG2	1:A:118:ARG:HB3	0.46	2.40	14	1
1:A:69:ASP:HB3	1:A:72:SER:HB2	0.46	1.86	19	1
1:A:78:ASP:OD1	1:A:78:ASP:O	0.46	2.34	19	1
1:A:43:VAL:CG2	1:A:106:ILE:HG21	0.46	2.35	2	2
1:A:14:LEU:CD2	1:A:69:ASP:HB2	0.46	2.40	3	1
1:A:14:LEU:HD12	1:A:114:HIS:CD2	0.46	2.45	17	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:49:ILE:O	1:A:53:ILE:HG12	0.46	2.11	6	7
1:A:60:PHE:CE1	1:A:115:ILE:HD11	0.46	2.46	6	1
1:A:82:PHE:CD2	1:A:87:MET:HE2	0.46	2.45	14	1
1:A:51:GLU:HA	1:A:51:GLU:OE1	0.46	2.11	2	1
1:A:70:CYS:SG	1:A:71:SER:N	0.46	2.89	16	9
1:A:105:ASP:OD1	1:A:106:ILE:N	0.46	2.46	2	1
1:A:87:MET:CG	1:A:91:PHE:HB3	0.46	2.40	11	1
1:A:84:ARG:N	1:A:84:ARG:HD2	0.46	2.26	3	3
1:A:116:ILE:HG22	1:A:117:LYS:N	0.46	2.25	8	4
1:A:14:LEU:HG	1:A:15:ILE:N	0.46	2.26	13	4
1:A:109:THR:CG2	1:A:110:ASP:N	0.46	2.76	9	1
1:A:100:VAL:HG21	1:A:119:THR:N	0.46	2.26	14	1
1:A:104:SER:CB	1:A:116:ILE:HB	0.46	2.41	2	1
1:A:17:HIS:NE2	1:A:112:GLY:CA	0.46	2.79	9	2
1:A:48:SER:O	1:A:49:ILE:C	0.46	2.59	6	3
1:A:113:VAL:HG23	1:A:113:VAL:O	0.46	2.11	8	2
1:A:84:ARG:N	1:A:84:ARG:HD3	0.46	2.26	19	2
1:A:60:PHE:CE2	1:A:117:LYS:HE2	0.46	2.46	20	1
1:A:15:ILE:CD1	1:A:46:LEU:HD12	0.45	2.42	3	2
1:A:17:HIS:HB2	1:A:38:THR:O	0.45	2.11	5	3
1:A:37:THR:HG23	1:A:41:ALA:CB	0.45	2.41	4	1
1:A:88:GLN:O	1:A:89:LYS:CG	0.45	2.64	11	1
1:A:58:ALA:O	1:A:59:ASN:C	0.45	2.57	18	1
1:A:63:VAL:HG12	1:A:67:VAL:CG1	0.45	2.41	1	1
1:A:119:THR:HG22	1:A:120:ALA:N	0.45	2.27	20	2
1:A:91:PHE:CD1	1:A:95:THR:OG1	0.45	2.68	2	1
1:A:104:SER:OG	1:A:116:ILE:O	0.45	2.35	2	1
1:A:11:SER:O	1:A:116:ILE:HA	0.45	2.12	6	3
1:A:88:GLN:C	1:A:90:PRO:HD2	0.45	2.36	9	5
1:A:8:VAL:O	1:A:82:PHE:CZ	0.45	2.69	4	1
1:A:49:ILE:O	1:A:49:ILE:HD13	0.45	2.10	13	1
1:A:7:GLN:HA	1:A:83:GLY:CA	0.45	2.42	8	4
1:A:90:PRO:O	1:A:93:GLU:HG3	0.45	2.12	3	2
1:A:88:GLN:O	1:A:92:GLU:OE1	0.45	2.34	4	1
1:A:13:ILE:HG12	1:A:64:ALA:HB2	0.45	1.88	10	2
1:A:89:LYS:CD	1:A:92:GLU:OE2	0.45	2.65	7	1
1:A:100:VAL:HG13	1:A:120:ALA:C	0.45	2.37	17	1
1:A:46:LEU:CG	1:A:115:ILE:HG22	0.45	2.41	19	1
1:A:11:SER:HB2	1:A:78:ASP:HB3	0.45	1.87	13	8
1:A:103:ILE:O	1:A:104:SER:OG	0.45	2.34	3	1
1:A:55:SER:O	1:A:56:GLY:C	0.45	2.57	4	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:63:VAL:C	1:A:67:VAL:HG12	0.45	2.33	18	2
1:A:104:SER:O	1:A:105:ASP:HB3	0.45	2.11	8	1
1:A:43:VAL:CG1	1:A:106:ILE:HG21	0.45	2.39	12	2
1:A:37:THR:HG23	1:A:38:THR:N	0.45	2.26	20	1
1:A:15:ILE:O	1:A:16:LYS:HB2	0.45	2.12	6	3
1:A:101:GLY:O	1:A:102:ASP:CB	0.45	2.64	20	3
1:A:88:GLN:O	1:A:92:GLU:HB2	0.45	2.11	1	2
1:A:60:PHE:O	1:A:64:ALA:HB2	0.45	2.11	3	1
1:A:109:THR:O	1:A:110:ASP:O	0.45	2.35	15	2
1:A:64:ALA:CB	1:A:76:GLY:C	0.45	2.89	7	1
1:A:115:ILE:O	1:A:115:ILE:HG12	0.45	2.11	9	2
1:A:107:VAL:O	1:A:113:VAL:HA	0.45	2.12	19	2
1:A:69:ASP:OD1	1:A:111:SER:OG	0.45	2.35	13	1
1:A:10:ALA:O	1:A:79:LEU:CD1	0.45	2.54	15	2
1:A:11:SER:HB2	1:A:78:ASP:CG	0.45	2.37	20	1
1:A:17:HIS:N	1:A:17:HIS:ND1	0.45	2.61	5	1
1:A:18:GLN:NE2	1:A:19:GLY:N	0.45	2.65	12	1
1:A:8:VAL:HG11	1:A:83:GLY:HA2	0.45	1.89	2	1
1:A:98:LEU:CD2	1:A:99:LYS:N	0.45	2.67	7	1
1:A:100:VAL:O	1:A:118:ARG:C	0.45	2.60	12	1
1:A:90:PRO:HG3	1:A:109:THR:OG1	0.45	2.12	9	2
1:A:15:ILE:CG2	1:A:113:VAL:CG2	0.45	2.95	3	1
1:A:87:MET:HG3	1:A:91:PHE:CD1	0.45	2.47	3	1
1:A:82:PHE:CB	1:A:86:GLN:HG3	0.45	2.42	5	2
1:A:39:ARG:CG	1:A:40:GLU:N	0.45	2.79	5	2
1:A:60:PHE:CD2	1:A:117:LYS:HE3	0.45	2.47	5	1
1:A:105:ASP:O	1:A:115:ILE:HG22	0.45	2.12	6	1
1:A:83:GLY:O	1:A:92:GLU:OE2	0.45	2.34	13	2
1:A:46:LEU:HG	1:A:115:ILE:CG2	0.45	2.41	19	2
1:A:13:ILE:HB	1:A:115:ILE:CD1	0.45	2.42	4	1
1:A:71:SER:O	1:A:74:LYS:N	0.45	2.49	16	6
1:A:8:VAL:CG1	1:A:83:GLY:HA2	0.45	2.42	16	3
1:A:51:GLU:OE2	1:A:51:GLU:C	0.45	2.60	7	1
1:A:42:ALA:O	1:A:46:LEU:HD12	0.45	2.12	15	1
1:A:47:LYS:CA	1:A:106:ILE:HD11	0.45	2.42	18	1
1:A:69:ASP:CB	1:A:72:SER:HB2	0.45	2.42	19	1
1:A:13:ILE:O	1:A:114:HIS:CB	0.44	2.65	3	1
1:A:12:HIS:HB2	1:A:115:ILE:O	0.44	2.12	4	2
1:A:118:ARG:HG2	1:A:119:THR:N	0.44	2.27	4	2
1:A:102:ASP:O	1:A:103:ILE:C	0.44	2.59	18	1
1:A:88:GLN:O	1:A:92:GLU:HB3	0.44	2.12	17	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:13:ILE:O	1:A:115:ILE:N	0.44	2.51	2	1
1:A:69:ASP:O	1:A:70:CYS:HB2	0.44	2.12	7	2
1:A:49:ILE:HG22	1:A:50:ARG:H	0.44	1.72	5	1
1:A:8:VAL:HG12	1:A:83:GLY:CA	0.44	2.42	11	1
1:A:49:ILE:HD13	1:A:49:ILE:C	0.44	2.37	13	1
1:A:98:LEU:CD1	1:A:102:ASP:HB3	0.44	2.42	18	2
1:A:49:ILE:CG2	1:A:115:ILE:HD12	0.44	2.42	2	1
1:A:58:ALA:O	1:A:63:VAL:HG21	0.44	2.13	6	1
1:A:88:GLN:NE2	1:A:110:ASP:OD2	0.44	2.51	6	1
1:A:18:GLN:CD	1:A:19:GLY:N	0.44	2.75	12	1
1:A:115:ILE:O	1:A:115:ILE:HG13	0.44	2.11	19	1
1:A:9:LYS:HE3	1:A:81:SER:HB3	0.44	1.90	16	3
1:A:11:SER:CB	1:A:78:ASP:HB2	0.44	2.42	18	3
1:A:83:GLY:C	1:A:84:ARG:HG2	0.44	2.38	4	2
1:A:100:VAL:CB	1:A:119:THR:O	0.44	2.65	7	1
1:A:82:PHE:HB2	1:A:86:GLN:CD	0.44	2.37	13	3
1:A:13:ILE:CD1	1:A:64:ALA:HB2	0.44	2.43	13	1
1:A:14:LEU:HB3	1:A:68:SER:HA	0.44	1.89	13	4
1:A:69:ASP:HB3	1:A:72:SER:CB	0.44	2.43	1	5
1:A:37:THR:CG2	1:A:41:ALA:HB3	0.44	2.43	4	1
1:A:100:VAL:HG23	1:A:118:ARG:O	0.44	2.13	4	1
1:A:46:LEU:O	1:A:49:ILE:HB	0.44	2.13	6	4
1:A:46:LEU:CD1	1:A:106:ILE:HA	0.44	2.43	7	1
1:A:13:ILE:CG2	1:A:115:ILE:CG1	0.44	2.96	13	1
1:A:46:LEU:HA	1:A:49:ILE:CG2	0.44	2.43	1	1
1:A:8:VAL:CG2	1:A:95:THR:HG21	0.44	2.43	4	1
1:A:82:PHE:HB2	1:A:86:GLN:CB	0.44	2.43	4	2
1:A:13:ILE:CD1	1:A:63:VAL:HG12	0.44	2.43	9	2
1:A:49:ILE:HG23	1:A:50:ARG:N	0.44	2.28	13	1
1:A:37:THR:CG2	1:A:42:ALA:N	0.44	2.79	14	1
1:A:11:SER:OG	1:A:117:LYS:HB2	0.44	2.13	18	1
1:A:83:GLY:O	1:A:84:ARG:CB	0.44	2.65	18	1
1:A:46:LEU:O	1:A:47:LYS:C	0.44	2.60	12	5
1:A:92:GLU:C	1:A:94:ALA:N	0.44	2.76	16	6
1:A:11:SER:OG	1:A:117:LYS:HG2	0.44	2.13	8	1
1:A:85:GLY:O	1:A:86:GLN:HB2	0.44	2.12	12	5
1:A:88:GLN:HB2	1:A:90:PRO:HD2	0.44	1.89	12	1
1:A:86:GLN:HB3	1:A:87:MET:HE3	0.44	1.89	20	1
1:A:13:ILE:O	1:A:114:HIS:HB3	0.43	2.13	11	7
1:A:53:ILE:HG22	1:A:103:ILE:CD1	0.43	2.43	5	1
1:A:82:PHE:CB	1:A:86:GLN:NE2	0.43	2.81	13	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:92:GLU:HG3	1:A:96:TYR:CE1	0.43	2.48	9	1
1:A:105:ASP:O	1:A:106:ILE:HB	0.43	2.13	1	1
1:A:78:ASP:O	1:A:79:LEU:C	0.43	2.61	5	1
1:A:89:LYS:HD2	1:A:92:GLU:OE2	0.43	2.13	7	1
1:A:14:LEU:HB3	1:A:68:SER:C	0.43	2.38	13	2
1:A:100:VAL:C	1:A:102:ASP:N	0.43	2.75	13	1
1:A:92:GLU:CD	1:A:96:TYR:CD2	0.43	2.96	16	1
1:A:8:VAL:HG13	1:A:82:PHE:O	0.43	2.12	8	2
1:A:8:VAL:CG2	1:A:95:THR:HG22	0.43	2.41	12	3
1:A:18:GLN:CG	1:A:38:THR:HA	0.43	2.43	4	1
1:A:7:GLN:HG3	1:A:82:PHE:O	0.43	2.13	5	3
1:A:16:LYS:O	1:A:37:THR:HG22	0.43	2.13	5	1
1:A:64:ALA:C	1:A:66:ARG:N	0.43	2.76	9	6
1:A:46:LEU:O	1:A:49:ILE:HG22	0.43	2.13	7	1
1:A:68:SER:HB3	1:A:72:SER:CB	0.43	2.43	16	1
1:A:100:VAL:HA	1:A:119:THR:O	0.43	2.12	18	1
1:A:43:VAL:O	1:A:47:LYS:HB2	0.43	2.12	19	1
1:A:13:ILE:HB	1:A:115:ILE:CG1	0.43	2.42	20	4
1:A:43:VAL:HG22	1:A:106:ILE:CG2	0.43	2.43	8	2
1:A:9:LYS:HD3	1:A:80:GLY:O	0.43	2.14	9	7
1:A:109:THR:O	1:A:112:GLY:N	0.43	2.51	3	1
1:A:15:ILE:HB	1:A:113:VAL:CG2	0.43	2.43	4	1
1:A:60:PHE:CZ	1:A:115:ILE:HD11	0.43	2.46	4	1
1:A:112:GLY:H	1:A:114:HIS:HE2	0.43	1.57	6	1
1:A:98:LEU:HD13	1:A:104:SER:C	0.43	2.39	7	1
1:A:63:VAL:O	1:A:67:VAL:CG2	0.43	2.58	9	1
1:A:88:GLN:O	1:A:89:LYS:CB	0.43	2.64	11	1
1:A:17:HIS:HB2	1:A:42:ALA:HB2	0.43	1.90	13	1
1:A:49:ILE:CG2	1:A:115:ILE:HG21	0.43	2.44	13	2
1:A:110:ASP:OD1	1:A:111:SER:N	0.43	2.50	17	1
1:A:52:ASP:O	1:A:55:SER:OG	0.43	2.37	18	1
1:A:95:THR:HG22	1:A:118:ARG:NE	0.43	2.28	18	1
1:A:86:GLN:C	1:A:88:GLN:N	0.43	2.75	7	2
1:A:79:LEU:CD2	1:A:87:MET:CE	0.43	2.95	8	1
1:A:101:GLY:O	1:A:102:ASP:C	0.43	2.62	12	1
1:A:86:GLN:HB3	1:A:87:MET:CE	0.43	2.43	16	1
1:A:38:THR:OG1	1:A:41:ALA:CB	0.43	2.67	4	1
1:A:99:LYS:C	1:A:101:GLY:N	0.43	2.76	4	1
1:A:49:ILE:CD1	1:A:53:ILE:HD12	0.43	2.44	13	1
1:A:73:ALA:C	1:A:75:ARG:N	0.43	2.75	14	1
1:A:8:VAL:CG1	1:A:82:PHE:CE2	0.43	3.01	15	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:53:ILE:CG2	1:A:117:LYS:HE2	0.43	2.43	15	1
1:A:88:GLN:O	1:A:92:GLU:CD	0.43	2.62	2	1
1:A:48:SER:O	1:A:52:ASP:N	0.43	2.45	6	3
1:A:42:ALA:HB1	1:A:113:VAL:CG1	0.43	2.41	4	1
1:A:89:LYS:CG	1:A:90:PRO:HD3	0.43	2.44	9	1
1:A:82:PHE:HB3	1:A:86:GLN:CD	0.43	2.39	13	1
1:A:13:ILE:HD11	1:A:64:ALA:CA	0.43	2.43	19	1
1:A:104:SER:O	1:A:105:ASP:CG	0.43	2.62	19	1
1:A:46:LEU:HD23	1:A:106:ILE:HG22	0.43	1.90	20	1
1:A:61:GLU:C	1:A:63:VAL:N	0.43	2.76	18	2
1:A:101:GLY:CA	1:A:120:ALA:CB	0.43	2.97	12	1
1:A:49:ILE:CD1	1:A:49:ILE:C	0.43	2.92	13	1
1:A:82:PHE:HB2	1:A:86:GLN:CG	0.43	2.43	18	1
1:A:104:SER:O	1:A:106:ILE:N	0.43	2.51	6	1
1:A:89:LYS:HA	1:A:92:GLU:OE2	0.43	2.14	7	1
1:A:118:ARG:CG	1:A:119:THR:N	0.43	2.82	7	1
1:A:14:LEU:HD12	1:A:114:HIS:NE2	0.43	2.29	8	1
1:A:104:SER:O	1:A:104:SER:OG	0.43	2.36	10	2
1:A:46:LEU:HD22	1:A:106:ILE:CA	0.43	2.44	16	1
1:A:60:PHE:O	1:A:61:GLU:C	0.42	2.62	1	2
1:A:47:LYS:O	1:A:50:ARG:NE	0.42	2.50	10	1
1:A:17:HIS:HA	1:A:37:THR:O	0.42	2.14	14	2
1:A:46:LEU:HD23	1:A:106:ILE:N	0.42	2.28	18	1
1:A:95:THR:CG2	1:A:118:ARG:NE	0.42	2.82	18	1
1:A:83:GLY:N	1:A:86:GLN:HG2	0.42	2.28	19	1
1:A:86:GLN:C	1:A:86:GLN:CD	0.42	2.87	19	1
1:A:109:THR:OG1	1:A:110:ASP:N	0.42	2.50	4	3
1:A:46:LEU:CD2	1:A:106:ILE:HA	0.42	2.41	19	3
1:A:71:SER:O	1:A:72:SER:C	0.42	2.62	17	2
1:A:43:VAL:HG12	1:A:47:LYS:HE3	0.42	1.90	17	1
1:A:11:SER:CB	1:A:117:LYS:O	0.42	2.67	2	1
1:A:11:SER:HA	1:A:79:LEU:HD12	0.42	1.91	3	1
1:A:99:LYS:C	1:A:100:VAL:CG1	0.42	2.92	4	1
1:A:100:VAL:CB	1:A:119:THR:HB	0.42	2.45	4	1
1:A:7:GLN:HG3	1:A:83:GLY:N	0.42	2.29	6	1
1:A:64:ALA:CB	1:A:76:GLY:HA3	0.42	2.45	16	2
1:A:90:PRO:CG	1:A:109:THR:HG22	0.42	2.44	11	1
1:A:17:HIS:HB2	1:A:37:THR:O	0.42	2.14	14	1
1:A:13:ILE:HD11	1:A:64:ALA:N	0.42	2.29	19	1
1:A:37:THR:HG21	1:A:42:ALA:HA	0.42	1.91	20	1
1:A:86:GLN:CB	1:A:87:MET:HE2	0.42	2.44	1	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:51:GLU:CG	1:A:52:ASP:N	0.42	2.82	6	2
1:A:14:LEU:HD12	1:A:113:VAL:O	0.42	2.14	7	1
1:A:83:GLY:C	1:A:92:GLU:OE2	0.42	2.62	11	1
1:A:100:VAL:HG22	1:A:119:THR:H	0.42	1.75	13	1
1:A:102:ASP:C	1:A:103:ILE:HG13	0.42	2.38	20	2
1:A:14:LEU:CD2	1:A:16:LYS:NZ	0.42	2.80	14	1
1:A:90:PRO:CG	1:A:109:THR:CG2	0.42	2.97	16	1
1:A:50:ARG:O	1:A:54:VAL:HB	0.42	2.14	2	2
1:A:46:LEU:HD12	1:A:115:ILE:HG22	0.42	1.92	6	1
1:A:87:MET:O	1:A:88:GLN:CD	0.42	2.63	2	1
1:A:90:PRO:O	1:A:93:GLU:HG2	0.42	2.14	8	1
1:A:100:VAL:HG23	1:A:118:ARG:HB3	0.42	1.91	14	1
1:A:105:ASP:C	1:A:106:ILE:HD13	0.42	2.40	2	1
1:A:54:VAL:HG12	1:A:55:SER:OG	0.42	2.14	3	1
1:A:93:GLU:HG3	1:A:94:ALA:N	0.42	2.28	14	2
1:A:57:LYS:O	1:A:57:LYS:HD3	0.42	2.15	4	1
1:A:11:SER:HB3	1:A:78:ASP:HB3	0.42	1.92	16	2
1:A:43:VAL:HG22	1:A:106:ILE:HG22	0.42	1.90	8	1
1:A:85:GLY:O	1:A:86:GLN:CB	0.42	2.65	10	2
1:A:50:ARG:CD	1:A:50:ARG:C	0.42	2.92	12	1
1:A:100:VAL:HG11	1:A:119:THR:HB	0.42	1.91	15	1
1:A:60:PHE:CE2	1:A:117:LYS:HB2	0.42	2.49	2	1
1:A:106:ILE:O	1:A:106:ILE:HG13	0.42	2.14	6	1
1:A:103:ILE:O	1:A:104:SER:HB3	0.42	2.15	8	1
1:A:114:HIS:C	1:A:115:ILE:CG2	0.42	2.92	14	1
1:A:59:ASN:O	1:A:60:PHE:HB2	0.42	2.15	5	3
1:A:60:PHE:CD1	1:A:60:PHE:C	0.42	2.98	17	2
1:A:14:LEU:O	1:A:67:VAL:C	0.42	2.62	4	3
1:A:9:LYS:HA	1:A:81:SER:HA	0.42	1.92	5	1
1:A:15:ILE:HG23	1:A:46:LEU:HD11	0.42	1.91	8	1
1:A:43:VAL:O	1:A:47:LYS:HG2	0.42	2.15	10	1
1:A:57:LYS:O	1:A:57:LYS:HG3	0.42	2.15	10	2
1:A:43:VAL:HG22	1:A:47:LYS:CE	0.42	2.45	14	1
1:A:98:LEU:HD21	1:A:103:ILE:H	0.42	1.75	16	1
1:A:43:VAL:HG12	1:A:44:GLU:N	0.42	2.30	18	1
1:A:99:LYS:O	1:A:100:VAL:HB	0.41	2.15	20	3
1:A:14:LEU:CD2	1:A:69:ASP:HA	0.41	2.45	19	2
1:A:92:GLU:O	1:A:94:ALA:N	0.41	2.53	14	1
1:A:17:HIS:NE2	1:A:113:VAL:HG13	0.41	2.30	15	1
1:A:100:VAL:HG21	1:A:119:THR:OG1	0.41	2.15	17	1
1:A:105:ASP:C	1:A:107:VAL:HG23	0.41	2.39	18	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:13:ILE:CD1	1:A:64:ALA:CA	0.41	2.98	19	1
1:A:69:ASP:OD2	1:A:111:SER:OG	0.41	2.35	8	1
1:A:64:ALA:HA	1:A:68:SER:OG	0.41	2.15	14	1
1:A:78:ASP:C	1:A:79:LEU:HD12	0.41	2.40	16	1
1:A:50:ARG:HD2	1:A:51:GLU:N	0.41	2.30	4	2
1:A:62:GLU:CA	1:A:65:THR:OG1	0.41	2.68	6	1
1:A:14:LEU:CD2	1:A:69:ASP:N	0.41	2.72	7	1
1:A:63:VAL:O	1:A:67:VAL:N	0.41	2.43	7	1
1:A:46:LEU:HG	1:A:115:ILE:HG22	0.41	1.92	8	1
1:A:17:HIS:HA	1:A:37:THR:C	0.41	2.40	20	1
1:A:72:SER:C	1:A:74:LYS:N	0.41	2.76	9	2
1:A:107:VAL:O	1:A:109:THR:HG23	0.41	2.15	2	1
1:A:46:LEU:CD2	1:A:115:ILE:HG23	0.41	2.35	3	1
1:A:10:ALA:CB	1:A:95:THR:HG21	0.41	2.45	7	1
1:A:37:THR:CG2	1:A:42:ALA:HA	0.41	2.45	7	1
1:A:63:VAL:O	1:A:67:VAL:CB	0.41	2.68	7	1
1:A:15:ILE:HD11	1:A:42:ALA:CA	0.41	2.46	8	1
1:A:9:LYS:HB2	1:A:118:ARG:CZ	0.41	2.45	9	1
1:A:115:ILE:HG12	1:A:115:ILE:O	0.41	2.14	14	1
1:A:60:PHE:CZ	1:A:117:LYS:HB2	0.41	2.51	2	1
1:A:100:VAL:HG21	1:A:120:ALA:N	0.41	2.30	4	1
1:A:11:SER:CA	1:A:78:ASP:CB	0.41	2.98	5	2
1:A:11:SER:OG	1:A:78:ASP:HB3	0.41	2.15	6	1
1:A:16:LYS:O	1:A:37:THR:HB	0.41	2.15	7	1
1:A:53:ILE:HA	1:A:56:GLY:O	0.41	2.16	12	1
1:A:16:LYS:O	1:A:17:HIS:HB3	0.41	2.16	16	4
1:A:15:ILE:O	1:A:16:LYS:HB3	0.41	2.15	16	2
1:A:65:THR:N	1:A:76:GLY:HA3	0.41	2.30	15	1
1:A:9:LYS:HG2	1:A:81:SER:HB2	0.41	1.93	18	1
1:A:17:HIS:NE2	1:A:112:GLY:HA3	0.41	2.30	9	1
1:A:101:GLY:O	1:A:102:ASP:OD1	0.41	2.38	9	1
1:A:115:ILE:O	1:A:116:ILE:HG13	0.41	2.16	12	1
1:A:13:ILE:CD1	1:A:64:ALA:HA	0.41	2.45	9	1
1:A:60:PHE:CD2	1:A:117:LYS:HG3	0.41	2.51	10	1
1:A:117:LYS:O	1:A:118:ARG:HG2	0.41	2.16	12	1
1:A:82:PHE:HB3	1:A:86:GLN:NE2	0.41	2.31	13	1
1:A:108:ASP:C	1:A:109:THR:CG2	0.41	2.94	19	2
1:A:54:VAL:HA	1:A:103:ILE:CD1	0.41	2.45	11	2
1:A:57:LYS:HG2	1:A:57:LYS:O	0.41	2.16	3	1
1:A:89:LYS:HG3	1:A:92:GLU:OE2	0.41	2.16	7	1
1:A:87:MET:SD	1:A:91:PHE:CZ	0.41	3.14	8	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:46:LEU:HD13	1:A:113:VAL:CG2	0.41	2.45	11	1
1:A:94:ALA:O	1:A:98:LEU:HB2	0.41	2.16	11	1
1:A:109:THR:O	1:A:111:SER:N	0.41	2.54	12	1
1:A:46:LEU:HA	1:A:49:ILE:HB	0.41	1.93	15	1
1:A:87:MET:O	1:A:88:GLN:OE1	0.41	2.39	2	1
1:A:9:LYS:HB3	1:A:80:GLY:O	0.41	2.14	4	1
1:A:61:GLU:O	1:A:63:VAL:N	0.41	2.54	4	1
1:A:11:SER:OG	1:A:117:LYS:HG3	0.41	2.16	5	2
1:A:75:ARG:C	1:A:77:GLY:N	0.41	2.76	6	1
1:A:98:LEU:HD22	1:A:104:SER:H	0.41	1.75	7	1
1:A:18:GLN:O	1:A:18:GLN:HG3	0.41	2.16	9	1
1:A:18:GLN:HG3	1:A:38:THR:CB	0.41	2.46	10	1
1:A:76:GLY:O	1:A:77:GLY:O	0.41	2.38	10	1
1:A:109:THR:OG1	1:A:114:HIS:CD2	0.41	2.74	11	1
1:A:48:SER:O	1:A:52:ASP:HB2	0.41	2.16	13	1
1:A:11:SER:HB2	1:A:78:ASP:CA	0.41	2.46	20	1
1:A:101:GLY:C	1:A:102:ASP:OD1	0.41	2.63	4	1
1:A:83:GLY:HA2	1:A:96:TYR:OH	0.41	2.16	12	1
1:A:83:GLY:O	1:A:84:ARG:HD2	0.41	2.16	14	1
1:A:43:VAL:HA	1:A:106:ILE:CG2	0.41	2.46	16	1
1:A:109:THR:O	1:A:114:HIS:NE2	0.40	2.54	12	1
1:A:37:THR:CG2	1:A:42:ALA:CA	0.40	3.00	14	1
1:A:7:GLN:HG2	1:A:82:PHE:N	0.40	2.31	17	1
1:A:17:HIS:CE1	1:A:19:GLY:HA2	0.40	2.52	1	1
1:A:65:THR:HA	1:A:73:ALA:HA	0.40	1.94	2	1
1:A:69:ASP:OD1	1:A:69:ASP:C	0.40	2.63	2	1
1:A:37:THR:O	1:A:37:THR:HG22	0.40	2.14	10	1
1:A:15:ILE:O	1:A:16:LYS:CD	0.40	2.69	17	1
1:A:49:ILE:HG22	1:A:105:ASP:OD1	0.40	2.16	18	1
1:A:51:GLU:HA	1:A:54:VAL:HB	0.40	1.93	18	1
1:A:41:ALA:O	1:A:44:GLU:N	0.40	2.55	4	1
1:A:84:ARG:O	1:A:86:GLN:N	0.40	2.53	4	1
1:A:106:ILE:O	1:A:106:ILE:CG1	0.40	2.69	6	1
1:A:105:ASP:OD2	1:A:106:ILE:HG12	0.40	2.16	10	1
1:A:14:LEU:CD1	1:A:111:SER:HB3	0.40	2.46	17	1
1:A:79:LEU:CD1	1:A:79:LEU:H	0.40	2.30	1	1
1:A:107:VAL:HB	1:A:114:HIS:C	0.40	2.40	2	1
1:A:11:SER:HA	1:A:78:ASP:HB2	0.40	1.93	4	1
1:A:100:VAL:HG21	1:A:120:ALA:HB2	0.40	1.90	4	1
1:A:107:VAL:O	1:A:108:ASP:C	0.40	2.62	8	1
1:A:88:GLN:O	1:A:89:LYS:HD2	0.40	2.15	11	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:17:HIS:CE1	1:A:19:GLY:H	0.40	2.35	14	1
1:A:98:LEU:CD1	1:A:104:SER:N	0.40	2.83	5	1
1:A:71:SER:O	1:A:74:LYS:HB3	0.40	2.16	10	1
1:A:45:GLN:OE1	1:A:45:GLN:C	0.40	2.64	17	1

6.3 Torsion angles [i](#)

6.3.1 Protein backbone [i](#)

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

Mol	Chain	Analysed	Favoured	Allowed	Outliers	Percentiles	
1	A	96/139 (69%)	53±3 (55±3%)	27±3 (28±3%)	16±3 (16±3%)	0	4
All	All	1920/2780 (69%)	1062 (55%)	546 (28%)	312 (16%)	0	4

All 43 unique Ramachandran outliers are listed below. They are sorted by the frequency of occurrence in the ensemble.

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	77	GLY	19
1	A	70	CYS	19
1	A	60	PHE	18
1	A	90	PRO	16
1	A	104	SER	16
1	A	61	GLU	15
1	A	88	GLN	14
1	A	7	GLN	13
1	A	100	VAL	13
1	A	58	ALA	12
1	A	57	LYS	11
1	A	17	HIS	11
1	A	87	MET	10
1	A	110	ASP	9
1	A	103	ILE	9
1	A	105	ASP	8
1	A	86	GLN	7
1	A	106	ILE	7

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	59	ASN	7
1	A	39	ARG	6
1	A	119	THR	6
1	A	83	GLY	5
1	A	19	GLY	5
1	A	18	GLN	4
1	A	82	PHE	4
1	A	37	THR	4
1	A	84	ARG	4
1	A	101	GLY	4
1	A	69	ASP	4
1	A	102	ASP	4
1	A	38	THR	3
1	A	16	LYS	3
1	A	10	ALA	3
1	A	89	LYS	3
1	A	15	ILE	3
1	A	109	THR	2
1	A	108	ASP	2
1	A	99	LYS	2
1	A	56	GLY	2
1	A	65	THR	2
1	A	8	VAL	1
1	A	67	VAL	1
1	A	118	ARG	1

6.3.2 Protein sidechains ⓘ

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

Mol	Chain	Analysed	Rotameric	Outliers	Percentiles	
1	A	79/115 (69%)	51±4 (65±5%)	28±4 (35±5%)	1	10
All	All	1580/2300 (69%)	1024 (65%)	556 (35%)	1	10

All 69 unique residues with a non-rotameric sidechain are listed below. They are sorted by the frequency of occurrence in the ensemble.

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	49	ILE	20
1	A	65	THR	20
1	A	54	VAL	19
1	A	8	VAL	18
1	A	17	HIS	18
1	A	55	SER	17
1	A	119	THR	16
1	A	44	GLU	14
1	A	46	LEU	14
1	A	47	LYS	14
1	A	98	LEU	14
1	A	104	SER	14
1	A	106	ILE	14
1	A	117	LYS	13
1	A	13	ILE	13
1	A	50	ARG	12
1	A	9	LYS	11
1	A	116	ILE	11
1	A	18	GLN	11
1	A	89	LYS	11
1	A	52	ASP	10
1	A	99	LYS	10
1	A	14	LEU	10
1	A	75	ARG	10
1	A	45	GLN	10
1	A	74	LYS	9
1	A	115	ILE	9
1	A	39	ARG	9
1	A	48	SER	8
1	A	16	LYS	8
1	A	37	THR	8
1	A	7	GLN	7
1	A	84	ARG	7
1	A	118	ARG	7
1	A	92	GLU	7
1	A	68	SER	6
1	A	111	SER	6
1	A	59	ASN	6
1	A	114	HIS	6
1	A	12	HIS	6
1	A	109	THR	6
1	A	15	ILE	5
1	A	61	GLU	5

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	108	ASP	5
1	A	93	GLU	5
1	A	38	THR	5
1	A	62	GLU	5
1	A	57	LYS	5
1	A	88	GLN	5
1	A	100	VAL	5
1	A	87	MET	5
1	A	86	GLN	4
1	A	66	ARG	4
1	A	72	SER	4
1	A	102	ASP	4
1	A	43	VAL	3
1	A	67	VAL	3
1	A	79	LEU	3
1	A	110	ASP	3
1	A	113	VAL	2
1	A	95	THR	2
1	A	63	VAL	2
1	A	105	ASP	2
1	A	51	GLU	2
1	A	11	SER	2
1	A	69	ASP	2
1	A	40	GLU	2
1	A	78	ASP	2
1	A	103	ILE	1

6.3.3 RNA ⓘ

There are no RNA molecules in this entry.

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

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

6.5 Carbohydrates ⓘ

There are no oligosaccharides in this entry.

6.6 Ligand geometry

There are no ligands in this entry.

6.7 Other polymers

There are no such molecules in this entry.

6.8 Polymer linkage issues

There are no chain breaks in this entry.

7 Chemical shift validation

No chemical shift data were provided